

# Normas y Directrices del SWFS - Version 3

*Presentado por el Grupo de trabajo técnico del “Society for Wildlife Forensic Sciences” el 11 de septiembre de 2018 y aprobado para su publicación por la junta del “Society for Wildlife Forensic Sciences” el 19 de noviembre de 2018.*

*Cita recomendada: Traducido de la versión en inglés (original) del SWFS Technical Working Group (2018) Standards and Guidelines for Wildlife Forensic Analysis, Version 3. Ed. Lucy M.I. Webster. Published by the Society for Wildlife Forensic Science, 19th November 2018, pp.21. by Ed Espinoza on 22<sup>nd</sup> October 2020.*

## 1.0 Alcance

El presente documento establece normas mínimas y directrices adicionales para analistas forenses de vida silvestre en las disciplinas de ADN (sección 4), morfología (sección 5) y análisis químico de maderas (sección 6). Los temas que cubre son fundamentales para los laboratorios forenses: capacitación, buenas prácticas de laboratorio y manipulación de elementos de prueba. También incluye consideraciones críticas en torno a filogenia, taxonomía y colecciones de referencia, que son específicas de las ciencias forenses en materia de vida silvestre.

## 2.0 Definiciones

*Nota: Estas definiciones se aplican a los estándares y directrices generales. Las definiciones específicas, cuando sea pertinente, se ubicarán en esas secciones respectivas.*

- Analista: una persona que realiza y / o dirige el análisis de muestras de trabajos de casos forenses, interpreta datos, llega a conclusiones y / o emite informes sobre conclusiones.
- Cadena de custodia - La documentación cronológica o rastro en papel, que muestra la incautación, custodia, control, transferencia, análisis y disposición de evidencia.
- Colección curada: conjunto de materiales de referencia adquiridos y mantenidos con datos asociados de acuerdo con estándares explícitos de control de calidad.
- Competencia - La demostración de habilidades técnicas y conocimientos necesarios para realizar ciertas tareas.
- Conocido - En el contexto de la evidencia, el material por el cual el personaje bajo investigación (por ejemplo, identidad individual, fuente geográfica) es incuestionable. Esto sirve como base para la comparación con el material cuestionado a los efectos de la comparación individual.
- Directrices: sugerencias para optimizar la exactitud y precisión de los métodos. Estas directrices no son obligatorias, pero representan el “mejor escenario posible” para los analistas y laboratorios con los medios para lograrlas. Sin embargo, es posible que los laboratorios que se encuentran con el trabajo de casos forenses ocasionalmente no puedan implementar todas las pautas. Sin embargo, los laboratorios forenses dedicados a la vida silvestre deben considerar la implementación. Las directrices tienen una

tolerancia más amplia en los parámetros operativos dentro de los cuales se asegura la exactitud y precisión de los análisis.

- *Estándares* - Prácticas mínimas obligatorias necesarias para asegurar que los analistas produzcan hallazgos analíticos correctos y precisos, y transmitan estos hallazgos de manera imparcial y objetiva. Algunas normas van acompañadas de métodos para evaluar la precisión y la objetividad, por ejemplo, el seguimiento del rendimiento de reactivos y equipos, o mediante la revisión técnica de informes y productos analíticos. Los estándares no son negociables y todos los analistas deben cumplirlos, ya sea en un laboratorio de investigación o en una instalación forense especializada. Los estándares y pautas pueden modificarse en respuesta a nueva información, innovaciones y perspectivas.
- *Exactitud*: la capacidad de obtener un resultado correcto, por ejemplo, el grado de conformidad de una cantidad medida con su valor real (verdadero).
- *Identificación* - Análisis para establecer la clasificación taxonómica de la muestra. Estos análisis se basan en el diagnóstico de caracteres de clase para el nivel taxonómico en cuestión.
- *Individualización*: análisis que intentan hacer coincidir un cuestionado con una muestra conocida excluyendo todos los demás.
- *Laboratorio*: entidad que proporciona el análisis, incluido el personal y la instalación física.
- *Material de referencia*: especímenes biológicos de identidad conocida o datos derivados de ellos o de fuentes publicadas. Los especímenes son un subconjunto de material de referencia que es de identidad conocida, establecido con datos relevantes como el origen geográfico, la etapa de la historia de vida y el sexo.
- *Plan analítico* - Un plan para los métodos analíticos que se aplicarán en un caso, dependiendo de la cuestión forense, las tecnologías disponibles, la preservación de la evidencia y el valor de los resultados analíticos. Normalmente documentado como POE específicos de laboratorio (ver más abajo). Todos los planes analíticos no estándar (por ejemplo, para el trabajo con nuevos tipos de evidencia) deben documentarse en el archivo de los casos.
- *Precisión*: el grado de acuerdo mutuo entre una serie de mediciones, valores y / o resultados individuales.
- *Procedimiento operativo estándar (POE)*: documentación escrita que mantiene el laboratorio, incluidas las políticas de laboratorio, los procedimientos y protocolos técnicos o los métodos analíticos para procedimientos forenses específicos. Los POE son documentos controlados con mecanismos para asegurar que el contenido esté actualizado y autorizado, que las versiones anteriores o no válidas y desactualizadas se archiven como referencia y que los SOP se implementen en el laboratorio.
- *Revisión administrativa*: una evaluación del informe y la documentación de respaldo para verificar la coherencia con las políticas del laboratorio y corrección editorial.
- *Revisión técnica*: una evaluación de informes por una tercera persona de las notas de casos, datos y otros documentos para garantizar que exista una base adecuada y suficiente para las conclusiones científicas.

- Validación - El proceso de realizar un conjunto de experimentos que establece la confiabilidad de una técnica o procedimiento o modificación del mismo. La validación del método demuestra que un método analítico es aceptable para su propósito previsto.

## 3.0 Normas y directrices generales

### 3.1 Formación y personal

3.1.1 *Estándar*: Cada laboratorio debe tener un Procedimiento Operativo *Estándar* (POE) para la capacitación de trabajadores tanto experimentados como inexpertos, incorporando los estándares descritos a continuación.

3.1.2 *Estándar*: Cada laboratorio que realice análisis forenses de vida silvestre debe tener un código ético que todo el personal debe cumplir. Esto debe incluir una declaración explícita de que todo el personal del laboratorio debe realizar su trabajo de manera profesional, confidencial e imparcial.

3.1.3 *Directriz*: Todos los analistas y supervisores deben tener un programa de capacitación documentado.

3.1.4 *Estándar*: antes de asumir funciones independientes, todos los miembros del laboratorio que manipulen la evidencia deberán tener una formación que incluya:

3.1.4.1 salud y seguridad en torno a las muestras biológicas

3.1.4.2 cadena de custodia

3.1.4.3 transferencia, almacenamiento y procesamiento seguros de pruebas

3.1.5 *Estándar*: Antes de emprender un trabajo de caso independiente en un método dado, cada analista deberá demostrar competencia en ese método, verificado mediante pruebas ciegas.

3.1.6 *Directriz*: Antes de emprender un trabajo de casos independiente, la capacitación de los analistas debe incluir:

3.1.6.1 sesgo cognitivo

3.1.6.2 formación en leyes relevantes

3.1.6.3 testimonio de testigos expertos

### 3.2 Manejo de evidencia

3.2.1 *Estándar*: Los laboratorios deberán contar con procedimientos operativos estándar (POE) para asegurar la integridad de la evidencia durante el almacenamiento, procesamiento, examen y, en todo momento, abordar:

3.2.1.1 recepción de pruebas

- 3.2.1.2 criterios de aceptación
  - 3.2.1.3 seguimiento
  - 3.2.1.4 almacenamiento
  - 3.2.1.5 transferencia
  - 3.2.1.6 disposición posterior al análisis
  - 3.2.1.7 prevención de la pérdida de pruebas
  - 3.2.1.8 prevención de la contaminación
  - 3.2.1.9 prevención de manipulación
  - 3.2.2 *Estándar:* Las pruebas y los datos derivados deben almacenarse y analizarse de manera controlada y segura en todo momento.
    - 3.2.2.1 La evidencia física debe mantenerse en un lugar bajo llave.
    - 3.2.2.2 Los datos digitales se almacenarán en un lugar seguro y restringido.
- Nota: *El acceso controlado incluye almacenamiento de pruebas bloqueado, restricciones a los espacios analíticos forenses y protección de datos digitales. El acceso a las pruebas por parte de personal no forense debe realizarse con escolta o bajo supervisión en todo momento.*
- 3.2.3 *Estándar:* Se mantendrá una cadena de custodia.
  - 3.2.4 *Estándar:* Toda la evidencia deberá estar marcada con un identificador único y la firma o iniciales de todos los que manejen la evidencia.
  - 3.2.5 *Estándar:* Una parte de cada muestra de evidencia debe retenerse, siempre que sea posible, para permitir un posible análisis independiente en el futuro.
  - 3.2.6 *Estándar:* Las pruebas sujetas a alteraciones físicas en total o en parte para ayudar en la identificación (por ejemplo, partes extraídas para análisis moleculares, esqueletizadas) deben fotografiarse antes de la alteración.
  - 3.2.7 *Estándar:* Cuando se altere físicamente la evidencia con el propósito de un análisis, se debe prestar una cuidadosa consideración a los efectos que la alteración (es) puede tener sobre posibles análisis posteriores.
  - 3.2.8 *Directriz:* Si es necesaria una alteración que afecte el análisis posterior, se debe consultar a la parte pertinente.
  - 3.2.9 *Estándar:* Se deben utilizar alícuotas / lotes separados de reactivos para la investigación y el trabajo de casos.
  - 3.2.10 *Estándar:* Las muestras de investigación y trabajo de casos deben estar separadas física o temporalmente cuando se procesan en el mismo instrumento.

### 3.3 Equipos y métodos

3.3.1 *Estándar*: Se debe verificar el desempeño de los instrumentos antes de su uso para analizar muestras de casos. Esto se puede lograr analizando muestras representativas (muestras tipo caso, controles positivos) y evaluando si se logran los resultados esperados. Estas comprobaciones de funcionamiento se realizarán:

3.3.1.1 cuando se pone en servicio un nuevo instrumento

3.3.1.2 a partir de entonces de forma regular (al menos con la frecuencia indicada por el fabricante del instrumento)

3.3.1.3 después de que se haya prestado un instrumento

3.3.2 *Estándar*: Los laboratorios deben tener un Procedimiento operativo estándar (POE) para todos los métodos analíticos, incluida la validación de nuevos métodos de análisis de datos y de laboratorio.

3.3.3 *Estándar*: Los métodos analíticos utilizados en el trabajo de casos deben validarse antes de su uso.

3.3.4 *Estándar*: El uso de un método analítico derivado de procedimientos validados en otro laboratorio o de un método publicado en la literatura revisada por pares debe someterse a una validación interna. La validación debe ser lo suficientemente rigurosa y detallada para confirmar que los resultados esperados del análisis se pueden lograr en el laboratorio de pruebas antes de que el método se utilice en el trabajo de casos.

3.3.5 *Directriz*: Los siguientes criterios de validación deben abordarse si es apropiado:

3.3.5.1 Revisión de la literatura del tema relevante. Debe estar disponible una lista de referencias relevantes.

3.3.5.2 Exactitud del análisis. La exactitud se puede determinar analizando una muestra de control rastreable.

3.3.5.3 Precisión del análisis: la precisión se puede determinar mediante pruebas repetidas de muestras conocidas.

3.3.5.4 Especificidad del análisis: la especificidad puede evaluarse mediante el análisis de individuos de especies o poblaciones relacionadas pero no objetivo, especies probablemente contaminantes o especies sustitutas. También se pueden probar fuentes alternativas (tipos de tejidos o sustratos).

3.3.5.5 Deben identificarse y evaluarse las limitaciones para la interpretación precisa (por ejemplo, contaminantes en mezclas de sangre, sustrato, contaminación por hongos o patógenos, etc.).

3.3.6 *Directriz*: Es importante que el plan para el análisis de laboratorio sea claro, y cuando esto no esté documentado en los POE (por ejemplo, para nuevos tipos de muestras o preguntas), se debe formular un plan analítico separado para incluirlo en las notas de caso, con cualquier desviación de este plan esté completamente documentada.

### 3.4 Materiales de referencia y colecciones

3.4.1 *Estándar*: Los laboratorios que realizan análisis forenses de vida silvestre deberán mantener o tener acceso a materiales de referencia en colecciones seleccionadas.

- 3.4.2 *Estándar*: Los laboratorios deberán tener un POE que cubra la curación y preservación de cada tipo de material biológico de referencia utilizado para la identificación taxonómica. Los temas a cubrir incluyen:
- 3.4.2.1 Procedimientos de documentación y conservación
  - 3.4.2.2 Protección de materiales contra la degradación
  - 3.4.2.3 Lista de autoridades taxonómicas utilizadas actualmente
- 3.4.3 *Estándar*: Las muestras y las bases de datos utilizadas en el trabajo de casos deben identificarse y documentarse de manera única en el archivo del caso.
- 3.4.4 *Estándar*: La identidad del material biológico de referencia debe verificarse antes de su uso en el trabajo de casos. La validación de los especímenes morfológicos se hace con referencia a los especímenes verificados disponibles, a los especímenes en una colección de historia natural más grande (por ejemplo, los principales museos), o a la literatura profesional (por ejemplo, monografías taxonómicas, claves de identificación o guías de campo).
- 3.4.5 *Estándar*: La identidad taxonómica del material de referencia o las secuencias de ADN utilizadas para la comparación con elementos de evidencia, así como los datos asociados sobre el origen y la fuente geográficos, deben documentarse en un catálogo o base de datos de laboratorio.
- 3.4.6 *Estándar*: Los informes de identificación taxonómica deben incluir nombres científicos actualmente aceptados.
- 3.4.7 *Estándar*: Se utilizarán fuentes autorizadas (literatura publicada o bases de datos) para determinar si una clasificación taxonómica es científicamente aceptada.
- 3.4.8 *Directriz*: Los analistas de laboratorio deben estar preparados para citar las autoridades taxonómicas utilizadas para todas las clasificaciones en sus informes.
- 3.4.9 *Directriz*: Cada analista debe estar preparado para abordar sinonimias y otros posibles problemas taxonómicos.
- 3.4.10 *Directriz*: La determinación de subespecies de taxones silvestres solo debe intentarse con datos precisos sobre el origen geográfico y con conocimiento de las distribuciones de subespecies actualmente aceptadas.

### 3.5 Documentación del caso

- 3.5.1 *Estándar*: El archivo del caso deberá incluir lo siguiente:
- 3.5.1.1 cadena de custodia
  - 3.5.1.2 solicitud de envío
  - 3.5.1.3 notas de banco
  - 3.5.1.4 ubicación de cualquier dato electrónico

3.5.1.5 documentación de revisiones técnicas

3.5.1.6 informe final

3.5.2 *Directriz*: El archivo del caso debe incluir adicionalmente cualquier otro documento pertinente, como un plan analítico, archivos de datos sin procesar, correos electrónicos, registros de otras comunicaciones externas relacionadas con el caso, documentación de envío y recepción y / o documentación fotográfica de la evidencia. o embalaje.

3.5.3 *Estándar*: Los detalles en las notas de referencia serán suficientes para permitir que otro analista competente en el tema de informes repita el análisis realizado bajo la misma metodología y condiciones de prueba.

3.5.4 *Estándar*: Suposiciones del origen geográfico utilizados en la identificación taxonómica se documentarán en el archivo del caso.

### 3.6 Informes

3.6.1 *Estándar*: Los informes deben incluir información sobre métodos generales, resultados y conclusiones. El informe deberá contener detalles suficientes para que otro experto pueda determinar cómo se realizaron los análisis y como se llegaron a las conclusiones.

3.6.2 *Estándar*: Revisión técnica: todos los informes deberán ser revisados antes de su emisión para verificar su precisión técnica por otro científico con conocimiento y experiencia demostrables en el tema del informe.

3.6.3 *Directriz*: Revisión administrativa: todos los informes deben ser revisados por una persona calificada para garantizar la corrección del formato y el contenido editorial.

*Nota: Idealmente, las revisiones técnicas y administrativas deben ser realizadas por diferentes personas.*

3.6.4 *Directriz*: Las revisiones técnicas deben documentarse en el archivo del caso, y los cambios en los borradores de los primeros informes que afectan las interpretaciones deben también documentarse completamente.

3.6.5 *Estándar*: Todos los informes deben identificar al analista o analistas involucrados en la generación e interpretación de datos forenses.

3.6.6 *Estándar*: Los términos utilizados en la conclusión, como "coincidencia", "coherente con", etc., deben ser definidos por cada laboratorio informante.

3.6.7 *Estándar*: Se deben informar las pruebas estadísticas utilizadas para indicar la confianza en las conclusiones, como las probabilidades de coincidencia aleatoria o las razones de verosimilitud.

## 4.0 Normas y directrices para ADN

*El análisis de ADN de vida silvestre es la disciplina dentro de las técnicas forenses que utiliza técnicas genéticas para identificar partes y productos de vida silvestre de familia, género, especie, población o individuo. En ausencia de caracteres morfológicos, el análisis de caracteres genéticos es el método elegido para la individualización y clasificación, en particular con rastros (sangre, fluidos corporales), partes de organismos (intestinos, huesos, cornamentas, cuernos u otras en aplicaciones artesanales), tejidos degradados o procesados (carnes cocinadas, filetes de pescado, medicamentos tradicionales chinos).*

*Estas normas y directrices se refieren a consideraciones generales en la aplicación de técnicas genéticas (por ejemplo, polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción, polimorfismos de un solo nucleótido o análisis proteínico) al análisis de elementos de prueba forenses provenientes de especies de vida silvestre. También abarcan análisis específicos de ADN de uso muy popular aplicados a la vida silvestre, como secuenciación de ADN para la identificación de caracteres de clase, y análisis de repeticiones cortas en tándem (short tandem repeats, STR) y polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) de fragmentos de ADN para establecer la identidad individual. Se espera que estas normas y directrices sigan evolucionando a medida que se desarrolla el campo.*

### 4.1 Definiciones y abreviaturas relativas a ADN

- **Altura máxima** (o amplitud de pico): El punto en el que la intensidad de señal del pico es mayor.
- **Análisis de número de copias reducido:** Análisis para obtener un resultado a partir de muestras de muy baja calidad o cantidad; por ejemplo, mediante el uso de ciclos adicionales de reacción en cadena de la polimerasa (RCP), concentraciones diferentes de reactivos, etcétera.
- **Compartimento (*bin*):** En análisis de STR, una “ventana” aproximadamente del tamaño obtenido para cada alelo (determinado para cada especie diferente con datos empíricos).
- **Contaminación:** La introducción accidental de ADN exógeno a una muestra o reacción en cadena de la polimerasa.
- **Control negativo de extracción** (o blanco de reactivo): Muestra de control analítico que no contiene ningún elemento de ADN molde y que se usa para monitorear la contaminación desde la extracción hasta el fragmento final o el análisis de secuencia. Este control está incluido en el análisis junto con las muestras cuestionadas o conocidas.
- **Control negativo de RCP:** Control analítico usado para detectar contaminación de ADN de los reactivos de amplificación. Este control consta únicamente de reactivos de amplificación, sin la adición de ADN molde, y se incluye en el análisis junto con las muestras cuestionadas o conocidas.
- **Control positivo de RCP:** Muestra de control analítico que se usa para

determinar si la reacción en cadena de la polimerasa funcionó en forma apropiada. Este control consta de los reactivos de amplificación y una muestra de ADN conocida, y se incluye en el análisis junto con las muestras cuestionadas o conocidas.

- **Electroferograma:** Representación de los resultados de un análisis electroforético generada por un analizador genético.
- **Genotipo:** La constitución genética de un organismo o célula; también se refiere al alelo o alelos específicos heredados en los loci nucleares o mitocondriales.
- **Haplotipo mitocondrial:** Secuencia de ADN identificada en una región específica de ADN mitocondrial.
- **Heterocigótico:** En análisis de STR, alelos que se muestran como un patrón de dos picos y, en promedio, tienen una altura máxima similar en relación el uno con el otro.
- **Homocigótico:** En análisis de STR, alelos que aparecen como un solo pico.
- **Índices de altura máxima:** En análisis de STR, el índice entre la altura del pico inferior y la altura del pico más elevado, expresado como porcentaje.
- **Pico:** Sección triangular distintiva de un electroferograma que sobresale de la línea de base. En análisis de STR, la designación de un pico como alélico es determinada principalmente por los parámetros establecidos en el software analítico del equipo.
- **Polimorfismo de nucleótido único (SNP):** posición de un nucleótido específico en un locus de ADN diana que muestra una variación de nucleótidos (generalmente bialélica) dentro de una población. Los SNP se pueden utilizar para la identificación de especies, la asignación de población / región y la individualización.
- **RCP:** Reacción en cadena de la polimerasa.
- **Repeticiones cortas en tándem (STR) (o microsatélites):** Fragmentos polimórficos de ADN que contienen una secuencia repetida de por lo general dos a cinco nucleótidos. El uso más común de las repeticiones cortas en tándem (STR, por sus siglas en inglés) es para la individualización, ya que el número de repeticiones suele ser muy variable en una población.
- **Theta ( $\theta$ ):** Estimador de la estadística  $F_{ST}$  de Wright (NRC, 1996) que se utiliza para representar la estructura genética de las poblaciones; se incorpora como corrección en las ecuaciones de probabilidad de coincidencia donde los datos de referencia de población contienen subpoblaciones múltiples.
- **Umbral analítico:** En análisis de repeticiones cortas en tándem (STR, por sus siglas en inglés), amplitudes de pico mínimas y máximas aceptables para picos a los que se pretende asignar designaciones de alelo.

## 4.2 Normas y directrices generales de ADN

### 4.2.1 Laboratorio

4.2.1.1 *Estándar*: Los laboratorios deben tener un POE para cubrir el proceso mediante el cual las instalaciones y el equipo se limpian y descontaminan.

4.2.1.2 *Estándar*: La investigación relacionada con el trabajo de casos y no relacionada con el trabajo de casos debe estar separada espacial o temporalmente.

4.2.1.3 *Estándar*: Las áreas del laboratorio deben designarse post-PCR y pre-PCR.

4.2.1.4 *Estándar*: El equipo, los productos de PCR y los suministros no deben transferirse de las áreas posteriores a la PCR a las áreas previas a la PCR a menos que se descontaminen.

### 4.2.2 Extracción de ADN

4.2.2.1 *Estándar*: Los laboratorios deben tener POE para todos los métodos de extracción utilizados en el laboratorio.

4.2.2.2 *Estándar*: Cada conjunto de extracción de ADN debe incluir al menos un control negativo de extracción.

4.2.2.3 *Estándar*: La extracción de ADN del material de referencia debe estar separada física o temporalmente de la extracción de ADN de la evidencia.

4.2.2.4 *Estándar*: Cuando se van a comparar varios elementos de evidencia para una comparación individual, por ejemplo, evidencia cuestionada versus evidencia conocida, los elementos deben procesarse en diferentes momentos o en diferentes lugares.

4.2.2.5 *Directriz*: Las muestras de trazas deben extraerse y amplificarse antes que las muestras con un alto número de copias de ADN. También, las muestras cuestionadas deben extraerse antes que el material de referencia relacionado y las muestras conocidas.

4.2.2.6 *Directriz*: En los análisis sensibles a la concentración de la plantilla, las muestras deben cuantificarse antes de la amplificación.

### 4.2.3 Amplificación

4.2.3.1 *Estándar*: Los laboratorios deben tener procedimientos operativos estándar para todos los métodos de PCR que se utilizan habitualmente en el laboratorio.

4.2.3.2 *Estándar*: Los iniciadores utilizados deben documentarse en el archivo del caso.

4.2.3.3 *Estándar*: Los iniciadores que se utilicen habitualmente deberán haber sido validados para delimitar el rango de condiciones aceptables de PCR y evaluar la probabilidad de encontrar falsos positivos y falsos negativos.

*Nota: Dependiendo de los análisis que se realicen, los ejemplos de pruebas podrían incluir: diluciones variables de la plantilla, concentraciones de reactivo, temperaturas de recocido, números de ciclos y examen de una variedad de especies probables para determinar la especificidad.*

4.2.3.4 *Estándar:* Cada PCR deberá incluir un control negativo de extracción y controles PCR negativos y positivos.

4.2.3.5 *Directriz:* Un control positivo debe producir un genotipo distintivo, para permitir que uno pueda determinar fácilmente que no es una fuente de contaminación.

4.2.3.6 *Estándar:* los controles PCR negativos y positivos y los controles negativos de extracción deben analizarse con muestras de evidencia hasta el paso final (por ejemplo, secuenciación o determinación del tamaño de los fragmentos).

#### 4.2.4 Análisis e interpretación

4.2.4.1 *Estándar:* Los resultados deben rechazarse si un control negativo muestra amplificación y el genotipo es idéntico a una muestra de evidencia.

4.2.4.2 *Estándar:* Los laboratorios deben tener POE para abordar lo siguiente:

4.2.4.2.1 Contaminación detectada en controles positivos, controles negativos o en el caso de muestras.

4.2.4.2.2 Análisis, interpretación y umbrales mínimos de aceptación de datos. Ejemplos de indicadores de calidad de datos incluyen puntajes PHRED, intensidades de señal o alturas de pico.

4.2.4.2.3 *Directriz:* Los laboratorios que trabajan con ADN degradado o de bajo número de copias deben tener un POE que aborde específicamente el análisis de dichas muestras y la posterior interpretación de los datos.

### 4.3 Normas y pautas de secuenciación

4.3.1 *Estándar:* Los laboratorios deben tener procedimientos operativos estándar para abordar lo siguiente:

4.3.1.1 Edición y comparación de secuencias de nucleótidos

4.3.1.2 Secuencia de contaminación o mezclas

4.3.1.3 Heteroplasmia

4.3.2 *Estándar:* La identificación taxonómica basada en datos de secuencia debe incluir consideraciones de:

4.3.2.1 La idoneidad de los datos de referencia, incluida la representación adecuada de especies estrechamente relacionadas

4.3.2.2 Distribución de distancias genéticas entre parientes más cercanos

#### 4.3.2.3 Biogeografía, ciclo vital y taxonomía del organismo

#### 4.3.2.4 Filogenias publicadas

- 4.3.3 *Estándar:* Cuando se utilizan secuencias de bases de datos públicas (p. Ej., “National Center for Biotechnology Information’s GenBank”), los analistas deben ser conscientes de la variabilidad en la calidad de los datos en dichas bases de datos y hacer esfuerzos para evaluar su confiabilidad para los taxones bajo examen.
- 4.3.4 *Directriz:* Una identificación no debe basarse en una sola secuencia de una base de datos pública. En el raro caso de que no se disponga de datos adicionales, las limitaciones de la conclusión deben indicarse en el informe.
- 4.3.5 *Estándar:* Las estimaciones estadísticas de la frecuencia de haplotipos mitocondriales deben considerar la idoneidad y la integridad de los datos de referencia.

### 4.4 Normas y directrices de STR

- 4.4.1 *Estándar:* Los laboratorios deberán tener procedimientos operativos estándar para abordar lo siguiente:
- 4.4.1.1 Definición de un umbral de intensidad de señal para los alelos utilizados para asignar genotipos. Estos criterios de intensidad de la señal se determinan mediante valores generalmente aceptados basados en la plataforma de recolección o se determinan empíricamente mediante validación interna.
  - 4.4.1.2 Definir un conjunto de criterios mínimos para la designación de alelos y genotipos que se incluirán en el informe final.
  - 4.4.1.3 Definición de la designación de grupo para los alelos.
  - 4.4.1.4 Distinguir artefactos, como picos tartamudos y picos fantasmas, de picos de alelos verdaderos.
  - 4.4.1.5 Distinguir entre genotipos de fuente única, fuente múltiple y perfil parcial.
  - 4.4.1.6 Uso de fórmulas establecidas (por ejemplo, NRC 1996) para calcular la probabilidad de individualización.
  - 4.4.1.7 Asignación de población, incluido el uso de apoyo estadístico adecuado.
- 4.4.2 *Estándar:* Se debe ejecutar un estándar de tamaño interno con muestras para normalizar las diferencias de migración máxima. La designación del alelo de la muestra solo se utilizará si los alelos más grande y más pequeño de esa muestra se encuentran dentro del rango cubierto por el estándar de tamaño interno.

- 4.4.3 *Estándar*: cuando los datos se comparten entre laboratorios, las llamadas de alelos deben armonizarse (por ejemplo, mediante el uso de muestras de control de calidad de genotipo conocido).
- 4.4.4 *Estándar*: Cada laboratorio debe utilizar paneles de loci validados internamente.
- 4.4.5 *Estándar*: Todas las estimaciones de probabilidades de individualización deben incorporar un ajuste por estructura de población.

*Nota: Para taxones con movilidad limitada o especies con reproducción no panmíctica, deben adquirirse estimaciones relevantes de la estructura de la población. Cuando no se conoce  $\theta$  para una especie en particular, se incorporará un ajuste conservador basado en los datos disponibles de taxones que se espera tengan una estructura poblacional similar.*

- 4.4.6 *Estándar*: Al realizar una asignación de población, es esencial que la base de datos incluya una cobertura geográfica representativa y un tamaño de muestra suficiente. Si no se puede incluir una población adecuada en la comparación, las conclusiones reflejarán ese hecho.

## 4.5 Normas y pautas de SNP

- 4.5.1 *Estándar*: Los laboratorios deben tener POE para abordar lo siguiente:
  - 4.5.1.1 Amplificación de SNP (p. Ej., PCR en tiempo real, PCR específica de alelos)
  - 4.5.1.2 Definir un conjunto de criterios mínimos para la designación de SNP (por ejemplo, agrupamiento con controles positivos, altura de pico mínima). Estos criterios están determinados por valores generalmente aceptados basados en la plataforma de recolección o están determinados empíricamente por validación interna.
  - 4.5.1.3 Distinguir entre muestras de fuente única y múltiples.
  - 4.5.1.4 Uso de fórmulas establecidas (por ejemplo, NRC, 1996) para calcular la probabilidad de individualización.
  - 4.5.1.5 Asignación de población, incluido el uso de apoyo estadístico adecuado.
- 4.5.2 *Directriz*: Los controles positivos deben incluir todos los posibles genotipos para cada locus. Estos podrían ser de muestras de genotipo conocido o de material de control positivo generado artificialmente.
- 4.5.3 *Estándar*: Cuando se utiliza electroforesis capilar, se debe ejecutar un estándar de tamaño interno con muestras para normalizar las diferencias de migración de picos.

- 4.5.4 *Estándar:* Cuando los datos se comparten entre laboratorios, las llamadas de alelos SNP deben armonizarse (por ejemplo, mediante el uso de muestras de control de calidad de genotipo conocido).
- 4.5.5 *Estándar:* Cada laboratorio debe utilizar paneles de loci validados internamente.
- 4.5.6 *Estándar:* Todas las estimaciones de las probabilidades de individualización deben incorporar un ajuste para la estructura de la población.

*Nota: Para taxones con movilidad limitada o especies con reproducción no panmíctica, deben adquirirse estimaciones relevantes de la estructura de la población. Cuando no se conoce  $\theta$  para una especie en particular, se deberá realizar un ajuste conservador*

- 4.5.7 *Estándar:* Al realizar una asignación de población, es esencial que la base de datos incluya una cobertura geográfica representativa y un tamaño de muestra suficiente. Si no se puede incluir una población adecuada en la comparación, las conclusiones reflejarán ese hecho.

## **5.0 Normas y directrices para morfología**

*La morfología es el estudio de la forma. El método de comparación morfológica es la base de estudios clásicos de estructura y evolución biológica y es esencial en el trabajo científico de taxonomistas, anatomistas, paleontólogos y arqueólogos, así como antropólogos forenses. Existe un extenso corpus de trabajos revisados por pares que establece el rigor científico y la utilidad de las técnicas de comparación morfológica.*

*En el contexto de técnicas forenses de vida silvestre, es la disciplina que utiliza la comparación morfológica —por lo general, respecto de la familia, el género o la especie— para identificar partes y productos de vida silvestre. Dependiendo de la naturaleza de los elementos de prueba, se pueden emplear diversas técnicas de comparación macroscópica y microscópica.*

*Es esencial reconocer que casi todos los análisis realizados por morfólogos forenses en relación con la vida silvestre se basan en caracteres de clase, no en caracteres individuales. Los científicos utilizan características morfológicas cuantitativas y cualitativas compartidas para especificar, o definir, grupos taxonómicos, como familias, géneros y especies. Estos caracteres de clase están asociados de modo confiable a linajes evolutivos hasta llegar al nivel de especie. La individualización, en contraste, requiere el reconocimiento de caracteres que identifiquen de manera única a un individuo en particular. La individualización basada en caracteres morfológicos rara vez se realiza en casos de vida silvestre.*

### **5.1 Normas y pautas generales de morfología**

- 5.1.1 Bases para las determinaciones morfológicas
  - 5.1.1.1 *Estándar:* El analista debe examinar, interpretar y documentar las similitudes morfológicas entre el elemento de evidencia y los

especímenes de especies conocidas como fuente y / o material científico de referencia apropiado.

5.1.1.2 *Directriz:* Deben utilizarse referencias científicas en los exámenes morfológicos, según corresponda. Dichas referencias pueden incluir literatura científica primaria, monografías taxonómicas, conjuntos de datos morfométricos, claves de identificación, guías de campo y bases de datos de imágenes confiables.

5.1.1.3 *Estándar:* El analista debe considerar el valor diagnóstico y la variabilidad inter e intraespecífica de los caracteres que se analizan.

5.1.1.4 *Directriz:* Si el origen geográfico de una especie es de particular importancia en la interpretación de los caracteres morfológicos, se deben seleccionar los materiales de referencia más relevantes.

5.1.1.5 *Directriz:* La documentación analítica y la interpretación de datos en morfología deben seguir la jerarquía de la taxonomía, con las características del orden anotadas primero, seguidas de los caracteres específicos de la familia y, por último, las de diagnóstico de géneros y especies particulares, cuando sea posible.

#### 5.1.2 Proceso de examen morfológico: restos externos

5.1.2.1 *Estándar:* El analista deberá considerar la integridad y condición de la evidencia, y la presencia / ausencia de caracteres taxonómicamente informativos.

5.1.2.2 *Estándar:* Cuando el elemento de evidencia no representa un organismo completo, el analista deberá evaluar el nivel taxonómico apropiado al cual se puede hacer la identificación.

5.1.2.3 *Estándar:* Se deben evaluar los caracteres de edad y sexo de la evidencia, y el analista debe determinar si los materiales de referencia disponibles son apropiados para la correcta interpretación de datos e identificación de especies. Por ejemplo, un conjunto de datos morfométricos basado en mamíferos adultos generalmente no es útil para identificar restos de un individuo juvenil.

#### 5.1.3 Proceso de examen morfológico - Restos osteológicos

5.1.3.1 *Estándar:* No se realizará la esqueletización sin consultar a la parte pertinente.

5.1.3.2 *Directriz:* Los laboratorios deben contar con un POE que cubra cualquier limpieza requerida de evidencia esquelética.

5.1.3.3 *Estándar:* El análisis de evidencia debe incluir una descripción de los elementos osteológicos examinados, su condición física y cualquier alteración tafonómica o antropogénica.

5.1.3.4 *Directriz:* Para determinar la edad relativa (adulto, subadulto, juvenil

o neonato), el analista primero debe evaluar si hay suficiente material disponible para el análisis, luego evaluar los caracteres calibrados relevantes para el taxón en cuestión (por ejemplo, fusión epifisaria de esqueleto elementos o completitud relativa de la erupción dental o el desgaste en los mamíferos).

#### 5.1.4 Proceso de examen morfológico: estructuras microscópicas

5.1.4.1 *Estándar:* Cuando se requiera un examen detallado de las estructuras tegumentarias (como el pelo y las plumas), los exámenes macroscópicos deben documentar las características generales como el color, el patrón, el tamaño o la forma, mientras que el examen microscópico debe documentar los detalles de las estructuras externas y / o internas. estructuras.

5.1.4.2 *Estándar:* Las identificaciones deben hacerse con referencia a colecciones de especímenes de fuente taxonómica conocida (por ejemplo, pelos montados o púas de plumas) o, si no están disponibles, a referencias científicas como se define en la Sección 5.1.1.2, arriba.

5.1.4.3 *Directriz:* Si se examinan o comparan las características microscópicas, las pruebas y pelos / plumas / escamas de referencia deben montarse en portaobjetos de vidrio en un medio de montaje de un índice de refracción cercano al de la queratina (por ejemplo, xilenos o sustituto de xileno).

5.1.4.4 *Directriz:* Cuando la evidencia morfológica consiste en pelo de mamífero, la identificación taxonómica debe determinarse utilizando pelos informativos, típicamente pelos de protección (Guard Hairs en Ingles).

#### 5.1.5 Proceso de examen morfológico: botánico

5.1.5.1 *Estándar:* Las identificaciones deben hacerse con referencia a colecciones (por ejemplo, herbario, xilarios, etc.) de especímenes de fuente taxonómica conocida o, si no está disponible, a referencias científicas como se define en la Sección 5.1.1.2 anterior.

## 5.2 Normas y directrices de documentación

5.2.1 *Estándar:* Al realizar una identificación taxonómica basada en caracteres morfológicos, el analista documentará lo siguiente en el archivo del caso:

5.2.1.1 Tipo de material recibido como prueba (por ejemplo, organismo total o parcial, hueso, diente, pluma, pelo, talla de marfil, cuero, tronco, disco, chapa, artículo elaborado, etc.).

5.2.1.2 Intacto y estado de la evidencia.

5.2.1.3 Caracteres morfológicos utilizados para realizar la identificación.

- 5.2.1.4 Otros caracteres utilizados para ayudar a la identificación, si se utilizan (por ejemplo, densidad de madera de la muestra, color, etc.).
- 5.2.1.5 Materiales de referencia y / o fuentes de datos utilizados para verificar la identificación.

## **6.0 Análisis químico para normas y directrices de identificación taxonómica**

*Los análisis químicos pueden ayudar en la identificación taxonómica de elementos de evidencia que no pueden identificarse únicamente mediante análisis morfológicos o genéticos. Por ejemplo, los árboles y otras plantas sintetizan compuestos fitoquímicos que a menudo son una característica distintiva de una especie o grupo taxonómico superior. Estos fitoquímicos se pueden caracterizar utilizando instrumentos químicos como espectroscopios de infrarrojos y espectrómetros de masas. De manera similar, las moléculas de queratina de diferentes fuentes de especies pueden caracterizarse químicamente, proporcionando una discriminación taxonómica que no se puede obtener mediante otras técnicas.*

### **6.1 Normas y directrices generales para análisis químicos para la identificación taxonómica**

- 6.1.1 *Estándar:* El analista debe examinar, interpretar y documentar las similitudes del perfil químico entre los elementos de evidencia y los materiales de referencia.
- 6.1.2 *Estándar:* El analista deberá considerar el valor diagnóstico de las moléculas clave y la variabilidad inter e intraespecífica de los caracteres que se analizan.
- 6.1.3 *Directriz:* Las referencias científicas utilizadas en los análisis químicos deben incluir literatura científica primaria y / o monografías taxonómicas.
- 6.1.4 *Directriz:* El material de referencia utilizado para verificar las identificaciones debe ser rastreable a una colección curada.
- 6.1.5 *Estándar:* La identificación que se basa en espectros de una base de datos pública no debe basarse en solo un perfil químico o espectro químico. En el raro caso de que no se disponga de datos adicionales, las limitaciones de la conclusión deben indicarse en el informe.
- 6.1.6 *Estándar:* Si el origen geográfico de una especie es la pregunta analítica, el análisis solo se intentará si se dispone de los materiales de referencia pertinentes.
- 6.1.7 *Estándar:* La identificación taxonómica basada en perfiles químicos debe

incluir consideraciones de:

- 6.1.7.1 La idoneidad e integridad del material de referencia, incluida la representación adecuada de especies taxonómicamente relacionadas y especies parecidas.
- 6.1.7.2 Biogeografía, ciclo vital y taxonomía del organismo
- 6.1.7.3 Filogenias relevantes publicadas

## Apéndice- Referencias

---

Las referencias que se enumeran aquí incluyen los materiales clave en los que se basan estos estándares y directrices, y algunas referencias adicionales para el contexto o temas específicos cubiertos. Esta no pretende ser una lista exhaustiva de literatura relevante.

### Referencias para la sección general

- Huffman, J. E., & Wallace, J. R. (Eds.). (2012). *Wildlife Forensics: Methods and Applications*. Chichester, UK: Wiley-Blackwell.
- International Laboratory Accreditation Committee. (2014). *ILAC Guide 19: Modules in a Forensic Science Process*. Retrieved from [https://ilac.org/latest\\_ilac\\_news/ilac-g19082014-published/](https://ilac.org/latest_ilac_news/ilac-g19082014-published/)
- International Organization for Standardization. (2017). *ISO/IEC 17025:2017 General Requirements for the Competence of Testing and Calibration Laboratories*.
- Ogden, R. (2010). Forensic science, genetics and wildlife biology: Getting the right mix for a wildlife DNA forensics lab. *Forensic Science, Medicine, and Pathology*, 6(3), 172–179. <https://doi.org/10.1007/s12024-010-9178-5>
- OSAC Wildlife Forensic Subcommittee Standards. (2014-present). Retrieved August 13, 2018, from <https://www.nist.gov/topics/forensic-science/wildlife-forensics-subcommittee>.
- UNEP-WCMC, & CITES Secretariat. CITES Species+. Retrieved August 9, 2018, from <https://speciesplus.net/species>

### Referencias adicionales para la sección de ADN

- Cavers, S., Degen, B., Caron, H., Lemes, M. R., Margis, R., Salgueiro, F., & Lowe, A. J. (2005). Optimal sampling strategy for estimation of spatial genetic structure in tree populations. *Heredity*, 95(4), 281–289. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800709>
- Dawnay, N., Ogden, R., Thorpe, R. S., Pope, L. C., Dawson, D. A., & McEwing, R. (2008). A forensic STR profiling system for the Eurasian badger: a framework for developing profiling systems for wildlife species. *Forensic Science International. Genetics*, 2(1), 47–53.

<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2007.08.006>

- Degen, B., Ward, S. E., Lemes, M. R., Navarro, C., Cavers, S., & Sebbenn, A. M. (2013). Verifying the geographic origin of mahogany (*Swietenia macrophylla* King) with DNA-fingerprints. *Forensic Science International: Genetics*, 7(1), 55–62. <https://doi.org/10.1016/J.FSIGEN.2012.06.003>
- ENFSI APST. (2015). *Best Practice Manual for the Application of Molecular Methods for the Forensic Examination of Non-Human Biological Traces*. Retrieved from <http://enfsi.eu/documents/best-practice-manuals/>
- Ewart, K. M., Frankham, G. J., Mcewing, R., Webster, L. M. I., Ciavaglia, S. A., Linacre, A. M. T., ... Johnson, R. N. (2018). An internationally standardized species identification test for use on suspected seized rhinoceros horn in the illegal wildlife trade. *Forensic Science International: Genetics*, 32, 33–39. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.10.003>
- Federal Bureau of Investigation. (2011). Quality Assurance Standards for forensic DNA testing laboratories. Retrieved from <https://www.fbi.gov/file-repository/quality-assurance-standards-for-forensic-dna-testing-laboratories.pdf/view>
- Harris, D. J. (2003). Can you bank on GenBank? *Trends in Ecology & Evolution*, 18(7), 317–319. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00150-2](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00150-2)
- Johnson, R. N., Wilson-Wilde, L., & Linacre, A. (2014). Current and future directions of DNA in wildlife forensic science. *Forensic Science International: Genetics*, 10(1), 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.12.007>
- Linacre, A., Gusmão, L., Hecht, W., Hellmann, A. P. P., Mayr, W. R. R., Parson, W., ... Morling, N. (2011). ISFG: Recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 501–505. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.10.017>
- Lowe, A. J., & Cross, H. B. (2011). The application of DNA methods to timber tracking and origin verification. *IAWA Journal*, 32(2), 251–262. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000055>
- Moore, M. K., & Kornfield, I. L. (2012). Best Practices in Wildlife Forensic DNA. In *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (pp. 201–231). Wiley-Blackwell.
- Stephenson, J. J., Campbell, M. R., Hess, J. E., Kozfkay, C., Matala, A. P., McPhee, M. V., ... Wenburg, J. K. (2009). A centralized model for creating shared, standardized, microsatellite data that simplifies inter-laboratory collaboration. *Conservation Genetics*, 10(4), 1145–1149. <https://doi.org/10.1007/s10592-008-9729-4>
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6), 1358. <https://doi.org/10.2307/2408641>

### **Referencias adicionales para morfología de vertebrados**

- Baumel, J. J. (1993). *Nomina anatomica avium : an annotated anatomical dictionary of birds* (2nd ed.). Cambridge, MA: Publications of the Nuttall Ornithological Club, No. 23.
- Dove, C., & Koch, S. (2010). Microscopy of Feathers: A Practical Guide for Forensic Feather Identification. *Journal of American Society of Trace Evidence Examiners*, 1(1), 15–61.
- Handbook of the birds of the world alive. (n.d.). Retrieved from <https://www.hbw.com/>
- Knecht, L. (2012). The use of hair morphology in the identification of mammals. In J. E. Huffman & J. R. Wallace (Eds.), *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (pp. 129–142). Chichester, UK: Wiley-Blackwell.
- Martin, D. L. (2012). Identification of Reptile Skin Products Using Scale Morphology. In J. E. Huffman & J. R. Wallace (Eds.), *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (1st ed, pp. 161–199). Chichester, UK: John

Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781119953142.ch10>

- Rose, C. L., Hawks, C. A., & Genoways, H. H. (Eds.). (1995). *Storage of natural history collections: A preventive conservation approach*. New York: Society for the Preservation of Natural History Collections. Retrieved from [https://books.google.co.uk/books/about/Storage\\_of\\_Natural\\_History\\_Collections\\_A.html?id=qPkTAQAAIAAJ&redir\\_esc=y](https://books.google.co.uk/books/about/Storage_of_Natural_History_Collections_A.html?id=qPkTAQAAIAAJ&redir_esc=y)
- Trail, P. W. (2017). Identifying Bald Versus Golden Eagle Bones: A Primer for Wildlife Biologists and Law Enforcement Officers. *Journal of Fish and Wildlife Management*, 8(2), 596–610. <https://doi.org/10.3996/042017-JFWM-035>
- U.S. Fish and Wildlife Service. (n.d.). The feather atlas. Retrieved August 10, 2018, from <https://www.fws.gov/lab/featheratlas/>
- von den Driesch, A. (1976). *A guide to the measurement of animal bones from archaeological sites*. Cambridge MA: Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, Harvard University.
- Wilson, D. E., & Mittermeier, R. A. (Eds.). (2009). *Handbook of the mammals of the world*. Barcelona: Lynx Edicions. Retrieved from <https://www.lynxeds.com/catalog/hmw>

### ***Referencias adicionales para la morfología de la madera***

- Gasson, P. (2011). How precise can wood identification be? Wood anatomy's role in support of the legal timber trade, especially CITES. *IAWA Journal*, 32(2), 137–154. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000049>
- International Association of Wood Anatomists. (1964). Multilingual glossary of terms used in wood anatomy. The Verlagbuchanstalt Konkordia, Winterthur, Switzerland. Retrieved from [https://www.iawa-website.org/uploads/soft/Abstracts/IAWA\\_glossary.pdf](https://www.iawa-website.org/uploads/soft/Abstracts/IAWA_glossary.pdf)
- Koch, G., Richter, H.-G., & Schmitt, U. (2011). Design and application of CITESwoodID Computer-aided identification and description of CITES-protected timbers. *IAWA Journal*, 32(2), 213–220. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000052>
- Mabberley, D. J. (2017). *Mabberley's Plant-book*. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/9781316335581>
- Miller, R. A., Wiedenhoef, A., & Ribeyron, M. J. (2002). CITES Identification Guide – Tropical Woods Guide. Retrieved from <http://publications.gc.ca/site/eng/9.819974/publication.html>
- Missouri Botanical Garden. Tropicos - scientific names of angiosperms. Retrieved August 10, 2018, from <http://www.tropicos.org/>
- Richter, H. G., Grosser, D., Heinz, I., & Gasson, P. E. (2004). IAWA list of microscopic features for softwood identification. *IAWA Journal*, 25(1), 1–70. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000349>
- The Plant List - a working list of all plant species. (2013). Retrieved August 10, 2018, from <http://www.theplantlist.org/>
- Wheeler, E. A. (2011). Inside Wood – A Web resource for hardwood anatomy. *IAWA Journal*, 32(2), 199–211. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000051>
- Wheeler, E. A., & Baas, P. (1998). Wood Identification -A Review. *IAWA Journal*, 19(3), 241–264. <https://doi.org/10.1163/22941932-90001528>
- Wheeler, E. A., Baas, P., & Gasson, P. E. (2004). IAWA List of microscopic features for hardwood identification. *IAWA Journal*, 25(1), 1–70. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000349>

### ***Referencias adicionales para la química de la madera***

- Cody, R. B., Dane, A. J., Dawson-Andoh, B., Adedipe, E. O., & Nkansah, K. (2012). Rapid classification of White Oak (*Quercus alba*) and Northern Red Oak (*Quercus rubra*) by using pyrolysis direct analysis in real time (DARTTM) and time-of-flight mass spectrometry. *Journal of Analytical and Applied Pyrolysis*, 95, 134–137. <https://doi.org/10.1016/J.JAAP.2012.01.018>
- Dormontt, E. E., Boner, M., Braun, B., Breulmann, G., Degen, B., Espinoza, E., ... Lowe, A. J. (2015). Forensic timber identification: It's time to integrate disciplines to combat illegal logging. *Biological Conservation*, 191, 790–798. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2015.06.038>
- Espinoza, E. O., Lancaster, C. A., Kreitals, N. M., Hata, M., Cody, R. B., & Blanchette, R. A. (2014). Distinguishing wild from cultivated agarwood (*Aquilaria* spp.) using direct analysis in real time and time of-flight mass spectrometry. *Rapid Communications in Mass Spectrometry*, 28(3), 281–289. <https://doi.org/10.1002/rcm.6779>
- Evans, P. D., Mundo, I. A., Wiemann, M. C., Chavarria, G. D., McClure, P. J., Voin, D., & Espinoza, E. O. (2017). Identification of selected CITES-protected Araucariaceae using DART TOFMS. *IAWA Journal*, 38(2), 266–281. <https://doi.org/10.1163/22941932-20170171>
- Finch, K., Espinoza, E., Jones, F. A., & Cronn, R. (2017). Source identification of western Oregon Douglas-fir wood cores using mass spectrometry and random forest classification. *Applications in Plant Sciences*, 5(5). <https://doi.org/10.3732/apps.1600158>
- Hillis, W. E. (1987). *Heartwood and tree exudates*. Springer-Verlag.
- Pastore, T. C. M., Braga, J. W. B., Coradin, V. T. R., Magalhaes, W. L. E., Okino, E. Y. A., Camargos, J. A. A., ... Davrieux, F. (2011). Near infrared spectroscopy (NIRS) as a potential tool for monitoring trade of similar woods: Discrimination of true mahogany, cedar, andiroba, and curupixá. *Holzforschung*, 65, 73-80.