Machine Translated by Google
RCMOS - Revista Científica Multidisciplinaria El Conocimiento.
ISSN: 2675-9128. São Paulo-SP.

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

Comparación entre los métodos de repeticiones cortas en tándem (str) y variantes de un solo nucleótido (snv) en genética forense para la identificación de individuos.
Comparación entre los métodos de repeticiones cortas en tándem (STR) y variantes de un solo nucleótido (SNV) en genética forense para la identificación individual.
Comparación entre los métodos de repeticiones en tándem cortadas (STR) y variantes de un solo nucleótido (SNV) en genética forense para la identificación de individuos.

Isabela Lopes da Silva1
Ligia Canongia de Abreu Cardoso Duarte2

RESUMEN

Introducción: La genética forense desempeña un papel fundamental en la identificación de individuos en investigaciones criminales, utilizando marcadores genéticos con un alto poder discriminatorio.
Este estudio tuvo como objetivo comparar métodos basados en repeticiones cortas en tándem (STR) y variantes de un solo nucleótido (SNV), evaluando su efectividad, aplicabilidad y limitaciones en el contexto de la identificación humana. Métodos: Se trata de una revisión bibliográfica integradora, con búsquedas realizadas entre agosto de 2025 y julio de 2026 en las bases de datos PubMed y Virtual Library.
Se utilizaron descriptores combinados con operadores booleanos, sin restricciones de idioma, considerando artículos publicados entre 2021 y 2026. Tras aplicar los criterios de inclusión y exclusión, se seleccionaron 10 estudios para el análisis.
Resultados: Los resultados mostraron que los STR siguen siendo el método de referencia en genética forense debido a su alto poder discriminatorio y amplia estandarización. En contraste, los SNV demostraron ventajas importantes en el análisis de ADN degradado y en muestras con bajas cantidades de material genético. También se observó que tecnologías como la secuenciación masiva en paralelo aumentan la sensibilidad y la precisión de los análisis. Además, el análisis de las regiones flanqueantes de los SNP mostró potencial para mejorar el poder de discriminación genética.
Los estudios también han indicado que la combinación de STR y SNV mejora significativamente los resultados en diferentes contextos forenses. Consideraciones finales: Se concluye que la integración de STR y SNV representa la estrategia más eficaz para la identificación humana en genética forense.
Descriptores: Genética humana, Genética forense, Marcadores genéticos, Variantes de un solo nucleótido (SNV), Repeticiones cortas en tándem (STR), Análisis de secuencias, ADN.

1. INTRODUCCIÓN

En lo que respecta a la identificación de personas —autores de delitos o víctimas—. —, y

Es fundamental utilizar técnicas eficaces para demostrar la participación de cada individuo en este contexto;

Por lo tanto, la genética ha demostrado ser una ciencia eficaz para corroborar dicha evidencia.

Debido al uso del ADN en casos penales, muchos sospechosos han eludido la detención o han sido condenados.

erróneamente, porque no utilizaron técnicas precisas para resolver los casos y recurrieron a...

Sin embargo, con el paso de los años, ha quedado claro que este tipo de pruebas no son suficientes para obtener testigos o huellas dactilares.

No siempre es fiable. Sin embargo, este panorama ha cambiado con la implementación de técnicas genéticas en...

ciencia forense (Barbosa, 2018).

La genética forense consiste en el uso técnico y científico del conocimiento y los métodos genéticos.

validada como una herramienta para acceder a información derivada de la materialidad, con el potencial de

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

relevancia para la investigación que lo cuestionó. Para ello, la aplicación de marcadores genéticos
Esto aportó mayor precisión a la hora de asociar rastros biológicos con individuos, contribuyendo a
investigaciones criminales y análisis de parentesco e identificación de víctimas en desastres (Dias,
2020).

Actualmente, dos tipos de marcadores genéticos dominan la herramienta forense: el Short
Repeticiones en tándem (STR), ampliamente utilizadas en paneles de identificación humana, y repeticiones simples
Las variantes de nucleótidos (SNV), que han ganado prominencia debido a su abundancia en el genoma y
la posibilidad de análisis en muestras degradadas (Weir, 2015).

Estos microsatélites difieren en sus características. Los STR son altamente polimórficos,
En otras palabras, presentan variabilidad en el número de repeticiones, lo que significa que cada individuo obtiene resultados diferentes.
un perfil único, que proporciona un alto poder discriminatorio y que resulta necesario para la identificación.
de solo unos pocos loci. Los SNV, por otro lado, son más abundantes en el genoma y destacan por presentar...
Tienen una tasa de mutación más baja y, además, permiten la tipificación de fragmentos cortos de ADN, lo cual resulta útil.
en materiales degradados (Pedroza, 2025).

El presente estudio tiene como objetivo comparar métodos basados en marcadores STR.
(Repeticiones cortas en tándem) y SNV (variantes de un solo nucleótido) en cuanto a eficacia, aplicabilidad y
limitaciones en la identificación de individuos en el contexto de la genética forense, considerando los avances
Avances recientes en tecnologías de genotipado y secuenciación. Además, el objetivo es describir...
Fundamentos moleculares de estos marcadores, análisis de sus ventajas y desventajas en diferentes
escenarios, como muestras degradadas, rastros biológicos y pruebas de parentesco, y evaluar la
Potencial de las variantes de nucleótido único (SNV) como herramienta complementaria o alternativa a las secuencias de repeticiones cortas (STR) en el trabajo forense rutinario.

2. METODOLOGÍA

Este estudio consiste en una revisión bibliográfica integradora. La recopilación de referencias
La encuesta se realizó entre agosto de 2025 y julio de 2026, a través de búsquedas estructuradas en
Bases de datos PubMed, Virtual Health Library (VHL), SciELO y Google Scholar, así como
en sitios web oficiales y sociedades científicas. No había restricciones de idioma, siendo
Se seleccionaron los artículos publicados entre 2021 y 2026. Para ello se utilizaron los siguientes criterios.
descriptores, obtenidos de búsquedas en los Descriptores de Ciencias de la Salud (DeCS) y en Medical
Encabezamientos de materia (MeSH): Genética humana, Genética forense, Marcadores genéticos, Nucleótido único
Variantes (SNV), repeticiones cortas en tándem (STR), análisis de secuencia, ADN, combinados
con el conector booleano AND. Ejemplos de combinaciones estructuradas incluyen: Genética humana
Y genética forense, SNV y STR, marcadores genéticos y análisis de secuencias de ADN.

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google
RCMOS - Revista Científica Multidisciplinaria El Conocimiento.
ISSN: 2675-9128. São Paulo-SP.

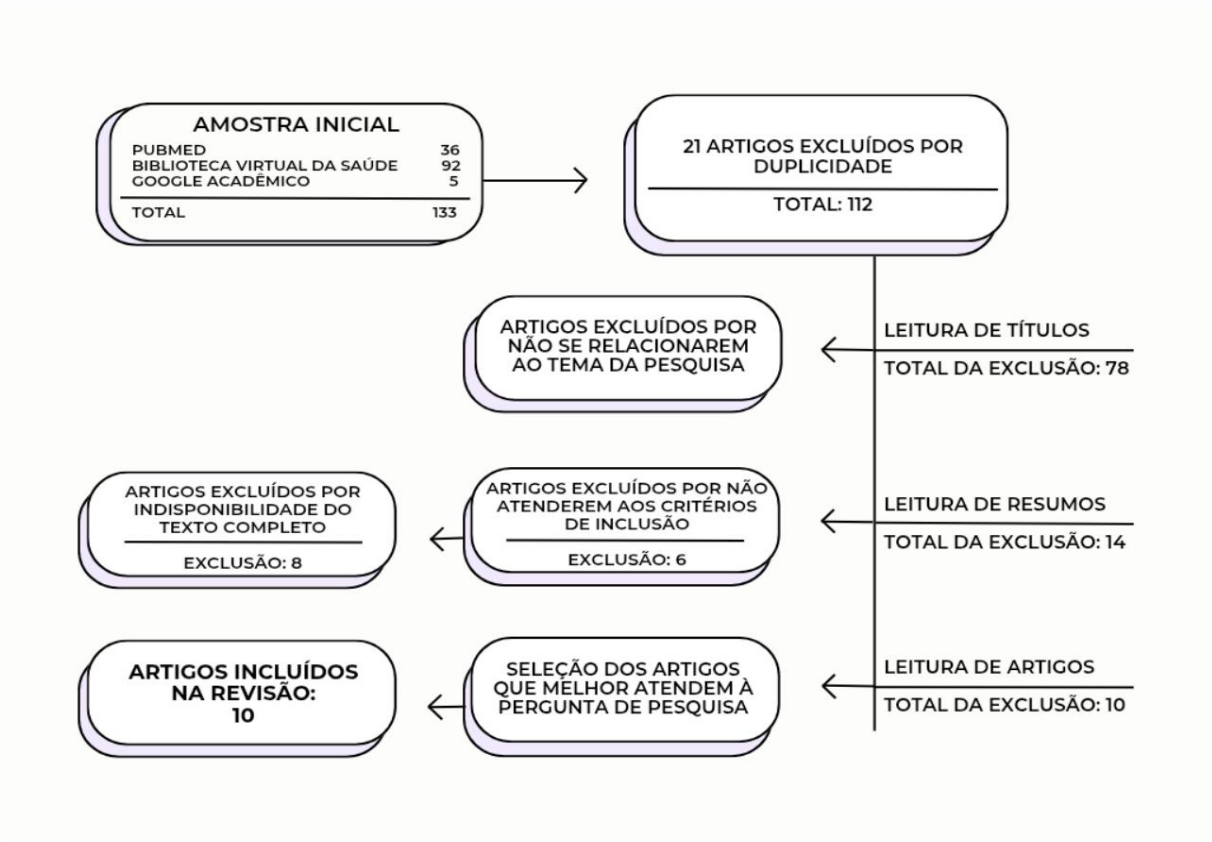
Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

Los criterios de inclusión consideraron artículos disponibles en su totalidad que abordan el uso de marcadores genéticos (SNV y STR) aplicados a la genética forense, con énfasis en estudios de identificación de individuos, en la evaluación de la fiabilidad de los métodos y en análisis comparativos. Como criterios de exclusión, no se consideraron los artículos duplicados, los artículos con acceso restringido o los artículos que... Se ocupan de las aplicaciones de marcadores genéticos dirigidas exclusivamente a áreas específicas de la genética. forenses y que no implican la identificación humana.

3 RESULTADOS

Basándonos en una búsqueda estructurada realizada en las bases de datos PubMed y Virtual Library... Utilizando las bases de datos Health y Google Scholar, se identificaron 133 estudios. De estos, 21 fueron excluidos debido a... Debido a la duplicación, quedaron 112 estudios para el análisis. Tras leer los títulos, se excluyeron 78 artículos. porque no estaban relacionados con el tema propuesto. En la etapa de lectura de resúmenes, se encontraron 14 estudios. Se excluyeron porque no cumplían los criterios de inclusión o porque el texto completo no estaba disponible. Se presentaron un total de 20 artículos para su lectura completa. Tras la lectura completa, se seleccionaron 10 artículos. que mejor respondía a la pregunta de investigación, conformando el corpus final del análisis (Figura 1).

Figura 1. Diagrama de flujo para la selección de artículos, 2026.



Fuente: Obra propia del autor, 2026.

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google
RCMOS - Revista Científica Multidisciplinaria El Conocimiento.
ISSN: 2675-9128. São Paulo-SP.

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

Entre los 10 artículos seleccionados para esta revisión, se examinó la evidencia.
estudios científicos sobre genética forense, estableciendo un estudio sobre el uso de técnicas de
SNP y STR para la identificación de individuos. Los puntos principales investigados involucraron la
Consolidación de los marcadores STR como el estándar de oro en la investigación forense con respecto a
Identificación de individuos: las ventajas de utilizar variantes de un solo nucleótido (SNV) para identificar seres humanos.
cuando la muestra biológica recolectada se encuentra en un estado degradado o tiene una cantidad reducida de
El ADN y la complementariedad entre las técnicas.
Las principales características de los estudios seleccionados, así como sus objetivos y resultados, son:
presentado en la Tabla 1.

Tabla 1. Características de los artículos científicos seleccionados, según título, autores, año de publicación, objetivos y resultados, 2026.

Título	Autores	Año	Objetivo	Resultados
Exploración de STR y SNP del cromosoma Y para obtener información forense y genética en el Población Han de Jiangsu	LI y otros.	2025.	El objetivo es dilucidar la estructura genética paterna de una población determinada, ampliar la base de datos genética y proporcionar datos precisos para el avance de la investigación forense y la genética humana.	Tecnologías como STR y SNP Han aumentado la precisión en la identificación humana, incluyendo en muestras degradado. Además, comenzó a permitir la interferencia de características fenotípicas y ascendencia.
Preparación para la secuenciación de escopeta en genética forense – Evaluación de los métodos de extracción de ADN y construcción de bibliotecas	KAMPMANN y otros.	2025	Evaluar la secuenciación de genoma único (SGS) en genética forense, considerando su rendimiento con ADN extraído mediante cuatro métodos. ampliamente utilizado.	La combinación de métodos de extracción y preparación de bibliotecas influye directamente en la calidad de la secuenciación aleatoria, siendo la asociación entre EZ1 y EZ2, con una biblioteca de doble cadena, la más eficiente, lo que permite la adquisición de muchos marcadores genéticos forenses de alta calidad.

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google
RCMOS - Revista Científica Multidisciplinaria El Conocimiento.
ISSN: 2675-9128. São Paulo-SP.

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

Análisis de humanos ADN degradado en Genética forense	ZUPANIČ PAJNIČ 2025 Soluciones para		Análisis de ADN degradado mediante secuenciación masiva en paralelo. (MPS) y polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) como marcadores potentes, que complementan o reemplazan el análisis STR tradicional en muestras comprometido.	Las técnicas STR, SNP y NGS trabajan conjuntamente para mejorar los resultados, especialmente en muestras de ADN degradado.
Aplicaciones forenses de marcadores genéticos compuestos: tendencias y perspectivas de futuro.	SHABALALA y otros.	2025 Explorar el	desarrollo de marcadores compuestos estándar, sus aplicaciones, ventajas y limitaciones. y analizar el uso de tecnologías de secuenciación de nueva generación para la integración de estos marcadores.	Los marcadores compuestos muestran un mayor potencial para aplicaciones forenses. Esta revisión destaca los tipos de marcadores compuestos y compara su sensibilidad con la de... marcadores genéticos individuales.
Denso nucleótido único Las pruebas de polimorfismo revolucionan el alcance y el grado de certeza en la atribución de fuentes en investigaciones forenses.	MANDAPE y otros.	2024 Describa el	Los marcadores SNP, sus características y los avances tecnológicos que permiten análisis de alto rendimiento y facilitan... métodos alternativos de atribución de origen.	Los SNP funcionan mejor que los métodos tradicionales en situaciones difíciles y amplían las posibilidades. investigación.
Una descripción general de los STR autosómicos y los SNP de identidad en un Población noruega mediante secuenciación masiva en paralelo	AGUDO y otros.	2024 Caracterizar el	Frecuencias alélicas de 27 loci aSTR para evaluar la ventaja discriminatoria de los formatos alternativos basados en secuencias (SB) en comparación con la nomenclatura tradicional basada en la longitud (LB).	Los marcadores STR autosómicos y SNP analizados mediante secuenciación masiva en paralelo muestran una alta variabilidad genética en la población estudiada, lo que les confiere un alto poder discriminatorio para fines de investigación forense.

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google
RCMOS - Revista Científica Multidisciplinaria El Conocimiento.
ISSN: 2675-9128. São Paulo-SP.

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

identidad forense SNP: Caracterización de la variación de la región flanqueante mediante secuenciación masivamente paralela.	DAVENPORT y otros.	2023	Caracterizar las variaciones en las regiones flanqueantes de los SNP informativos de identidad forense utilizando la tecnología de secuenciación masiva en paralelo (MPS).	El análisis de las regiones flanqueantes de los SNP ha aumentado la capacidad de discriminación genética al identificar nuevos alelos, reduciendo la probabilidad de coincidencia. La inclusión de estas variaciones hace que algunos loci SNP sean más informativos que los marcadores STR, preservando amplicones más pequeños para muestras de ADN degradado.
Estudio de concordancia sobre la tipificación de Y-STR entre los Analizador genético SeqStudio™ para HID y el sistema de genómica forense MiSeq™ FGx.	SOLDATI y otros.	2023	Validar el acuerdo entre el Resultados de la genotipificación de Y-STR obtenidos mediante sistemas de electroforesis capilar (CE) y secuenciación masiva en paralelo (MPS).	Se observó una alta concordancia en la designación de alelos, lo que demuestra que la secuenciación masivamente paralela (MPS) produce perfiles fiables; sin embargo, el sistema de electroforesis capilar (CE) demostró un equilibrio alélico superior en comparación con la MPS en loci de múltiples copias.
Avances en la aplicación de sistemas masivamente paralelos Secuenciación Tecnología en STR Marcador genético Detección	TAO y otros.	Revisión de 2022	de las principales tecnologías de secuenciación masivamente paralela (MPS) aplicadas a la detección de STR en genética forense, incluyendo plataformas, herramientas, rendimiento, estudios poblacionales e iniciativas internacionales.	La tecnología MPS aplicada a STR ofrece alta sensibilidad, fiabilidad y compatibilidad con los métodos tradicionales, además de aumentar el poder discriminatorio al identificar más variaciones genéticas. También mejora el análisis de muestras degradadas, aunque todavía se enfrenta a desafíos. desafíos.

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google
RCMOS - Revista Científica Multidisciplinaria El Conocimiento.
ISSN: 2675-9128. São Paulo-SP.

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

Una novedosa estrategia computacional para predecir el valor de la evidencia en mezclas forenses basadas en SNP.	PASCALI	2021	Introducir y validar un nuevo metodología computacional (NITZq) que permite el análisis simultáneo de cientos de SNP y Analiza marcadores STR en una sola reacción y calcula el peso de la evidencia en mezclas complejas de ADN.	El método NITZq ha demostrado ser más fiable que los métodos tradicionales, ya que reduce las inclusiones falsas, respeta los principios forenses y mejora la precisión en la interpretación cuantitativa de las pruebas.

Fuente: Obra propia del autor, 2026.

4. DISCUSIÓN

Los estudios analizados demuestran una evolución significativa en las técnicas de identificación. genética forense, con énfasis en la consolidación de los STR como el estándar de oro y el creciente Valoración de los SNP como herramienta complementaria. En este contexto, Mandape et al. (2024) Demostraron que los SNP funcionan mejor en situaciones complejas, ampliando la poder de investigación en comparación con los métodos tradicionales, mientras que Li et al. (2025) refuerzan La combinación de STR y SNP aumenta la precisión de la identificación, incluso en muestras. degradado.

Corroborando estos hallazgos, Agudo et al. (2024) demostraron que tanto STR como SNP Los datos analizados mediante secuenciación masiva exhiben un alto poder discriminatorio, lo que pone de relieve la La eficiencia de estas tecnologías en la identificación individual. De forma complementaria, Zupanič Pajnič (2025) destaca la integración entre las tecnologías STR, SNP y de secuenciación de próxima generación. (NGS) mejora los resultados, especialmente en muestras degradadas, resaltando la La importancia de un enfoque combinado.

Por otro lado, estudios como el de Soldati et al. (2023) muestran que, aunque el Si bien la secuenciación masivamente paralela (MPS) produce resultados fiables, la electroforesis capilar todavía no lo hace. Presenta ventajas, como un mejor equilibrio alélico en ciertos loci, lo que indica que... Las técnicas tradicionales siguen siendo relevantes. En este sentido, Tao et al. (2022) destacan que el MPS Aumenta la sensibilidad y el poder discriminatorio de los STR, pero aún enfrenta desafíos. especialmente en el análisis de datos.

Además, Davenport et al. (2023) demostraron que el análisis de las regiones flanqueantes Los SNP aumentan significativamente el poder de discriminación genética y, en algunos casos,

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google
RCMOS - Revista Científica Multidisciplinaria El Conocimiento.
ISSN: 2675-9128. São Paulo-SP.

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

para superar el de los STR. Shabalala et al. (2025) señalan que los marcadores compuestos representan un Una tendencia prometedora, con mayor sensibilidad en comparación con los marcadores aislados. Además, Kampmann et al. (2025) demostraron que la calidad de los resultados Depende directamente de los métodos de extracción y preparación de muestras, lo que refuerza la importancia de estandarización metodológica.

Finalmente, Pascali (2021) introdujo un enfoque innovador para el análisis de mezclas de ADN basado en SNP, que demuestra mayor fiabilidad y menos inclusiones falsas en comparación con los métodos tradicionales. En conjunto, los estudios analizados indican que, aunque el Si bien los STR siguen siendo esenciales en la práctica forense, los SNP y las nuevas tecnologías se están expandiendo. amplía significativamente las posibilidades de análisis, sugiriendo un escenario de complementariedad entre los métodos.

CONSIDERACIONES FINALES

Este estudio ha demostrado que los marcadores STR siguen siendo Fundamentales en genética forense debido a su alto poder discriminatorio y amplia validación. científico. Sin embargo, se ha hecho evidente que los SNP están ganando prominencia, especialmente en situaciones que implican ADN degradado o muestras con bajas cantidades de material genético, responder a la pregunta de investigación demostrando que ambos métodos son efectivos, pero aún más. Resulta eficaz cuando se utiliza de forma complementaria.

La relevancia de este estudio para la biomedicina está directamente relacionada con el avance de técnicas de análisis genético, que contribuyen a la mejora de los métodos de identificación. humanos y para fortalecer el papel de los profesionales biomédicos en el campo forense. Para la sociedad, estos Estos avances representan una mayor fiabilidad en las investigaciones criminales, una reducción de los errores judiciales y... Una mayor precisión en la identificación de personas repercute directamente en la promoción de la justicia.

Además, el análisis de los estudios reveló que la incorporación de nuevos Tecnologías como la secuenciación masiva en paralelo amplían significativamente la Se están explorando las posibilidades de la genética forense, aunque persisten desafíos técnicos y analíticos. superado. De esta forma, el problema inicial se resolvió demostrando que no hay sustituto. No se trata de la integración entre STR y SNP, sino más bien de una integración estratégica entre estas metodologías.

Sin embargo, se necesita más investigación sobre este tema para que los nuevos... Se deben explorar perspectivas, especialmente en lo que respecta a la estandarización de técnicas, para análisis de datos complejos y la aplicación práctica de estas tecnologías a gran escala. El avance La continuación de esta investigación será fundamental para consolidar el uso de estas herramientas en la práctica forense rutinaria.

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

REFERENCIAS

AGUDO, Maria Martin et al. Una visión general de los STR autosómicos y los SNP de identidad en una población noruega mediante secuenciación masiva en paralelo. Forensic Science International: Genetics, vol. 71, pág. 103057, 2024.

BARBOSA, RP; ROMANO, LH Historia e importancia de la genética en el campo forense.
Revista Health in Focus, vol. 10, págs. 300-307, 2018.
BATISTA, Ana Carolina Campos et al. Identificación genética: Contribución de los marcadores STR y las bases de datos de perfiles genéticos en las investigaciones forenses. Revista Brasileña de Ciencias Forenses, Derecho Médico y Bioética, vol. 12, n.º 2, págs. 105-124, 2024.
DA SILVA LEITE, Viviane et al. Uso de técnicas de biología molecular en genética forense.
Derecho y Cambio Social, v. 10, núm. 34, pág. 21, 2013.
DAVENPORT, Lucinda, et al. Polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) de identidad forense: Caracterización de la variación de la región flanqueante mediante secuenciación masiva en paralelo. Forensic Science International: Genetics, 2023, vol. 64, pág. 102847.
DECANINE, Daniela. El papel de los marcadores moleculares en la genética forense. Rev. Bras.
Crimen, vol. 5, núm. 2, pág. 18-27, 2016.
DÍAS FILHO, CR; MENEZES, MAMÁ; FRANCEZ, PAC Historia de la Genética
Genética forense. En: DIAS FILHO CR et al. (ed.) Introducción a la genética forense. Campinas: Millennium, 2020.

KAMPMANN, Marie-Louise et al. Preparación para la secuenciación de escopeta en genética forense–
Evaluación de métodos de extracción de ADN y construcción de bibliotecas. Forensic Science International: Genetics, vol. 76, pág. 103234, 2025.
KIM, Jaehee; ROSENBERG, Noah A. Comparación de perfiles STR con datos genómicos fragmentarios de SNP.
European Journal of Human Genetics, vol. 31, n.º 11, págs. 1283–1290, 2023.
LI, Min, et al. Exploración de STR y SNP del cromosoma Y para obtener información forense y genética en la población Han de Jiangsu. BMC Genomics, 2025, vol. 26, n.º 1, pág. 440.
MACHADO, Ana Paula; EHRHARDT, Alexandre. Análisis comparativo entre marcadores microsatélite STR y polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) utilizados en el ámbito forense: una revisión de la literatura. Salud y Desarrollo Humano, vol. 6, n.º 1, págs. 49-56, 2018.
MANDAPE, Sammed N. et al. Las pruebas de polimorfismo de un solo nucleótido de alta densidad revolucionan el alcance y el grado de certeza para la atribución de la fuente en las investigaciones forenses— Revista médica croata, vol. 65, n.º 3, págs. 249–260, 2024.
PASCALI, Vincenzo L. Una nueva estrategia computacional para predecir el valor de la evidencia en mezclas forenses basadas en SNP. PloS One, 2021, vol. 16, no 10, p. e0247344.
PEDROZA MATUTE, Sharlize; IYAVOO, Sasitaran. Implementación de NGS y microarrays de SNP en la práctica forense rutinaria: oportunidades y barreras. BMC Genomics, vol. 26, n.º 1, pág. 541, 2025.

RAMÍREZ, Jorge Ruiz. Desarrollo y validación de conjuntos de SNP a gran escala para fines forenses. 2025. Tesis doctoral. Universidad de Santiago de Compostela.
SHABALALA, Sthabile; ISMAIL, Nuhaa; Ghai, Meenu. Aplicaciones forenses de marcadores genéticos compuestos: tendencias y direcciones futuras. Science & Justice, vol. 65, n.º 5, pág. 101301, 2025.
SILVA, Ricardo Henrique Alves da. Estudio de la frecuencia alélica de cinco loci STR en el cromosoma X en la población del estado de São Paulo y su contribución a la identificación humana. 2007. Tesis doctoral. Universidad de São Paulo.

SOLDATI, Giulia, et al. Estudio de concordancia en la tipificación de Y-STR entre el analizador genético SeqStudio™ para HID y el sistema de genómica forense MiSeq™ FGx. Mol Biol Rep. 2023
SOUSA, Gabriela Schroeder de. Métodos biomoleculares para el análisis de ADN en escenas del crimen. 2023.

TAO, Rui-Yang, et al. Avances en la aplicación de la tecnología de secuenciación masivamente paralela en STR

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.

Machine Translated by Google

Año VII, vol. 1 2026 | Envío: 14/05/2026 | Aceptado: 17/05/2026 | Publicación: 20/05/2026

Detección de marcadores genéticos. Fa yi xue za zhi, 2022, vol. 38, núm. 2, pág. 267-279.
WEIR, Bruce S.; ZHENG, Xiuwen. SNP y SNV en ciencias forenses. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, vol. 5, págs. e267-e268, 2015.
ZUPANIČ PAJNIČ, Irena. Análisis de ADN humano degradado en genética forense. Genes, vol. 16, núm. 11, pág. 1375, 2025.

Este artículo se publica en acceso abierto bajo la licencia Creative Commons Attribution, que permite el uso, la distribución y la reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre que se cite correctamente la obra original.