

Genética forense en el Ecuador: aplicaciones, avances y limitaciones

Forensic genetics in Ecuador: applications, advances, and limitations

Genética forense no Equador: aplicações, avanços e limitações

Loyola-Encalada, Luis Alberto
Universidad Católica de Cuenca, Facultad de Criminología y
Ciencias Forenses

luis.loyola@ucacue.edu.ec

<https://orcid.org/0009-0001-7966-1981>



Méndez-Cabrera, Blanca Michelle
Universidad Católica de Cuenca, Facultad de Criminología y
Ciencias Forenses

blanca.mendez@ucacue.edu.ec

<https://orcid.org/0009-0009-3547-5632>



García-Herrera, Esteban Giovanni
Universidad Católica de Cuenca, Facultad de Criminología y
Ciencias Forenses

giovanny.garcia@ucacue.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0002-0463-1665>



DOI / URL: <https://doi.org/10.55813/gaea/ccri/v7/nE1/1374>

Como citar:

Loyola-Encalada, L. A., Méndez-Cabrera, B. M., & García-Herrera, E. G. (2026). Genética forense en el Ecuador: aplicaciones, avances y limitaciones. *Código Científico Revista De Investigación*, 7(E1), 2425-2443.

Recibido: 07/02/2026

Aceptado: 08/03/2026

Publicado: 31/03/2026

Resumen

El reporte de delitos y casos de desaparición en el Ecuador ha resaltado la importancia de la genética como herramienta forense en el sistema judicial. Este artículo analiza las principales aplicaciones, avances tecnológicos y limitaciones de la genética forense en el contexto ecuatoriano, en comparación con el desarrollo global de la disciplina. Se realizó una revisión de la literatura científica reciente y de documentación institucional nacional. Las aplicaciones actuales incluyen la identificación humana en casos criminales, análisis de restos óseos y determinación de vínculos biológicos mediante marcadores STR autosómicos y de linaje. A nivel internacional, la incorporación de tecnologías como la secuenciación de próxima generación, la inferencia fenotípica y el análisis del microbioma ha ampliado las capacidades de la disciplina. No obstante, persisten limitaciones técnicas, interpretativas y normativas, especialmente en escenarios de mezclas complejas y en la implementación de tecnologías emergentes en el país. Aunque Ecuador mantiene protocolos alineados con estándares internacionales, existen brechas tecnológicas y regulatorias que requieren fortalecimiento para optimizar la aplicación científica en el ámbito legal.

Palabras clave: genética forense, STR, perfiles genéticos, escena del crimen, base de datos.

Abstract

The reporting of crimes and disappearances in Ecuador has highlighted the importance of genetics as a forensic tool in the judicial system. This article analyzes the main applications, technological advances, and limitations of forensic genetics in the Ecuadorian context, in comparison with the global development of the discipline. A review of recent scientific literature and national institutional documentation was conducted. Current applications include human identification in criminal cases, skeletal analysis, and determination of biological links using autosomal and lineage STR markers. Internationally, the incorporation of technologies such as next-generation sequencing, phenotypic inference, and microbiome analysis has expanded the capabilities of the discipline. However, technical, interpretive, and regulatory limitations persist, especially in complex mixture scenarios and in the implementation of emerging technologies in the country. Although Ecuador maintains protocols aligned with international standards, there are technological and regulatory gaps that need to be strengthened to optimize scientific application in the legal sphere.

Keywords: forensic genetics, STR, genetic profiles, crime scene, database.

Resumo

A denúncia de crimes e desaparecimentos no Equador tem destacado a importância da genética como ferramenta forense no sistema judicial. Este artigo analisa as principais aplicações, os avanços tecnológicos e as limitações da genética forense no contexto equatoriano, em comparação com o desenvolvimento global da disciplina. Foi realizada uma revisão da literatura científica recente e da documentação institucional nacional. As aplicações atuais incluem a identificação humana em processos criminais, a análise esquelética e a determinação de laços biológicos utilizando marcadores STR autossômicos e de linhagem. A nível internacional, a incorporação de tecnologias como o sequenciamento de última geração, a inferência fenotípica e a análise do microbioma expandiu as capacidades da disciplina. No entanto, persistem limitações técnicas, interpretativas e regulamentares, especialmente em cenários de misturas complexas e na implementação de tecnologias emergentes no país. Embora o Equador mantenha protocolos alinhados com as normas internacionais, existem

lacunas tecnológicas e regulamentares que precisam de ser reforçadas para otimizar a aplicação científica na esfera jurídica.

Palavras-chave: genética forense, STR, perfis genéticos, local do crime, base de dados.

Introducción

La criminalística es una ciencia que analiza las evidencias para identificar al autor de un delito (Gutiérrez-Hurtado et al., 2025). Existen tres fuentes de identificación primaria: la genética forense, las huellas dactilares y la odontología forense (Ellis, 2019). La genética forense tuvo sus inicios con la identificación de vínculos biológicos mediante el tipo de sangre y el análisis de polimorfismos del sistema HLA (Ellis, 2019; Velasteguí et al., 2025). Sin embargo, la característica principal que deben tener estas herramientas es que sean altamente polimórficos y tengan un alto poder de discriminación (Pfaffelhuber et al., 2022). En otras palabras, los polimorfismos deben estar presentes en el genoma del individuo y variar de una persona a otra (Butler, 2023). Estas secuencias cortas de ADN (microsatélites) suelen componerse entre 2 y 6 nucleótidos., y se repiten decenas de veces en los cromosomas autosómicos y sexuales (Gettings et al., 2015). A partir de estas repeticiones cortas en tándem denominadas STR o microsatélites se desarrollan los marcadores STR (Gettings et al., 2015).

Los marcadores estándar que se usan a nivel global en la genética forense son los STR autosómicos para la identificación humana (Butler, 2023). Cada marcador se emplea de acuerdo al escenario forense que se requiera resolver (Butler, 2023). El desarrollo de esta tecnología implica la validación y testeo de los parámetros forenses como la heterocigosidad esperada, heterocigosidad observada, Probabilidad de Coincidencia (PC), Poder de Discriminación (PD) y Equilibrio Hardy-Weinberg que son obtenidos a partir de las frecuencias alélicas observadas en una población (Fujii et al., 2015). Por ello dentro de la prueba de ADN el análisis estadístico es clave para validar los resultados cuantitativos y elegir los marcadores moleculares apropiados (Doyle, 2024).

En el Ecuador, estas herramientas de biología molecular se aplican de forma rutinaria en el ámbito criminalístico dentro del Sistema Especializado Integral de Investigación, Medicina Legal y Ciencias Forenses. El Servicio de Medicina Legal y Ciencias Forenses (SNMLCF) ha establecido laboratorios de genética forense acreditados bajo la norma NTE INEN-ISO/IEC 17025:2018, lo cual avala la calidad y confiabilidad de los análisis científicos solicitados por la Fiscalía General del Estado en casos de homicidios, femicidios, desapariciones forzadas, accidentes de tránsito y otras investigaciones que requieren investigación técnico-científica (Zárate et al., 2022).

Actualmente, también se incorporan tecnologías avanzadas para el análisis de muestras degradadas, como la secuenciación de próxima generación (NGS) que permite caracterizar con mayor precisión la composición de alelos en muestras complejas y reducir la probabilidad de pérdida alélica (Carratto et al., 2022). Este estudio tiene como objetivo analizar y comparar las técnicas de genética forense empleadas en el Ecuador con aquellas utilizadas en otros países, evaluando sus avances, limitaciones y su impacto en la resolución de casos legales.

Metodología

Se llevó a cabo una revisión narrativa de la literatura, estructurada conforme a las directrices generales del marco PRISMA, con el objetivo de asegurar la transparencia, trazabilidad y reproducibilidad del proceso de identificación y selección de estudios (Page et al., 2021). La estrategia de búsqueda se implementó en las bases de datos Scopus, PubMed y Google Scholar, mediante la siguiente combinación de términos: ("forensic genetic") AND ("STR" OR "microsatellites") AND ("applications" OR "advances").

La búsqueda inicial permitió identificar 99 artículos potencialmente relevantes. El proceso de selección se desarrolló en dos fases. En la primera, se efectuó un cribado sistemático de títulos y resúmenes para determinar la pertinencia temática y el cumplimiento de los criterios

de inclusión. En la segunda fase, los estudios preseleccionados fueron sometidos a una revisión exhaustiva a texto completo para evaluar su elegibilidad final.

Se priorizaron investigaciones originales con alto rigor metodológico, predominantemente de diseño experimental y publicadas en inglés. Se excluyeron los artículos sin acceso al texto completo, así como aquellos que no abordaban de manera directa la genética forense, sus aplicaciones, limitaciones y bases de datos de ADN.

Resultados

Las aplicaciones de la genética forense se fundamentan en el análisis de regiones de ADN de interés forense (Butler, 2012, 2023). El empleo de los marcadores STR es el estándar que se usa para la identificación humana en escenarios de casos criminales, personas no identificadas y vínculos biológicos (McDonald et al., 2024).

La tecnología para la tipificación del ADN incluye la extracción del ADN a partir de fluidos biológicos o tejidos (Barbaro, 2025). Además, la PCR (Reacción de Cadena de la Polimerasa) multiplex emplea colorantes fluorescentes para la amplificación de los STR, estas herramientas estándar de referencia (Gold Standard) se usan en los dos Centros Forenses del Ecuador considerando las recomendaciones de la Sociedad Internacional de Genética forense (Gettings et al., 2024). Actualmente estos laboratorios se encuentran acreditados por la Autoridad Sanitaria Nacional y analizan más de 16 marcadores de la marca comercial Applied Biosystems para tener un alto poder de confiabilidad y discriminación (Zárate et al., 2022).

Generalmente los marcadores STR autosómicos son empleados en casos criminales para la identificación humana individual, identificación de restos humanos y para pruebas de vínculos biológicos debido a su alto poder de discriminación. Así lo reportan los estudios que han testeado los kits forenses de STR de las casas comerciales Promega, Applied Biosystems y Qiagen (Cho et al., 2021; Flores-Espinoza et al., 2022; Gaviria et al., 2013). Así mismo los

marcadores de linaje como el ADN mitocondrial (ADNmt), cromosoma X y cromosoma Y son usados para determinar linajes maternos y paternos según el caso, sin embargo, en la Fiscalía y Centros Forenses del Ecuador no hay reportes de uso del ADNmt como tecnología complementaria en casos forenses (Calò et al., 2024; Sánchez-Méndez et al., 2025).

El análisis de los STR se realiza en analizadores genéticos como el ABI 3500 para la obtención de los perfiles genéticos (Larnane et al., 2025). Entre las limitaciones que presentan los analizadores genéticos se incluyen los artefactos que se generan durante el análisis de los productos de PCR y que causan fallas de interpretación (Larnane et al., 2025).

Las limitaciones de los marcadores autosómicos se presentan en escenarios donde hay mezclas de perfiles de ADN (Butler et al., 2024). Los marcadores sexuales del cromosoma Y si bien pueden ser complementarios en casos de delitos sexuales también disminuyen su poder discriminante cuando los agresores pertenecen a la misma línea paterna (Butler et al., 2024).

Particularmente el cromosoma X se emplea en vínculos biológicos cuando no se dispone de muestras de referencia del presunto padre y se desea determinar el vínculo con una hija mediante los abuelos paternos (Garcia et al., 2022). La Tabla 1 muestra un resumen de los marcadores autosómicos y marcadores de linaje que son usados para la identificación forense. Así como también cuáles son sus fortalezas, resultados y limitaciones para cada escenario forense en comparación con la genética aplicada en el Ecuador.

Tabla 1
Aplicaciones de la genética forense

Estudios	Aplicación forense	Marcadores genéticos	Técnicas empleadas	Resultados principales	Poder discriminante	Limitaciones metodológicas	Aplicado en Ecuador
(Butler, 2012)	Identificación humana individual	STR autosómicos	PCR multiplex, electroforesis capilar	Identificación individual mediante perfiles STR	Alto	ADN degradado, mezclas complejas	Si
(Butler, 2023)	Identificación de restos humanos no	STR autosómicos	PCR multiplex, electroforesis capilar	Asociación genética con parientes cercanos	Alto	Degradación y fragmentación del ADN nuclear.	Si

Estudios	Aplicación forense	Marcadores genéticos	Técnicas empleadas	Resultados principales	Poder discriminante	Limitaciones metodológicas	Aplicado en Ecuador
	identificados					-Mas resistente a la degradación	
		ADNmt	NGS	Linaje materno	Medio-alto	-Bajo poder de discriminación	No
(Cho et al., 2021)	Análisis de vínculos biológicos	STR autosómicos	PCR multiplex, electroforesis capilar	Identificación individual mediante perfiles STR	Alto	Ausencia de muestras de referencia	Si
(Crespillo Márquez et al., 2023)	Análisis de linaje paterno	STR del cromosoma Y	PCR multiplex, electroforesis capilar	Identificación de linajes masculinos compartidos	Medio	No discrimina individuos del mismo linaje paterno	Si
(Crespillo Márquez et al., 2023)	Análisis de linaje materno	ADNmt	PCR, secuenciación sanger o NGS	Reconstrucción de linajes maternos	Bajo	Baja resolución del ADNmt	No
(Cowell, 2018)	Análisis de mezclas biológicas	STR autosómicos, STR del cromosoma Y	PCR multiplex, electroforesis capilar, análisis probabilístico	Identificación de múltiples contribuyentes	Medio	- Interpretación estadística compleja -Perfiles desbalanceados	Si
(Tvedebri nk, 2022)	Inferencia de ancestralidad biogeográfica	AIMs	PCR multiplex, NGS	Estimación probabilística de origen poblacional	Medio	Resolución limitada en poblaciones mestizas	No
(Terrado-Ortuño & May, 2025)	Fenotipado forense	SNPs funcionales	PCR multiplex, NGS	Predicción de rasgos visibles	Bajo-medio	Resultados probabilísticos, debate ético	No

Nota: Esta tabla resume las aplicaciones de la genética forense, así como también sus limitantes, fortalezas y principales resultados en la identificación humana a nivel global y en comparación con la situación actual del Ecuador (Autores, 2026).

Discusión

Inicialmente las pruebas forenses se pretendían realizar con el sistema ABO y el factor RH, es decir mediante el tipo de sangre para establecer vínculos biológicos entre individuos, sin embargo, este método posee un bajo poder de discriminación y es principalmente

excluyente (Geserick & Wirth, 2012). Posteriormente, la técnica de RFLPs (Polimorfismos en la Longitud de los Fragmentos de Restricción) permitió por primera vez vincular a un sospechoso con un crimen como el caso de Pitchfork, identificando en el sospechoso regiones denominadas VNTRs (Repeticiones en Tándem de Número Variable) que presentaban el mismo patrón al cotejarlo con el ADN hallado en la víctima (Butler, 2012).

El desarrollo de los marcadores STR autosómicos, también conocidos como microsatélites, permitió su empleo en la criminalística para la identificación humana desde finales de la década de los 80 (Costa et al., 2025). Estos marcadores funcionan como una huella genética, concepto introducido por Alec Jeffreys, y son únicos para cada individuo. Su característica principal es el alto poder discriminatorio para diferenciar a un individuo dentro de una población. Esto proporciona un mayor nivel de confianza en las pruebas de ADN aplicadas a la resolución de casos criminales (Butler, 2012).

Desde entonces los marcadores STR han sido empleados como una herramienta estándar en todos los laboratorios de genética forense del mundo (Costa et al., 2025). A la prueba de ADN debe proporcionarse un valor estadístico que mide el Poder de discriminación (PD), la probabilidad de coincidencia (PC) y el Likelihood Ratio (LR) que son determinados por la comunidad científica para darle suficiente valor probatorio en la audiencia de juicio (Butler, 2021)

La resolución de crímenes a través del análisis de fluidos biológicos para identificar al autor de un asesinato o violación se logró posteriormente con el uso de los marcadores STR (Butler & Willis, 2020). En casos con múltiples aportantes, el ADN recuperado puede generar perfiles mixtos que incrementan el riesgo de errores de interpretación (Gill et al., 2006). Por ello en escenarios de mezclas de ADN la interpretación debe ser realizada por peritos expertos capaces de diferenciar artefactos técnicos de alelos verdaderos (Gill et al., 2006; Samie et al., 2025). La interpretación estadística se complementa con software informáticos específicos que

permite darle un valor a la prueba y medir la probabilidad de que el ADN encontrado en la evidencia pertenezca al sospechoso del crimen (Samie et al., 2025).

Una alternativa para diferenciar el perfil genético del aportante masculino respecto al de la víctima (generalmente mujer), particularmente en casos de delitos sexuales, es el uso de marcadores del cromosoma Y (Kayser, 2017). Sin embargo, el uso es limitado cuando se presenta más de un aportante debido a la mezcla de perfiles de ADN (Kayser, 2017). Además, otra limitante de la prueba de ADN puede vincularse con la baja cantidad y calidad de material genético que se espera encontrar en la evidencia dejada por el autor del delito (Zavala et al., 2025).

El Código Orgánico Integral Penal (COIP) establece que la prueba de ADN sea solicitada por la autoridad competente durante la etapa de investigación previa, en el proceso penal ecuatoriano, la autoridad competente es el Fiscal (COIP, 2021). La prueba de ADN debe incluir informes detallados de metodologías, resultados, insumos y reactivos químicos sustentados por peritos acreditados por el Consejo de la Judicatura (Salazar et al., 2022). No obstante, los resultados considerados como prueba pericial son valorados durante la audiencia de juicio por el juez para determinar la vinculación de los hechos con el presunto sospechoso o confirmar su inocencia (COIP, 2021).

Otro aporte del ADN en la genética forense es la identificación de cadáveres o restos óseos ya sea por desapariciones forzadas o por desastres masivos, como el ocurrido en Alausí en el año 2023. Este desastre dejó centenares de desaparecidos producto del deslizamiento de tierra, no obstante, el Servicio de Medicina Legal y Ciencias Forenses recuperó 65 cadáveres identificados, 12 piezas anatómicas y 10 presuntos desaparecidos (SNMLCF, 2024). El Centro de Medicina legal y Ciencias Forenses logró reconocer varios cuerpos comparando perfiles genéticos de restos humanos con los de familiares cercanos. Para obtener resultados robustos en este tipo de pruebas es importante que participen en lo posible todos los familiares cercanos

disponibles como por ejemplo los padres, hermanos, abuelos y tíos, además de realizar un adecuado cálculo con los programas informáticos específicos para identificación de víctimas de desastre (DVI) (Crespillo Márquez et al., 2023).

Cuando han transcurrido varios años desde el entierro se recurre a los huesos y dientes debido a su estructura química de hidroxiapatita que tiende a preservar mejor el material genético para evitar la degradación del ADN (Simoes Dutra Correa et al., 2020). Generalmente basta con analizar 20 loci STR, incluido el marcador sexual de la amelogenina, para identificar a un individuo de acuerdo a las recomendaciones de la INTERPOL. Sin embargo, en casos de DVI el aporte de referencias familiares como registros dentales y fracturas óseas complementan la identificación empleando la antropología como una herramienta forense complementaria (Link et al., 2023). Según lo reportado por el SNMLCF los laboratorios de genética para la identificación humana emplean 16 marcadores STR autosómicos (D3S1358, vWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01, FGA, Amelogenina, D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391) siguiendo los lineamientos del Sistema Indexado de ADN (CODIS) (Zárate et al., 2022).

Las estadísticas del SNMLCF indican que entre 2014 y 2021 se identificaron apenas 30 personas desaparecidas, cifra que contrasta significativamente con los 1298 perfiles genéticos de cadáveres N.N., restos óseos y osamentas registrados en el Ecuador. Esta discrepancia evidencia limitaciones estructurales en la capacidad de procesamiento, equipamiento y personal suficiente para el análisis genético del sistema forense debido a que en el Ecuador únicamente se cuenta con dos centros forenses del SNMLCF con laboratorios de genética en las ciudades de Quito y Guayaquil. Además, en Quito opera otro laboratorio central de la Fiscalía General del Estado, el cual reportó entre el 2011 y 2016 que se realizaron 10759 pruebas de paternidad (casos civiles) y 6317 pericias penales vinculadas a casos de agresión sexual e investigación de restos de personas desaparecidas. No obstante, no se identificaron

registros estadísticos públicos posteriores que permitan evaluar la evolución de estas actividades en años recientes (FGE, 2016). Aunque en el año 2020 se dispuso la creación de bases de datos genéticas, los resultados sugieren que su implementación no ha sido suficiente para revertir la acumulación de casos pendientes (Zárate et al., 2022)

Probablemente contar con una base de perfiles genéticos constituye una de las herramientas más eficaces para la identificación humana en casos criminales y de personas desaparecidas. Países como Reino Unido disponen de sistemas integrados de bases de datos de ADN a nivel local y nacional, que incluyen perfiles de individuos procesados penalmente (Obleščuk et al., 2024) .A partir de la Base de datos Nacional de ADN de Reino Unido (NDNAD), se ha reportado una tasa de coincidencia del 64.8% entre los perfiles de ADN de la escena del crimen y los del sospechoso. Además, han logrado identificar 28 personas desaparecidas entre abril de 2023 a marzo de 2024, lo que confirma su relevancia como herramienta estratégica para la investigación penal (Gov.UK, 2024).

Por el contrario, en el Ecuador no se cuenta con bases de datos de ADN de delincuentes o personas privadas de libertad, esta limitante tecnológica reduce la resolución de casos criminales (Salazar et al., 2022). Se ha reportado que desde el año 2022 se inició la creación de una base de perfiles genéticos provenientes de las personas privadas de libertad con fines forenses y humanitarios (Salazar et al., 2022). Sin embargo, para la obtención del ADN se requiere del consentimiento informado que en algunos casos puede excluir a personas en las bases de datos y limitar la investigación judicial.

Las normas internacionales de la Sociedad Internacional de Genética forense (SIGF) establecen que estos laboratorios deben contar con infraestructura adecuada, protocolos estandarizados, equipamiento y personal capacitado. En consonancia con lo reportado por el Centro de Medicina Legal y Ciencias Forense, los laboratorios cuentan con acreditaciones

internacionales como la ISO 17025 para laboratorios de ensayo y calibración, convirtiéndose en una fortaleza para el análisis del ADN.

Las perspectivas futuras del análisis del ADN sugieren la implementación de equipos que permitan obtener perfiles genéticos con mayor rapidez, los reportes recomiendan el uso tecnologías HID (Human Identification o Rapid ADN) (Bowman et al., 2022). Además de plataformas de secuenciación de próxima generación (NGS) ya que permiten obtener perfiles tanto de regiones no codificantes como de regiones asociadas a características fenotípicas como el color de cabello, ojos, piel, etc. Estos avances permitirían no solo inferir en los perfiles de ADN, sino también en identificar características físicas de los sospechosos como un análisis forense complementario (Terrado-Ortuño & May, 2025)

El desarrollo del análisis del microbioma como una herramienta forense ha permitido avances en la investigación para la identificación humana mediante contacto entre persona y persona o persona a objeto, ubicar geográficamente a un individuo y estimar el tiempo de muerte (Loyola et al., 2026). Ecuador ofrece un entorno único para el avance de la investigación forense del microbioma debido a su diversidad étnica cultural y ambiental. La población ecuatoriana está conformada por grupos indígenas, mestizos, afroecuatorianos y descendientes europeos, cuya estructura genética influye en la composición microbiana asociada al huésped (Franceschetti et al., 2024; Loyola et al., 2026). Esta heterogeneidad convierte al país en un “laboratorio natural” ideal para estudiar diferencias microbianas entre individuos, regiones y condiciones ambientales, un elemento crítico dada la subrepresentación de América Latina en bases de datos forenses globales (Franceschetti et al., 2024; Loyola et al., 2026; Reyes et al., 2025)

La falta de datos latinoamericanos constituye un problema reconocido en la comunidad internacional, pues los modelos predictivos desarrollados en poblaciones europeas o norteamericanas no necesariamente se trasladan a contextos tropicales, donde las tasas de

descomposición, la sucesión microbiana y la estabilidad de las huellas microbianas ambientales difieren notablemente (Goecker et al., 2020). Por ello, la generación de perfiles microbianos ecuatorianos de piel, orificios corporales, superficies domésticas y suelos locales permitiría construir bases de referencia contextualizadas, esenciales para reducir errores de clasificación y mejorar la precisión de las inferencias microbiológicas en casos reales.

Por otro lado, a lo largo de los años, el análisis de perfiles de ADN ha estado sujeto al juicio especializado de un analista (Butler, 2012). No obstante, cuando la muestra es una "combinación compleja" como sangre de tres individuos diferentes en un arma, la interpretación estadística puede oscurecer el juicio del perito (Butler et al., 2024). Las investigaciones reportan el modelo "DNANet", una arquitectura de Inteligencia Artificial fundamentada en redes neuronales convolucionales (CNN) que está transformando la precisión forense (de Wit et al., 2025). Los estudios realizados en Australia y Estados Unidos han entrenado a este modelo con miles de electroferogramas para que sea capaz de diferenciar, con exactitud milimétrica, entre los picos de alelos auténticos y los "artefactos" (señales erróneas) generados durante la amplificación del ADN (Bharath Kumar et al., 2025; de Wit et al., 2025). Esta tecnología no solo agiliza los procedimientos en laboratorios colapsados, sino que añade una dimensión de objetividad matemática esencial para los sistemas de justicia contemporáneos, suprimiendo el sesgo cognitivo del experto.

Conclusión

Las herramientas de biología molecular que se emplean rutinariamente en los laboratorios de genética forense, incluidos los del Ecuador son los marcadores autosómicos para la resolución de casos criminales y el marcador del cromosoma Y en delitos sexuales como herramienta complementaria.

Para la resolución de casos de personas desaparecidas y DVI el uso de software especializados es clave para determinar vínculos biológicos con los bases de datos de perfiles genéticos de los familiares cercanos (padres, hijos, hermanos) de los restos óseos, osamentas y cadáveres no identificados. Aunque los casos reportados por el Servicio Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses son de 28 personas hasta el año 2024, las bases de datos evidencian la necesidad de fortalecer los sistemas de identificación humana.

Las bases de datos de perfiles de ADN aportan un gran valor para el cotejamiento de perfiles genéticos obtenidos a partir de las evidencias recolectadas en la escena del crimen vinculadas al sospechoso. Además, han demostrado eficacia en la identificación criminal como ocurre con NDNAD en Reino Unido y CODIS en Estados Unidos. En Ecuador, la creación de bases de datos locales y nacionales permitiría una identificación humana más rápida y eficiente. Estas bases de datos deben ser implementadas mediante la articulación de organismos públicos y privados que tengan como fin la justicia social y una regulación estatal estricta. Además, el consentimiento informado debe ser reformado por el COIP para permitir el almacenamiento de perfiles genéticos de las personas privadas de libertad garantizando principios constitucionales y protección de datos.

Los procesos técnicos, infraestructura y personal capacitado en los laboratorios de genética forense deben ser normados por la ISO/IEC 17025 y cualificados por organismos nacionales de autoridad sanitaria e internacionales como las recomendaciones emitidas por la SIGF para garantizar que sus resultados sean confiables.

Los nuevos avances de la tecnología para la identificación humana son prometedores, sin embargo, los equipos como el HID para la obtención de perfiles genéticos en cortos periodos de tiempo son costosos y no se encuentran al alcance de países en desarrollo. Muchos de los avances descritos como el microbioma se consideran como herramientas complementarias y no suplementarias. El desarrollo de la IA para la interpretación de los

perfiles genéticos en casos de mezclas resulta como una herramienta poderosa que reduce el sesgo cognitivo y mejora la robustez estadística, sin embargo, no sustituye jurídicamente al perito.

Referencias bibliográficas

- Barbaro, A. (2025). Techniques for DNA extraction in forensic science: from traditional to modern approaches. *Minerva Forensic Medicine*, 144(3). <https://doi.org/10.23736/s2784-8922.24.01880-6>
- Bharath Kumar, R., Baplawat, A., Prabakaran, P., Phani Sridhar, A., Saraswathi, B., & Roja Rani, M. (2025). Issue 5s (2025) (2025) Artificial Intelligence in Forensic Sciences: Bridging Systematic Challenges with Next-Generation Applications. In *Journal of Neonatal Surgery ISSN* (Vol. 14). <https://doi.org/https://doi.org/10.52783/jns.v14.2105>
- Bowman, Z., Daniel, R., Gerostamoulos, D., Woodford, N., & Hartman, D. (2022). Rapid DNA from a disaster victim identification perspective: Is it a game changer? In *Forensic Science International: Genetics* (Vol. 58). Elsevier Ireland Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2022.102684>
- Butler, J. M. (2012). *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology*. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/C2011-0-04189-3>
- Butler, J. M. (2021). (Draft) *DNA Mixture Interpretation*. <https://doi.org/10.6028/NIST.IR.8351-draft>
- Butler, J. M. (2023). Recent advances in forensic biology and forensic DNA typing: INTERPOL review 2019–2022. *Forensic Science International: Synergy*, 6. <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2022.100311>
- Butler, J. M., & Willis, S. (2020). Interpol review of forensic biology and forensic DNA typing 2016-2019. In *Forensic Science International: Synergy* (Vol. 2, pp. 352–367). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2019.12.002>
- Butler, J. M., Iyer, H., Press, R., Taylor, M. K., Vallone, P. M., & Willis, S. (2024). *DNA mixture interpretation* : <https://doi.org/10.6028/NIST.IR.8351>
- Calò, L., Gentile, F., Baio, E., Raschellà, C., Capelli, C., & Marino, A. (2024). Variability and forensic efficiency of 12 X-STR markers in Namibian populations. *International Journal of Legal Medicine*, 138(6), 2289–2298. <https://doi.org/10.1007/s00414-024-03299-9>
- Carratto, T. M. T., Moraes, V. M. S., Recalde, T. S. F., de Oliveira, M. L. G., & Mendes-Junior, C. T. (2022). Applications of massively parallel sequencing in forensic genetics. *Genetics and Molecular Biology*, 45(3). <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2022-0077>
- Cho, W. C., Jung, J. K., Cho, Y., Jung, J. Y., Lee, M. H., Park, J. H., Lee, D. S., & Lee, J. (2021). Validation and assessment of the Investigator® 24plex QS kit for forensic casework application: Comparison with the PowerPlex® fusion system and

- GlobalFiler™ PCR amplification kits. *Legal Medicine*, 52. <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2021.101902>
- COIP. (2021). *CÓDIGO ORGÁNICO INTEGRAL PENAL, COIP*. https://www.defensa.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2021/03/COIP_act_feb-2021.pdf?utm_source
- Costa, C., Figueiredo, C., Costa, S., Ferreira, P. M., Amorim, A., Prieto, L., & Pinto, N. (2025). The impact of parameter variation in the quantification of forensic genetic evidence. *Scientific Reports*, 15(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-024-83841-2>
- Crespillo Márquez, M., Barrio Caballero, P. A., & Farfán Espuny, M. J. (2023). Contributions and advances of forensic genetics in mass fatality incidents. *Revista Espanola de Medicina Legal*, 49(2), 55–63. <https://doi.org/10.1016/j.reml.2023.04.005>
- de Wit, A. K., Wagenaar, C. D., Janssen, N. A., Hoegen, B., van de Wetering, J., Hoofs, H., Ariëns, S., Benschop, C. C., & Ypma, R. J. (2025). *Making AI accessible for forensic DNA profile analysis*. <https://doi.org/10.1101/2025.06.02.656996>
- Doyle, S. (2024). QHFSS DNA laboratory – ISO/IEC 17025 conformance and accreditation. In *Forensic Science International: Synergy* (Vol. 8). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2023.100449>
- Ellis, P. (2019). Modern advances in disaster victim identification. In *Forensic Sciences Research* (Vol. 4, Number 4, pp. 291–292). Taylor and Francis Ltd. <https://doi.org/10.1080/20961790.2019.1678798>
- FGE. (2016, November 6). *99.99% de certeza certifica labor de Laboratorio de Genética Forense*. https://www.fiscalia.gob.ec/99-99-de-certeza-certifica-labor-de-laboratorio-de-genetica-forense/?utm_source.
- Flores-Espinoza, R., Angulo-Pozo, A. N., Garzón-Salazar, A., Cabrera-Andrade, A., Paz-Cruz, E., Burgos, G., & Gusmão, L. (2022). Evaluating population structure of Ecuador for forensic STR markers. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 8, 102–104. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2022.09.036>
- Franceschetti, L., Lodetti, G., Blandino, A., Amadasi, A., & Bugelli, V. (2024). Exploring the role of the human microbiome in forensic identification: opportunities and challenges. In *International Journal of Legal Medicine* (Vol. 138, Number 5, pp. 1891–1905). Springer Science and Business Media Deutschland GmbH. <https://doi.org/10.1007/s00414-024-03217-z>
- Fujii, K., Watahiki, H., Mita, Y., Iwashima, Y., Kitayama, T., Nakahara, H., Mizuno, N., & Sekiguchi, K. (2015). Allele frequencies for 21 autosomal short tandem repeat loci obtained using GlobalFiler in a sample of 1501 individuals from the Japanese population. *Legal Medicine*, 17(5), 306–308. <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2015.08.007>
- Garcia, F. M., Bessa, B. G. O., dos Santos, E. V. W., Pereira, J. D. P., Alves, L. N. R., Vianna, L. A., Casotti, M. C., Trabach, R. S. R., Stange, V. S., Meira, D. D., & Louro, I. D. (2022). Forensic Applications of Markers Present on the X Chromosome. In *Genes* (Vol. 13, Number 9). MDPI. <https://doi.org/10.3390/genes13091597>
- Gaviria, A., Zambrano, A. K., Morejon, G., Galarza, J., Aguirre, V., Vela, M., Builes, J. J., & Burgos, G. (2013). Twenty two autosomal microsatellite data from Ecuador (Powerplex

- Fusion). *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 4(1), e330–e333. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2013.10.169>
- Geserick, G., & Wirth, I. (2012). Genetic kinship investigation from blood groups to DNA markers. In *Transfusion Medicine and Hemotherapy* (Vol. 39, Number 3, pp. 163–175). S. Karger AG. <https://doi.org/10.1159/000338850>
- Gettings, K. B., Aponte, R. A., Vallone, P. M., & Butler, J. M. (2015). STR allele sequence variation: Current knowledge and future issues. *Forensic Science International: Genetics*, 18, 118–130. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.06.005>
- Gettings, K. B., Bodner, M., Borsuk, L. A., King, J. L., Ballard, D., Parson, W., Benschop, C. C. G., Børsting, C., Budowle, B., Butler, J. M., van der Gaag, K. J., Gill, P., Gusmão, L., Hares, D. R., Hoogenboom, J., Irwin, J., Prieto, L., Schneider, P. M., Vennemann, M., & Phillips, C. (2024). Recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on short tandem repeat sequence nomenclature. *Forensic Science International: Genetics*, 68. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2023.102946>
- Gill, P., Brenner, C. H., Buckleton, J. S., Carracedo, A., Krawczak, M., Mayr, W. R., Morling, N., Prinz, M., Schneider, P. M., & Weir, B. S. (2006). DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the interpretation of mixtures. *Forensic Science International*, 160(2–3), 90–101. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.04.009>
- Goecker, Z. C., Salemi, M. R., Karim, N., Phinney, B. S., Rice, R. H., & Parker, G. J. (2020). Optimal processing for proteomic genotyping of single human hairs. *Forensic Science International: Genetics*, 47. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102314>
- Gov.UK. (2024). *Forensic Information Databases annual report 2023 to 2024 (accessible)*. <https://www.gov.uk/government/publications/forensic-information-databases-annual-report-2023-to-2024/forensic-information-databases-annual-r>
- Gutiérrez-Hurtado, I. A., García-Acéves, M. E., Puga-Carrillo, Y., Guardado-Estrada, M., Becerra-Loaiza, D. S., Carrillo-Rodríguez, V. D., Plazola-Zamora, R., Godínez-Rubí, J. M., Rangel-Villalobos, H., & Aguilar-Velázquez, J. A. (2025). Past, Present and Future Perspectives of Forensic Genetics. In *Biomolecules* (Vol. 15, Number 5). Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI). <https://doi.org/10.3390/biom15050713>
- Kayser, M. (2017). Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview. In *Human Genetics* (Vol. 136, Number 5, pp. 621–635). Springer Verlag. <https://doi.org/10.1007/s00439-017-1776-9>
- Larnane, A., Lefèvre-Horgues, C., Cruaud, C., Fund, C., Le Floch, E., Sandron, F., Segurens, B., How-Kit, A., & Deleuze, J. F. (2025). Characterization of challenging forensic DNA traces using advanced molecular technologies. *International Journal of Legal Medicine*, 139(4), 1511–1527. <https://doi.org/10.1007/s00414-025-03448-8>
- Link, V., Zavaleta, Y. J. A., Reyes, R. J., Ding, L., Wang, J., Rohlf, R. V., & Edge, M. D. (2023). Microsatellites used in forensics are in regions enriched for trait-associated variants. *IScience*, 26(10). <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107992>
- Loyola, L. A., Guevara-Ramírez, P., & Valera-Hurtado, E. E. (2026). El microbioma como

- herramienta emergente en la identificación humana: Perspectivas y aplicaciones forenses. *Multidisciplinary Collaborative Journal*, 4(1), 166–187. <https://doi.org/10.70881/mcj/v4/n1/117>
- McDonald, C., Taylor, D., & Linacre, A. (2024). PCR in Forensic Science: A Critical Review. In *Genes* (Vol. 15, Number 4). Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI). <https://doi.org/10.3390/genes15040438>
- Obleščuk, I., Makar, A., & Ledić, A. (2024). *Forensic DNA Database Management*. <https://doi.org/https://doi.org/10.5772/intechopen.114919>
- Pfaffelhuber, P., Sester-Huss, E., Baumdicker, F., Naue, J., Lutz-Bonengel, S., & Staubach, F. (2022). Inference of recent admixture using genotype data. *Forensic Science International: Genetics*, 56. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102593>
- Reyes, A., Durán, C., Rodríguez-Otálora, S., Delgado Pugley, D., Iraola, G., Domínguez-Bello, M. G., Lawley, T. D., & Tsukayama, P. (2025). A Latin American perspective on microbiome research. In *Nature Communications* (Vol. 16, Number 1). Nature Research. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-66756-y>
- Salazar, D., Zapata, J., Murillo, F., & Zhunio, E. (2022). RESOLUCIÓN-No.-SEIIMLCF-CD-2022-001-REGLAMENTO-PARA-LA-CREACIÓN-DE-BASE-DE-DATOS-DE-PERFILES-GENÉTICOS (1). <https://www.cienciasforenses.gob.ec/wp-content/uploads/2023/01/RESOLUCI%C3%93N-No.-SEIIMLCF-CD-2022-001-REGLAMENTO-PARA-LA-CREACI%C3%93N-DE-BASE-DE-DATOS-DE-PERFILES-GEN%C3%89TICOS.pdf>
- Samie, L., Delémont, S., & Castella, V. (2025). Propositions used to assess the value of forensic DNA mixtures in an FSWG-ISFG interlaboratory comparison. *Forensic Science International: Genetics*, 78. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2025.103281>
- Sánchez-Méndez, A. D., Narvaez-Rivera, S. E., Rangel-Villalobos, H., Hernández-Bello, J., López-Quintero, A., Moreno-Ortiz, J. M., Ramos-González, B., & Aguilar-Velázquez, J. A. (2025). Genetic Diversity and Forensic Parameters of 27 Y-STRs in Two Mestizo Populations from Western Mexico. *Genes*, 16(3). <https://doi.org/10.3390/genes16030352>
- Simoës Dutra Correa, H., Cortellini, V., Brescia, G., & Verzeletti, A. (2020). Human identification through DNA analysis of restored postmortem teeth. In *Forensic Science International: Genetics* (Vol. 47). Elsevier Ireland Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102302>
- SNMLCF. (2024). *SNMLCF*. https://www.cienciasforenses.gob.ec/wp-content/uploads/2024/06/Informe-final-de-Rendicio%CC%81n-de-Cuentas-2023-SNMLCF_firmado.pdf?utm_source=chatgpt.com
- Terrado-Ortuño, N., & May, P. (2025). Forensic DNA phenotyping: a review on SNP panels, genotyping techniques, and prediction models. In *Forensic Sciences Research* (Vol. 10, Number 1). Oxford University Press. <https://doi.org/10.1093/fsr/owae013>
- Velasteguí, E., Castillo, M. E., Ortiz, F., Espín, S., Espinel, E., Loyola, L. A., Báez-Cevallos, D., Kyriakidis, N. C., Romero-Alvarez, D., Baroja, I., & Bastidas-Caldes, C. (2025). HLA Class I and II allelic diversity among Ecuadorian transplant candidates: A comprehensive retrospective analysis. *Molecular Immunology*, 182, 76–82.

<https://doi.org/10.1016/j.molimm.2025.03.019>

Zárate, M., Cobos, S., & Ortega, C. (2022). *SERVICIO NACIONAL DE MEDICINA LEGAL Y CIENCIAS FORENSES*.

Zavala, E. I., Rohlfs, R. V., & Moorjani, P. (2025). Benchmarking for genotyping and imputation using degraded DNA for forensic applications across diverse populations. *Forensic Science International: Genetics*, 75. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2024.103177>