

# La bioinformática en las ciencias forenses

Guadalupe María Silva Peña<sup>1\*</sup>, Julio César Cabrera Hernández<sup>2</sup>, Maritere Domínguez Rojas<sup>1</sup>

## Adscripción:

<sup>1</sup> Facultad de Estudios Superiores  
Cuautitlán.

<sup>2</sup> Unidad de Servicios Periciales en Materia  
de Secuestro de la Fiscalía General del  
Estado de Michoacán.

\* mariesilvahp@gmail.com

## Datos del artículo

Cita: Silva Peña Guadalupe María,  
Cabrera Hernández Julio César,  
Domínguez Rojas Maritere. 2022.  
La bioinformática en las ciencias  
forenses. Artículo de difusión/  
divulgación. Revista Digital de  
Ciencia Forense. 1(2): 115-123 pp.

Editor: Vicente Torres Zúñiga.

Recibido: 25 febrero 2022.

Aceptado: 11 mayo 2022.

Publicado: 28 octubre 2022.

## Resumen

La bioinformática es un área emergente e interdisciplinaria que permite aplicar herramientas de la informática al estudio y la gestión de datos biológicos. Se decidió investigar y recopilar información acerca de las herramientas bioinformáticas y bases de datos de DNA forense tanto a nivel mundial como nacional, buscando dar a conocer la mayor información acerca de éstas y la forma en que trabajan, con el objetivo presentar las más favorables. Se realizó una búsqueda en diversos medios, lo que permitió una evaluación crítica y se pudo realizar una síntesis de estudios relevantes sobre el uso de la bioinformática en las ciencias forenses. Además, se identificaron y describieron las herramientas bioinformáticas y las bases de datos forenses principales utilizadas a nivel mundial y nacional. Finalmente, se puede concluir que el uso de las herramientas bioinformáticas dentro de las ciencias forenses es fundamental y se ve determinado por el acceso a las tecnologías de cada laboratorio forense; que, de igual forma se encuentra estrechamente relacionado con el presupuesto y disponibilidad de materiales con los que se cuentan. Además, la existencia de una base de datos forense es primordial para cualquier país, ya que es una herramienta valiosa en la identificación de restos, y en la resolución de crímenes. En México, existen varias bases de datos, pero desafortunadamente ninguna ha sido homologada para su uso a nivel nacional, lo que dificulta mucho el trabajo de identificación y la consecuente administración de la justicia.

**Palabras clave:** bioinformática, bases de datos, forense.

## Abstract

Bioinformatics is an emerging and interdisciplinary area that allows the application of informatics tools to study and manage biological data. It was decided to investigate and collect information about bioinformatics tools and forensic DNA databases, both globally and nationally, seeking to publicize the most information about them and how they work, aiming to present the most favorable ones. A search was carried out in various media, which allowed a critical evaluation and a synthesis of relevant studies on the use of bioinformatics in forensic sciences. In addition, the main bioinformatics tools and forensic databases used globally and nationally were identified and described. Finally, it can be concluded that the use of bioinformatics tools within forensic sciences is essential and is determined by access to the technologies of each forensic laboratory, which is also closely related to the budget and availability of materials with those that are counted. In addition, the existence of a forensic database is essential for any country since it supports the identification of remains and the resolution of crimes. There are several databases in Mexico, but unfortunately, none has been approved for use at the national level, making identification work and the consequent administration of justice very difficult.

**Key words:** bioinformatics, databases, forensic

## Introducción

Es una realidad que muchos de nosotros nos sentimos o nos hemos sentido atraídos e interesados en algún momento por alguna de las cuestiones forenses, principalmente con las que tienen que ver con la resolución de asesinatos o crímenes. Este interés nace principalmente de aquellas series estadounidenses que se dedicaban a reconstruir la escena del crimen, determinar la forma en la que había muerto la víctima y quién había sido el misterioso asesino.

Durante los últimos años, nos hemos percatado del crecimiento y el impacto que ha tenido la informática en nuestras vidas, ya que ello ha sido favorecido por el gran avance que han tenido las tecnologías que las cuales crecen a pasos agigantados. Y tal y como ha pasado en muchas ciencias, la informática también se ha involucrado en las ciencias naturales, dando lugar así a la bioinformática, que es la ciencia que aplica el uso de las herramientas informáticas para el estudio y gestión de los datos de la biología. En este particular caso, se enfocará en el uso de la bioinformática dentro de las ciencias forenses, específicamente en el área de genética forense, que como había mencionado anteriormente, se dedica a la identificación de los “occisos” o cadáveres en calidad de desconocidos. Se hará una breve explicación del proceso que se tiene que seguir para identificar un cuerpo desde el momento que llega al anfiteatro.

La identificación es un proceso bastante cuidadoso y sistemático que comienza con la extracción de una muestra tomando en cuenta muchos aspectos que tienen que ver con el estado en el que se encuentra el cuerpo. Estas muestras se dividen principalmente en cuatro tipos: sangre, músculo, cartílago y hueso. A partir de esta muestra, se podrá llevar a cabo la extracción del material genético (DNA en este caso) tomando en cuenta el tipo de muestra, ya que el procedimiento para la sangre no es igual al de hueso, debido a que son muy diferentes en su composición y textura. Es en esta parte del proceso donde uno se pone la bata y los guantes de científico “forense” y comienza a sentirse como el profesional más importante a cargo de encontrar todas las respuestas.

Una vez que se hizo el tratamiento de la muestra, se procede a la extracción del DNA y es aquí en donde se comienza a aplicar la bioinformática, ya

que son procesos automatizados que requieren el uso de software especializados para poder extraer el DNA de cantidades inmensamente pequeñas, además de cuantificarlo y generar perfiles genéticos a partir de los resultados obtenidos. Como dato interesante, la cantidad de DNA que se necesita es mínima, por lo que el instrumental de laboratorio con el que se trabaja es muy pequeño, detallado y curioso, tanto que me hace recordar los trastes de las cocinitas con los que jugaba cuando era niña, especialmente los que pertenecían a las muñecas Barbie. Regresando al tema, estos perfiles generados son electroferogramas que posteriormente se comparan con los perfiles de presuntos familiares que están en la búsqueda de algún miembro de su familia que se encuentra desaparecido o para confirmar que el cadáver realmente es a quien buscan debido a que ya no es posible hacer un reconocimiento físico.

Para poder generar estos perfiles, es necesario trabajar con diferentes tipos de marcadores polimórficos, que son los que, como su nombre lo dice, “marcan” algunos fragmentos específicos de DNA para posteriormente poder analizarlos y crear el perfil de la persona en cuestión. Existen varios tipos de marcadores, siendo uno de los más importantes los STRs (repeticiones cortas en tándem), SNPs (polimorfismos de un solo nucleótido) y DNAm (DNA mitocondrial).

Los STRs son los marcadores de identificación forense por excelencia y se caracterizan por tener altos valores de contenido de información polimórfica y un alto poder de discriminación. Actualmente se analizan un número elevado de STR, estandarizados y validados, que se encuentran en kits que contienen un número de al menos 16 hasta más de 20 STRs, incluyendo todos los obligatorios en Estados Unidos y Europa. Los STR del cromosoma Y (Y-STR) son útiles para establecer linajes paternos, ya que se espera que los perfiles Y-STR permanezcan iguales a lo largo de un patrilineaje para los Y-STR de mutación lenta. Por lo general, es necesario complementar el análisis de las STRs autosómicas con STR del cromosoma X (X-STR) o Y-STR para lograr una discriminación adicional cuando se utilizan hermanos como muestras de referencia para la identificación del DNA (1).

Los SNPs, por su parte, tienen las ventajas de que su distribución es amplia a través de todo el genoma humano, su frecuencia y su estabilidad. Los SNPs tanto

de cromosomas autosómicos y cromosomas sexuales, como de DNAMt, tienen una enorme importancia en la práctica forense. Son polimorfismos muy sencillos y habitualmente bialélicos, esto es, simples variaciones de un solo nucleótido entre individuos en un punto particular del genoma. Estos polimorfismos son considerados con más futuro, ya que los SNP autosómicos son los más simples pues el pequeño tamaño de su amplicón y la baja tasa de mutación los hacen muy útiles en pruebas forenses, además de que pueden complementar la información proporcionada por los STRs (2). Existen SNPs que se clasifican según su aplicación forense, como lo son los informativos de identidad, de linaje, de fenotipo y de ascendencia, con los que es posible determinar características físicas como el color de ojos (1).

Por su parte, el DNAMt representa menos del 1% del DNA celular total, tiene un número muy reducido de genes y tiene un tamaño muy pequeño, además de que posee un código genético distinto al del genoma nuclear. Además, está presente en un número de copias mucho mayor en la célula humana que el DNA nuclear. Por esta razón, el análisis de DNA mitocondrial puede proporcionar resultados útiles en muestras forenses que no logran producir perfiles de DNA nuclear satisfactorios. La ausencia de recombinación en el genoma mitocondrial, la frecuencia constante de mutación (tiene una tasa de mutación elevada, superior al DNA nuclear) y el hecho de que es heredado exclusivamente por vía materna, permiten estimar el grado de parentesco materno y trazar los linajes maternos a base de comparar las secuencias mitocondriales (3).

Las herramientas bioinformáticas son las que se encargan de analizar estos marcadores y son en su mayoría especializadas, ya que cada una es diferente y se enfocan en uno o máximo 2 tipos de marcadores. También difieren en el sistema de detección con el que cuentan, que puede ser tanto Electroforesis Capilar (CE), como Secuenciación Masiva en Paralelo (MPS).

Algunas de las más importantes son SNaPshot, Mitomaster, MyFLQ, FDStools, SEQMapper, STRait Razor y ToaSTR; las cuales se muestran en la tabla 1 con sus respectivos marcadores.

Tabla 1. Herramientas bioinformáticas y sus respectivos marcadores.

Herramienta bioinformática	Marcadores
SNaPshot	SNP
Mitomaster	DNAMt
MyFLQ	STR
FDStools	STR
SEQMapper	SNP, STR
STRait Razor	STR
ToaSTR	STR

La herramienta SNaPshot es una de las más sencillas y de bajo coste para el análisis de SNPs, ya que el equipo necesario para trabajar se encuentra en todos los laboratorios forenses al ser su sistema de detección la electroforesis capilar, pero también se puede incorporar al MPS. Se aplica comúnmente al análisis forense debido a su sensibilidad y alta capacidad de multiplexación, además de que puede trabajar a baja escala y es muy eficiente. Estos ensayos no son determinantes, pero ayudan a complementar la información obtenida por los perfiles STR (4).

Mitomaster es la herramienta exclusivamente dedicada al análisis del DNAMt, la cual es muy eficiente, precisa y de fácil acceso. Consta de base de datos, análisis e interfaz, pero pueden ser utilizados independientemente unos de los otros conforme sea necesario. Trabaja en conjunto con la base de datos Mitomap. La interfaz facilita la implementación de análisis más especializados y también es distribuible a cualquier persona con un navegador web (5).

Con la herramienta MyFLQ se pueden analizar un conjunto de datos de MPS utilizando una interfaz gráfica de usuario fácil de usar, que requiere un número limitado de parámetros y casi ninguna experiencia en bioinformática. La representación visual interactiva de los resultados muestra información adicional al pasar el cursor por encima de los alelos, lo que permite un análisis en profundidad de las secuencias subyacentes y de las estadísticas relacionadas. Funciona tanto como aplicación web y como aplicación de Illumina; es fácil de usar, abierta y disponible en la web, pero solamente opera en STR forenses (6).

FDStools es la herramienta que utiliza una base de datos de muestras de referencia para determinar la tartamudez y otros artefactos sistémicos de PCR o secuenciación para cada alelo individual. Además,

se crean modelos de tartamudeo para cada elemento repetitivo con el fin de predecir artefactos de tartamudeo para alelos que no están incluidos en el conjunto de referencia. Esta información se utiliza posteriormente para reconocer y compensar el ruido en un perfil de secuencia. El resultado es una mejor representación de la composición real de una muestra, ahorrando mucho tiempo y esfuerzo valioso de los profesionales a cargo (7).

Para ayudar en el análisis tanto de los STRs como de los SNPs, se diseñó el programa SEQ Mapper que busca polimorfismos genéticos dentro de un gran número de lecturas generadas por MPS. Este nuevo programa ha sido diseñado para realizar mapeo de secuencias entre los datos de referencia y las lecturas generadas. Es un programa basado en la web para uso no comercial que detecta y registra los loci polimórficos STR utilizando cuatro diferentes niveles de criterios de búsqueda, generando varios informes de resultados (8).

STRait Razor es una herramienta de software con fines de identificación que está diseñada para detectar los alelos STR relevantes desde el punto de vista forense, basándose en la longitud alélica. Es capaz de analizar loci STR con motivos repetitivos que van desde lo simple a lo complejo sin necesidad de disponer de una gran cantidad de datos de secuencias alélicas. Como resultado, los resultados de la llamada de alelos son consistentes con los de los métodos actuales basados en electroforesis capilar y no se confunde con la variación inesperada de la secuencia dentro de las repeticiones. STRait Razor está diseñado para interpretar tanto los datos de un solo extremo como los de extremos emparejados y se basa en el procesamiento paralelo inteligente para reducir el tiempo de análisis. A los usuarios se les presentan varias opciones de configuración, incluyendo parámetros variables de detección de desajustes, así como la capacidad de permitir fácilmente la detección de alelos en nuevos loci. Es una herramienta abierta al público de uso gratuito y de constante actualización. Trabaja en conjunto con las bases de datos STRBase y YHRD (9).

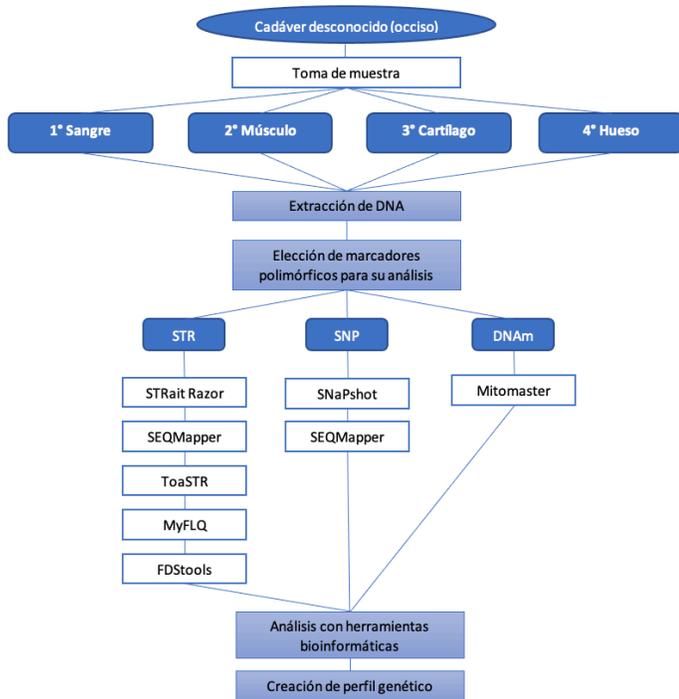
La aplicación web toaSTR fue desarrollada para ayudar a los expertos forenses a trabajar con datos STR de MPS de forma sencilla y eficiente. Cuenta con una intuitiva interfaz gráfica de usuario que guía a través

del flujo de trabajo. Este versátil software maneja datos de varias plataformas MPS populares y soporta tanto kits de PCR múltiplex comerciales como internos. Los usuarios pueden definir umbrales de tartamudez específicos del lugar y crear conjuntos personalizados de marcadores STR para ser analizados. El innovador modelo de tartamudez basado en secuencias de toaSTR predice e identifica las variantes comunes de tartamudez. El algoritmo diferencia automáticamente los alelos biológicos de la tartamudez y otros artefactos para ayudar a la interpretación de muestras mixtas. toaSTR ofrece una visualización de datos completa con diagramas interactivos y una visión general tabular dinámica de las observaciones de secuencias. El software proporciona una interfaz a las herramientas de bioestadística y permite la exportación de resultados en PDF de acuerdo con la notación de secuencia recomendada por la Sociedad Internacional de Genética Forense (ISFG, 10).

En el esquema 1 podemos ver la estructura de manera más sintetizada y gráfica que se sigue para llevar a cabo la identificación de un occiso desconocido, desde la toma de muestra, hasta que se genera el perfil genético después de que los datos fueron analizados por las herramientas bioinformáticas correspondientes.

Siguiendo con el proceso de identificación, los perfiles resultantes de estos análisis se almacenan en bases de datos de carácter forense, las cuales pueden ser sencillas o muy especializadas. Las bases de datos forenses con las que contamos en nuestro país son bastante básicas, ya que principalmente son carpetas electrónicas que se guardan en algún equipo de cómputo. Por otro lado, las bases de datos internacionales son mucho más avanzadas al ser programas o software especializados, ya que además de almacenar los perfiles y algunos datos importantes del difunto y sus familiares, cuentan con herramientas y funciones específicas que pueden determinar ellas mismas si existe alguna relación de familiaridad entre los perfiles de las personas para llevar a cabo una identificación. Algunas de las más conocidas son el CODIS, EMPOP, YHRD, dbSNP, STRbase y Mitomap, las cuales podemos visualizar en la tabla 2, junto con los marcadores con los que trabajan.

**Figura 1.** Proceso de identificación de un cadáver desconocido, desde la toma de muestra hasta la creación del perfil genético



**Tabla 2.** Bases de datos a nivel internacional con sus respectivos marcadores.

Base de datos	Marcadores
CODIS	STR
EMPOP	DNAm
YHRD	Y-STR, Y-SNP
dbSNP	SNP, STR, INDEL
STRbase	STR
Mitomap	DNAm

La base de datos forense que actualmente es considerada como la más grande e importante a nivel mundial, es el CODIS, la cual fue creada en Estados Unidos de América por la Agencia Federal de Investigación (FBI, en inglés), y que su uso se ha extendido alrededor del mundo por su eficiencia, especialización y los altos estándares de seguridad con los que cuenta. Actualmente, ésta misma es tan solicitada que se tiene que pagar una licencia para poder hacer uso de ella, pero los beneficios que su uso otorga son amplios, ya que permite la agilización de muchos procesos, un menor coste económico a futuro y constantes actualizaciones, capacitaciones del personal y mejoras continuas (11).

La base de datos EMPOP es un proyecto cuyo objetivo principal es ofrecer una colección de haplotipos de la región control mitocondrial a la comunidad científica. El proyecto incluye la posibilidad de realizar búsquedas de una secuencia concreta en la base de datos, con el fin de proporcionar las coincidencias entre el haplotipo buscado y los almacenados en la base. Además, presenta las ventajas de que todos sus datos han sido sometidos a exhaustivos controles de calidad y de que es posible realizar búsquedas de haplotipos procedentes de todo el mundo en sólo unos segundos, lo cual facilita la estimación de la frecuencia del haplotipo en estudio. Puede llevar a cabo la estimación del estado de los haplogrupos del haplotipo de DNAm y representación gráfica de los haplogrupos basada en los haplotipos del EMPOP, una base de datos gratuita y de libre uso en línea (12).

La base de datos de referencia de haplotipos del cromosoma Y (YHRD) es una plataforma informática que permite la adquisición, distribución, evaluación e interpretación de conjuntos de datos de DNA forense. Dedicada exclusivamente a los polimorfismos del cromosoma Y (Y-STRs, Y-SNPs). Las experiencias y características de la YHRD pueden servir para ayudar a otros recursos en línea en el campo de la genética forense, que evoluciona rápidamente. Las nuevas tecnologías (por ejemplo, los resultados de la secuenciación masiva en paralelo) y las nuevas herramientas matemáticas pueden integrarse y vincularse a los conjuntos de datos. Dado que los conjuntos de datos crecen y las herramientas evolucionan, estas plataformas deben actualizarse periódicamente. Con la versión actual del YHRD se ha facilitado el proceso de registro, acelerado la asignación de datos y reducido el tiempo de respuesta. Es gratuita y de libre uso online. Cuenta con altos estándares de seguridad y privacidad ya que toda la información es encriptada y de uso anónimo. Permite la adquisición, distribución, evaluación e interpretación de conjuntos de datos de DNA forense (13).

STRBase es un recurso de información para la comunidad de tipificación forense de DNA con detalles sobre los marcadores STRs de DNA de uso común. STRBase consolida y organiza la abundante literatura sobre este tema para facilitar los esfuerzos en curso en la tipificación del DNA. Se describen los alelos

observados y la secuencia anotada de cada locus de STR, junto con una revisión de las tecnologías de análisis de STR y datos de población. Además, se describen los kits de multiplexación STR disponibles en el mercado, se informan las secuencias de cebado y condiciones publicadas de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), y se enumeran los estudios de validación realizados por una serie de laboratorios forenses. Como complemento, se encuentran las direcciones de los científicos y los hipervínculos a organizaciones que trabajan en esta área, junto con la lista completa de referencias de publicaciones sobre STRs utilizados para la tipificación del DNA. Otros hipervínculos conectan con otros sitios de Internet, incluidos enlaces directos con diversas organizaciones, revistas, institutos académicos y forenses, sitios comerciales, laboratorios de genealogía genética, laboratorios de pruebas de parentesco y sitios jurídicos que se ocupan del DNA forense. Periódicamente se añaden nuevos materiales para ampliar la valiosa información contenida en el sitio web de STRBase (14).

Desde su creación, la base de datos dbSNP ha servido como repositorio público central para la variación genética, ya que cuenta con un denso catálogo de SNPs. Una vez que tales variaciones son identificadas y catalogadas en la base de datos, los laboratorios adicionales pueden utilizar la información de la secuencia alrededor del polimorfismo y las condiciones experimentales específicas para futuras aplicaciones de investigación. Al igual que con todos los recursos del NCBI, los datos de dbSNP son públicos, están disponibles gratuitamente y en diversas formas. Los aportes a dbSNP se integrarán con otras fuentes de información del NCBI, como GenBank, PubMed, LocusLink y los datos del Proyecto Genoma Humano. También cuenta con datos de varios tipos de variación de secuencia, como lo son los SNPs, STRs, Indels, entre otros. Cada entrada cuenta con vasta información con respecto al dato en cuestión (15).

La base de datos MITOMAP proporciona información sobre el DNA mitocondrial humano (DNAMt) y ha sido una importante compilación de variaciones del DNAMt para investigadores, clínicos y asesores genéticos. Se pueden buscar loci de genes mitocondriales humanos, buscar secuencias mitocondriales públicas, y explorar o buscar variantes

de nucleótidos de la población general reportadas, así como aquellas reportadas en la enfermedad clínica. Se han incluido datos de secuencias completas de DNA mitocondrial humano en GenBank, que es una base de datos disponible en línea y de libre acceso. Es actualizada constantemente con datos de investigaciones recientes, además de que es posible encontrar información completa acerca el DNAMt y otras bases de datos que lo involucren (16).

Volviendo al tema de las bases de datos forenses que se usan a nivel nacional, podemos destacar que las fiscalías que se dedican a la labor de la identificación de cadáveres desconocidos usan sus propias bases de datos para almacenar los perfiles que generan, los que, como se mencionó anteriormente, consisten en pequeñas carpetas electrónicas que se guardan en algún equipo de cómputo. Existen también algunos institutos o fiscalías que hacen uso de otro tipo de bases de datos de carácter gratuito que ya consisten en programas o softwares más especializados en el almacenaje y análisis de los perfiles genéticos. Algunas de estas bases de datos, que se muestran en la tabla 3, son la AM/PM que pertenece a la Cruz Roja Internacional (17), la CFC, que es una base de datos meramente mexicana pero que pertenece a algunos grupos de familiares que buscan encontrar a sus desaparecidos sin ningún apoyo del gobierno (18); y finalmente la M-Fisys, que es un software muy sencillo que se puede usar sin necesidad de Internet y puede llevar a cabo confrontas entre los perfiles para encontrar similitudes, además de que puede trabajar con los archivos generados por el CODIS (19). También se sabe que hay sólo una institución en México que hace uso de la licencia de CODIS, pero sólo es una a nivel nacional. Cada una de estas bases de datos son completamente funcionales en su propósito y cuentan con sus respectivas ventajas y desventajas, pero, para mi personal punto de vista, el CODIS puede ser la más conveniente por ahora al contar con el respaldo del FBI.

El mayor reto que enfrenta nuestro país con respecto al problema de gente desaparecida es el hecho de que los cadáveres que son encontrados ya sean en lugares aislados, en fosas clandestinas, como parte de algún crimen, o accidente, es que en muchas ocasiones se encuentran muy lejos de su lugar de origen, por lo que su identificación se ve frenada o impedida por el hecho

de que no existe una base de datos homologada a nivel nacional para su uso en todas las fiscalías del país. Otro problema, es el hecho de que el número de muertes en México es muy constante; diariamente se encuentran una gran cantidad de cuerpos. Lo que esto ocasiona es que se sobrepase la capacidad que tienen las fiscalías para resguardar los restos que se encuentran, los cuales, al paso de cierto tiempo de no haber sido identificados, se llevan a una fosa común, perdiendo así, en un gran porcentaje, la posibilidad de ser encontrados por sus familias.

**Tabla 3.** Bases de datos utilizadas a nivel nacional, con los marcadores trabajados, su origen, el costo por su uso y los estados en los que se utiliza.

Base de datos	Marcador	Origen	Costo	Estados donde se usa
Básicas	STR	Mexicana	Gratuita	Algunas fiscalías
CODIS	STR, DNAMt	Extranjera	Licencia	Sólo una institución
Base AM/PM	STR	Extranjera	Gratuita	17 estados
CFC	STR	Mexicana	Gratuita	Algunos estados
M-Fisys	STR, SNP, DNAMt	Extranjera	Gratuita	Algunas fiscalías

Es un hecho que existen una gran cantidad de familias que nunca llegan a encontrar a sus familiares por un sinnúmero de razones, pero lo que se debe de resaltar en este caso, es que las fiscalías pueden apoyar en la labor de identificación de cadáveres con la existencia de una base de datos a nivel nacional, ya que se tendría un control de todo, se ahorraría mucho tiempo, recursos y esfuerzos por parte de todos.

También es una realidad que, en México, al ser un país en vías de desarrollo, el gobierno no vea como prioridad el establecimiento de una base de datos tan especializada, ya que existen otros rubros que necesitan de mayor presupuesto que la labor de identificación de cadáveres desconocidos. Poco a poco, el panorama ha ido mejorando. A finales del año 2019, en la Gaceta Oficial de la Ciudad de México se informó sobre la expedición de la “Ley por la que se crea el Banco de DNA para Uso Forense de la Ciudad de México”, en la cual se pretende guardar la información personal y los perfiles genéticos de individuos que se encuentren relacionados con algún delito, siendo víctima o victimario, pero que haya tenido lugar en la capital del país.

Actualmente no se cuenta con mucha información acerca de este Banco de datos, pero es un proyecto en conjunto de la Fiscalía General de Justicia de la Ciudad de México (FGJCDMX) y autoridades de la República Argentina, quienes pusieron en marcha el software abierto, denominado GENis, que formará parte del primer Banco de Perfiles Genéticos de Uso Forense en el país. Dicho programa, donado por el gobierno argentino, específicamente por la Fundación Sadosky, representa una herramienta muy valiosa para el Banco de Perfiles Genéticos, que fue creado por una iniciativa de la Jefa de Gobierno, Claudia Sheinbaum, tras emitir la Alerta de Género.

La incorporación de este programa, permitirá a la FGJCDMX esclarecer hechos que puedan constituir delitos como homicidios, lesiones, privaciones de la libertad personal con fines sexuales, secuestros, violaciones, privación ilegal de la libertad y feminicidio, al lograr identificar al o a los probables responsables e identificar personas desaparecidas.

Este software GENis es un desarrollo de código abierto y configuración flexible y escalable, que puede ser usado en cualquier país, provincia o ciudad, lo que amplía las oportunidades de cooperación judicial entre distintas jurisdicciones, con el propósito de combatir el fenómeno de la reincidencia criminal (20).

Además, la instalación también contará con los perfiles de los policías y funcionarios públicos que están manejando o están vinculados con casos, temas de seguridad, guardias de seguridad e incluso el jefe de estado. El perfilado se basará en el perfil genético de un individuo, que es un conjunto de fragmentos cortos de ADN ordenados por tamaño. También contiene las características del individuo involucrado. De igual manera, el perfil se convertirá fácilmente en un código numérico simple que también se puede almacenar fácilmente y comparar con otros con gran precisión. También ayudará a determinar el tipo de delito que una persona podría cometer o si la persona fue el perpetrador o no (21).

Mientras todo lo que se ha propuesto se lleva a cabo y se implementa en todo el país, lo que nos queda a nosotros como científicos, es tratar de apoyar en la solución de este problema por medio de la investigación, presentación de propuestas e implementación de algunas medidas, métodos o programas para que el

problema vaya disminuyendo o evitar que crezca. Se ha ido avanzando poco a poco en esto, pero aún falta un largo camino por recorrer.

En los últimos años se han desarrollado varios métodos analíticos para la determinación de NSP en distintas matrices. La mayor parte de los análisis utiliza la cromatografía de líquidos acoplada a espectrometría de masas de alta resolución (HPLC/MS, por sus siglas en inglés) para la identificación de estas sustancias(54). Estos métodos suelen identificar y cuantificar hasta cincuenta NPS usando una detección en target MS/MS (espectrometría de masas en tándem), con límite de cuantificación en el rango de ng/mL. La mayoría de estos métodos son específicos, están validados y aplicados en los laboratorios de toxicología forense y laboratorios de dopaje deportivo.

La variedad y evolución de las NSP han dado lugar a un desafío analítico continuo para la detección, identificación y cuantificación de estas sustancias en fluidos biológicos. Técnicas cromatográficas instrumentales, tales como HPLC/DAD, GC/MS, HPLC/MS, UPLC/MS/MS han proporcionado grandes ventajas, aunque subsiste la poca disponibilidad de estándares y el desconocimiento de los metabolitos que podrían generarse in vivo. Aunado a esto, no existen bases de datos comerciales de estas sustancias, por lo que su identificación requiere de la pericia de los especialistas(55–58).

Existe una necesidad urgente de caracterizar rápidamente tanto la sustancia activa como los agentes de corte dentro de los materiales incautados, para facilitar el trabajo de casos del laboratorio de química forenses, promover acciones oportunas de aplicación de la ley y sobre todo para facilitar el tratamiento oportuno de los consumidores en casos de intoxicaciones. Para abordar esto, el NIST (National Institute of Standards and Technology) ha desarrollado un centro de datos interactivo: NPS Data Hub(59). Este centro de datos facilita el intercambio de fichas espectrales sin procesar y su revisión por pares. Este espacio de trabajo dinámico está destinado a ser utilizado entre los laboratorios forenses internacionales como un sitio de intercambio de información analítica en la web que facilitará decisiones de identificación de NSP de forma rápida.

## Comentarios finales

Las NSP son un grupo de sustancias cuyo mercado, prevalencia y patrones de uso son muy dinámicos; representan un riesgo importante para la salud, especialmente por el poco conocimiento que existe de los efectos que produce su consumo, además de su potencial adictivo. Aunque parece haber indicios de que la situación de las NSP en el plano mundial se está estabilizando, los análisis en determinadas regiones indican que la diversidad de NSP sigue creciendo, y en muchas otras no se tienen suficientes datos, por lo que es fundamental llevar a cabo un análisis regional más detallado para comprender mejor las tendencias. México, aunque reporta como país miembro de la UNODC, no cuenta con un SAT propiamente establecido, lo que podría contribuir a subestimar la presencia de NSP en nuestro país. Recientemente, en el 2019, en el Senado de la República se tuvo un punto de acuerdo en donde el Senado de la República(60) exhorta respetuosamente a la Secretaría de Salud para que en el ámbito de sus atribuciones realice una investigación sobre el auge de la comercialización en México de nuevas sustancias psicoactivas y sus implicaciones para la salud, así como que actualice y publique la lista de sustancias y narcóticos prohibidos.

Para ampliar la información sobre este tema se puede consultar el Conjunto de Herramientas de las Naciones Unidas sobre Drogas Sintéticas (disponible en: <https://syntheticdrugs.unodc.org/syntheticdrugs/es/index.html>), que cuenta con más de 260 recursos y herramientas multidisciplinarias de todo el sistema ONU para responder al surgimiento y proliferación de las drogas sintéticas(61). Esta plataforma está traducida al español y abarca aspectos jurídicos, de asistencia, seguridad postal, ciencias forenses, y sistemas de alerta temprana.

## Bibliografía

1. Watherston J, McNevin D, Gahan M, Bruce D, Ward J. Current and emerging tools for the recovery of genetic information from post mortem samples: New directions for disaster victim identification. *Forensic Sci Int Genet.* 2018; 37:270-282. DOI: 10.1016/j.fsigen.2018.08.016
2. Calabuig G, Villanueva E. *Medicina Legal y Toxicología*. 2ª edición. España. Elsevier. 2018.

3. Parson W, Gusmao L, Hares D, Irwin J, Mayr W, Morling R, Pokorak E, Prinz M, Salas A, Schneider P, Parsons T. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Sci Int Genet.* 2014; 3:134-42. DOI: 10.1016/j.fsigen.2014.07.010
4. Mehta B, Daniel R, Phillips C, McNevin D. Forensically relevant SNaPshot® assays for human DNA SNP analysis: a review. *Int J Legal Med.* 2017; 131(1):21-37. DOI: 10.1007/s00414-016-1490-5
5. Brandon M, Ruiz-Pesini E, Mishmar D, Procaccio V, Lott M, Cuong N, Kevin, Spolim S, Patil U, Baldi P, Wallace D. MITOMASTER – A Bioinformatics Tool For the Analysis of Mitochondrial DNA Sequences. *Hum Mutat.* 2009; 30(1):1-6. DOI: 10.1002/humu.20801
6. Van Neste C, Gansemans Y, De Coninck D, Van Hoofstat D, Van Crieckinge W, Deforce D, Van Nieuwerburgh F. Forensic massively parallel sequencing data analysis tool: Implementation of MyFLQ as a standalone web- and Illumina BaseSpace application. *Forensic Sci Int Genet.* 2015; 15:2-7. DOI: 10.1016/j.fsigen.2014.10.006
7. Hoogenboom J, van der Gaag Kristiaan J, de Leeuw R, Sijen T, de Knijff P, Laros J. FDS Tools: A software package for analysis of massively parallel sequencing data with the ability to recognise and correct STR stutter and other PCR or sequencing noise. *Forensic Sci Int Genet.* 2017; 27:27-40. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.11.007>
8. Chun-I Lee J, Tseng B, Chang L, Linacre A. SEQ Mapper: A DNA sequence searching tool for massively parallel sequencing data. *Forensic Sci Int Genet.* 2017; 26:66-69. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.10.006>
9. Warshauer D, Lin D, Hari K, Jain R, Davis C, LaRue B, King J, Budowle B. STRait Razor: A len-based forensic STR allele-calling tool for use with second generation sequencing data. *Forensic Sci Int Genet.* 2013; 7(4):409-17. DOI: 10.1016/j.fsigen.2013.04.005
10. Ganschow S, Silvery J, Kalinowski J, Tiemann C. toaSTR: A web application for forensic STR genotyping by massively parallel sequencing. *Forensic Sci Int Genet.* 2018; 37:21-28. DOI: 10.1016/j.fsigen.2018.07.006
11. FBI, United States Government. Frequently Asked Questions on CODIS and NDIS. Estados Unidos de América.
12. Parson W, Dur A. EMPOP—A forensic mtDNA database. *Forensic Sci Int Genet.* 2007; 1(2):88-92. DOI: 10.1016/j.fsigen.2007.01.018
13. Willuweit S, Roewer, L. The new Y Chromosome Haplotype Reference Database. *Forensic Sci Int Genet.* 2015; 15:43-8. DOI: 10.1016/j.fsigen.2014.11.024
14. Ruitberg C, Reeder D, Butler J. STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community. *Nucleic Acids Res.* 2001; 29(1):320-2. DOI: 10.1093/nar/29.1.320
15. Bhagwat, M. Searching NCBI's dbSNP Database. *Curr Protoc Bioinformatics.* 2010; Chapter 1:Unit 1.19. DOI: 10.1002/0471250953.bi0119s32
16. Lott M, Leipzig J, Derbeneva O, Xie H, Chalkia D, Sarmady M, Procaccio V, Wallace D. mtDNA Variation and Analysis Using MITOMAP and MITOMASTER. *Curr Protoc Bioinformatics.* 2013; 44(123):1.23.1-26. DOI: 10.1002/0471250953.bi0123s44
17. Comité Internacional de la Cruz Roja. Base de datos ante mortem/post mortem. Suiza. CICR. Julio 2014.
18. Ciencia Forense Ciudadana. Registro Nacional Ciudadano de Personas Desaparecidas (RNCPD). México. CFC.
19. Gene Codes Forensics. The Mass Fatality Identification System (M-FISys). Estados Unidos de América. Gene Codes Corporation.
20. Instituto de Formación Profesional y Estudios Superiores. Presentan sistema para la creación del Banco de Perfiles Genéticos de Uso Forense. México. IFPES.
21. Smith J. Mexico City Opens First DNA Bank to Help Solve Sex-Related Crimes. Estados Unidos de América. Latin Post.