

## Genética forense para la identificación de aves ilegales en cautiverio

Ana Luiza Lemos Queiroz<sup>1</sup>, Rodrigo Ribeiro Mayrink<sup>2</sup>, Nazaré Lucio de Abreu<sup>1</sup>, Bruno Diniz<sup>1</sup> e Evanguedes Kalapothakis<sup>1</sup>.

\*e-mail: [allqueiroz91@gmail.com](mailto:allqueiroz91@gmail.com)

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares – Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil

<sup>2</sup>Policía Federal de Brasil – Sector Técnico-Científico/SR/MG, Belo Horizonte, MG, Brasil

### Introducción

El tráfico ilegal de animales silvestres es una de las actividades que mueven más recursos financieros en el mundo y amenaza la existencia de varias especies. En Brasil, las aves son los animales más traficados y varias especies pueden criarse legalmente en cautiverio. Así, la práctica del "blanqueo de animales" (*wildlife laundering*) es común y permite dar una falsa apariencia de legalidad a los animales provenientes del tráfico ilegal e introducidos fraudulentamente en criaderos legalizados. En genética forense, las pruebas de paternidad/afiliación nos permiten identificar si



*Saltator similis*

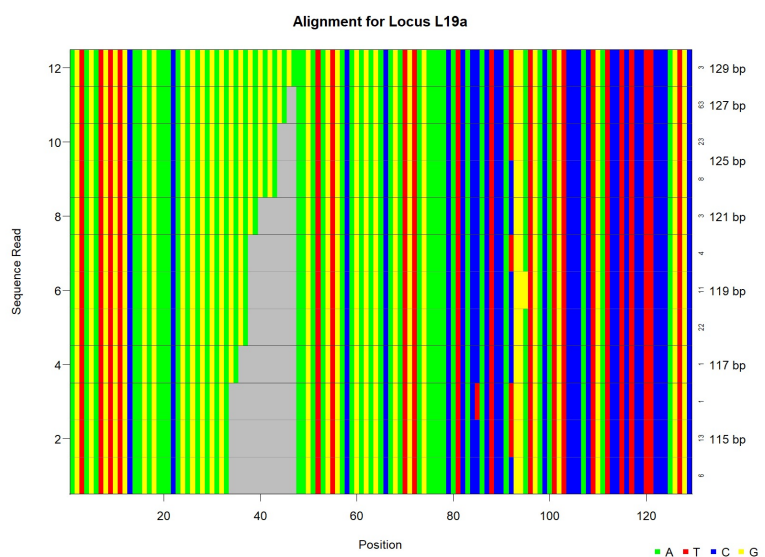
los animales realmente nacieron en cautiverio e incluso evaluar la legalidad de las matrices, siendo una herramienta útil para combatir el tráfico de animales silvestres. Nuestro grupo de investigación ya tiene un historial de desarrollo de este tipo prueba para varias especies, e incluso ha colaborado en una inspección realizada por la agencia ambiental brasileña que cerró un criadero comercial con irregularidades. La secuenciación masiva de ADN optimiza el proceso de genotipado, reduciendo el tiempo de procesamiento, la manipulación y el costo por muestra en comparación con la tecnología de secuenciación de Sanger.

### Objetivos

El objetivo de este trabajo fue desarrollar una prueba de paternidad para *Saltator similis* (una de las dos especies más frecuentemente decomisadas en Brasil), para identificar animales ilegales en criaderos utilizando secuencias de ADN generadas por secuenciación de nueva generación. Después de secuenciar el genoma de la especie, se identificaron y seleccionaron regiones de microsatélites para verificar el polimorfismo y la capacidad para componer el panel de genotipificación, así como una prueba piloto para su validación.

### Resultados e conclusiones

El análisis de secuencias, y no solo el tamaño del fragmento, proporcionó mayor calidad de información y confiabilidad. Los 10 microsatélites seleccionados demostraron ser eficientes para las pruebas de pertenencia, pudiendo identificar relaciones de parentesco incluso cuando se utilizan menos de diez *loci*. Por lo tanto, la técnica forense desarrollada demostró ser efectiva para detectar el blanqueo de vida silvestre.



Ejemplo de la alineación de los resultados de un locus que muestra diferencias en el tamaño de los microsatélites y también la aparición de SNP (*Single Nucleotide Polimorfism*). Figura producida por el programa CHIIMP (Computational High-throughput Individual Identification through Microsatellite Profiling) (Barbian 2018).