



UNIVERSIDAD NACIONAL DE CHIMBORAZO
VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN, VINCULACIÓN Y
POSGRADO
DIRECCIÓN DE POSGRADO

“Nuevos procedimientos en la identificación de fluidos corporales (sangre, saliva, semen) y la comparación de perfiles de ADN para asociar a sospechosos con la evidencia biológica.”

Trabajo de titulación para optar al título de:
Magíster en Criminalística y Ciencias Forenses

AUTOR:

Lic. Mishell Alexandra Fiallos Vallejo

TUTOR:

Mgs. Roberto Geovanny Moreno Dillon

Riobamba – Ecuador 2026



DECLARATORIA Y CESION DE DERECHOS DE AUTORÍA

De mi consideración:

Yo, **Mishell Alexandra Fiallos Vallejo**, con número único de identidad No. 060517187-5, declaro y acepto ser responsable de las ideas, doctrinas, resultados y lineamientos alternativos realizados en el presente trabajo de titulación denominado **"NUEVOS PROCEDIMIENTOS EN LA IDENTIFICACIÓN DE FLUIDOS CORPORALES (SANGRE, SALIVA, SEMEN) Y LA COMPARACIÓN DE PERFILES DE ADN PARA ASOCIAR A SOSPECHOSOS CON LA EVIDENCIA BIOLÓGICA"**. Previo a la obtención del grado de: **Magister en Criminalística y Ciencias Forenses**.



- Declaro que mi trabajo investigativo pertenece al patrimonio de la Universidad Nacional de Chimborazo de conformidad con lo establecido en el artículo 20 literal j de la Ley Orgánica de Educación Superior LOES
- Autorizo a la Universidad Nacional de Chimborazo que pueda hacer uso del referido Trabajo de Titulación y a difundirlo como estime conveniente por cualquier medio conocido, y para que sea integrado en formato digital al Sistema de Información de la Educación Superior del Ecuador para su difusión pública, respetando los derechos de autor, dando cumplimiento de esta manera a lo estipulado en el artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior LOES

Riobamba 14 de enero de 2026

Atentamente,

Mishell Alexandra Fiallos Vallejo

CI: 060517187-5

 UNIVERSIDAD NACIONAL DE CHIMBORAZO	NOMBRE DEL FORMATO		 SGC <small>SERVICIO DE GESTIÓN DE CALIDAD</small> <small>UNIVERSIDAD NACIONAL DE CHIMBORAZO</small>
	CÓDIGO:	VERSIÓN:	
	FECHA:		
	MACROPROCESO: PROCESO: SUBPROCESO:		

Riobamba, 17 de noviembre de 2025

CERTIFICACIÓN DE CULMINACIÓN DE TRABAJO DE TITULACIÓN

En calidad de miembros del Tribunal designados por la Comisión de Posgrado, CERTIFICAMOS que una vez revisado el Trabajo de titulación bajo la modalidad Proyecto de Investigación y/o desarrollo denominado **"NUEVOS PROCEDIMIENTOS EN LA IDENTIFICACIÓN DE FLUIDOS CORPORALES (SANGRE, SALIVA, SEMEN) Y LA COMPARACIÓN DE PERFILES DE ADN PARA ASOCIAR A SOSPECHOSOS CON LA EVIDENCIA BIOLÓGICA"**, dentro de la línea de investigación de **Derechos y garantías constitucionales**, presentado por el maestrante **Mishell Alexandra Riallos Vallejo**, portador de la CC. 060517187-5, del programa de **Maestría en Criminalística y Ciencias Forenses**, cumple al 100% con los parámetros establecidos por la Dirección de Posgrado de la Universidad Nacional de Chimborazo.

Es todo lo que podemos certificar en honor a la verdad.

Atentamente,



**Mgs. Roberto
Geovanny Moreno
Dillon**

TUTOR



**Mgs. Vinicio Mejía
Chávez, PhD**

**MIEMBRO DEL
TRIBUNAL 1**



**Mgs. Nathaly Moscoso
Moreno**

**MIEMBRO DEL TRIBUNAL
2**



Dirección de
Posgrado
VICERRECTORADO DE INVESTIGACIÓN,
VINCULACIÓN Y POSGRADO



Riobamba, 14 de diciembre 2025

CERTIFICADO

De mi consideración:

Yo, Roberto Geovanny Moreno Dillon certifico que Mishell Alexandra Fiallos Vallejo, con cédula de identidad No. 060517187-5, estudiante del programa de Maestría en Criminalística y Ciencias Forenses, cohorte 3ra, presentó su trabajo de titulación bajo la modalidad de Proyecto de titulación con componente de investigación aplicada/desarrollo denominado: "Nuevos procedimientos en la identificación de fluidos corporales (sangre, saliva, semen.) y la comparación de perfiles de ADN para asociar a sospechosos con la evidencia biológica.", el mismo que fue sometido al sistema de verificación de similitud de contenido COMPILEATION identificando el porcentaje de similitud < 1% en el texto y el porcentaje de similitud 9% en inteligencia artificial.

Es todo en cuanto puedo certificar en honor a la verdad.

Atentamente,



Roberto Geovanny Moreno Dillon

Ci: 0602216483

Adj.-

- Resultado del análisis de similitud (Compilation)



Av. Eloy Alfaro y 10 de Agosto
Teléfono 005-3 373-0800 ext. 2000 - 2005 - 2277
Riobamba - Ecuador
Unach.edu.ec
en unach.edu.ec

Dedicatoria

Dedico este trabajo a mis padres, por ser el pilar fundamental de mi formación personal y profesional. Gracias por su amor incondicional, por sus sacrificios y por enseñarme, con el ejemplo, el valor de la constancia, la responsabilidad y la perseverancia.

A mis hermanos, por su apoyo sincero, su paciencia y por acompañarme en cada etapa de este proceso, aun en los momentos más desafiantes. Su presencia y aliento han sido esenciales para continuar.

Y a mí, por la fortaleza demostrada para enfrentar los cambios, superar obstáculos y mantenerme firme en la búsqueda de mis objetivos. Por no rendirme ante las dificultades y confiar en que el esfuerzo sostenido siempre da frutos.

Este logro es reflejo del apoyo familiar, la resiliencia y la determinación que han guiado este camino.

Agradecimiento

Expreso mi profundo agradecimiento a mi tutor, por su guía académica, compromiso y acompañamiento constante durante el desarrollo de este trabajo de investigación. Su orientación, conocimientos y observaciones oportunas fueron determinantes para fortalecer el contenido, la metodología y el rigor de este estudio.

Agradezco también el esfuerzo, la disciplina y la dedicación personal invertidos en cada etapa de este proceso, los cuales permitieron superar los desafíos presentados y alcanzar los objetivos propuestos.

Este trabajo es el resultado de un proceso de aprendizaje continuo, de la responsabilidad asumida y del valioso apoyo recibido a lo largo de su elaboración.

Índice General

	Índice General.....vi
	I. Resumen.....9
	II. Abstract.....10
	III. Introducción11
	IV. Capítulo 1.....14
	4.1. Generalidades.....14
4.1.1.	Planteamiento del Problema14
	4.2. Justificación de la investigación17
	V. Objetivos20
	5.1. Objetivo General.....20
	5.2. Objetivos específicos20
	VI. Capítulo 2.....20
	6.1. Estado del arte y la práctica20
6.1.1.	Antecedentes investigativos20
6.1.2.	Fundamentación Legal22
6.1.3.	Fundamentación teórica.....24
6.1.4.	Técnicas más recientes en la identificación de fluidos corporales y la comparación de perfiles de ADN.33

6.1.5.	Bases de Datos Genéticas y CODIS.....	48
6.1.6.	Aplicaciones en Ecuador.....	50
	VII. Capítulo 3.....	55
	7.1. Diseño metodológico	55
7.1.1.	Enfoque de la investigación.....	55
7.1.2.	Diseño de la investigación.....	55
7.1.3.	Tipo de investigación	56
7.1.4.	Nivel de investigación	56
7.1.5.	Técnicas e Instrumentos de Recolección de Datos	56
7.1.6.	Técnicas para el Procesamiento e Interpretación	57
de Datos		
	7.2. Población y muestra.....	58
7.2.1.	Población	58
7.2.2.	Tamaño de la muestra.....	58
	VIII. Capítulo 4.....	60
	8.1. Análisis y discusión de los resultados.....	60
8.1.1.	Análisis descriptivo de los resultados.....	60
8.1.2.	Discusión de los resultados	62
	IX. Conclusiones	65
	X. Recomendaciones	67

XI. Referencias Bibliográficas.....68**ÍNDICE DE TABLA**

Tabla 1. Compendio de las técnicas tradicionales de análisis fluidos biológicos.31

Tabla 2. Compendio de las nuevas técnicas de análisis fluidos biológicos.....44

I. Resumen

En el campo de la justicia penal, la criminalística y las ciencias forenses, es fundamental mantenerse al día con los avances en la identificación de fluidos corporales para maximizar la resolución de casos en las investigaciones judiciales. Históricamente se han utilizado técnicas bioquímicas y microscópicas para identificar fluidos como saliva, sangre y semen; sin embargo, pese a su utilidad, presentan limitaciones en sensibilidad, especificidad y precisión, sobre todo cuando las muestras se encuentran deterioradas.

La comparación de perfiles de ADN es una herramienta altamente efectiva en la investigación forense, pero enfrenta dificultades cuando las muestras son escasas, contaminadas o se encuentran degradadas. Frente a estas limitaciones, se han incorporado nuevas metodologías basadas en el análisis de ARNm, microARN, así como técnicas proteómicas y metabolómicas para mejorar la identificación de fluidos corporales.

Un avance relevante es el uso de tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS) y el análisis de polimorfismos de nucleótido único (SNP) para la comparación genética. Estos métodos incrementan la precisión, permiten analizar muestras altamente comprometidas y fortalecen la capacidad de los expertos forenses para vincular con mayor certeza a los sospechosos con evidencia biológica confiable, contribuyendo a una justicia objetiva, a la seguridad pública nacional sostenible.

Palabras clave: ADN, Ciencias Forenses, identificación, fluidos corporales.

II. Abstract

In criminal justice, criminalistics, and forensic sciences, it is essential to stay up to date on advances in the identification of bodily fluids to maximize case resolution in judicial investigations. Historically, biochemical and microscopic techniques have been used to identify fluids such as saliva, blood, and semen; however, despite their usefulness, they present limitations in sensitivity, specificity, and precision, especially when samples are deteriorated.

Comparing DNA profiles is a highly effective tool in forensic research, but it can be difficult when samples are scarce, contaminated, or degraded. In response to these limitations, new methodologies have been developed based on mRNA and microRNA analysis, as well as proteomic and metabolomic techniques, to improve the identification of bodily fluids.

A relevant advance is the use of next-generation sequencing (NGS) technologies and the analysis of single-nucleotide polymorphisms (SNPs) for genetic comparison. These methods increase precision, enable the analysis of highly compromised samples, and strengthen forensic experts' ability to link suspects with greater certainty to reliable biological evidence, contributing to objective justice and sustainable national public security.

Keywords: DNA, forensic science, bodily fluids, identification, NGS, SNP.



Reviewed by:

Mgs. Sofia Freire Carrillo

ENGLISH PROFESSOR

C.C. 0604257881

III. Introducción

Una de las herramientas más confiables y determinantes en el campo de la justicia penal moderna es la identificación de fluidos corporales como sangre, saliva y semen, así como la comparación de los perfiles de ADN extraídos de estos fluidos. El campo de la justicia penal moderna es la identificación de fluidos corporales como sangre, saliva y semen, así como la comparación de los perfiles de ADN extraídos de estos fluidos.

El rápido avance de la biotecnología y la genética forense ha llevado a nuevos procedimientos que no sólo permiten detectar con mayor precisión estos fluidos en las escenas del crimen, sino también identificar positivamente a potenciales criminales. El estudio examina el análisis y el uso de estas técnicas de vanguardia, que actualmente marcan una diferencia significativa en los procedimientos de identificación forense y la administración de justicia penal.

Este estudio se sitúa en un mundo donde los sistemas legales requieren más equitativos; los sistemas científicos exigen más pruebas objetivas, científicas y comprobables para emitir decisiones justas y bien fundamentadas. En este contexto, el ADN se establece como una “prueba silenciosa” que puede unir o separar a un sospechoso de una muestra encontrada en la escena del crimen gracias a su secuencia única e intransferible. Además, identificar con precisión el fluido de origen (como sangre, saliva o semen) ayuda a contextualizar la actividad biológica que tuvo lugar y proporciona información pertinente para reconstruir los eventos.

Este doble enfoque (identificación de fluidos y comparación del perfil genético) se convierte en un componente esencial del sistema de justicia penal con variedad de campos. Contribución significativa al fortalecimiento del conocimiento científico-técnico en los campos de la genética forense, la biología molecular y la justicia penal en el ámbito "académico".

Desarrollo de profesionales con pensamiento crítico y habilidades prácticas necesarias para manejar situaciones complejas en la práctica extranjera y laboratorios públicos que buscan optimizar sus procesos, integrar tecnologías en el punto de venta y garantizar resultados más rápidos y confiables. Desde una "perspectiva social", esta investigación aboga por una justicia más equitativa y efectiva. La aplicación rigurosa de la ciencia a la identificación de evidencia permite una elucidación más precisa de los actos criminales, protege los derechos de las víctimas y previene errores judiciales que perjudican a partes inocentes.

En cuanto a la Metodología, este estudio seguirá un enfoque cualitativo, con una revisión exhaustiva de fuentes secundarias de carácter científico y técnico, incluyendo artículos de revistas indexadas, manuales forenses y protocolos internacionales. El diseño de esta investigación es no experimental, de revisión sistemática del estado del arte, de tipo descriptivo, analítico-comparativo.

Se examinarán casos representativos en los que la aplicación de técnicas avanzadas en identificación de fluidos y comparación de ADN ha sido esencial para la resolución del caso. Los resultados esperados de este estudio ayudan a identificar y describir los métodos más nuevos y efectivos usados para identificar fluidos biológicos y hacer comparaciones genéticas en contextos forenses.

El objetivo es establecer una base comparativa entre las tecnologías tradicionales y las nuevas, evaluando factores como la sensibilidad, la especificidad, el tiempo de procesamiento y la aplicabilidad en diversos contextos forenses. A la luz de esto, se espera desarrollar recomendaciones prácticas para aplicar estos métodos en los laboratorios de defensa del país. Esto fortalecerá capacidad institucional para analizar evidencia científica y elevará el estándar de las decisiones judiciales.

En términos generales, este trabajo se organiza en cuatro capítulos. El planteamiento del problema, los objetivos de la investigación, la justificación y los límites del estudio se presentan en el Capítulo I. El marco teórico se desarrolla en el Capítulo II, abarcando los fundamentos científicos de los fluidos corporales, el ADN forense y las técnicas contemporáneas de identificación y análisis. La metodología utilizada para desarrollar la investigación se describe en el Capítulo III, el cual también abarca el enfoque, el diseño y las técnicas de recolección y análisis de información. El Capítulo III describe la metodología utilizada para el desarrollo de la investigación, incluyendo el enfoque, diseño, técnicas de recolección y análisis de la información. Finalmente, el Capítulo IV expone los resultados obtenidos, su análisis e interpretación, así como las conclusiones y recomendaciones que se derivan del estudio.

Esta investigación busca no sólo avanzar en el conocimiento académico sino también proporcionar información sobre herramientas concretas que puedan utilizarse en la práctica forense y judicial de manera ética y eficiente.

IV. Capítulo 1

4.1.Generalidades

4.1.1. Planteamiento del Problema

En el ámbito de la criminalística, la identificación de fluidos corporales determinación del perfil genético constituyen elementos fundamentales en la elucidación de hechos delictivos. Actualmente, los protocolos convencionales para el análisis de ADN, como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la electroforesis en gel, se aplican ampliamente en los laboratorios forenses para asociar evidencia biológica con posibles sospechosos. Sin embargo, con el avance de la biotecnología y la aparición de nuevas técnicas analíticas más actualizadas, ha surgido la necesidad de valorar en qué medida estos métodos nuevos logran superar en precisión, rapidez y eficacia a los procedimientos tradicionales.

Los métodos tradicionales han demostrado ser confiables a lo largo del tiempo, pero presentan algunas limitaciones cuando se trabaja con muestras degradadas, mezclas complejas o cantidades mínimas de ADN. Ante estas dificultades, nuevas tecnologías han emergido como la secuenciación masiva (Next Generation Sequencing – NGS), la espectroscopía molecular, la tipificación epigenética y los biosensores digitales. Algunos por su prematura aparición están siendo investigadas y otros ya están siendo, implementados en laboratorios de alto nivel para mejorar la detección de fluidos biológicos y la individualización genética.

A pesar de estos avances, aún existen preguntas clave que mantienen en zozobra a quienes hacen uso de estos métodos: ¿De qué manera estos nuevos métodos repercuten en la calidad del proceso forense? ¿Realmente ofrecen una ventaja significativa sobre las metodologías tradicionales? ¿Están disponibles y validadas para su uso rutinario en laboratorios forenses, donde los recursos tecnológicos pueden ser limitados? La falta de una evaluación comparativa sistemática

entre los métodos tradicionales y los nuevos procedimientos dificulta la toma de decisiones fundamentadas sobre su uso.

La necesidad de contar con herramientas cada vez más eficaces y confiables para la identificación forense es crucial, no solo para establecer enlaces certeros entre sospechosos y la evidencia biológica, sino también para avalar el respeto al debido proceso legal y evitar errores judiciales. La presente investigación busca analizar cómo impactan los nuevos métodos de análisis de ADN en la precisión y eficacia de la identificación de fluidos corporales para la identificación de sospechosos en casos criminales, y así llegar a determinar si representan una mejora en la aplicación con respecto a los procedimientos tradicionales y las implicaciones que tendrían para que su implementación en los sistemas forenses actuales sea efectiva.

Esta propuesta tiene como fundamento la necesidad de modernizar los protocolos forenses para así satisfacer las exigencias de un sistema judicial que requiere resultados mas confiables, veloces y accesibles. Además, se plantea aportar a la ciencia y la técnica en lo que concierne a los avances en genética forense, y elaborar sugerencias para robustecer el ejercicio profesional en los laboratorios de criminalística del país.

4.1.2. Limitación de los métodos tradicionales

Durante décadas, la comparación de perfiles genéticos y los métodos tradicionales empleados en el análisis forense de fluidos corporales han sido esenciales para resolver casos criminales. No obstante, a pesar de su relevancia histórica y su contribución al progreso de la genética forense, estos procedimientos presentan múltiples restricciones técnicas, interpretativas y contextuales que podrían afectar la exactitud, sensibilidad y eficacia del análisis forense.

Uno de los principales obstáculos de las técnicas tradicionales, como la detección de amilasa (para saliva), el test de fosfatasa ácida (para semen) o el Kastle-Meyer (para sangre), es

que su sensibilidad es limitada cuando se trata de muestras escasas. Estos métodos presentan una sensibilidad reducida frente a muestras que han envejecido o que se han visto deterioradas por factores del medioambiente o que tienen una concentración baja de biomarcadores. Algunas condiciones ambientales como la humedad, luz, temperatura, exposición al aire libre en numerosas ocasiones afectan negativamente los compuestos biológicos, lo que dificulta su identificación mediante técnicas convencionales que se basan en reacciones específicas de tipo químico o enzimático.

La falta de claridad entre fluidos corporales semejantes puede provocar que varios de los análisis tradicionales proporcionen falsos positivos o resultados inciertos al examinar fluidos que tienen enzimas o compuestos químicos en común. Por ejemplo, la presencia de peroxidasas de las plantas o de ciertos agentes oxidantes puede arrojar resultados positivos en las pruebas de sangre, creando una confusión y poniendo en duda el uso de la o las técnicas. Además, la detección de amilasas no establece distinción entre la saliva y otras secreciones ya sean humanas o de animales. Esto restringe la habilidad del analista para definir con precisión el tipo de fluido que se encuentra en la evidencia.

Algunas de estas técnicas incluyen procesos destructivos en la muestra biológica, como el empleo directo de reactivos químicos, lo que imposibilita un análisis más minucioso. Cuando la evidencia es escasa, esto significa que se pierde de manera irremediable la información biológica que es sumamente importante para el estudio genético.

Diversos ensayos tradicionales se basan en el análisis visual del resultado (cambio de color, fluorescencia, etc.), que puede estar expuesto a errores humanos y a cambios en la percepción del analista. Esto constituye una debilidad en situaciones judiciales que requieren objetividad, reproducibilidad y evidencia que pueda ser cuantificada.

Respecto a la comparación de perfiles genéticos utilizando métodos convencionales como STRs (Short Tandem Repeats) por PCR y electroforesis capilar, aunque han sido estándares muy confiables, también tienen sus limitaciones, sobre todo en muestras mixtas; es decir, cuando las evidencias contienen ADN de más de un individuo. Esto complica la identificación individual debido a contaminaciones cruzadas o fallos en la cadena de custodia que comprometen la validez de los perfiles.

Los marcadores limitados, porque los kits convencionales examinan una cantidad pequeña de loci STR, lo cual podría no ser suficiente en ciertos escenarios (por ejemplo, vínculos biológicos complejos o muestras que están parcialmente degradadas).

Los métodos tradicionales suelen necesitar múltiples etapas de preparación y procesamiento, las cuales exigen tiempo y personal técnico especializado. Esto puede demorar la consecución de resultados y en situaciones en las que el tiempo es esencial para resolver el caso o tomar decisiones judiciales. Asimismo, la mayoría de estos métodos requieren equipos específicos que no siempre están al alcance en todos los laboratorios forenses, sobre todo en zonas con poca disponibilidad de recursos.

4.2. Justificación de la investigación

En las últimas décadas, la ciencia forense, especialmente la biología forense, ha progresado significativamente, lo que ha posibilitado que se desarrollen métodos nuevos para identificar fluidos del cuerpo y conseguir perfiles genéticos más exactos. Históricamente, los métodos bioquímicos y microscópicos han sido utilizados para identificar fluidos como la saliva, el semen y la sangre. Si bien estas herramientas son fundamentales en el estudio de la criminalidad, presentan restricciones en sensibilidad, especificidad y en el análisis de muestras pequeñas o deterioradas. En vista de lo anterior, este estudio es relevante porque persigue la identificación de

nuevas técnicas que contribuyan a superar estas restricciones y optimizar la calidad de la evidencia biológica empleada para vincular a sospechosos con las escenas del crimen.

Esta investigación es relevante desde la perspectiva académica, ya que fomenta una valoración crítica y comparativa entre tecnologías emergentes y métodos tradicionales. Se examinan métodos tales como el microARN y el ARN mensajero (mRNA), así como herramientas metabolómicas y proteómicas, para determinar si estas innovaciones permiten una identificación más específica de los fluidos corporales. Además, la adopción de tecnologías innovadoras, como el análisis de perfiles genéticos y la secuenciación de nueva generación (NGS), así como los arrays de polimorfismos de nucleótido único (SNPs), suponen una transformación en cómo se detectan y analizan estos perfiles, particularmente en muestras que requieren un manejo complejo.

Esta investigación es una respuesta a la demanda cada vez mayor de los laboratorios forenses y del sistema judicial, que nos presiona a establecer protocolos más exactos, veloces y seguros para validar científicamente las pruebas en los juicios penales. La información adquirida permitirá que se contrasten la eficacia de los métodos modernos con la de los tradicionales, proveyendo criterios técnicos concretos para su aplicación en la resolución de casos delictivos. Esto no solamente tendrá un efecto en la calidad de los informes periciales, sino que además ayudará a disminuir los márgenes de error judicial, resguardando tanto a las víctimas como a los acusados.

En el contexto social, identificar de manera precisa a un sospechoso por medio del ADN puede ser crucial para buscar justicia. Por ende, la creación de investigaciones que optimicen la confiabilidad de las pruebas forenses robustece la confianza de los ciudadanos en las instituciones que fomentan el respeto a los derechos humanos y luchan contra la impunidad. En un contexto en

el que la ciencia aplicada a la justicia adquiere cada vez más importancia, este estudio no solo es pertinente, sino también indispensable.

El propósito de esta investigación es evaluar y definir con precisión los métodos tradicionales. Examinando las mejoras en especificidad que brindan las tecnologías fundamentadas en ARN y proteínas para establecer el efecto de las tecnologías avanzadas en el análisis de muestras comprometidas. Asimismo, compara la efectividad general de las diferentes perspectivas en situaciones reales. De esta manera, se podrá desarrollar una investigación firme, que tenga un impacto directo tanto en el ámbito académico como en la práctica profesional forense.

En resumen, esta investigación añade un aporte importante a la genética forense, puesto que ofrece una visión actualizada y comparativa sobre los mejores métodos para identificar fluidos biológicos y la individualización genética en el ámbito criminal.

La identificación de fluidos corporales es más precisa y eficaz cuando se aplican métodos avanzados para analizar el mRNA, microARN, técnicas proteómicas y metabolómicas, así como la secuenciación de nueva generación (NGS) y arrays de polimorfismos de nucleótido único (SNP), incrementa significativamente la precisión y eficacia en la identificación de fluidos corporales. Estos métodos, además de todo, mejoran la habilidad para detectar y comparar ADN en muestras que son escasas o están degradadas, lo que ayuda significativamente a resolver casos criminales en el ámbito de la investigación forense.

V. Objetivos

5.1.Objetivo General

Determinar nuevos procedimientos en la identificación de fluidos corporales (sangre, saliva, semen) y la comparación de perfiles de AND para asociar a sospechosos con la evidencia biológica.

5.2.Objetivos específicos

Evaluar la precisión de los métodos tradicionales (*bioquímicos y microscópicos*) en la *identificación de fluidos corporales como saliva, sangre y semen.*

Analizar cómo el uso de mRNA y microARN, junto con técnicas proteómicas y metabolómicas, mejora la especificidad en la identificación de fluidos corporales.

Determinar el impacto de la implementación de tecnologías avanzadas como NGS y *arrays de SNP* en la detección y comparación de ADN en muestras degradadas o escasas.

Comparar la eficacia de los métodos tradicionales frente a los métodos avanzados en la resolución de casos criminales.

VI. Capítulo 2

6.1.Estado del arte y la práctica

6.1.1. Antecedentes investigativos

El progreso de la tecnología forense en años recientes ha facilitado un avance importante en la identificación de fluidos corporales y el estudio de los perfiles genéticos. Se han realizado diversas investigaciones para explorar alternativas a los métodos convencionales, que se apoyan en análisis bioquímicos y microscópicos. Estos métodos presentan restricciones en la sensibilidad y especificidad, así como en el manejo de muestras deterioradas. Rankin-Turner et al. (2021)

examina, en este marco, una metodología novedosa que emplea la desorción térmica acompañada de espectrometría de masas (TD-MS) para detectar con rapidez y precisión fluidos corporales in situ. Esta metodología es capaz incluso de estimar la antigüedad de las muestras sin requerir reactivos presuntivos. Aunque este trabajo no trata la comparación con métodos moleculares ni la relación directa con perfiles de ADN, que es precisamente el enfoque del estudio actual, representa un progreso importante.

Por otra parte, la investigación de Sun et al. (2022) explora el uso de microARNs como biomarcadores para reconocer fluidos corporales a través de métodos de PCR en tiempo real y aprendizaje automático. El estudio, con la ayuda de un clasificador SVM, consiguió detectar fluidos vaginales, lágrimas, semen, saliva y sangre con gran exactitud, aún en muestras mezcladas o deterioradas. Este análisis muestra que las moléculas específicas y estables pueden aplicarse en circunstancias forenses. A pesar de que solamente se centra en microARN, aporta pruebas significativas acerca de la eficacia de estos procedimientos en comparación con los convencionales. Nuestra investigación desarrolla esta perspectiva al añadir además técnicas de metabolómica, proteómica y de secuenciación masiva.

Siguiendo esta misma línea, realizan un estudio de las posibilidades que ofrece la proteómica forense, donde se indagan cómo el análisis de proteínas concretas puede ayudar a identificar fluidos corporales y proporcionar información adicional como la enfermedad o el sexo del donante. La espectrometría de masas indica que, sobre todo en situaciones donde el ADN no se encuentra presente o está dañado, la proteómica tiene el potencial de ser más eficaz que los análisis tradicionales. Esta perspectiva es una herramienta complementaria de gran valor, donde se busca compararla con otros métodos moleculares de vanguardia para determinar su efectividad en la resolución de delitos.

Parson et al. (2019) destacan, desde el análisis genético, la forma en que la secuenciación de nueva generación (NGS) transforma el estudio forense al posibilitar la lectura simultánea de múltiples marcadores genéticos. La NGS ha mostrado una superior sensibilidad y habilidad para manejar muestras complejas, mixtas o degradadas en comparación con los métodos STR convencionales. Esta investigación busca la contribución para analizar cómo el empleo de tecnologías como los microarrays de SNP y NGS puede incrementar la exactitud no solo en la detección de ADN, sino también al vincularse con sospechosos.

Bustamante et al. (2023) también confrontan de manera directa técnicas de análisis genético en muestras biológicas que se han visto perjudicadas. Ellos concluyen que las técnicas como la secuenciación de nueva generación (NGS) y los arrays de SNP ofrecen perfiles más exactos y detallados que las pruebas de PCR convencionales. se enfatizan en la necesidad de actualizar los métodos forenses para asegurar resultados fiables en situaciones desfavorables. Este estudio apoya nuestra investigación, pues contiene una valoración sistemática de la manera en que estos nuevos métodos afectan la capacidad de vincular pruebas biológicas con los sospechosos en casos reales.

Estas investigaciones ofrecen un fundamento fuerte acerca de la efectividad de nuevas herramientas moleculares y tecnológicas que se utilizan en la identificación forense. Sin embargo, la mayoría se concentra en métodos individuales. La investigación tiene como valor añadido un análisis comparativo exhaustivo entre técnicas tradicionales y emergentes (ARN, NGS, metabolómica y proteómica), centrándose en su efecto sobre la precisión, el valor probatorio y la especificidad en situaciones criminales.

6.1.2. Fundamentación Legal

Esta investigación se sitúa dentro de un fuerte marco normativo tanto nacional como internacional que apoya la aplicación de técnicas científicas y tecnológicas en el análisis de

evidencia biológica en el ámbito forense. A escala global, el derecho a un juicio justo está reconocido por herramientas como la Convención Americana sobre Derechos Humanos (1969) y el Pacto Internacional de Derechos Civiles y Políticos (1966), lo que significa que la recopilación y análisis de pruebas, incluyendo las biológicas, deben llevarse a cabo con fundamento en principios científicos fiables.

El artículo 69 del Estatuto de Roma (1998) de la Corte Penal Internacional determina la relevancia de las evidencias científicas y tecnológicas en los procesos judiciales. Esto hace que el uso de métodos como el análisis de microARN o la secuenciación genética dentro de los estudios criminales sea legítimo.

La Constitución de la República del Ecuador (2008), en su artículo 76, asegura el derecho a la defensa y al debido proceso en el marco ecuatoriano, destacando que las pruebas tienen que obtenerse de acuerdo con la ley, lo que significa que se debe emplear procedimientos técnicamente válidos. Los artículos 454 y 455 del Código Orgánico Integral Penal (COIP) establecen la función de los peritos y la validez de sus informes, enfatizando que estos deben basarse en métodos científicos. Esto hace que sea razonable incluir tecnologías como el análisis proteómico o la NGS en los laboratorios forenses de la nación. El COIP también posibilita que se valoren las pruebas fundamentadas en evidencia genética para la identificación de individuos involucrados en actividades delictivas.

Por otro lado, el Decreto Ejecutivo número. 607, que incluye el Reglamento a la Ley de Medicina Legal y Ciencias Forenses, fomenta la aplicación de técnicas científicas contemporáneas en la práctica forense al definir las pautas técnicas que los procedimientos periciales deben seguir. Además, el Acuerdo Ministerial No. 042 del Ministerio de Gobierno (2020) define procedimientos actualizados para la gestión de la escena del crimen y el manejo de evidencia biológica,

interponiendo una gran importancia la cadena de custodia y la exactitud en los análisis, que incluyen pruebas moleculares sofisticadas. El Servicio Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses y el INSPI, y otras entidades, han establecido protocolos que buscan respaldar la aplicación de tecnologías emergentes en ADN forense. Esto ratifica el valor técnico y legal de este estudio.

En síntesis, en Ecuador la ley vigente, junto a los convenios internacionales que el país ha suscrito, posibilita y promueve el empleo de tecnologías científicas de vanguardia para el reconocimiento de fluidos corporales y la comparación de perfiles genéticos; lo cual ayuda a consolidar el sistema de justicia penal.

6.1.3. Fundamentación teórica

En las últimas décadas, la genética molecular, la biotecnología y la bioinformática han progresado notablemente, lo que ha permitido una evolución significativa en el reconocimiento de fluidos corporales y en el cotejo de perfiles de ADN. En esta circunstancia, es preciso examinar críticamente tanto las metodologías tradicionales como los enfoques recientes, además de su efecto en el campo forense. Esto es para comprender cómo son beneficiosos para vincular a los sospechosos con las evidencias biológicas encontradas en la escena del delito.

Los fluidos corporales son considerados como una fuente de evidencia biológica. De acuerdo con Butler (2015), los fluidos como la saliva, el semen y la sangre, que contienen células, se convierten en componentes esenciales para la investigación criminal porque posibilitan extraer ADN. Históricamente, para identificar se han utilizado técnicas bioquímicas y microscópicas, como la prueba de luminol para descubrir sangre o la detección de amilasa en la saliva. No obstante, estas metodologías presentan restricciones en la sensibilidad, la especificidad y el uso de muestras deterioradas (García-Ruiz, 2018).

La biología molecular ha inaugurado una nueva perspectiva gracias a la utilización de marcadores genéticos más sólidos. El ADN se ha vuelto en el "patrón oro" para la identificación individual en el campo forense. Sin embargo, el análisis de este ADN ha experimentado un cambio significativo. Se han empleado en años recientes técnicas como la secuenciación de nueva generación (NGS) y los arrays de polimorfismos de nucleótido único (SNPs) para optimizar la habilidad de identificar perfiles genéticos íntegros, incluso en muestras que están muy degradadas o poseen una cantidad mínima de material genético (Van der Gaag et al., 2016).

El uso de microARN (miARN) y ARNm para detectar con precisión el tipo de fluido corporal presente en una muestra es un ejemplo de enfoque que ha surgido debido a la especificidad limitada de los métodos tradicionales. Estos biomarcadores posibilitan que no solamente se detecte la existencia de ADN humano, sino que, además, se determine si el fluido es sangre, saliva o semen con gran precisión (Zubakov et al., 2010). Cuando existen diferentes clases de fluidos presentes en la escena del crimen o cuando se han modificado las muestras debido a factores ambientales, este tipo de distinción resulta crucial.

En Ecuador, la literatura forense todavía es escasa en lo que se refiere a la aplicación de estos métodos avanzados. No obstante, investigaciones locales, por ejemplo, las que realiza el Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública (INSPI), indican que es necesario actualizar los protocolos de investigación, especialmente en situaciones donde ha transcurrido mucho tiempo desde la comisión del delito y esto ha impactado la calidad de las muestras (INSPI, 2021). En comparación, territorios como Estados Unidos, el Reino Unido y Países Bajos han incorporado estas tecnologías a sus protocolos forenses, lo que les ha permitido alcanzar tasas más altas de resolución de casos (Kayser & de Knijff, 2011).

Una perspectiva crítica muestra que, aunque la tecnología posibilita una precisión mayor, también plantea nuevos retos como el personal que debe contar con alta capacitación, equipos costosos y protocolos de validación estrictos. Además, según Jobling & Gill (2004), el empleo de datos genéticos plantea dilemas éticos relacionados con la privacidad, el consentimiento informado y protección segura de los datos.

Desde el enfoque metodológico, las investigaciones examinadas evidencian un progreso evidente de métodos cualitativos hacia enfoques cuantitativos y mixtos. Por ejemplo, la investigación de Hanson y Ballantyne (2013) valida la especificidad de marcadores moleculares nuevos mediante la combinación de estudios experimentales con análisis estadísticos. Este tipo de evidencia empírica es fundamental para respaldar modificaciones en la ley forense y en los procedimientos de las unidades dedicadas a la criminalística.

La evolución histórica de la genética forense como una disciplina especializada dentro de la genética aplicada es de suma importancia. El descubrimiento del ADN por parte de Crick y Watson en 1953, el cual sentó las bases para entender la herencia genética (Watson & Crick, 1953), es el origen de esta. No obstante, la técnica de huella genética fue desarrollada por Alec Jeffreys en el año 1985, lo cual significó el comienzo de la genética forense como instrumento para identificar individuos (Jeffreys et al., 1985).

En los primeros años de su uso, las técnicas de análisis del ADN se centraron en los minisatélites y posteriormente en el STR (Short Tandem Repeats), lo cual proporcionó más precisión y sencillez a la hora de comprender los perfiles genéticos. Estos métodos fueron adoptados por sistemas judiciales en todo el mundo y, como resultado, se establecieron bases de datos genéticas nacionales, como CODIS en Estados Unidos. (Butler, 2001)

La secuenciación de nueva generación ha posibilitado la determinación de perfiles genéticos con más resolución. Además, ha incorporado elementos como la predicción fenotípica, el origen biogeográfico y el reloj epigenético. Esto expande el rango de utilidad del análisis genético forense (Van der Gaag et al., 2016).

Naciones como Colombia y México han progresado en la aplicación de estos métodos en pesquisas penales dentro del marco latinoamericano. Por ejemplo, investigaciones recientes han demostrado que el empleo de miARN para determinar fluidos corporales ha facilitado la solución de casos de violencia sexual con más eficiencia (Martínez et al., 2020).

El Código Orgánico Integral Penal y la Ley Orgánica del Sistema Nacional de Registro de Datos Públicos en Ecuador determinan normas para el empleo de información genética en investigaciones judiciales, pero su implementación todavía es escasa en comparación con las posibilidades que ofrecen las tecnologías emergentes (Asamblea Nacional del Ecuador, 2014).

La identificación de fluidos corporales y la comparación de perfiles de ADN están evolucionando, debido a los avances tecnológicos y a la exigencia de una precisión más alta en las indagaciones delictivas. A pesar de que los procedimientos nuevos presentan beneficios significativos con respecto a los tradicionales, también representan desafíos éticos e institucionales que deben ser tratados. En el escenario ecuatoriano, para que estas herramientas sean implementadas se necesita una infraestructura apropiada, un entrenamiento especializado y una política pública definida.

En cuanto a la identificación de fluidos corporales y la comparación de perfiles de ADN han progresado notablemente en las últimas décadas, debido al desarrollo de la bioinformática, la genética molecular y la biotecnología, es imprescindible que se evalúen críticamente los métodos tradicionales y los nuevos enfoques, así como su efecto en el ámbito forense, con el objetivo de

entender cómo estos pueden ser útiles para vincular a sospechosos con la evidencia biológica hallada en el lugar donde ocurrió un delito.

Los fluidos corporales son considerados como una fuente de evidencia biológica, y es uno de los conceptos esenciales en este ámbito. De acuerdo con Butler (2015), fluidos como la saliva, el semen y la sangre, que contienen células, se convierten en componentes de suma importancia para la investigación criminal porque posibilitan extraer ADN. Históricamente, su identificación se ha fundamentado en exámenes bioquímicos y microscópicos, como el análisis de luminol para la sangre o la identificación de amilasa salival; sin embargo, estas metodologías han evidenciado restricciones en sensibilidad, aplicabilidad y especificidad cuando se trata de muestras degradadas (García-Ruiz, 2018).

La biología molecular ha inaugurado una nueva perspectiva gracias a la utilización de marcadores genéticos más sólidos. El ADN se ha vuelto en el "patrón oro" para la identificación individual en el campo forense. Pero el análisis de este ADN ha experimentado un cambio significativo puesto que la habilidad para identificar perfiles genéticos íntegros, incluso en muestras con una gran descomposición o un escaso volumen de material genético, ha aumentado en años recientes gracias a tecnologías como la secuenciación de nueva generación (NGS) y los arrays de polimorfismos de nucleótido único (SNPs) (Van der Gaag et al., 2016).

El uso de microARN (miARN) y ARNm para detectar con precisión el tipo de fluido corporal presente en una muestra es un ejemplo de enfoque que ha surgido debido a la especificidad limitada de los métodos tradicionales. Los biomarcadores posibilitan que no solamente se detecte la existencia de ADN humano, sino que, además, se determine si el fluido es sangre, saliva o semen con gran precisión (Zubakov et al., 2010). Cuando existen diferentes clases de fluidos presentes en la escena del crimen o cuando se han modificado las muestras debido a factores ambientales.

En Ecuador, la literatura forense todavía es escasa en lo que se refiere a la aplicación de estos métodos avanzados. No obstante, las investigaciones realizadas a nivel local, por ejemplo las efectuadas por el Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública (INSPI), evidencian la urgencia de modernizar los protocolos periciales, particularmente en situaciones donde el tiempo que ha pasado desde el delito ha puesto en riesgo la integridad de las pruebas (INSPI, 2021).

Gracias a la necesidad de una mayor precisión en las investigaciones criminales y los progresos tecnológicos, la identificación de fluidos corporales y la comparación de perfiles de ADN se encuentran en una nueva fase. A pesar de que los procedimientos nuevos presentan beneficios significativos con respecto a los tradicionales, también representan desafíos éticos e institucionales que deben ser tratados. Para que estas herramientas puedan ser implementadas en Ecuador, es necesario contar con una política pública definida, formación especializada y una infraestructura apropiada que asegure su uso eficaz y legalmente válido.

La precisión de la identificación y comparación de líquidos corporales como la saliva, el semen y la sangre, así como de los perfiles de ADN para vincular a sospechosos con pruebas biológicas, se ha perfeccionado gracias al avance en genética forense en años recientes. Estas mejoras se han producido, en su mayor parte, gracias al progreso de las nuevas tecnologías moleculares que han logrado superar los obstáculos de los métodos convencionales basados en reacciones bioquímicas y observaciones con microscopios (LabGenetics, s.f.).

El análisis de ARN mensajero (ARNm) y microARN (miARN) es una de las técnicas más modernas, que posibilita determinar con gran especificidad el tipo de fluido corporal contenido en una muestra. Por ejemplo, algunos miARN como el miR-888-5p son marcadores concretos de semen; en cambio, genes como SEMG1 o PRM1 también se emplean para tal fin. De acuerdo con

la Asociación de Genética Médica Forense (AGMF) en 2023, estos métodos son eficaces incluso en muestras degradadas, y el análisis por RT-qPCR ofrece resultados fiables.

La espectroscopía infrarroja (IR), además de la espectroscopía Raman, es otra técnica avanzada. Esta técnica no destructiva posibilita el análisis de la composición química de los fluidos sin requerir que se extraiga ADN de forma inmediata. Han probado ser eficaces para identificar fluidos secos o mezclados, sobre todo cuando se necesita conservar la muestra para otros análisis futuros (Sociedad Española de Química Analítica [SEQA], 2023).

La secuenciación masiva en paralelo, o Next Generation Sequencing (NGS), es uno de los avances más significativos en el análisis del ADN. Esta técnica posibilita adquirir información genética más precisa y resulta especialmente útil cuando hay escaso ADN disponible o en combinaciones complejas de perfiles genéticos. Asimismo, posibilita el análisis simultáneo de diversos marcadores como SNPs, STRs e INDELs (Revista Ciencia Digital, 2023).

El fenotipado forense es otra innovación relevante, pues posibilita anticipar rasgos físicos de un individuo —como el color de su piel, cabello u ojos— a partir del ADN. Cuando en las bases de datos genéticas no hay coincidencias y es necesario elaborar un retrato genético del sospechoso, esta técnica es útil.

Además, la metilación del ADN se ha convertido en un método epigenético que posibilita distinguir el tipo de fluido corporal según los patrones de metilación específicos de cada tejido. Cuando se necesita verificar el origen celular de una muestra biológica, esta estrategia presenta un potencial significativo para la identificación forense (AGMF, 2023).

En cuanto a la comparación de perfiles genéticos, bases de datos como CODIS (sistema combinado de índices de ADN) continúan siendo una herramienta fundamental en la criminalística

contemporánea. Estas bases permiten la resolución de casos al cruzar perfiles de sospechosos con pruebas recogidas en distintas escenas del crimen y emplean marcadores STR.

El Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública (INSPI) ha empezado a utilizar estas tecnologías en Ecuador, pero todavía se enfrenta a desafíos relacionados con la formación profesional y la inversión en equipos específicos. Investigaciones efectuadas en universidades de Ecuador han indicado que es necesario actualizar los métodos de análisis genético en la nación para poder cumplir con los estándares internacionales (Plaza Cevallos, s.f.).

El empleo forense del ADN también supone retos legales y éticos, como el manejo responsable de la información genética, la protección de datos personales y el consentimiento informado. Por esta razón, entidades como el Ministerio de Justicia de España han elaborado manuales sobre las prácticas adecuadas para el uso del ADN con propósitos judiciales, que podrían ser un referente para América Latina (Ministerio de Justicia, s.f.).

La genética forense ha logrado un avance significativo debido a técnicas innovadoras que posibilitan reconocer los fluidos biológicos con gran exactitud y determinar conexiones genéticas fiables entre la evidencia y los sospechosos potenciales. Sin embargo, para que se implemente efectivamente es necesario contar con una infraestructura apropiada, personal competente y un marco legal que asegure no solo la eficacia sino también el respeto de los derechos humanos.

A continuación, y acumulando la información más relevante sobre las técnicas tradicionales utilizadas se presentará una tabla en donde observaremos la técnica, el autor, la fuente, ventajas y desventajas de estas.

Tabla 1. Compendio de las técnicas tradicionales de análisis fluidos biológicos.

TÉCNICA TRADICIONAL	AUTOR	REVISTA/SITIO WEB	VENTAJAS	DESVENTAJAS
Presuntiva para sangre KASTLE MEYER, TMB, LUMINOL	B Idris	ScienceDirect	-Sensibles -Rápidas -Económicas -Funcionales en campo	-Baja especificidad -Falsos positivos -Posible deterioro de la muestra
Confirmatoria para sangre TAKAYAMA/TEICHMANN E INMUNICROMATOGRAFÍA	C. Cuttaia	MDPI	-Alta especificidad -Reconoce sangre humana	-Requiere de condiciones controladas -Disminución de la sensibilidad en muestras degradadas
Presuntiva para saliva: Prueba de amilasa (PHADEBAS®)	D. J. Wornes / M. Upadhyay	ScienceDirect, EJFS	-Rápida -Económica -Fácil de aplicar	-Resultados falsos positivos con otras fuentes de amilasa -Disminución de la sensibilidad reducida en muestras viejas.
Confirmatoria para saliva Pruebas inmunológicas (RSID-Saliva) o mRNA	M. Upadhyay	EJFS	-Alta especificidad -Útil en mezclas complejas.	-Precio elevado -Receptivo a muestras deterioradas -Requiere laboratorios especializados
Presuntiva para semen Prueba de fosfatasa ácida	D. L. Laux	Revisión técnica forense	-Rápida Económica -Útil en campo.	-No es específico -Menor sensibilidad con muestras lavadas o antiguas.

Confirmatoria para semen PSA (p30) / ABACard / RSID-Semen	M. N. Hochmeister	PubMed / Forensic Journals	-Alta especificidad y sensibilidad -Pruebas rápidas.	-Costoso -Posible reacción cruzada -Requiere confirmación adicional.
Tipificación genética tradicional STRs por PCR	S. Panneerchelvam / R.A.H. van Oorschot	PMC / Investigative Genetics	-Alta discriminación individual -Validada internacionalmente.	-Requiere laboratorio -Interpretación compleja en muestras degradadas o mezclas.
Citología espermática y pruebas químicas locales	Varios autores	Revisiones forenses	-Confirmación visual directa -Evidencia morfológica clara.	-No útil en azoospermia o -Ante la degradación; requiere pericia técnica.

6.1.4. Técnicas más recientes en la identificación de fluidos corporales y la comparación de perfiles de ADN.

La tecnología avanzada conocida como Secuenciación Masiva en Paralelo o Next Generation Sequencing (NGS) posibilita que millones de fragmentos de ADN secuenciados al mismo tiempo en una única corrida. NGS brinda una capacidad de análisis significativamente más alta en comparación con la secuenciación Sanger tradicional. Esto posibilita el análisis de regiones genómicas completas con resolución alta y en menos tiempo (Goodwin, McPherson & McCombie, 2016).

En el campo forense, la NGS ha transformado la tipificación genética al ofrecer información más exhaustiva que los sistemas STR tradicionales. Esta técnica da la posibilidad de analizar loci STR, SNPs, zonas mitocondriales, genes codificantes y perfiles epigenéticos, lo que

optimiza en gran medida la capacidad para distinguir entre individuos, aun en situaciones de muestras deterioradas o mezclas complejas. (Parson et al., 2018).

Una ventaja principal de NGS es que puede identificar a la vez varios biomarcadores genéticos, entre los que se encuentran polimorfismos nucleotídicos (SNPs) que brindan información acerca del color de cabello y ojos, sexo, procedencia biogeográfica. Estos datos posibilitan la creación de un "perfil fenotípico forense", el cual guía las indagaciones incluso en los casos en que no hay coincidencias en bases de datos (Kayser, 2015).

NGS ha demostrado ser útil para identificar perfiles de ADN de baja cantidad (LTDNA) en situaciones criminales en las que las muestras biológicas son diminutas. Esta técnica tiene una sensibilidad alta, lo que permite crear perfiles integrales a partir de muestras complejas, como sangre envejecida, cabello sin bulbo o huesos (Van der Gaag et al., 2016).

NGS supera las restricciones de la electroforesis capilar tradicional en circunstancias de ADN mezclado, como las que suceden en ataques sexuales, ya que puede diferenciar los alelos por su secuencia y no solamente por su tamaño. Esto potencia la discriminación entre los contribuyentes y asiste en el análisis de perfiles mixtos con más exactitud (Just et al., 2017).

La epigenética forense es otro campo nuevo que utiliza NGS; se encarga de examinar los patrones de metilación del ADN para calcular la edad biológica del donante, diferenciar entre tejidos o establecer si el ADN proviene de una muestra actual o pasada. Estas aplicaciones tienen el potencial de extender significativamente el marco para la interpretación de la evidencia biológica. (Vidaki & Kayser, 2018).

A pesar de su gran potencial, el NGS enfrenta desafíos en términos técnicos y logísticos, como la necesidad de una infraestructura bioinformática fuerte, la capacitación especializada del personal y los altos costos de los equipos. Además, el análisis de grandes cantidades de datos

necesita protocolos de validación rigurosos y estándares de calidad normalizados (Ricke et al., 2018).

Desde una perspectiva jurídica, el empleo de NGS en procesos judiciales aún se encuentra en una etapa de consolidación. En numerosas naciones, los perfiles adquiridos a través de este método no se consideran como la principal prueba a menos que estén respaldados por métodos tradicionales validados. No obstante, la tendencia mundial indica que se va incluyendo legalmente de manera progresiva a medida que se acumulan los estudios de validación. (Parson et al., 2018).

En la actualidad, los kits de secuenciación de plataformas como Thermo Fisher® Ion Torrent e Illumina® MiSeq FGx se han creado con el propósito específico de satisfacer las exigencias en cuanto a calidad y reproducibilidad que se encuentran en ciencias forenses (Just et al., 2017), por lo cual están optimizadas para ser empleadas en este ámbito. Estos avances posibilitan una nueva época en la que la genómica forense será más precisa, extensa y contextualizada.

La secuenciación masiva en paralelo es una poderosa herramienta para el análisis forense de ADN. Identificar personas, prever rasgos físicos y calcular la edad son solo algunas de las numerosas aplicaciones del NGS. Todas ellas lo convierten en un instrumento indispensable para enfrentar los desafíos del siglo XXI en el campo de la criminalística, siempre que se garantice su utilización desde una perspectiva ética, técnica y legal.

Debido a su exactitud, sensibilidad y utilidad en muestras deterioradas, el análisis de ARN mensajero (ARNm) y microARN (miARN) se ha convertido en un instrumento muy efectivo para la identificación forense de fluidos corporales. Esta técnica posibilita identificar no solo la existencia de material biológico humano, sino también el tipo preciso de fluido corporal (sangre, semen, saliva y otros) que se encuentra en una escena del crimen (Zubakov et al., 2010).

Los miARN, que son moléculas de ARN no codificantes muy pequeñas, con una longitud de entre 18 y 24 nucleótidos, controlan la expresión génica después de la transcripción. La expresión de estos biomarcadores se modifica dependiendo del tejido, lo cual permite que sean útiles para la identificación de fluidos como la saliva (miR-200c), el semen (miR-891a) o la sangre (miR-451) (Hanson & Ballantyne, 2013; Zubakov et al., 2010).

Por otra parte, las moléculas de ARNm codifican proteínas y su expresión es particular para algunos tejidos. Genes como SEMG1 (que se encuentra en el semen), HBB (hemoglobina β , que está en la sangre) y HTN3 (histatina 3, que está en la saliva) han sido confirmados como indicadores fiables para identificar estos fluidos utilizando métodos como RT-PCR y qPCR (Juusola & Ballantyne, 2005).

Estas técnicas presentan beneficios evidentes en comparación con los métodos químicos habituales, como la prueba de luminol o la prueba de amilasa, que pueden dar lugar a falsos positivos o ser poco eficaces en muestras contaminadas o envejecidas. Según Frumkin et al. (2011), es posible identificar fluidos concretos utilizando miARN y ARNm, incluso cuando están degradados por el medioambiente o coexisten.

La estabilidad es una de las principales ventajas del empleo de miARN. Estas moléculas soportan condiciones del medioambiente desfavorables, como la luz, el calor y la humedad, lo que las hace más resistentes que los ARNm convencionales. Esto extiende de manera significativa el intervalo de tiempo en el que es posible realizar un análisis exitoso de las muestras (Weber et al., 2010).

Por lo general, la reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa en tiempo real (RT-qPCR) se usa para detectar el miARN y el ARNm. Esta técnica permite realizar de manera rápida y sensible la cuantificación y amplificación de la expresión de los marcadores,

utilizando una cantidad mínima de muestra (Folta et al., 2021). La expresión relativa entre diferentes fluidos se puede distinguir mediante el análisis de las curvas de amplificación.

Investigaciones como la de Ballantyne y Hanson (2013) han revelado que, al combinar diversos marcadores de ARNm y miARN, es posible no solo determinar el tipo de fluido, sino también cuantificarlo en mezclas. Esto es de gran importancia en circunstancias de múltiples fuentes o cuando hay agresiones sexuales. Esta habilidad de descomponer mezclas supone un progreso en comparación con las técnicas inmunológicas.

Asimismo, ya se ha comenzado a vincular el análisis de la expresión de miARN con otras utilidades, como calcular el tiempo que transcurrió desde la muerte. Esto sucede porque ciertos perfiles de expresión se transforman con el paso del tiempo tras la muerte, lo que genera nuevos campos de estudio en tanatología forense (Madea & Musshoff, 2007).

Sin embargo, estas técnicas también enfrentan dificultades. La interpretación de los resultados requiere de bases de datos de expresión bien definidas, controles rigurosos y personal altamente capacitado. Asimismo, los protocolos deben ser estandarizados entre laboratorios para asegurar la reproducibilidad y validez legal de los hallazgos (AGMF, 2023).

Este estudio de ARNm y miARN es un instrumento efectivo e innovador para la identificación forense de fluidos corporales. Es una de las técnicas más prometedoras para robustecer la cadena de evidencia en las pesquisas penales modernas debido a su elevada especificidad, su resistencia a la degradación y su habilidad para operar con mezclas complejas.

Técnicas de análisis no destructivas, como la espectroscopía infrarroja (IR) y la espectroscopía Raman, se emplean en el reconocimiento de fluidos corporales en situaciones forenses. Las dos se fundamentan en cómo interactúa la luz con las moléculas, lo que posibilita obtener un "perfil vibracional" único para cada sustancia. La habilidad de examinar pruebas sin

tener que recurrir a reactivos químicos ni a la extracción previa de ADN ha llevado a que estas metodologías aumenten en popularidad (Virgilio et al., 2019).

La espectroscopía infrarroja, en particular su versión de transformada de Fourier (FTIR), identifica las oscilaciones moleculares que las muestras absorben cuando se exponen a radiación infrarroja. Cada tipo de fluido corporal —como la saliva, el semen o la sangre— posee una firma espectral exclusiva, constituida por bandas de absorción particulares de sus componentes bioquímicos (Biermann et al., 2020). Esto permite una identificación rápida e in situ de restos biológicos sin destruir la muestra.

La Espectroscopía Raman identifica la luz que las moléculas dispersan de manera inelástica después de ser iluminadas con un láser. Esta dispersión muestra los modos vibracionales de la materia y produce un espectro único para cada compuesto. En entornos forenses, esta técnica ha mostrado efectividad para distinguir fluidos corporales como la saliva, el semen y la sangre menstrual, incluso en sustratos distintos (Muro et al., 2021).

Una de las ventajas más importantes de estos dos métodos es que tienen la capacidad de ser aplicados directamente en el lugar del delito sin la obligación de recolectar muestras, lo cual evita que estas se degraden o contaminen. Asimismo, no necesitan una preparación de muestras larga, lo que permite acelerar el análisis y disminuir la pérdida de material genético que podría ser usado más adelante para el estudio del ADN (Virgilio et al., 2019).

También es posible analizar muestras en distintos estados de conservación con estos métodos. Investigaciones han comprobado que FTIR y Raman son capaces de identificar fluidos aun después de semanas de estar expuestos a condiciones desfavorables del medio ambiente, como el calor, la humedad o la exposición a la luz solar (Biermann et al., 2020). Esto extiende su aplicabilidad a situaciones en las que la evidencia se ha recuperado con retraso.

Asimismo, la espectroscopía tiene la capacidad de distinguir fluidos biológicos según las especies, un factor importante en investigaciones criminales donde es necesario verificar si una muestra es de origen humano o animal. La posibilidad de realizar estos análisis sin destruir las pruebas y con una especificidad elevada optimiza la trazabilidad de la cadena de custodia (Muro et al., 2021).

Con respecto a las limitaciones, la fluorescencia de algunas muestras o superficies puede interferir con la espectroscopía Raman, lo que dificulta la obtención de espectros claros. No obstante, es posible disminuir este efecto mediante la utilización de métodos complementarios, como el pretratamiento de la muestra o Raman con láser de longitud de onda variable (Virgilio et al., 2019).

La interpretación de los espectros también es importante tener en cuenta. Ambas técnicas necesitan profesionales cualificados para analizar los datos adquiridos y emplear bases de datos espectrales que sean fiables. Esto pone de relieve la importancia de estandarizar protocolos y robustecer la capacitación en espectroscopía en el campo criminalístico (Biermann et al., 2020).

La evolución de las tecnologías portátiles ha hecho posible la aplicación directa de estas técnicas en el terreno. Esto hace que se puedan conseguir resultados preliminares sin tener que llevar las muestras a un laboratorio. Los equipos Raman e IR portátiles se están utilizando ya en algunos departamentos de policía de Europa y EE. UU. como una parte integral de sus protocolos forenses (Muro et al., 2021).

Las técnicas de espectroscopía Raman e IR son métodos veloces, confiables e innovadores para detectar fluidos corporales en investigaciones delictivas. Su habilidad para conservar la muestra, identificar varios tipos de fluidos y ser utilizadas en tiempo real las convierte en instrumentos fundamentales para el progreso de la ciencia forense contemporánea.

El fenotipado forense del ADN es un método novedoso que, mediante el ADN obtenido en la escena del crimen, posibilita prever rasgos físicos de una persona como el color de su piel, cabello, ojos y la forma de su cara. Esta estrategia resulta particularmente útil si no se encuentran coincidencias en las bases de datos de ADN, pues proporciona una descripción genética que puede guiar la investigación (Kayser, 2015).

El fenotipado, a diferencia del perfilado forense clásico, que tiene como objetivo cotejar muestras de ADN con perfiles guardados, trata de deducir características físicas y ancestrales directamente del ADN recuperado. Esto se lleva a cabo mediante el análisis de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) que tienen una correlación estadística con ciertas características humanas (Walsh et al., 2013).

En este campo, el HIrisPlex-S es uno de los sistemas más reconocidos; se creó para hacer predicciones precisas sobre el color de ojos, piel y cabello. Esta herramienta, que ha mostrado ser efectiva incluso en muestras de poca cantidad o degradadas, como es común en contextos forenses (Chaitanya et al., 2018), integra numerosos SNPs importantes en un solo análisis.

El fenotipado también comprende la evaluación de los orígenes biogeográficos, o sea, la estimación del linaje geográfico de un individuo a partir de marcadores ancestrales. Si bien este elemento no posibilita una identificación individual, ayuda a limitar el grupo poblacional del sospechoso, lo que puede ser clave en investigaciones que no tienen testigos o pistas físicas (Kayser & Schneider, 2009).

La aplicación del fenotipado forense en los Países Bajos, que sirvió para resolver el homicidio de Marianne Vaatstra, es un caso notable. Esta tecnología permitió presuponer que el sospechoso tenía ascendencia europea occidental, lo cual orientó la investigación de manera efectiva hasta su finalización (Kayser, 2015).

Sin embargo, es necesario tener cuidado desde el punto de vista legal y ético al emplear esta técnica, pues la predicción de características físicas puede propiciar estereotipos o crear dudas infundadas. Por esta razón, en numerosos países se debate hoy la necesidad de regulaciones particulares que controlen el empleo del fenotipado genético forense (Scudder et al., 2019).

Desde el enfoque científico, la confiabilidad del fenotipado se basa en la calidad del ADN, el número de SNPs empleados y la fortaleza de los modelos estadísticos predictivos. Según las investigaciones, es posible predecir el color de los ojos con más del 90% de exactitud; sin embargo, la precisión disminuye cuando se trata de características como la forma del rostro o la nariz, debido a que esos rasgos tienen una mayor variabilidad genética (Claes et al., 2014).

La creación de bases de datos y plataformas comerciales como ForenSeq DNA Signature Prep Kit y SNPforID también ha sido posible gracias a la aplicación del fenotipado forense. Estos recursos recopilan información acerca de variantes genéticas que son útiles para el estudio de rasgos ancestrales y visibles (Gettings et al., 2020).

Hoy en día, su utilización es más común en Estados Unidos y Europa, aunque países de Latinoamérica como México y Colombia han empezado a realizar pruebas piloto en casos no resueltos por medio del fenotipado para crear retratos hablados genéticos (Martínez et al., 2020).

El fenotipado forense es una herramienta adicional de gran valor para la investigación criminal, sobre todo en situaciones donde no se pueden identificar a los sospechosos. Si bien su implementación tiene que ir acompañada de transparencia judicial, validación científica y regulación ética, no se puede negar que tiene el potencial de revolucionar la búsqueda de culpables en delitos complejos.

El análisis de metilación del ADN es un método avanzado que posibilita el estudio de cambios epigenéticos dentro del material genético, particularmente la adición de grupos metilo (-

CH₃) a la citosina en las áreas CpG del ADN. Estas modificaciones no cambian la secuencia de nucleótidos, pero sí afectan la expresión génica al regular cuáles genes están activos y cuáles no. Esta técnica ha surgido como un método prometedor para determinar la fuente del fluido biológico, calcular la edad biológica del donante y distinguir entre muestras semejantes en el entorno forense (Vidaki & Kayser, 2018).

Determinar el tipo de fluido corporal (semen, sangre, saliva, etc.) es una de las utilidades más importantes del análisis de la metilación. Esto se consigue porque determinados patrones de metilación son exclusivos para cada tipo de célula. Esto hace posible identificar la fuente del ADN, aun en los casos en que no se logra distinguir la muestra visualmente o cuando esta está degradada (Park et al., 2014).

El método más habitual para identificar estos patrones es la conversión con bisulfito, que convierte las citosinas no metiladas en uracilos y mantiene sin cambios las metiladas. Más adelante, se emplean la PCR y la secuenciación para determinar las áreas metiladas. Esto ha hecho posible la creación de paneles de biomarcadores epigenéticos que identifican fluidos biológicos con elevada sensibilidad y exactitud (Lee et al., 2015).

En años recientes, se ha empleado la metilación para calcular la edad de un individuo con base en su ADN, dado que existe una correlación entre la metilación de determinados genes (por ejemplo, ELOVL2 o FHL2) y el envejecimiento. Esta valoración, que es útil en investigaciones donde no se conocen sospechosos, ha sido corroborada con muestras forenses auténticas (Zbieć-Piekarska et al., 2015).

Una ventaja del análisis epigenético es que tiene la capacidad de distinguir entre gemelos monocigóticos, los cuales poseen un perfil genético idéntico, pero presentan variaciones epigenéticas que se van acumulando a lo largo del tiempo. Esta posibilidad brinda una nueva

alternativa para resolver casos forenses en los que los procedimientos de identificación genética convencionales no tienen éxito (Frumkin et al., 2011).

Asimismo, la estabilidad de los patrones de metilación en determinadas circunstancias ambientales permite que esta técnica sea eficaz incluso en muestras viejas o deterioradas, si bien aspectos como la humedad o el calor extremo podrían influir en su exactitud. Dado esto, es fundamental la validación y normalización de los protocolos para su aplicación en laboratorios forenses (Vidaki et al., 2017).

Se han agregado plataformas de secuenciación masiva (NGS) para adquirir perfiles de metilación a gran escala desde el punto de vista tecnológico. Estas plataformas ofrecen la posibilidad de examinar varias regiones del genoma al mismo tiempo, lo que eleva la resolución y disminuye el margen de error. Esto ha resultado en la creación de modelos computacionales para analizar estos datos y hacer pronósticos más exactos (Zemmour et al., 2018).

No obstante, el estudio de la metilación aún afronta retos legales y éticos, sobre todo en lo que respecta al empleo de datos epigenéticos en entornos judiciales y a la privacidad genética. La recolección de información delicada, como la condición de salud o el envejecimiento biológico, genera cuestiones sobre su aceptación y la exigencia del consentimiento informado (Phillips, 2018).

Su incorporación en el ámbito forense sigue aumentando, sobre todo como herramienta adicional para analizar STRs (repeticiones cortas en tándem), a pesar de estos retos. El análisis de metilación no sustituye el perfilado genético tradicional, sino que lo complementa en situaciones donde se necesita información adicional sobre el contexto de la muestra biológica (Bae et al., 2017).

El estudio de la metilación del ADN es un avance significativo en la ciencia forense contemporánea. Su habilidad para deducir información biológica adicional, como el tipo de líquido, la edad e incluso las variaciones entre gemelos, lo hace un recurso valioso para solucionar casos complicados en los que otros métodos no bastan.

A continuación, se muestra una tabla confeccionada desde la óptica investigativa en las Ciencias Forenses; esta contiene métodos epigenéticos, espectroscópicos y moleculares actuales para identificar sangre, semen o saliva, además de técnicas avanzadas para comparar el material genético.

Tabla 2. Compendio de las nuevas técnicas de análisis fluidos biológicos.

Nuevas técnicas	Definición del procedimiento	Autor / Investigador	Revista o Sitio Web	Ventajas	Desventajas
Secuenciación Masiva en Paralelo (NGS / Next Generation Sequencing)	Posibilita el análisis simultáneo de millones de fragmentos de ADN para conseguir información genética precisa y completa.	Dørum, G. et al.	Forensic Science International: Genetics	- Posibilita el análisis simultáneo de ADN mitocondrial, nuclear y transcriptómica -Útil en muestras degradadas o mezcladas.	-Costosa -Requiere bioinformática avanzada y personal especializado.

Espectroscopía Raman e Infrarroja (IR)	Técnicas ópticas que reconocen vibraciones moleculares particulares para determinar la composición química de cada líquido corporal.	Virkler, K. & Lednev, I. K.	Forensic Science International	-Rápidas -No destructivas y sin reactivos químicos -Diferencian fluidos por su firma espectral.	-Sensibilidad reducida en muestras degradadas -Interpretación compleja en mezclas.
Fenotipado Forense del ADN (DNA Phenotyping)	Pronostica el origen biogeográfico y las características físicas basándose en alteraciones genéticas particulares.	Walsh, S. et al. (VISAGE Consortium)	Nature Communications	- Facilita la deducción de características físicas y el origen biogeográfico a partir del ADN. - Es útil cuando no se encuentran coincidencias en las bases de datos.	-No identifica a cada uno de manera individual. - Inferencia probabilística; temas de privacidad y ética.
Análisis de Metilación	Analiza patrones químicos en	McCord, B. &	OJP / NCJRS	-Detecta patrones de metilación	- Es susceptible a influencias

del ADN (Epigenética)	el ADN que cambian de acuerdo con la clase de fluido corporal (saliva, sangre, semen, etc.).	Balamurugan, K. et al.		específicos por tipo de fluido; útil incluso sin ARN.	medioambientales. - Necesita equipamiento especializado y validación adicional.
Perfilado de mRNA / miRNA (multiplex transcriptómico)	Examina moléculas de ARN específicas que señalan el origen biológico de la muestra.	Haas, C. et al. / Mayes, C. A.	NIJ / OJP Reports	-Detecta varios fluidos en una única reacción con sensibilidad elevada.	-Sensible a la degradación del ARN -Requiere laboratorio molecular avanzado.
Análisis Proteómico (Espectrometría de Masas)	A través de la espectrometría de masas (LC-MS/MS), identifica y mide proteínas exclusivas de cada fluido.	Varios autores (NIJ, 2023)	NIJ.gov – Body Fluid Analysis	-Alta especificidad -útil cuando el ADN o ARN están degradados.	-Costoso -Requiere instrumentación avanzada y personal altamente capacitado.

Identificación basada en Microbioma (bacterias específicas de fluidos)	Identifica el tipo de fluido a través de las comunidades bacterianas específicas que se encuentran en cada uno.	Wohlfahrt, D. et al.	NIJ.gov – Bacterial Signature-based Method	-Detecta varios fluidos a la vez -Útil en muestras con poco ADN humano.	-Variabilidad entre individuos -Interpretación y validación aún en desarrollo.
Metabolómica aplicada a fluidos corporales	Examina los compuestos metabólicos propios de cada fluido, como ácidos grasos o aminoácidos.	Swayambhu, M. et al.	QIAGEN Knowledge Hub	-Analiza metabolitos específicos complementando técnicas genéticas -No requiere ADN.	-Experimental -Requiere bases de datos robustas y validación forense amplia.
Combinación NGS + mRNA + Metilación (paneles multi-ómicos)	Combina ADN, ARN y metilación en un solo flujo de trabajo para lograr una identificación completa del líquido y	Thermo Fisher Scientific	Thermo Fisher Forensic Solutions	-Integra ADN, ARN y epigenética en un solo flujo de trabajo -Alta resolución individual.	-Costoso -Complejo -Aún en validación operativa.

	de la persona.				
Espectroscopía Raman de alta resolución con IA	Aplica inteligencia artificial con el fin de identificar líquidos de manera automática y clasificar espectros ópticos.	Lednev, I. K. et al.	Analytical Chemistry (ACS Publications)	- Identificación rápida y automatizada con IA -Mínima manipulación de muestra.	- Para el entrenamiento, necesita de amplias bases espectrales. - Tecnología que todavía está surgiendo.

Estas técnicas modernas están avanzando hacia una perspectiva multi-ómica, que está vinculada con la información genética. Bioquímica y epigenética. Aunque tienen desventajas como la validación legal, la estandarización y el costo, estos métodos presentan más especificidad y sensibilidad.

6.1.5. Bases de Datos Genéticas y CODIS.

Por otro lado, las bases de datos genéticas son instrumentos esenciales en la ciencia forense contemporánea. Estas incluyen perfiles de ADN sacados de personas sospechosas, condenadas, víctimas y muestras tomadas en los lugares donde ocurrieron los crímenes. Esto posibilita que se comparen los perfiles conocidos con la evidencia biológica. Su empleo ha transformado la investigación criminal al ofrecer un método rápido y exacto para identificar o descartar sospechosos (Jobling & Gill, 2004).

Una de las bases de datos más reconocidas a nivel internacional es CODIS (Combined DNA Index System), desarrollado por el FBI en la década de 1990 que posibilita la comparación

de perfiles genéticos a través de un sistema estandarizado que tiene diferentes niveles: local, estatal y nacional. Su arquitectura distribuida asegura que el intercambio de información genética entre agencias de seguridad (Butler, 2015).

CODIS se fundamenta en la comparación de loci STR (repeticiones cortas en tándem), que son secuencias de ADN que varían considerablemente entre personas. En Estados Unidos, CODIS emplea un grupo de 20 loci estandarizados, llamados CODIS Core Loci, que incrementan la probabilidad de individualización y disminuyen la posibilidad de coincidencias al azar (Hares, 2012).

Se ha comprobado que las bases de datos genéticas son útiles para resolver delitos, no solamente los violentos como violaciones y homicidios, sino también otros como robos, delitos sexuales en serie y desapariciones. Al cotejar una muestra no identificada con un perfil guardado, es posible corroborar hipótesis ya existentes o abrir nuevas líneas de investigación (Kayser & de Knijff, 2011).

Además de CODIS, hay otras bases de datos genéticas en diferentes áreas, como el NDNAD (National DNA Database) británico y EUROFORGEN en Europa. Estas han sido esenciales para la identificación de criminales que operan en múltiples naciones y para las investigaciones conjuntas (ENFSI, 2020), ya que posibilitan la colaboración entre países.

Sin embargo, el empleo de estas bases de datos ha generado discusiones legales y éticas, en particular en torno a la incorporación de perfiles de individuos no condenados, como detenidos o parientes de sospechosos. La preocupación por el mal uso de la información genética ha llevado a que ciertos países establezcan estrictas regulaciones para salvaguardar los derechos humanos y la privacidad (Murphy, 2010).

La búsqueda familiar (familial searching) es un instrumento que se deriva de las bases de datos genéticas y posibilita hallar coincidencias parciales entre perfiles genéticos. Se ha evidenciado que este método puede detectar parientes próximos de un presunto sospechoso cuya información no esté en la base de datos, como ocurrió con el caso del "Asesino del Golden State" en California (Edge et al., 2017).

Con el progreso de la genética, ya se está empleando la genética forense avanzada, por ejemplo, los perfiles de SNPs y la secuenciación masiva, en algunas bases de datos piloto. Esto tiene la capacidad de incrementar la exactitud en la identificación y facilitar el empleo de fenotipado genético y estimación de ascendencia, lo que abriría nuevas oportunidades en el ámbito de las investigaciones criminales (Kayser, 2017).

La interoperabilidad entre bases de datos internacionales ha sido fomentada por proyectos como INTERPOL DNA Gateway, los cuales facilitan el intercambio de información genética entre países miembros mediante protocolos compartidos. Esto robustece la cooperación entre países y optimiza la capacidad de reacción contra delitos transfronterizos (Interpol, 2021).

Sistemas como CODIS y bases de datos genéticas son uno de los instrumentos más potentes que tiene la genética forense moderna. Su habilidad para detectar culpables y liberar a inocentes ha cambiado el sistema de justicia penal, y continuará evolucionando con los progresos en biotecnología, aunque enfrente desafíos éticos y técnicos.

6.1.6. Aplicaciones en Ecuador.

El empleo de técnicas sofisticadas en genética forense ha optimizado significativamente la detección de fluidos corporales como semen, sangre y saliva en Ecuador. Además, ha asistido en la comparación de perfiles de ADN para vincular a los sospechosos con pruebas biológicas. La

necesidad de optimizar la gestión de justicia y la eficacia de la investigación criminal en el país ha motivado estas innovaciones.

Un método nuevo que se está utilizando es la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), que posibilita incrementar el número de segmentos específicos de ADN en las muestras biológicas, aun cuando estas sean escasas o estén deterioradas. Para conseguir perfiles genéticos a partir de fluidos corporales obtenidos en escenas del crimen, es fundamental esta metodología (Plaza Cevallos, 2023). Ciencia Digital

De igual manera, se ha incorporado la secuenciación de nueva generación (NGS), una tecnología que posibilita el análisis simultáneo de diversas partes del ADN, lo que proporciona mayor precisión y claridad en la identificación genética. En situaciones complejas, como las que requieren el análisis de mezclas de ADN de varias personas o muestras que están muy degradadas, la NGS es especialmente valiosa (Ciencia Digital, 2024).

Para identificar fluidos corporales, se emplean análisis específicos que encuentran elementos distintivos de cada fluido. Por ejemplo, para verificar la existencia de semen, se puede detectar el antígeno prostático específico (PSA), o para reconocer la saliva, la amilasa salival. Combinadas con el examen de ADN, estas pruebas posibilitan establecer vínculos precisos entre la evidencia biológica y las personas implicadas (Fiscalía General del Estado, 2014).

En Ecuador se han desarrollado bases de datos genéticas que guardan perfiles de ADN provenientes de distintos orígenes, como individuos condenados o investigados, así como también muestras recolectadas en lugares donde se cometieron delitos. Estas bases de datos permiten la búsqueda y comparación de coincidencias genéticas, lo que las convierte en una herramienta esencial para identificar sospechosos y resolver casos (SNMLCF, 2022).

El Laboratorio de Genética Forense, parte del Servicio Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses (SNMLCF) en Ecuador, es una entidad que ha trabajado y colaborado con el sistema judicial y los procedimientos para recolectar y examinar muestras biológicas, garantizando la cadena de custodia y la integridad de las pruebas. Para asegurar que los resultados sean válidos y admisibles en los procedimientos judiciales, estos protocolos son esenciales (Ministerio de Gobierno, 2023).

En el campo de la identificación de personas desaparecidas, se han llevado a cabo métodos que implican cotejar perfiles genéticos de restos humanos no identificados con muestras de referencia provenientes de sus familiares. Este enfoque ha facilitado la solución de un gran número de casos y ha proporcionado respuestas a las familias afectadas (SNMLCF, 2023).

Es fundamental especificar que se necesita una infraestructura apropiada y personal formado para llevar a cabo estas técnicas es crucial. La capacitación de expertos en genética forense y la compra de equipos tecnológicos avanzados para sus laboratorios han sido inversiones que Ecuador ha realizado, las cuales han ayudado a robustecer su sistema de justicia penal (Dominiodelasciencias.com, 2024).

No obstante, también se han planteado retos, como el de asegurar que los derechos humanos sean respetados durante la recolección de muestras genéticas. La relevancia de conseguir el consentimiento informado y de instaurar marcos jurídicos precisos para la utilización de información genética en pesquisas delictivas se ha hecho evidente en casos recientes (El País, 2024).

En Ecuador, la habilidad del sistema judicial para identificar fluidos corporales y vincular perfiles de ADN con sospechosos ha aumentado significativamente gracias al empleo de técnicas avanzadas en genética forense. La inversión en tecnología, la formación de profesionales y el

establecimiento de protocolos apropiados han hecho posibles estos progresos; sin embargo, es esencial seguir robusteciendo los marcos legales y éticos que regulan estas prácticas.

Miralles López (2019) explora con profundidad la conexión entre la privacidad individual y la seguridad pública en Europa, enfatizando el efecto que tiene el manejo de datos personales sobre la salvaguarda de los derechos esenciales. El autor analiza de qué manera la Directiva 2016/680 de la Unión Europea y el Reglamento General de Protección de Datos (RGPD) fijan principios esenciales, tales como la limitación temporal, la confidencialidad, la legalidad y la exactitud. Estos principios son importantes para el tratamiento de la información del material genético con el objetivo de realizar comparaciones en una indagación de crímenes, identificar cuerpos sin vida, establecer protocolos técnicos para la obtención, conservación y análisis de las muestras, así como determinar las condiciones de seguridad y custodia, asegurando que estas muestras se mantengan confidenciales e íntegras.

Se destaca el valor de la idea de datos sensibles, que incluye información penal, ideológica, genética o biométrica. La supervisión de autoridades independientes como Eurojust o Europol y la garantía de seguridad son necesarias para el manejo de estos datos. Toda muestra biológica de un individuo que pueda ser identificada se considera una información personal. Por eso, requiere una protección total, que va desde la recolección (cadena de custodia) hasta el juicio oral.

La Ley Orgánica de Protección de Datos Personales (LOPDP), promulgada en 2021 en Ecuador, incorpora una gran parte de los principios del RGPD europeo y establece un marco legal que considera el derecho a la protección de datos como esencial. La legislación de Ecuador, en el sector público y privado, regula el manejo de información personal basándose en los principios de finalidad legítima, confidencialidad, seguridad, proporcionalidad y consentimiento informado.

Sin embargo, el país todavía se enfrenta a retos en la ejecución práctica de esta legislación, sobre todo en lo que respecta a la formación de los funcionarios, la infraestructura tecnológica y el conocimiento por parte de los ciudadanos del uso responsable de los datos. La comparación con el modelo de Europa pone de manifiesto progresos importantes, pero también la urgencia de robustecer los procedimientos de supervisión y sanción para garantizar una protección eficaz.

El marco ecuatoriano otorga diversas ventajas, entre las que se encuentra el fortalecimiento de la autonomía de los ciudadanos al otorgarles la facultad de controlar cómo se usa y se trata su información personal; esto fomenta la transparencia y la confianza en las instituciones.

Disminuyendo la posibilidad de que se produzcan filtraciones o un uso inapropiado de información, ayuda a optimizar las prácticas de seguridad digital en compañías privadas y entidades públicas. No obstante, también tiene sus desafíos y desventajas, como la necesidad de conseguir permiso y seguir las normas establecidas, lo que podría demorar los trámites de investigación judicial o penal.

Proteger los datos personales es un componente fundamental de los derechos humanos actuales, sobre todo en el contexto del crecimiento de las tecnologías de monitoreo y la acumulación masiva de información. La legislación ecuatoriana representa un progreso importante hacia una cultura de respeto por la privacidad y el manejo ético de la información; sin embargo, su eficacia está condicionada al fortalecimiento institucional, a la formación técnica y a la educación digital de los ciudadanos. Para que la información personal se use de forma honesta, transparente y responsable, solo será posible mediante una aplicación balanceada entre privacidad y seguridad pública.

VII. Capítulo 3

7.1.Diseño metodológico

7.1.1. Enfoque de la investigación

Este estudio toma un enfoque cualitativo basado en documentos, fundamentado en el análisis crítico, la síntesis y el examen de fuentes secundarias de tipo técnico y científico. Se fundamenta en la investigación de artículos académicos, literatura especializada, manuales forenses y bases de datos concretas acerca de los métodos actuales empleados para identificar fluidos corporales (como la saliva, la sangre o el semen) y cotejar perfiles de ADN en el contexto forense. Esta perspectiva posibilita examinar, caracterizar y poner en contexto los progresos tecnológicos desde un punto de vista teórico y analítico, sin crear datos experimentales adicionales ni hacer uso de mediciones cuantitativas. El objetivo fundamental es crear una perspectiva holística y actualizada de la situación del conocimiento en este campo, determinando los principios, usos, beneficios y restricciones de los métodos usados para vincular a sospechosos con pruebas biológicas.

7.1.2. Diseño de la investigación

Esta investigación tiene un diseño no experimental y consiste en una revisión sistemática del estado del arte. No es experimental porque no se interviene de manera directa en el objeto de estudio, ni se alteran las variables; en vez de eso, los datos y la información son analizados tal como aparecen en fuentes científicas publicadas anteriormente. Se la considera una revisión del estado del arte, ya que su objetivo es reunir, elegir, analizar de manera crítica y sintetizar las evidencias científicas más recientes y relevantes sobre nuevos métodos para identificar fluidos corporales (semen, saliva, sangre) y comparar perfiles de ADN en el campo forense. El diseño metodológico mencionado permite la combinación de conocimientos teóricos y técnicos que

proceden de revisiones sistemáticas, artículos científicos, bases de datos forenses y manuales especializados. Su objetivo es brindar una perspectiva crítica, actualizada y comprensiva del avance tecnológico en este campo del saber.

7.1.3. Tipo de investigación

La investigación es de carácter comparativo-analítico y descriptivo. Es descriptivo, ya que describirá y definirá los nuevos métodos para identificar semen, sangre y saliva, sus fundamentos técnicos, ventajas y limitaciones. Es analítico-comparativo, porque evaluará la efectividad de estos métodos en comparación con los forenses tradicionales y su aplicación al cotejar perfiles de ADN para correlacionar pruebas biológicas con los sospechosos.

7.1.4. Nivel de investigación

Este trabajo se lleva a cabo con un enfoque analítico y documental en la investigación, porque no solo se basa en describir los métodos más recientes para identificar fluidos corporales (sangre, saliva, semen) y comparar perfiles de ADN, sino que también tiene como objetivo entender, analizar e interpretar de manera crítica la información disponible acerca de estas técnicas. Su objetivo es llevar a cabo una síntesis teórica y evaluativa de la información acumulada, examinando el desarrollo, la relevancia y la posibilidad de aplicación forense de los métodos analizados. Para desarrollar una perspectiva crítica y actualizada sobre el estado del arte en la identificación de fluidos corporales y la genética forense, este nivel de investigación se basa en un exhaustivo análisis bibliográfico de fuentes secundarias muy especializadas, como manuales técnicos, artículos científicos, revisiones sistemáticas y bases de datos forenses.

7.1.5. Técnicas e Instrumentos de Recolección de Datos

La revisión sistemática de documentos fue el método principal que se utilizó en esta investigación. Esta técnica facilitó la búsqueda, selección, análisis y registro de información

técnica y científica vinculada con el objeto de estudio. Este proceso se enfoca en asegurar que los datos reunidos sobre las nuevas técnicas empleadas para identificar fluidos corporales (semen, saliva y sangre) y comparar perfiles de ADN en el campo forense sean válidos, actuales y pertinentes.

Los documentos secundarios y especializados se usaron como fuentes de información, incluyendo: libros especializados, artículos científicos que aparecieron en revistas indexadas, revisiones sistemáticas, manuales técnicos de genética forense, tesis de doctorado y guías creadas por instituciones forenses internacionales. Se realizó la búsqueda bibliográfica en bases de datos académicas establecidas y bibliotecas digitales, como PubMed, Scopus, Web of Science y SciELO, con el objetivo de reunir la evidencia más pertinente y reciente sobre el asunto.

Se creó una matriz de extracción de información o ficha de registro documental como herramienta para recopilar datos. Esto posibilitó organizar sistemáticamente los resultados hallados en cada fuente. La matriz incluyó aspectos fundamentales como: el método de identificación que se utilizó (por ejemplo, ARN Vg o espectroscopía), el tipo de fluido corporal examinado, la metodología de tipaje genético que se utilizó (por ejemplo, STRs o NGS), las métricas de rendimiento (especificidad y sensibilidad) y las conclusiones y empleos forenses que surgieron a partir de cada investigación. Este procedimiento permitió un estudio crítico, sistemático y comparativo de la información revisada, asegurando que el proceso de investigación sea coherente desde el punto de vista metodológico.

7.1.6. Técnicas para el Procesamiento e Interpretación de Datos

Se llevó a cabo el análisis de la información por medio del procesamiento de datos cualitativos y el análisis comparativo.

En primer lugar, se llevó a cabo un análisis de contenido temático sobre la información codificada en las matrices de extracción. El procedimiento mencionado implicó organizar la información con el fin de identificar los principios técnicos, las ventajas operativas, las restricciones detectadas y el contexto en el que se emplean los procedimientos nuevos para determinar fluidos corporales (sangre, semen, saliva) y perfiles de ADN.

El método comparativo se utilizó después para la fase de interpretación. La comparación controlada de las metodologías (por ejemplo, protocolos establecidos frente a nuevas técnicas) fue posible gracias a este método. Se realizó una comparación entre los datos reportados en la literatura para métricas relevantes como la sensibilidad (límite de detección), la especificidad (habilidad para diferenciar fluidos), la confiabilidad (solidez del perfil de ADN que resulta) y su aplicabilidad en situaciones criminalísticas.

El método de procesamiento que facilitó la síntesis de la información fue principalmente la tabulación de estos datos en matrices y cuadros sinópticos.

7.2.Población y muestra

7.2.1. Población

La población de este estudio está constituida por la totalidad de fuentes documentales vinculadas a los métodos forenses que se emplean para identificar fluidos corporales (sangre, semen, saliva) y cotejar perfiles de ADN. Estas fuentes se encuentran en bases de datos científicas, bibliotecas digitales y revistas académicas enfocadas en ciencias forenses, genética y criminalística.

7.2.2. Tamaño de la muestra

La muestra fue seleccionada a través de un muestreo no probabilístico y deliberado, considerando criterios de pertinencia en términos temáticos, vigencia (publicaciones hechas en los últimos diez años), validez científica y aplicabilidad en el ámbito forense. La selección final incluyó fuentes documentales de importancia, como artículos científicos, revisiones bibliográficas, manuales técnicos y documentos institucionales. Esta elección permitió realizar un estudio pormenorizado y actualizado acerca de los métodos nuevos y establecidos para la identificación de fluidos corporales y la comparación de perfiles genéticos en la solución de casos forenses.

VIII. Capítulo 4

8.1. Análisis y discusión de los resultados

8.1.1. Análisis descriptivo de los resultados

Las técnicas para comparar perfiles genéticos y para identificar fluidos corporales, como la saliva, el semen y la sangre, han progresado significativamente gracias a los avances en las ciencias forenses. Esta mejora tiene como objetivo establecer vínculos confiables entre la evidencia biológica y los presuntos sospechosos, lo que optimiza la exactitud y la fiabilidad de los procesos judiciales (Martínez & Rodríguez, 2022).

La espectroscopía Raman se ha hecho conocida como una metodología que no destruye y que posibilita la identificación de la composición molecular de los fluidos del cuerpo en el mismo lugar donde ocurrió el crimen. Se ha documentado en gran medida que su habilidad para distinguir entre semen, sangre y saliva a través de patrones espectrales únicos es muy efectiva (García et al., 2020).

La cromatografía líquida acoplada a la espectrometría de masas (LC-MS/MS) hace posible detectar biomarcadores concretos en los líquidos. Según López y Benítez (2021), esta técnica tiene altos grados de especificidad y sensibilidad, lo que la hace una herramienta avanzada para identificar evidencias en muestras degradadas o mixtas.

Los marcadores de ARN mensajero (ARNm) y las proteínas salivales específicas han probado ser métodos útiles para detectar la saliva. Estas técnicas moleculares tienen beneficios en comparación con los métodos tradicionales, pues posibilitan la detección de incluso cantidades minúsculas de saliva en condiciones ambientales desfavorables (Torres & Medina, 2020).

La identificación de semen ha avanzado con la aplicación de proteínas, como el antígeno prostático específico (PSA) y la semenogelina, así como con métodos como la microscopía de fluorescencia. Según Fernández et al. (2023), estas metodologías resultan particularmente efectivas cuando las muestras han sido contaminadas o han experimentado degradación biológica.

En lo que se refiere a la sangre, si bien las pruebas con luminol siguen siendo muy utilizadas, tecnologías recientes como la electroforesis capilar y la espectroscopía de absorción permiten detectar con mayor precisión, lo cual reduce los falsos positivos provocados por elementos semejantes a la hemoglobina (Ruiz & Delgado, 2019).

La técnica de análisis de microARN (miARN) ha probado ser avanzada, dado que puede diferenciar con notable exactitud entre diversos tipos de fluidos biológicos. Lo hace un marcador útil en situaciones forenses difíciles por su resistencia a la degradación (Vargas & Molina, 2021).

La aplicación de la secuenciación de nueva generación (NGS) ha revolucionado el análisis forense en lo que concierne a la comparación de perfiles de ADN. Esta tecnología posibilita el manejo de muestras dañadas y la obtención de más datos genéticos en comparación con los métodos convencionales (Castillo et al., 2022).

Según Ramos y Paredes (2020), la NGS ha facilitado el estudio de polimorfismos de nucleótido único (SNP), lo que permite distinguir entre perfiles genéticos, incluso en circunstancias difíciles en las que hay mezclas de ADN o vínculos familiares próximos.

Cuando el ADN nuclear está comprometido, se considera el ADN mitocondrial (ADNmt) como una opción. Aunque su capacidad de discriminación es más baja, se ha reconocido extensamente su utilidad en cabellos sin raíz o restos óseos en investigaciones criminales (Hernández & Solís, 2021). La identificación de sospechosos ha mejorado gracias a la utilización de bases de datos como CODIS, las cuales posibilitan una comparación automática entre perfiles

genéticos en grandes cantidades de información. Esto ha hecho más fácil conectar crímenes que a primera vista no tienen relación y solucionar casos guardados (Muñoz, 2019).

El fenotipado forense, que se basa en la predicción de características físicas a partir del ADN, ha empezado a ser empleado en pesquisas sin perfiles coincidentes. Esta técnica posibilita la creación de retratos aproximados de sospechosos, si bien todavía necesita más validaciones científicas y éticas (Navarro & Cedeño, 2022).

Estudiar los patrones de metilación del ADN, en particular el análisis epigenético, contribuye a determinar la clase celular de donde proviene una muestra. Esto ayuda a interpretar en el contexto forense y respalda las conclusiones de los especialistas (Ortiz & Cabrera, 2020).

Las fuentes consultadas subrayan que validar todas estas técnicas mediante protocolos estandarizados es fundamental. Para que sean aceptadas en procedimientos judiciales, deben considerar aspectos como la sensibilidad, la especificidad, la reproducibilidad y la confiabilidad (Pacheco & León, 2019).

El grupo de técnicas nuevas examinadas posibilita una comparación genética más sólida y una identificación más exacta de los fluidos corporales. Estos desarrollos hacen que la ciencia tenga una mayor relevancia en la administración de justicia penal y que se consolide la cadena de custodia científica en las pesquisas delictivas (Aguilar, 2021).

8.1.2. Discusión de los resultados

Los resultados de este estudio muestran un panorama optimista en términos de la creación de nuevas técnicas para identificar fluidos corporales y comparar perfiles de ADN. No obstante, también señalan una diferencia importante entre los progresos científicos a nivel global y su aplicación efectiva en situaciones locales, como la de Ecuador. Esta disparidad plantea retos tanto estructurales como técnicos en el campo forense del país.

A escala global, técnicas como la cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (LC-MS/MS) y la espectroscopía Raman han demostrado ser muy eficaces para identificar biomarcadores específicos. Estas tecnologías presentan beneficios como la identificación de sangre, semen y saliva con una especificidad elevada, así como resultados rápidos y el hecho de que no destruyen la muestra. Sin embargo, en Ecuador, la implementación de estas técnicas continúa siendo limitada, sobre todo debido a restricciones logísticas y presupuestarias.

La viabilidad de analizar saliva a través de proteínas salivales o ARN mensajero en laboratorios forenses ha sido confirmada en una variedad de investigaciones internacionales. No obstante, en Ecuador esta metodología no se aplica todavía de forma sistemática en los laboratorios de criminalística; allí, la base principal sigue siendo las pruebas inmunológicas convencionales, que tienen poca sensibilidad.

El caso del semen resulta similar. Aunque las técnicas contemporáneas hacen posible la detección de proteínas como la semenogelina o el uso de microscopía fluorescente, en el país todavía existen limitaciones debido a la escasez de equipos especializados y la formación técnica del personal. Esto disminuye la posibilidad de conseguir resultados rápidos y precisos, sobre todo en los delitos sexuales, donde la prueba biológica es crucial.

La sangre, uno de los líquidos más frecuentes en la escena del crimen, aún se identifica principalmente a través de luminol u otras pruebas colorimétricas. A pesar de ser útiles, estas técnicas tienen el peligro de generar falsos positivos. En Ecuador, aún no se han implementado técnicas más concretas como el análisis espectrofotométrico avanzado o la electroforesis capilar, a diferencia de lo que sucede en laboratorios forenses más desarrollados.

El empleo del microARN es otro progreso significativo, ya que posibilita diferenciar entre clases de fluidos, incluso cuando las muestras son mixtas o están degradadas. Aunque es efectivo,

su aplicación en el ámbito forense de Ecuador es casi inexistente. Esto se debe a que el equipamiento y los reactivos necesarios no están incluidos en la infraestructura ordinaria de los laboratorios forenses nacionales.

La secuenciación de nueva generación (NGS) ha transformado el estudio de los perfiles genéticos en el campo de la comparación genética. Sin embargo, en Ecuador, el estudio genético todavía se realiza principalmente a través de la amplificación de STR con PCR. Esto restringe la capacidad de detección en muestras degradadas o mezcladas.

El análisis de polimorfismos de nucleótido único (SNP) y el ADN mitocondrial son métodos que han sido reconocidos por su utilidad para la identificación genética. No obstante, en Ecuador su empleo continúa siendo excepcional y se limita a situaciones complejas o peritajes de carácter internacional. Esto revela una ausencia de inversión constante en infraestructura forense genómica.

En naciones con políticas forenses unificadas, la investigación criminal ha cambiado gracias al uso de bases de datos genéticas como CODIS. A pesar de que existe un banco de datos genéticos en Ecuador, su empleo, actualización y habilidad para interactuar con otros sistemas todavía son restringidos. Esto disminuye su eficacia en la comparación automática de perfiles.

El fenotipado genético, que ayuda a identificar rasgos físicos a partir del ADN, es un método nuevo y prometedor para casos donde no hay sospechosos conocidos. Sin embargo, esta técnica todavía se encuentra en fase experimental y no ha sido implementada en el sistema de justicia ecuatoriano, lo cual refleja la prudencia ante su uso y la necesidad de criterios éticos sólidos.

El análisis epigenético mediante patrones de metilación también permite avances significativos, sobre todo en la identificación del tipo celular. No obstante, su aplicación práctica

requiere condiciones tecnológicas y formativas que aún no están disponibles en la mayoría de los laboratorios del país.

Los resultados de esta investigación también reflejan la necesidad de actualización constante de los protocolos forenses. Aunque Ecuador cuenta con talento humano capacitado, la falta de recursos y la escasa articulación entre los sectores judicial, científico y académico dificultan la incorporación de nuevas tecnologías forenses en la práctica diaria.

Además, se identificó que considerable parte del equipamiento necesario para implementar estas técnicas avanzadas debe ser importado, lo que encarece su adquisición y mantenimiento. Este factor también ha limitado la capacitación especializada del personal forense nacional en el uso de estas tecnologías emergentes.

En este contexto, es importante que las instituciones forenses en Ecuador inicien proyectos piloto y colaboren con centros de investigación internacionales para adaptar y validar estas metodologías en las condiciones locales. Esta estrategia permitiría fortalecer la calidad técnica de las pericias y promover mayor confianza en los resultados forenses.

En resumen, los resultados indican que, aunque las técnicas para identificar fluidos y comparar perfiles genéticos han mejorado mucho, su uso en sistemas forenses como el de Ecuador necesita un cambio estructural que sea constante. Esto implica inversión en infraestructura, formación continua del personal y una reforma normativa que permita su uso válido en procesos judiciales.

IX. Conclusiones

La investigación ha mostrado nuevos métodos para identificar fluidos corporales y comparar perfiles de ADN. Entre estos, se destacan técnicas como la espectroscopía Raman, el

análisis de microARN y la secuenciación de nueva generación (NGS), que son más precisas y específicas que los métodos tradicionales. Se logró el objetivo principal del estudio, desde un enfoque teórico y basado en documentos, al demostrar que hay avances importantes en la disciplina, aunque aún no se ponen en práctica en la justicia forense de Ecuador.

- Se llevó a cabo una evaluación de las metodologías tradicionales para identificar fluidos corporales mediante un análisis crítico y comparativo de fuentes científicas especializadas. En esta revisión, se examinó el grado de precisión, sensibilidad y especificidad que tienen técnicas convencionales como la microscopía del espermatozoides, las pruebas inmunológicas y el luminol. La investigación reveló que, a pesar de que estos métodos son accesibles, asequibles y provechosos para las primeras investigaciones, presentan limitaciones considerables en circunstancias adversas, como la descomposición de las muestras o la interferencia de contaminantes ambientales. Esta evaluación se fundamentó en el estudio de datos técnicos hallados en investigaciones previas, como la estabilidad de los resultados, la tasa de falsos positivos y el rendimiento. Esto ayudó a demostrar que su fiabilidad es menor en comparación con los métodos moleculares modernos.

La demostración del progreso tecnológico en nuevas técnicas se realizó analizando de manera sistemática investigaciones recientes sobre el uso de ARN mensajero (mRNA), microARN (miRNA) y también sobre plataformas de proteínas y metabolitos aplicadas en el ámbito forense. Estas pruebas documentales mostraron que los métodos moleculares son más específicos y tienen mejor capacidad para distinguir entre diferentes tipos de células y fluidos biológicos, incluso en muestras que están dañadas o mezcladas. El análisis también reveló que la incorporación de estas tecnologías reduce el margen de error, mejora la trazabilidad y aumenta la validez científica en los procesos judiciales.

La comparación entre los métodos tradicionales y los innovadores se realizó a través de una matriz comparativa que integró criterios técnicos (sensibilidad, especificidad, aplicabilidad forense, tiempo de respuesta y costo operativo). Este proceso mostró que las técnicas avanzadas son mucho más efectivas que las técnicas convencionales en cuanto a fiabilidad, resolución de casos y aceptación en los tribunales, especialmente en sistemas forenses que tienen una buena infraestructura tecnológica. Sin embargo, el análisis también indicó que su implementación en el contexto ecuatoriano requiere políticas públicas de inversión, programas de capacitación profesional y regulaciones técnicas actualizadas que garanticen su aplicabilidad. En este contexto, la comparación logró su propósito teórico al mostrar, desde un análisis y revisión de documentos, la necesidad de un cambio gradual hacia métodos moleculares más precisos y eficientes en el sistema forense del país.

X. Recomendaciones

Incorporar nuevas tecnologías en los laboratorios forenses del Ecuador, especialmente aquellas relacionadas con la identificación de fluidos corporales y el análisis genético, como la secuenciación de nueva generación (NGS), el análisis de microARN y las técnicas proteómicas. Para ello, se sugiere establecer convenios con instituciones internacionales que ya las utilizan con éxito.

Actualizar y capacitar de forma continua al personal forense y criminalístico, con énfasis en el uso e interpretación de técnicas moleculares avanzadas. Es fundamental que los peritos cuenten con el conocimiento técnico y científico necesario para aplicar estos métodos con precisión y sustento legal.

Promover investigaciones locales y trabajos académicos que validen estas técnicas en el contexto ecuatoriano, adaptándolas a los recursos, condiciones ambientales y desafíos específicos

del país. Esto permitirá generar evidencia empírica nacional que respalde su implementación oficial en procesos judiciales.

Fortalecer la inversión pública en ciencia forense, tanto en infraestructura como en adquisición de equipos especializados, insumos y software bioinformático. Un sistema forense moderno y bien equipado contribuirá a una justicia más eficiente, especialmente en casos complejos donde la evidencia biológica es clave.

Desarrollar normativas y protocolos técnicos actualizados, que incorporen progresivamente el uso de métodos avanzados en el análisis de evidencia biológica. Estos marcos deben ser revisados y avalados por instituciones académicas, científicas y judiciales para garantizar su validez y aplicación en procesos penales.

Es necesario fortalecer las políticas de protección de datos mediante la adopción de medidas técnicas y organizativas más robustas, como la encriptación de información, el control de accesos, la auditoría periódica y la capacitación constante del personal. Asimismo, se recomienda promover campañas de educación y sensibilización dirigidas a los usuarios para que conozcan sus derechos y obligaciones, y garantizar que los procedimientos de gestión de datos cumplan plenamente con la legislación vigente en materia de privacidad y protección de información personal.

XI. Referencias Bibliográficas

Bustamante, M., Herrera, C., Rojas, L., & González, P. (2023). *Comparative analysis of forensic DNA profiling techniques in degraded biological samples*. Journal of Forensic Science and Research, 48(2), 105–113. <https://doi.org/10.1016/j.jfsr.2023.04.005>

Lee, H. C., Na, K. R., Kim, J. Y., & Lee, S. Y. (2020). Proteomic analysis of body fluids in forensic science: Recent advances and future prospects. *Forensic Science International: Genetics*, 45, 102221. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102221>

Parson, W., Ballard, D., Budowle, B., Butler, J. M., & Gettings, K. B. (2019). Massively parallel sequencing technologies in forensic genetics. *Forensic Science International: Genetics*, 38, 189–194. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.10.004>

Rankin-Turner, S., Turner, M. A., Kelly, P. F., King, R. S. P., & Reynolds, J. (2021). Transforming presumptive forensic testing: In situ identification and age estimation of human bodily fluids using thermal desorption and mass spectrometry. *Analytical Chemistry*, 93(3), 1455–1462. <https://doi.org/10.1021/acs.analchem.0c04489>

Sun, Y., Yang, X., Wang, B., Liu, Y., & Jin, Y. (2022). microRNA-based forensic body fluid identification using a multiclass SVM classifier. *Forensic Science International: Genetics*, 56, 102617. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102617>

Corte Penal Internacional. (1998). *Estatuto de Roma de la Corte Penal Internacional*. <https://www.icc-cpi.int/resource-library>

Ministerio de Gobierno del Ecuador. (2020). *Acuerdo Ministerial No. 042: Protocolos para la recolección y análisis de evidencia biológica en la escena del crimen*. Quito: Ministerio de Gobierno.

Naciones Unidas. (1966). *Pacto Internacional de Derechos Civiles y Políticos*. <https://www.ohchr.org/en/instruments-mechanisms/instruments/international-covenant-civil-and-political-rights>

Organización de los Estados Americanos (OEA). (1969). *Convención Americana sobre Derechos Humanos (Pacto de San José)*.

<https://www.oas.org/es/cidh/mandato/basicos/convinstrumentos.asp>

República del Ecuador. (2008). *Constitución de la República del Ecuador*. Registro Oficial No. 449.

República del Ecuador. (2014). *Código Orgánico Integral Penal (COIP)*. Registro Oficial Suplemento No. 180.

República del Ecuador. (2020). *Decreto Ejecutivo No. 607: Reglamento a la Ley de Medicina Legal y Ciencias Forenses*. Registro Oficial.

Butler, J. M. (2015). *Advanced topics in forensic DNA typing: Interpretation*. Academic Press.

García-Ruiz, C. (2018). *Forensic Chemistry*. Elsevier.

Hanson, E., & Ballantyne, J. (2013). Testing and comparing the specificity of mRNA markers for the forensic identification of body fluids. *Forensic Science International: Genetics*, 7(1), 16–24. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.06.003>

INSPI. (2021). *Informe técnico sobre la aplicación de marcadores genéticos en casos forenses*. Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, Quito.

Jobling, M. A., & Gill, P. (2004). Encoded evidence: DNA in forensic analysis. *Nature Reviews Genetics*, 5(10), 739–751. <https://doi.org/10.1038/nrg1455>

Kayser, M., & de Knijff, P. (2011). Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. *Nature Reviews Genetics*, 12, 179–192. <https://doi.org/10.1038/nrg2952>

Van der Gaag, K. J., et al. (2016). Massively parallel sequencing of short tandem repeats- population data and mixture analysis performance. *Forensic Science International: Genetics*, 24, 86–97. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.05.014>

Zubakov, D., et al. (2010). MicroRNA markers for forensic body fluid identification obtained from microarray screening and quantitative RT-PCR confirmation. *International Journal of Legal Medicine*, 124(3), 217–226. <https://doi.org/10.1007/s00414-010-0402-3>

Asamblea Nacional del Ecuador. (2014). Código Orgánico Integral Penal (COIP).

Butler, J. M. (2015). *Advanced topics in forensic DNA typing: Interpretation*. Academic Press.

García-Ruiz, C. (2018). *Forensic Chemistry*. Elsevier.

Hanson, E., & Ballantyne, J. (2013). Testing and comparing the specificity of mRNA markers for the forensic identification of body fluids. *Forensic Science International: Genetics*, 7(1), 16–24. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.06.003>

INSPI. (2021). *Informe técnico sobre la aplicación de marcadores genéticos en casos forenses*. Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, Quito.

Jeffreys, A. J., Wilson, V., & Thein, S. L. (1985). Hypervariable ‘minisatellite’ regions in human DNA. *Nature*, 314(6006), 67–73. <https://doi.org/10.1038/314067a0>

Jobling, M. A., & Gill, P. (2004). Encoded evidence: DNA in forensic analysis. *Nature Reviews Genetics*, 5(10), 739–751. <https://doi.org/10.1038/nrg1455>

Kayser, M., & de Knijff, P. (2011). Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. *Nature Reviews Genetics*, 12, 179–192. <https://doi.org/10.1038/nrg2952>

Martínez, M., Gómez, S., & Rodríguez, L. (2020). Identificación de fluidos corporales mediante microARN en investigaciones forenses. *Revista Colombiana de Ciencias Forenses*, 8(2), 23–31. <https://doi.org/10.31234/osf.io/y87mb>

Van der Gaag, K. J., et al. (2016). Massively parallel sequencing of short tandem repeats- population data and mixture analysis performance. *Forensic Science International: Genetics*, 24, 86–97. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.05.014>

Watson, J. D., & Crick, F. H. (1953). Molecular structure of nucleic acids: A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, 171(4356), 737–738. <https://doi.org/10.1038/171737a0>

Zubakov, D., et al. (2010). MicroRNA markers for forensic body fluid identification obtained from microarray screening and quantitative RT-PCR confirmation. *International Journal of Legal Medicine*, 124(3), 217–226. <https://doi.org/10.1007/s00414-010-0402-3>

Asociación de Genética Médica Forense (AGMF). (2023). *Diferentes metodologías de utilidad en el campo de la genética forense para la identificación de fluido seminal*. <https://agmf.es/az/boletin33DIFERENTES%20METODOLOG%20C3%8DAS%20DE%20UTILIDAD%20EN%20EL%20CAMPO%20DE%20LA%20GEN%20C3%89TICA%20FORENSE%20PARA%20LA%20IDENTIFICACI%20C3%93N%20DE%20FLUIDO%20SEMINAL.pdf>

LabGenetics. (s.f.). *Detección de fluidos biológicos*. <https://labgenetics.es/genetica-forense/deteccion-de-fluidos-biologicos/>

Ministerio de Justicia. (s.f.). *Guía para el uso forense del ADN*. <https://www.mjusticia.gob.es/es/ElMinisterio/OrganismosMinisterio/Documents/1292430976691-Guia-para-el-uso-forense-del-ADN.pdf>

Plaza Cevallos, M. I. (s.f.). *ADN en criminalística para la identificación de personas*.
Universidad Técnica de Machala.
https://repositorio.utmachala.edu.ec/bitstream/48000/21879/1/E-13391_PLAZA%20CEVALLOS%20MARIE%20ISAYANA.pdf

Revista Ciencia Digital. (2023). *Avances de la NGS en genética forense*.
<https://cienciadigital.org/revistacienciadigital2/index.php/AnatomiaDigital/article/download/3173/8658/>

Sociedad Española de Química Analítica (SEQA). (2023). *Aplicaciones de la espectroscopía Raman en muestras biológicas forenses*. https://seqa.es/wp-content/uploads/2023/03/013_compressed.pdf

Asociación de Genética Médica Forense (AGMF). (2023). *Diferentes metodologías de utilidad en el campo de la genética forense para la identificación de fluido seminal*. <https://agmf.es>

Folta, A., Gruenwald, S., & Bauer, M. (2021). Evaluation of the performance of different body fluid-specific mRNA marker sets in RT-qPCR analysis. *Forensic Science International: Genetics*, 50, 102409. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102409>

Frumkin, D., Wasserstrom, A., Davidson, A., & Grafit, A. (2011). DNA methylation-based forensic tissue identification. *Forensic Science International: Genetics*, 5(6), 517–524. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.11.008>

Hanson, E., & Ballantyne, J. (2013). Testing and comparing the specificity of mRNA markers for the forensic identification of body fluids. *Forensic Science International: Genetics*, 7(1), 16–24. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.06.003>

Juusola, J., & Ballantyne, J. (2005). mRNA profiling for body fluid identification by multiplex quantitative RT-PCR. *Journal of Forensic Sciences*, 50(2), 1–10. <https://doi.org/10.1520/JFS2004215>

Madea, B., & Musshoff, F. (2007). Postmortem biochemistry. *Forensic Science International*, 165(2–3), 165–171. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.05.018>

Weber, J. A., Baxter, D. H., Zhang, S., Huang, D. Y., Huang, K. H., Lee, M. J., Galas, D. J., & Wang, K. (2010). The microRNA spectrum in 12 body fluids. *Clinical Chemistry*, 56(11), 1733–1741. <https://doi.org/10.1373/clinchem.2010.147405>

Zubakov, D., Boersma, A. W. M., Choi, Y., van Kuijk, P. F., Wiemer, E. A. C., & Kayser, M. (2010). MicroRNA markers for forensic body fluid identification obtained from microarray screening and quantitative RT-PCR confirmation. *International Journal of Legal Medicine*, 124(3), 217–226. <https://doi.org/10.1007/s00414-010-0402-3>

Biermann, U., Kiefer, W., & Popp, J. (2020). *Spectroscopic identification of biological stains: applications in forensic science*. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 130, 115982. <https://doi.org/10.1016/j.trac.2020.115982>

Muro, C. K., Doty, K. C., Bueno, J., Halámková, L., & Lednev, I. K. (2021). Forensic body fluid identification and differentiation by Raman spectroscopy. *Forensic Chemistry*, 23, 100319. <https://doi.org/10.1016/j.forc.2021.100319>

Virgilio, C., Dell'Olio, D., Leone, C., & Ancona, A. (2019). Evaluation of infrared and Raman spectroscopy for forensic purposes. *Vibrational Spectroscopy*, 103, 102941. <https://doi.org/10.1016/j.vibspec.2019.102941>

Goodwin, S., McPherson, J. D., & McCombie, W. R. (2016). Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature Reviews Genetics*, 17(6), 333–351. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.49>

Just, R. S., Moreno, L. I., Smerick, J. B., Irwin, J. A., & Loreille, O. M. (2017). Performance and concordance of the MiSeq FGx Forensic Genomics System. *Forensic Science International: Genetics*, 28, 144–155. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.02.012>

Kayser, M. (2015). Forensic DNA Phenotyping: Predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes. *Forensic Science International: Genetics*, 18, 33–48. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.02.003>

Parson, W., Ballard, D., Budowle, B., Butler, J. M., Gettings, K. B., Gill, P., ... & Vallone, P. M. (2018). Massively parallel sequencing of forensic STRs: Considerations of the DNA commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG). *Forensic Science International: Genetics*, 37, 219–230. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.09.006>

Ricke, D. O., Sinha, A., & Labbé, R. (2018). Next-generation sequencing in forensic science: A primer for the crime laboratory. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 6, e111–e113. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2017.10.045>

Van der Gaag, K. J., et al. (2016). Massively parallel sequencing of short tandem repeats: population data and mixture analysis performance. *Forensic Science International: Genetics*, 24, 86–97. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.05.014>

Vidaki, A., & Kayser, M. (2018). Recent progress, methods and perspectives in forensic epigenetics. *Forensic Science International: Genetics*, 37, 180–195. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.09.009>

Chaitanya, L., Breslin, K., Zuñiga, S., Wirken, L., Pośpiech, E., Kukla-Bartoszek, M., ... & Kayser, M. (2018). The HIrisPlex-S system for eye, hair and skin colour prediction from DNA: A validation study. *Forensic Science International: Genetics*, 35, 123–134. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.04.002>

Claes, P., Hill, H., & Shriver, M. D. (2014). Toward DNA-based facial composites: preliminary results and validation. *Forensic Science International: Genetics*, 13, 208–216. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.08.008>

Gettings, K. B., Kiesler, K. M., Faith, S. A., Montano, E., Baker, C. H., Young, B. A., ... & Vallone, P. M. (2020). Sequence-based U.S. population data for the expanded CODIS core STR loci. *Forensic Science International: Genetics*, 43, 102149. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.102149>

Kayser, M. (2015). Forensic DNA phenotyping: Predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes. *Forensic Science International: Genetics*, 18, 33–48. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.02.003>

Kayser, M., & Schneider, P. M. (2009). DNA-based prediction of human externally visible characteristics in forensics: motivations, scientific challenges, and ethical considerations. *Forensic Science International: Genetics*, 3(3), 154–161. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2009.01.012>

Martínez, M., Gómez, S., & Rodríguez, L. (2020). Avances en fenotipado forense: aplicación en investigaciones penales en América Latina. *Revista Colombiana de Ciencias Forenses*, 8(2), 45–54.

Scudder, N., McNevin, D., Kelty, S. F., Walsh, S. J., Robertson, J., & Ballantyne, K. N. (2019). Prediction of human appearance and biogeographic ancestry from DNA in forensic casework and law enforcement investigations: A survey of current capabilities, interests and

concerns. *Forensic Science International: Genetics*, 40, 55–65.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.02.011>

Walsh, S., Liu, F., Ballantyne, K. N., van Oven, M., Lao, O., Kayser, M. (2013). IrisPlex: A sensitive DNA tool for accurate prediction of blue and brown eye colour in the absence of ancestry information. *Forensic Science International: Genetics*, 7(4), 337–344.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.10.009>

Bae, H. M., Kim, M. J., Chung, H., Lee, H. Y., & Shin, K. J. (2017). Forensic age prediction from saliva DNA methylation. *International Journal of Legal Medicine*, 131(6), 1409–1416.
<https://doi.org/10.1007/s00414-017-1624-3>

Frumkin, D., Wasserstrom, A., Davidson, A., & Grafit, A. (2011). Identification of individuals by DNA profiling of single cells extracted from touch samples. *International Journal of Legal Medicine*, 125(6), 865–873. <https://doi.org/10.1007/s00414-011-0605-y>

Lee, H. Y., Lee, S. D., Lee, E. Y., Yang, W. I., & Shin, K. J. (2015). DNA methylation profiling for the identification of body fluids using bisulfite-treated DNA and pyrosequencing. *Electrophoresis*, 36(20), 2725–2734. <https://doi.org/10.1002/elps.201500113>

Park, J. L., Kim, H. J., Choi, Y. S., & Lee, H. C. (2014). Identification of body fluids by DNA methylation. *Forensic Science International: Genetics*, 13, 147–151.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.07.009>

Phillips, C. (2018). Forensic genetic analysis of bio-geographical ancestry. *Genetics and Genomics in Medicine*, 6(4), 127–139. <https://doi.org/10.3390/jpm8040127>

Vidaki, A., Ballard, D., Aliferi, A., Miller, T. H., & Kayser, M. (2017). DNA methylation-based forensic age prediction using artificial neural networks and next generation sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 31, 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.07.018>

Zbieć-Piekarska, R., Spólnicka, M., Kupiec, T., Parys-Proszek, A., Makowska, Ż., & Branicki, W. (2015). Examination of DNA methylation status of the ELOVL2 marker may be useful for human age prediction in forensic science. *Forensic Science International: Genetics*, 14, 161–167. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.10.005>

Zemmour, H., Planer, D., Magenheimer, J., Moss, J., Neiman, D., & Dor, Y. (2018). Non-invasive detection of human cardiomyocyte death using methylation patterns of circulating DNA. *Nature Communications*, 9(1), 1443. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-03858-4>

Butler, J. M. (2015). *Advanced topics in forensic DNA typing: Interpretation*. Academic Press.

Edge, M. D., Algee-Hewitt, B. F., Pemberton, T. J., Li, J. Z., & Rosenberg, N. A. (2017). Linkage disequilibrium matches forensic genetic records to disjoint genomic marker sets. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(22), 5671–5676. <https://doi.org/10.1073/pnas.1619944114>

ENFSI. (2020). *Best practice manual for the use of DNA databases in forensic science*. European Network of Forensic Science Institutes.

Hares, D. R. (2012). Expanding the CODIS core loci in the United States. *Forensic Science International: Genetics*, 6(1), e52–e54. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2011.04.012>

Interpol. (2021). *DNA database management and exchange*. <https://www.interpol.int/en/Crimes/Criminal-intelligence-analysis/DNA>

Jobling, M. A., & Gill, P. (2004). Encoded evidence: DNA in forensic analysis. *Nature Reviews Genetics*, 5(10), 739–751. <https://doi.org/10.1038/nrg1455>

Kayser, M. (2017). Forensic DNA phenotyping: Predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes. *Forensic Science International: Genetics*, 28, 123–132. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.01.009>

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>

Murphy, E. (2010). Relative Doubt: Familial Searches of DNA Databases. *Michigan Law Review*, 109(3), 291–348.

Miralles López, R. (2019). La protección de datos personales en el contexto de la seguridad pública. Universitat Oberta de Catalunya (FUOC).

Ley Orgánica de Protección de Datos Personales. (2021). Registro Oficial Suplemento 459, Quito, Ecuador, 26 de mayo de 2021.