

Tanatomicrobioma e inteligencia artificial: la microbiología forense de hoy

Javier Iván Baltazar Ramos^{1,a,b}; Cosme-García Lizbeth^{1,c,d}; Denis-Rodríguez Edmundo^{1,a}

¹ Universidad Veracruzana. Xalapa, Veracruz, México.

^a Magíster en Medicina Forense; ^b especialista en anatomía patológica; ^c ingeniería en biotecnología; ^d técnico superior universitario histotecnólogo y embalsamador.

El presente estudio forma parte de una tesis: Cosme-García L. "Tanatomicrobiómica e inteligencia artificial: La microbiología forense del futuro" [tesis de pregrado]. Boca del Río: Universidad Veracruzana; 2024.

RESUMEN

La microbiología forense permite, entre otras aplicaciones, la estimación del intervalo *post mortem* (PMI), la identificación de individuos y la localización de escenas del crimen mediante el análisis de microbiomas y la geolocalización de restos biológicos. La inteligencia artificial (IA), junto con las nuevas técnicas de secuenciación, ha revolucionado este campo, mejorando significativamente la precisión y la rapidez de los análisis forenses. En la presente investigación se llevó a cabo una revisión sistemática, siguiendo las directrices PRISMA. Se consultaron bases de datos como PubMed, Scopus, Web of Science y Google Scholar, utilizando palabras clave relacionadas con microbiología forense, IA y PMI. Se aplicaron criterios de inclusión, como la publicación de los estudios en inglés o español y sin restricción temporal, y de exclusión, como duplicidad de publicaciones o estudios que no abordaban el análisis del tanatomicrobioma mediante herramientas de IA. Tras el proceso de búsqueda y selección, se analizaron 20 artículos publicados entre 2016 y 2024. Los hallazgos revelan que algunos modelos de aprendizaje automático, como *Random Forest* (RF) y las Redes Neuronales Convolucionales (CNN), permiten estimaciones relativamente precisas del PMI. Los estudios recientes enfocados en el tanatomicrobioma se perfilan como una herramienta prometedora en el ámbito forense, debido a que este microbioma es único e individualizante, lo que lo convierte en un recurso útil en las distintas etapas de la identificación humana y en los procesos de geolocalización dentro de investigaciones criminales. Sin embargo, se resalta la necesidad de realizar estudios con un mayor número de muestras y de explorar la participación de otros microorganismos, además de las bacterias, con el fin de ampliar y enriquecer el panorama de investigación en esta área emergente.

Palabras clave: Microbiología Forense; Cambios Post Mortem; Inteligencia Artificial; Aprendizaje Profundo; Cadáver (Fuente: DeCS BIREME).

Thanatomicrobiome and artificial intelligence: forensic microbiology today

ABSTRACT

Forensic microbiology enables, among other applications, the estimation of the post-mortem interval (PMI), the identification of individuals, and the location of crime scenes through microbiome analysis and the geolocation of biological remains. Artificial intelligence (AI), together with new sequencing techniques, has revolutionized this field, markedly improving the accuracy and speed of forensic analyses. In this study, a systematic review was conducted following PRISMA guidelines. Databases such as PubMed, Scopus, Web of Science, and Google Scholar were searched using keywords related to forensic microbiology, IA, and PMI. Inclusion criteria included studies published in English or Spanish, regardless of the publication date. Exclusion criteria included duplicate studies or those that did not address the thanatomicrobiome analysis using AI tools. After the search and selection process, 20 articles published between 2016 and 2024 were analyzed. The findings show that some machine learning models, such as Random Forest (RF) and Convolutional Neural Networks (CNN), provide relatively accurate estimates of the PMI. Recent studies focusing on the thanatomicrobiome are emerging as a promising tool in the forensic field, as this microbiome is unique and individualizing. These characteristics render it useful in the various stages of human identification and geolocation in criminal investigations. However, the review underscores the

Correspondencia:

Javier Iván Baltazar Ramos
jbaltazar@uv.mx

Recibido: 25/4/2025

Evaluado: 9/6/2025

Aprobado: 28/6/2025



Esta obra tiene licencia de Creative Commons. Artículo en acceso abierto. Atribución 4.0 Internacional. (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

Copyright © 2025, Revista Horizonte Médico (Lima). Publicado por la Universidad de San Martín de Porres, Perú.

need for studies with larger sample sizes and for exploring the role of microorganisms beyond bacteria, in order to broaden and enhance the research landscape in this emerging field.

Keywords: Forensic Microbiology; Postmortem Changes; Artificial Intelligence; Deep Learning; Cadaver (Source: MeSH NLM).

INTRODUCCIÓN

La microbiología, como ciencia base, ha sido una de las principales fuentes de información acerca de la vida en general. La microbiología forense utiliza la detección de fuentes microbianas para investigar el intervalo *post mortem* (PMI), identificación de individuos mediante el análisis de tejidos y fluidos, lugares del crimen y, en última instancia, la causa de la muerte, contrastando los resultados con bancos de datos de microbiomas públicos, como el Proyecto del Microbioma Postmortem Humano (HPMP) ⁽¹⁻³⁾ y el Proyecto de Metagenómica del Tracto Intestinal Humano (MetaHIT) en la Unión Europea ⁽⁴⁻⁶⁾.

La microbiología forense saltó a la luz pública en 2001 tras la introducción de *Bacillus anthracis* en el servicio postal de los EE. UU. ⁽⁷⁾. En estudios previos sobre microbiología forense, las tecnologías microbiológicas no se describieron específicamente, excepto los cultivos de bacterias para extracción de ADN y realización de PCR como posible marcador de diagnóstico en ahogados ⁽⁸⁻¹⁰⁾.

En casos forenses en los que no se encuentra evidencia de sangre o tejido, se ha propuesto un enfoque microbiológico orientado a la detección del microbioma presente en piel, saliva, cabello u objetos, como una estrategia complementaria para contribuir a la individualización de sujetos ^(11,12). La métrica UniFrac y la agrupación jerárquica son metodologías utilizadas para determinar diferencias o similitudes filogenéticas en bacterias asociadas a la piel y los microbiomas salivales ^(13,14). Williams y Gibson, en 2017, analizaron la precisión mediante un modelo de *Random Forest* (RF [regresión de bosque aleatorio]) para investigar las bacterias del vello púbico, encontrando mejor precisión en la identificación individual ⁽¹⁵⁾.

La muerte es el inicio de procesos fisicoquímicos, desencadenando autólisis y putrefacción como consecuencia del desequilibrio homeostático de la membrana celular; esta última, incapaz de mantener su configuración original, se rompe y libera enzimas que comienzan los procesos de degradación celular y tisular. Los elementos liberados funcionarán como sustrato para las poblaciones de la microbiota residente (pulmón, cavidad oral, tracto intestinal, piel y genitourinario) o la que colonice sitios que en el momento de la vida se consideraban estériles (corazón, cerebro, hígado o bazo) ⁽¹⁶⁻¹⁸⁾.

Las comunidades microbianas *post mortem* se clasifican de acuerdo con las áreas corporales. Así, a las internas se las ha definido como tanatomiobioma de órganos internos y como epinecroticas a las que se ubican en superficies corporales en descomposición. Estas últimas son más fáciles de recolectar, pero también se ven más afectadas por factores abióticos, insectos y actividades carroñeras ^(19,20).

Caracterizar y estudiar el microbioma humano pasa por analizar el material genético y, para ello, hay dos pasos habituales a seguir: el primero consiste en procesar las muestras biológicas y extraer el ADN, posteriormente, se secuencian para encontrar el orden de las bases nucleicas, y dado que el microbioma humano desempeña un papel clave en la putrefacción, su caracterización sería útil en la estimación del PMI ^(21,22).

En los últimos años, se han observado avances importantes en las técnicas de secuenciación molecular y recursos computacionales. La aplicación generalizada de la secuenciación de próxima generación (NGS), o secuenciación de alto rendimiento (HTS), ha mejorado increíblemente la cantidad de datos que también pueden estar disponibles con fines forenses ⁽²³⁾.

El uso de NGS para secuenciar el ADN total obtenido de una muestra permite hacer lo propio con el genoma completo de un microorganismo determinado y examinar comunidades enteras de microbios, obteniendo así una visión general de la población microbiana residente ⁽²⁴⁾. Los investigadores han desarrollado y demostrado varios algoritmos de aprendizaje automático para interpretar cultivos bacterianos, realizar análisis de imágenes para la detección microbiana y predecir patrones de susceptibilidad a los antimicrobianos ⁽⁴⁾.

Es en este sentido que la inteligencia artificial generativa podría ayudar a dar solución a la creciente demanda de mejores resultados, con tiempos de respuesta más cortos, y también ayudará a los microbiólogos forenses en las investigaciones de la escena del crimen, ya que puede guiar la identificación individual, causa, tiempo y forma de muerte ⁽⁴⁾.

ESTRATEGIA DE BÚSQUEDA

Esta revisión sistemática sigue las directrices PRISMA ⁽²⁵⁾ para garantizar transparencia y reproducibilidad. El objetivo fue identificar, evaluar y sintetizar la evidencia disponible sobre la aplicación de la inteligencia artificial (IA) en el estudio del tanatomiobioma, con un enfoque en ciencias forenses y estimación del PMI. Se realizó una búsqueda exhaustiva en las siguientes bases de datos: PubMed, Scopus, Web of Science, Google Scholar, y una herramienta de IA para investigación (Ellicit®). El periodo de búsqueda y revisión fue de septiembre del 2024 a febrero del 2025, y la última fecha de acceso fue el 7 de marzo del 2025; no se impusieron restricciones en las fechas de publicación. Se utilizaron combinaciones de palabras clave y operadores booleanos para maximizar la sensibilidad y especificidad de la búsqueda, utilizando el siguiente operador lógico:

((“thanatomiobiome” OR “postmortem microbiome” OR “cadaver microbiome” OR “decomposition microbiome” OR “forensic microbiome”) AND (“artificial intelligence” OR “machine learning” OR “deep

learning” OR “neural networks” OR “AI algorithms” OR “computational biology”) AND (“forensic science” OR “time of death estimation” OR “postmortem interval” OR “PMI estimation” OR “cadaver decomposition” OR “forensic microbiology”))

Se incluyeron artículos en los idiomas inglés y español, que correspondían a estudios experimentales, revisiones, metaanálisis y estudios de validación. Se excluyeron aquellos que no abordaban el análisis del tanatomicrobioma, que no aplicaban técnicas de IA o autoaprendizaje, así como los duplicados en las bases de datos.

La revisión se realizó en dos etapas. En la primera, se excluyeron los artículos duplicados, así como aquellos que, por el título

o resumen, no abordaban el tema investigado. En la segunda etapa, correspondiente a la revisión del texto completo, se excluyeron los que no cumplían con los criterios de inclusión; la selección estuvo a cargo de los dos investigadores del Instituto de Medicina Forense, quienes validaron de forma independiente la información contenida en los trabajos.

Se localizó un total de 319 publicaciones (Pubmed: 13; Web of Science: 4; Scopus: 7; Google Scholar: 273; Ellicit®: 22). Se excluyeron los siguientes estudios: 79 por estar duplicados, 180 de los de proyección de resúmenes por no relevancia con el título o resumen y 40 de los de proyección a texto completo (en 12 no hubo acceso o estaban en un idioma diferente del inglés o español, y 28 por ser literatura gris). El estudio se realizó en base a la declaración del método PRISMA ⁽²⁶⁾ (Figura 1).

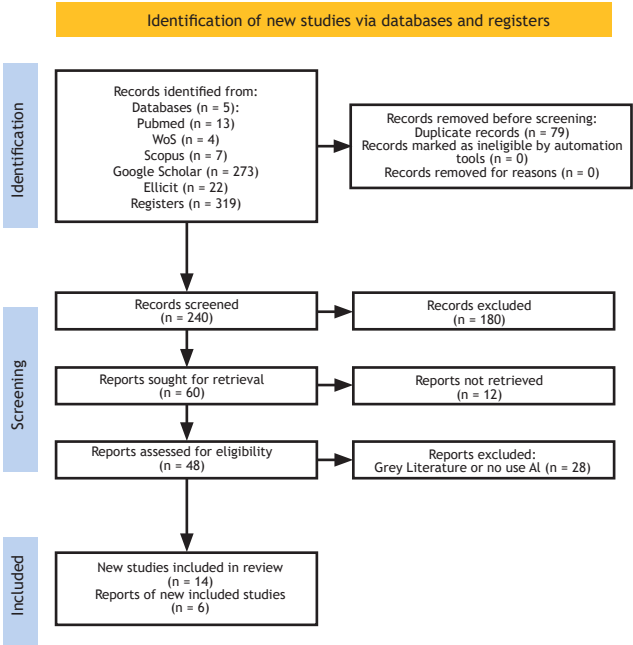


Figura 1. Diagrama de flujo PRISMA

Tras la revisión de la información, se analizaron las 20 fuentes para la extracción y análisis cualitativo de los datos publicados entre 2016 y 2024 (Tabla 1).

Tabla 1. El tanatomicrobioma y la inteligencia artificial

Autor		Resumen
1	Johnson HR, <i>et al.</i> , 2016 ⁽²⁷⁾	Se describe el uso de técnicas de aprendizaje automático para analizar el microbioma de la piel de cadáveres humanos. Estudio experimental, n = 21.
2	Metcalfe JL, <i>et al.</i> , 2017 ⁽²⁸⁾	Analiza el potencial del microbioma, en particular en la estimación de PMI, la localización de fosas clandestinas e identificación humana.
3	Metcalfe JL, 2019 ⁽²⁹⁾	Describe el potencial de utilizar microbios como evidencia forense para estimar el PMI.
4	Zhang Y, <i>et al.</i> , 2019 ⁽³⁰⁾	Evalúa el desempeño de tres métodos de aprendizaje automático para predecir el PMI, la forma y la ubicación de la muerte utilizando datos del microbioma <i>post mortem</i> .

Autor	Resumen
5 Mishra A, <i>et al.</i> , 2023 ⁽⁴⁾	Se resume la evolución y las aplicaciones actuales de la IA, como los algoritmos de aprendizaje automático para interpretar cultivos bacterianos y realizar análisis de imágenes para la detección microbiana en el campo de la microbiología diagnóstica y forense.
6 Liu R, <i>et al.</i> , 2020 ⁽³¹⁾	Aborda al microbioma de diferentes órganos con la ayuda de algoritmos de aprendizaje automático para investigar los patrones de sucesión microbiana y estima el PMI en órganos murinos. Posible sesgo al no declarar la metodología. Estudio experimental, n = 176.
7 Sierra FK, <i>et al.</i> , 2020 ⁽³²⁾	Examina el rendimiento de diferentes metodologías bioinformáticas en el análisis de microbiomas <i>post mortem</i> para aplicaciones forenses. Estudio experimental, n = 188.
8 Díez-López C, <i>et al.</i> , 2021 ⁽⁵⁾	Los autores discuten los problemas biológicos, técnicos y relacionados con el análisis del microbioma en el contexto forense, perspectivas actuales y su aplicación como una herramienta en el contexto forense.
9 Aragonés ÁM y Tapia-Paniagua ST, 2022 ⁽³³⁾	Se analizan las técnicas y procedimientos existentes para la datación cadavérica, el potencial de la microbiología forense y del tanatomiobioma.
10 Rishi S, <i>et al.</i> , 2022 ⁽³⁴⁾	Evalúa la aplicación y el desempeño de los modelos de IA y aprendizaje automático para predecir el PMI en investigaciones forenses.
11 Wang Z, <i>et al.</i> , 2022 ⁽¹⁸⁾	Analiza los avances en el uso del análisis del microbioma basado en IA para la estimación del PMI en la ciencia forense.
12 Zapico SC y Adserias-Garriga J, 2022 ⁽¹¹⁾	Describe las metodologías actuales de última generación para estimar el PMI, centrándose en los campos emergentes de "tanatobiología" y "tanatomiobioma".
13 Cui C, <i>et al.</i> , 2023 ⁽³⁵⁾	Los autores utilizaron algoritmos de HTS y aprendizaje automático para estimar el PMI en cadáveres murinos. Estudio experimental, n = 65.
14 Cláudia-Ferreira A, <i>et al.</i> , 2023 ⁽³⁶⁾	Se proporciona una revisión exhaustiva del conocimiento actual sobre el microbioma <i>post mortem</i> humano y sus aplicaciones en las ciencias forenses.
15 Li N, <i>et al.</i> , 2023 ⁽³⁷⁾	Los autores investigaron cómo los cambios en el microbioma intestinal después de la muerte pueden ayudar a estimar el PMI, con un enfoque tanto en cadáveres de ratas como de humanos, basado en aprendizaje automático y su potencial. Estudio experimental, n = 84.
16 Yuan H, <i>et al.</i> , 2023 ⁽⁷⁾	Revisión de las tendencias en microbiología forense, desde los métodos clásicos hasta HTS, aprendizaje automático y aprendizaje profundo para diversas aplicaciones forenses.
17 Maso AR, <i>et al.</i> , 2024 ⁽³⁸⁾	Investiga cómo los factores ambientales afectan los métodos microbianos para estimar el PMI en suelos de descomposición humana. Se utilizaron modelos de aprendizaje automático. Estudio experimental, n = 19.
18 Mai-Qing Y, <i>et al.</i> , 2024 ⁽³⁹⁾	Los autores analizan los métodos técnicos, las aplicaciones de investigación y los factores influyentes del uso de la sucesión de la comunidad microbiana para estimar el PMI a través de tecnología de HTS.
19 Hu S, <i>et al.</i> , 2024 ⁽⁴⁰⁾	Se pueden utilizar enfoques multimodales basados en datos microbianos para estimar con precisión el PMI, que es fundamental para las investigaciones forenses.
20 Wu Z, <i>et al.</i> , 2024 ⁽⁴¹⁾	El artículo proporciona una descripción general de cómo se puede utilizar la IA para analizar los datos del microbioma de cadáveres y escenas del crimen para estimar el PMI y detectar la ubicación geográfica.

Fuente: Elaboración propia basada en los resultados de búsqueda y Ellicit®.

Los estudios del microbioma generalmente se centran en las bacterias. Se pueden utilizar métodos moleculares para caracterizar las comunidades microbianas apuntando a regiones de ADN que son taxonómicamente informativas (secuenciación de ampliaciones) o mediante la secuenciación de todos los fragmentos de genes en una muestra (metagenómica *shotgun*), amplificando y secuenciando genes de ARNr 16S ^(28,42-44).

El microbioma contribuye significativamente al contenido genético dentro y fuera de cada individuo, de esta manera, es único y más estable, y se encuentra en un mayor número que las células humanas. Su desprendimiento, transferencia y deposición son similares a los de las células, pero su mayor número y estabilidad los convierten en mejores candidatos para su uso en la detección de evidencia física, demostrando su potencial en aplicaciones forenses ^(27,45,46).

La piel humana alberga una variedad de microorganismos llamados también microbioma táctil, que pueden transferirse a las superficies, considerándose marcadores forenses ^(27,39). Un estudio llevado a cabo en 2021 por Procopio *et al.* evaluó la transferibilidad y persistencia del “microbioma del tacto” y su exposición a temperatura ambiente; se identificaron seis taxones del microbioma propio de la piel, así como taxones únicos que caracterizan al donante ^(47,48).

Como método de geolocalización, la secuenciación del ARNr 16S ha sido utilizada para valorar muestras de saliva en función de la región geográfica ⁽⁴⁹⁾. Liang *et al.* analizaron tales muestras para cinco ciudades de China (Guangdong, Qinghai, Henan, Zhejiang y Jilin), con el objetivo de establecer el papel de la ubicación regional en la heterogeneidad de la información del perfil microbiano. Para ello, crearon un modelo de predicción basado en un algoritmo tipo RF, que distinguió muestras de saliva de acuerdo con el género y la ciudad ⁽⁵⁰⁾.

El análisis de ascendencia biogeográfica (BGA), basado en marcadores de ADN, utiliza la ancestría biológica para *Helicobacter pylori*, y ha demostrado ser útil como medio de identificación del origen geográfico en cadáveres no identificados ^(51,52), por lo que, al utilizar modelos de aprendizaje profundo para identificar patrones microbianos de entornos específicos, se puede predecir la ubicación probable del cuerpo en función de su composición microbiana; inclusive podría demostrar potencialmente si este se encontraba dentro o fuera de casa, bosque o desierto, basándose en su perfil microbiano ^(53,54).

La secuenciación de los genes ARNr 16S y ARNr 18S puede ser utilizada para evaluar la predictibilidad de la sucesión microbiana en diferentes tipos de suelo, cuyo rendimiento mejora si se utilizan técnicas de IA para la predicción del PMI ⁽³⁴⁾. En 2016, Metcalf *et al.* analizaron muestras de suelo cercanas a un cadáver para determinar la caracterización del microbioma hallado ahí. Luego, se utilizaron la regresión de bosque aleatorio y las redes bayesianas dinámicas, encontrando diferencias filogenéticas y con utilidad para inferencia del PMI ^(38,55,56).

El análisis de la sucesión bacteriana en muestras de sustrato de ratones en diferentes etapas de descomposición encontró que, mediante HTS y técnicas computacionales de predicción (*Random Forest*), es posible predecir el PMI, con un error absoluto medio de 1,27 días, tomando en cuenta 36 días desde la descomposición ⁽³⁵⁾. La composición del tanatomiobioma es extremadamente variable y se ve afectada por múltiples factores ambientales (pH, humedad, nitratos, amonio, temperatura) e individuales ^(57,58).

Tolbert *et al.* analizaron los tejidos de próstata con PMI entre 24 y 120, encontrando un aumento en la expresión de genes proapoptóticos, junto con la de algunos genes antiapoptóticos como BAG1, BCL2 y XIAP. Los genes proapoptóticos como TP53 y TNFSF10 no tuvieron sobreexpresión ⁽⁵⁹⁾. El estudio de la sucesión del tanatomiobioma y el aprendizaje automático pueden ayudar a establecer modelos para la estimación de PMI basados en microorganismos ^(60,61).

Identificación humana

El microbioma alberga firmas de la comunidad microbiana que también difieren intra- y entre individuos. Estas características resaltan la información altamente individualizada que puede obtenerse de las muestras: el microbioma humano está determinado por numerosos factores internos y externos, que incluyen, entre otros, la genética del huésped, el sexo, ascendencia y el estilo de vida; en otras palabras, puede contener una “huella dactilar” única que potencialmente puede distinguirlos y, por lo tanto, usarse para fines de identificación individual humana ⁽⁵⁾.

También puede ser relevante en situaciones en donde la cantidad de ADN humano recuperado y su posterior análisis no permitan obtener un perfil completamente individualizado basado en repeticiones cortas en tándem (STR) ⁽⁶²⁾. La saliva, un fluido corporal común con un valor forense significativo, se ha utilizado en investigaciones criminales que involucran asesinatos y asaltos ⁽⁶³⁾. Del mismo modo, Lake *et al.* demostraron en su investigación que es posible individualizar a dos personas a partir del estudio del microbioma en la saliva, sin importar el momento de la toma de muestra ^(5,14).

Determinación del sexo biológico

Por otra parte, Liang *et al.* diseñaron un modelo de predicción basado en algoritmos de bosque aleatorio, que podría distinguir el género a partir de una muestra de saliva. Sin embargo, se trata de un modelo y tiene alguna probabilidad de error, por lo que requiere más investigación. La microbiota intestinal humana es única e individual; en las escenas del crimen donde se hallan restos fecales, el microbioma contenido podría actuar como un biomarcador potencial para la identificación forense individual y de inferencia bio-geográfica ⁽³⁷⁾.

Wang *et al.* probaron que el microbioma en el intestino de individuos del género masculino estaba caracterizado por taxones del filo *Proteobacteria*, mientras que los individuos del género femenino, por el *Synergistetes*. Sin embargo, sus determinantes de presencia se vieron afectados por variables

como sexo e índice de masa corporal. Estas son susceptibles de valoración mediante el uso de herramientas tecnológicas como Machine Learning (ML), RF, etc., lo que sugiere que un ensayo de la microbiota intestinal puede servir como un medio para la individualización forense ⁽⁶⁴⁾.

Las bacterias comprenden uno de los principales grupos de microorganismos presentes en la vida. Existen tres tipos principales de ARN ribosómicos (ARNr), 5S, 16S y 23S, aunque las más utilizadas actualmente son las regiones de 16S y sus regiones hipervariables (V1-V9), que demuestran una considerable diversidad de secuencias entre diferentes bacterias, por lo que su grado de similitud en la secuenciación refleja la lejanía de las relaciones filogenéticas microbianas. De esta manera, es posible obtener información sobre la proporción de composición de especies y la diversidad dentro de las comunidades microbianas analizadas ⁽⁶⁵⁻⁶⁷⁾.

El método de secuenciación del gen ARNr 16S se ha aplicado en microbiología forense. La tecnología de secuenciación paralela masiva (MPS), también conocida como HTS, mejoró sustancialmente la cantidad de datos a procesar y supera las limitaciones de las bacterias no cultivadas a secuenciar, incluida la identificación de muestras biológicas y de suelo, además de proporcionar inferencias sobre el PMI. En este sentido, mientras que la metagenómica se centra en el análisis de bacterias, hongos, arqueas y virus, la secuenciación del gen ARNr 16S solo analiza la estructura de las comunidades bacterianas, reduciendo su campo de acción ^(39,56,63).

El uso de ARNr 16S dirigido con amplificadores cortos no ha demostrado una resolución confiable a nivel de especie, y el ARNr 16S de longitud completa no necesariamente lo mejora, por lo que el uso de las técnicas de *whole-genome shotgun* (WGS), que se dirigen a todo el contenido genético microbiano, podría diferenciar especies y taxones en mayor medida que los amplicones de este gen ^(7,68,69).

A medida que avanza la tecnología de HTS, el volumen de datos tanatomiocbianos ha superado las capacidades de procesamiento de las técnicas tradicionales. Por ello, la IA se presenta como una solución, en particular en la microbiología forense, donde estas tecnologías ayudan a derivar patrones significativos a partir de amplios conjuntos de datos ^(18,41,60,70).

Na Li *et al.* desarrollaron un modelo de dos capas para la predicción del PMI, basado en la sucesión de bacterias, el cual combina modelos de clasificación y regresión, utilizando algoritmos de aprendizaje automático. Con una precisión del 90 % para discriminar grupos de PMI de 0-7 y 9-30 días, y un error absoluto medio de 0,5 días, compararon 44 géneros, entre ratas y humanos, para la estimación de PMI, indicando una sucesión reproducible en los dos modelos y potencialmente aplicable al contexto forense ⁽³⁷⁾.

Los avances en la tecnología de secuenciación de ácidos nucleicos han permitido ampliar nuestra capacidad para perfilar la diversidad microbiana, ya que pueden proporcionar

un medio para evaluar la generación de perfiles de la comunidad microbiana para cientos e incluso miles de muestras. Sin embargo, el análisis bioinformático de datos de HTS varía ampliamente entre laboratorios. Estas diferencias pueden afectar potencialmente la composición de la comunidad microbiana y los análisis posteriores ^(32,71).

Normalmente, sería difícil extraer información significativa de estos grandes conjuntos de datos, sin embargo, este problema se ha resuelto en gran medida con la reciente aplicación del aprendizaje automático para este análisis microbiano ⁽³¹⁾. Para llevarlo a cabo, se suministra a una computadora un conjunto de datos y resultados asociados. Luego, esta “aprende” y genera un algoritmo que describe la relación entre el conjunto de datos suministrado y los resultados asociados ^(31,41).

El algoritmo se puede codificar explícitamente utilizando características conocidas. El aprendizaje automático emplea subconjuntos de datos para generar uno que puede usar combinaciones novedosas o diferentes de características y pesos que se pueden derivar de los primeros principios. Este puede ser utilizado para inferencias que involucran conjuntos de datos futuros ⁽³²⁾.

La investigación actual se centra en animales como cerdos, ratas, ratones y conejos, cuyos microbiomas difieren del encontrado en cuerpos humanos. Es esencial recopilar datos multimodales (metabólicos y microbianos), una mayor comprensión de las interacciones entre microbios y el examen de las transformaciones de los metabolitos microbianos y los derivados de cadáveres, que proporcionarán un respaldo teórico más contundente para la construcción de bases de datos humanas multimodales e integrales ⁽⁴⁰⁾.

CONCLUSIONES

Se exploró cómo el tanatomiocbioma y la IA, en conjunto, mejoran las estimaciones en contextos forenses en comparación con métodos tradicionales. Los modelos de aprendizaje automático, como RF y Redes Neuronales Convolucionales, han demostrado ser herramientas precisas para predecir el PMI, mientras que el tanatomiocbioma humano ha mostrado un potencial único para la geolocalización y la identificación humana.

No obstante, la integración del análisis del tanatomiocbioma con técnicas de IA enfrenta limitaciones que enlentecen su implementación práctica. Algunas de estas incluyen el tamaño reducido de las muestras en investigaciones, no estandarización para su recolección y procesamiento, carencia de bases de datos genómicos y metadatos incompletos, así como un acceso restringido a cuerpos humanos para investigación. Estos factores influyen negativamente en la reproducibilidad de los resultados, limitando la aplicación práctica de estos hallazgos para los juzgadores. Sin embargo, ante escenarios donde los tejidos se encuentran en avanzado estado de degradación, esta tecnología podría representar una herramienta prometedora cuando los métodos convencionales presenten limitaciones.

Contribución de autoría: JIBR, CGL y DRE participaron en el desarrollo, ejecución, redacción y revisión del artículo de investigación.

Fuentes de financiamiento: Los autores financiaron este artículo.

Conflicto de intereses: Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Javan GT, Finley SJ. What is the "Thanatomicrobiome" and what is its relevance to forensic investigations? In: Forensic Ecogenomics. Alabama: Elsevier; 2012; 133-43. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809360-3.00006-0>
- He Q, Niu X, Qi RQ, Liu M. Advances in microbial metagenomics and artificial intelligence analysis in forensic identification. Front Microbiol. 2022;13:1046733. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1046733>
- Clarke TH, Gomez A, Singh H, Nelson KE, Brinkac LM. Integrating the microbiome as a resource in the forensics toolkit. Forensic Sci Int Genet. 2017;30:141-7. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.06.008>
- Mishra A, Khan S, Das A, Das BC. Evolution of diagnostic and forensic microbiology in the era of artificial intelligence. Cureus. 2023;15(9):e45738. Disponible en: <https://doi.org/10.7759/cureus.45738>
- Díez López C, Vidaki A, Kayser M. Integrating the human microbiome in the forensic toolkit: Current bottlenecks and future solutions. Forensic Sci Int Genet. 2022;56:102627. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102627>
- Oliveira M, Amorim A. Microbial forensics: new breakthroughs and future prospects. Appl Microbiol Biotechnol. 2018;102(24):10377-91. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00253-018-9414-6>
- Yuan H, Wang Z, Wang Z, Zhang F, Guan D, Zhao R. Trends in forensic microbiology: From classical methods to deep learning. Front Microbiol. 2023;14:1163741. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1163741>
- Huys G, Coopman V, Van Varenbergh D, Cordonnier J. Selective culturing and genus-specific PCR detection for identification of Aeromonas in tissue samples to assist the medico-legal diagnosis of death by drowning. Forensic Sci Int. 2012;221(1-3):11-5. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2012.03.017>
- Robinson JM, Pasternak Z, Mason CE, Elhaik E. Forensic applications of microbiomics: A review. Front Microbiol. 2020;11:608101. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.608101>
- Sguazzi G, Mickleburgh HL, Ghignone S, Voyron S, Renò F, Migliario M, et al. Microbial DNA in human nucleic acid extracts: Recoverability of the microbiome in DNA extracts stored frozen long-term and its potential and ethical implications for forensic investigation. Forensic Sci Int Genet. 2022;59:102686. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2022.102686>
- Zapico SC, Adserias-Garriga J. Postmortem interval estimation: new approaches by the analysis of human tissues and microbial communities' changes. Forensic Sci. 2022;2(1):163-74. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/forensicsci2010013>
- Pasciullo S, Brenner LJ, Gagorik CN, Schamel JT, Baker S, Tran E, et al. The gut microbiomes of Channel Island foxes and island spotted skunks exhibit fine-scale differentiation across host species and island populations. Ecol Evol. 2024;14(2):e11017. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/ece3.11017>
- Fierer N, Lauber CL, Zhou N, McDonald D, Costello EK, Knight R. Forensic identification using skin bacterial communities. Proc Natl Acad Sci U S A. 2010;107(14):6477-81. Disponible en: <https://doi.org/10.1073/pnas.1000162107>
- Leake SL, Pagni M, Falquet L, Taroni F, Greub G. The salivary microbiome for differentiating individuals: proof of principle. Microbes Infect. 2016;18(6):399-405. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2016.03.011>
- Williams DW, Gibson G. Individualization of pubic hair bacterial communities and the effects of storage time and temperature. Forensic Sci Int Genet. 2017;26:12-20. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.09.006>
- Martínez-Aragónés AA, Martínez-Manzanares E, Tapia-Paniagua ST. Early post mortem interval estimation in a mouse model using molecular analyses of the gut thanatomicrobiome. Spanish J Leg Med. 2022;48(3):107-14. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.remle.2022.02.002>
- Neckovic A, van Oorschot RAH, Szkuta B, Durdle A. Investigation of direct and indirect transfer of microbiomes between individuals. Forensic Sci Int Genet. 2020;45:102212. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.102212>
- Wang Z, Zhang F, Wang L, Yuan H, Guan D, Zhao R. Advances in artificial intelligence-based microbiome for PMI estimation. Front Microbiol. 2022;13. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1034051>
- Guo J, Fu X, Liao H, Hu Z, Long L, Yan W, et al. Potential use of bacterial community succession for estimating post-mortem interval as revealed by high-throughput sequencing. Sci Rep. 2016;6(1):24197. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/srep24197>
- Roy D, Tomo S, Purohit P, Setia P. Microbiome in death and beyond: current vistas and future trends. Front Ecol Evol. 2021;9:630397. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fevo.2021.630397>
- Dong K, Xin Y, Cao F, Huang Z, Sun J, Peng M, et al. Succession of oral microbiota community as a tool to estimate postmortem interval. Sci Rep. 2019;9(1):1-9. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1038/s41598-019-49338-z>
- Sessa F, Pomara C, Esposito M, Grassi P, Cocimano G, Salerno M. Indirect DNA transfer and forensic implications: a literature review. Genes (Basel). 2023;14(12):2153. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/genes14122153>
- de la Torre E, Ustariz F. Avances en identificación genética y análisis de perfiles de ADN en biología forense. Anat Digit. 2024;7(2):222-39. Disponible en: <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v7i2.2.3173>
- Caenazzo L, Tozzo P. Microbiome forensic biobanking: a step toward microbial profiling for forensic human identification. Healthcare (Basel). 2021;9(10):1371. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/healthcare9101371>

25. Page M, McKenzie J, Bossuyt P, Boutron I, Hoffmann T, Mulrow C, et al. The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*. 2021;372(71). Disponible en: <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
26. Haddaway NR, Page MJ, Pritchard CC, McGuinness LA. PRISMA2020: An R package and Shiny app for producing PRISMA 2020-compliant flow diagrams, with interactivity for optimised digital transparency and Open Synthesis. *Campbell Syst Rev*. 2022;18(2):e1230. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/cl2.1230>
27. Johnson H, Trinidad D, Guzman S, Khan Z, Parziale J, DeBruyn J, et al. A machine learning approach for using the postmortem skin microbiome to estimate the postmortem interval. *PLoS One*. 2016;11(12):1-23. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0167370>
28. Metcalf J, Xu Z, Bouslimani A, Dorrestein P, Carter D, Knight R. Microbiome tools for forensic science. *Trends Biotechnol*. 2017;35(9):814-23. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2017.03.006>
29. Metcalf JL. Estimating the postmortem interval using microbes: Knowledge gaps and a path to technology adoption. *Forensic Sci Int Genet*. 2019;38:211-218. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.11.004>
30. Zhang Y, Pechal J, Schmidt C, Jordan H, Wang W, Benbow M, et al. Machine learning performance in a microbial molecular autopsy context: A cross-sectional postmortem human population study. *PLoS One*. 2019;14(4):e0213829. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0213829>
31. Liu R, Gu Y, Shen M, Li H, Zhang K, Wang Q, et al. Predicting postmortem interval based on microbial community sequences and machine learning algorithms. *Environ Microbiol*. 2020;22(6):2273-91. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15000>
32. Kaszubinski S, Pechal J, Schmidt C, Jordan H, Benbow M, Meek M. Evaluating bioinformatic pipeline performance for forensic microbiome analysis*. *J Forensic Sci*. 2020;65(2):513-525. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/1556-4029.14213>
33. Aragonés Á, Tapia-Paniagua S. Review of cadaveric dating methods and new perspectives from the necrobiome. *Spanish J Leg Med*. 2022;48(1):30-35. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.remle.2021.05.001>
34. Sharma R, Diksha, Bhute A, Bastia B. Application of artificial intelligence and machine learning technology for the prediction of postmortem interval: A systematic review of preclinical and clinical studies. *Forensic Sci Int*. 2022;340:111473. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2022.111473>
35. Cui C, Song Y, Mao D, Cao Y, Qiu B, Gui P, et al. Predicting the postmortem interval based on gravesoil microbiome data and a random forest model. *Microorganisms*. 2022;11(1):56. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010056>
36. Cláudia-Ferreira A, Barbosa D, Saegeman V, Fernández-Rodríguez A, Dinis-Oliveira R, Freitas A. The future is now: unraveling the expanding potential of human (necro) microbiome in forensic investigations. *Microorganisms*. 2023;11(10). Disponible en: <https://doi.org/10.3390/microorganisms11102509>
37. Li N, Liang X, Zhou S, Dong, Dang L, Hong, Li J, An G, Shuai, et al. Exploring postmortem succession of rat intestinal microbiome for PMI based on machine learning algorithms and potential use for humans. *Forensic Sci Int Genet*. 2023;66:1-11. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2023.102904>
38. Mason AR, McKee-Zech HS, Steadman DW, DeBruyn JM. Environmental predictors impact microbial-based postmortem interval (PMI) estimation models within human decomposition soils. *PLoS One*. 2024;19(10):e0311906. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0311906>
39. Yang MQ, Wang ZJ, Zhai CB, Chen LQ. Research progress on the application of 16S rRNA gene sequencing and machine learning in forensic microbiome individual identification. *Front Microbiol*. 2024;15:1-7. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1360457>
40. Hu S, Zhang X, Yang F, Nie H, Lu X, Guo Y, et al. Multimodal approaches based on microbial data for accurate postmortem interval estimation. *Microorganisms*. 2024;12(11):2193. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/microorganisms12112193>
41. Wu Z, Guo Y, Hayakawa M, Yang W, Lu Y, Ma J, et al. Artificial intelligence-driven microbiome data analysis for estimation of postmortem interval and crime location. *Front Microbiol*. 2024;15:1334703. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1334703>
42. Martino C, Dillmore AH, Burcham ZM, Metcalf JL, Jeste D, Knight R. Microbiota succession throughout life from the cradle to the grave. *Nat Rev Microbiol*. 2022;20(12):707-20. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00768-z>
43. Luo C, Knight R, Siljander H, Knip M, Xavier RJ, Gevers D. ConStrains identifies microbial strains in metagenomic datasets. *Nat Biotechnol*. 2015;33(10):1045-52. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/nbt.3319>
44. Regueira-Iglesias A, Balsa-Castro C, Blanco-Pintos T, Tomás I. Critical review of 16S rRNA gene sequencing workflow in microbiome studies: From primer selection to advanced data analysis. *Mol Oral Microbiol*. 2023;38(5):347-99. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/omi.12434>
45. Schmedes SE, Woerner AE, Budowle B. Forensic human identification using skin microbiomes. *Appl Environ Microbiol*. 2017;83(22):e01672-17. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/AEM.01672-17>
46. Nodari R, Arghittu M, Bailo P, Cattaneo C, Creti R, D'Aleo F, et al. Forensic microbiology: when, where and how. *Microorganisms*. 2024;12(5). Disponible en: <https://doi.org/10.3390/microorganisms12050988>
47. Procopio N, Lovisolo F, Sguazzi G, Ghignone S, Voyron S, Migliario M, et al. "Touch microbiome" as a potential tool for forensic investigation: a pilot study. *J Forensic Leg Med*. 2021;82:102223. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jflm.2021.102223>
48. Simon LM, Flocco C, Burkart F, Methner A, Henke D, Rauer L, et al. Microbial fingerprints reveal interaction

- between museum objects, curators, and visitors. *iScience*. 2023;26(9):107578. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107578>
49. Cho HW, Eom YB. Forensic analysis of human microbiome in skin and body fluids based on geographic location. *Front Cell Infect Microbiol*. 2021;11:695191. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.695191>
50. Liang X, Han X, Liu C, Du W, Zhong P, Huang L, et al. Integrating the salivary microbiome in the forensic toolkit by 16S rRNA gene: potential application in body fluid identification and biogeographic inference. *Int J Legal Med*. 2022;136(4):975-85. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00414-022-02831-z>
51. Nagasawa S, Motani-Saitoh H, Inoue H, Iwase H. Geographic diversity of *Helicobacter pylori* in cadavers: forensic estimation of geographical origin. *Forensic Sci Int*. 2013;229(1-3):7-12. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2013.02.028>
52. Haarkötter C, Saiz M, Gálvez X, Medina-Lozano MI, Álvarez JC, Lorente JA. Usefulness of microbiome for forensic geolocation: a review. *Life (Basel)*. 2021;11(12):1322. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/life11121322>
53. Knights D, Kuczynski J, Charlson ES, Zaneveld J, Mozer MC, Collman RG, et al. Bayesian community-wide culture-independent microbial source tracking. *Nat Methods*. 2011;8(9):761-3. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/nmeth.1650>
54. Mathai PP, Staley C, Sadowsky MJ. Sequence-enabled community-based microbial source tracking in surface waters using machine learning classification: A review. *J Microbiol Methods*. 2020;177:106050. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2020.106050>
55. Metcalf JL, Xu ZZ, Weiss S, Lax S, Van Treuren W, Hyde ER, et al. Microbial community assembly and metabolic function during mammalian corpse decomposition. *Science*. 2016;351(6269):158-62. Disponible en: <https://doi.org/10.1126/science.aad2646>
56. Jie CAO, Li WJ, Wang YF, An GS, Lu XJ, DU Q xiang, et al. Estimating postmortem interval using intestinal microbiota diversity based on 16S rRNA high-throughput sequencing technology. *J Forensic Med*. 2021;37(5):621-6. Disponible en: <https://doi.org/10.12116/j.issn.1004-5619.2020.400708>
57. Giles SB, Harrison K, Errickson D, Márquez-Grant N. The effect of seasonality on the application of accumulated degree-days to estimate the early post-mortem interval. *Forensic Sci Int*. 2020;315:110419. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110419>
58. Carter DO, Yellowlees D, Tibbett M. Moisture can be the dominant environmental parameter governing cadaver decomposition in soil. *Forensic Sci Int*. 2010;200(1-3):60-6. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2010.03.031>
59. Tolbert M, Finley SJ, Visonà SD, Soni S, Osculati A, Javan GT. The thanatotranscriptome: Gene expression of male reproductive organs after death. *Gene*. 2018;675:191-6. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.06.090>
60. Zou Y, Zhuang C, Fang Q, Li F. Big data and artificial intelligence: new insight into the estimation of postmortem interval. *Fa Yi Xue Za Zhi*. 2020;36(1):86-90. Disponible en: <https://doi.org/10.12116/j.issn.1004-5619.2020.01.017>
61. Singh H, Clarke T, Brinkac L, Greco C, Nelson KE. Forensic microbiome database: a tool for forensic geolocation meta-analysis using publicly available 16S rRNA microbiome sequencing. *Front Microbiol*. 2021;12:644861. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.644861>
62. Aditya S, Sharma AK, Bhattacharyya CN, Chaudhuri K. Generating STR profile from “Touch DNA”. *J Forensic Leg Med*. 2011;18(7):295-8. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jflm.2011.05.007>
63. D’angiolella G, Tozzo P, Gino S, Caenazzo L. Trick or treating in forensics—the challenge of the saliva microbiome: a narrative review. *Microorganisms*. 2020;8(10):1501. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/microorganisms8101501>
64. Wang S, Song F, Gu H, Shu Z, Wei X, Zhang K, et al. Assess the diversity of gut microbiota among healthy adults for forensic application. *Microb Cell Fact*. 2022;21(1):46. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12934-022-01769-6>
65. Watts GS, Youens-Clark K, Slepian MJ, Wolk DM, Oshiro MM, Metzger GS, et al. 16S rRNA gene sequencing on a benchtop sequencer: accuracy for identification of clinically important bacteria. *J Appl Microbiol*. 2017;123(6):1584-96. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/jam.13590>
66. Johnson JS, Spakowicz DJ, Hong BY, Petersen LM, Demkowicz P, Chen L, et al. Evaluation of 16S rRNA gene sequencing for species and strain-level microbiome analysis. *Nat Commun*. 2019;10(1):5029. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13036-1>
67. Chakravorty S, Helb D, Burday M, Connell N, Alland D. A detailed analysis of 16S ribosomal RNA gene segments for the diagnosis of pathogenic bacteria. *J Microbiol Methods*. 2007;69(2):330-9. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2007.02.005>
68. Franzosa EA, Huang K, Meadow JF, Gevers D, Lemon KP, Bohannan BJM, et al. Identifying personal microbiomes using metagenomic codes. *Proc Natl Acad Sci*. 2015;112(22):E2930-8. Disponible en: <https://doi.org/10.1073/pnas.1423854112>
69. Schloissnig S, Arumugam M, Sunagawa S, Mitreva M, Tap J, Zhu A, et al. Genomic variation landscape of the human gut microbiome. *Nature*. 2013;493(7430):45-50. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/nature11711>
70. Young JM, Linacre A. Massively parallel sequencing is unlocking the potential of environmental trace evidence. *Forensic Sci Int Genet*. 2021;50:102393. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102393>
71. Allwood JS, Fierer N, Dunn RR. The future of environmental DNA in forensic science. *Appl Environ Microbiol*. 2020;86(2):e01504-19. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/AEM.01504-19>