

UTILIDAD DEL ADN NO HUMANO EN LAS CIENCIAS FORENSES*

AUTORES:

1. Ingrid Lorena Salazar Garcia^{1,2}

Doctora en Patología y Ciencias forenses, Investigadora y Docente Genomic Institute of Huaquio University Xiamen-China

Dirección y cargo: Professor-Researcher of Institute of Genomics School of Biomedical Sciences, HuaQiao University 201 Pan-Chinese S & T Building 668 Jimei Road, Xiamen, China 361021

Correo electrónico: lorenasala@gmail.com

2. Bibiana Matilde Bernal Gómez^{1,2}

Médica Patóloga Doctora en Ciencias biomédicas Grupo de Investigación biomédica y de patología UPTC

Dirección y cargo: Docente de la Escuela de Medicina de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Hospital Antiguo San Rafael.

Correo electrónico: Bibiana.bernal@uptc.edu.co

3. Luis Bernardo Diaz-Gamboa^{1,2}

Doctor en Derecho Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

Dirección y cargo: Decano de la Facultad de Derecho de la Universidad Pedagógica de Colombia

Correo electrónico: luis.diaz@uptc.edu.co/ luisber2004@yahoo.com

4. Daniel Rigoberto Bernal-Gómez^{1,2}

Magister en Derecho, Docente Investigador Escuela de Derecho y Grupos de Investigación Primo Levi y GIBP Universidad Pedagógica de Colombia

Dirección y cargo: Director Centro de Investigaciones y Extensión de la Facultad de Derecho de la Universidad Pedagógica de Colombia

Correo electrónico: danielbernal.abogado@gmail.com

* **1 y 2** Producto en colaboración motivado por la creación de posgrados en ciencias forenses de las Escuelas de Derecho y Medicina de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Boyacá.

RESUMEN

En la escena del crimen, la evidencia traza de origen animal es un hallazgo común que puede ser de interés en la investigación judicial, debido a que su fácil transferencia hacia los actores involucrados permite relacionar sospechosos y/o víctimas con el lugar de los hechos. Igualmente sirve para el descarte de evidencia no humana y en aquellas investigaciones forenses donde se conoce de la presencia de un animal doméstico relacionado con alguno de los protagonistas vinculados al delito. Colombia es uno de los países más avanzados en latinoamérica en el análisis de vestigios biológicos provenientes de seres humanos involucrados en casos judiciales, por lo cual queremos resaltar también, el estudio de los vestigios biológicos de origen no humano con un mismo protocolo de análisis, con el fin de lograr obtener información valiosa para contribuir a la resolución de diferentes casos judiciales. Con este objetivo se ha planteado un proyecto para el registro de datos genéticos forenses de origen no humano, del cual surge la necesidad de realizar una búsqueda informática en las bases de datos existentes sobre este tema a nivel mundial. Para ellos se han seleccionado unas palabras claves de los buscadores digitales más utilizados por la comunidad científica médica. Como resultado se identifican una serie de estudios donde se analizan y resuelven casos judiciales a través del análisis genético de material biológico de origen no-humano. Con esta búsqueda inferimos que a nivel mundial el análisis genético forense de material biológico no humano va adquiriendo una mayor relevancia y confirma la utilidad de diferentes técnicas moleculares aplicadas a casos judiciales.

Palabras claves: ADN mitocondrial (ADNmt), Citocromo *b* (Cytb), ADN no-humano, STR microsátélites, reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

ABSTRACT

At the scene of the crime the trace evidence of animal origin is a common finding that should be of interest in the judicial investigation. Their easy transference to the actors involved allows the fact of relating suspects and/or victims to the place of the crime. It also serves to discard non-human evidence and in those forensic investigations where the presence of a domestic animal related to one of the protagonists of the crime. Colombia is one of the most advanced countries in Latin America in the analysis of biological vestiges from human beings involved in judicial cases. However, the genetic study of the biological vestiges of non-human origin does not follow the same analysis, losing valuable information that can contribute to the resolution of different judicial cases. The main purpose is putting forward a project for the registration of forensic genetic non-human data and the start is supporting the idea with an internet evidence search on databases about the progress of this topic at a global level. It has made a select a set of keywords that will be introduced in the digital search engines most used by scientific community. As a result, we obtain the identification of a series of papers, in which judicial cases are analyzed and solved through the genetic study of biological material of non-human origin. Indicating that the use of different molecular techniques applied to judicial cases involving not only human beings but also animals and other organisms is becoming more relevant.

Keywords: mitochondrial DNA (DNAm), Cytochrome *b* (Cytb), No-human DNA, STR short tandem repeats, Polymerase Chain Reaction (PCR)

INTRODUCCIÓN:

El conflicto bélico en Colombia y los problemas judiciales relacionados con los derechos humanos ha hecho que sea el territorio un país propicio para establecer como prioridad el desarrollo tecnológico en las ciencias forenses (Schwartz-Marín et al. 2015 pág. 4/20). En los delitos contra la vida, la integridad personal y en los crímenes violentos donde la posibilidad de interacción entre los individuos o actores delictivos puede producir transferencia de material biológico, hace posible la aparición de material biológico de otras especies en un escenario del crimen. El principio de transferencia de evidencias hace susceptible a este material como candidato de ser analizado por expertos forenses, y el Ácido Desoxirribonucleico (ADN) no humano puede eventualmente convertirse en una prueba pericial (Linacre and Tobe 2011, pág. 2/13).

La transferencia de vestigios biológicos no sucede exclusivamente entre la víctima y el agresor, sino también entre ellos y el ambiente donde interactúan, y entre ellos y otros individuos y especies que comparten la escena del crimen (Halverson and Basten 2005, pág. 604). Si bien, la situación más común de transferencia que interesa a la investigación judicial es la relacionada con los seres humanos protagonistas del hecho delictivo, es frecuente la detección de materiales biológicos de origen no humano transferido a la víctima o al agresor que pueden constituir evidencia para aclarar lo sucedido (Lyons et al. 2014, pág. 61). Aunque no es muy común utilizar como rastro forense el material nuclear (ADN y ARN) de animales, este aparece en la investigación forense y puede ser parte de la evidencia probatoria en casos de secuestro y homicidio, así como para identificar comportamientos criminales de agresión animal (Verscheure, Backeljau, y Desmyter, pág. 385, 2013).

El ADN de otras especies de mamíferos, reptiles, plantas, virus y bacterias puede potencialmente ser usado en el análisis de dichos escenarios de crimen (Staats et al, págs. 4619, 4620, 4622, 2016) y se fundamenta en el principio de transferencia de Locard. El nuevo código de policía nacional al igual que en otros lugares del mundo presenta a la genética forense como una herramienta útil en el análisis de escenarios de maltrato animal, violencia

doméstica contra animales, contravención o tráfico de especies protegidas, brindando a su vez la posibilidad de la construcción de un archivo genético nacional con estos datos (Código).

La idea de fortalecer el análisis forense es la de cubrir todos los posibles escenarios de los delitos, lo cual puede favorecer la oportunidad de estudiar valiosas evidencias y conocer la especie del animal involucrado o poder identificar a un animal específico, cuya utilidad ha sido de gran valor en muchas investigaciones criminales (Nakaki et al., 2007). Aunque Colombia tiene un método de análisis robusto para vestigios biológicos provenientes de seres humanos, se ha venido implementado el análisis de los vestigios biológicos provenientes de muestras no humanas para que puedan llevar el mismo protocolo forense, con el fin de que esta información valiosa pueda contribuir a la resolución de diferentes casos judiciales. Con el objetivo de plantear un proyecto para el registro de datos genéticos forenses, surge la idea de revisar el tema por medio de búsquedas on-line de la librería nacional de medicina de los Estados Unidos (NLM) con base en los tesauros o términos MeSH coincidentes con el uso de ADN no humano en las ciencias forenses.

METODOLOGÍA

Como metodología, se planteó una búsqueda en la biblioteca pública médica nacional de los Estados Unidos (PubMed) de los tesauros de Medicina, antropología forense y criminología, con los términos: *Forensic Medicine*, *Forensic genetics* que a su vez se pueden combinar con las palabras árbol: *Law enforcement* y sus divisiones, *criminal law*, *forensic medicine* y *police*. Usamos todas ellas junto con el enfoque del material obtenido de plantas, animales, bacteria y virus que podrían ser utilizados como evidencia y encontramos como palabras fundamentales las siguientes: *blood stains*, *DNA fingerprinting*, *Ribotyping*, *DNA contamination*.

Cuando usamos estas palabras obtuvimos resultados variables que nos permitió a su vez contestar las siguientes preguntas:

1. Existe una literatura científica dedicada a este tipo de análisis.

2. Cuáles son las mejores técnicas de análisis del material biológico desde el enfoque de la genética forense, con el objetivo de poder identificar su origen, en este caso particular de tipo no humano.

No obstante, en la búsqueda inicial también usamos otros términos MeSH como: *Non-human DNA analysis* y *forensic science*.

RESULTADOS

En respuesta a la primera pregunta planteada se obtuvo un total de 5083 artículos no específicos para las preguntas de búsqueda planteadas. Filtramos la búsqueda para los últimos 5 años de estudios no clínicos (4080) de tipo ensayo (35 artículos) estudio comparativo (552) y de revisión no muy específica del tema, pero relacionados (141 artículos). Redefiniendo el contexto de uso de evidencia biológica no humana en medicina forense con base en genética forense, se encontraron 47 artículos relacionados con animales, 2 sobre gatos, 8 sobre perros, 1 en plantas, 11 para bacterias y 54 sobre manchas de sangre de animales usados como material para exclusión en un caso forense. El número de artículos donde identifican pelos de animal en casos forenses se encontraron 59 artículos, pero solo algunos tenían relación con análisis genéticos.

En la (tabla 1) se consolida la información, tipo de muestras no humanas como material de origen animal, vegetal, bacteriano o viral, que tipo de muestras han sido usados como evidencia forense y cuales pueden proporcionar información de tipo genético en el escenario forense. Además de las técnicas usadas que tienen mayor utilidad y por ultimo algunos ejemplos de la conducta delictiva investigada.

Tabla 1. Referencias del material biológico no humano para la identificación de especie usado como prueba en un hecho criminal en casos forenses.

Evidencia biológica	Pruebas genéticas	Crímenes *
Pelos de animal	STRs, DNAMt	homicidio, secuestro (Lyons et al. 2014; congiu et al. 2000; Kanthaswamy 2015; Schleimer et al. 2016)
Orina animal	STRs, DNAMt	homicidio, secuestro (Lyons et al. 2014; CONGIU et al. 2000; Kanthaswamy 2015)
Heces de animal	STRs, DNAMt	homicidio, secuestro (Lyons et al. 2014; CONGIU et al. 2000; Kanthaswamy 2015)
Plumas de aves	DNAMt, secuencia COR	Accidentes (caRla J dove, dahlan, and heackeR 2013)
Saliva de animales	Análisis de ADN de doble banda disociado (12S, cytb)	Mordeduras (Schleimer et al. 2016)
Semillas	RAPDS	Secuestro (Iyengar and Hadi 2014; Kanthaswamy 2015; CONGIU et al. 2000; Craft, Owens, and Ashley 2007)
Hojas monocotiledóneas	STRs	
Hojas dicotiledóneas	RAPDS	
Polen	AFLPs	
Hongos (micelios, levaduras)	STRs	Envenenamiento (Harper, Smart, and Michael Davis 2011)
Virus	Identificación de la secuencia genotipo del virus de inmunodeficiencia humana.	Trasmisión de VIH de profesional de la salud al paciente (CHRISTOPHE P GOUJON et al. 2000; Iyengar and Hadi 2014; Kanthaswamy 2015)
Bacterias	STRs	terrorismo Ántrax (Keim et al. 2004; Price et al. 2012)

En respuesta a la segunda pregunta se identifico la siguiente información relevante:

1. Material genético de origen no humano como evidencia forense

El desarrollo de la biología molecular ha hecho posible el análisis del genoma de muchos organismos cuyas técnicas y procedimiento permiten obtener información útil para muchas disciplinas científicas. Particularmente, es posible analizar una misma región del ADN en organismos aparentemente muy diferentes, ya que se trata de genes muy conservados a lo largo del tiempo evolutivo, lo cual permite reconstruir árboles genealógicos que ubican a un individuo en un gran grupo taxonómico como por ejemplo; perros, gatos, etc. Este es el caso de secuencias que se encuentran en el ADN mitocondrial (ADNmt), como el gen citocromo b (Cytb) (Tarditi et al. 2010; Grahn et al. 2011; Verscheure, Backeljau, and Desmyter 2013; Lyons et al. 2014)

El ADNmt se encuentra ubicado en las mitocondrias que son organelos de doble membrana de las células eucariotas encargadas de transformar el ATP (molécula que genera energía) mediante el proceso de fosforilación oxidativa. La membrana externa separa a la mitocondria del citosol y la interna es invaginada para definir la matriz del organelo, en ella se ubicado el genoma mitocondrial (Antunes et al. 2007). Se presume que el posible origen de las mitocondrias se dio mediante una endosimbiosis con una bacteria durante la evolución de los eucariotas. La simbiosis de estas dos células ha generado el intercambio de algunos genes al genoma nuclear de la célula eucariota, dejando así un grupo reducido de genes en el ADNmt (Nedelcu 1998).

Desde hace 20 años aproximadamente, se ha aceptado que el genoma mitocondrial en los mamíferos solo se transmite a través de la línea materna. Las células espermáticas de los mamíferos tienen un menor número de copias del ADNmt comparado con los oocitos femeninos (10^3). En la mayoría de los mamíferos incluyendo los seres humanos las mitocondrias de las células espermáticas son transferidas al oocito durante la fertilización, pero estudios morfológicos realizados en otros mamíferos indican que las mitocondrias de las células espermáticas se pierden en las etapas tempranas de la embriogénesis (Antunes et al. 2007).

La estructura y organización del genoma mitocondrial está altamente conservada en todos los mamíferos, este genoma tiene una forma circular-cerrada con una molécula de doble cadena de ADN de aproximadamente 16.6 kilo bases. La doble cadena de ADN puede ser distinguida por una composición básica de bases nitrogenadas, lo cual permite diferenciar las densidades de las cadenas clasificándolas en cadena pesada y cadena liviana. En las células metabólicamente activas de los vertebrados un gran fragmento del ADNmt contiene una pequeña estructura con tres cadenas la cual se denomina D-loop, quien a su vez tiene una pequeña porción de nucleótidos complementarios con la cadena liviana y con la cadena pesada (Nedelcu 1998; Grahn et al. 2011).

Por otro lado, el genoma nuclear se genera a partir de un alelo materno y un alelo paterno y hay una copia de este en el núcleo de cada célula, en contraste hay cientos o miles de mitocondrias con su ADNmt por cada célula. Por esta razón, cambios como pérdidas y mutaciones del ADNmt afectan algunas partes del genoma y no todos los genomas mitocondriales presentes en la célula, de tal manera que algunas de estas se pueden diferenciar como normales y a otras como mutantes (Nedelcu 1998).

Por otro lado, el citocromo b (Cytb) es un gen extremadamente conservado y a su vez produce unas proteínas igualmente conservadas, las cuales cumplen un rol fundamental en la producción de energía en la mitocondria. En algunos estudios se comparó el nivel de evolución de las proteínas del Cytb a través de la inspección del aminoácido mediante el alineamiento de la secuencia, logrando realizar inferencias filogenéticas de las diferentes especies (Lyons et al. 2014; Grahn et al. 2011; Fridez, Rochat, and Coquoz 2008).

Considerando la convivencia cada vez más frecuente de los humanos con especies domésticas o silvestres encontramos que las mascotas por excelencia son el perro y el gato, los cuales han convivido con el hombre desde hace unos 10000 años (Müller et al. 2008). Convirtiéndose en testigo pasivo de los conflictos humanos, por lo que en muchos casos forenses es posible encontrar muestras transferidas de estos animales (principalmente pelos) a la escena del crimen. **Según las estadísticas que se manejan en los Laboratorios de Biología Forense, cerca de un 10% de los análisis sobre manchas presuntivas de sangre, se excluye el origen humano de estas evidencias ().**

En la mayoría de los casos, no se profundiza en la investigación de estos vestigios lo cual ocasiona la pérdida de información eventualmente valiosa en la resolución del crimen. Lo mismo ocurre con las muestras de pelo que se reciben en los laboratorios forenses. Una muestra importante de pelos analizados no cumple con las características de pelo humano y generalmente son descartados de la investigación. La tecnología actual utilizada en genética hace posible la individualización de muestras animales, vegetales y de microorganismos gracias a que todos los organismos cuentan con un genoma susceptible de cambiar y por lo tanto propenso a generar variantes individuales que en circunstancias particulares se convierten en herramientas forenses de identificación (Fridez, Rochat, and Coquoz 2008; Verscheure, Backeljau, and Desmyter 2013).

2. ADN nuclear

Aunque existen pruebas comercialmente disponibles para el análisis de secuencias del ADN nuclear para la identificación de animales domésticos su uso es limitado ya que la mayoría de la evidencia traza recuperada en una escena, corresponde a pelos en fase telogénica (sin bulbo) u otro tipo de evidencia donde el ADN se encuentra muy escaso o degradado, por lo tanto, no es posible la amplificación del ADN nuclear. En estos casos es cuando el ADNmt, constituye una herramienta alternativa muy valiosa para el análisis de elementos materia de prueba, ya que la muestra puede ser extraída de diversas fuentes tomadas de la escena de un crimen: pelos, sangre, saliva, hueso, etc., los cuales pueden encontrarse en pequeñas cantidades o en avanzado estado de descomposición (Müller et al. 2008; Moon et al. 2016;

Nakaki et al. 2007; Singh et al. 2004). En muchos trabajos forenses y poblacionales la amplificación y secuenciación del ADN mitocondrial son utilizados para la identificación de especies y la determinación de filiaciones matrilineales (Fridez, Rochat, and Coquoz 2008).

Microsatélites (Short Tandem Repeat o STR o Simple Sequence Repeat o SSR)

Los fragmentos repetidos de nucleótidos en inglés *Short Tandem Repeat* (STR) O SSR *Simple Sequence Repeat* son uno de los marcadores genéticos más utilizados a nivel mundial en casos judiciales, se encuentran ubicados en el material nuclear con una unidad de repetición de entre 2 a 50 nucleótidos, su amplificación se da por medio de una reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Actualmente, el uso de estos fragmentos permite la identificación de individuos debido a su gran variabilidad o polimorfismo ya que usualmente están en lugares del ADN que no codifican proteínas y se heredan de manera codominante presentando una amplia cantidad de mutación entre generaciones, lo cual es la base para ser utilizados en las pruebas de paternidad. (Müller et al. 2008; Fridez, Rochat, and Coquoz 2008)

Amplificación aleatoria de ADN polimórfico (Random Amplification of Polymorphic o RAPDS):

Es la amplificación al azar de ADN polimórfico, del inglés *Random Amplification of Polymorphic*, lo cual permite obtener información de genes a través de la amplificación de librerías genómicas usando técnicas con base en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los segmentos amplificados son escogidos al azar a través de pequeños *primers* o secuenciadores que tienen un tamaño que oscila entre 8 a 12 nucleótidos. Al compararlos con una pauta más larga de ADN genómico, se logran perfiles de identificación de materiales biológicos provenientes de animales, bacterias o plantas. Esta técnica permite construir arboles filogenéticos o taxonómicos (Srinivasiah et al. 2013).

Polimorfismos en la longitud de fragmentos amplificados (Amplified fragment length polymorphism o AFLPs):

Son los denominados polimorfismos de longitud de fragmentos amplificados (*Amplified fragment length polymorphism*), que son los marcadores moleculares provenientes de la

amplificación de ADN del genoma. Su análisis se da por medio del uso de enzimas de restricción y PCR (MJ Blears et al. 1998).

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

De acuerdo a esta revisión, existe un campo de exploración muy amplio en la identificación del origen biológico y genético de la evidencia traza presente en una escena del crimen.

El análisis de ADNmt, permite la identificación de una especie involucrada en un crimen y es también útil en el caso de protección y conservación de especies en vía de extinción, permitiendo identificar especies de animales protegidos que son víctimas de contrabando y venta ilegal.

La legislación vigente en Colombia permite penalizar el maltrato y tráfico de animales, y las herramientas presentadas anteriormente ya son aplicadas para combatir estos delitos. Por ejemplo, en Bogotá ya funciona el primer Laboratorio de Identificación Genética Forense de Especies Silvestres, único en Latinoamérica, que combate el tráfico ilegal de fauna y flora. Este laboratorio se encuentra liderado por el Ministerio de Defensa, la Dijín, Interpol y la Universidad Nacional, en este se realizan análisis de especies, verificación y procedencia de los especímenes incautados, lo permite eventualmente que los traficantes ilegales de fauna puedan ser judicializados y procesados.

Adicionalmente, se tiene conocimiento de algunos casos que hay zoocriaderos o empresas dedicadas a la cría y venta de pieles y carne de animales en Colombia y el exterior incluyen dentro de sus productos permitidos especímenes de animales y plantas que están protegidos. Anteriormente en estos caso los biólogos solo podían identificar de manera física si se trataba de una especie en vía de extinción. Pero cuando se tenía el caso de subproductos (pieles, carne o determinadas especies que se exportan, como peces o invertebrados), esto resultaba más complejo. Gracias al avance científico en este tema actualmente el laboratorio analiza las muestras de ADN de los ejemplares incautados para compararlos con la línea genética que sí está autorizada para la venta, cuyos registros fueron realizados por el Ministerio y la Universidad Nacional.

Es importante resaltar que el tráfico de fauna silvestre mundial es un crimen que en Colombia significa el cuarto negocio ilegal que genera mayores ingresos, después del narcotráfico, las armas y la trata de personas (Zarrate-Charry et al. 2009). A pesar de los avances en este tema, es importante tanto para la comunidad académica como para las autoridades competentes dedicar un mayor interés al desarrollo de proyectos de investigación que permitan la identificación de bases de datos genéticas de plantas y animales involucrados en casos judiciales, así como la fortaleza que proyectos de este tipo pueden proporcionar a políticas que involucran la protección, y la conservación de la fauna y flora.

Es por lo anterior, que en el grupo de trabajo se quiere ampliar el universo de estudio en cuanto a técnicas de genética forense e investigación criminal con base en las novedosas herramientas de la biología molecular y aunándonos al esfuerzo de grupos colombianos de trayectoria científica en ciencias forenses (Schwartz-Marín et al. 2015). Además es prioritario fortalecer el estudio de la genética aunándonos al esfuerzo de grupos de trayectoria científica que han permitido identificar la enfermedad [30] y la población así como permitiendo mejorar el recurso humano en ciencias básicas forenses: biología, química, genética y medicina forense, campos con gran repercusión en la actualidad.

AGRADECIMIENTOS:

Este producto es el inicio de una colaboración entre investigadores que está motivada por la creación de posgrados en ciencias forenses de las Escuelas de Derecho y Medicina de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia en Tunja y en el Departamento de Boyacá.

CONFLICTO DE INTERES

Los autores declaran que no tienen ningún conflicto de interés.

REFERENCIAS

- Antunes, A, J Pontius, M J Ramos, S J O'Brien, and W E Johnson. 2007. "Mitochondrial Introgressions Into the Nuclear Genome of the Domestic Cat." *Journal of Heredity* 98 (5): 414–20. doi:10.1093/jhered/esm062.
- caRla J dove, noR FaRidah dahlan, and MaRcy heackeR. 2013. "Forensic Bird-Strike Identification Techniques Used in an Accident Investigation at Wiley Post Airport, Oklahoma, 2008," November, 1–8.
- Christophe p goujon, ve ronique m schneider, jaouad grofti, joe lle montigny, vincent jeantils, pascal astagneau, willy rozenbaum, et al. 2000. "Phylogenetic Analyses Indicate an Atypical Nurse-to-Patient Transmission of Human Immunodeficiency Virus Type 1," February, 1–8.
- Congiu, I, m chicca, r cella, r rossi, and g bernacchia. 2000. "The Use of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers to Identify Strawberry Varieties: a Forensic Application," January, 1–4.
- Craft, Kathleen J, Jeffrey D Owens, and Mary V Ashley. 2007. "Application of Plant DNA Markers in Forensic Botany: Genetic Comparison of Quercus Evidence Leaves to Crime Scene Trees Using Microsatellites." *Forensic Science International* 165 (1): 64–70. doi:10.1016/j.forsciint.2006.03.002.
- Fridez, f, s rochat, and r coquoz. 2008. "Individual Identification of Cats and Dogs Using Mitochondria1 DNA Tandem Repeats?," March, 1–5.
- Grahn, R A, J D Kurushima, N C Billings, J C Grahn, J L Halverson, E Hammer, C K Ho, et al. 2011. "Feline Non-Repetitive Mitochondrial DNA Control Region Database for Forensic Evidence " January, 1–21. doi:10.1016/j.fsigen.2010.01.013.
- Halverson, Joy L, and Christopher Basten. 2005. " Forensic DNA Identification of Animal-Derived Trace Evidence- Tools for Linking Victims and Suspects," May, 1–8.
- Harper, Kathryn A, Christine D Smart, and R Michael Davis. 2011. "Development of a DNA-Based Macroarray for the Detection and Identification of Amanita Species." *Journal of Forensic Sciences* 56 (4): 1003–9. doi:10.1111/j.1556-4029.2011.01739.x.
- Iyengar, A, and S Hadi. 2014. "Use of Non-Human DNA Analysis in Forensic Science: a Mini Review." *Medicine, Science and the Law* 54 (1): 41–50. doi:10.1177/0025802413487522.
- Kanthaswamy, S. 2015. "Review: Domestic Animal Forensic Genetics - Biological Evidence, Genetic Markers, Analytical Approaches and Challenges." *Animal Genetics*

- 46 (5): 473–84. doi:10.1111/age.12335.
- Keim, Paul, Matthew N Van Ert, Talima Pearson, Amy J Vogler, Lynn Y Huynh, and David M Wagner. 2004. “Anthrax Molecular Epidemiology and Forensics: Using the Appropriate Marker for Different Evolutionary Scales.” *Infection, Genetics and Evolution* 4 (3): 205–13. doi:10.1016/j.meegid.2004.02.005.
 - Linacre, Adrian, and Shanan S Tobe. 2011. “An Overview to the Investigative Approach to Species Testing in Wildlife Forensic Science.” *Investigative Genetics* 2 (1). BioMed Central Ltd: 2. doi:10.1186/2041-2223-2-2.
 - Lyons, Leslie A, Robert A Grahn, Teri J Kun, Linda R Netzel, Elizabeth E Wictum, and Joy L Halverson. 2014. “Acceptance of Domestic Cat Mitochondrial DNA in a Criminal Proceeding.” *Forensic Science International: Genetics* 13 (November): 61–67. doi:10.1016/j.fsigen.2014.07.007.
 - MJ Blears, S A De Grandis, H Lee, and J T Trevors. 1998. “Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP): a Review Ofthe Procedure and Its Applications,” November, 1–16.
 - Moon, Seo Hyun, Yoon-Jeong Jang, Myun Soo Han, and Myung-Haing Cho. 2016. “Population Genetic Study of 10 Short Tandem Repeat Loci From 600 Domestic Dogs in Korea.” *Journal of Veterinary Science* 17 (3): 391. doi:10.4142/jvs.2016.17.3.391.
 - Müller, Kathrin, Constantin Brugger, Rachel Klein, Erich Miltner, Frank Reuther, and Peter Wiegand. 2008. “STR Typing of Hairs From Domestic Cats.” *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 1 (1): 607–9. doi:10.1016/j.fsigss.2007.10.156.
 - Nakaki, Shin-ichi, Daiki Hino, Miki Miyoshi, Hideki Nakayama, Hiroyuki Moriyoshi, Toshio Morikawa, and Koji Itohara. 2007. “Study of Animal Species (Human, Dog and Cat) Identification Using a Multiplex Single-Base Primer Extension Reaction in the Cytochrome B Gene.” *Forensic Science International* 173 (2-3): 97–102. doi:10.1016/j.forsciint.2007.02.010.
 - Nedelcu, Aurora M. 1998. “Contrasting Mitochondrial Genome Organizations and Sequence Affiliations Among Green Algae- Potential Factors, Mechanisms, and Evolutionary Scenarios1,” February, 1–13.
 - Price, Erin P, Meagan L Seymour, Derek S Sarovich, Jennie Latham, Spenser R Wolken, Joanne Mason, Gemma Vincent, et al. 2012. “Molecular Epidemiologic Investigation of an Anthrax Outbreak Among Heroin Users, Europe.” *Emerging Infectious Diseases* 18 (8): 1307–13. doi:10.3201/eid1808.111343.
 - Schleimer, Anna, Alain C Frantz, Johannes Lang, Phillipe Reinert, and Mike Heddergott. 2016. “Identifying a Hunter Responsible for Killing a Hunting Dog by Individual-Specific Genetic Profiling of Wild Boar DNA Transferred to the Canine During the Accidental Shooting.” *Forensic Science, Medicine, and Pathology*, September. Springer US, 1–6doi:10.1007/s12024-016-9806-9.
 - Schwartz-Marín, Ernesto, Peter Wade, Arely Cruz-Santiago, and Roosbelinda Cárdenas. 2015. “Colombian Forensic Genetics as a Form of Public Science: the Role of Race, Nation and Common Sense in the Stabilization of DNA Populations.” Edited by Adam Hedgecoe. *Social Studies of Science* 45 (6): 862–85doi:10.1177/030631298028005003.
 - Singh, Anju, Ajay Gaur, K Shailaja, B Satyare Bala, and Lalji Singh. 2004. “A Novel Microsatellite (STR) Marker for Forensic Identification of Big Cats in India.” *Forensic Science International* 141 (2-3): 143–47. doi:10.1016/j.forsciint.2004.01.015.
 - Srinivasiah, S, J Lovett, S Polson, J Bhavsar, D Ghosh, K Roy, J J Fuhrmann, M

- Radosevich, and K E Wommack. 2013. "Direct Assessment of Viral Diversity in Soils by Random PCR Amplification of Polymorphic DNA." *Applied and Environmental Microbiology* 79 (18): 5450–57. doi:10.1128/AEM.00268-13.
- Staats, Martijn, Alfred J Arulandhu, Barbara Gravendeel, Arne Holst-Jensen, Ingrid Scholtens, Tamara Peelen, Theo W Prins, and Esther Kok. 2016. "Advances in DNA Metabarcoding for Food and Wildlife Forensic Species Identification." *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, June. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 1–16. doi:10.1007/s00216-016-9595-8.
 - Tarditi, Christy R, Robert A Grahn, Jeffrey J Evans, Jennifer D Kurushima, and Leslie A Lyons. 2010. "Mitochondrial DNA Sequencing of Cat Hair: an Informative Forensic Tool*." *Journal of Forensic Sciences* 56 (1): S36–S46. doi:10.1111/j.1556-4029.2010.01592.x.
 - Verscheure, Sophie, Thierry Backeljau, and Stijn Desmyter. 2013. "Reviewing Population Studies for Forensic Purposes: Dog Mitochondrial DNA." *ZooKeys* 365 (L): 381–411. doi:10.3897/zookeys.365.5859.
 - Zarrate-Charry, Diego, Laura M Laverde Trujillo, Sergio A Balaguera-Reina, Jose F González-Maya, and Fernando Trujillo. 2009. "Rescate Y Manejo De Fauna Silvestre Ex Situ en Colombia: Estudio De Caso De Un Jaguar (Panthera Onca) en La Orinoquía Colombiana.." *Revista CES / Medicina Veterinaria Y Zootecnia*, August, 1–9.