



Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), julio-agosto 2026,
Volumen 10, Número 4.

https://doi.org/10.37811/cl_rm.v10i4

TÉCNICAS Y MARCADORES DEL ADN MITOCONDRIAL EN LA IDENTIFICACIÓN FORENSE DE MUESTRAS HUMANAS DEGRADADAS

**MITOCHONDRIAL DNA TECHNIQUES AND MARKERS FOR
THE FORENSIC IDENTIFICATION OF DEGRADED HUMAN
SAMPLES**

Geovanna del Cisne Paladinez Guaicha
Universidad Nacional de Loja, Ecuador

María del Cisne Loján González
Universidad Nacional de Loja, Ecuador

Gladys Margoth Jumbo Chuquimarca
Universidad Nacional de Loja, Ecuador

Técnicas y Marcadores del ADN Mitocondrial en la Identificación Forense de Muestras Humanas Degradadas

Geovanna del Cisne Paladinez Guaicha

geovanna.paladinez@unl.edu.ec

geocisnepaladinez@gmail.com

<https://orcid.org/0009-0004-8461-8461>

Universidad Nacional de Loja, Facultad de la
Salud Humana, Carrera de Laboratorio Clínico
Loja, Ecuador

María del Cisne Loján González¹

maria.c.lojan@unl.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0003-3512-6212>

Universidad Nacional de Loja, Facultad de la
Salud Humana, Carrera de Laboratorio Clínico
Loja, Ecuador

Gladys Margoth Jumbo Chuquimarca

gladys.jumbo@unl.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0002-6570-8574>

Universidad Nacional de Loja, Facultad de la
Salud Humana, Carrera de Laboratorio Clínico
Loja, Ecuador

RESUMEN

En genética forense, el ADN mitocondrial (ADNmt) resulta clave para identificar muestras humanas degradadas, gracias al número tan alto de copias que posee por célula, a su forma circular y a su capacidad para resistir mejor las condiciones ambientales adversas. Esta revisión sistemática buscó identificar las técnicas de mayor utilidad para determinar el grado de degradación del ADNmt, examinar dicha degradación como posible indicador del intervalo postmortem en el ámbito forense, y reconocer los marcadores genéticos del ADNmt con mejor desempeño en muestras forenses deterioradas. Para ello se consultó la base de datos PubMed empleando términos MeSH y operadores booleanos, siguiendo el modelo PRISMA (Page et al., 2021); de un total inicial de 353 registros se seleccionaron 12 artículos publicados entre 2015 y 2025, cuya calidad metodológica fue evaluada con las listas de chequeo del Joanna Briggs Institute (JBI, 2025). Los hallazgos mostraron que la secuenciación masiva paralela, tanto en plataformas Illumina como Ion Torrent, constituyó la técnica de mayor rendimiento para analizar ADNmt degradado, logrando recuperar entre 78 % y 100 % del mitogenoma a partir de amplicones de 35 a 200 pb. Las regiones hipervariables HVI y HVII, junto con SNPs mitocondriales, fueron los marcadores más utilizados y con mejor desempeño. Si bien se observaron patrones de fragmentación progresiva, no fue posible establecer una relación cuantitativa exacta entre el nivel de degradación del ADNmt y el intervalo postmortem. En definitiva, el análisis del ADNmt sigue siendo un pilar esencial de la genética forense para identificar personas cuando el ADN nuclear ya no puede recuperarse.

Palabras clave: técnicas moleculares, regiones hipervariables, identificación humana, degradación, intervalo post mortem

¹ Autor principal

Correspondencia: geovanna.paladinez@unl.edu.ec

Mitochondrial DNA techniques and markers for the forensic identification of degraded human samples

ABSTRACT

In forensic genetics, mitochondrial DNA (mtDNA) is key to identifying degraded human samples, owing to its high copy number per cell, its circular shape and its greater capacity to withstand adverse environmental conditions. This systematic review sought to identify the most useful techniques for determining the degree of mtDNA degradation, to examine such degradation as a possible indicator of the postmortem interval in forensic settings, and to recognize the mtDNA genetic markers with the best performance in deteriorated forensic samples. To this end, the PubMed database was consulted using MeSH terms and Boolean operators, following the PRISMA model (Page et al., 2021); from an initial total of 353 records, 12 articles published between 2015 and 2025 were selected, and their methodological quality was assessed with the Joanna Briggs Institute checklists (JBI, 2025). The findings showed that massively parallel sequencing, on both Illumina and Ion Torrent platforms, was the highest performing technique for analyzing degraded mtDNA, managing to recover between 78 % and 100 % of the mitogenome from amplicons of 35 to 200 bp. The hypervariable regions HVI and HVII, together with mitochondrial SNPs, were the most used markers and had the best performance. Although progressive fragmentation patterns were observed, it was not possible to establish an exact quantitative relationship between the level of mtDNA degradation and the postmortem interval. Ultimately, mtDNA analysis remains an essential pillar of forensic genetics for identifying people when nuclear DNA can no longer be recovered.

Keywords: molecular techniques, hypervariable regions, human identification, degradation, postmortem interval

Artículo recibido 13 mayo 2026

Aceptado para publicación: 20 junio 2026



INTRODUCCIÓN

El ADN mitocondrial (ADNmt) es un genoma circular, bicatenario y de herencia materna, presente en varias copias por mitocondria. Su tamaño reducido y su abundancia favorecen la recuperación en restos óseos, dientes, cabellos sin raíz y otras muestras en las que el ADN nuclear se encuentra escaso o degradado (Court, 2021; Naue et al., 2024). Por ello, su análisis permite comparar una evidencia con muestras de referencia para incluir o excluir un linaje materno, aunque no individualiza a personas que comparten ese linaje (Amorim et al., 2019).

La región de control concentra las zonas hipervariables HVI, HVII y HVIII, de elevada variabilidad interindividual y utilidad forense. También se analizan SNPs mitocondriales y, como marcadores complementarios, STRs e INDELs; los fragmentos cortos ofrecen ventajas cuando el material está deteriorado (Court, 2021; Pedroza Matute & Iyavoo, 2025).

La degradación depende de la temperatura, humedad, luz, actividad microbiana, autólisis y tipo de tejido. A estas variables se suman dificultades analíticas como heteroplasma, contaminación, desaminación y secuencias nucleares mitocondriales, que pueden afectar la PCR, la secuenciación y la interpretación (Thakar et al., 2019; Marshall & Parson, 2021). Persiste, además, la falta de consenso sobre las técnicas y los marcadores más adecuados para valorar ADNmt degradado y su posible relación con el intervalo postmortem (IPM).

En este contexto, la revisión respondió la pregunta: ¿qué técnicas y marcadores genéticos ofrecen mayor utilidad para analizar ADNmt degradado en muestras forenses y en qué medida su deterioro puede contribuir a estimar el IPM? Los objetivos fueron identificar las técnicas de mayor utilidad, examinar la degradación como medida indirecta del tiempo transcurrido desde la muerte y reconocer los marcadores con mejor desempeño en muestras deterioradas. El manuscrito deriva del Trabajo de Integración Curricular de Paladinez Guaicha (2026), depositado en el Repositorio Digital Institucional de la Universidad Nacional de Loja.

METODOLOGÍA

Tipo de estudio y criterios de elegibilidad

Se realizó una revisión sistemática estructurada con PICO. La población comprendió muestras humanas de identificación forense; intervención y comparación no fueron aplicables, y los resultados fueron las

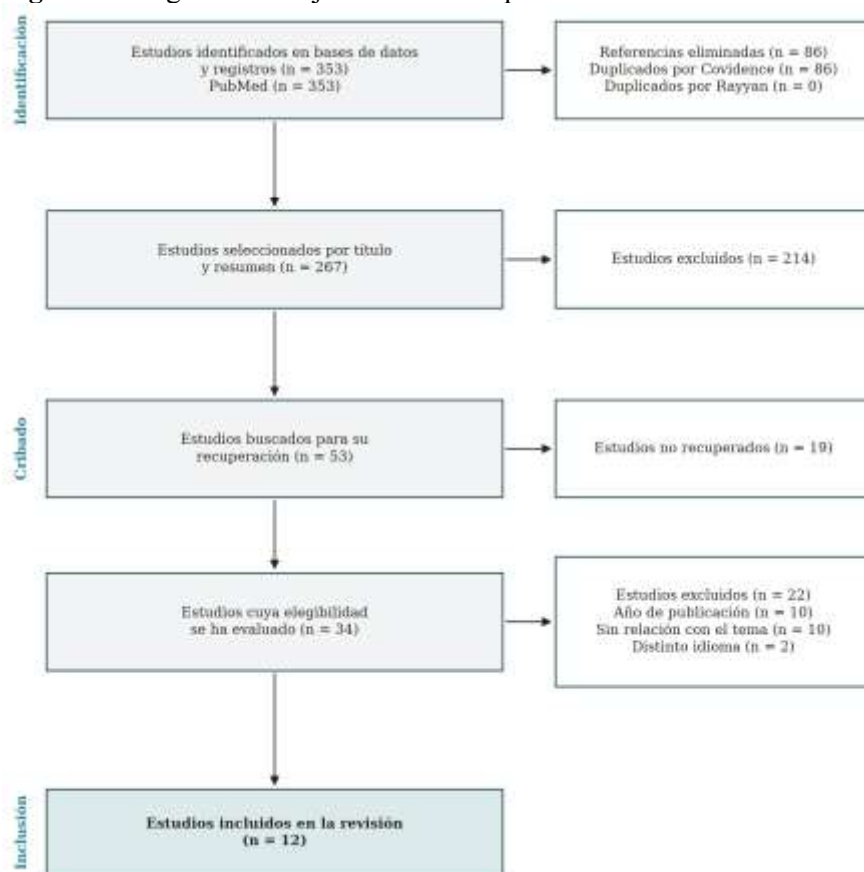


técnicas y marcadores para ADNmt degradado y su posible utilidad en el IPM. Se incluyeron artículos en inglés, de texto completo y acceso libre (2015–2025); se excluyeron literatura gris y estudios no pertinentes.

Fuentes de información y estrategia de búsqueda

La búsqueda se efectuó en PubMed conforme a PRISMA 2020 (Page et al., 2021). Se combinaron con AND y OR los términos MeSH «DNA mitochondrial», «molecular techniques», «DNA damage», «DNA fragmentation», «postmortem changes», «genetic markers», «forensic sciences» y «human identification», agrupados en torno a ADNmt, técnicas, degradación, IPM y marcadores.

Figura 1. Diagrama de flujo PRISMA del proceso de selección de los estudios



Nota: elaboración propia siguiendo la declaración PRISMA 2020 (Page et al., 2021), a partir del proceso de cribado descrito en Paladinez Guaicha (2026).

Proceso de recopilación y extracción de datos

Se extrajeron autoría, año, país, muestra, objetivo, diseño, técnica, marcador y resultados. De los 12 artículos, diez fueron observacionales analíticos, uno fue un reporte de casos y uno una revisión sistemática; las variables centrales fueron degradación, técnicas y marcadores de ADNmt.

Evaluación de la calidad

La calidad metodológica se evaluó con las listas del Joanna Briggs Institute según el diseño (JBI, 2025). Se clasificó el riesgo de sesgo como bajo (>70 % de cumplimiento), moderado (50–69 %) o alto (<50 %): diez estudios mostraron riesgo bajo y dos, moderado. La revisión alcanzó 81,5 % de cumplimiento de los 27 ítems PRISMA, correspondiente a riesgo bajo.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los 12 estudios incluidos permitieron comparar el desempeño de técnicas y marcadores en muestras de distinta naturaleza y grado de conservación. La síntesis se organizó según los tres objetivos de la revisión.

Técnicas con mayor utilidad para la determinación del ADNmt degradado

Ocho estudios evaluaron técnicas para ADNmt degradado (Tabla 1). La secuenciación masiva paralela (MPS), en plataformas Illumina o Ion Torrent, presentó el mejor desempeño: con amplicones de 35 a 200 pb permitió recuperar entre 78 % y 100 % del mitogenoma, incluso en cabellos sin raíz, dientes, tejidos antiguos y restos óseos. La qPCR y la PCR multiplex fueron útiles para cuantificar el ADNmt, valorar su integridad y generar amplicones cortos antes de la secuenciación.

Illumina alcanzó recuperaciones de 98–100 %, e Ion Torrent mantuvo resultados favorables, aunque menores en tejidos muy descompuestos. Las diferencias dependen de la muestra, cantidad inicial y sesgos de amplificación o secuenciación. Oxford Nanopore recuperó el mitogenoma completo desde fragmentos de 5–7 kb, pero requiere ADN relativamente íntegro y no puede extrapolarse a degradación severa (De Bruin et al., 2025).



Tabla 1. Técnicas más útiles en la determinación del ADNmt degradado

Autores y año	Muestra (n)	Técnica	Fragmentos útiles	Recuperación de ADNmt	Rendimiento cuantitativo	Utilidad forense
Canale et al. (2022)	Cabello sin raíz de 1 a 5 mm; 74 muestras de 60 donantes (cabellos de 1 a 27 años)	PCR multiplex; MPS Illumina	161 amplicones que cubren todo el mitogenoma	≥ 98 % del mitogenoma	110 copias de ADNmt resultaron suficientes	Las 74 muestras alcanzaron ≥ 98 % del mitogenoma
Xavier et al. (2021)	Muestras óseas; 48 extracciones de hueso	qPCR; MPS Ion Torrent	35 a 100 pb	100 % de la región control	No se reporta	MPS Ion Torrent fue eficaz en todas las muestras
Senovska et al. (2021)	Dientes; 11 dientes humanos antiguos	qPCR; MPS Illumina	79 a 157 pb	98 %	No se reporta	Secuencias válidas en 9 de 11 muestras
Eduardoff et al. (2017)	Cabello y tejidos sólidos; 17 muestras (2 cabellos y 15 tejidos antiguos)	PCR multiplex; MPS Ion Torrent	50 a 200 pb	88,84 % en cabellos; 78 % en tejidos	No se reporta	Eficacia demostrada en muestras antiguas
Ambers et al. (2016)	Restos óseos; hueso femoral de 140 años de antigüedad	PCR multiplex; MPS Illumina; MPS Ion Torrent	< 200 pb	100 % de las regiones HVI y HVII	Illumina: 0,20 a 1 ng; Ion Torrent: 0,58 a 1 ng	Recuperación completa del ADNmt en restos óseos antiguos
Davis et al. (2015)	18 hisopados bucales, 3 tejidos y 4 muestras de hueso	qPCR; STS; MPS Illumina	< 260 pb	100 % de las regiones HVI y HVII	No se reporta	Recuperación del 100 % de HVI y HVII en todas las muestras
Lee et al. (2025)	Tejido de autopsias; 290 muestras, de ellas 239 descompuestas	qPCR; MPS Ion Torrent	92 a 229 pb	> 90 % de la secuencia completa en 119 muestras	0,15 a 2 ng	Éxito del 49,6 % en muestras descompuestas
De Bruin et al. (2025)	Sangre humana; 6 muestras de donantes de 19 a 53 años	Secuenciación ONT	5 a 7 kb	100 % del mitogenoma	No se reporta	Recuperación completa en ADN no severamente degradado

Nota: MPS: secuenciación masiva paralela; ONT: secuenciación con tecnología Oxford Nanopore; qPCR: PCR cuantitativa en tiempo real; STS: secuenciación tradicional de Sanger. Fuente: elaboración propia a partir de la tabla de características de Paladinez Guaicha (2026).



El tipo de muestra condicionó el rendimiento. Huesos, dientes y cabellos sin raíz protegieron mejor el ADNmt que tejidos blandos con rápida autólisis; en dientes, la dentina radicular favoreció la conservación, y en cabello la queratinización y la corteza permitieron recuperar secuencias incluso después de varios años (Canale et al., 2022; Higgins et al., 2015). En conjunto, MPS precedida de qPCR o PCR multiplex ofrece la estrategia más consistente cuando el ADN está fragmentado.

La degradación del ADNmt como posible indicador del intervalo postmortem

Tres estudios examinaron la degradación como posible indicador del IPM (Tabla 2). Higgins et al. (2015) observaron degradación exponencial y fragmentación progresiva en 150 terceros molares entre 0 y 16 meses. Van den Berge et al. (2016), en 81 muestras exhumadas con IPM de 4 a 42 años, registraron 56 % de degradación moderada, 9 % severa y 22 % muy severa. Tozzo et al. (2021) describieron daño progresivo mediante métodos moleculares y celulares. Ningún estudio estableció un modelo cuantitativo válido para calcular el IPM.

La qPCR reconoce pérdida de integridad y fragmentación, pero tejido, autólisis y ambiente modifican el ADN recuperado. Así, la degradación puede apoyar una estimación cualitativa, pero no sustituye los indicadores físicos, celulares y ambientales del IPM (Zapico & Adserias-Garriga, 2022).

Tabla 2. Grado de degradación del ADNmt como posible estimador del intervalo postmortem en contextos forenses

Autores y año	Muestra	Técnica	Indicador de degradación	Valor o métrica reportada	IPM analizado	Utilidad como estimador del IPM
Higgins et al. (2015)	150 terceros molares	qPCR	Degradación exponencial y fragmentación	No se reportan datos cuantitativos	0, 1, 2, 4, 8 y 16 meses	No se propone un modelo aplicable para estimar el IPM
Van den Berge et al. (2016)	81 muestras exhumadas (pulmón, hígado, corazón, cerebro, músculo y piel)	qPCR	Pérdida de integridad del ADNmt y fragmentación progresiva	Degradación moderada (DI de 2,5 a 20): 56 %; severa (DI > 20): 9 %; muy severa: 22 %	De 4 a 42 años	No se encontró relación directa entre el índice de degradación y el IPM

Tozzo et al. (2021)	Muestras biológicas humanas	RFLP; citometría de flujo; SCGE; RT-qPCR	Daño del ADN y fragmentación	Fragments visibles; células con ADN degradado; variación en la longitud de la cola	No se reporta	Relación cualitativa, no exacta, con el IPM
---------------------	-----------------------------	--	------------------------------	--	---------------	---

Nota: ADNmt: ADN mitocondrial; IPM: intervalo postmortem; qPCR o RT-qPCR: PCR cuantitativa en tiempo real; RFLP: polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción; SCGE: electroforesis en gel de células individuales; DI: índice de degradación. Fuente: elaboración propia a partir de la tabla de características de Paladinez Guaicha (2026).

Marcadores genéticos más apropiados en muestras forenses degradadas

Cuatro estudios evaluaron marcadores en muestras degradadas (Tabla 3). HVI y HVII alcanzaron 100 % de tipificación en hueso femoral antiguo y en otros tejidos; su pequeño tamaño, alta variabilidad y abundancia favorecen la amplificación, aunque su herencia materna limita la individualización y puede producir homoplasias. Los SNPs mitocondriales, también analizables en amplicones menores de 200 pb o en el mitogenoma completo, aportaron capacidad discriminatoria adicional; Ambers et al. (2016) recuperaron 102 de 102 SNPs.

Los STRs mostraron menor desempeño cuando el ADN estaba muy fragmentado porque suelen requerir fragmentos más largos. Los INDELs pueden complementar el análisis por su tamaño reducido, pero su naturaleza bialélica, los errores de alineamiento y la dependencia de la cobertura disminuyen su poder discriminatorio si se emplean de forma aislada (De Bruin et al., 2025; Tozzo et al., 2021). Por tanto, HVI, HVII y SNPs constituyen la combinación más apropiada para muestras degradadas.

Tabla 3. Marcadores genéticos presentes en el ADNmt más adecuados en muestras forenses degradadas

Autores y año	Muestra	Técnica	Marcadores genéticos	Regiones o marcadores analizados	Tamaño de fragmento	Muestras tipificadas
Ambers et al. (2016)	Restos óseos (hueso femoral)	qPCR; MPS Illumina; MPS Ion Torrent	HVI y HVII; SNPs; STRs	2 regiones; 102 de 102 SNPs; 27 de 29 STRs más amelogenina	102 < 200 pb	100 %; 100 %; 93,1 %
Davis et al. (2015)	18 hisopados bucales, 3 tejidos y 4 huesos (fémur)	MPS Illumina	HVI y HVII	2 regiones (4 amplicones)	< 260 pb	100 %
De Bruin et al. (2025)	Sangre humana	Secuenciación ONT	STRs; SNPs; INDELs	59 STRs más amelogenina; 40 SNPs; 46 INDELs	No se reporta	90 a 92 %; 98 %; 60,9 %



Fattorini et al. (2023)	Muestras óseas (rótula y fémur)	PCR-CE; PCR-MPS	HVI y HVII; SNPs; STRs	2 regiones; 80 de 90 SNPs; 10 de 16 STRs	No se reporta	No se reportan datos
-------------------------	---------------------------------	-----------------	------------------------	--	---------------	----------------------

Nota: HVI: región hipervariable I; HVII: región hipervariable II; INDELs: inserciones y deleciones; SNPs: polimorfismos de un solo nucleótido; STRs: repeticiones cortas en tándem; qPCR: PCR cuantitativa en tiempo real; MPS: secuenciación masiva paralela; ONT: secuenciación con tecnología Oxford Nanopore; PCR-CE: PCR con electroforesis capilar. Fuente: elaboración propia a partir de la tabla de características de Paladinez Guaicha (2026).

Síntesis de hallazgos y limitaciones del estudio

En conjunto, el éxito del análisis depende de la interacción entre tipo y calidad de muestra, técnica molecular y marcador. Hueso, diente y cabello sin raíz ofrecen mejores condiciones de conservación; MPS, apoyada por qPCR o PCR multiplex, maximiza la recuperación; y HVI, HVII y SNPs concentran el mejor desempeño. Persisten la falta de estandarización y la imposibilidad de estimar cuantitativamente el IPM a partir de la degradación aislada.

La revisión se limitó a PubMed, artículos de acceso libre y un periodo de búsqueda de diez años, lo que pudo excluir evidencia relevante. La heterogeneidad de muestras, técnicas y métricas impidió una comparación cuantitativa conjunta; por ello, los resultados deben interpretarse como una síntesis cualitativa de la evidencia disponible.

CONCLUSIONES

La MPS en plataformas Illumina e Ion Torrent fue la técnica de mayor utilidad para ADNmt degradado, con recuperaciones de hasta 100 % del mitogenoma a partir de amplicones cortos; la qPCR y la PCR multiplex aportaron cuantificación y evaluación previa de integridad. HVI, HVII y SNPs mitocondriales mostraron el mejor desempeño en muestras antiguas o deterioradas. Aunque la fragmentación aumenta de forma progresiva, su dependencia del tejido y del ambiente impide usarla como estimador cuantitativo del IPM; debe interpretarse cualitativamente y junto con otros indicadores periciales. Se requieren protocolos estandarizados y estudios que integren variables moleculares, biológicas y ambientales.



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ambers, A. D., Churchill, J. D., King, J. L., Stoljarova, M., Gill-King, H., Assidi, M., Abu-Elmagd, M., Buhmeida, A., & Budowle, B. (2016). More comprehensive forensic genetic marker analyses for accurate human remains identification using massively parallel DNA sequencing. *BMC Genomics*, 17(S9), 750. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3087-2>
- Amorim, A., Fernandes, T., & Taveira, N. (2019). Mitochondrial DNA in human identification: A review. *PeerJ*, 7, e7314. <https://doi.org/10.7717/peerj.7314>
- Canale, L. C., McElhoe, J. A., Dimick, G., DeHeer, K. M., Beckert, J., & Holland, M. M. (2022). Routine mitogenome MPS analysis from 1 and 5 mm of rootless human hair. *Genes*, 13(11), 2144. <https://doi.org/10.3390/genes13112144>
- Court, D. S. (2021). Mitochondrial DNA in forensic use. *Emerging Topics in Life Sciences*, 5(3), 415–426. <https://doi.org/10.1042/ETLS20210204>
- Davis, C., Peters, D., Warshauer, D., King, J., & Budowle, B. (2015). Sequencing the hypervariable regions of human mitochondrial DNA using massively parallel sequencing: Enhanced data acquisition for DNA samples encountered in forensic testing. *Legal Medicine*, 17(2), 123–127. <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2014.10.004>
- De Bruin, D. D. S. H., Haagmans, M. A., van der Gaag, K. J., Hoogenboom, J., Weiler, N. E. C., Tesi, N., Salazar, A., Zhang, Y., Holstege, H., Reinders, M., M'charek, A. A., Sijen, T., & Henneman, P. (2025). Exploring nanopore direct sequencing performance of forensic STRs, SNPs, InDels, and DNA methylation markers in a single assay. *Forensic Science International: Genetics*, 74, 103154. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2024.103154>
- Eduardoff, M., Xavier, C., Strobl, C., Casas-Vargas, A., & Parson, W. (2017). Optimized mtDNA control region primer extension capture analysis for forensically relevant samples and highly compromised mtDNA of different age and origin. *Genes*, 8(10), 237. <https://doi.org/10.3390/genes8100237>
- Fattorini, P., Previderè, C., Bonin, S., Sorçaburu Ciglieri, S., Grignani, P., Pitacco, P., Concato, M., Bertoglio, B., & Zupanič Pajnič, I. (2023). The Baron Pasquale Revoltella's will in the forensic genetics era. *Genes*, 14(4), 851. <https://doi.org/10.3390/genes14040851>



Higgins, D., Rohrlach, A. B., Kaidonis, J., Townsend, G., & Austin, J. J. (2015). Differential nuclear and mitochondrial DNA preservation in post-mortem teeth with implications for forensic and ancient DNA studies. *PLOS ONE*, 10(5), e0126935.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0126935>

JBI. (2025). Joanna Briggs Institute critical appraisal tools. <https://jbi.global/>

Lee, S. E., Kim, G. E., Lee, D. Y., Kim, H., & Kim, M.-Y. (2025). Analysis of the sequencing quality of next-generation sequencing for the entire mitochondrial genome in decomposed human samples. *International Journal of Legal Medicine*, 139(2), 551–562.

<https://doi.org/10.1007/s00414-024-03380-3>

Marshall, C., & Parson, W. (2021). Interpreting NUMTs in forensic genetics: Seeing the forest for the trees. *Forensic Science International: Genetics*, 53.

<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102497>

Naue, J., Xavier, C., Hörer, S., Parson, W., & Lutz-Bonengel, S. (2024). Assessment of mitochondrial DNA copy number variation relative to nuclear DNA quantity between different tissues. *Mitochondrion*, 74, 101823.

<https://doi.org/10.1016/j.mito.2023.11.006>

Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>

Paladinez Guaicha, G. del C. (2026). ADN mitocondrial en la identificación forense de muestras humanas degradadas. Una revisión sistemática [Trabajo de Integración Curricular, Universidad Nacional de Loja]. Repositorio Digital Institucional de la Universidad Nacional de Loja.

<https://dspace.unl.edu.ec/server/api/core/bitstreams/631479e2-a14b-4f8b-9fcb-5fdf725705ca/content>

Pedroza Matute, S., & Iyavoo, S. (2025). Implementation of NGS and SNP microarrays in routine forensic practice: Opportunities and barriers. *BMC Genomics*, 26(1), 541.



<https://doi.org/10.1186/s12864-025-11723-6>

Senovska, A., Drozdova, E., Vaculik, O., Pardy, F., Brzobohata, K., Fialova, D., Smerda, J., & Kos, P. (2021). Cost-effective straightforward method for captured whole mitogenome sequencing of ancient DNA. *Forensic Science International*, 319, 110638.

<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110638>

Thakar, M. K., Joshi, B., Shrivastava, P., Raina, A., & Lalwani, S. (2019). An assessment of preserved DNA in decomposed biological materials by using forensic DNA profiling. *Egyptian Journal of Forensic Sciences*, 9, 62. <https://doi.org/10.1186/s41935-019-0151-5>

Tozzo, P., Delicati, A., Frigo, A. C., & Caenazzo, L. (2021). Comparison of the allelic alterations between InDel and STR markers in tumoral tissues used for forensic purposes. *Medicina*, 57(3), 226. <https://doi.org/10.3390/medicina57030226>

Van den Berge, M., Wiskerke, D., Gerretsen, R. R. R., Tabak, J., & Sijen, T. (2016). DNA and RNA profiling of excavated human remains with varying postmortem intervals. *International Journal of Legal Medicine*, 130(6), 1471–1480. <https://doi.org/10.1007/s00414-016-1438-9>

Xavier, C., Eduardoff, M., Bertoglio, B., Amory, C., Berger, C., Casas-Vargas, A., Pallua, J., & Parson, W. (2021). Evaluation of DNA extraction methods developed for forensic and ancient DNA applications using bone samples of different age. *Genes*, 12(2), 146.

<https://doi.org/10.3390/genes12020146>

Zapico, S. C., & Adserias-Garriga, J. (2022). Postmortem interval estimation: New approaches by the analysis of human tissues and microbial communities' changes. *Forensic Sciences*, 2(1), 163–174. <https://doi.org/10.3390/forensicsci2010013>

