Revista esprint Investigación

https://rei.esprint.tech
Vol. 5 N° 2, julio-diciembre 2026 (479-496)

ISSN: 2960-8317

Artículo de revisión

Determinación de grupo y factor sanguíneo en muertes violentas aplicando técnicas de laboratorio

Determination of blood group and factors in violent deaths using laboratory techniques

Daisy Maleny Velasco Moreta*
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba- Ecuador
daisym.velasco@unach.edu.ec
https://orcid.org/0009-0004-9764-4212

Verónica Paulina Cáceres Manzano
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba- Ecuador
vcaceres@unach.edu.ec
https://orcid.org/0000-0001-5710-5661

***Correspondencia:**
daisym.velasco@unach.edu.ec

Cómo citar este artículo:
Velasco, D., & Caceres, V. (2026). Determinación de grupo y factor sanguíneo en muertes violentas aplicando técnicas de laboratorio. *Esprint Investigación, 5*(2), 479-496. https://doi.org/10.61347/ei.v5i2.388

Recibido: *3 de septiembre de 2026*
Aceptado: *5 de octubre de 2026*
Publicado: *12 de octubre de 2026*

Copyright: Derechos de autor 2026 Daisy Maleny Velasco Moreta, Verónica Paulina Cáceres Manzano.

Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0.

Resumen: Las ciencias forenses requieren procedimientos científicos que permitan caracterizar evidencias biológicas y contribuir al esclarecimiento de muertes violentas. El objetivo de esta revisión sistemática fue analizar las técnicas de laboratorio utilizadas para determinar el grupo sanguíneo ABO y el factor Rh en muestras biológicas de interés forense, considerando sus ventajas, limitaciones y utilidad como herramientas complementarias en investigaciones de muertes violentas. La revisión se desarrolló conforme a las directrices PRISMA 2020. Se realizó una búsqueda bibliográfica en Scopus, PubMed y Redalyc, que incluyó publicaciones en inglés y español entre 2022 y el 18 de agosto de 2026. Se consideraron investigaciones sobre técnicas serológicas, inmunohematológicas y moleculares, con aplicación forense directa o potencial. De 129 registros identificados, se incluyeron 18 estudios tras el proceso de selección y evaluación de elegibilidad. Los resultados identificaron procedimientos convencionales de aglutinación y técnicas moleculares como PCR, secuenciación genética, NGS, LAMP y CRISPR/Cas13a. Los métodos serológicos presentaron utilidad para la clasificación sanguínea inicial, mientras que las técnicas moleculares ampliaron las posibilidades de caracterización genética y resolución de discrepancias. No obstante, su aplicación estuvo condicionada por la calidad de las muestras, la validación metodológica y los recursos tecnológicos disponibles. Se concluyó que la determinación ABO/Rh constituye una herramienta complementaria para la caracterización de evidencias biológicas, aunque su limitada capacidad discriminatoria impide establecer por sí sola una identificación humana concluyente.

Palabras clave: Ciencias forenses, factor Rh, grupo sanguíneo ABO, medicina legal, técnicas de laboratorio.

Abstract: *Forensic sciences require scientific procedures to characterize biological evidence and contribute to the investigation of violent deaths. The objective of this systematic review was to analyze the laboratory techniques used to determine ABO blood groups and the Rh factor in biological samples of forensic interest, considering their advantages, limitations, and usefulness as complementary tools in investigations of violent deaths. The review was conducted in accordance with the PRISMA 2020 guidelines. A literature search was performed in Scopus, PubMed, and Redalyc, including publications in English and Spanish from 2022 to August 18, 2026. Studies addressing serological, immunohematological, and molecular techniques with direct or potential forensic applications were considered. Of the 129 records identified, 18 studies were included following the screening and eligibility assessment process. The results identified conventional agglutination procedures and molecular techniques such as PCR, genetic sequencing, next-generation sequencing (NGS), loop-mediated isothermal amplification (LAMP), and CRISPR/Cas13a. Serological methods proved useful for initial blood group classification, whereas molecular techniques expanded the possibilities for genetic characterization and resolution of discrepancies. However, their application was influenced by sample quality, methodological validation, and available technological resources. It was concluded that ABO/Rh determination represents a valuable complementary tool for characterizing biological evidence, although its limited discriminatory power prevents it from independently establishing conclusive human identification.*

Keywords*: ABO blood group, forensic sciences, laboratory techniques, legal medicine, Rh factor.*

1. Introducción

Las ciencias forenses comprenden un conjunto de disciplinas que aplican conocimientos, métodos y técnicas científicas para examinar evidencias relacionadas con hechos de interés judicial. Su finalidad consiste en proporcionar información objetiva que contribuya al esclarecimiento de acontecimientos, la identificación de personas y la administración de justicia. Para ello, integran especialidades como la medicina legal, la genética, la antropología y la criminalística, cuyos procedimientos permiten analizar los indicios y sustentar técnicamente los informes periciales (Pérez-Leyva & Pérez, 2024; Salgado et al., 2025).

La identificación humana constituye uno de los principales desafíos de las investigaciones forenses, particularmente cuando los restos biológicos presentan deterioro, fragmentación o alteraciones derivadas de las condiciones ambientales. Estas circunstancias pueden limitar la aplicación de procedimientos convencionales y dificultar la obtención de información suficiente para establecer la identidad de una persona. En consecuencia, el análisis de evidencias requiere integrar métodos antropológicos, odontológicos, genéticos y serológicos, cuya aplicación complementaria permite ampliar las posibilidades de caracterización e identificación de restos humanos (Caiza et al., 2024; Monzón & Estupiñán, 2026; De Almeida & Nungaray, 2026).

Las muertes violentas, asociadas con homicidios, suicidios y accidentes, requieren investigaciones médico-legales orientadas a determinar la causa, el mecanismo y las circunstancias del fallecimiento. En estos escenarios, la evaluación de lesiones y la recuperación de indicios biológicos proporcionan información relevante para interpretar los acontecimientos investigados. Los procedimientos periciales deben desarrollarse mediante protocolos científicos que garanticen la documentación, conservación y trazabilidad de los hallazgos, de manera que sus resultados puedan contribuir a los procesos judiciales (Granda et al., 2024; Khan et al., 2026).

Entre las disciplinas relacionadas con el análisis de evidencias biológicas, la hematología forense estudia la sangre y sus características como elementos de interés criminalístico. Su aplicación comprende la identificación de indicios hemáticos, la evaluación de sus propiedades y el análisis de su distribución en los escenarios investigados. Estas actividades pueden contribuir a la reconstrucción de acontecimientos mediante la interpretación de los patrones sanguíneos, mientras que los procedimientos serológicos y moleculares permiten obtener información complementaria sobre las características biológicas de las muestras (Roncato et al., 2023).

La determinación de grupos sanguíneos constituye un procedimiento de caracterización biológica basado en la identificación de antígenos presentes en la superficie de los eritrocitos. Entre los sistemas de mayor relevancia se encuentran ABO y Rh, cuyas características están determinadas genéticamente y presentan variaciones entre individuos y poblaciones. El sistema ABO comprende los grupos A, B, AB y O, mientras que el sistema Rh incluye diversos antígenos, entre los cuales el antígeno D constituye el principal referente para la clasificación Rh positiva o negativa (Alqahtani et al., 2024; Khasanova, 2026; Gisbert-Monzón et al., 2023).

En el ámbito forense, la determinación de los sistemas ABO y Rh puede contribuir a la clasificación de evidencias sanguíneas y a la identificación de incompatibilidades entre muestras analizadas. Sin embargo, su capacidad discriminatoria es limitada, debido a que numerosos individuos comparten las mismas características antigénicas. Por consiguiente, estos marcadores no permiten establecer por sí solos una identificación individual concluyente, aunque pueden proporcionar información complementaria cuando se integran con procedimientos genéticos y otras técnicas de investigación criminalística (Jadhao et al., 2022; Rodríguez et al., 2023).

Las técnicas serológicas convencionales utilizadas para determinar los grupos sanguíneos se fundamentan en reacciones específicas entre antígenos eritrocitarios y anticuerpos. Entre los procedimientos empleados se encuentran las pruebas de aglutinación en placa, tubo, microplacas y columnas de gel, seleccionadas según las características de las muestras y los requerimientos analíticos. No obstante, su desempeño puede presentar limitaciones ante variaciones en la expresión antigénica, resultados discrepantes o alteraciones de los componentes sanguíneos, situaciones que requieren procedimientos complementarios de caracterización inmunohematológica (Alqahtani et al., 2024; Khasanova, 2026; Saidin et al., 2026).

Los avances de la biología molecular han favorecido el desarrollo de metodologías orientadas a identificar variantes genéticas relacionadas con los sistemas sanguíneos. Entre estas destacan la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la amplificación isotérmica mediada por bucle (LAMP), la secuenciación de nueva generación (NGS) y los sistemas de detección genética basados en CRISPR/Cas13a. Estos procedimientos permiten complementar la tipificación serológica y ampliar las posibilidades de caracterización cuando se presentan resultados ambiguos o se requiere información genética adicional (Choi et al., 2024; Kim et al., 2022; Wei et al., 2024).

La aplicación de técnicas moleculares en investigaciones forenses también permite analizar determinados marcadores presentes en manchas sanguíneas, muestras biológicas mixtas y materiales conservados durante periodos prolongados. En este campo, la identificación de variantes del sistema ABO mediante PCR y el estudio de marcadores combinados de metilación y microhaplotipos constituyen alternativas para la caracterización de evidencias. Sin embargo, su utilidad depende de las condiciones del material analizado, la disponibilidad de ADN y la validación de los procedimientos empleados (Dobosz et al., 2026; Tang et al., 2024; Xia et al., 2026; Aguilar, 2025).

La calidad de las evidencias sanguíneas representa un factor determinante para la confiabilidad de los resultados obtenidos mediante procedimientos serológicos y moleculares. Las muestras pueden encontrarse depositadas sobre diferentes superficies, expuestas a condiciones ambientales variables o sometidas a procesos de degradación durante su almacenamiento. Factores como la humedad, la temperatura, el tiempo transcurrido y las características del soporte pueden afectar la estabilidad de los componentes biológicos, por lo que resulta indispensable aplicar procedimientos adecuados de recolección, conservación y procesamiento (Bertrand-Ndoye et al., 2026; Rey et al., 2026).

La selección de las técnicas analíticas debe considerar la naturaleza de la evidencia, las condiciones de conservación y las limitaciones de cada procedimiento. Aunque los métodos serológicos permiten caracterizar determinados antígenos eritrocitarios, las técnicas moleculares ofrecen alternativas para examinar variantes genéticas asociadas con los sistemas sanguíneos. En ambos casos, la validez de los resultados depende de la estandarización metodológica, los controles de calidad y la interpretación de los hallazgos conforme al alcance de cada prueba (Matzhold et al., 2024; Mohammed et al., 2026; Usmani et al., 2024).

A pesar de la disponibilidad de procedimientos serológicos y moleculares, resulta necesario sistematizar la evidencia científica sobre sus aplicaciones, ventajas y limitaciones en el análisis de muestras sanguíneas de interés forense. La diversidad de métodos, las diferencias en las condiciones de conservación y las características de las evidencias pueden dificultar la comparación de resultados entre investigaciones. Por ello, una revisión sistemática permite examinar las alternativas analíticas disponibles y establecer su utilidad potencial como herramientas complementarias en investigaciones relacionadas con muertes violentas.

El objetivo de esta revisión sistemática fue analizar las técnicas de laboratorio utilizadas para determinar el grupo sanguíneo ABO y el factor Rh en muestras biológicas de interés forense,

considerando sus aplicaciones, ventajas, limitaciones y utilidad en investigaciones de muertes violentas. Para alcanzar este propósito, se examinaron los procedimientos serológicos y moleculares descritos en la literatura científica, con énfasis en sus características analíticas y su contribución a la caracterización de evidencias sanguíneas.

En correspondencia con el objetivo planteado, la revisión se orientó a responder tres preguntas de investigación: ¿cuáles son las principales técnicas de laboratorio empleadas para determinar el grupo sanguíneo ABO y el factor Rh en muestras biológicas de interés forense?; ¿cuáles son las ventajas y limitaciones de las técnicas serológicas y moleculares utilizadas para su determinación?; y ¿cuál es su utilidad como herramienta complementaria en investigaciones forenses relacionadas con muertes violentas?

2. Metodología

La investigación se desarrolló mediante una revisión sistemática de la literatura científica, siguiendo las recomendaciones de la declaración PRISMA 2020. Este marco permitió estructurar los procedimientos de identificación, selección, evaluación y síntesis de los estudios relacionados con la determinación de los sistemas sanguíneos ABO y Rh. Su aplicación se orientó a favorecer la transparencia y reproducibilidad del proceso de revisión, mediante la documentación sistemática de las decisiones metodológicas adoptadas (Page et al., 2021).

Criterios de inclusión y exclusión

Se establecieron criterios de inclusión y exclusión para delimitar la selección de los estudios y garantizar su pertinencia respecto al objetivo de investigación. Se incluyeron artículos científicos publicados entre 2022 y el 18 de agosto de 2026, en inglés o español, relacionados con la determinación de los sistemas sanguíneos ABO y Rh mediante técnicas serológicas, inmunohematológicas, moleculares o tecnologías emergentes. Se consideraron investigaciones que utilizaron muestras biológicas humanas de interés forense, incluidas muestras post mortem, manchas sanguíneas, material degradado y muestras experimentales empleadas para desarrollar o validar procedimientos con aplicación forense directa o potencial.

En relación con el diseño metodológico, se admitieron estudios observacionales, experimentales, de exactitud diagnóstica, de validación metodológica, modelos predictivos, series de casos y revisiones narrativas que aportaron información sobre los procedimientos de determinación ABO/Rh y su utilidad médico-legal. Se excluyeron registros duplicados, editoriales, cartas al editor, resúmenes de congresos, documentos sin acceso al texto completo y publicaciones ajenas al objeto de estudio. También se descartaron investigaciones cuya información metodológica resultó insuficiente para valorar la confiabilidad o aplicabilidad de los hallazgos.

Para estructurar la estrategia de búsqueda y orientar la selección de la evidencia, se utilizó el modelo PICO. La población comprendió muestras biológicas humanas relacionadas con la determinación de los sistemas ABO y Rh; la intervención incluyó técnicas serológicas, inmunohematológicas, moleculares y tecnologías emergentes; el comparador consideró, cuando estuvo disponible, métodos convencionales frente a procedimientos avanzados. Los resultados contemplaron la determinación sanguínea, el desempeño analítico, las ventajas, las limitaciones y la utilidad forense de las técnicas evaluadas (tabla 1).

Tabla 1

Criterios considerados para cada componente del modelo PICO

Componente	Descripción
P (Población)	Muestras biológicas humanas utilizadas en investigaciones sobre los sistemas ABO y Rh con aplicación forense directa o potencial, incluidas muestras post mortem, manchas sanguíneas, material degradado y muestras experimentales empleadas para validar técnicas de laboratorio.
I (Intervención)	Técnicas serológicas, inmunohematológicas, moleculares y tecnologías emergentes utilizadas para determinar los sistemas ABO y Rh, como aglutinación, PCR, PCR en tiempo real, genotipificación, NGS, LAMP y CRISPR/Cas.
C (Comparador)	Métodos serológicos convencionales frente a técnicas moleculares o tecnologías avanzadas, cuando los estudios incluyeron comparaciones metodológicas.
O (Resultados)	Determinación ABO/Rh, desempeño y confiabilidad analítica, identificación de variantes, ventajas, limitaciones, análisis de muestras complejas y utilidad como evidencia complementaria en investigaciones forenses.

Estrategia de búsqueda

La búsqueda bibliográfica se realizó en Scopus, PubMed y Redalyc, seleccionadas por su cobertura de publicaciones relacionadas con las ciencias biomédicas y disciplinas afines. La estrategia se organizó en tres bloques conceptuales: sistemas sanguíneos ABO y Rh; contexto forense, medicina legal y evidencias biológicas; y técnicas serológicas, inmunohematológicas y moleculares. Los términos se combinaron mediante operadores booleanos y se adaptaron a las características de búsqueda de cada plataforma, conforme a los criterios establecidos.

En Scopus, la búsqueda se restringió a publicaciones en inglés, debido a que durante la exploración inicial no se identificaron documentos pertinentes en español que cumplieran con los criterios definidos. En PubMed y Redalyc se emplearon combinaciones de términos relacionadas con el factor Rh, las muestras post mortem y los procedimientos de laboratorio. Las búsquedas identificaron 90 registros en Scopus, uno en PubMed y 38 en Redalyc, que representaron un total inicial de 129 registros, antes de la eliminación de duplicados (tabla 2).

Tabla 2

Bases de datos y estrategias de búsqueda bibliográfica

Base de datos	Cadena de búsqueda	Registros
Scopus	("blood group" OR "Rh factor" OR "ABO typing" OR "blood group determination") AND ("legal medicine" OR forensic OR "violent death" OR homicide OR "cadaveric blood" OR "postmortem blood" OR "postmortem samples") AND ("laboratory analysis" OR serology OR "enzyme tests" OR "blood identification" OR "blood typing methods" OR immunohematology) AND (LIMIT-TO(PUBYEAR, "2022") OR LIMIT-TO(PUBYEAR, "2023") OR LIMIT-TO(PUBYEAR, "2024") OR LIMIT-TO(PUBYEAR, "2025") OR LIMIT-TO(PUBYEAR, "2026")) AND (LIMIT-TO(DOCTYPE, "ar") OR LIMIT-TO(DOCTYPE, "re")) AND (LIMIT-TO(LANGUAGE, "English"))	90
PubMed	(Rh factor) AND (forensic medicine OR violent death OR post-mortem samples) AND (techniques and procedures)	1
Redalyc	(Rh factor) AND ("violent deaths" OR "legal medicine" OR "homicide") AND (laboratory techniques) AND (cadaveric blood samples)	38
Total		129

Evaluación del riesgo de sesgo

La evaluación del riesgo de sesgo se realizó mediante herramientas seleccionadas según el diseño metodológico de los estudios incluidos. Se empleó SANRA para revisiones narrativas, QUADAS-2 para investigaciones de exactitud diagnóstica, NTP-OHAT para estudios experimentales de laboratorio, PROBAST para modelos predictivos y AXIS o listas de verificación JBI para estudios observacionales. Cada investigación se examinó considerando los dominios y criterios correspondientes al instrumento aplicado, con el propósito de identificar posibles limitaciones metodológicas que afectaran la confiabilidad de sus resultados.

Métodos de síntesis

La información extraída de los estudios seleccionados se organizó en una matriz comparativa que incluyó el tipo de muestra biológica, la técnica de laboratorio utilizada, los parámetros de desempeño analítico y los principales hallazgos. También se registraron las ventajas, limitaciones y aplicaciones forenses descritas en cada investigación. Esta organización permitió comparar los procedimientos de determinación ABO/Rh e identificar diferencias metodológicas relacionadas con las características de las muestras y las condiciones de análisis.

La síntesis de los resultados se desarrolló mediante un enfoque descriptivo y comparativo, considerando las características de las técnicas serológicas, inmunohematológicas y moleculares identificadas. Se examinaron sus aplicaciones, ventajas y limitaciones, así como su utilidad potencial para la caracterización de muestras biológicas de interés forense. Los hallazgos se interpretaron de acuerdo con el alcance de los estudios incluidos, con énfasis en la determinación ABO/Rh como procedimiento complementario en investigaciones relacionadas con muertes violentas.

3. Resultados

Selección de los estudios

La selección de las investigaciones se desarrolló conforme a las directrices de PRISMA 2020 (Page et al., 2021). Durante la identificación se recuperaron 129 registros, distribuidos entre Scopus (n = 90), PubMed (n = 1) y Redalyc (n = 38). Después de eliminar un registro duplicado, se conservaron 128 documentos para el cribado. De estos, 106 fueron excluidos tras examinar sus títulos, resúmenes y palabras clave, mientras que 22 avanzaron a la fase de recuperación del texto completo.

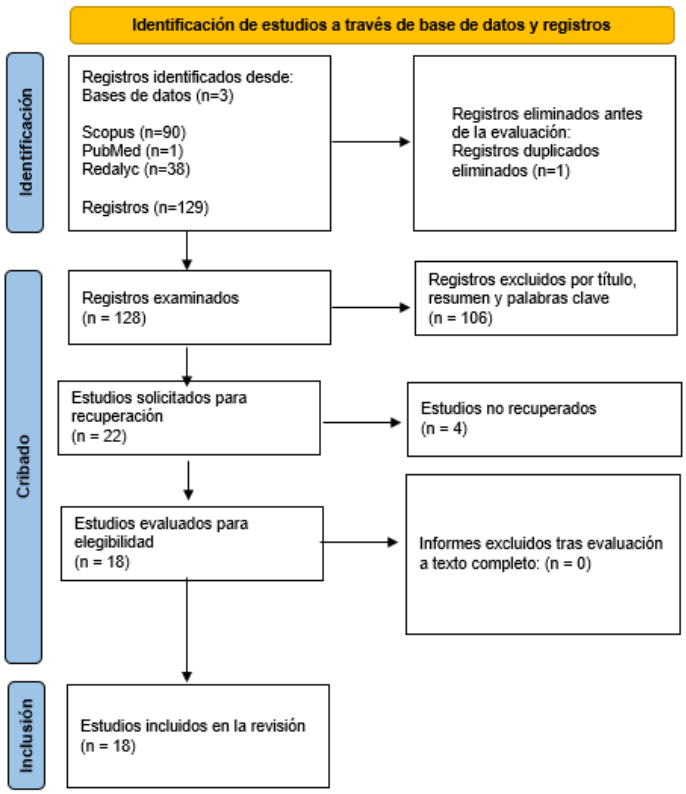
Durante la elegibilidad, cuatro documentos no pudieron recuperarse y 18 fueron evaluados mediante lectura completa. Ninguno de los artículos examinados fue excluido en esta etapa, por lo que la revisión quedó conformada por 18 investigaciones. La figura 1 presenta el proceso de identificación, cribado, recuperación, evaluación de elegibilidad e inclusión de los estudios, con sus respectivas frecuencias y las decisiones adoptadas durante la selección.

Evaluación del riesgo de sesgo

La evaluación metodológica se efectuó mediante instrumentos seleccionados según los diseños de investigación. Las cuatro revisiones narrativas fueron valoradas con SANRA y obtuvieron resultados favorables, mientras que los seis estudios clasificados como diagnósticos se examinaron mediante QUADAS-2, identificándose tres con riesgo bajo, dos moderados y uno alto. Los tres estudios de laboratorio evaluados mediante NTP-OHAT fueron clasificados con riesgo bajo, de acuerdo con los criterios utilizados en la revisión

Figura 1

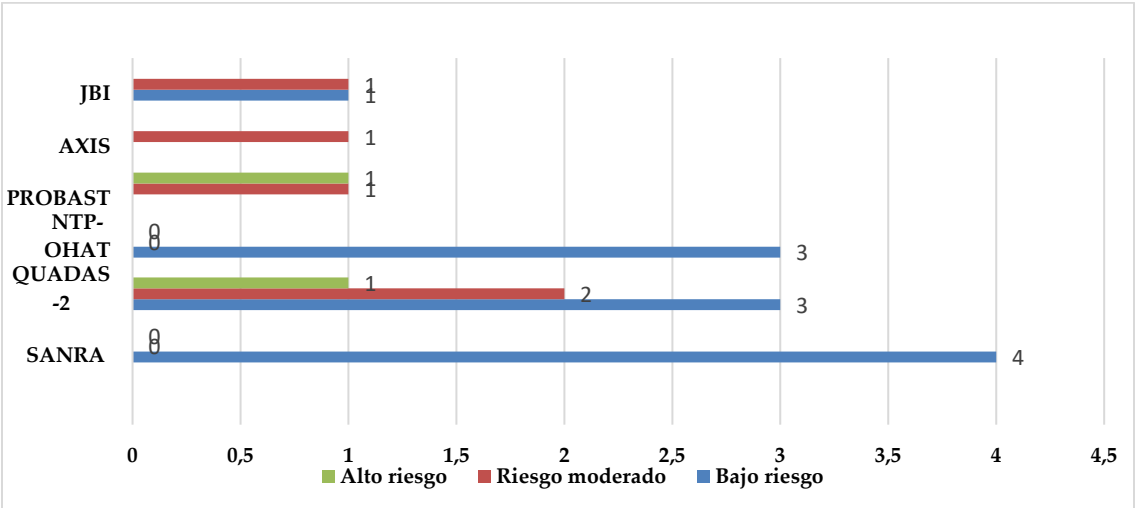
Diagrama de flujo PRISMA 2020



Los dos estudios clasificados como modelos predictivos se evaluaron mediante PROBAST y presentaron, respectivamente, riesgo moderado y alto. Por su parte, los tres estudios restantes se examinaron utilizando AXIS y listas JBI, con dos valoraciones moderadas y una baja. En conjunto, la clasificación utilizada identificó 11 investigaciones con riesgo bajo, cinco con riesgo moderado y dos con riesgo alto. La figura 2 presenta esta distribución, aunque las valoraciones deben interpretarse considerando las diferencias entre los instrumentos aplicados.

Figura 2

Distribución de las valoraciones de riesgo de sesgo y calidad metodológica de los estudios incluidos



Características generales de los estudios incluidos

Para caracterizar la evidencia científica seleccionada, se examinaron la autoría, el diseño metodológico, el país de procedencia y las características de las muestras o poblaciones estudiadas. Esta clasificación permitió identificar investigaciones experimentales, revisiones narrativas, estudios tecnológicos y series de casos relacionados con los sistemas ABO y Rh. La tabla 3 presenta las características de los 18 estudios incluidos, con el propósito de contextualizar las condiciones en que se desarrollaron y su relación con el análisis forense.

Tabla 3

Características generales de los estudios incluidos en la revisión sistemática

Autor(es)	Tipo de estudio	País	Características de las muestras o población
Matzhold et al. (2024)	Experimental de laboratorio	Austria	Muestras de 100 individuos y seis muestras clínicas empleadas para evaluar haplotipos ABO mediante técnicas moleculares.
Rey et al. (2026)	Experimental de laboratorio	Australia	Ensayos sobre membranas de celulosa y nitrocelulosa para evaluar la estabilidad de pruebas de agrupamiento sanguíneo.
Saidin et al. (2026)	Serie de casos	Malasia	Tres casos de subgrupos del fenotipo A, examinados mediante procedimientos inmunohematológicos complementarios.
Sainath y Ramaiyan (2025)	Revisión narrativa	India	Evidencia sobre variantes RhD débiles y métodos serológicos y moleculares para su caracterización.
Shao et al. (2026)	Experimental molecular	China	120 individuos examinados mediante secuenciación del gen ABO y análisis de variantes regulatorias.
Shao et al. (2024)	Experimental molecular	China	317 donantes de sangre evaluados mediante procedimientos de genotipificación Rh y secuenciación genética.
Tang et al. (2024)	Experimental forense	China	124 muestras individuales utilizadas para desarrollar marcadores de metilación sanguínea y microhaplotipos.
Usmani et al. (2024)	Revisión narrativa	Estados Unidos	Evidencia sobre genotipificación ABO, control de calidad y procedimientos moleculares en inmunohematología.
Wei et al. (2024)	Experimental molecular	China	Muestras biológicas utilizadas para evaluar un procedimiento CRISPR/Cas13a de identificación de genotipos ABO.
Xia et al. (2026)	Experimental forense	China	Manchas sanguíneas mezcladas de dos individuos, examinadas mediante procedimientos de separación celular.
Zhou et al. (2024)	Experimental molecular	China	653 donantes evaluados mediante serología y PCR múltiple en tiempo real para genotipificación RHC/c.
Arishi et al. (2025)	Revisión narrativa	Arabia Saudita	Evidencia sobre avances moleculares aplicados a la determinación de grupos sanguíneos.
Chakraborti y Ghosh (2024)	Revisión narrativa	India	Evidencia sobre alteraciones microbianas y discrepancias en la tipificación serológica ABO forense.
Choi et al. (2024)	Experimental con aplicación forense	Corea del Sur	Muestras biológicas simuladas utilizadas para evaluar técnicas LAMP y PCR en tiempo real.
Dobosz et al. (2026)	Experimental molecular	Polonia	Material biológico y muestras preservadas utilizadas para determinar marcadores ABO y amelogenina mediante PCR.
Jadhao et al. (2022)	Desarrollo tecnológico	Australia	402 muestras utilizadas para evaluar el algoritmo RBCeq de tipificación genética sanguínea.
Kim et al. (2022)	Serie de casos clínicos	Corea del Sur	Cuatro casos inmunohematológicos examinados mediante secuenciación de nueva generación.
Li et al. (2026)	Experimental tecnológico	China	Muestras utilizadas para desarrollar un sensor basado en grafeno para la detección del grupo sanguíneo ABO.

Nota. La clasificación metodológica corresponde a la información proporcionada en la revisión y requiere cotejo con los diseños declarados en las publicaciones originales.

Los estudios presentaron una distribución geográfica concentrada principalmente en Asia, con una mayor representación de investigaciones desarrolladas en China y Corea del Sur. Estos trabajos abordaron técnicas de genotipificación, secuenciación y detección molecular de variantes sanguíneas. También se identificaron publicaciones procedentes de Europa, Oceanía y Estados Unidos, relacionadas con la validación de procedimientos, el análisis de subgrupos sanguíneos y la implementación de métodos avanzados de determinación ABO/Rh (Choi et al., 2024; Matzhold et al., 2024; Shao et al., 2026; Wei et al., 2024).

Desde el punto de vista metodológico, se identificaron principalmente investigaciones experimentales y de desarrollo tecnológico, acompañadas de revisiones narrativas y series de casos. Las muestras analizadas comprendieron sangre humana, material procedente de donantes, muestras clínicas y evidencias biológicas experimentales. Algunos estudios incorporaron manchas sanguíneas mezcladas o material conservado durante periodos prolongados, lo que permitió examinar aplicaciones potenciales de los procedimientos en condiciones de interés forense (Dobosz et al., 2026; Tang et al., 2024; Xia et al., 2026).

Técnicas de laboratorio, ventajas, limitaciones y utilidad forense

Para responder a las preguntas de investigación, se compararon los procedimientos de laboratorio identificados en los estudios incluidos, sus principales ventajas y limitaciones y su posible contribución a la investigación de muertes violentas. Se consideraron técnicas serológicas, moleculares y tecnologías emergentes aplicadas a la determinación o caracterización de los sistemas ABO y Rh. La tabla 4 sintetiza los hallazgos individuales, diferenciando las aplicaciones forenses directas de aquellas cuya utilidad se consideró potencial o complementaria.

Tabla 4

Principales técnicas de laboratorio, ventajas, limitaciones y utilidad forense de los estudios incluidos

Autor(es)	Técnicas empleadas (P1)	Ventajas y limitaciones (P2)	Utilidad forense (P3)
Choi et al. (2024)	LAMP y PCR en tiempo real para genotipificación ABO.	Rapidez analítica; necesidad de equipos y validación.	Caracterización ABO de muestras biológicas simuladas de interés forense.
Tang et al. (2024)	Marcadores de metilación sanguínea y microhaplotipos.	Análisis de mezclas; complejidad técnica y necesidad de validación.	Identificación del origen sanguíneo y análisis de contribuyentes.
Xia et al. (2026)	Anticuerpos HNA-1, citometría de flujo y microdisección láser.	Separación de componentes de mezclas; infraestructura especializada.	Análisis complementario de manchas sanguíneas mixtas.
Dobosz et al. (2026)	PCR para determinar marcadores ABO y amelogenina.	Análisis de material preservado; sensibilidad a la degradación del ADN.	Caracterización genética de muestras con conservación limitada.
Chakraborti y Ghosh (2024)	Revisión de métodos de serología ABO forense.	Accesibilidad de la serología; posibles interferencias microbianas.	Interpretación de discrepancias en la tipificación ABO.
Wei et al. (2024)	CRISPR/Cas13a para detección de variantes ABO.	Detección molecular específica; necesidad de validación analítica.	Aplicación potencial en caracterización molecular sanguínea.
Zhou et al. (2024)	PCR múltiple y genotipificación RHC/c.	Caracterización de variantes Rh; posibles discrepancias genotipo-fenotipo.	Información molecular complementaria sobre el sistema Rh.
Shao et al. (2024)	PCR y procedimientos de genotipificación Rh.	Estudio de variantes; dependencia de marcadores seleccionados.	Caracterización complementaria de antígenos Rh.

Kim et al. (2022)	Secuenciación de nueva generación.	Caracterización molecular detallada; costos y complejidad.	Resolución potencial de discrepancias sanguíneas.
Jadhao et al. (2022)	Algoritmo RBCeq para tipificación genética.	Análisis de datos genómicos; necesidad de información genética confiable.	Herramienta potencial de caracterización de grupos sanguíneos.
Matzhold et al. (2024)	PCR de largo alcance y secuenciación para haplotipificación ABO.	Identificación de variantes complejas; equipamiento especializado.	Caracterización molecular complementaria del sistema ABO.
Rey et al. (2026)	Ensayos sanguíneos sobre sustratos de papel.	Posibilidad de análisis accesibles; influencia del soporte y almacenamiento.	Aplicación potencial en procedimientos de determinación sanguínea.
Saidin et al. (2026)	Pruebas serológicas para subgrupos ABO.	Caracterización de fenotipos poco frecuentes; riesgo de clasificación discrepante.	Interpretación complementaria de variantes sanguíneas.
Arishi et al. (2025)	Revisión de PCR, microarrays, NGS y genotipificación.	Mayor caracterización genética; costos de implementación.	Fundamentación de aplicaciones moleculares potenciales.
Usmani et al. (2024)	Revisión de genotipificación ABO y aseguramiento de calidad.	Resolución de discrepancias; necesidad de estandarización.	Orientación para implementar procedimientos moleculares.
Li et al. (2026)	Biosensor de grafeno para detección sanguínea.	Potencial rapidez; tecnología que requiere validación adicional.	Posible aplicación futura en detección ABO.
Sainath y Ramaiyan (2025)	Revisión de métodos serológicos y moleculares para RhD débil.	Caracterización de variantes; limitaciones de técnicas convencionales.	Información complementaria para clasificación Rh.
Shao et al. (2026)	Secuenciación avanzada de regiones regulatorias ABO.	Identificación de variantes complejas; análisis especializado.	Caracterización genética potencialmente aplicable al ámbito forense.

Nota. P1 = técnicas de laboratorio; P2 = ventajas y limitaciones; P3 = utilidad forense. Las aplicaciones potenciales no equivalen a validaciones realizadas directamente con evidencias procedentes de muertes violentas.

Principales técnicas empleadas para la determinación ABO y Rh

Los hallazgos identificaron una diversidad de procedimientos analíticos para caracterizar los sistemas sanguíneos ABO y Rh. Entre las técnicas moleculares se encontraron PCR, LAMP, secuenciación de nueva generación, secuenciación de largo alcance y detección de polimorfismos mediante CRISPR/Cas13a. Estos procedimientos permitieron explorar la identificación de variantes genéticas y complementar la información obtenida mediante métodos serológicos, especialmente ante resultados discrepantes o necesidades de caracterización molecular detallada (Choi et al., 2024; Matzhold et al., 2024; Wei et al., 2024).

Los procedimientos serológicos conservaron relevancia para la clasificación de antígenos eritrocitarios, mientras que las investigaciones moleculares se orientaron principalmente a resolver discrepancias y caracterizar variantes sanguíneas. La secuenciación genética permitió estudiar subgrupos ABO y otras particularidades inmunohematológicas, y los procedimientos de genotipificación aportaron información complementaria sobre los antígenos Rh. Estas aplicaciones evidenciaron diferencias en el alcance de las técnicas, según el tipo de marcador y la finalidad del análisis (Kim et al., 2022; Saidin et al., 2026; Shao et al., 2024; Zhou et al., 2024).

También se identificaron tecnologías emergentes relacionadas con el desarrollo de biosensores, algoritmos de tipificación genética y procedimientos especializados de detección molecular. Estas alternativas ampliaron las posibilidades de procesamiento e interpretación de información sanguínea, aunque sus aplicaciones dependieron de las condiciones de validación y del equipamiento disponible. En consecuencia, su utilidad forense se consideró potencial cuando las investigaciones originales no evaluaron directamente muestras procedentes de escenarios criminalísticos (Jadhao et al., 2022; Li et al., 2026; Usmani et al., 2024).

Ventajas y limitaciones de las técnicas de laboratorio

Las principales ventajas identificadas en los procedimientos serológicos estuvieron relacionadas con su accesibilidad y utilidad para la clasificación inicial de grupos sanguíneos. Sin embargo, las investigaciones documentaron dificultades de interpretación asociadas con variantes antigénicas y posibles discrepancias entre los resultados. Estas limitaciones adquirieron especial relevancia cuando se consideraron alteraciones microbianas o fenotipos sanguíneos poco frecuentes, cuya presencia pudo dificultar la asignación convencional de los grupos ABO y Rh (Chakraborti & Ghosh, 2024; Saidin et al., 2026; Sainath & Ramaiyan, 2025).

Las técnicas moleculares aportaron ventajas para la identificación de variantes genéticas y la caracterización de muestras que requerían mayor resolución analítica. Los procedimientos basados en PCR y secuenciación permitieron examinar marcadores específicos y abordar determinadas discrepancias entre fenotipo y genotipo. No obstante, se identificaron limitaciones relacionadas con los costos, la infraestructura especializada, la interpretación bioinformática y la calidad del material genético, factores relevantes para su implementación en laboratorios forenses (Arishi et al., 2025; Matzhold et al., 2024; Usmani et al., 2024).

La estabilidad de las muestras constituyó otro aspecto relevante para interpretar el desempeño de los procedimientos. Las investigaciones sobre sustratos de papel evidenciaron la importancia de las condiciones de almacenamiento en los ensayos sanguíneos, mientras que los estudios de material preservado exploraron procedimientos moleculares aplicables a muestras de conservación limitada. Estos resultados destacaron la necesidad de considerar las condiciones preanalíticas y las características del material antes de seleccionar una técnica de determinación sanguínea (Dobosz et al., 2026; Rey et al., 2026).

Utilidad de los sistemas ABO y Rh en investigaciones forenses de muertes violentas

La evidencia examinada mostró que los sistemas ABO y Rh pueden proporcionar información complementaria para la caracterización y comparación de muestras biológicas. Los estudios con aplicación forense directa exploraron la genotipificación ABO, la identificación de marcadores específicos de sangre y el análisis de evidencias mixtas. Estos procedimientos ampliaron las alternativas disponibles para examinar material biológico en condiciones complejas, aunque no sustituyeron los métodos de individualización genética utilizados para establecer la identidad humana (Choi et al., 2024; Dobosz et al., 2026; Tang et al., 2024).

En las investigaciones relacionadas con mezclas sanguíneas se identificaron aplicaciones dirigidas a diferenciar componentes celulares y analizar posibles contribuyentes. La combinación de marcadores específicos de sangre con procedimientos moleculares permitió explorar estrategias complementarias de caracterización de evidencias biológicas. Sin embargo, estas aplicaciones no demostraron por sí mismas que la determinación convencional de ABO/Rh permitiera identificar individualmente a los participantes de una mezcla, por lo que su interpretación requirió considerar el alcance de cada técnica (Tang et al., 2024; Xia et al., 2026).

Los estudios desarrollados en contextos clínicos y de medicina transfusional aportaron información sobre variantes sanguíneas y procedimientos de caracterización genética. Aunque sus resultados presentaron relevancia potencial para el análisis de evidencias, no todos evaluaron directamente muestras post mortem ni materiales procedentes de muertes violentas. Esta diferencia limitó la posibilidad de extrapolar sus hallazgos al ámbito criminalístico sin validaciones adicionales, especialmente cuando las condiciones de conservación y procesamiento de las muestras fueron distintas (Kim et al., 2022; Sainath & Ramaiyan, 2025; Shao et al., 2026).

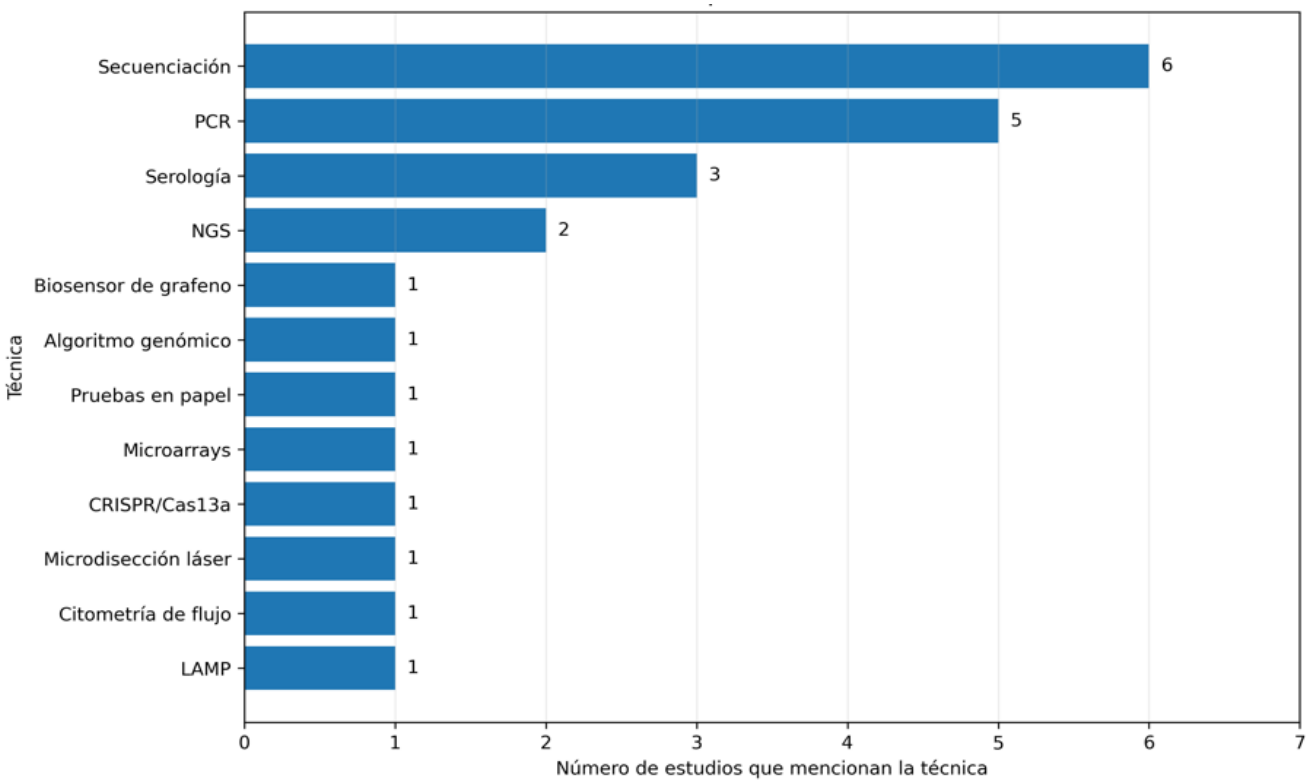
Distribución de las técnicas de laboratorio identificadas

Para complementar la síntesis de las investigaciones, se examinó la distribución de las técnicas de laboratorio descritas en los estudios incluidos. Esta clasificación consideró los procedimientos serológicos, moleculares y tecnológicos registrados en la matriz de extracción de información, teniendo en cuenta que una misma investigación pudo emplear varias metodologías. La figura 3 presenta las frecuencias de utilización de las técnicas identificadas y permite visualizar la diversidad de procedimientos asociados con la determinación ABO y Rh.

La distribución presentada en la figura 3 reflejó una presencia importante de procedimientos moleculares, particularmente aquellos basados en PCR y secuenciación genética. También se identificaron técnicas de LAMP, CRISPR/Cas13a, citometría de flujo y biosensores, junto con procedimientos serológicos convencionales. Esta diversidad metodológica evidenció la incorporación de herramientas especializadas para ampliar la caracterización de los sistemas ABO y Rh, aunque la frecuencia de utilización no constituyó por sí misma un indicador de superioridad analítica (Choi et al., 2024; Li et al., 2026; Wei et al., 2024; Xia et al., 2026).

Figura 3

Principales técnicas de laboratorio empleadas para la determinación de los sistemas ABO y Rh con aplicación forense directa o potencial



Nota. Elaboración propia a partir de los estudios incluidos. Una investigación pudo contribuir a más de una categoría de técnicas.

4. Discusión

Los resultados de esta revisión sistemática evidenciaron que la determinación de los sistemas sanguíneos ABO y Rh constituye un procedimiento complementario para la caracterización de evidencias biológicas en el ámbito forense. Los 18 estudios incluidos mostraron una diversidad de metodologías serológicas y moleculares, orientadas a mejorar la clasificación sanguínea y la identificación de variantes antigénicas

y genéticas. Sin embargo, su capacidad para individualizar personas continúa siendo limitada frente a los perfiles de ADN, por lo que sus resultados deben interpretarse juntamente con otras técnicas de identificación humana (Jadhao et al., 2022; Rodríguez et al., 2023).

En relación con las técnicas convencionales, los procedimientos inmunohematológicos basados en aglutinación conservaron relevancia por su utilidad en la clasificación inicial de los grupos sanguíneos y su aplicación en laboratorios especializados. No obstante, su desempeño puede verse comprometido por discrepancias serológicas, variantes antigénicas y alteraciones de las muestras biológicas, especialmente cuando presentan condiciones desfavorables de conservación. Estas limitaciones evidenciaron la necesidad de complementar los resultados serológicos con métodos adicionales cuando la interpretación no resulte concluyente (Chakraborti & Ghosh, 2024; Khasanova, 2026; Saidin et al., 2026).

Los hallazgos relacionados con las técnicas moleculares mostraron avances en la identificación de variantes genéticas asociadas con los sistemas ABO y Rh. Choi et al. (2024) evaluaron procedimientos basados en LAMP y PCR en tiempo real, mientras que Wei et al. (2024) desarrollaron un método de detección de polimorfismos mediante CRISPR/Cas13a. Por su parte, Zhou et al. (2024) examinaron la genotipificación RHC/c, y Sainath y Ramaiyan (2025) describieron las dificultades de caracterización del fenotipo RhD débil. Estos aportes respaldaron la utilidad de los métodos moleculares para complementar la tipificación convencional, aunque no demostraron una superioridad universal en todas las condiciones analíticas.

Respecto a las ventajas y limitaciones, las investigaciones evidenciaron que las técnicas moleculares ofrecieron mayores posibilidades de caracterización genética y resolución de determinadas discrepancias serológicas, aunque su implementación requirió equipos especializados, procedimientos validados y personal capacitado. En contraste, los métodos convencionales mantuvieron ventajas operativas para la clasificación sanguínea, pero presentaron limitaciones ante variantes antigénicas y posibles interferencias biológicas. Por consiguiente, la elección del procedimiento debió considerar el propósito del análisis, las características de la muestra y los recursos disponibles, en lugar de asumir la superioridad de una metodología sobre otra (Arishi et al., 2025; Chakraborti & Ghosh, 2024; Usmani et al., 2024).

El análisis de muestras complejas constituyó uno de los principales ámbitos de aplicación potencial de las tecnologías moleculares en investigaciones forenses. Tang et al. (2024) estudiaron marcadores de metilación específicos de sangre y microhaplotipos para examinar mezclas biológicas, mientras que Dobosz et al. (2026) evaluaron la determinación molecular de marcadores ABO en materiales preservados mediante PCR. Estas investigaciones mostraron posibilidades para caracterizar evidencias que presentan dificultades analíticas, aunque sus resultados no deben interpretarse como demostración de que la tipificación ABO/Rh permita identificar individualmente a los contribuyentes de una muestra mixta.

La conservación de las evidencias biológicas representó un factor relevante para interpretar el desempeño y las limitaciones de las técnicas examinadas. Rey et al. (2026) evaluaron la influencia de los sustratos y las condiciones de almacenamiento sobre la estabilidad de ensayos de determinación sanguínea, mientras que Bertrand-Ndoye et al. (2026) abordaron el empleo de micromuestras de sangre en el contexto de la tanatología forense. En conjunto, estos aportes destacaron la importancia de considerar las características del material biológico y las condiciones preanalíticas para seleccionar procedimientos adecuados y evitar interpretaciones que excedan la calidad de la evidencia disponible.

Desde una perspectiva médico-legal, la utilidad de los sistemas ABO y Rh radicó principalmente en su capacidad para aportar información de clasificación y exclusión, sin constituir pruebas suficientes de identidad individual. La caracterización sanguínea pudo complementar el análisis de otros marcadores biológicos y contribuir a orientar procedimientos posteriores de laboratorio. Sin embargo, la coincidencia de un grupo sanguíneo entre dos muestras no demuestra que procedan de una misma

persona, debido a la distribución compartida de estos fenotipos en la población. Esta consideración reforzó la necesidad de interpretar los resultados mediante un enfoque multidisciplinario (Jadhao et al., 2022; Rodríguez et al., 2023).

Una limitación relevante de la evidencia examinada fue la heterogeneidad de los diseños metodológicos, las técnicas empleadas y las características de las muestras analizadas. Aunque algunas investigaciones utilizaron materiales de interés forense, otras se desarrollaron en contextos clínicos, inmunohematológicos o de validación tecnológica. Esta diversidad restringió la comparación directa del desempeño de los procedimientos y la extrapolación de sus resultados a investigaciones de muertes violentas. Por ello, las aplicaciones forenses demostradas debieron distinguirse de aquellas propuestas a partir de resultados experimentales o clínicos (Kim et al., 2022; Matzhold et al., 2024; Tang et al., 2024).

La interpretación conjunta de los estudios también estuvo condicionada por las diferencias en su calidad metodológica y por la concentración geográfica de las investigaciones incluidas. Estas características limitaron la posibilidad de establecer conclusiones generalizables sobre el desempeño de las técnicas en distintos escenarios forenses. En consecuencia, las futuras investigaciones deberían priorizar la validación de procedimientos serológicos y moleculares en muestras post mortem, degradadas y mezcladas, mediante protocolos estandarizados, comparadores apropiados y criterios explícitos de evaluación analítica.

En síntesis, los hallazgos respaldaron la utilización de la determinación ABO/Rh como herramienta complementaria para la caracterización de evidencias biológicas, particularmente cuando se integró con procedimientos genéticos especializados. Las técnicas moleculares ampliaron las posibilidades de identificación de variantes y análisis de determinadas muestras complejas, mientras que los métodos serológicos conservaron utilidad para la clasificación sanguínea. No obstante, la evidencia disponible no permitió establecer que una técnica fuera superior en todos los contextos ni que estos sistemas sanguíneos sustituyeran los métodos de identificación genética individualizante.

5. Conclusiones

La presente revisión sistemática permitió establecer que la determinación del grupo sanguíneo ABO y del factor Rh constituyó una herramienta complementaria para la caracterización y comparación de evidencias biológicas de interés forense. Los 18 estudios incluidos identificaron aplicaciones de estos marcadores en la clasificación sanguínea y el análisis de muestras complejas. Sin embargo, su capacidad discriminatoria limitada impidió considerarlos procedimientos suficientes para establecer una identificación individual concluyente, por lo que su interpretación requirió la integración con métodos genéticos de mayor poder individualizador.

Las técnicas identificadas comprendieron procedimientos serológicos convencionales y metodologías moleculares, como PCR, secuenciación genética, genotipificación y sistemas basados en CRISPR/Cas. Los métodos serológicos mantuvieron utilidad para la clasificación sanguínea inicial, aunque presentaron limitaciones ante variantes antigénicas y condiciones desfavorables de conservación. Por su parte, las técnicas moleculares ampliaron las posibilidades de caracterización genética y resolución de discrepancias, pero su implementación exigió infraestructura especializada, procedimientos validados y recursos técnicos adecuados.

La utilidad de la determinación ABO y Rh estuvo condicionada por las características de las muestras, su estado de conservación y la selección del procedimiento analítico. Las investigaciones con aplicación forense directa aportaron evidencia sobre el análisis de manchas sanguíneas, materiales preservados y determinadas mezclas biológicas. No obstante, una parte de los estudios procedió de

contextos clínicos o experimentales, lo que limitó la extrapolación de sus resultados a investigaciones de muertes violentas. Esta diferencia evidenció la necesidad de interpretar los hallazgos conforme al alcance de cada investigación.

Los resultados respaldaron la integración de procedimientos serológicos y moleculares como estrategias complementarias, sin establecer la superioridad universal de una técnica sobre otra. La heterogeneidad metodológica de los estudios incluidos evidenció la necesidad de desarrollar investigaciones que evalúen su desempeño en muestras post mortem, degradadas y mezcladas. En consecuencia, se recomienda fortalecer la estandarización de protocolos, la validación analítica y los controles de calidad, con el propósito de mejorar la confiabilidad de la caracterización sanguínea en contextos médico-legales.

Referencias

Aguilar, J. (2025). Predicción de rasgos externamente visibles a través del ADN y sus implicaciones en identificación humana. *Revista Digital de Ciencia Forense, 4*(2), 13–21. https://n9.cl/u2s41

Alqahtani, S., Refaei, A., Majari, M., Albar, A., Hagawi, M., Arishi, M., Hothan, S., Hamadi, M., Refaei, A., Aljihany, M., Hothan, F., Awaji, F., Jabali, R., & Arishi, A. (2024). Rh blood group system: Clinical significance, laboratory testing, and transfusion safety. *The Review of Diabetic Studies, 20*(S7), 381–400. https://n9.cl/ibn6d4

Arishi, W., Yaqinuddin, A., & Sajid, M. (2025). Molecular advances in transfusion medicine: A narrative review. *Frontiers in Medicine, 12*, Article 1607340. https://doi.org/10.3389/fmed.2025.1607340

Bertrand-Ndoye, M., Girard, H., Hakim, F., Gish, A., Ghoul, C., Delannoy, Y., Scanvion, Q., Hédouin, V., & Gaulier, J.-M. (2026). Use of blood micro-samples in forensic thanatology. *Forensic Science International*, *380*, Article 112798. https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2025.112798

Caiza, J., Castillo, R., López, J., & Moncayo, J. (2024). Identificación humana en cadáveres del Ecuador: Avances y desafíos en técnicas forenses. *Anatomía Digital, 7*(2.2), 54–75. https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v7i2.2.3054

Chakraborti, S., & Ghosh, S. (2024). Bridging the gap: Exploring the microbial influence on forensic ABO typing discrepancies for enhanced investigative accuracy. *Forensic Science International, 365*, Article 112284. https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2024.112284

Choi, H., Choi, J., Kwak, K., Kim, Y., Kim, E., & Lim, S. K. (2024). Rapid ABO genotyping method using loop-mediated isothermal amplification (LAMP) and real-time PCR. *International Journal of Legal Medicine, 138*(3), 751–756. https://doi.org/10.1007/s00414-023-03144-5

De Almeida, C., & Nungaray, M. (2026). La apófisis estiloides como herramienta en la identificación humana post-mortem. *Gaceta Internacional de Ciencias Forenses*, (58), 65–78. https://n9.cl/m3os3r

Dobosz, T., Bonar, M., Jonkisz, A., Kantyka, N., & Dobosz, A. (2026). ABO and amelogenin determination by PCR, from experimental bloodstains and from museum specimens, using a non-destructive approach. *Genes, 17*(6), Article 659. https://doi.org/10.3390/genes17060659

Gisbert-Monzón, E., Alcalá-Espinoza, E., Espinoza-Ariñez, E., Salazar, G., Aruquipa-Cabexas, E., & Arce-Coronado, J. (2023). Forensic study of ancient bone remains: Study guide. *Revista Mexicana de Medicina Forense y Ciencias de la Salud, 8*(2), 1–9. https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumenI.cgi?IDARTICULO=112520

Granda, E., Ochoa, A., Pilco, H., & Quinga, H. (2024). Suicidio, homicidio y accidentes: Un enfoque desde la medicina legal. *LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades, 5*(6), 801–812. https://doi.org/10.56712/latam.v5i6.3047

Jadhao, S., Davison, C., Roulis, E., Schoeman, E., Divate, M., Haring, M., Williams, C., Irving, D., Hyland, C., Flower, R., & Nagaraj, S. (2022). RBCeq: A robust and scalable algorithm for accurate genetic blood typing. *eBioMedicine, 76*, Article 103759. https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2021.103759

Khan, S., Rasool, A., Rehman, U., Nawaz, A., & Jalil, H. (2026). The role of medico legal reports in strengthening criminal investigations. *TPM – Testing, 32*(S6), 2495–2507. https://doi.org/10.5281/zenodo.20351727

Khasanova, M. (2026). New possibilities for determining the abo blood group in forensic medical practice. *Central Asian Journal of Medicine, 1*(4), 243–247. https://n9.cl/ipch7t

Kim, T., Yu, H., Phan, M., Jang, J., & Cho, D. (2022). Application of blood group genotyping by next-generation sequencing in various immunohaematology cases. *Transfusion Medicine and Hemotherapy, 49*(2), 88–96. https://doi.org/10.1159/000517565

Li, Y., Li, P., Yao, Y., & Zhao, W. (2026). A carbohydrate-based graphene field-effect transistor sensing system for rapid blood type detection. *Sensors & Diagnostics*. https://doi.org/10.1039/d5sd00228a

Matzhold, E., Drexler-Helmberg, C., Helmberg, W., Wagner, A., & Wagner, T. (2024). Allele-specific long-range sequencing as a method for ABO haplotyping in clinical blood group diagnosis and immunohematology research. *Molecular Genetics & Genomic Medicine, 12*(1), Article e2286. https://doi.org/10.1002/mgg3.2286

Mohammed, D., Mahmoud, O., Ibrahim, S., Abed, F., Hameed, M., & Muhi, S. (2026). Serological biomarkers in forensic science: A review. *Baghdad Journal of Biochemistry and Applied Biological Sciences, 7*(2), 110–124. https://doi.org/10.47419/bjbabs.v7i2.449

Monzón, Y., & Estupiñán, N. (2026). Identificación forense en casos de desmembramiento criminal: Aplicación de análisis antropológico interdisciplinario. *Gaceta Internacional de Ciencias Forenses*, (58), 77–84. https://n9.cl/ffno3

Pérez-Leyva, C., & Pérez, L. (2024). El Laboratorio de Criminalística y Ciencias Forenses como aporte técnico-científico en la administración de justicia. *Behavior & Law Journal, 10*(1). https://behaviorandlawjournal.com/BLJ/article/view/108

Rasool, M., Qammar, M., Ansari, A., Khalil, M., Zulqarnain, S., Habiba, U. E., Zunaira, Rasool, M., & Sultana, S. (2025). COMPARITIVE BLOOD GROUP FREQUENCY RESEARCH ARTICLE. *Pakistan Journal of Medical & Cardiological Review, 4*(3), 2168–2181. https://n9.cl/wccqro

Rey, L., Inglis, D., Care, A., Wang, Y., & Hirani, R. (2026). Impact of paper substrates and storage conditions on the stability of blood grouping assays. *Advanced Materials Interfaces, 13*(8), Article e01090. https://doi.org/10.1002/admi.202501090

Rodríguez, R., Pérez, E., Loy, B. H., & Díaz, L. (2023). La genética forense como herramienta de investigación policial. *Revista Mexicana de Medicina Forense y Ciencias de la Salud, 8*(2), 105–120. https://doi.org/10.25009/revmedforense.v8i2.3022

Roncato, P., da Costa, M., & da Silva, C. (2023). Forensic reconstructive hematology in Brazil. *Research, Society and Development, 12*(1), Article e12812139612. https://doi.org/10.33448/rsd-v12i1.39612

Saidin, N., Che Anuar, N., Hassan, M., Mohd, N., Zulkafli, Z., & Edinur, H. (2026). Rare subgroup of A phenotype—A case series. *Asian Biomedicine, 20*(3), 202–205. https://doi.org/10.2478/abm-2026-0023

Sainath, P., & Ramaiyan, V. (2025). Weak D phenotype in transfusion medicine and obstetrics: Challenges and opportunities. *World Journal of Experimental Medicine, 15*(2), Article 102345. https://doi.org/10.5493/wjem.v15.i2.102345

Salgado, C., Zárate, M., Cifuentes, O., & Sánchez, F. (2025). Avance de las ciencias forenses en el Ecuador. *VitalyScience Revista Científica Multidisciplinaria, 3*(8), 121–137. https://doi.org/10.56519/47afsz75

Shao, L., Xia, Y., Yang, Y., Li, N., Li, C., Wang, L., Song, W., Zhou, S., & Fan, Y. (2026). The polymorphism of ABO gene regulatory regions in 120 individuals residing in Dalian, China. *Transfusion Medicine, 36*(4), 370–376. https://doi.org/10.1111/tme.70066

Shao, L., Zheng, Z., Zhou, S., Song, W., Xia, Y., & Liang, X. (2024). RHC genotyping in Chinese Han population. *BMC Genomics, 25*(1), Article 525. https://doi.org/10.1186/s12864-024-10444-6

Tang, X., Wen, D., Jin, X., Wang, C., Xu, W., Qu, W., Xu, R., Jia, H., Liu, Y., Li, X., Chen, S., Fu, X., Liang, B., Li, J., Liu, Y., & Zha, L. (2024). A preliminary study on identification of the blood donor in a body fluid mixture using a novel compound genetic marker blood-specific methylation-microhaplotype. *Forensic Science International: Genetics, 70*, Article 103031. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2024.103031

Usmani, A., Morris, G., & Murphey, C. (2024). The increasing need for ABO blood group genotyping and quality assurance implications for laboratory implementation. *Human Immunology, 85*(2), Article 110766. https://doi.org/10.1016/j.humimm.2024.110766

Wei, H., Liu, L., Jiang, H., Chen, H., Wang, Y., Han, Y., Rong, Z., & Wang, S. (2024). CRISPR/Cas13a-based single-nucleotide polymorphism detection for reliable determination of ABO blood group genotypes. *Analyst, 149*(7), 2161–2169. https://doi.org/10.1039/d3an02248j

Xia, X., Zheng, J., Wang, S., Liu, Z., Li, Z., Wang, D., Li, X., Wu, X., & Yao, J. (2026). Separation and identification of two-individual mixed bloodstains using human neutrophil antigen-1 antibodies. *International Journal of Legal Medicine, 140*(3), 1797–1808. https://doi.org/10.1007/s00414-026-03718-z

Zhou, S., Liu, M., Shao, L., Song, W., Wang, L., & Fan, Y. (2024). Accuracy of RHC/c genotyping in Chinese Han population. *Transfusion Medicine, 34*(4), 298–303. https://doi.org/10.1111/tme.13056

Transparencia

Conflicto de interés

Las autoras declaran que no existen conflictos de interés de naturaleza alguna como parte de la presente investigación.

Fuente de financiamiento

Las autoras financiaron completamente la investigación.

Contribución de autoría

Daisy Maleny Velasco Moreta: Conceptualización, metodología, validación, análisis formal, investigación, gestión de datos, visualización, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos, supervisión.

Verónica Paulina Cáceres Manzano: Conceptualización, metodología, software, análisis formal, investigación, gestión de datos, redacción - revisión y edición, financiamiento, recursos.

Las autoras contribuyeron activamente en el análisis de los resultados, revisión y aprobación del manuscrito final