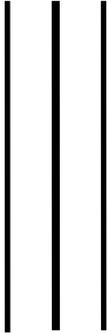




**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO**

**FACULTAD DE MEDICINA
LICENCIATURA EN CIENCIA FORENSE**



**ANÁLISIS DE ARTRÓPODOS EDÁFICOS
(AMPHIPODA, ISOPODA, COLLEMBOLA Y DIPLURA)
ASOCIADOS AL PROCESO DE DESCOMPOSICIÓN DE
SUS SCROFA DOMESTICA LINNAEUS, 1758, EN LA
RESERVA ECOLÓGICA DEL PEDREGAL DE SAN
ÁNGEL.**

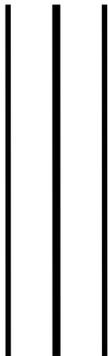
Facultad de Medicina



T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

LICENCIADA EN CIENCIA FORENSE



P R E S E N T A

BRENDA EUNICE JIMÉNEZ ESTRELLA



**CIENCIA
FORENSE
U N A M**

**DIRECTOR DE TESIS:
DR. CARLOS S. PEDRAZA LARA**

CIUDAD UNIVERSITARIA, CDMX., 2024



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



**Protesta universitaria de integridad y honestidad
académica y profesional
(Titulación o graduación con trabajo escrito)**



De conformidad con lo dispuesto en los artículos 87, fracción V, del Estatuto General, 68, primer párrafo, del Reglamento General de Estudios Universitarios y 26, fracción I, y 35 del Reglamento General de Exámenes, me comprometo en todo tiempo a honrar a la institución y a cumplir con los principios establecidos en el Código de Ética de la Universidad Nacional Autónoma de México, especialmente con los de integridad y honestidad académica.

De acuerdo con lo anterior, manifiesto que el trabajo escrito titulado:

"Análisis de Artrópodos Edáficos (Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura) asociados al proceso de descomposición de *Sus scrofa* doméstica Linnaeus, 1758, en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel"

que presenté para obtener el título/grado de Licenciada en Ciencia Forense, es original, de mi autoría y lo realicé con el rigor metodológico exigido por mi entidad académica, citando las fuentes de ideas, textos, imágenes, gráficos u otro tipo de obras empleadas para su desarrollo.

En consecuencia, acepto que la falta de cumplimiento de las disposiciones reglamentarias y normativas de la Universidad, en particular las ya referidas en el Código de Ética llevará a la nulidad de los actos de carácter académico administrativo del proceso de titulación/graduación.

Atentamente

Brenda Eunice Jiménez Estrella. 13 de agosto de 2024. 315293182

(Nombre, firma, fecha y número de cuenta de la persona alumna)

A G R A D E C I M I E N T O S

A la Universidad Nacional Autónoma de México por ser mi lugar de enseñanza desde la preparatoria y por brindarme educación de la mejor calidad que me permitió llegar a cumplir mis metas académicas.

Infinitos agradecimientos a la Licenciatura en Ciencia Forense de la Escuela Nacional de Ciencias Forenses (ENaCiF) por ser el hogar en el que cumplí uno de los sueños más grandes de mi vida. Por siempre brindar el mejor espacio y conocimiento para la formación de las y los científicos forenses para México. Por brindar una formación académica de alta calidad y nivel con los mejores recursos y profesores. Por ser un lugar en el que siempre recibí todo el apoyo que llegué a requerir durante y posterior a mi formación.

A la Directora de la ENaCiF la Dra. Zoraida García Castillo, por brindar el apoyo a los estudiantes desde el primer momento en el que formamos parte de esta maravillosa carrera y por estar siempre pendiente de las necesidades de todos nosotros.

A todos y cada uno de mis profesores de la ENaCiF, que me enseñaron lo valioso que es el conocimiento de muchas áreas en la Ciencia Forense. Fue un honor aprender de todos y cada uno.

Con todo el respeto y admiración a mi Director de tesis, el Dr. Carlos S. Pedraza-Lara, por aceptar este camino en un momento complicado post pandemia, por siempre atender a los requerimientos durante el desarrollo de esta investigación, así como por toda la dedicación a los detalles de mi tesis. Por brindarme un respaldo en cada paso, por su humildad al siempre compartir su amplio conocimiento, pero sobre todo por su enorme paciencia. Fue un honor aprender y tomarle un gran cariño a la entomología forense admirando el trabajo de un investigador como usted.

A cada uno de los miembros del sínodo, Dr. Carlos S. Pedraza-Lara, Dr. José Guadalupe Palacios-Vargas, Dr. Fernando Álvarez Noguera, Dra. Margarita Ojeda Carrasco y al Dr. Christian Cárdenas Monroy, por su valioso tiempo invertido en la revisión de mi tesis, así como por todas sus recomendaciones para hacer de este trabajo una mejor aportación a la Ciencia Forense.

Al proyecto PAPIIT: Diversidad Faunística de Interés en Entomología Forense en México, número: 033/2016, por los recursos utilizados durante toda la investigación.

A la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel, a la Cantera Oriente y al Biól. Francisco Martínez, por siempre permitir el acceso a las instalaciones para los muestreos requeridos en esta tesis.

Al Dr. Lucas Roberto Pereira Gomes, por su disposición y apoyo durante todos los días en los que se desarrolló mi tesis, por sus precisiones, paciencia en el laboratorio y valiosos consejos académicos para crear un mejor trabajo.

Con todo el agradecimiento a la Dra. Nery Sofía Huerta Pacheco, por su gran guía, apoyo y paciencia en la realización de la parte estadística de este trabajo, así como por su aliento a seguir adelante en cada momento.

A la Dra. Margarita Ojeda Carrasco, por su participación en el muestreo y separación de muestras control de artrópodos durante el experimento.

Al Dr. José Guadalupe Palacios-Vargas, así como a la Dra. Blanca Estela Mejía Recamier, por su apoyo al aplicar sus conocimientos especializados en la identificación morfológica de muestras de colémbolos.

A la Mtra. en Ciencias. Maira S. Montejo Cruz, por su apoyo en la identificación morfológica de las muestras de dipluros de este trabajo.

Al Lic. Isaí Castillo Cardozo, por su aportación en la realización de los comandos para el esquema 3D y mapas de calor utilizados en los análisis estadísticos de esta tesis.

Al Dr. Christian Cárdenas Monroy, por todo su apoyo durante la fase molecular de mi tesis, por su valiosa ayuda en los últimos trámites de este camino, así como por compartir siempre nuevo e interesante conocimiento en el área forense.

A la Dra. Alejandra Mercado Salomón, por su valiosa ayuda en la comprensión y análisis de la descomposición cadavérica en el biomodelo, así como en la fase de laboratorio molecular donde siempre me compartió las mejores recomendaciones para realizar una buena praxis.

A la Dra. Laura Margarita Márquez Valdelamar, por su ayuda en la realización de todas las secuencias de DNA obtenidas en este trabajo.

Con cariño y respeto a la Mtra. Chantal Loyzance, por su orientación en los trámites de mi tesis, por su increíble convivencia y amenidad en momentos de mucha alegría durante estos dos años.

Con admiración y cariño al Dr. Mirsha Emmanuel Quinto-Sánchez, por su apoyo en la recreación del sitio del experimento, implementando sus conocimientos en el área de Arqueología Forense, así como por las pláticas, risas y su valiosa enseñanza de enfrentar valientemente los cambios en esta vida.

A la Dra. Olimpia Palacios Rios, por brindarme su conocimiento en Antropología Forense para la recreación del sitio de experimento.

Al Biol. Alan Cano Ravell, por apoyar en la separación e identificación de las muestras manuales de artrópodos de referencia obtenidas en el año de 2017.

Muchas gracias al equipo de la clase de Entomología Forense Avanzada que participó en los muestreos de 2017, sin ellos no hubiera sido posible toda la investigación de este trabajo.

A las estudiantes de servicio social del Laboratorio de Entomología Forense, del periodo 2022-2023; Susana Pérez, Geraldine Casillas, Mariana Vázquez, Citlali Maza y la pasante en Ciencia Forense Ivonne Lisette Ruíz-Peralta, que apoyaron en la cuidadosa separación de los artrópodos que se encontraban dentro de las trampas pitfall.

A las estudiantes de servicio social del Laboratorio de Antropología y Odontología Forense (LAOF); Sonia Laura Camarillo y Michelle Tenorio, por participar en la recreación del sitio de estudio del experimento.

A la Dra. Jennifer Hincapie Sánchez, por su enorme guía al inicio de la carrera, por ser mi tutora en los primeros años de la misma, en quien además encontré un gran apoyo para mí y mi familia. La quiero mucho Dra.

Al Mtro. y Comandante José Manuel Olmos, por ser el profesor más comprometido con el crecimiento de sus alumnos, gracias por todo su conocimiento compartido, por su increíble manera de enseñar la Ciencia Forense, por creer en nuestro perfil profesional, por ampliar nuestra mentalidad, por enseñarnos el valor de nuestro trabajo y por inyectarnos confianza en nuestra capacidad. Gracias por todo su apoyo Comandante, lo admiro mucho.

Al Dr. Jorge Luis López Zepeda, la Mtra. Jesica Marlene Cortés Espitia, la Mtra. Gabriela Ochoa y al Mtro. Bruno Ramírez Ornelas. Por todo su apoyo, enorme paciencia, grandes enseñanzas e increíbles momentos a lo largo de mi formación universitaria.

DEDICATORIAS

“El vínculo que te une a tu verdadera familia no es el de la sangre, sino el del respeto y la alegría que tú sientes por las vidas de ellos y ellos por la tuya.”

Richard Bach

Mamá y Papá, jamás terminaré de agradecerles el apoyo incondicional que me brindaron en toda mi vida académica. Gracias infinitas por comprender y aceptar el sueño de su hija, por nunca cortarme las alas, al contrario, gracias por siempre creer en mí y darme las herramientas para que pudiera alcanzar mis metas. Mamá, tu incondicionalidad, respaldo y confianza en mí me hacen fuerte todos los días, te admiro con todo el corazón. Papá, tu protección, ayuda y fé en mí me empujan a seguir adelante siempre. Gracias a ambos por ser mi principal ejemplo de superación día a día, por ser quienes me sostienen de la mano en cada paso, por siempre estar presentes, por todos los valores y por enseñarme a enfrentar la vida con la cabeza en alto. Ésto es fruto del esfuerzo de todos, espero algún día poder regresarles mucho de lo que toda la vida me han dado con todo el amor. Los amo para toda la vida y vamos por más.

A mi hermana Fenandy, el salvavidas de mi vida, gracias por ser en la tierra la persona que más lecciones me ha dado para enfrentar la vida con valentía y coraje. Gracias por ser esa mujer que desde muy pequeña defendió a su hermana de cualquier persona, por darme las palabras de aliento más duras y con todo el amor del mundo. Gracias por siempre tener un “aquí estoy siempre” en todos los momentos en los que estuve a punto de quedarme sin aliento. Gracias por demostrarme que una mujer puede con todos y con todo. Te amo muchísimo hermana mayor, hoy y siempre.

A mi hermosa bebé Emma Sofía, llegaste en el mismo año en el que pasé uno de los retos más grandes. Mi licenciatura se vió acompañada de tí desde el día uno, dos alegrías en mi corazón cobraron fuerza al mismo tiempo. Gracias por ser la sobrina más amorosa, noble e inteligente. Con esto espero aportarte un antecedente de que los sueños se cumplen, de que se llega a la meta si lo deseas y trabajas con dedicación y amor. Te prometo siempre estar contigo incondicionalmente en cada paso que des. Te amo pequeña.

A mi ángel mayor, hasta el día de hoy sigo pensando que de estar tú aquí yo sería una persona con más confianza para alcanzar mis objetivos. Hoy finalmente terminé lo que seguramente desde allá arriba me viste comenzar y quiero agradecerte el que jamás soltaras mi mano, en cada noche sin dormir, en cada momento en el que sentí que no podía más, en cada prueba que tuve que superar, en cada logro cumplido, en cada paso dado, sin duda, tú siempre fuiste la luz que me guió cada

mañana en este camino desde mi proceso de selección. Gracias infinitas a tí mi coco hermosa. Te amo con todo mi corazón, eternamente.

A mi ángel con más luz, Abuelita Irma gracias por inyectarme la fuerza para enfrentar los momentos difíciles, sin duda tu coraje y valentía me acompañaron en este camino, fuiste y serás un ejemplo de fortaleza y decisión para mí. Te amo de aquí al cielo.

A mi hermano Pablo, gracias por ser mi mayor ejemplo de resistencia y adaptación. Siempre fuí tu fan, pero sin duda el caminar juntos en esta etapa fue increíble, ver como cumplías tu meta como Cadete de la Marina ha sido un gran orgullo. Te amo muchísimo, vamos a seguir creciendo en esta vida en la que ambos sabemos hasta dónde queremos llegar.

A mi tía Omis, buena parte de mi camino académico no sería posible sin ti, gracias por ser mi primera cuidadora, por generar un vínculo muy fuerte de confianza conmigo y por quererme mucho. Te quiero muchísimo momis.

A mi prima Pau, gracias por siempre mostrarme que debemos ser empáticos con todos, que siempre se puede regalar una sonrisa y ayuda a las personas que más lo necesitan. Gracias infinitas a ti y a Artu por su incondicional ayuda en mi camino académico y más, son los mejores hermanos mayores que la vida me regaló. Y por supuesto gracias por Montse que es un regalo tenerla en esta familia. Los quiero mucho.

A mis tíos Wis y Yayo, por siempre estar en cada paso demostrando un apoyo incondicional e interés genuino a mi trayectoria académica, así como por brindar un lazo de apoyo con mucha felicidad para toda mi familia y para mí. Los quiero mucho.

A mi tío Memo, por ser el primer ejemplo de culminar exitosamente una licenciatura, por siempre estar pendiente de mi trayectoria académica dándome todos sus consejos y herramientas para que mejorara en cada paso. Así como a su hermosa familia construida con mi tía Mary, quienes siempre tienen algo bonito que aportarme y a quienes quiero mucho.

A los peques Liz y Javi, por a su corta edad ser un ejemplo de disciplina y éxito. Los quiero muchísimo.

A mis tíos Chivis y Mario, por el apoyo incondicional a mi familia, por ser para mí un ejemplo de superación y trabajo duro todos los días, todo lo que logran es una inspiración para seguir adelante sin importar nada. Los quiero mucho.

A mi tía Paty, por ser una mujer trabajadora, empática y compartida. Gracias por todo el apoyo en mi trayectoria académica y por actuar con el corazón hacia todos los sobrinos.

A mis primos y tíos Jiménez, por ser cada uno una inspiración desde distintos puntos, por salir adelante en cada complicación y sobre todo por los bonitos momentos que hemos compartido juntos.

A Tano y Mica por ser los peludos más fieles en acompañarme en todas y cada una de mis desveladas.

A mis Amigos.

A la amistad más real que he tenido en esta vida, Ivonns: gracias por ser el verdadero ejemplo de lo que significa la amistad. Nunca me alcanzarán las palabras para expresar mi agradecimiento por todo lo que tú y tu mami han hecho por mí en estos siete años. Gracias a nuestros ángles hemos recorrido este camino juntas desde el día uno, y verdaderamente ha sido un honor compartirlo contigo, aprender de tí y admirarte profundamente, sin duda contigo la carrera me dejó una hermana de vida. Siempre te agradeceré el que estuvieras conmigo en todo momento, que me escucharas, estudiaras conmigo y me dieras las mejores palabras cuando más lo necesité. Gracias por ser quién confío en mi capacidad incluso antes de que yo lo hiciera, por nunca juzgarme, por tu corazón tan noble, por tu inmensa empatía y por ser la persona que eres. Apenas comienza todo por lo que hemos trabajado y quiero que sepas que en cada paso que des desearé el mayor de los éxitos para tí porque mereces eso y más en esta vida. Que orgullo verte convertir en la mejor Científica Forense. Te quiero mucho y te admiro por siempre amiga.

A mi amistad curita, Susanita gracias por tu nobleza, sinceridad, tus abrazos llenos de cariño, tú corazón tan grande y por la enseñanza tan valiosa de que en ocasiones está bien no estar bien. Siempre daré gracias a la vida por cruzarnos en el momento que más necesitábamos Ivonns y yo de una amistad sincera. Te admiro mucho, eres y serás siempre mi Bióloga favorita. Lovyu.

A Lucas Joberto, gracias por tu amistad llena de cafecito, cumbias, comidas, momentos de muchas risas, pero sobre todo de conocimiento de gran calidad, que gusto poder decir que pude contar con la ayuda del más grande experto en Anthomyiidae. Te admiro y te quiero mucho.

Al mejor Maestro en Bioquímicas, Alonso gracias por llegar a ponerle tanta luz a mis relaciones de amistad, por toda tu alegría, tus historias, tu hermosa forma de mantener un lugar en gran amenidad, por demostrar tu amistad en las formas más bonitas posibles y por tus consejos en esta vida. Lovyu mucho.

A mis amigas de vida Tatiana y Aranza, gracias por continuar aquí después de tantos años, por todo su cariño, por los momentos de gran felicidad, por creer en mí y por el lazo tan fuerte que nos une. Las admiro y amo mucho.

A mi querida Chong, gracias por todos los momentos llenos de alegría, por ser una hermana para mí. Gracias porque a pesar del tiempo sé que estaremos una para la otra. Te quiero mucho mi abogada fav.

A un ejemplo de superación personal, Dharani gracias por todas las pláticas que me hicieron sentir que no estaba sola, por siempre creer en mí, por no juzgarme y apoyarme en todo momento, gracias por tu amistad tan leal en la que me muestras que es de amigas desear el éxito para ambas. Lovyu mucho amigui.

A la amistad que le hacía falta a mi vida, Sheila gracias por toda tu energía, por ser el twin destinado a conocer, por tu amistad tan sincera y viva, por tu felicidad, por los conciertos llenos de gritos, por todo lo bonito que transmites. Tu amistad le inyectó confianza y energía a este proceso de titulación. Te quiero mucho.

A los integrantes del entodactiequipo con quienes vivimos momentos increíbles, Mariana, Mich, Val, Geral, Citlali y Diego, gracias por todos los cafés y pláticas que nos hacían pasar un mejor día en el laboratorio. Los quiero mucho.

A los elementos que me acompañaron en toda la carrera, gracias por los momentos de felicidad, las reuniones, las pijamadas, los festivales del terror, las clases de pole, las videollamadas, las sesiones de estudio, los cafés antes de clase, los consejos, las fiestas, los trabajos en equipo, el servicio social, por absolutamente todo lo que me llenó de vida durante poco más de cuatro años, se cerró un ciclo de mucha felicidad, pero siempre se quedaran en mi corazón y las admirare.

A las cinco personas que con su voz, durante estos años me mostraron que aunque la vida se complique a veces, siempre *hay que tener fé y apostar*, porque todos tenemos la capacidad de seguir de pie, no perder la calma, y tener una historia escrita para triunfar, que nos lleve *más lejos que el Sol*.

ÍNDICE

1.INTRODUCCIÓN	1
1.1 Entomología Forense	1
1.1.2 Aplicaciones de la entomología forense	1
1.2 Sucesión y descomposición	3
1.2.1 Sucesión ecológica.....	3
1.2.2 Sucesión cadavérica	4
1.2.3 Etapas de descomposición	6
1.2.4 Factores en el ambiente que influyen en el proceso de descomposición	8
1.2.5 Cambios en el ambiente producto del proceso de descomposición	8
1.3 Conceptos ecológicos	9
1.3.1 Comunidad.....	9
1.3.2 Ecología de comunidades.....	10
1.3.3 Ecología de poblaciones.....	10
1.3.4 Dinámica de poblaciones	10
1.3.5 Abundancia	11
1.3.6 Composición	11
1.3.7 Diversidad/riqueza de especies.....	11
1.3.8 Nicho ecológico	12
1.4 Grupos biológicos incluidos	12
1.4.1 Arthropoda: Hexapoda y Crustacea	12
1.4.2 Artrópodos edáficos	13
1.4.3 Categorías ecológicas de artrópodos edáficos	14
1.4.4 Diversidad de artrópodos edáficos	17
1.5 Identificación de especies	24
1.5.1 Identificación morfológica.....	25
1.5.2 Identificación molecular	25
1.5.3 Problemática de la identificación de algunos grupos de artrópodos en México.....	26
2. ANTECEDENTES	27
2.1 Grupos edáficos en un proceso de descomposición	27
2.2 Estado de conocimiento de los artrópodos edáficos relacionados con el proceso de descomposición de un cuerpo en México	29
3. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	31
4. JUSTIFICACIÓN FORENSE	32
5. OBJETIVOS	33
6. METODOLOGÍA	34

6.1 Zona de estudio	34
6.2 Descripción del experimento	35
6.3 Descripción de las etapas de descomposición	42
6.4 Separación de especímenes	42
6.5 Identificación	44
6.6 Datos de profundidad de la pendiente del lugar de muestreo	52
6.7 Análisis estadísticos	52
6.7.1 Análisis de asociación	53
6.7.2 Análisis de comparación de muestras	56
7. RESULTADOS	58
7.1 Descripción de las etapas de descomposición	58
7.2 Número de especímenes	63
7.3 Composición de los grupos de interés	63
7.4 Identificación morfológica de los especímenes	64
7.5 Identificación molecular de los especímenes	72
7.6 Resultados estadísticos	77
7.6.1 Análisis de asociación	77
7.6.2 Análisis de comparación de muestras	105
8. DISCUSIÓN	111
8.1 Asociación temporal y espacial de los grupos evaluados con el proceso de descomposición ...	112
8.2 Etapas del proceso de descomposición	117
8.3 Criterios propuestos para definir especies indicadoras de etapas del proceso	117
8.4 Observaciones en la identificación molecular de los grupos de artrópodos incluidos	120
8.5 Implicaciones para la práctica forense	121
9. CONCLUSIONES	123
10. REFERENCIAS	126
11. ANEXOS	142

1.INTRODUCCIÓN

1.1 Entomología Forense

La entomología forense es la ciencia que estudia y aplica la biología de la fauna de artrópodos relacionada con aspectos legales (Pedraza-Lara, 2016). En este sentido, se trata de una actividad que de acuerdo con Byrd y Castner (2010) “se basa en el estudio de aspectos de la biología de las especies en cuestión, tales como la tasa de desarrollo, los patrones de sucesión, los hábitos de comportamiento, etcétera, y de la relación con los procesos cadavéricos de descomposición de un cuerpo”. Aunado a ello, esta ciencia puede llegar a tener múltiples interacciones que son posibles con otros campos del conocimiento como el derecho, la química, la genética y la antropología, entre otras, con las que su interacción tiene un enorme potencial para aportar utilidad en una diversidad de aspectos legales (Pedraza-Lara et al., 2018).

A lo largo del tiempo, su estudio se ha dividido en tres grandes ramas, las cuales incluyen a la entomología forense urbana, entomología de alimentos almacenados y la entomología médico-legal (Pedraza-Lara, 2017). Sin embargo, existe la necesidad de reconocer una mayor amplitud de los campos que se incluyen en ella, como la entomología veterinaria, la entomotoxicología, la entomología en delitos ambientales, entre otros (Byrd y Tomberlin, 2010).

La entomología forense urbana, de acuerdo con Pedraza-Lara (2016) “se refiere al estudio y manejo de infestaciones de artrópodos en edificios, jardines o incluso cultivos, que pueden tener consecuencias legales entre civiles y empresas. De igual forma, el estudio de materias primas o alimentos almacenados contaminados con artrópodos o partes de los mismos concierne a estos campos de la entomología forense”. Por su parte, la entomología forense médico-legal la refiere como quizá la división más ampliamente utilizada, que realiza el análisis de los insectos y otros grupos de fauna como evidencia para fines forenses y legales como, en un proceso de descomposición cadavérica y/o en el deceso de una persona (Pedraza-Lara, 2017).

1.1.2 Aplicaciones de la entomología forense

Principalmente, su trabajo radica en los aportes y alcances que puedan ayudar a la búsqueda de respuestas en un hecho delictivo cuyas causas no han quedado esclarecidas. Considerando la entomología médico-legal, algunas de sus principales aportaciones están enfocadas al

esclarecimiento de circunstancias en casos de negligencia infantil, negligencia en adultos con padecimientos en sus facultades mentales u otros que limiten su comunicación y/o locomoción, también casos de traslados de cadáveres, así como el movimiento o el almacenamiento de los restos después de la muerte, la identificación de metabolitos de drogas de abuso en entomofauna hallada en cadáveres con estados avanzados de descomposición (entomotoxicología) y la contribución más común, la estimación del intervalo de tiempo entre la muerte y la recuperación del cuerpo, también conocido como intervalo *post mortem* mínimo (IPMmín.) en cadáveres con fecha de deceso desconocida (Pedraza-Lara et al., 2018; Amendt et al., 2007).

Un punto a considerar es que el período de actividad de los insectos no siempre corresponde al intervalo *post mortem* (IPM), y esto se debe a que dicho periodo de actividad podría ser más corto, como en el caso de un retraso en el acceso al cuerpo por los artrópodos (por ejemplo, si el cuerpo ha tenido un inhumación previa o simplemente si el cuerpo se encontraba en una habitación sellada, etc.), o más largo, como en el caso de la miasis (larvas que se alimentan de tejidos vivos, que continúan alimentándose de tejidos necróticos después de la muerte). Es por ello, que el cálculo utilizado por los expertos en entomología forense sólo indica un tiempo mínimo desde la muerte (Amendt et al., 2007). Asimismo, se debe tomar en cuenta que después de 48 a 72 horas, especialmente en el caso de exposición al aire libre de un cadáver, las técnicas asociadas con la medicina forense se vuelven menos precisas para evaluar el momento de la muerte, y la información que puede proporcionar el ambiente (en este caso, los artrópodos) comienza a ocupar un lugar central en la investigación (Catts, 1992).

Por otro lado, se resalta que las distintas especies de insectos necrófagos presentes pueden proporcionar un período de tiempo de varias horas a meses para la estimación del IPMmín. (Rivers y Dahlem, 2014). Estas estimaciones hechas por la entomología médico-legal tienen una gran complejidad, debido a la multiplicidad de factores involucrados en el proceso de descomposición cadavérica.

Especialmente en la práctica forense, los entomólogos se basan en la realización de dos tipos de relojes entomológicos (Goff, 1993) para estimar el tiempo de la muerte. El primer método tiene utilidad en etapas iniciales de la descomposición (Catts y Goff, 1992) y usa como referencia el conocimiento de la tasa de crecimiento del estadio larval para estimar la edad de las larvas más longevas encontradas en un cadáver (Vergara-Pineda et al., 2012). El segundo método consiste esencialmente en el análisis de la composición de la comunidad de artrópodos para inferir el estado

en que se encuentra la sucesión en el cadáver (Amendt et al., 2007). Para los cadáveres encontrados en etapas avanzadas de descomposición, los artrópodos pueden proporcionar el único método disponible para la estimación del IPMmín. (Saloña et al., 2010). Es por ello, que se requiere del conocimiento de la fauna de insectos en la región geográfica donde se encuentre el cuerpo, debido a que las especies y sus tiempos de colonización pueden variar entre regiones biogeográficas (Anderson y VanLaerhoven, 1996). Por lo tanto, factores como la composición de la fauna carroñera local, sus variaciones estacionales y patrones de sucesión, así como los períodos de tiempo que cada estadio de vida pasa en un cadáver, constituyen información crucial para ser utilizada en casos forenses de una región particular (Anderson, 1995, 2010; Matuszewski et al., 2010a).

1.2 Sucesión y descomposición

1.2.1 Sucesión ecológica

En términos generales, la sucesión ecológica se refiere a la serie de cambios relativamente ordenados y predecibles en la estructura o composición de la comunidad ecológica a través del tiempo (Connell y Slatyer, 1977; Michaud et al., 2015). Usualmente, está influenciada por una variedad de factores, incluida la dinámica entre especies y dentro de las especies; así como la biomasa, la productividad, la diversidad, la amplitud del nicho y las condiciones ambientales. Sin embargo, también puede verse afectada por sucesos aleatorios, como la llegada de especies transitorias u oportunistas o condiciones climáticas inusuales (Cowles, 1899; Cooper, 1913; Clements, 1916).

Se pueden reconocer dos tipos de sucesión. La sucesión primaria, ocurre en sustratos recientemente expuestos (por ejemplo, flujos de lava, depósitos marinos elevados, playas recién depositadas, etc.); generalmente implica un largo periodo de formación del suelo y colonización de especies (Figura 1). Por otro lado, una sucesión secundaria, ocurre en sitios donde la comunidad anterior fue perturbada y está influenciada por el sustrato remanente y los individuos que permanecen (Schowalter, 2006).

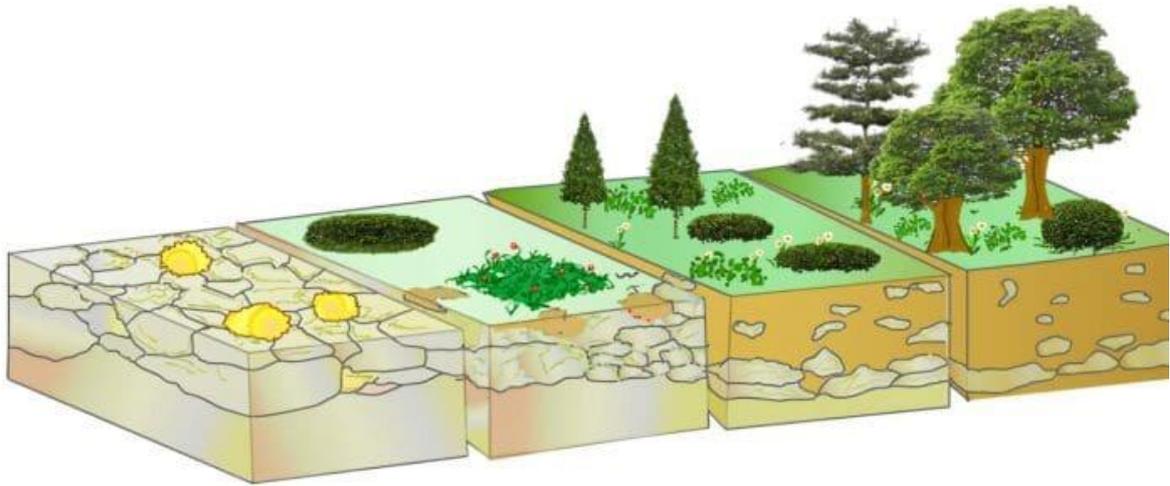


Figura 1. Representación de una sucesión ecológica (Pineda, 2024).

1.2.2 Sucesión cadavérica

Un cadáver en descomposición representa un recurso efímero que puede ofrecer alimento y refugio para ciertos artrópodos. En este escenario, una sucesión cadavérica se puede definir como la secuencia de los grupos de artrópodos que llegan a un cadáver en función de su estado de descomposición (Benecke, 2004). Estas comunidades de invertebrados, durante este proceso aprovechan el recurso por un periodo limitado y suelen cambiar en su abundancia relativa y composición de taxones con el tiempo (Barton et al., 2010). Por ejemplo, tal como se observa en la Figura 2 éstos pueden estar presentes desde las primeras etapas, como la Fresca en donde se registra la llegada al cadáver de grupos como Diptera y Lepidoptera, aunado a que se presentan los fenómenos cadavéricos tempranos en el cadáver. Por otro lado, en la etapa de Hinchazón se llega a registrar la presencia de huevos de Diptera, así como la llegada de artrópodos del orden Coleoptera. Por su parte, en la etapa de Descomposición activa al dar lugar a la putrefacción del cadáver con la salida de fluidos, se incentiva el incremento de la actividad de artrópodos necrófagos. Mientras que, en la Descomposición avanzada, la actividad de los artrópodos se incrementa y también es más diversa con la presencia de otros artrópodos como las rañas, ciempiés, entre otros (White-Canale, 2021).

Si un cadáver se encuentra situado en un área accesible para los insectos, por ejemplo, el proceso de autólisis (proceso llevado a cabo durante la descomposición) proporcionará un sustrato adecuado para la colonización de ciertos grupos (Carter et al., 2007) ya que los insectos pueden ser atraídos hacia un cuerpo pocos minutos después de su muerte. Además, debe tomarse en cuenta que cientos de especies de artrópodos son atraídos habitualmente por materia en descomposición, como los cadáveres de vertebrados. Por lo tanto, comprender la ecología del comportamiento de estos

insectos comúnmente asociados con la descomposición es fundamental para predecir dónde, cuándo y bajo qué circunstancias colonizan el cuerpo (Anderson, 2001; Benbow et al., 2013).

Usualmente, las especies de artrópodos que se catalogan como de primordial relevancia en este tipo de procesos son las moscas (Diptera), escarabajos (Coleoptera) y sus larvas, sin embargo, los estudios donde se realiza la observación y análisis de la sucesión cadavérica del resto de la fauna edáfica son muy escasos, aunado a que normalmente estos suelen ser catalogados como especies incidentales, que simplemente visitan el cuerpo por casualidad y por tanto se les considera de poca relevancia forense (Goff y Catts, 1990).

Otro punto importante es que el simple cambio en el conjunto de especies de la comunidad de artrópodos presentes en el lugar llega a reflejar cambios físicos en el cuerpo. Además de que los artrópodos desempeñan funciones tróficas de consumo primario y secundario en los cadáveres, y su presencia puede acelerar el proceso de descomposición mediante el consumo de los diferentes componentes del cuerpo (Olea et al., 2019). Aunado a ello, la composición de taxones de insectos y otros artrópodos en este proceso alcanza a verse afectada por varios factores, incluida la región geográfica, la exposición, la estación del año y el hábitat (Barton et al., 2010).

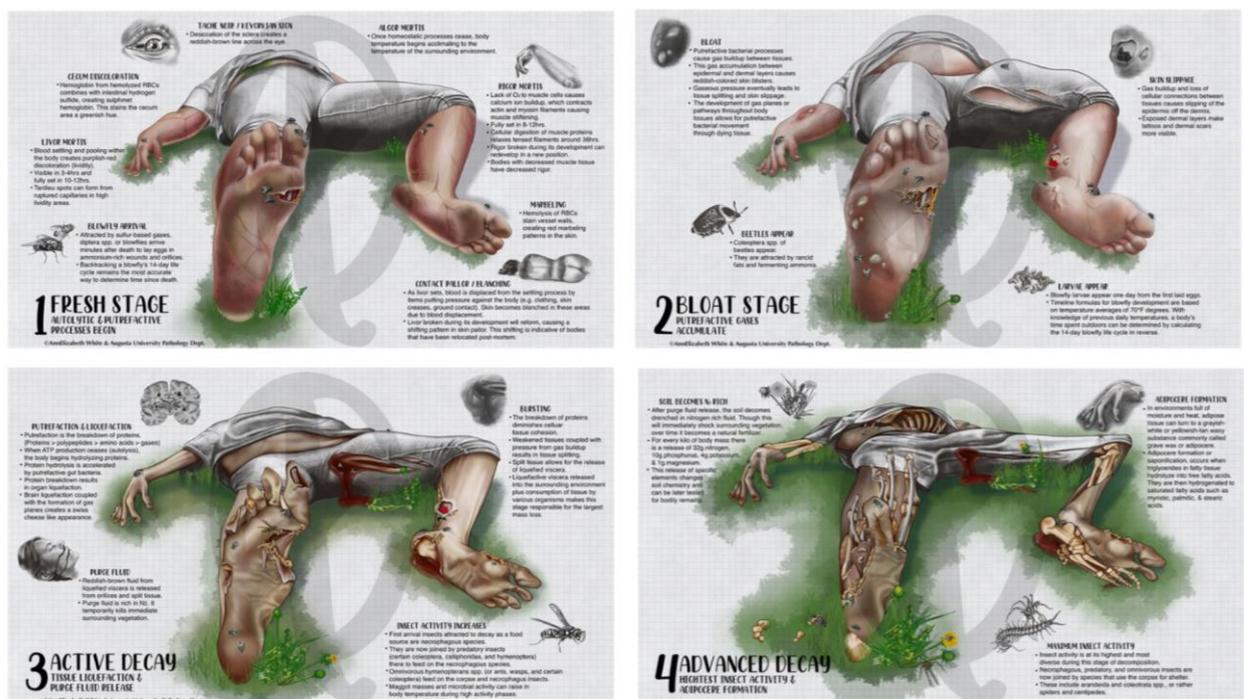


Figura 2. Representación de una sucesión cadavérica en un proceso de descomposición (Modificada de White-Canale, 2021).

A lo largo del tiempo, las investigaciones relacionadas con los patrones de sucesión de fauna cadavérica han sido desarrolladas en múltiples regiones del mundo, en las cuales han sido utilizados diversos modelos animales como perros, ratones, conejos, etc. Sin embargo, para este tipo de estudios, los cadáveres muy pequeños (ratones, conejos, etc.) o muy grandes (caballos, elefantes, entre otros), llegan a presentar distintos tiempos de descomposición, ya sea prolongada en el caso de los cadáveres más grandes o muy rápida en caso de los cadáveres pequeños; por esta razón es que el tipo de cadáver y su cantidad de masa pueden representar un factor de cambio en la tasa de descomposición y en la sucesión de la fauna (Flores, 2009).

Debido a lo anterior, el modelo clásico que es mayormente utilizado en las investigaciones con enfoque en el estudio de los fenómenos de descomposición cadavérica y la entomofauna relacionada es el cerdo blanco (*Sus scrofa*), dado que este se asemeja al ser humano en características como: la cantidad de vello, tamaño del torso, hábitos alimenticios y el proceso de descomposición por el que puede pasar. Aunado a que, se ha visto que debido a su piel lampiña el muestreo de insectos puede ser más fácil de realizar que en otro tipo de biomodelos (Anderson y VanLaerhoven, 1996; Matuszewski et al., 2019; Tabor et al., 2004).

1.2.3 Etapas de descomposición

La muerte puede definirse desde una perspectiva biológica, filosófica, antropológica e incluso religiosa. Sin embargo, cuando ocurre este momento, se debe considerar que el organismo no muere simultáneamente desde el primer momento, sino que “se establece la muerte real, ya que la muerte del organismo en su conjunto, no coincide con la muerte simultánea de todas las células que lo componen” (Quiroz, 2015). Por ello, a nivel físico, también se considera que una vez extinguida la vida, el cuerpo comienza a experimentar una serie de cambios que se denominan *fenómenos cadavéricos*; y éstos de acuerdo con Vargas (1999) pueden clasificarse en dos tipos: *tempranos o inmediatos*, y *tardíos o mediatos*. En donde los primeros, se caracterizan porque el cuerpo mantiene su morfología macroscópica y se pueden presentar un total de cinco fenómenos: enfriamiento, deshidratación, livideces, rigidez y el espasmo cadavérico.

Por su parte, en los fenómenos tardíos o mediatos, se distingue que el cuerpo sufre alteraciones hasta su completa destrucción. En este caso, se contemplan un total de tres fenómenos: autólisis, putrefacción y antropofagia cadavérica. Asimismo, se considera una variable que puede alterarlos, siendo esta la presencia de fenómenos tardíos conservadores: momificación, adipocira y

corificación, los cuales pueden preservar el cadáver en distintos grados (para mayor información de las características de cada fenómeno consultar el apartado 1 y 2 en los ANEXOS DE LA INTRODUCCIÓN).

Sin embargo, en el caso de la descomposición cadavérica llevada a acabo en invertebrados encontrados en entornos terrestres, específicamente en modelos de *Sus scrofa*, se pueden reconocer cinco etapas de descomposición (Tabla 1) descritas por Tullis y Goff (1987).

Tabla 1. Descripción de las etapas del proceso de descomposición descritas en un cadáver de vertebrado, basada en la clasificación de Tullis y Goff (1987).

<i>Etapa</i>	<i>Duración (días)</i>	<i>Descripción</i>
<i>Fresca</i>	1 - 2	<ul style="list-style-type: none"> ● Comienza en el momento de la muerte y termina cuando se observa por primera vez la Hinchazón del cadáver. ● La autólisis comienza durante esta etapa con pocas alteraciones morfológicas importantes.
<i>Hinchada</i>	2 - 7	<ul style="list-style-type: none"> ● En esta etapa comienza la putrefacción (los gases producidos por las actividades metabólicas de las bacterias anaerobias provocan una inflamación del abdomen). ● El cadáver puede adoptar una apariencia de globo durante la última parte de esta etapa. ● Las actividades de los artrópodos combinadas con los procesos de putrefacción hacen que la temperatura interna del cadáver aumente.
<i>Descomposición activa</i>	5 - 13	<ul style="list-style-type: none"> ● Se presenta al final de la etapa de Hinchazón con la ruptura de la pared abdominal y la desinflamación del cuerpo. ● Aumento de olores fétidos a causa del aumento de la temperatura. ● Se observa una gran cantidad de material húmedo viscoso. ● Aumento de las temperaturas internas hasta alcanzar una temperatura por encima de la temperatura ambiente. ● Después viene una caída drástica de temperatura hasta aproximarse a la temperatura ambiente. ● Al final de la etapa se desvanecen la intensidad de los olores fétidos. ● Pérdida de peso.
<i>Descomposición avanzada</i>	10 - 23	<ul style="list-style-type: none"> ● Pérdida gradualmente de peso. ● Pérdida de la gran mayoría de tejido. ● Al final de la etapa quedan rastros de cartílago, pelos, huesos.
<i>Reducción esquelética</i>	18 - 90+	<ul style="list-style-type: none"> ● Presencia de huesos con poco cartílago. ● El material húmedo viscoso ha quedado seco.

1.2.4 Factores en el ambiente que influyen en el proceso de descomposición

El desarrollo del proceso de descomposición en el suelo depende de las propiedades físicas (por ejemplo, estructura, textura, humedad y profundidad) y químicas (por ejemplo, pH, salinidad, disponibilidad de nutrientes y oxígeno) del ambiente del suelo en conjunto con la comunidad microbiana y la fauna de invertebrados presentes. Por lo tanto, el tipo de suelo en el que se encuentre un cadáver tendrá una influencia significativa en dicho desarrollo (Voss et al., 2010).

Especialmente, la humedad, la temperatura y el oxígeno se encuentran entre los factores clave que determinan la progresión de la descomposición (Dent et al., 2004). Un ejemplo de ello, es la presencia de un cuerpo en un entorno como la playa, cuyo suelo contiene un exceso de humedad, la cual permitirá que se produzca la descomposición, además de que también puede fomentar la formación parcial de un cambio en el cuerpo llamado adipocira (Forbes et al., 2005).

Por su parte, la temperatura también juega un papel relevante en el proceso, ya que se ha reportado que las temperaturas bajas tendrán el efecto de ralentizar considerablemente el proceso, ya que produce una inactivación de las enzimas involucradas en la autólisis. Por el contrario, una temperatura ambiente alta generará el efecto contrario acelerando el proceso de autólisis (Clark et al., 1997). Asimismo, el factor del oxígeno se encuentra relacionado con la exposición o no del cuerpo, toda vez que la velocidad de descomposición es comparativamente más lenta en condiciones anaeróbicas que en condiciones aeróbicas, ya que una comunidad microbiana dominada por microorganismos anaeróbicos son descomponedores menos eficientes que los microorganismos aeróbicos (Carter et al., 2007; Troutman et al., 2014).

1.2.5 Cambios en el ambiente producto del proceso de descomposición

Como se ha visto hasta ahora, la descomposición de cadáveres es una perturbación natural que puede alterar dramáticamente las características edáficas, biológicas y químicas en el suelo (Hopkins et al., 2000; Towne, 2000).

Durante un proceso de descomposición en la etapa de Descomposición activa se produce una rápida pérdida de masa, resultante del pico de actividad de larvas (de dípteros principalmente) y el comienzo de una liberación sustancial de fluidos cadavéricos en el suelo, a través de rupturas de la piel y orificios naturales, producto de la putrefacción. Este flujo de material cadavérico que se produce hacia el suelo conectará con cualquier isla de fertilidad resultante del líquido de putrúlogo (también llamado líquido de purga) y, por lo tanto, conducirá a la formación de una única Isla de Descomposición Cadavérica (IDC). Cada IDC es una perturbación natural efímera que, además de

liberar energía y nutrientes al ecosistema, actúa como un centro al recibir materiales en forma de insectos muertos, exuvias y puparios, materia fecal (de carroñeros, herbívoros y depredadores) y plumas (de aves carroñeras y depredadoras) (Carter et al., 2007).

Más adelante, en la etapa de Descomposición avanzada se lleva a cabo la extensión lateral de esta isla formada, que puede provocar a su vez un aumento de un área con mayor cantidad de carbono en el suelo. Procedimiento bastante natural si se toma en cuenta que un cadáver contiene una gran cantidad de agua (50% a 80%) y tiene una estrecha relación Carbono:Nitrógeno (Tortora y Grabowski, 2000; DeSutter y Ham, 2005). Sin embargo, no es el único elemento que se integra con la degradación cadavérica, ya que también produce un aumento en la concentración de amonio, fósforo, calcio, potasio, sulfato, magnesio, cloruro, azufre y manganeso (Vass et al., 1992; Hopkins et al., 2000; Towne, 2000; Carter, 2005; Bethell y Carver, 1987.)

Además, la generación de una IDC tendrá un impacto en el establecimiento de especies de plantas pioneras, ya que la muerte de la vegetación asociada con la descomposición de los cadáveres representa una perturbación que aporta una elevada cantidad de recursos (Towne, 2000).

Los niveles de pH en el suelo también se verán alterados durante y después del proceso de descomposición ya que, al inicio de éste la autólisis (resultado de la privación de oxígeno de las células), conduce a una disminución del pH creando un ambiente ácido alrededor del cuerpo debido a la fermentación de bacterias anaeróbicas en el suelo y el intestino grueso (Gill-King, 1997). Por el contrario, también se ha reportado que mientras avanza el proceso de descomposición, el pH del suelo puede aumentar su alcalinidad como resultado de la degradación de las proteínas (Rodríguez y Bass, 1985). En este caso, se debe considerar que grandes aumentos en la alcalinidad pueden afectar la proliferación de ciertas bacterias en el suelo (Voss et al., 2010).

1.3 Conceptos ecológicos

1.3.1 Comunidad

El término comunidad se refiere al conjunto de especies que se encuentran en un mismo sitio. Asimismo, se considera que éstas pueden interactuar ecológicamente de diversas formas, siendo consumidores, recursos tróficos o competidores (Begon et al., 2006).

1.3.2 Ecología de comunidades

Ahora bien, la ecología de comunidades es el estudio de patrones en la estructura y dinámica de conjuntos multi específicos de especies. Específicamente, los ecólogos de comunidades están interesados en cómo se distribuyen los grupos de especies en la naturaleza y las formas en que estos grupos pueden verse determinados por factores ambientales tanto abióticos como bióticos, así como por las interacciones entre especies (Begon et al., 2006).

1.3.3 Ecología de poblaciones

A nivel de población, la ecología se ocupa del estudio de la presencia o ausencia de especies particulares, su abundancia o riqueza y de las fluctuaciones en su número. Como concepto, de acuerdo con Morales, (2020) “la ecología de poblaciones es una rama de la demografía que estudia las poblaciones formadas por los organismos de una misma especie desde el punto de vista de su tamaño, estructura y dinámica”. Además, las poblaciones varían en términos del área que abarca todos los individuos de la especie, lo que representa su distribución geográfica. Una especie puede comprender muchas poblaciones, en cierto grado de separación a lo cual se le conoce como metapoblación. Por otro lado, a las especies y subespecies que son endémicas se les reconoce porque ocupan un área definida y limitada, que generalmente se refiere a un solo país o bioma. Asimismo, las poblaciones consideradas como dominantes, se refieren a aquellas que podrían, debido a su tamaño, abundancia u otras características, ser visiblemente prominente, o más abundante en número de individuos que el resto (Huntley, 2023).

1.3.4 Dinámica de poblaciones

Su estudio se centra en el análisis de la variación numérica de sus componentes a lo largo del tiempo, así como en los factores que intervienen en dichos cambios. La estructura y dinámica de las poblaciones a su vez pueden llegar a afectar a una comunidad en particular, en gran medida por las relaciones entre consumidores y su fuente de alimento, este factor puede alterar los cambios en la abundancia de una población de cualquier especie. Asimismo, los cambios de tamaño de cualquier población también afectan la importancia de sus funciones ecológicas (Huntley, 2023; Schowalter, 2006).

Aunado a ello, las poblaciones pueden cambiar dramáticamente de tamaño en periodos de tiempo relativamente cortos como resultado de cambios en la natalidad, la mortalidad, la inmigración y la emigración de organismos. También, cabe mencionar que, en condiciones ambientales favorables, algunas especies de artrópodos tienen la capacidad de aumentar el tamaño de la población, dados sus cortos tiempos generacionales y sus altas tasas de reproducción. Por lo

contrario, en condiciones adversas, las poblaciones pueden prácticamente desaparecer durante largos periodos de tiempo. Esta capacidad de cambio significativo en el tamaño de la población convierte a algunos artrópodos en indicadores potencialmente útiles del cambio ambiental (Schowalter, 2006).

1.3.5 Abundancia

En ecología, la abundancia es un atributo de una población que varía con el tiempo y el espacio, suele ser de gran importancia para estudios de manejo y conservación de fauna edáfica, ya que permite comparar poblaciones, dar seguimiento a variaciones temporales o a la dinámica poblacional y a evaluar de forma indirecta la calidad de hábitats (Wilson et al., 1996, Walker et al., 2000). Puede medirse de diferentes maneras, una de ellas es la abundancia relativa y otra la abundancia absoluta.

La abundancia absoluta, se refiere al número total de individuos en un área, que puede obtenerse estimando directamente la abundancia para un área determinada o estimando la densidad (es decir, el número por unidad de área) para un área (Callaghan et al., 2024). Por su parte, la abundancia relativa se refiere a la proporción de individuos que pertenecen a una especie dada, este tipo de abundancia suele ser mayormente utilizada en estudios ecológicos, para determinar qué comunidades son más o menos diversas y en qué medida (Roswell et al., 2021; Ricklefs, 2008).

1.3.6 Composición

La composición de especies, así como la abundancia relativa de diferentes especies (o diferentes grupos funcionales), han representado a lo largo del tiempo una medida para evaluar las comunidades biológicas, toda vez que se ha reportado que los cambios temporales en la composición y abundancia de las especies alteran su diversidad, la estructura de la red trófica y la organización funcional en una comunidad. Asimismo, esta composición se puede utilizar para predecir el número de especies que faltan en una muestra comunitaria, lo que hace a estos valiosos indicadores de alerta temprana de contaminación (Billheimer et al., 2001).

1.3.7 Diversidad/riqueza de especies

La diversidad de especies es una medida que indica la variedad de especies en una comunidad. Dentro de la ecología, representa un tema central, ya que una gran cantidad de investigaciones han estudiado cómo se determina la diversidad por diferentes condiciones ambientales y también cómo afecta la estabilidad de las comunidades (Schowalter, 2006). Un punto importante, es que se ha considerado que ésta solo se puede comparar de manera significativa entre comunidades que han

sido muestreadas de manera equivalente (Roswell et al, 2021). De acuerdo con Schowalter (2006), una forma de estimar el número total de especies puede ser a partir de una curva de abundancia de especies, la cual traza las especies acumuladas frente al número o área de una muestra acumulada.

Los estimadores de la diversidad pueden clasificarse en dos tipos: estimadores paramétricos y estimadores no paramétricos. En el caso de los segundos, éstos se enfocan en calcular la riqueza de especies basándose en la presencia o ausencia de estas, sin considerar la forma en la que se distribuyen (Hernández, 2020).

1.3.8 Nicho ecológico

El nicho ecológico es un concepto muy utilizado en ecología, ya que describe cómo y dónde puede vivir, crecer y reproducirse una especie, en función de múltiples condiciones ambientales, necesidades de recursos y tolerancias. De igual modo, condiciones como la temperatura, la humedad, el pH y la velocidad del viento, junto con recursos como el espacio, los nutrientes, el agua y el refugio, determinan el hábitat de un organismo y de su forma de vida (Huntley, 2023). Las tolerancias a las diferentes condiciones antes mencionadas pueden ser propias para cada especie, un ejemplo es la temperatura, la cual limita el crecimiento y la reproducción de todos los organismos, sin embargo, también diferentes organismos toleran diferentes rangos de temperatura, por lo que este rango puede ser distintivo entre las especies (Begon et al., 2006).

1.4 Grupos biológicos incluidos

1.4.1 Arthropoda: Hexapoda y Crustacea

Entre los invertebrados, el *Phylum Arthropoda* (del griego *arthro*, articulado y *podas*, pies o extremidades) constituye un grupo taxonómico muy exitoso evolutivamente, con una antigüedad de al menos 540 millones de años, de acuerdo con Llorente-Bousquets y Ocegueda (2008), este grupo constituye al 85% del total de la fauna mundial y representa aproximadamente el 65% de las especies. Actualmente, la ciencia reconoce que este grupo cuenta con alrededor de 1,170,000 especies descritas; esto de acuerdo con Ibáñez-Bernal (2024) “lo convierte en el grupo de animales con mayor riqueza de especies, formando parte de todo tipo de ecosistema del planeta en los ambientes marino, dulceacuícola, terrestre y aéreo”. De forma general, estos invertebrados se distinguen por poseer un exoesqueleto quitinoso el cual mudan y renuevan a medida que crecen. En cuanto a su morfología, su cuerpo está segmentado y cuenta con apéndices pareados y segmentados (de donde el filo recibe su nombre). Además de estas características, presentan una simetría bilateral,

así como un sistema de respiración por medio de branquias o tráqueas y espiráculos (InDRE, 2023; Triplehorn y Johnson, 2005).

Considerando lo anterior, se puede hacer mención del **Subphylum Crustacea**, el cual representa un grupo grande de artrópodos, con más de 44,000 especies conocidas; siendo parte de ellos los anfípodos, isópodos, cangrejos, entre otros. Cabe destacar que ningún otro grupo de plantas o animales presenta una diversidad morfológica tan amplia como ellos (Martin y Davis, 2001; Triplehorn y Johnson, 2005). Estructuralmente, se caracterizan por presentar dos pares de antenas. El cuerpo se encuentra segmentado en dos regiones bastante distintas el cefalotórax y el abdomen, siendo el primero de ellos el que alberga las antenas, las estructuras bucales (mandíbulas, maxílulas, maxilas) y los apéndices ambulatorios, mientras que en la región abdominal usualmente presentan una estructura conocida como telson en la parte terminal (Triplehorn y Johnson, 2005). Un punto importante a destacar es que debido a sus estrategias de vida los crustáceos han logrado adaptarse a una amplia variedad de ambientes, primariamente marino y secundariamente dulceacuícola y terrestre. En cuanto a sus categorías ecológicas pueden encontrarse crustáceos detritívoros, herbívoros, omnívoros, carroñeros y parásitos (Simoes et al., 2010).

Por otro lado, el **Subphylum Hexapoda** contiene a todos los artrópodos con seis patas. Al igual que el resto de los artrópodos, son invertebrados con apéndices articulados y presentan simetría bilateral (Brusca y Brusca, 2005). Sus características diagnósticas incluyen la posesión de una tagmosis única compuesta por la cabeza, el tórax y el abdomen. La cabeza se encuentra compuesta por una región pregntal y tres segmentos gnatales que contienen a las mandíbulas, maxilares y un labio, respectivamente; asimismo en esa región se encuentra un par de antenas y los ojos que pueden tener un desarrollo variado y en ocasiones pueden estar ausentes. En cuanto a la región torácica, ésta consta de tres segmentos, cada uno de los cuales tiene un par de patas, y cada pata torácica tiene un máximo de seis segmentos (coxa, trocánter, fémur, tibia, tarso, pretarso) (Gullan y Cranston, 2005; Triplehorn y Johnson, 2005), la mayoría presenta uno o dos pares de alas, aunque también hay hexápodos apterigotos (sin alas) (Brusca y Brusca, 2005). En el abdomen por su parte, hay una variación en el número de segmentos según el grupo (Gullan y Cranston, 2005).

1.4.2 Artrópodos edáficos

El suelo es un ecosistema del cual depende gran parte de la vida en la tierra. Por su complejidad se ha dificultado su estudio, lo que ha provocado a su vez el desconocimiento en gran parte de las interacciones bióticas que ocurren en su interior, así como a muchos de los organismos que lo habitan. Una característica importante es que el suelo brinda en un espacio relativamente escaso,

una gran diversidad de microhábitats que suelen ser diferentes de acuerdo a la combinación de elementos como: su material originario, el relieve, la biota (especialmente la vegetación) y las condiciones climáticas bajo las que se desarrollaron y existen (Palacios-Vargas et al., 2014).

Específicamente, la fauna edáfica representa a los animales relacionados con el suelo, la mayoría de los cuales son artrópodos, debido a su alta diversidad y con frecuencia su gran abundancia; además muchos de estos grupos son bioindicadores de la estabilidad y fertilidad del suelo (González, 2014). Sus interacciones de acuerdo con Brusca y Brusca (2003) “están relacionadas con los papeles fundamentales que realizan los artrópodos en diversos procesos y funciones de los ecosistemas, como son la descomposición, el reciclaje de nutrientes, depredación, parasitoidismo y parasitismo”.

También como parte del estudio de los artrópodos debe ser considerado el hecho de que existen parámetros como el hábitat (terrestre, acuático, etc.), el clima, la época del año, factores abióticos como la temperatura, la humedad relativa, el pH del suelo e incluso la concentración de contaminantes, que pueden ejercer una poderosa influencia sobre la composición de especies, así como la distribución y abundancia de organismos (Begon et al., 2006).

Cabe destacar que dentro de la gran variedad de hábitats que colonizan, se pueden encontrar los cadáveres de vertebrados, que para muchas especies son un recurso de alimentación, reproducción y localización de presas (Rivers y Dahem, 2014). Actualmente, los estudios de la entomología forense han establecido la necesidad de una mejor comprensión de los mecanismos que influyen y modifican la comunidad entomológica en situaciones específicas, de lo contrario la información derivada se vuelve poco fiable (Pedraza-Lara, 2016).

1.4.3 Categorías ecológicas de artrópodos edáficos

Actualmente, existen diferentes formas de clasificación para la fauna del suelo. Una de ellas es la propuesta por Swift et al. (1979) quien considera la clasificación de acuerdo al tamaño del cuerpo de los organismos, ver Figura 3:

- **Microfauna:** Está constituida por organismos menores de 0.2 mm; en este grupo se pueden encontrar organismos como los nemátodos y tardígrados.

- **Mesofauna:** Contempla a los ejemplares de tamaño mayor a los 0.2 y hasta los 2 mm; aquí se incluyen los colémbolos, dipluros, proturos, pseudoescorpiones, arácnidos y otros grupos de ácaros, así como ejemplares pequeños de coleópteros e isópodos.
- **Macrofauna:** Es la que mide de 2 a 20 mm, como las hormigas, termitas, arácnidos, coleópteros, quilópodos, isópodos, lombrices, opiliones, larvas de dípteros y lepidópteros.
- **Megafauna:** Es aquella que mide más de 2 cm, como algunos escarabajos, milpiés, ciempiés y muchos grillos.

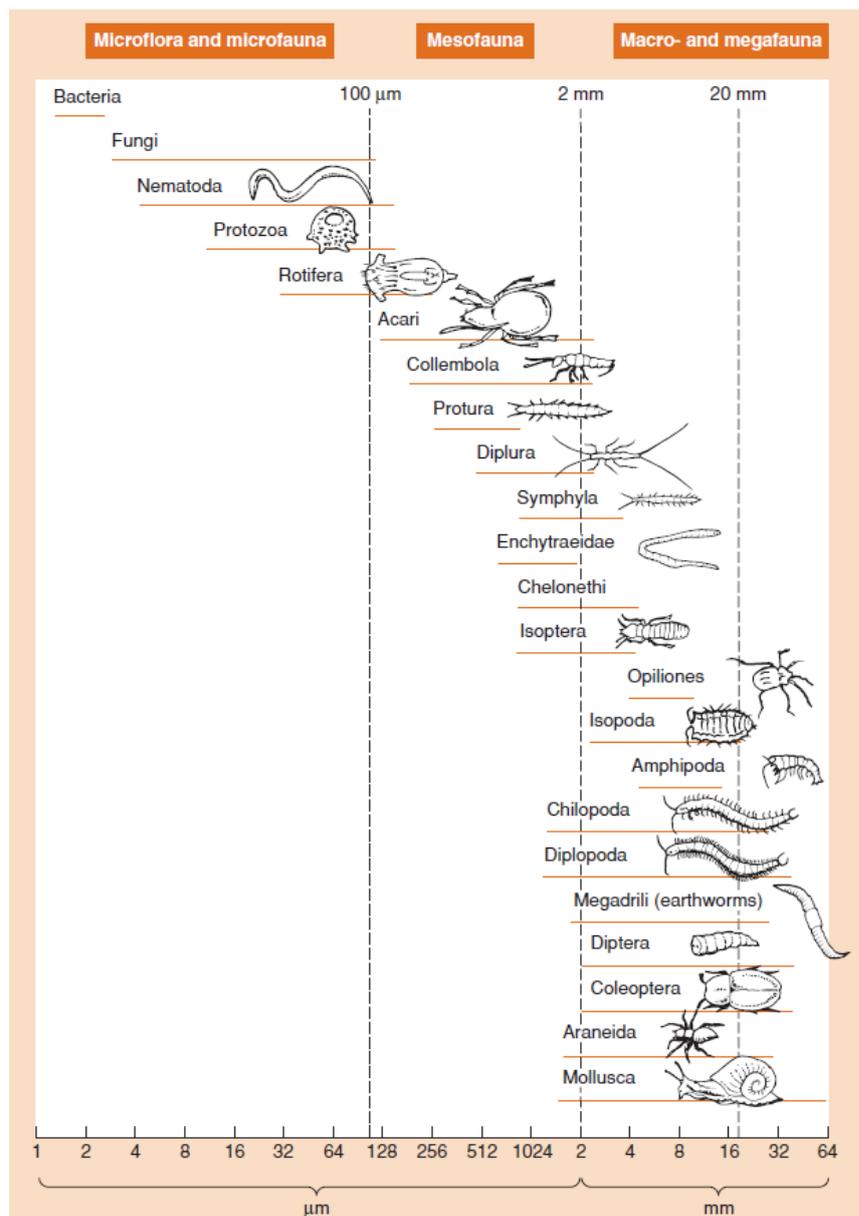


Figura 3. Clasificación de artrópodos de acuerdo con Swift et al. (1979); (Figura tomada de Begon et al., 2006).

Otro tipo de clasificación es la que propone Palacios-Vargas et al. (2014), que se refiere a una categoría trófica a la que en términos simples está relacionada con las preferencias alimenticias de la fauna edáfica:

- ❖ **Macrofitófagos:** Son los animales que consumen restos de plantas superiores, o bien tejidos de plantas superiores en descomposición (hojas y raíces).
- ❖ **Microfitófagos:** Son los ejemplares que se nutren de la “microflora” viva (hongos, bacterias y algas).
- ❖ **Micófagos:** Son los organismos que se alimentan de hongos.
- ❖ **Depredadores o zoófagos:** Aquellos que consumen animales vivos, que son atrapados por ellos mismos.
- ❖ **Necrófagos:** Los que consumen carroña.
- ❖ **Coprófagos:** Se alimentan de la materia fecal de diversos animales.

También por la naturaleza de este trabajo, se contempla la clasificación de roles ecológicos (Figura 4) que fue propuesta por Naranjo-López y Navarrete-Heredia (2011) en su trabajo para clasificar a los coleópteros asociados a carroña o materia orgánica en descomposición de origen animal; la cual a su vez se encuentra basada en la propuesta por Labrador (2005):

- **Necrócolos:** Incluye a todas las especies que están asociadas a carroña. Se les encuentra directamente en cadáveres o se colectan en necrotrampas. Se reconocen tres categorías.
 - **Necrobios:** Especies que tienen una marcada dependencia por la carroña. Las larvas y adultos la utilizan como alimento. Se incluyen aquí las necrófagas.
 - **Necrófilos:** Son las especies que se encuentran en la carroña para alimentarse de otros insectos o bien cuando la carroña se encuentra invadida por microorganismos; generalmente el cadáver se encuentra licuefacto. Se divide en dos subcategorías:

- **Necrófilos saprófagos:** Especies que, aunque se alimentan del cadáver, en general consumen materia orgánica en descomposición cuyo origen puede ser animal, vegetal o fúngico. Se incluyen aquí las copronecrófagas, coprófagas.
- **Necrófilos depredadores:** Las especies que aprovechan la presencia de presas (necrobios o necrófilos saprófagos) en la carroña.
- **Necroxenos:** Son aquellos que se encuentran en el cadáver de manera accidental. Sus hábitos y hábitats son diferentes a la carroña, aunque cercanos a la misma, por ejemplo, hojarasca, flores o bien hongos.

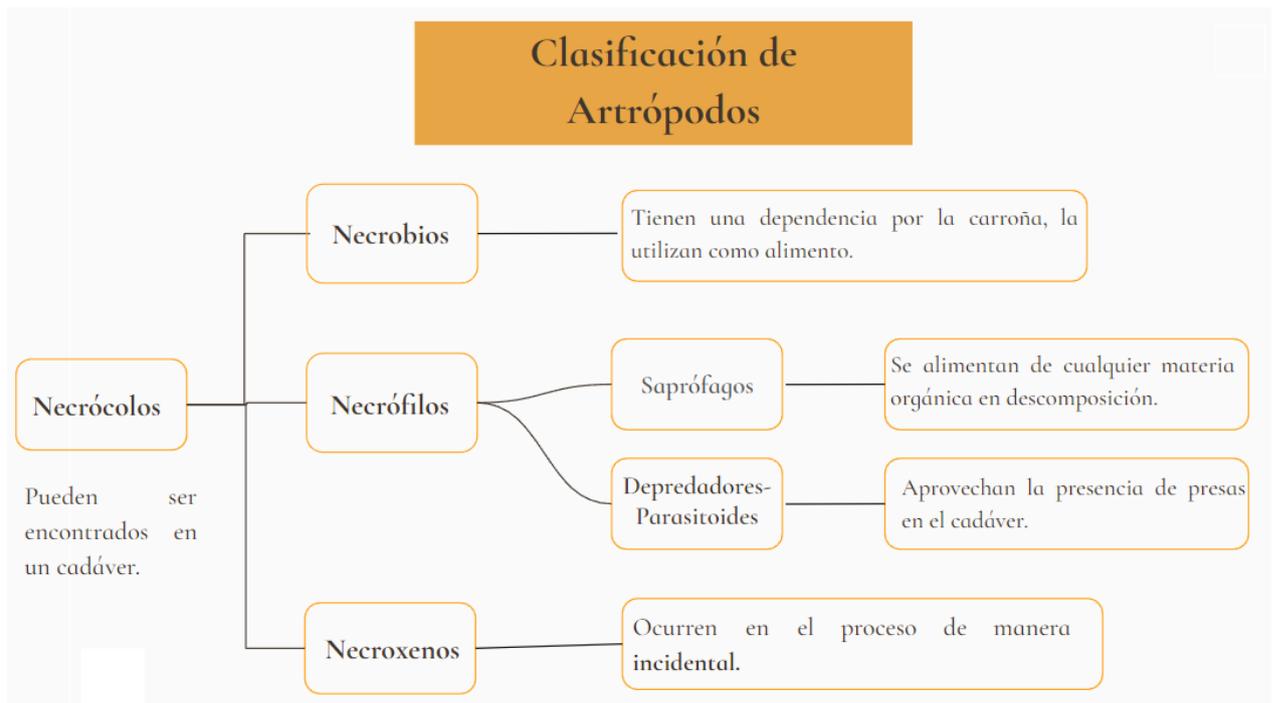


Figura 4. Esquema simplificado de la clasificación agrupada por Naranjo-López y Navarrete-Heredia (2011).

1.4.4 Diversidad de artrópodos edáficos

La fauna del suelo es muy diversa, puede estar conformada por muchos grupos que van desde platelmintos hasta algunos vertebrados. Sin embargo, los más diversos y evidentes son los artrópodos, los cuales además de tener la característica de ser el grupo que se encuentra presente en todos los ecosistemas terrestres, pueden ser distinguidos por su gran tamaño y diversidad en el ambiente edáfico y la hojarasca. Algunos sobresalen por su abundancia, sobre todo los de menor tamaño como los ácaros y colémbolos, quienes pueden alcanzar a contar con miles de ejemplares en sólo unos cuantos centímetros cúbicos de hojarasca, suelo, musgos, etc. (Palacios-Vargas et al., 2014).

En este estudio son considerados cuatro grupos pertenecientes a los artrópodos, siendo dos de ellos parte del Subphylum Crustacea, que a su vez también se encuentran dentro de la **Clase Malacostraca** (Figura 5), la cual es la más grande y conocida entre los crustáceos, incluyendo las formas más grandes y reconocibles como cangrejos y langostas. Ésta se caracteriza por poseer apéndices nadadores (o pleópodos) en el abdomen y un par de urópodos birrámeos. En el cuerpo típicamente, poseen 19 pares de segmentos, el cefalón ocupa los primeros 5 segmentos, el tórax (pereón) se conforma de 8 y el abdomen (también llamado pleón) de 6 segmentos, más una estructura final llamada telson. Aunado a ello, cuentan con ojos casi siempre presentes, compuestos, pedunculados o sésiles (Brusca y Brusca, 2003; Triplehorn y Johnson, 2005).

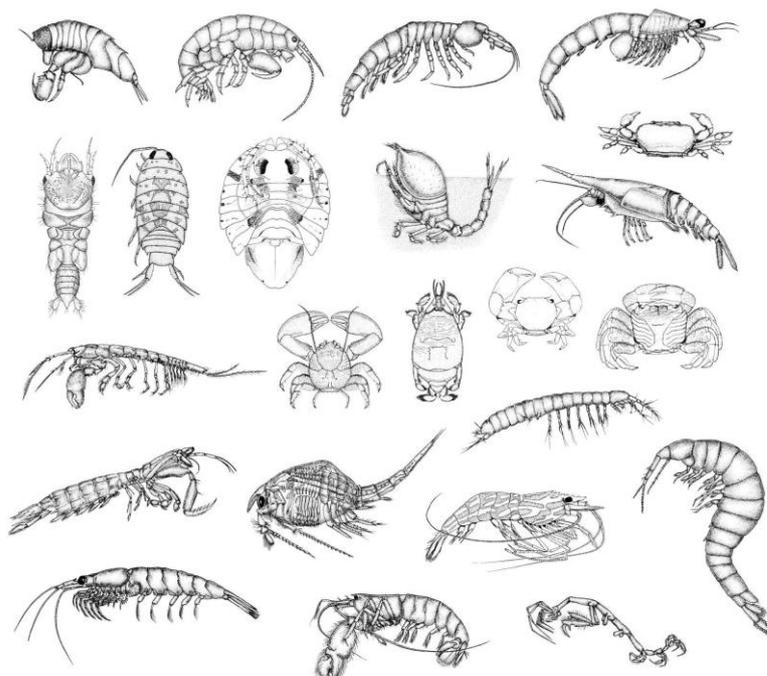


Figura 5. Clase Malacostraca (Brusca y Brusca, 2003).

El orden **Amphipoda (anfípodos)** cuenta con alrededor de 5,700 especies en el mundo y 704 en México. Estos organismos son de pequeño tamaño, que rara vez llegan a medir más de 10 mm, se caracterizan por la ausencia de un caparazón externo y por la forma de su cuerpo alargado, aplanado lateralmente (Morales, 2020) y dividido en tres regiones: cefalón (cabeza), el pereión y pleón (que tiene un segmento terminal o telson). El cefalón tiene seis pares de apéndices típicos: dos pares de antenas bien desarrolladas (anténulas y antenas), un par de mandíbulas, dos pares de maxilas (primarias y secundarias) y los maxilípedos; asimismo los ojos son sésiles. El pereión carece de caparazón, tiene siete (rara vez seis) segmentos bien diferenciados, cada uno con un par de apéndices unirrámeos (pereiópodos), compuesto cada uno de ellos de siete artejos: coxopodito,

basipodito, isquiopodito, meropodito, carpopodito, propodito y dactilopodito; los dos primeros pares están modificados, subquelados, denominándose gnatopodios. El resto de los pereiópodos son locomotores. Por su parte, el pleón está constituido por seis segmentos (pleonitos) claramente diferenciados; los tres primeros forman el pleosoma y sus apéndices son birrámeos denominados pleópodos, mientras que los tres finales conforman el urosoma, sus apéndices se dirigen hacia atrás y se denominan urópodos. Finalmente, en el extremo posterior se diferencia el telson, ver Figura 6 (Mazé, 2015; Palacios-Vargas et al., 2014).

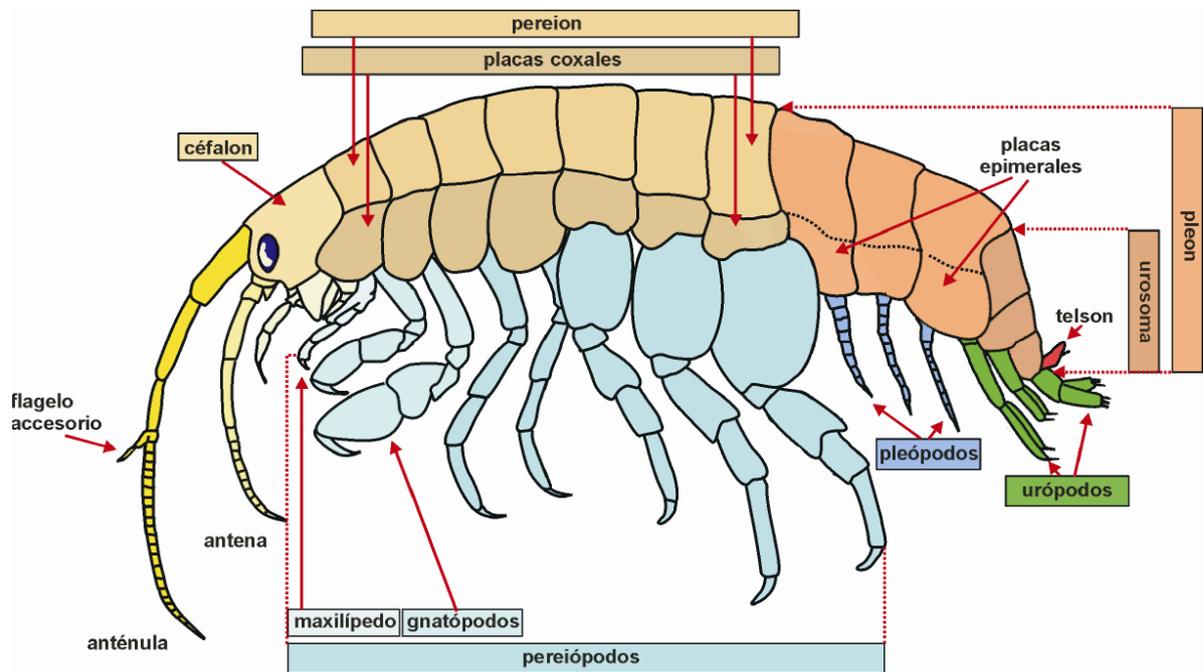


Figura 6. Morfología de un anfípodo (Mazé, 2015).

En cuanto a su forma de vida, la mayoría son acuáticos, muchos de ellos suelen habitar en playas, bajo piedras o en vegetación en descomposición y pueden llegar a alcanzar densidades de población muy altas. También hay especies terrestres, en cuyo caso son capaces de saltar mediante una flexión fuerte del abdomen sobre el suelo y en cuanto a sus hábitos tróficos, la mayoría de los anfípodos suelen ser carroñeros (Mazé, 2015; Palacios-Vargas et al., 2014; Triplehorn y Johnson, 2005), aunque también algunos otros pueden ser herbívoros, filtradores y detritívoros, como en el caso de los anfípodos terrestres que se alimentan de materia vegetal en descomposición (Lindeman, 1991). Por otro lado, muchas especies forman parte esencial de la dieta de otros animales, como peces, aves e invertebrados (Krapp y Vader, 2015; Friend y Richardson, 1986).

Un punto a considerar sobre este grupo es que existen factores que mantienen o cambian sus tamaños de población como los factores climáticos (temperatura y humedad), así como las

estaciones del año, ya que estudios como Bouslama et al. (2009) han demostrado que en algunas especies de anfípodos tanto factores como las temperaturas elevadas, la estación del año y la zonificación, reducen las densidades de población de estos organismos. También, Gessner et al. (2010) reporta que un pH bajo (ácido) altera la riqueza de especies en sus comunidades, al reducirlas.

El orden **Isopoda (isópodos)**, también perteneciente a la Clase Malacostraca, es uno de los órdenes de crustáceos más diversos. La mayoría de las especies son marinas, algunas dulceacuícolas y pocas terrestres, similares a los anfípodos en que carecen de caparazón, pero éstos tienen la característica de tener el cuerpo deprimido (aplanado dorsoventralmente). Aunado a ello, presentan dos pares de antenas unirrámeas y generalmente un par de ojos sésiles. En la región del cefalotórax se encuentran los apéndices bucales, constituidos a su vez por la mandíbula (con o sin un palpo formado por uno a tres artejos); dos pares de maxilas y uno de maxilípedos (Campos, 2003). Sus últimos siete segmentos torácicos tienen apéndices ambulatorios. Por su parte, los segmentos abdominales están más o menos fusionados y, por tanto, los segmentos torácicos (con sus siete pares de patas) constituyen la mayor parte de la longitud del cuerpo (Figura 7) (Triplehorn y Johnson, 2005). En cuanto a su tamaño, la mayoría son pequeños, aunque algunas especies sobrepasan el centímetro y medio (Palacios-Vargas et al., 2014).

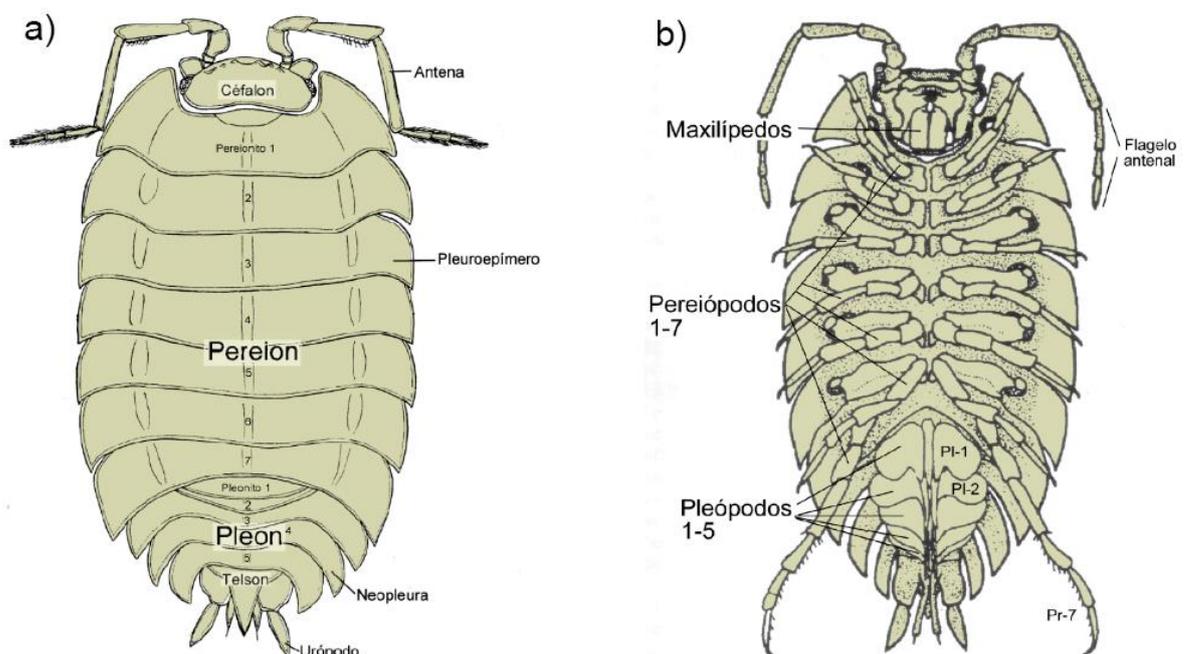


Figura 7. Morfología de un Isópodo. a) Vista dorsal y b) Vista ventral (Modificado de García, 2015).

Dentro de su diversidad, los más comunes fuera del océano son las conocidas como “cochinillas”, las cuales tienen coloración gris negruzco o marrón y usualmente se encuentran

debajo de piedras o cortezas (Triplehorn y Johnson, 2005). En México, se calcula que existen alrededor de 146 especies de isópodos (Palacios-Vargas et al., 2014). A menudo forman poblaciones con una gran cantidad de organismos, los cuales representan una parte importante de la fauna del suelo, y suelen ser a su vez presas de otros organismos (Hatch, 1947; Schmidt, 2008). Asimismo, de acuerdo con Cochard et al. (2010) “son considerados importantes descomponedores de materia orgánica ya que se alimentan de detritos vegetales y organismos asociados”. Aunque también, se han observado en algunas carroñeras, asimismo se encuentran especies que son detritívoras y coprófagas (García, 2015; Begon et al., 2006).

Los isópodos, son organismos afectados en su distribución debido a factores como la humedad, ya que suelen vivir en microambientes donde la humedad relativa es del 100% o muy cercana a ese valor. Sin embargo, en sitios donde se presenta pérdida de agua por evaporación, se suelen limitar sus actividades a ciertos momentos del día (como el anochecer) cuando la humedad relativa es alta (Begon et al., 2006).

Por otro lado, dentro del Subphylum Hexapoda, actualmente se consideran las clases Protura, Diplura, Collembola, Archaeognatha e Insecta (Misof et al., 2014). La clase **Collembola** (del griego *colla*, que significa pegamento y *embolon*, pistón o tubo), representan uno de los grupos más abundantes en el suelo y la hojarasca. Cuenta con una distribución cosmopolita, teniendo más de 8,200 especies descritas y actualmente de acuerdo con lo reportado con Palacios-Vargas et al. (2014), alrededor de 700 en México. Del total de colémbolos representados, de acuerdo con Palacios-Vargas (2004) “las familias Hypogastruridae, Neanuridae, Onychiuridae, Isotomidae y Entomobryidae son las más diversas en el país, mientras que en las de menor riqueza, se encuentran Actaletidae, Tomoceridae, Oncopoduridae, Isotogastruridae y Neelidae”. Asimismo, el autor Hopkin (1997;2002) refiere que “estos artrópodos son comunes y abundantes en diferentes ambientes y con frecuencia llegan a registrar densidades de más de 100,000 individuos/m²”.

En cuanto a su morfología (Figura 8), su cuerpo puede ser alargado o globoso (según el orden de que se trate) y éste se divide en tres regiones particulares. La cabeza contiene un par de antenas con cuatro artejos, a veces subarticulados o anillados (el cuarto porta las sensilas, y el tercero, un órgano sensorial típico de los colémbolos) y ocho corneolas a cada lado de la cabeza. Aunado a ello, sus piezas bucales son las mandíbulas (que pueden ser masticadoras o picadoras-chupadoras) y las maxilas, ambas encontrándose dentro de una cavidad bucal. El tórax posee tres segmentos, cada uno con un par de patas. Mientras que el abdomen que puede ser deprimido o

comprimido, consta de seis segmentos que pueden estar fusionados (Hopkin, 1997;2002), cabe mencionar que en esta región se encuentran dos de sus principales estructuras que funcionan como caracteres más distintivos. La primera se encuentra en el primer segmento abdominal y es llamado tubo ventral o colóforo, el cual como estructura es un tubo pegajoso que les permite adherirse a las superficies lisas, trepando paredes, así como tener una regulación hídrica; en el tercer segmento del abdomen se localiza el tenáculo y en el cuarto la fúrcula localizada además en la parte ventral del organismo, que le sirve para brincar cuando es molestado (Palacios-Vargas et al., 2014).

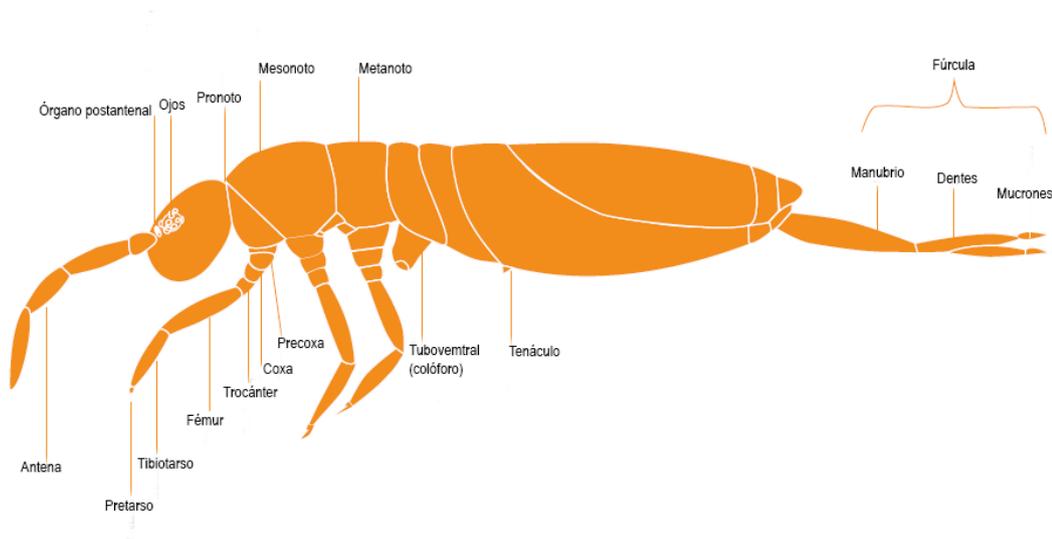


Figura 8. Esquema de un colémbolo con sus principales estructuras corporales (Modificado de Palacios-Vargas, 2016).

Entre los ambientes en los que regularmente se encuentran son el suelo (hasta 1.5 m de profundidad), la capa de hojas en el piso de los bosques, los musgos, cortezas de árboles, en los estanques de agua temporales o permanentes, ríos, lagos, etc. En cuanto a su alimentación, pueden alimentarse de hongos, esporas, material vegetal en descomposición en el suelo etc., aunque también hay algunas especies necrófagas, y depredadoras de otros colémbolos. Por otro lado, este grupo puede representar una fuente de alimento para muchos insectos, de hormigas y escarabajos, así como de ácaros depredadores, arañas y algunos vertebrados como aves y peces (Palacios-Vargas et al., 2000, 2014).

Asimismo, este grupo tiene un rol funcional importante en los procesos de descomposición de la materia vegetal muerta, del ciclo de nutrientes, y en la formación de las características del suelo (Palacios-Vargas, 2016). Algunos estudios como el de Uribe-Hernández, et al. (2010) han mencionado que factores como el pH, la conductividad eléctrica, la materia orgánica y la presencia de hidrocarburos afectan la composición y abundancia de las comunidades de los colémbolos.

Por otro lado, la Clase **Diplura**, los cuales se caracterizan por tener un cuerpo alargado y deprimido con dos apéndices al final del abdomen y carecer de escamas. En la región de la cabeza se encuentran sus piezas bucales que son masticadoras, aunado a que carecen ojos. De acuerdo con Palacios-Vargas (2000) “la taxonomía de este grupo se basa en la forma y tamaño de los cercos y antenas” (Figura 9). Su desarrollo es ametábolo, poseen tarsos que están segmentados. Cuenta con antenas largas y multi segmentadas. Estos hexápodos son pequeños (generalmente con menos de 7 mm de largo) y son blancos o amarillos.

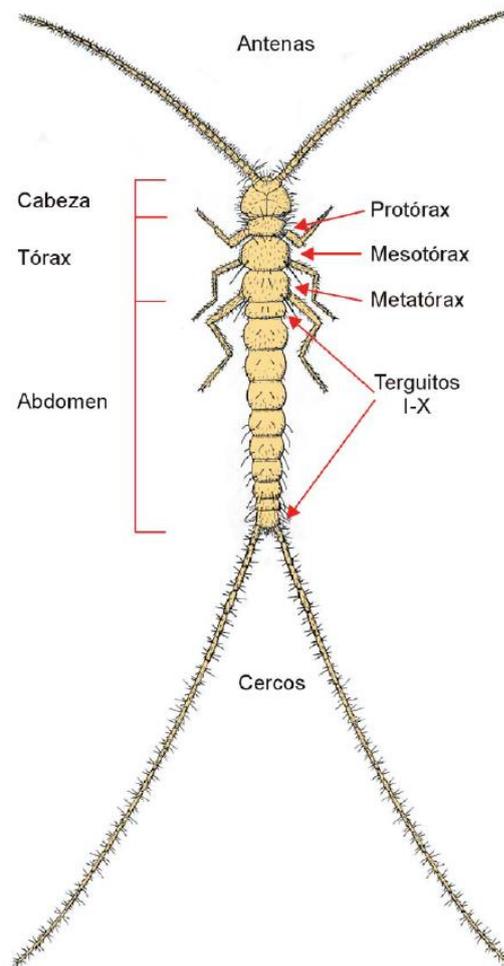


Figura 9. Esquema de un dipluro con sus principales estructuras corporales (Modificado de Sendra, 2015).

En cuanto a su forma de vida, los dipluros viven en la oscuridad casi completa, principalmente en el suelo húmedo, sobre todo en la capa de 10 a 20 cm de profundidad, pero también pueden ser encontrados en cuevas, en la hojarasca mojada, debajo de piedras y bajo troncos en descomposición. Su dieta varía entre la omnívora, vegetariana, coprófagos, así como depredadores de otros habitantes del suelo tales como colémbolos, ácaros, larvas de insectos y, en algunos casos, de otros dipluros (De la Fuente, 1994; Sendra, 2015; Triplehorn y Johnson, 2005).

Al mismo tiempo, los dipluros pueden ser depredados por varios grupos de artrópodos como los ciempiés y escarabajos.

De este grupo se tienen antecedentes de que se encuentran presentes durante todo el año en el suelo, suelen ser más abundantes en los meses más cálidos y sus poblaciones llegan a disminuir en los meses más fríos (Sendra et al., 2021). Debido a su cuerpo blando y cutícula fina, dependen de una humedad alta y de temperaturas moderadas para tener un entorno óptimo de vida, estos factores varían dependiendo de la familia de la que se trate, por ejemplo, los dipluros de la familia Campodeidae son extremadamente hídricos y tienen una alta tasa de transpiración, por lo que requieren una humedad relativa de 100% y una temperatura de 22°C; mientras que la familia Japygidae se consideran más termófilos y méxicos, por lo que requieren de una humedad óptima de alrededor del 85%.

En el ambiente edáfico, se ha mencionado que junto con otros microorganismos modifican las características del suelo, tanto física como químicamente (Palacios-Vargas y Mejía-Recamier, 2007). Además de que se ha destacado el potencial de *Diplura* como taxón relevante para evaluar la perturbación antropogénica en los suelos, ya que están bien representados en todo tipo de hábitats de suelo y subsuelo y se ven afectados por los cambios ambientales (Blasi et al., 2013).

1.5 Identificación de especies

En biología, la delimitación de especies es el acto de identificar cómo la diversidad de organismos, forma grupos naturales (Carstens et al., 2013); este estudio comprende dos aspectos que se encuentran intrínsecamente ligados, pero que deben ser a su vez bien diferenciados. El primero es la definición de lo que es una especie, mientras que el segundo es el estudio de los atributos que permiten reconocerla (De Jesús et al., 2018). En resumen, el primer paso es delimitar cada organismo a un grupo o taxon específico; este proceso puede lograrse mediante la observación de características biológicas distintivas como la morfología, que permiten establecer grupos diferenciados. Posteriormente, se puede recurrir a herramientas taxonómicas, como claves de identificación, que ofrecen criterios específicos para cada grupo biológico y que permiten la asignación de un nombre de especie a cada grupo delimitado previamente y llegando así a la identificación individual.

Dentro de la entomología forense todo estudio se fundamenta en la correcta identificación de las especies presentes, lo que permite a su vez aplicar el conocimiento de la diversidad de

artrópodos en cualquier espacio de investigación forense (De Jesús et al., 2018). Se ha observado que la integración de distintos tipos de información y métodos de análisis para la identificación, incluyendo tanto la información morfológica como la secuenciación de DNA, es particularmente útil para identificar de forma robusta grupos de invertebrados altamente diversos y poco estudiados (Pedraza-Lara et al., 2018).

1.5.1 Identificación morfológica

Los caracteres morfológicos son generalmente el primer tipo de evidencia con la que se cuenta cuando se observa un organismo, éstos pueden ser cualitativos (formas de estructuras morfológicas) o cuantitativos (medidas de estructuras), que a su vez son los que los taxónomos emplean para identificar y delimitar a las especies (De Jesús et al., 2018).

El estudio de la diversidad de organismos incluye al estudio de la clasificación, el cual pertenece al campo de la taxonomía. En éste tipo de identificación puede hacerse uso de herramientas como las claves taxonómicas de identificación, las cuales pueden basarse en caracteres tales como apariencia en general, tamaño y la forma de las estructuras (Triplehorn y Johnson, 2005). Aunado a lo anterior, el principal instrumento que permite observar con mayor claridad las estructuras es un microscopio binocular ya sea estereoscópico y óptico con diferentes aumentos si es que las estructuras del organismo son bastante pequeñas.

1.5.2 Identificación molecular

El desarrollo de la identificación molecular de especies de interés forense a través de marcadores genéticos ha cobrado relevancia a nivel internacional, lo anterior ya que existe un alto número de especies en el mundo, las cuales pueden ser muy variables en función de distintos factores como los ambientales (Pedraza-Lara, 2016).

En la ecología molecular, el DNA mitocondrial suele ser el tipo de información más utilizado para llevar a cabo la tarea de la identificación de especies, puesto que se caracteriza por transmitirse por vía materna, no se modifica por un proceso de recombinación genética, tiene una alta tasa de sustitución y resulta altamente variable, lo hace un marcador genético ideal para delimitar especies (Ballard y Whitlock, 2004), sin mencionar que también es útil para el análisis de material muy degradado (Villavicencio y Guardado, 2017). De acuerdo con Pedraza-Lara (2016) “los marcadores genéticos que más han sido utilizados son fragmentos de genes mitocondriales como el citocromo oxidasa subunidad I y II, o nucleares como el gen 28S o el 18S, ya que permiten comparar entre grupos de especies muy distintos”, permitiendo distinguir entre especies y acceder a una

identificación más precisa. Por lo que al conocer la secuencia de un fragmento de DNA previamente extraído de un espécimen o muestra en particular, puede deducirse su identidad específica (Pedraza-Lara y Vergara-Pineda, 2017).

Otra de las ventajas que tiene este tipo de identificación es que más adelante los datos genéticos obtenidos de la extracción de DNA, pueden ser comparados con bases de datos de referencia (Pedraza-Lara, 2016). Sin embargo, deben tomarse en cuenta algunas precauciones como la posibilidad de una identificación errónea debido a la presencia de hibridación con otras especies, o la presencia de genes mitocondriales nucleares (Song et al., 2008). En la práctica forense, se tiene mayor relevancia a nivel nacional el desarrollar estrategias de identificación molecular de la fauna de interés, debido a la megadiversidad de un país como México en donde resulta determinante caracterizar adecuadamente las especies en sus distintas regiones biogeográficas (Llorente-Bousquets y Ocegueda, 2008).

1.5.3 Problemática de la identificación de algunos grupos de artrópodos en México

En México los estudios relacionados con la identificación de artrópodos y sus especies representan una oportunidad significativa, ya que el conocimiento de la vasta diversidad entomológica del país se encuentra aún en desarrollo para muchos grupos, incluyendo la fauna de interés forense (Pedraza-Lara, 2016). Aunado a que una problemática actual se ve reflejada en que las claves taxonómicas con las que se cuentan para su identificación, han sido generadas basadas en fauna de distintas regiones en el mundo, las cuales son distintas a las incluidas en el territorio mexicano, lo que en muchos casos no permite obtener identificaciones de fauna mexicana con alto grado de certeza (Pedraza-Lara et al., 2018).

Considerando los grupos de artrópodos ya presentados en este trabajo, en el caso del orden Isopoda, al menos en el país aún se cuenta con poca información de referencia para la identificación taxonómica de sus especies. Teniendo actualmente como únicas referencias trabajos desarrollados en tesis de Licenciatura y Maestría de la UNAM como las de Espinoza, 1999; Rodríguez, 2014 y González, 2022, sin embargo, a pesar de contar con estos trabajos, sólo se encuentra información centrada en distribuciones geográficas específicas como el sur del Golfo de México y el Pacífico, reconociendo así la necesidad de realizar mayores estudios que involucren otras zonas del país, así como involucrar el conocimiento de otras como las terrestres.

2. ANTECEDENTES

2.1 Grupos edáficos en un proceso de descomposición

Sorprendentemente son escasos los estudios experimentales a nivel mundial que han sido realizados para evaluar directamente el papel que desempeñan los artrópodos edáficos durante un proceso de descomposición.

Matuszewski (2019), es uno de los autores que ha contribuido a la revisión sistemática de los estudios publicados relacionados con el estudio de la fauna entomológica en un proceso de descomposición, utilizando distintos biomodelos entre ellos *Sus scrofa*; mostrando con ello, la relevancia que se le ha dado a este tema de investigación alrededor del mundo. La información acerca de esta revisión que realiza el autor se encuentran disponible para su consulta en el link de repositorio “Bases de datos” https://drive.google.com/drive/folders/1tZSQh0VmmPaOos_Ajf0X5CPTPbs69koz?usp=drive_link

A continuación, se enlistan algunos trabajos (Tabla 2) que han llevado a cabo éste tipo de estudios de sucesión en distintas partes del mundo. Se trata de publicaciones cuyo foco principal es el reconocimiento y análisis de los grupos de artrópodos que se presentan en un proceso de descomposición.

Tabla 2. Distintos estudios de diversidad y sucesión de fauna edáfica durante un proceso de descomposición, realizados en distintos países del mundo.

Autor, año y país de publicación	Biomodelo utilizado y tipo de muestreo	Datos del estudio y grupos que reportan
Bornemissza, 1957 Australia	-Conejillo de indias (Guinea pig). -Se realizó un muestreo directo del suelo debajo de la carroña, y a distancias de 10 y 20 cm del cadáver. -Fueron utilizadas trampas de captura.	- Se estudió la relación de la fauna necrófaga con respecto al cadáver; así como el efecto que produce del proceso de descomposición en la fauna edáfica. - Se documentaron la presencia, abundancia y patrones de sucesión asociados a la carroña de los grupos: Diptera, Coleoptera, Hymenoptera, Ácari, Araneae, Collembola, Protura, Miriapoda, Pseudoscorpiones y Diplopoda. *En este caso no se contó con estudios estadísticos que establecieran previamente la relación de los grupos de la fauna edáfica con respecto al proceso de descomposición. El análisis realizado únicamente consistió en los cambios de abundancias en las zonas de muestreo, con los que se determinó el desplazamiento de los organismos, con respecto al cadáver.

Tullins y Goff, 1987 EUA	<p>-Cerdo doméstico.</p> <p>-La revisión de los cadáveres fue realizada dos veces al día.</p> <p>-Los muestreos de los especímenes se realizaron con red y tubos viales.</p>	<p>- Se reportó la presencia de los grupos: Amphipoda, Coleoptera, Diplura, Diptera, Hemiptera, Isopoda, Hymenoptera, Dermaptera y Lepidoptera.</p> <p>*Sin embargo, durante toda la descripción del proceso, únicamente el estudio se centra en especies del orden Diptera y Coleoptera.</p>
Tantawi, eL-Kady, Greenberg y el-Ghaffar, 1996 Egipto	<p>-Conejos.</p> <p>-El estudio se realizó en el verano e invierno del 17 de julio al 11 agosto de 1988.</p> <p>-Para el muestreo de especímenes fue utilizada una red aérea, un aspirador y un pincel. Además, se realizó una recolección manual con pala.</p> <p>-Las muestras de suelo fueron separadas utilizando un embudo de Berlese.</p>	<p>-Los grupos que fueron reportados en este estudio fueron: Diptera, Coleoptera, Hymenoptera, Lepidoptera, Isopoda, Collembola, Zygentoma y Araneae.</p> <p>*Es el primer estudio que reporta la presencia de <i>Porcellionides pruinosus</i> (Isopoda). Sin embargo, la descripción más profunda de la sucesión de artrópodos únicamente incluye a las especies de Diptera y Coleoptera.</p>
Shahid, Schoenly, Haskell, Hall y Zhang., 2003 EUA	<p>-Cerdos domésticos.</p> <p>-Se muestrearon 3 cerdos durante la primavera y el verano de 1998.</p> <p>-Se usaron redes y trampas pitfall.</p>	<p>- El estudio se enfocó en reconocer la comunidad de artrópodos en diferentes procesos de descomposición.</p> <p>- Obtuvieron un total de 81,000 organismos. Sin embargo, en todo el estudio únicamente son mencionados y reportados los órdenes de Diptera y Coleoptera, ya que son los únicos considerados de importancia forense.</p> <p>- Se realizaron diferentes análisis estadísticos de <i>spearman</i>, consideraron abundancias, condiciones ambientales, realizaron curvas de acumulación de especies, así como análisis de diversidad de rarefacción y varianza.</p>
Grassberger, Frank, 2004 Austria	<p>-Se muestrearon dos cadáveres de cerdo.</p> <p>-El estudio tuvo lugar del 2 mayo al 20 de agosto de 2001.</p>	<p>- Se obtuvo un total de 42 taxones de artrópodos; divididos en 4 órdenes y 22 familias.</p> <p>- Únicamente se menciona la presencia de una especie de Isopoda (<i>Porcellio scaber</i>).</p> <p>*El resto del estudio está enfocado en la sucesión de dípteros, coleópteros e himenópteros.</p>
Onyshi, Osuala, Aguzie, Okwuonu, Orakwelu, 2020 Nigeria	<p>- Se muestrearon 10 cadáveres de ratas.</p> <p>-El estudio fue realizado durante los meses de noviembre y marzo.</p> <p>-Los muestreos de artrópodos fueron realizados con redes y pinzas.</p>	<p>- Se obtuvieron un total de 164 artrópodos, pertenecientes a tres clases: Insecta, Arachnida y Crustacea.</p> <p>*Los análisis estadísticos, así como las descripciones y discusión de resultados de la sucesión únicamente son realizados a profundidad para los órdenes de Diptera, Coleoptera e Hymenoptera. El resto de artrópodos solo son mencionados como “aparecieron durante el proceso”.</p>

La mayoría de estos estudios, principalmente los primeros en realizarse (Bornemissza, 1957; Tullins y Goff, 1987; Tantawi, eL-Kady, Greenber y el-Ghaffar, 1996), no cuentan con un análisis sistemático, únicamente cuentan con datos de abundancia y temporalidad de los grupos y especies que les permiten establecer las relaciones de los organismos con las etapas del proceso de descomposición. Con lo que se dilucida la falta de análisis estadísticos que puedan sustentar estas relaciones, al menos para los resultados de estos primeros estudios.

Así como los estudios antes presentados (Tabla 2) existen otros que sirven como referencia (Shi et al., 2009; Matuszewski et al., 2010b; Díaz-Martín y Saloña-Bordas, 2015; Rysavy y Goff, 2015; Segura et al., 2011; Iloba y Odo, 2020; Kientega et al., 2024; Tembe y Mukaratirwa, 2021; Arnaldos et al., 2005) de que a lo largo de la historia, se han realizado estudios que tienen como objetivo reportar, describir y discutir la diversidad de fauna edáfica presente en el proceso de descomposición de diferentes biomodelos. Sin embargo, durante el desarrollo de los mismos se sigue dando preferencia a la descripción de órdenes ya conocidos dentro de la Entomología Forense como lo son los dípteros, coleópteros y en su caso himenópteros, dejando de lado el análisis que puede realizarse con las abundancias de otros grupos de artrópodos presentes en el proceso, así como las descripciones de las posibles perturbaciones que sufre el suelo después de esta alteración.

2.2 Estado de conocimiento de los artrópodos edáficos relacionados con el proceso de descomposición de un cuerpo en México

En el caso de México son todavía menos los estudios realizados con el objetivo de reportar la diversidad y la sucesión de la fauna edáfica en el proceso de descomposición. Algunos de estos estudios se presentan en la Tabla 3.

Tabla 3. Distintos estudios de sucesión de fauna edáfica durante un proceso de descomposición realizados en México.

Autor, año y zona de México donde se publicó	Biomodelo utilizado y tipo de muestreo	Datos del estudio y grupos que reportan
Valdés-Pérezgasga, Sánchez-Ramos, García, Anderson, 2010 Torreón, Coahuila	<ul style="list-style-type: none"> - El estudio incluyó 7 cadáveres de cerdo. -El muestreo de especímenes se realizó durante la primavera e invierno del 2007. -Se tomaron muestras de suelo sobre, dentro y debajo de los cadáveres (diariamente durante las primeras tres semanas). -Se colocaron cuatro trampas alrededor de los cuerpos; los artrópodos se conservaron en etanol al 70%. 	<ul style="list-style-type: none"> - Documentaron únicamente a los organismos más abundantes durante las cinco etapas del proceso de descomposición que se observaron (Diptera, Coleoptera e Hymenoptera). - La descripción de los artrópodos que estuvieron presentes en cada una de las etapas únicamente contemplaba a las especies de los órdenes antes mencionados. - No reportaron el número total de los otros artrópodos registrados. - Realizaron una única mención de la presencia de otros grupos (isópodos y arañas) en las etapas de Descomposición activa y avanzada, pero no se realizaron análisis respecto a ellos.
Caballero y León-Cortés, 2014 Tuxtla Gutierrez,	<ul style="list-style-type: none"> -Fueron utilizados 4 cadáveres de cerdo vestidos. -Para el muestreo utilizaron 4 trampas pitfall de 14 cm de diámetro, alrededor de 	<ul style="list-style-type: none"> - Este estudio tenía como objetivo único la descripción de la sucesión cadavérica del grupo Coleoptera. - Reportaron un número total de 6,344 individuos.

Chiapas	<p>cada biomodelo.</p> <p>-El muestreo fue realizado del 9 de agosto al 8 de septiembre de 2008.</p>	
Mañas-Jorda, León- Cortés, García-García, Caballero y Infante, 2017 Chiapas	<p>- Fueron utilizados 6 cadáveres de cerdo.</p> <p>-Los muestreos fueron a través de trampas tipo Schoenly.</p> <p>-La duración del muestreo fue de 68 días. Inició el 1 de Agosto y terminó el 8 de octubre de 2015.</p>	<p>- El estudio tenía como objetivo el estudio de la diversidad y sucesión cadavérica del orden Diptera.</p> <p>-Se recolectaron un total de 1,703 adultos divididos en 30 especies y 19 familias.</p>
Flores Pérez, 2009 Estado de México	<p>-Se utilizaron dos cadáveres de cerdo.</p> <p>-El experimento duró de agosto a octubre del 2005 y de enero a noviembre de 2006.</p> <p>-Los días de colecta fueron dos veces al día durante los primeros 32 días. Después estas fueron cada tres días.</p> <p>-Usaron trampas adaptadas a las jaulas del biomodelo y se realizaron colectas manuales.</p>	<p>- El objetivo del estudio era estudiar los patrones de sucesión cadavérica de la entomofauna en distintas épocas del año.</p> <p>- Se colectaron 8,922 ejemplares entre larvas y adultos; distribuidos en 4 órdenes (Diptera, Coleoptera, Hymenoptera y Lepidoptera), 14 familias, 33 géneros y 22 especies.</p> <p>- La colecta e identificación de los ejemplares se centró únicamente en dípteros y coleópteros de interés forense.</p> <p>- Se realizaron estudios estadísticos de análisis multivariado de correspondencias.</p>

Al igual que con los estudios realizados en otros países, los de México únicamente contemplan a los artrópodos mayormente estudiados por la entomología forense (Diptera y Coleoptera). Si bien los títulos de los trabajos mencionan que serán realizados estudios de la entomofauna en un proceso de descomposición, se sigue dejando de lado al resto de los grupos que se pudieron encontrar en estas regiones, al grado de ni siquiera mencionarlos. Otro punto a resaltar es que en el país no se cuenta con un estudio previo de este tipo en la Ciudad de México, ni en muchas otras regiones, exponiendo de esta forma la necesidad de realizar mayores estudios, toda vez que por la elevada biodiversidad presente en México, puede ser que en un futuro se lleguen a encontrar muchas otras especies que resulten de interés forense.

Finalmente, cabe destacar que el trabajo de Flores (2009) es una investigación de tesis de doctorado, es decir no es un trabajo publicado, sin embargo, es de gran relevancia como antecedente de este tipo de estudios en México.

3. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Algunos autores han reportado que ciertos grupos de la mesofauna edáfica, como los ácaros y los colémbolos, son indicadores de diferentes grados de perturbación en el suelo ya que juegan un papel importante en la descomposición de la materia orgánica. Sin embargo, pese a esta característica funcional, son mínimos los estudios que han sido enfocados a reportar el impacto de la descomposición de cadáveres de vertebrados en la composición, abundancia y diversidad de la fauna edáfica (Castillo, 2002).

A la fecha, la gran mayoría de los estudios de sucesión cadavérica que existen alrededor del mundo y en México, se han limitado a documentar las especies de insectos necrófagos durante el proceso de descomposición sin prestar atención a las especies de la comunidad edáfica. Por ende, no se ha evaluado si es que los grupos de artrópodos edáficos tienen relación con la descomposición cadavérica en un sitio determinado y con ello, si pueden ser de utilidad en entomología forense.

4. JUSTIFICACIÓN FORENSE

En distintas instancias de procuración de justicia nacionales e internacionales se cuenta con un Laboratorio de Entomología Forense, donde se desarrollan estudios entomológicos para investigaciones judiciales (Molina, 2009). Sin embargo, no se han reportado estudios cuyos objetivos estén destinados a la documentación y análisis de la fauna edáfica presente durante un proceso de descomposición, lo cual genera una falta de conocimiento sobre el comportamiento de estos grupos y los alcances que pudieran tener en una investigación de índole forense, tales como en casos en que ha habido un traslado de un cuerpo o indicio, identificación de fosas clandestinas e indicadores en la estimación del IPMmín.

En cuanto al traslado de un cuerpo, se hace referencia a un contexto donde se encuentre una especie particular que no es propia de la región. Por otra parte, en la identificación de fosas clandestinas el proceso de descomposición que sufre un cuerpo puede generar un patrón en la sucesión de los artrópodos edáficos que permita localizar un sitio, donde se ha depositado tal proceso. Por último, en la estimación del IPMmín., la observación de un patrón de cambio en la fauna edáfica, en función de diversidad y abundancia, puede corresponder con el grado de avance en el proceso de descomposición de un cadáver. Con esta investigación se pretende obtener información de relevancia acerca de los cambios de abundancia en el tiempo de los grupos de la fauna edáfica Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura presentes en un proceso de descomposición, y así determinar si existe una relación significativa con alguna etapa del proceso que pueda catalogar a estos grupos como de interés forense considerando condiciones ambientales específicas de una región.

Asimismo, actualmente el Protocolo Homologado para la Búsqueda de Personas Desaparecidas y No Localizadas de la Comisión Nacional de Búsqueda (2020) contempla que la formación de los grupos especializados en la ubicación de contextos de hallazgo debe integrarse en forma multidisciplinaria incorporando especialistas forenses en distintas áreas, de las cuales únicamente son contempladas la Arqueología, Antropología, Geología, Topografía y Criminalística. Con este estudio, también se busca plantear las bases para que la Entomología Forense pueda ser considerada dentro de estas áreas y que de esta forma coadyuve en la búsqueda de personas desaparecidas y no localizadas en México.

5. OBJETIVOS

Objetivo general

- Describir el proceso de sucesión de los grupos Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura a lo largo de la descomposición cadavérica usando un modelo porcino, en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel (REPSA), Ciudad Universitaria, CDMX.

Objetivos Específicos:

- Conocer la composición de especies de Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura, encontrados en el proceso de descomposición.
- Evaluar estadísticamente si existe una asociación entre la abundancia de los grupos mencionados y el proceso de descomposición.
- Describir las modificaciones temporales observadas en los grupos mencionados durante el proceso de descomposición, en términos de composición y abundancia.
- Evaluar la existencia de patrones de dispersión espacial en los grupos de estudio y evaluar la posible influencia de la pendiente y los refugios.
- Determinar si existen taxones asociados a etapas específicas del proceso, que pueden ser de utilidad forense como indicadores temporales.
- Emitir recomendaciones derivadas de los resultados en la práctica legal.

6. METODOLOGÍA

Para este trabajo, fue utilizado el material resultante de un proyecto realizado en el año de 2017, por lo que las actividades del experimento en su fase de campo fueron realizadas por alumnos que cruzaban la optativa de Entomología Forense Avanzada de la Escuela Nacional de Ciencias Forenses (en su momento Licenciatura en Ciencia Forense) durante ese periodo. Para contextualizar la procedencia de las muestras con las que se trabajó durante esta investigación, se presentan los datos de lo realizado durante el muestreo.

6.1 Zona de estudio

La Cantera Oriente, ubicada en la Ciudad de México, Alcaldía Coyoacán, específicamente en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel (REPSA), donde se encuentra Ciudad Universitaria (Figura 10), es considerada zona de amortiguamiento de la Reserva, aunado a que por sus característicos paisajes; así como a la presencia de ambientes acuáticos, representa un refugio del ecosistema de la Cuenca de México (Lot, 2007).



Figura 10. Campus de Ciudad Universitaria. Universidad Nacional Autónoma de México. Señalización en color naranja de la ubicación de la Cantera Oriente (Modificada de UNESCO, 2005)

Al igual que el resto del pedregal, la Cantera (Figura 11) forma parte del derrame lávico del volcán Xitle. La UNAM concesionó parte del derrame al Departamento Federal para el aprovechamiento de la roca basáltica para utilizarse en los triturados de mezclas asfálticas de la

pavimentación de la Ciudad de México, dicho procedimiento finalizó a mediados de los años noventa. Posteriormente este espacio fue designado por el Departamento del Distrito Federal como sitio de depósito de los escombros del terremoto de septiembre de 1985 (Ortíz et al., 2007). Actualmente, el sitio presenta una extensión de 16 hectáreas y 42 metros de profundidad (Olguín, 2018).

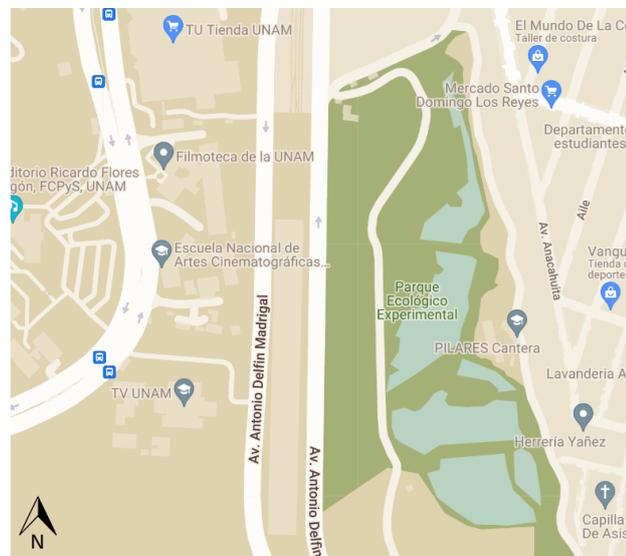


Figura 11. Acercamiento de la Ubicación de Cantera Oriente. Localizada en las inmediaciones territoriales de la Alcaldía Coyoacán, Ciudad de México.

En cuanto a su composición está conformada por distintas unidades ambientales de paisajes como lacustre y humedales, jardines, bosques y arbustos, así como paisajes construidos. Donde éstos a su vez, se conforman de distintas áreas características como cuerpos de agua, zonas inundables, terrazas con jardines y césped, entre otros (Ortíz et al., 2007). Asimismo, cuenta con un hábitat adecuado para albergar cerca de 300 especies de plantas nativas y aproximadamente 800 artrópodos, entre ellos arácnidos, insectos y crustáceos; así como 30 de mamíferos, entre otros vertebrados (REPSA, 2019).

6.2 Descripción del experimento

En el año de 2016 la División de Investigación de la Facultad de Medicina, aprobó el proyecto de investigación: “*Diversidad Faunística de Interés en Entomología Forense en México*”, con el número de registro: 033/2016, del cual fue responsable el Dr. Carlos S. Pedraza Lara.

El proyecto comenzó el día 30 de marzo del 2017, dentro de la Cantera Oriente de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel, donde fue colocado un modelo biológico de cerdo (*Sus scrofa domestica*), con el fin de documentar su proceso de descomposición y la fauna asociada al mismo.

El término del estudio tuvo lugar el 26 de junio de 2017, día en el que se retiró el biomodelo del lugar.

Datos del modelo biológico *Sus scrofa domestica*

El biomodelo utilizado fue un cerdo blanco con un peso aproximado de 11.950 Kg, y una longitud de 60 cm aproximadamente. Éste fue proporcionado por la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UNAM, al que se le inyectó primero un sedante de Azaperona de 40 mg, para posteriormente ser sacrificado con una inyección de 476 mg de pentobarbital.

Sobre el biomodelo fue colocada una jaula metálica con paredes de malla de una abertura aproximada de 24.75 cm², la cual tenía como objetivo la protección del cadáver de depredadores de mayor tamaño.

Datos del lugar de muestreo donde fue colocado el biomodelo

El biomodelo se colocó en el extremo Noreste de la Cantera, con una localización geográfica: 19°19' 14" N, 99° 10' 22" O; a 2289 m sobre el nivel del mar.

El lugar de muestreo, de acuerdo con Lot (2007), es propio de la unidad ambiental: "Planicie ligeramente inclinada con vegetación arbustiva", la cual es una zona que está en transición con áreas palustres. Presenta una vegetación herbácea y una presencia incipiente de arbustos. Además, específicamente el sitio se encuentra debajo de un arbolado que lo vuelve característicamente sombreado (Figura 12). De esta forma, también se resalta que en el lugar se presentaba una pendiente de 45° al Sur.

Además, éste se encuentra ubicado entre otras tres unidades ambientales que lo hacen ser todavía más característico, ya que en su costado hacia el Este se encuentra uno de los cuerpos de agua con los que cuenta la Cantera, y a su vez la unidad ambiental de "Planicie palustre o de ciénega", delimitado por cuerpos de agua y donde se tiene la presencia de vegetación acuática. Aunado a ello, para acceder al sitio es necesario transitar por el área de "Talud de terraza con vegetación arbustiva", la cual se encuentra en la porción Norte entre el contacto con la planicie ligeramente inclinada (donde se colocó el biomodelo) y el camino principal de la Cantera (Figura 13).

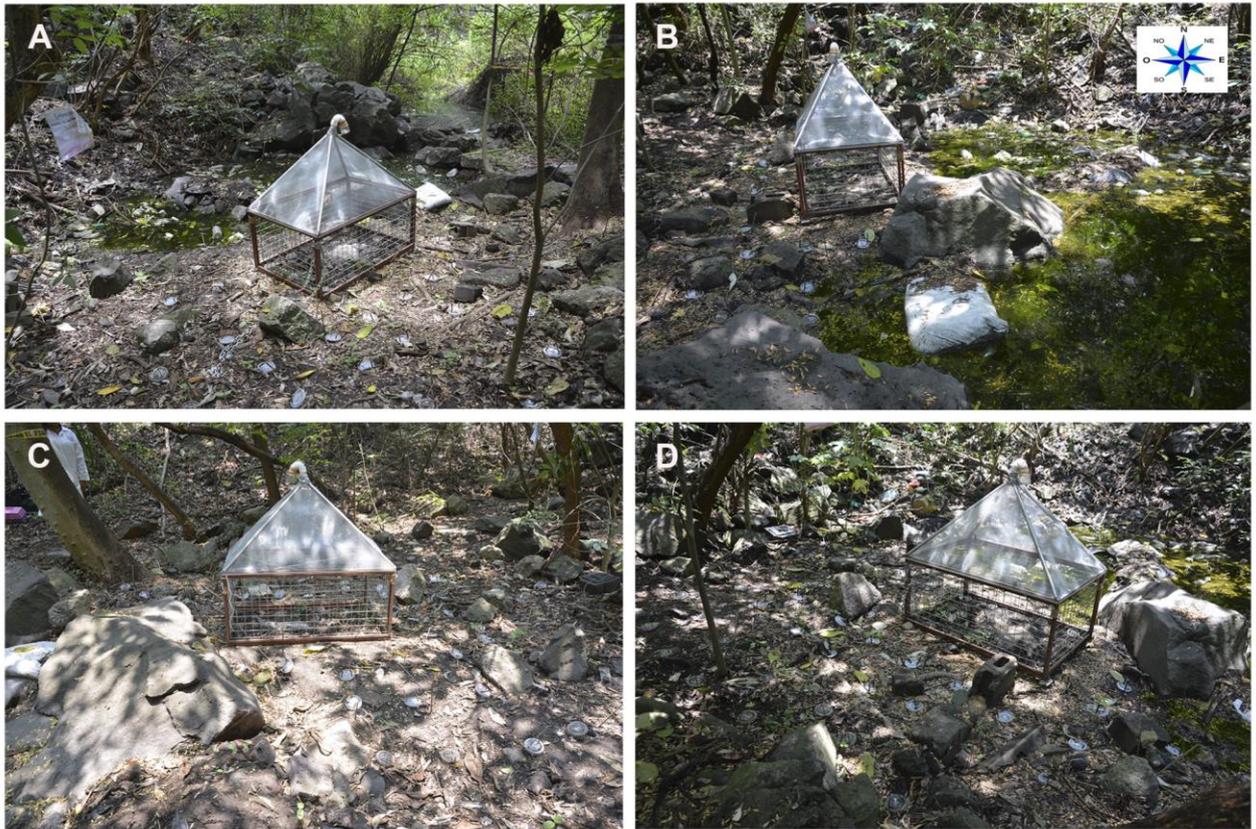


Figura 12. Tomas generales del lugar. **A.** Vista de Noroeste a Suroeste; **B.** Vista de Sur a Norte; **C.** Vista de Este a Oeste y **D.** Vista de Suroeste a Noreste.

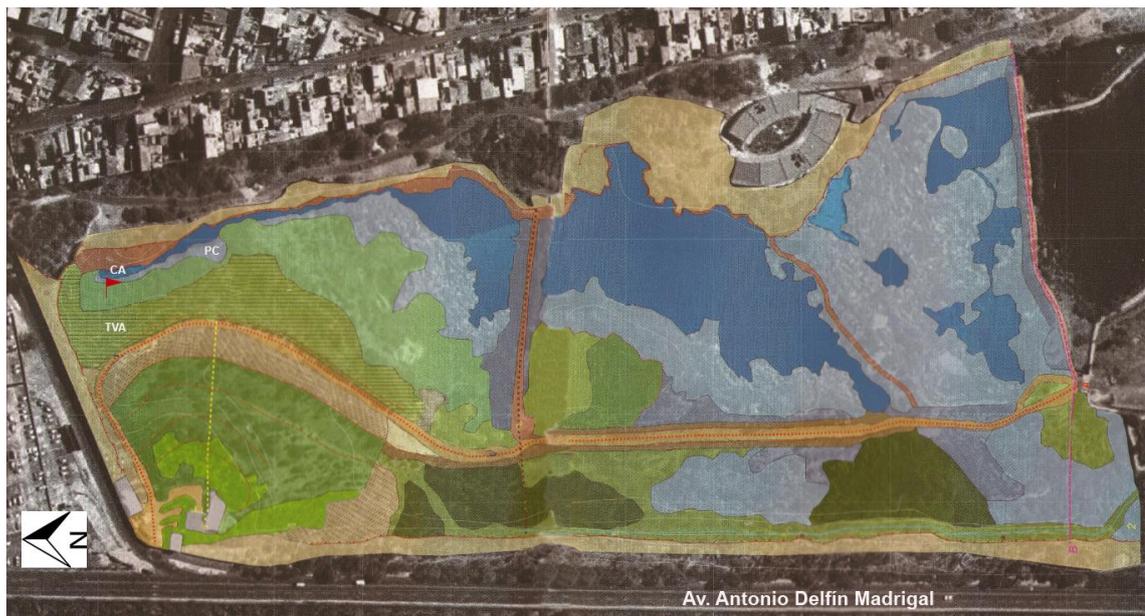


Figura 13. Mapa general de la Cantera Oriente, donde se especifica el lado Noreste de la Cantera Oriente. **Banderín rojo:** indica el lugar en el que fue colocado el biomodelo; **CA:** Cuerpo de Agua; **PC:** Planicie palustre o de ciénega y **TVA:** Talud de terraza con vegetación arbustiva (Modificado de Ortíz et al., 2007).

Muestreo

En la fase de campo fueron realizados dos tipos de muestreo, el primero consistió en muestras de suelo del lugar utilizando una pala de jardinería. Se realizaron 25 muestreos en diferentes fechas, antes, durante y después del proceso. Los artrópodos encontrados durante este muestreo fueron separados en el año de 2017 utilizando un embudo de Berlese.

Después de haberse colocado el cadáver del cerdo, para la recolección de la fauna edáfica asociada al mismo, fueron utilizadas trampas de caída (pitfall), las cuales fueron realizadas utilizando contenedores de plástico con tapa de una capacidad total de 30 mL, que contenían en su interior 10 mL de alcohol al 96%. Se colocó una tapa a cada trampa, sostenida con dos palos de madera a manera de postes para evitar que se inundaran en caso de lluvia y la conservación de los artrópodos se afectara.

El 05 de abril fueron depositadas las primeras 4 trampas pitfall, las cuales se colocaron dentro de cada extremo de la jaula y fueron retiradas el día 6 de abril; este mismo día fueron colocadas 4 nuevas trampas pitfall de reemplazo a las anteriores; las cuales fueron retiradas el 07 de abril.

A partir del 07 de abril, fue colocada alrededor del biomodelo una cuadrícula (Figura 14) de 48 trampas pitfall individualizadas numéricamente de la 1 a la 47, las cuales serían utilizadas para realizar el primero de ocho muestreos periódicos. Para el segundo muestreo, fue expandido el tamaño de la cuadrícula agregando 37 trampas individualizadas con números romanos numerados como I al XXXVII, dando un total de 85 trampas. Los muestreos subsecuentes fueron realizados reemplazando las trampas pitfall de la cuadrícula por nuevas, individualizadas cada una por un código.



Figura 14. Cuadrícula de trampas pitfall trazada alrededor del biomodelo.

A continuación, en la Tabla 4 se presentan los periodos en los cuales fueron realizados los ocho muestreos.

Tabla 4. Fechas de los muestreos realizados durante el estudio, así como el total de trampas colocadas.

Muestreos	Periodo de muestreo 2017	Total de trampas colocadas
A	07 de Abril - 14 de Abril	48
B	14 de Abril - 21 de Abril	85
C	21 de Abril - 28 de Abril	85
D	28 de Abril - 05 de Mayo	85
E	05 de Mayo - 11 de Mayo	85
F	11 de Mayo - 24 de Mayo	85
G	24 de Mayo - 01 de Junio	85
H	01 de Junio - 26 de Junio	85
	Total	643

Asimismo, se presenta un croquis que ilustra la localización de cada una de las trampas pitfall en la cuadrícula trazada alrededor del biomodelo (Figura 15). Además de la representación de una roca de gran tamaño ubicada en el extremo Sureste del sitio de estudio, así como la de un árbol situado en el extremo Suroeste. Es preciso mencionar que las trampas individualizadas de un color rosado se encontraban al interior de la jaula que contenía al cadáver de cerdo.

La fase de campo se dió por terminada con la última fecha del muestreo realizado, esto debido a la inundación del lugar de muestreo a causa de las fuertes lluvias registradas un día antes. Ésto impactó también en el último número de trampas pitfall obtenidas para su revisión, ya que, por la causa antes expuesta, resultó complicado la colecta de todas las que se encontraban en el sitio.

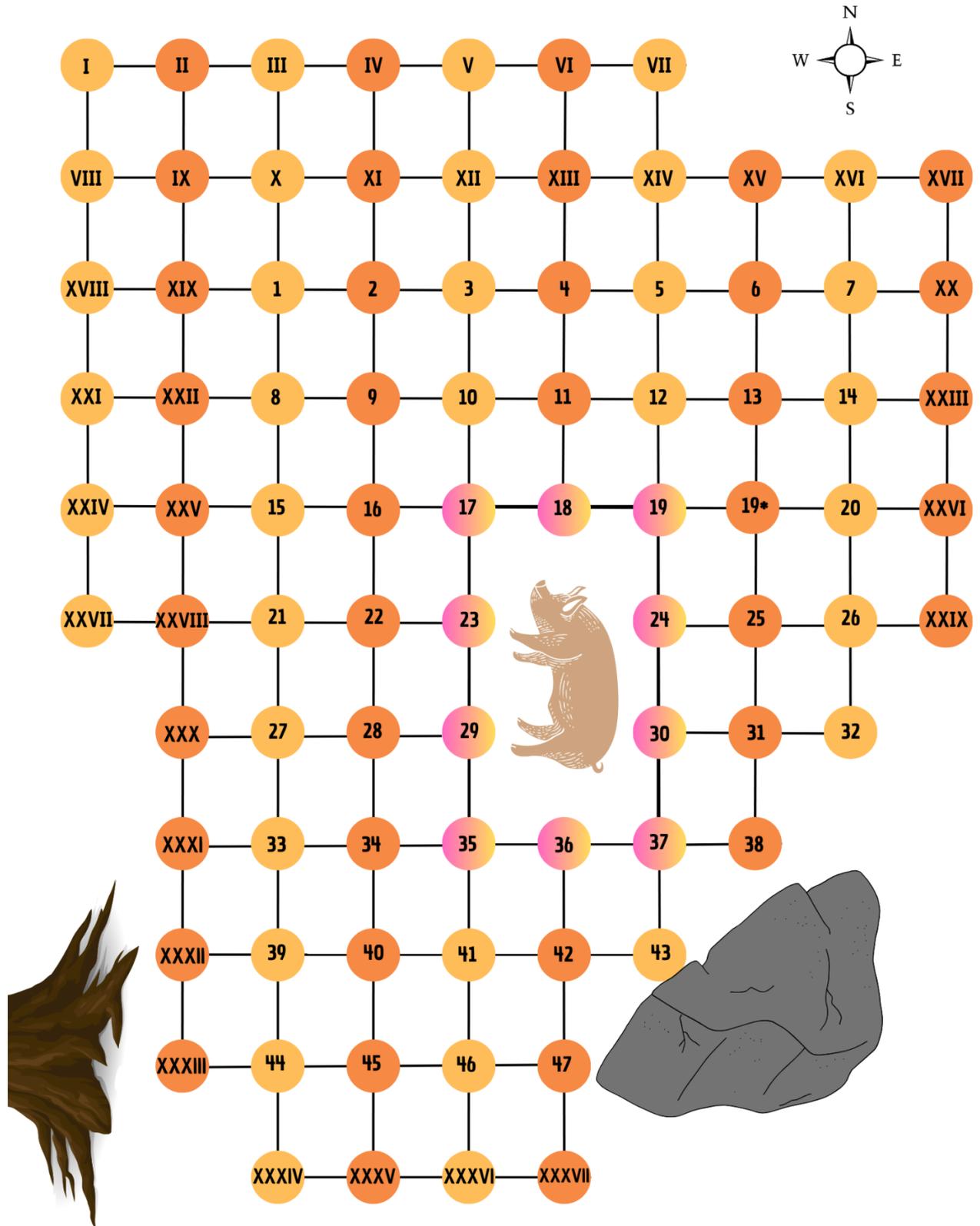


Figura 15. Croquis de la distribución de trampas pitfall.

Registro de las condiciones ambientales

Por parte de los participantes durante la fase de campo del proyecto, se llevó el registro de las condiciones ambientales de temperatura, humedad y precipitación sólo de algunos días del proceso. Siendo completados con los datos contenidos en el Programa de Estacionalidades Meteorológicas del Bachillerato Universitario (PEMBU), específicamente de la zona del plantel CCH SUR.

Descomposición del biomodelo

Diariamente, de lunes a viernes durante todo el proceso, fueron registrados los cambios físicos que presentaba el cadáver mediante tomas fotográficas y registros escritos.

6.3 Descripción de las etapas de descomposición

Con los registros fotográficos del biomodelo fue realizada una descripción de los cambios físicos presentados en el biomodelo a lo largo del tiempo, considerando como referencia la descripción que otorga la clasificación de Vargas Alvarado (1999). Posteriormente, con base en esa descripción se realizó la clasificación temporal de las etapas de descomposición presentadas en el cerdo, lo anterior tomando como base la clasificación de Tullis y Goff (1987).

6.4 Separación de especímenes

A partir del mes de octubre de 2022, se inició la separación y contabilización de todos los especímenes encontrados en cada una de las trampas pitfall existentes en el Laboratorio de Entomología Forense (LEF), ubicado dentro de las instalaciones de la Escuela Nacional de Ciencias Forenses (ENaCiF).

Aquí un punto a precisar es que, si bien en la fase de campo durante los ocho muestreos realizados en el año de 2017 se colocaron un total de 643 trampas pitfall, al momento de la revisión efectuada en octubre 2022 y hasta julio de 2023, únicamente se contaba con un total de 629 trampas presentes (Tabla 5), por lo que fueron las únicas consideradas para la separación de especímenes. Esta modificación en el número se considera fue debido a que en distintos momentos del experimento se registraron trampas fuera de su lugar, aunado a que el sitio mostraba rastros de haber sido visitado por fauna que posiblemente había hecho tales modificaciones.

Tabla 5. Total de trampas pitfall por muestreo existentes para su revisión en el Laboratorio de Entomología Forense en 2022.

Muestreo	Total de trampas pitfall existentes en el LEF en 2022
A	48
B	85
C	83
D	84
E	84
F	85
G	83
H	77
Total	629

En esta etapa fueron utilizados los siguientes materiales, los cuales ya se encontraban presentes en el laboratorio: Microscopio estereoscópico Leica AZ4, pinzas de disección de diferentes puntas, pinceles, cajas petri, tubos eppendorf de capacidad de 1.5 mL y 5 mL, etiquetas de papel y cajas de cartón para almacenamiento de tubos eppendorf de 1.5 mL.

Para llevar a cabo este proceso, se realizó una primera clasificación de los especímenes a niveles de Orden o Clase, tomando como referencia a Palacios-Vargas et al. (2014). Después de ser localizados los órdenes y clases que se tenían en la trampa, se contabilizó el total de cada grupo y fueron colocados en tubos eppendorf de 1.5 mL que fueron debidamente etiquetados con los siguientes datos: *Número de trampa, Orden e iniciales del revisor.*

Simultáneamente, se realizó el registro de las abundancias totales de cada uno de los órdenes y clases, en un documento de excel.xlsx vía Google Drive, en donde se incluyeron los siguientes datos: Trampa, Nombre del revisor, Fecha de revisión, Total de especímenes en cada uno de los órdenes o clases, Observaciones y Total de tubos eppendorf utilizados.

Cabe mencionar que cada una de las trampas pitfall pasó por el proceso de revisión y separación por duplicado, teniendo al final de esta etapa un total de 1,258 revisiones. Finalmente, cada uno de los tubos obtenidos durante la separación fueron debidamente almacenados por órdenes

y clases en cajas de cartón para tubos eppendorf de 1.5 mL, esto para tener un correcto resguardo de especímenes encontrados durante el proyecto. Dicho resguardo se encuentra actualmente dentro del Laboratorio de Entomología Forense de la ENaCiF, para su futuro uso.

Las bases de datos generadas de las muestras de suelo, los registros de las abundancias totales de los especímenes en cada trampa pitfall y los datos utilizados en cada análisis estadístico se encuentran disponibles para su consulta en el link de repositorio “Bases de datos” https://drive.google.com/drive/folders/1tZSQh0VmmPaOos_Ajf0X5CPTPbs69koz?usp=drive_link

6.5 Identificación

Para realizar la identificación de los especímenes de los grupos, fueron llevados a cabo dos tipos de identificación **1) identificación morfológica**, utilizando diferentes claves de identificación y **2) identificación molecular**, utilizando distintas técnicas moleculares.

Para ambos casos se precisa que los organismos con los que se trabajó, debido al tiempo tan largo que transcurrió desde el muestreo hasta la separación de especímenes, la presencia de agua y hongo en algunas trampas, así como la resequeidad excesiva en otras, fueron factores que generaron una mala condición en los organismos, encontrándose éstos morfológicamente incompletos, deshidratados y susceptibles a ruptura en algunos casos.

1) Identificación Morfológica

Se realizó la identificación morfológica de todos los especímenes del **orden Isopoda** dentro de las instalaciones del Laboratorio de Entomología Forense, mediante el uso de un Microscopio estereoscópico Leica AZ4 y las siguientes claves de identificación.

- **Género y Familia:** El trabajo de tesis: “Revisión taxonómica de los Oníscidos (Crustacea: Isopoda) de México” (Rodríguez, 2014).
- **Especie:** Key to adult terrestrial isopods of Maryland (USA) (Shultz, 2018); Clave de identificación para especies introducidas en Chile (Pérez-Schultheiss, 2010) y el trabajo de tesis: “Revisión taxonómica de los Oníscidos (Crustacea: Isopoda) de México (Rodríguez, 2014).

Considerando que en México no se tiene una clave de identificación taxonómica para los grupos de **Collembola** y **Diplura** se contó con el apoyo de expertos en esos grupos el Dr. José Guadalupe Palacios-Vargas, la Dra. Blanca Estela Mejía Recamier, en el caso de Collembola y la M. en C. Maira S. Montejo Cruz en Diplura, para realizar la identificación morfológica de únicamente 6 especímenes, seleccionados de 4 distintas trampas pitfall (A3, DXXXVII, GXXV y GXXXII), los cuales fueron elegidos debido a que fueron los que se encontraron en mejores condiciones estructurales. Este procedimiento se llevó a cabo en el Laboratorio de Ecología y Sistemática de Microartrópodos, ubicado en las instalaciones de la Facultad de Ciencias, UNAM.

Por su parte, para el orden Amphipoda no fue posible realizar una identificación morfológica debido a que en el país no se cuenta con una clave de identificación para especies terrestres y tampoco se logró contactar con algún especialista para el apoyo a su identificación, por ello es que este grupo únicamente tuvo una identificación molecular.

Por las limitantes antes mencionadas para éstos últimos tres grupos, se precisa que no fue posible llevar a cabo la identificación morfológica de todos, por ello es que los análisis estadísticos de estos grupos únicamente fueron realizados considerando el total de sus organismos recolectados en las trampas pitfall, sin considerar especies. Y las identificaciones realizadas por los expertos en los grupos se reportan en este trabajo con el fin de contar con un antecedente sobre las especies que pudieron estar presentes en el desarrollo del experimento.

2) Identificación Molecular

Con el fin de robustecer la identificación de todos los organismos de este trabajo, se llevó a cabo la identificación con información genética de algunos especímenes muestreados de las trampas pitfall y de algunos muestreos manuales en 2017 y 2023. En total fueron extraídos 2 organismos de anfípodos, 52 isópodos, 15 colémbolos y 10 dipluros.

La selección de muestras provenientes de las trampas pitfall, correspondiente al orden Isopoda se llevó a cabo de forma aleatoria, seleccionando el 10% de los tubos de cada evento de muestreo (A, B, C, D, E, F, G y H), donde a su vez fueron seleccionados los ejemplares de distintas morfologías, para ser categorizados por morfotipo asignado en un valor numérico, esto realizado como un ejercicio orientativo de las posibles especies que pudieran estar presentes. Posteriormente, para este grupo se llevaron a cabo extracciones de DNA adicionales con la finalidad de robustecer las identificaciones morfológicas previamente realizadas. Por otro lado, para el orden Amphipoda

dado que la información de referencia de especies terrestres en la Ciudad de México sólo incluye una especie y considerando la poca diferencia morfológica de los organismos, únicamente fueron seleccionados al azar dos para su extracción. En el caso de las muestras de los grupos de Collembola y Diplura, al ser menos y éstos encontrarse en un estado bastante degradado y frágil, en un inicio se seleccionaron únicamente dos de cada grupo, sin embargo, al no conseguir éxito en su amplificación se extrajeron otros cuatro especímenes de las trampas, los cuales además fueron seleccionados procurando que fueran de mayor tamaño.

Cabe mencionar que en esta etapa a cada muestra se le asignó un código (número de catálogo del laboratorio de entomología forense, de prefijo CPL) para individualizarse y posteriormente ser ingresados en la CAIF (Colección de Artrópodos de Interés Forense).

Dicho lo anterior, se realizaron ocho procedimientos hasta llegar a la identificación, los cuales fueron: **I) lavado de los especímenes, II) extracción del DNA, III) Reacción de la Cadena de la Polimerasa (PCR), IV) electroforesis en gel de agarosa, V), cuantificación del DNA, VI) secuenciación** y finalmente **VII) Identificación por comparación con secuencias depositadas en las bases de datos genéticos *Barcoding of Life project (Bold systems)* y el National Center of Biotechnology Information (*GenBank*).**

Los procedimientos descritos a mayor detalle de cada una de las etapas antes mencionadas, así como los materiales (equipos y sustancias) utilizados, se podrán encontrar en el apartado de “Protocolo para la identificación molecular” de los ANEXOS DE LA METODOLOGÍA.

I) Lavado de especímenes

Los especímenes al ser muestras provenientes del suelo contenían restos de partículas de tierra en el interior de sus estructuras, por ello y para evitar que existan contaminantes en la solución de DNA purificado y por ende algún elemento que pueda inhibir la PCR, los organismos pasaron primero por el proceso de lavado (Figura 16).



Figura 16. Proceso para el lavado de especímenes.

II) Extracción de DNA

Para esta etapa fue utilizado el kit de extracción *DNeasy Blood & Tissue Kit* (Qiagen), donde como primer punto fue realizada la digestión de tejidos (Figura 17), utilizando *Proteinasa K* como medio de digestión de proteínas. El protocolo utiliza una columna de sílice, a la cual se adsorbe el DNA en presencia de una sal caotrópica y se llevan a acabo un par de lavados de base etílica, para terminar con una elución en agua.

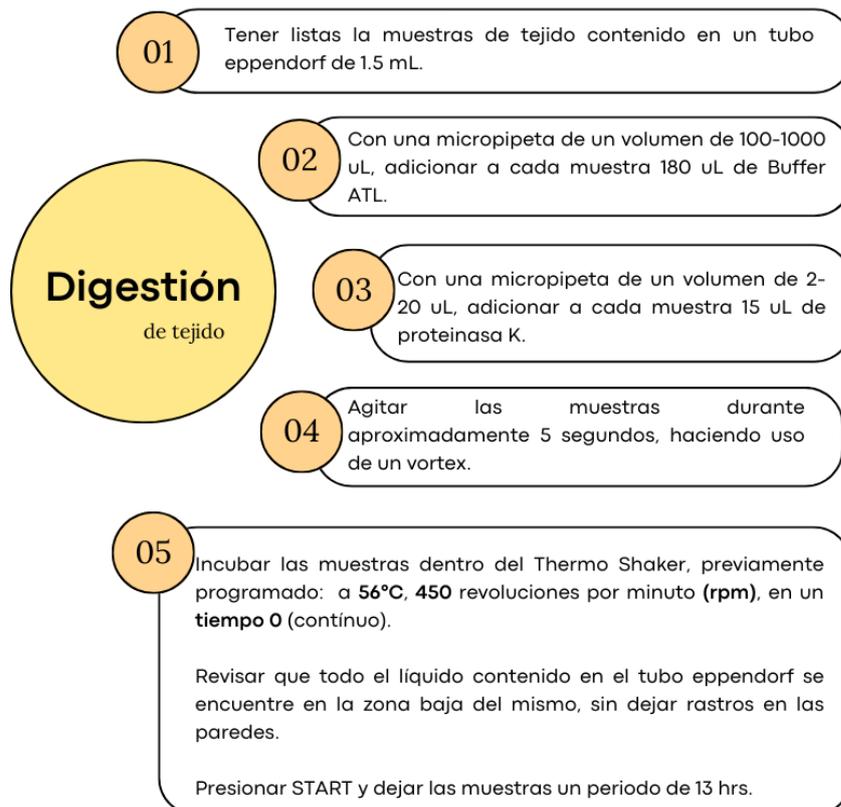


Figura 17. Proceso para la digestión de tejido.

Una vez concluido el paso anterior, se procedió a realizar la extracción del contenido genético de cada una de las muestras (Figura 18).

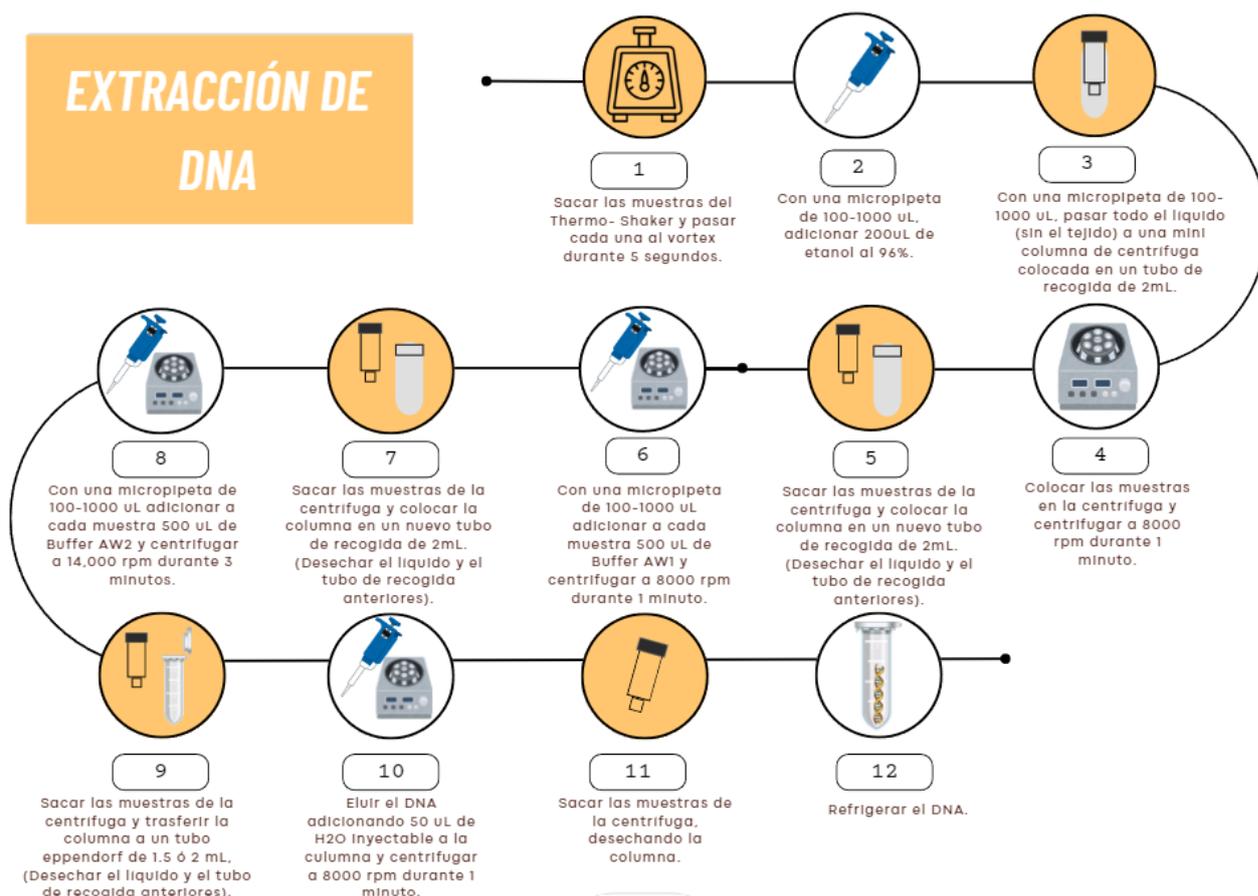


Figura 18. Proceso para la extracción de DNA.

III) Reacción de la Cadena de la Polimerasa (PCR)

Posteriormente, en cada muestra fue llevada a cabo la amplificación de la región que codifica para la Citocromo Oxidasa subunidad 1 (COI) por medio de Reacción de la cadena de la polimerasa de punto final (Figura 19). Esta técnica permite la amplificación rápida de millones a miles de millones de un segmento específico de DNA, para así poder ser secuenciado. Para ello, se utilizan fragmentos cortos de DNA sintético, denominados cebadores, para seleccionar un segmento del genoma que se amplificará, y luego amplificar el segmento deseado en múltiples ciclos de síntesis de DNA (NIH, 2024).

Fueron utilizados los cebadores LCO1490: 5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3' y HCO2198: 5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3' (Folmer et al., 1994), que han sido estandarizados previamente en el LEF como útiles para distintos grupos de artrópodos, así como dos Taq polimerasa: "My Taq" (Bioline) y "Qiagen-Multiplex-Pcr-Kit" (Qiagen).

Sin embargo, lo largo de este trabajo fue necesario realizar distintas pruebas PCR para algunas muestras ya extraídas, ya que por razones de algún tipo de inhibidor, o por el hecho de que las muestras se encontraban degradadas, éstas no amplificaron correctamente en algunas PCR, por lo cual además, se decidió cambiar de cebadores por unos de uso más universal, que además ha sido utilizado para la amplificación de isópodos marinos: jgHCO2198: TAIACYTCIGGRTGICCRARAAYCA y jgLCO1490: TITC IAC IAAYCAYAARGAYATTGG (Geller et al., 2013), los cuales nos permitieron amplificar correctamente el fragmento del gen COI esperado para algunas de las secuencias generadas (ver “Protocolo para la identificación molecular”, de los ANEXOS DE LA METODOLOGÍA). Asimismo, se precisa que para las muestras que no mostraron una amplificación, se llevaron a cabo amplificaciones adicionales, realizando diluciones de 1/10 ó 1/20, lo que permitió en algunos casos obtener amplificaciones exitosas.

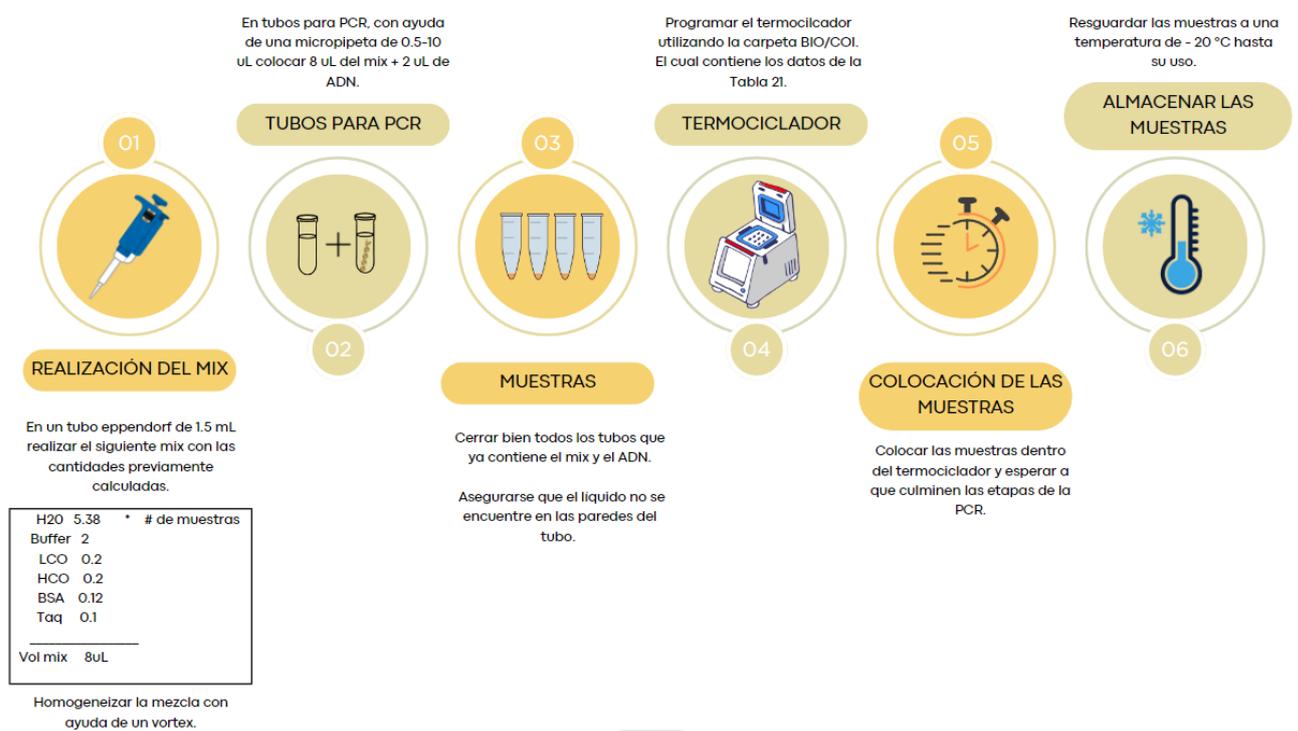


Figura 19. Proceso para PCR de las muestras.

IV) Electroforesis en gel de agarosa

Para evaluar si la amplificación había sido positiva, fue realizada una electroforesis en gel de agarosa al 0.8% (Figura 20). Con la cual, se seleccionaron aquellas muestras que serían enviadas a secuenciar, para posteriormente llegar a la identificación de especies de cada una de las muestras.

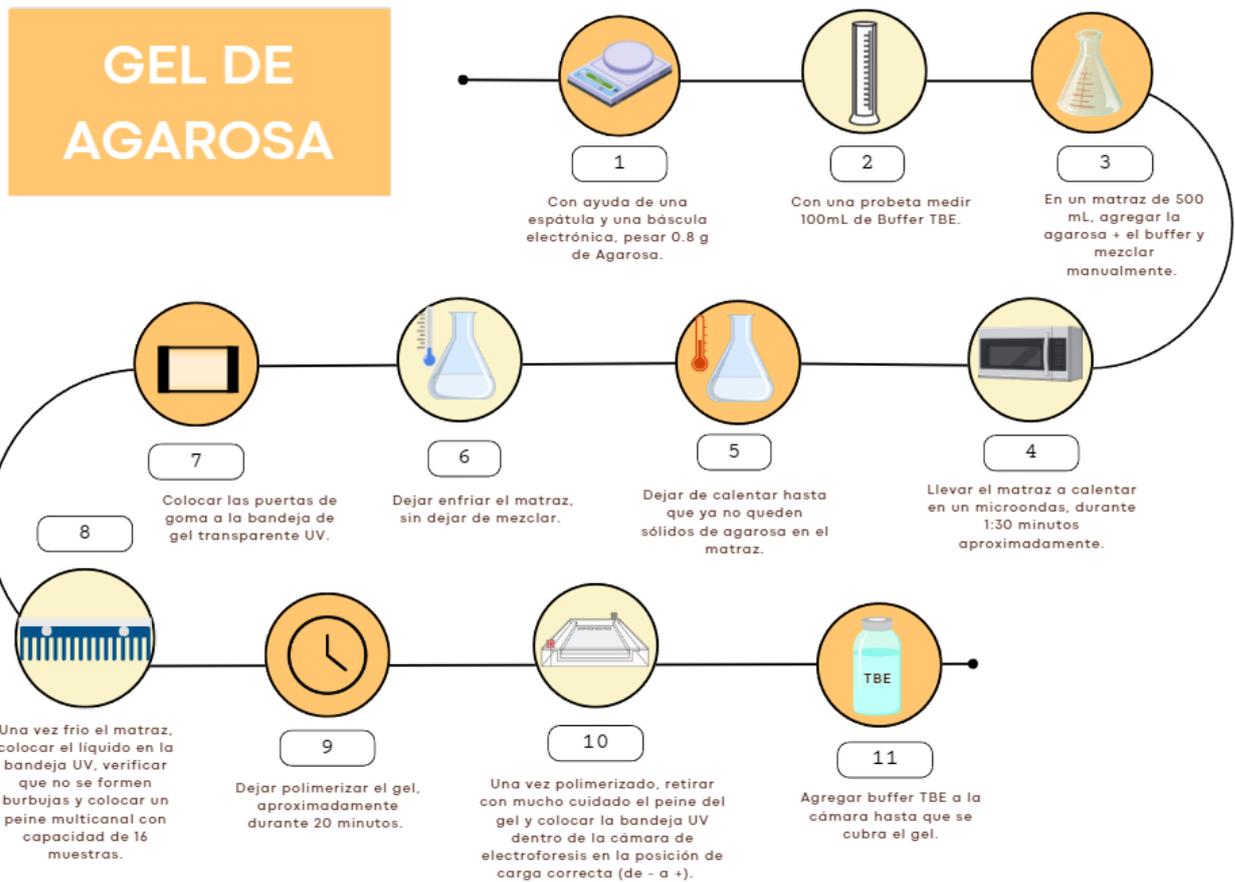


Figura 20. Proceso para polimerizar un gel de agarosa al 0.8%.

V) Cuantificación del DNA

En el caso de las muestras que no amplificaron en la electroforesis, se realizó una cuantificación de DNA mediante la técnica de fluorimetría (representada en unidades de ng/mL) presente en la extracción y a partir de ello se tomó la decisión sobre las cantidades de DNA requeridas en las posteriores técnicas de PCR.

Los métodos de cuantificación basados en fluorescencia utilizan colorantes que se unen al DNA, lo que produce un cambio conformacional que emite fluorescencia tras la excitación y la señal fluorescente es proporcional a la cantidad de ácido nucleico presente. Éste tipo de método resulta ser más sensible que los de absorbancia, en particular para muestras con baja concentración de ADN (Armbrecht et al., 2013).

VI) Secuenciación

La secuenciación de DNA es una técnica para determinar la secuencia exacta de nucleótidos, o bases de una molécula de DNA. La secuencia de las bases (a la que se suele hacer referencia por la primera

letra de su nombre químico: A (adenina), T (timina), C (citosina) y G (guanina)) codifica la información biológica que las células usan para desarrollarse y funcionar (NIH, 2024).

Para la secuenciación del DNA de las muestras, primero se seleccionaron todas aquellas resultantes de la PCR que se amplificaron correctamente en el análisis de electroforesis en gel de agarosa. Sin embargo, antes de ser enviadas a secuenciar primero pasaron por un proceso de limpieza en un termociclador. Durante este proceso, se utilizó exonucleasa (EXO) la cual tiene como función romper los nucleótidos presentes en cada muestra; Asimismo, se empleó fosfatasa (SAP) para desintegrar los enlaces fosfato de los nucleótidos.

Una vez realizada la limpieza de las muestras la placa junto con su formato fue llevada al Laboratorio de Secuenciación Genómica de la biodiversidad del Instituto de Biología UNAM, para su secuenciación.

VII) Búsqueda de las secuencias en bases de datos genéticos *Bold Systems* y *GenBank*

Una vez obtenidas las secuencias de cada una de las muestras, se verificó visualmente la funcionalidad de las mismas a través de sus electroferogramas mediante el uso del software *Geneious 7.1.3*, donde se descartaron las secuencias que presentaron dobles picos, señales de ruido excesivo o bien, la presencia de codones paro (Téllez, 2018).

La identificación específica de cada muestra se hizo por medio de la comparación con las bases de datos *Bold systems* usando la base “All Bacorde Records on BOLD (14,781,716 Sequences)” y *GenBank*, éste último utilizando el algoritmo de la Herramienta Básica de Búsqueda de Alineación Local (BLAST) donde se verificaron los datos de porcentaje de similitud con la especie más similar, asignandola como tal cuando se encontraba un valor de similitud de 97% o más entre las secuencias, este valor fue basado en el estudio de Zhang y Bu (2022) quienes reportan que las distancias genéticas en los genes mitocondriales comúnmente utilizados para la delimitación de especies basada en umbrales del gen COI incluyen hasta un 3%; así como la verificación de la publicación y origen geográfico de donde se reportaban las secuencias de referencia. En los casos en que el porcentaje de similitud entre la secuencia problema y la de referencia más similar fuera menor al 97% pero la identificación morfológica fuera congruente, se propuso a la identificación lograda con información molecular como una identificación preliminar. Por su parte, en los casos en que la similitud fue ligeramente menor al 97% y la identificación morfológica asignó claramente a una especie, se determinó considerar la identificación morfológica como válida.

En este trabajo ambos métodos fueron realizados de forma simultánea, para utilizar la información de forma complementaria y no excluyente una de la otra, con lo que se robusteció la identificación individual de cada uno de los organismos del orden Isopoda; toda vez que posterior a reconocer a nivel molecular las especies conjuntadas en los primeros morfotipos separados, esto representó una herramienta sumamente importante, la cual apoyó a la detección y diferenciación de caracteres individualizantes entre especies. Posteriormente, cada que se avanzaba en las identificaciones morfológicas con las claves taxonómicas, las siguientes extracciones realizadas apoyaron a complementar esta información, lo cual generó la confianza para llegar a la identificación de los 2,234 organismos categorizados en Isopoda.

6.6 Datos de profundidad de la pendiente del lugar de muestreo

Como parte de los objetivos es analizar la posible relación de la pendiente del sitio con las abundancias de cada uno de los grupos de este trabajo, fue necesario realizar una réplica de la localización de las trampas en la fase de campo del año de 2017, lo cual se hizo por medio de un levantamiento topográfico del sitio, lo que permitió contar con datos de altitud sobre el nivel del mar de cada una de las trampas pitfall. Dicha réplica se llevó a cabo el 21 de marzo de 2023, con la ayuda del equipo del Laboratorio de Antropología Forense de la Escuela Nacional de Ciencias Forenses.

Cabe destacar que estos datos fueron relevantes también para la elaboración de un mapa 3D del lugar de muestreo, el cual se elaboró con la finalidad de tener un elemento visual representativo de la realidad de las condiciones donde fue realizado el experimento. Dicho mapa fue creado utilizando un código abierto en el programa de RStudio con la paquetería “persp” y los datos de altitud sobre el nivel del mar de cada una de las trampas pitfall en el sitio. Se destaca que el algoritmo utilizado fue desarrollado por Castillo-Cardozo y Huerta-Pacheco en el 2023 y es de pertenencia del Laboratorio de Entomología Forense de la ENaCiF.

6.7 Análisis estadísticos

Para este estudio fueron realizadas distintas pruebas que permitieron obtener información relevante para darle respuesta a los objetivos planteados. Un punto importante que fue considerado fue el reconocimiento de la naturaleza de la muestra, es decir, de los tipos de variables con las que se trabajó, las cuales tienen la característica de ser categóricas (etapas del proceso de descomposición) y numéricas (abundancias y condiciones ambientales), por ello es que para este estudio se optó por utilizar técnicas libres de supuestos de normalidad y linealidad. Dado que se contaba con muestreos

de distinta duración y número de trampas recuperadas, como primer punto, utilizando el registro de abundancias totales contenidas en la base de datos, se calcularon las abundancias por día/trampa de los grupos de interés, esto para trabajar con datos comparables en términos de las abundancias registradas para cada grupo durante cada día del muestreo. Lo anterior se calculó de la siguiente forma:

1. Número de especímenes \div número de días de muestreo = Abundancia por día.
2. Abundancia por día \div número de trampas revisadas en cada muestreo = Abundancia por día por trampa.

6.7.1 Análisis de asociación

Para reconocer de forma visual el cambio de abundancias para cada grupo y especie (en el caso de los isópodos) durante el proceso de descomposición, se realizaron gráficos de dispersión, con las abundancias/día/trampa obtenidas a lo largo de los ocho muestreos, los cuales fueron creados con la herramienta de “Gráficos” del programa *Excel*.

Asimismo, se obtuvo un gráfico de la misma naturaleza para los valores de las condiciones ambientales de temperatura ($^{\circ}\text{C}$), humedad (%) y precipitación (mm) registradas desde la colocación del biomodelo hasta el último día que permaneció en el lugar. Para la obtención de este gráfico, y considerando que únicamente se contó con registros de las condiciones de pocos días, se optó por utilizar los registros de las variables del programa de la UNAM: PEMBU, del plantel CCH, Sur. Se trata de un programa creado por la UNAM, que cuenta con una base de datos de variables meteorológicas, utilizando los registros de cada una de las estaciones meteorológicas ubicadas en los cinco planteles del CCH, así como en los nueve de la Escuela Nacional Preparatoria (ENP), (UNAM, 2022).

De este programa primero, se obtuvieron los registros por hora de cada uno de los días de las condiciones ambientales presentadas en la zona del plantel CCH Sur, toda vez que es el plantel más cercano a la Cantera Oriente, donde fue realizado el experimento. Sin embargo, en el programa se cuenta con medidas cada 30 minutos, por lo que se optó por calcular los promedios de todos los valores por día en el caso de la temperatura ($^{\circ}\text{C}$) y la humedad (%), mientras que para las precipitaciones se realizó una suma de los valores registrados por cada día. Los datos carecían de registros para algunos días.

Por otro lado, para observar de forma gráfica la dispersión a través del tiempo (a lo largo de los ocho muestreos) de los grupos biológicos con base en sus abundancias totales en los distintos puntos del sitio, donde se llevó a cabo del proceso de descomposición del biomodelo, se realizaron mapas de calor que fueron generados utilizando un código abierto de Rstudio, con las paqueterías “dply”, “ggplot2”, “ggpubr”; desarrollado por Castillo-Cardozo y Huerta-Pacheco en el 2023, el cual es de pertenencia del Laboratorio de Entomología Forense de la ENaCiF.

En el mapa (Figura 21) la zona rectangular gris situada al centro representa la ubicación del biomodelo, mientras que los recuadros de la gama de colores amarillo-naranja la ubicación de cada trampa pitfall en el sitio, aunado a que cada una de ellas contiene un valor proporcional de las abundancias obtenidas en cada muestreo. En este punto se destaca en un rectángulo de color verde, las trampas que se ubicaron al interior de la reja que contenía al cadáver de cerdo. Asimismo, para la interpretación de la distribución de cada grupo de artrópodos en el sitio durante el proceso, se consideraron los siguientes datos orientativos: la orientación del mapa hacia el Norte (dada por la rosa de los vientos), la localización de una roca de gran tamaño en el Sureste, así como de un árbol ubicado al Suroeste, y la escala fija de abundancias para cada grupo.



Figura 21. Ejemplo de las abundancias registradas en el lugar de muestreo, por medio de un mapa de calor.

Ahora bien, para conocer si existe una dependencia de la abundancia obtenida de cada uno de los grupos con respecto a los factores presentes que intervienen en este estudio como las condiciones ambientales (temperatura (°C), humedad (%) y precipitación (mm) que se presentaron durante el proceso), las etapas del proceso de descomposición, la pendiente del lugar de muestreo y la presencia de refugios (que en este caso se consideró un árbol y una roca de gran tamaño, ubicados cerca de las trampas pitfall localizadas al Suroeste y Sureste, respectivamente), fue realizada una prueba de correlación entre muestras, utilizando el coeficiente de correlación de *Spearman*.

El análisis de correlación de Spearman es un método estadístico no paramétrico, que pretende examinar la dirección e intensidad de asociación entre dos variables cuantitativas, en cualquier tipo de asociación, no necesariamente lineal. Asimismo, permite identificar si al aumentar el valor de una variable, aumenta o disminuye el valor de la otra variable (Barrera, 2014).

En este sentido, para conocer si existe una relación o no, entre las **abundancias** de los grupos de estudio con las **condiciones ambientales**, se realizó una base con los valores de las abundancias/día/trampa de los grupos en cada muestreo y los registros de los valores mínimos y máximos para cada día de las condiciones ambientales de PEMBU, de las fechas correspondientes a los días que duró cada muestreo. Por ejemplo, para obtener los valores promedio mínimos y máximos de la temperatura para el muestreo “A” se obtuvo el valor promedio mínimo y máximo de cada día correspondiente a ese muestreo.

Asimismo, para analizar si existe una relación entre las **etapas del proceso** y las **abundancias**, fueron utilizadas las mismas abundancias que en la prueba anterior, aunado a que a cada una de las etapas del proceso debido a que representan una variable cualitativa, se les asignó un valor numérico de menor a mayor (1-4) de acuerdo al orden en como avanza el proceso de descomposición.

Por su parte, para evaluar la posible relación de la **pendiente** del lugar de muestreo con las **abundancias** de los grupos, se consideraron las abundancias totales de los artrópodos, así como los valores de altitud sobre el nivel del mar de cada una de las trampas. Si existía una dependencia se realizaba la misma prueba ahora considerando las abundancias en cada una de las etapas del proceso, para determinar si existía alguna etapa en particular, en la cual la variable de la pendiente estuviera relacionada con las abundancias de la misma. Para esta prueba las abundancias utilizadas fueron las totales, toda vez que resulta importante conocer si los grupos presentan alguna preferencia por ciertas altitudes del sitio, por lo que esto se evaluaría al considerar el número total de organismos que contenía cada trampa en general.

Estas pruebas de correlación de *Spearman* se realizaron en el programa de Rstudio, utilizando la función “cor.test”. Asimismo, se trabajó con un nivel de significancia del 95% por lo que se determinaba una dependencia de las variables cuando los valores de p-value obtenidos resultaron menores a 0.05.

6.7.2 Análisis de comparación de muestras

Para evaluar si existe al menos una diferencia significativa entre las abundancias (\log_{10}) de los grupos clasificados en los patrones temporales (decremental y mixto) y las etapas del proceso de descomposición. Así como, entre la abundancia de cada grupo de artrópodos registradas en las trampas más cercanas a cada refugio (“Árbol” y “Roca”) con las etapas del proceso. Se realizó para cada caso una prueba de **Kruskal-Wallis**, en el programa de Rstudio. Esta prueba es un método estadístico no paramétrico, que se utiliza para determinar si existen diferencias estadísticas (niveles significativos que se miden generalmente a través de los valores p , donde p es igual o menor a 0.05) entre la variable independiente sobre la variable dependiente. Representa una alternativa al análisis ANOVA, y es un método estadístico adecuado cuando la muestra de datos en cuestión no se distribuye normalmente o cuando el tamaño de la muestra de datos es demasiado pequeño para llevar a cabo los métodos o procedimientos paramétricos (Okoye y Hosseini, 2024).

Para el primer caso, de los grupos que presentaron una dependencia con alguna de las variables, se realizó un documento de excel.xlsx que contenía datos de abundancia transformados usando \log_{10} , las etapas del proceso de descomposición y el tipo de patrón temporal que presentaba cada grupo a lo largo del proceso (decremental o mixto). Mientras que, para la segunda evaluación en un documento excel.xlsx para cada grupo se colocaron los datos de las abundancias en \log_{10} (de las trampas aledañas a la posición de los refugios), las etapas del proceso y el tipo de refugio. En este caso se le otorgó un valor numérico a cada refugio, siendo el 1. “Roca” y 2. “Árbol”.

Posteriormente, únicamente para los grupos y especies que obtuvieron un valor de p -value menor a 0.05 en la prueba de Kruskal Wallis, fue realizada una comparación por pares con la prueba de U de Mann-Whitney, para determinar cuáles son específicamente las diferencias significativas que se presentan a lo largo del proceso. La prueba de **U de Mann-Whitney**, es un método estadístico no paramétrico que se utiliza para determinar las diferencias en la mediana entre dos grupos de una variable independiente sin distribución específica en una escala de clasificación única, con un tipo de datos de variable ordinal que pueden no contar con los supuestos de normalidad o tamaño de muestra pequeño (Okoye y Hosseini, 2024).

Para determinar la existencia de la o las diferencias en esta prueba se consideró un valor de significancia del 95%, por lo que se esperaba obtener un p -value menor a 0.05.

Adicionalmente, se precisa que para estas pruebas se decidió realizar la transformación de los datos de abundancia a su valor en logaritmo base 10 con la finalidad de reducir la asimetría de los datos, ya que las abundancias totales son diferentes entre grupos, algunos teniendo valores muy altos y otras especies demasiado bajas. Esto se sustenta en que la transformación logarítmica de datos de abundancia suele ser utilizada comúnmente en estudios biológicos y ecológicos por varias razones; una de ellas, es justamente que en este tipo de estudios los datos, suelen tener una distribución sesgada hacia la derecha en una cola larga de valores altos. La transformación logarítmica en este caso comprime el rango de estos valores, lo que hace que la distribución sea más simétrica y más conveniente para la interpretación.

7. RESULTADOS

7.1 Descripción de las etapas de descomposición

Se registraron 5 etapas del proceso de descomposición a lo largo del experimento de campo de este estudio, siendo delimitadas considerando los cambios físicos evidentes en el cadáver a lo largo del tiempo. Sin embargo, se debe considerar que en un proceso de descomposición los signos cadavéricos no se dan de manera subsecuente, sino que pueden ocurrir signos propios de distintas etapas al mismo tiempo, debido a que, a nivel tisular y celular el organismo no muere simultáneamente desde el primer momento en que se establece la muerte real (Quiroz, 2015), por lo que puede ser normal que una etapa pueda comenzar a presentarse aún cuando la antecesora no haya finalizado en su totalidad.

Otro punto que debe tomarse en cuenta es que no todos los cadáveres llevan a cabo el proceso de descomposición de la misma forma, debido a que existen factores que pueden acelerar o detener el proceso en un cuerpo (por ejemplo, factores ambientales (Dent et al., 2004) o la actividad de la fauna entomológica que arriba al cadáver), lo que a su vez puede generar que se lleve a cabo el proceso de forma particular en cada caso. En este experimento se observó que la cabeza llevó un tiempo en su proceso de descomposición mucho más corto, resultado de la actividad necrófaga elevada de la fauna entomológica, en comparación con lo observado en el resto del cadáver. Por ello, es que se precisa que las etapas a continuación descritas se delimitaron considerando lo observado en las regiones toraco-abdominal y posterior, para describir el proceso de descomposición en el biomodelo.

Etapas Fresca

Esta etapa se desarrolló entre los días 30 de marzo al 03 de abril. Se observó en el biomodelo signos de deshidratación en la región periorbital; la piel con un aspecto apergaminado en la región parietal; aunado a presentar actividad larval tanto en la región del hocico como en la región auricular (Figura 22).

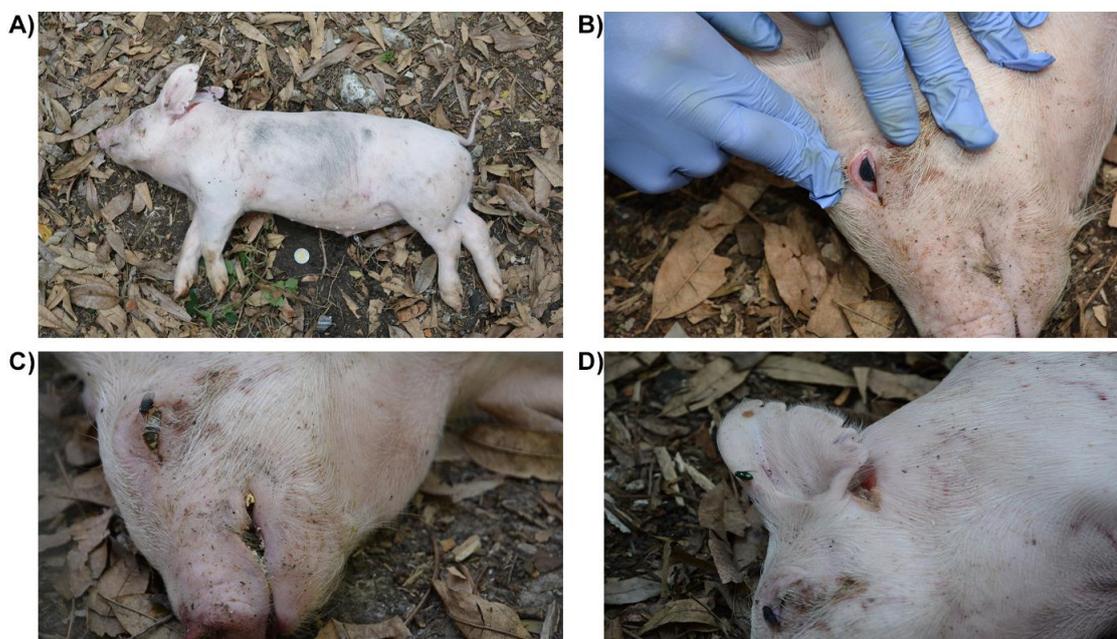


Figura 22. Cambios físicos en el biomodelo que se notaron durante la etapa fresca del proceso de descomposición. A) Toma general del biomodelo. B) Acercamiento a la región periorbital en deshidratación. C) Acercamiento de la región del hocico con actividad larval y D) Región auricular del biomodelo.

Etapa de Hinchazón

Se desarrolló entre las fechas del 04 al 13 de abril, teniendo lugar también el primer muestreo de especímenes. Esta etapa se caracterizó por registrar durante los primeros días datos de deshidratación generalizada, así como un aumento en el volumen de la región cervical.

Aunado a presentar en la región de la cabeza una destrucción total de tejido blando del macizo facial, por la actividad de la entomofauna, así como la desarticulación del hueso maxilar izquierdo con presencia de órganos dentales (Figura 23, B). La región del cuello presentó tejidos blandos con desprendimiento de pelo, así como cambios de coloración en la parte superior de aspecto negruzco, signos de deshidratación en la zona anterior y actividad de dípteros adultos.

En la región toraco-abdominal, se presentaron cambios de coloración ocre, violacea - verdoso, a negruzca, con aumento de volumen, presencia de red venosa póstuma de predominio en tórax y abdomen que se extiende hasta la pelvis, así como la exposición de tejido blando con presencia de actividad entomológica (Figura 23, A, C). Finalmente, en la extremidad anterior derecha se observó destrucción del tejido blando por presencia de entomofauna. Asimismo, presentó desprendimiento de pelo generalizado (Figura 23, D).



Figura 23. Cambios físicos en el biomodelo que se notaron durante la etapa de hinchazón del proceso de descomposición. A) Toma general del biomodelo donde se percibe aumento de volumen. B) Acercamiento a la región de la cara. C) Acercamiento de la región abdominal con exposición del tejido blando y D) Extremidad anterior derecha del biomodelo.

Etapa de Descomposición Activa

Se presentó durante las fechas del 14 al 27 de abril. Teniendo como característica una pérdida de volumen general; aunado a que se presentó un estado colicuativo franco en el cual se observó salida de líquido pardo espeso proveniente de la destrucción orgánica y tisular lleno de larvas en pelvis, tórax y ano, así como piel con aspecto acartonado (Figura 24, A).

La región de la cabeza seguía presentando destrucción total de tejido blando del macizo facial por actividad de la entomofauna, así como la desarticulación del hueso maxilar izquierdo con presencia de órganos dentales. Asimismo, ausencia del encéfalo, y la región craneal comienza la etapa de Reducción esquelética.

En la región toraco-abdominal se observó desprendimiento dérmico por actividad de entomofauna y protrusión de órganos y tejido graso. Asimismo, se presentó exposición y pérdida de morfología de órganos a nivel de pelvis, así como protrusión del ano y pérdida de tejido blando en la región perianal con salida de heces fecales a través del recto (Figura 24, B, D). En sus extremidades (mayormente observable en las extremidades anteriores) se observó un desprendimiento dérmico, y pérdida de morfología en la extremidad anterior derecha por pérdida de tejido muscular (Figura 24, C); así como deshidratación, reblandecimiento y desprendimiento del tejido blando con presencia de larvas en los pliegues de axilas e ingles.

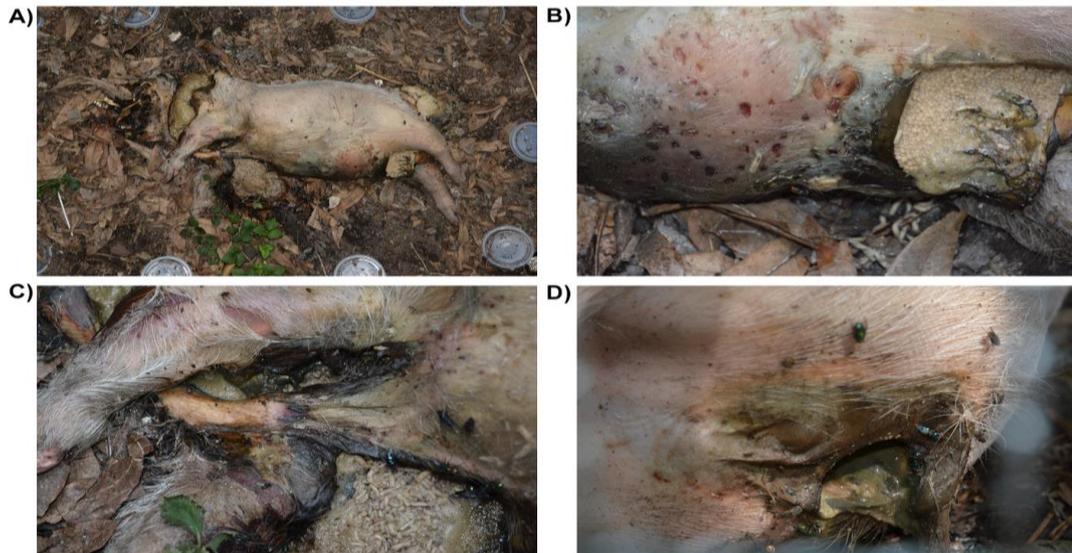


Figura 24. Cambios físicos en el biomodelo que se notaron durante la etapa de Descomposición Activa del proceso de descomposición. A) Toma general del biomodelo. B) Región toraco-abdominal. C) Región de las extremidades anteriores y D) Región anal.

Etapa de Descomposición Avanzada

Su duración tuvo lugar entre las fechas del 28 de abril al 11 de mayo. Donde el biomodelo presentó la región craneal y extremidades anteriores en Reducción esquelética, así como un cambio de coloración toraco-abdominal de color ocre alternado con coloración grisácea y piel con aspecto acartonado (Figura 25). En esta etapa, además se inició un proceso de conservación del cuerpo en el área abdominal, ya que se observaron características de adipocira con una coloración parda (Figura 25, B).

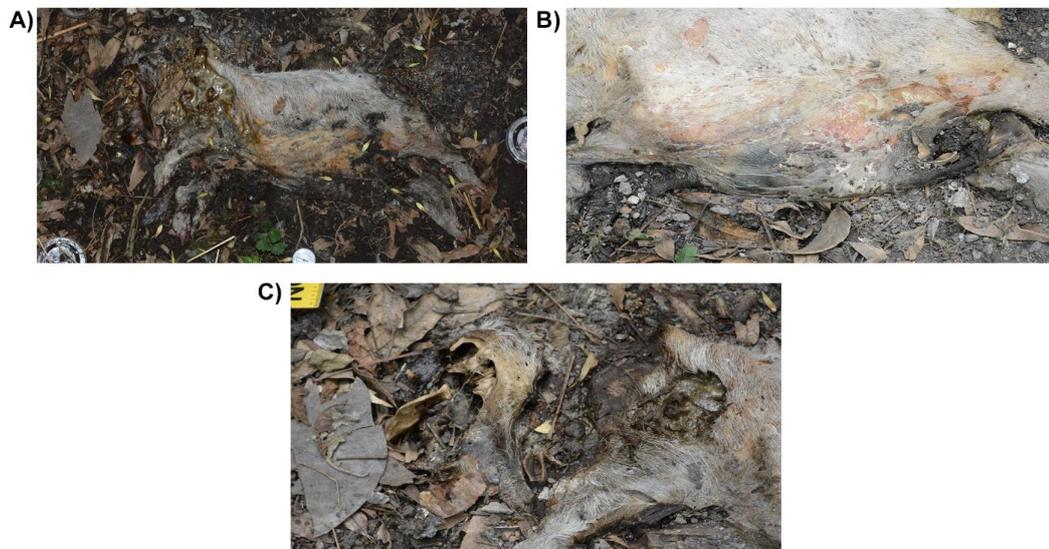


Figura 25. Cambios físicos en el biomodelo que se notaron durante la etapa de Descomposición Avanzada del proceso de descomposición. A) Toma general del biomodelo. B) Región abdominal con características de adipocira y C) Región craneal en inicio de reducción esquelética.

Etapa de Reducción esquelética

Fue la última etapa registrada en este experimento, la cual se presentó a partir del 12 de mayo hasta el día en el que fue retirado el biomodelo del sitio. Principalmente aquí, ya no se contó con la presencia de algún líquido lixiviado, aunado a que se observaron huesos expuestos, así como restos de piel completamente deshidratada producto del proceso de conservación que se dió en etapas anteriores, y restos de pelo (Figura 26). Cabe destacar que la duración tan amplia de esta etapa se debió a que, a lo largo de su duración ya no se presentaron cambios físicos en el biomodelo, aunado a que ya no se contó con registros fotográficos y escritos de fechas posteriores.

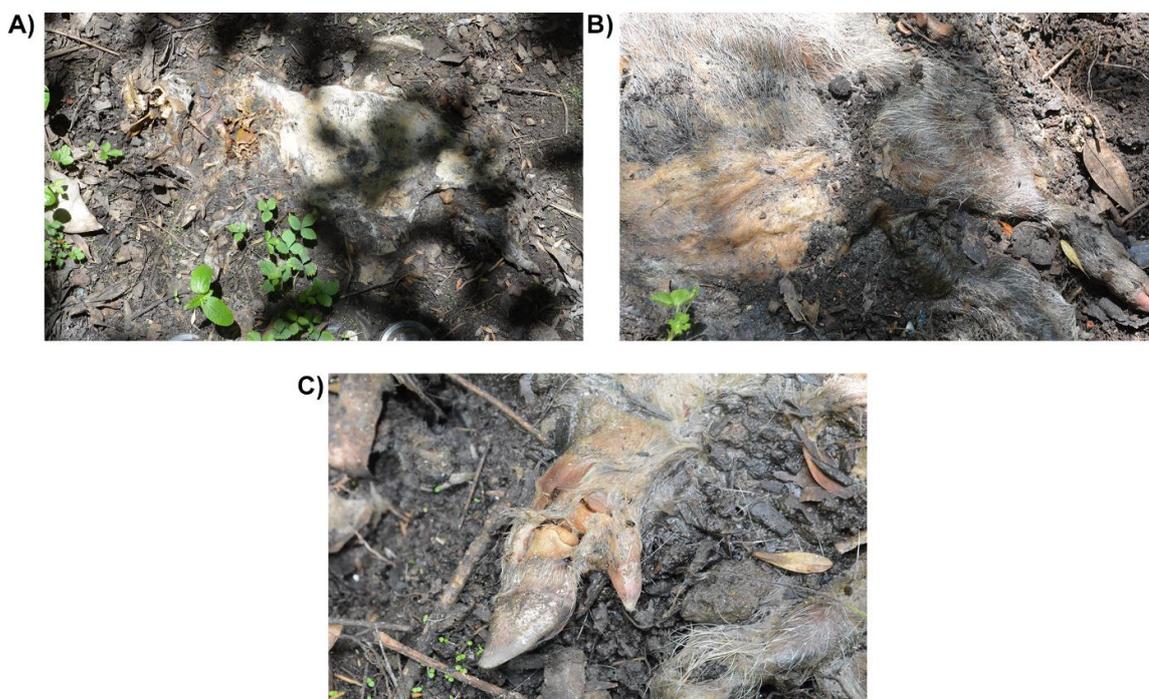


Figura 26. Cambios físicos en el biomodelo que se notaron durante la etapa de Reducción esquelética del proceso de descomposición. A) Toma general del biomodelo. B) Región abdominal con características de adipocira y C) Región craneal en inicio de reducción esquelética.

Es preciso mencionar que, a pesar de identificarse cinco etapas del proceso en el biomodelo, en los análisis estadísticos únicamente se consideraron cuatro de ellas, toda vez que la colocación de la cuadrícula de trampas pitfall no se dio si no hasta el 07 de abril de 2017, en la cual ya tiene lugar la etapa de Hinchazón.

7.2 Número de especímenes

En este estudio se obtuvo un número total de 24,558 artrópodos resultantes de la separación de las trampas pitfall (Tabla 6), distribuidos en 2 phylum (Arthropoda y Mollusca) con 60 organismos; 1 subphylum (Myriapoda) con 1 organismo; 3 clases; 20 órdenes y un grupo de artrópodos con 125 organismos no identificados.

Tabla 6. Total de organismos obtenidos de las trampas pitfall.

TOTAL DE ORGANISMOS			
Grupo	n. de organismos	Grupo	n. de organismos
Diptera	6,965	Thysanoptera	18
Acarida	5,870	Chilopoda	5
Coleoptera	2,891	Orthoptera	15
Hymenoptera	2,880	Lepidoptera	7
Hemiptera	324	Dermaptera	3
Araneae	300	Psocoptera	2
Opiliones	216	Siphonaptera	1
Diplopoda	109	Zygentoma	1
Pseudoscorpiones	56	Isoptera	1
Scorpiones	23		

7.3 Composición de los grupos de interés

Para los grupos estudiados en este trabajo se obtuvieron un total de 4,685 organismos, distribuidos tal como se muestra en la Tabla 7.

Tabla 7. Total de organismos de los órdenes Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura obtenidos de las trampas pitfall.

ORGANISMOS POR GRUPO	
Orden	n. de organismos
Amphipoda	2,115
Isopoda	2,234
Collembola	116
Diplura	220

7.4 Identificación morfológica de los especímenes

A continuación, se presentan las especies que fueron identificadas mediante la observación de caracteres morfológicos propios de cada una. Asimismo, se presentan láminas con tomas fotográficas generales de cada organismo; así como tomas particulares de caracteres específicos con los cuales se llegó a su identificación; también se hace referencia de las claves taxonómicas que fueron utilizadas en cada caso.

Orden Amphipoda

Este grupo únicamente contó con una identificación molecular, por lo que las especies obtenidas se reportan en ese apartado. Sin embargo, a continuación, se presenta una lámina de fotografías de este organismo, como referencia para reconocer los que fueron encontrados en las trampas pitfall (Figura 27).

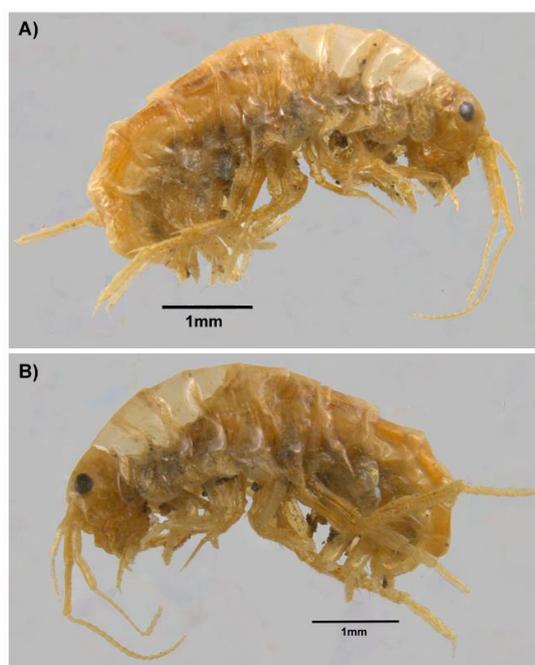


Figura 27. Amphipoda. A) Vista lateral derecha y B) Vista lateral izquierda.

Orden Isopoda

A pesar de las condiciones de deshidratación, ruptura de estructuras, humedad y en general la fragilidad de los organismos para este grupo, se llegó a la identificación morfológica de todos sus organismos. Se encontraron 7 especies de isópodos, distribuidas en 3 familias (Armadillidiidae, Porcellionidae y Oniscidae) y 4 géneros (*Armadillidium*, *Porcellio*, *Porcellionides* y *Oniscus*) (Tabla 8).

Tabla 8. Total de organismos de cada especie de isópodos.

ORGANISMOS POR ESPECIE	
ESPECIE	n. de organismos
<i>Armadillidium vulgare</i>	950
<i>Porcellio dilatatus</i>	213
<i>Porcellio scaber</i>	657
<i>Porcellio laevis</i>	7
<i>Porcellionides pruinosus</i>	45
<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	22
<i>Oniscus asellus</i>	340

A continuación, se mencionan los caracteres diagnosticos por especie que ayudaron a la identificación de los organismos de isópodos, para consultar más detalladamente los puntos de las claves para cada caso, revisar los apartados 1 al 7 en los ANEXOS DE LOS RESULTADOS.

Los organismos de *Armadillidium vulgare*, fueron identificados a nivel de **familia** (Rodríguez, 2014) y a **especie** (Shultz, 2018), utilizando como caracteres diagnosticos principales su capacidad conglobacional total (Figura 28, A y B), la forma de su exopodito ancho y aplanado, así como la forma sub trapezoidal del pleotelson (Figura 28, C).



Figura 28. *Armadillidium vulgare*. A) Vista dorsal. B) Vista ventral y C) Pleotelson.

Los especímenes correspondientes a la especie de *Porcellio dilatatus* fueron identificados a nivel de **familia y género** (Rodríguez, 2014), y a nivel de **especie** (Pérez-Schultheiss, 2010), considerando como caracteres principales su nula capacidad conglobacional, el tamaño del organismo (Figura 29, A y B), los dos segmentos antenales, los dos lóbulos en el cefalotorax (Figura 29, D) y la forma redondeada en el ápice del pleotelson (Figura 29, C).

Cabe mencionar que después de la búsqueda de información sobre las claves de identificación a utilizar, también se obtuvo como resultado que esta especie no cuenta con un registro previo para la Cantera Oriente.



Figura 29. *Porcellio dilatatus*. A) Vista dorsal. B) Vista ventral. C) Pleotelson y D) Antenas.

Por su parte, las especies de *Porcellio scaber* y *Porcellio laevis* fueron identificadas a nivel de **familia, género y especie** (Rodríguez, 2014). Para ambas se utilizaron como caracteres principales su nula capacidad conglobacional, el tamaño del organismo, los dos segmentos antenales, los dos lóbulos en el cefalotórax. En el caso de *Porcellio scaber* se consideró que la superficie dorsal del pereión se encontraba cubierta con numerosos tubérculos pequeños (Figura 30, A) así como la forma triangular de su telson terminado en forma aguda (Figura 30, C). Mientras que para la especie *Porcellio laevis* se tomó en cuenta que en la superficie dorsal del pereión se tenía la ausencia de tubérculos (Figura 31, A) y la terminación de su telson era en forma redondeada (Figura 31, C). Asimismo, para robustecer la identificación también se consideró el carácter de los ángulos del primer pereionito para cada especie (Pérez-Schultheiss, 2010), en el caso de *Porcellio scaber*,

presenta un ángulo agudo posterolateral de las coxas 2-3 y *Porcellio laevis* presenta un ángulo no agudo posterolaterales en las coxas 2-3.

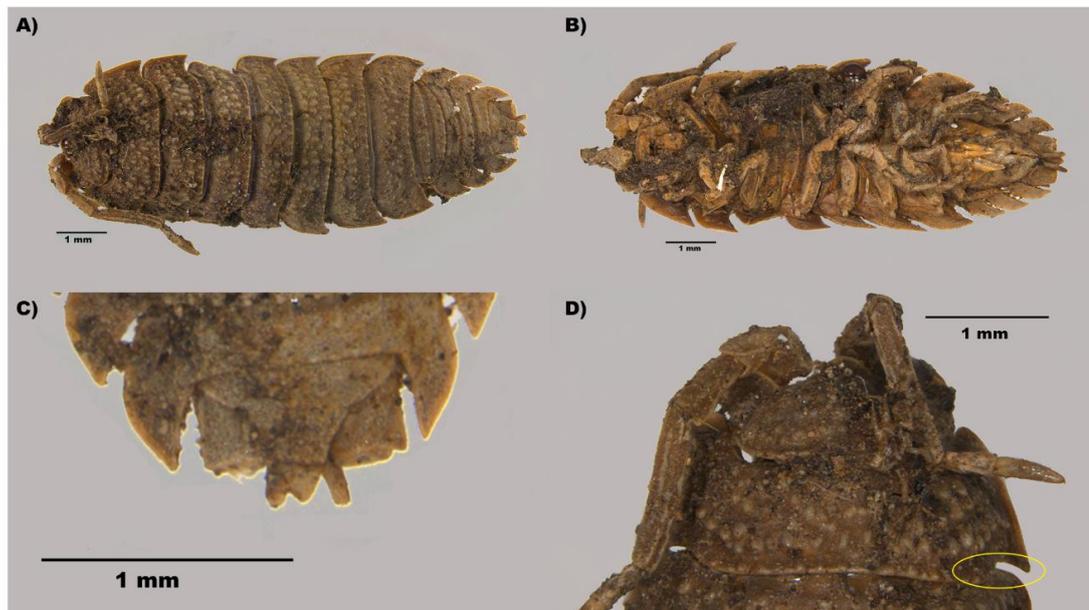


Figura 30. *Porcellio scaber*. A) Vista dorsal. B) Vista ventral.
C) Telson y D) Primer pereionito suavemente cóncavo a los lados.

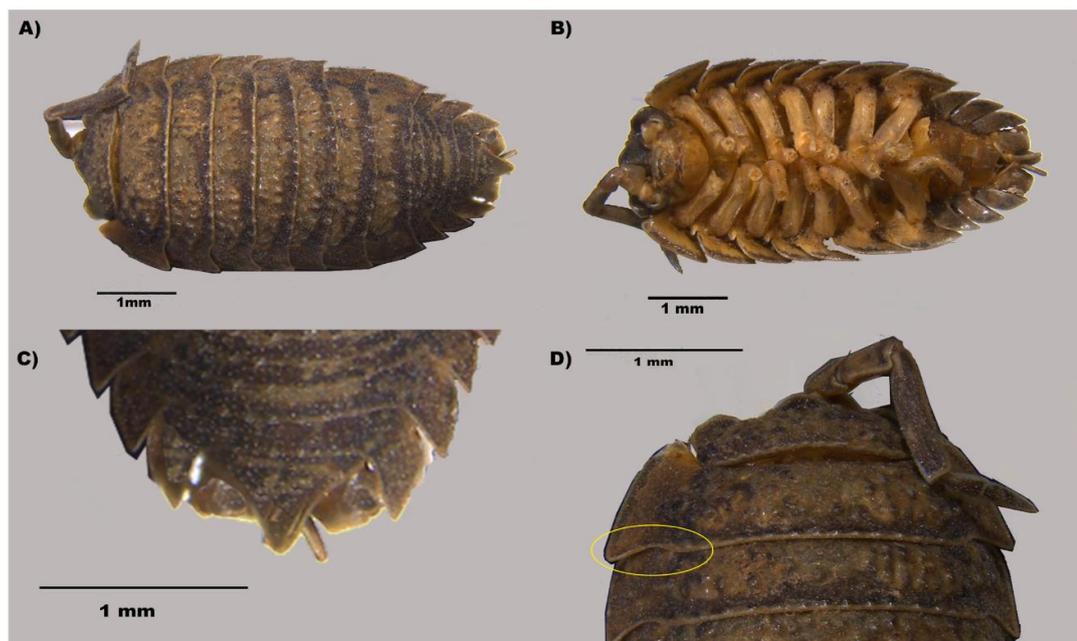


Figura 31. *Porcellio laevis*. A) Vista dorsal. B) Vista ventral.
C) Telson y D) Primer pereionito cóncavo a los lados.

En cuanto a las especies de *Porcellionides pruinosus* y *Porcellionides sexfasciatus*, fueron identificados a nivel de **familia** (Rodríguez, 2014); y a **especie** (Shultz, 2018), para ambos fue tomando en cuenta la forma abruptamente más estrecha del pleón en comparación con el pereón, que resulta ser característico del género, así como el tamaño pequeño de los dos lóbulos anterolaterales. Sin embargo, únicamente esta clave cuenta con una descripción para la primera especie, por lo que de forma complementaria se consideró revisar la clave de Pérez-Schultheiss (2010), de quien se tomaron en cuenta como caracteres principales para *Porcellionides pruinosus* la longitud mayor del primer artículo del flagelo de la antena, con respecto al segundo; un tegumento pruinoso en toda la parte dorsal del pereión (Figura 32, A), la forma periforme del exópodo del pleópodo 1 (Figura 32, D). Mientras que para *Porcellionides sexfasciatus* se consideró la longitud semejante entre de los artículos del flagelo antenal (Figura 33, C), la forma subtriangular del exópodo del pleópodo 1 (Figura 33, D) y un tegumento no pruinoso en la superficie dorsal de pereión.

Para estas especies resultó más complicada su identificación, debido a que no sólo eran pocos especímenes los recolectados, sino que la mayoría de los mismos no contaban con las estructuras completas como las antenas el cual funge como caracter; a pesar de ello, se consideraron el resto de caracteres diagnósticos contemplados en las claves.

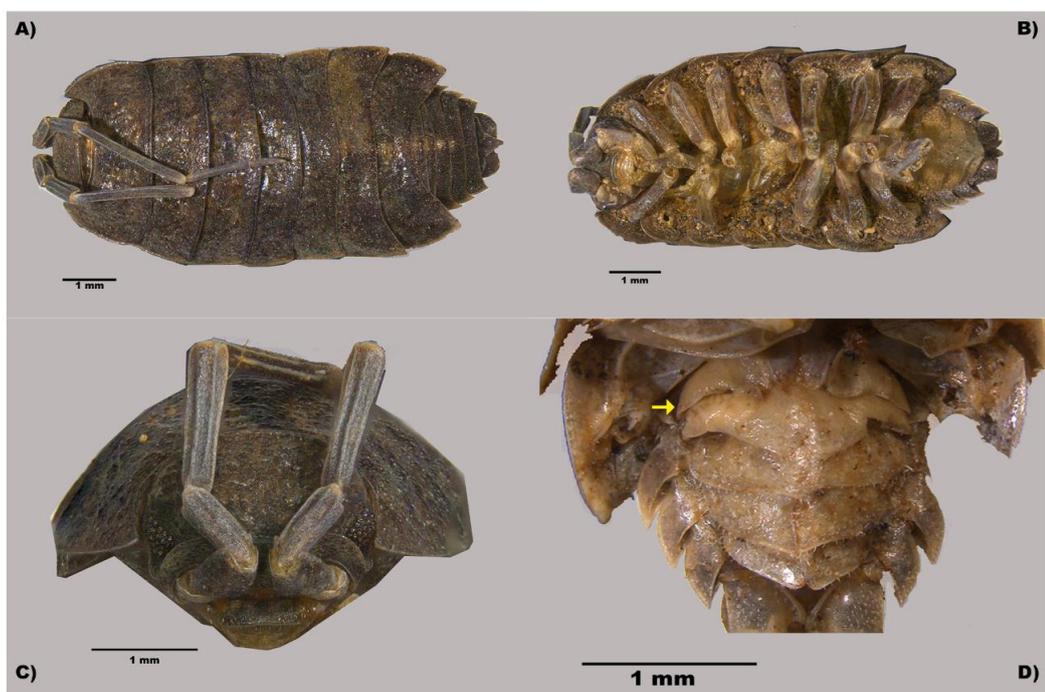


Figura 32. *Porcellionides pruinosus*. A) Vista dorsal. B) Vista ventral. C) Vista frontal del cefalotórax y D) Pleópodos. Se señala con una flecha amarilla la forma periforme del exópodo, característica en la especie.

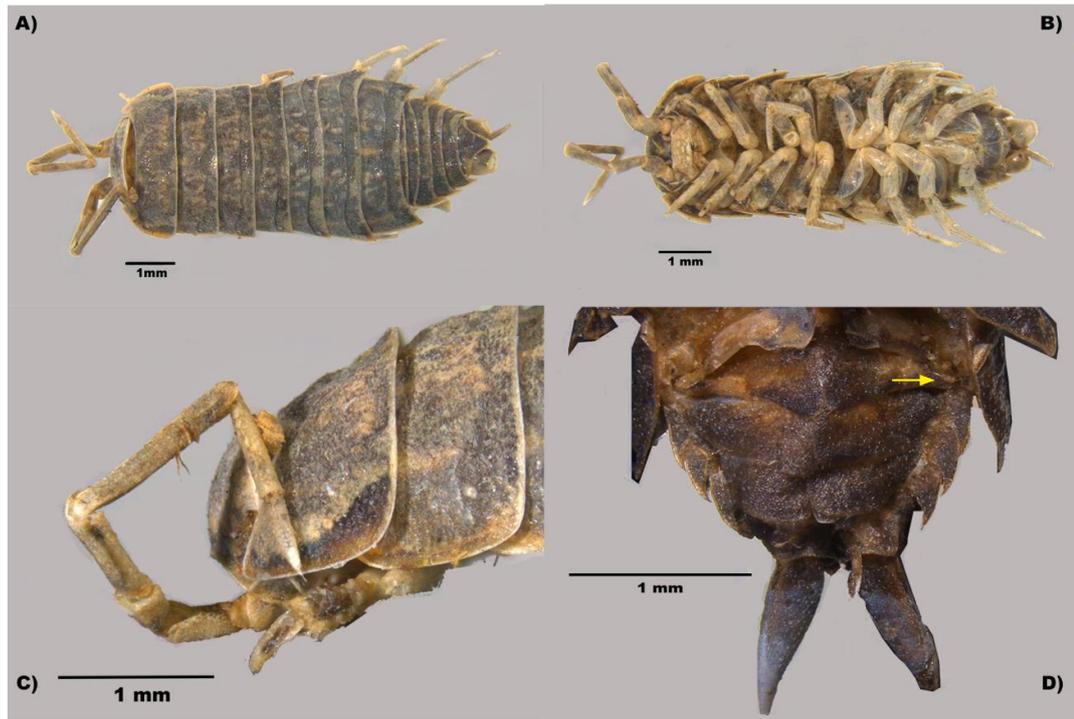


Figura 33. *Porcellionides sexfasciatus*. A) Vista dorsal. B) Vista ventral. C) Vista lateral izquierdo del espécimen, donde se aprecian una antena y D) Pleópodos. Se indica con una flecha amarilla la forma periforme del exópodo, característica en la especie.

De igual forma, para *Porcellionides sexfasciatus* después de la búsqueda de información de la especie y las claves de identificación a utilizar, se obtuvo como resultado que no cuenta con un registro previo para la Cantera Oriente.

Finalmente, los organismos categorizados en la especie de *Oniscus asellus*, fueron identificados a nivel de **familia, género y especie** (Rodríguez, 2014), tendiendo como principales caracteres el tamaño del organismo (Figura 34, A), su nula capacidad conglobacional (Figura 34, B), los tres lóbulos laterales bien desarrollados en el cefalotórax (Figura 34, D), los tres segmentos en cada flagelo antenal (Figura 34 E), así como la forma estrecha y prolongada del telson (Figura 34, C).

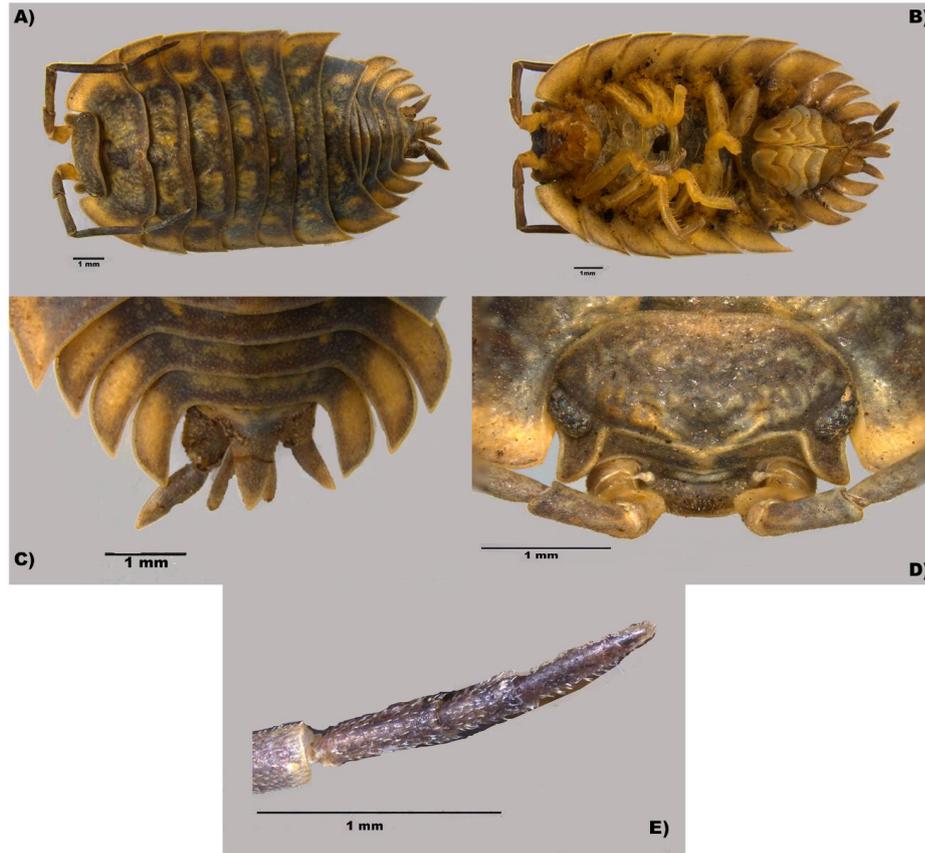


Figura 34. *Oniscus asellus*. A) Vista dorsal. B) Vista ventral. C) Pleotelson. D) Lóbulos del cefalotórax y E) Flagelo antenal.

Clase Collembola

En el grupo (Figura 35) se identificaron 2 familias, 1 género y 1 especie, presentadas en la Tabla 9.

Tabla 9. Familias, géneros y especies identificadas morfológicamente de Collembola.

Familias	Especies identificadas
Tomoceridae	<i>Tomocerina lamellifera</i>
	<i>Pogonognatellus</i> sp
Paronellidae	----

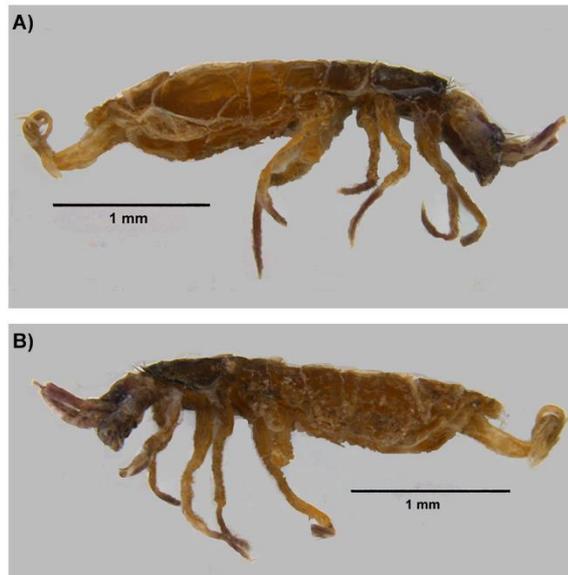


Figura 35. Collembola. A) Vista lateral derecho y B) Vista lateral izquierdo.

Clase Diplura

Por su parte, en este grupo (Figura 36) fueron identificadas 3 especies, distribuidas en 1 familia y 2 géneros (Tabla 10).

Tabla 10. Familias, géneros y especies identificadas morfológicamente de Diplura.

Familia	Especies identificadas
Campodeidae	<i>Campodea</i> sp.
	<i>Parallocampa chipinquensis</i>
Anajapygidae	<i>Anajapyx</i> sp.

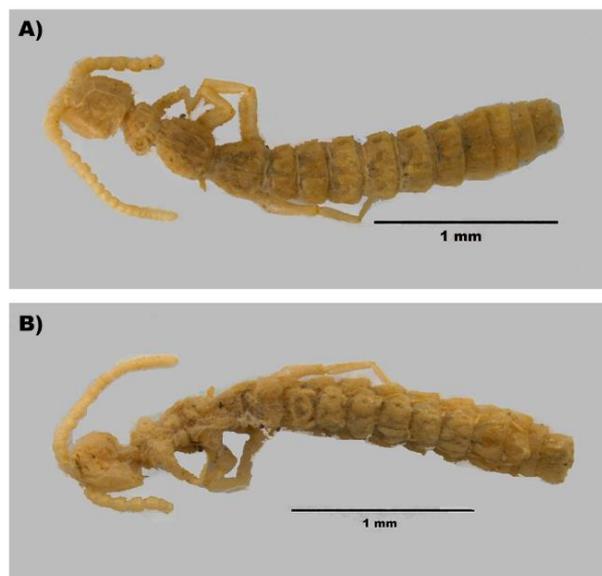


Figura 36. Diplura. A) Vista dorsal y B) Vista ventral.

7.5 Identificación molecular de los especímenes

A continuación, se presentan las muestras que fueron seleccionadas para ser enviadas a su secuenciación de DNA, así como sus resultados obtenidos de la misma basada en los porcentajes de similitud/identidad obtenidos en las bases de datos genéticos *GenBank* y *BOLD systems* (Tabla 11).

Sin embargo, cabe destacar que aún después de que dichas muestras presentaron una correcta amplificación de su contenido genético, no todas lograron ser útiles para una identificación, debido a los siguientes factores:

- Muestras marcadas en color azul: son aquellas que una vez obtenidas y visualizadas en su correspondiente electroferograma, éste no resultó apto para buscar su secuencia en los bancos genéticos, ya que en su totalidad o en su mayoría presentaron dobles picos o señales de ruido excesivo.
- Muestras marcadas en color rojo: representan aquellas que sí pasaron por el proceso de la búsqueda de su secuencia en los bancos genéticos, sin embargo, el resultado de identificación obtenido no corresponde morfológicamente con la muestra extraída, es decir, da como resultado otro tipo de artrópodo, esto fue determinado como una posible contaminación en la muestra.
- Muestras marcadas en color gris: resaltan aquellas en las que a pesar de presentar un adecuado electroferograma, la búsqueda de su secuencia en ambos bancos genéticos no arrojó ninguna coincidencia con alguna especie.
- Muestras marcadas en color amarillo: son aquellas en las que su identificación genética resultó diferente a la morfológica, pero al menos ambas identificaciones coincidían en el género.

Considerando lo anterior, las muestras de las trampas pitfall CPL 3014, 3016, 3018, 3026 y 3029 no obtuvieron una identificación debido a la mala calidad de su secuencia. Mientras que los CPL 3021, 3028, 3101, 3119, 3122, 3123, 3137, 3144 y 3147 sufrieron de una contaminación arrojando datos de identificación de otros artrópodos e incluso de bacterias como en CPL 3146.

Por su parte, se pudo confirmar que las muestras CPL 3012, 3015, 3019, 3020 y 3102 (determinados con los morfotipos 3 y 4) corresponden a *Armadillidium vulgare*. Mientras que los CPL 3011, 3013, 3025 y 3027 (de los morfotipos 2, 6, 8 y 9) corresponden a *Porcellio dilatatus*. Aunado a que la muestra CPL 3031 correspondiente con un organismo de la Clase Collembola obtuvo una identificación con valor del 100% para la especie *Pogonognathellus flavescens*.

También, se obtuvo la identificación con un valor del 100% de dos especímenes del orden Amphipoda, los cuales corresponden en ambos casos a la especie de *Talitroides topitotum*.

Asimismo, se llegó a la identificación con valores de identificación mayores a 98% de los CPL 3057* y 3071 (morfortipos 5 y 7), los cuales en ambos casos se determinó que corresponden a *Porcellionides pruinosus*.

Tabla 11. Muestras seleccionadas de las primeras dos extracciones, para su secuenciación.

Código CPL	Identificación morfológica	Identificación molecular	% de similitud/ identidad
3011	Isopoda	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 96.82%
3012	Isopoda	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 100% Bold: 100%
3013	Isopoda	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 96.56%
3014	Isopoda	Baja calidad en los cromatogramas (Genius)	----
3015	Isopoda	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 100% Bold: 100%
3016	Isopoda	Baja calidad en los cromatogramas (Genius)	----
3018	Isopoda	Baja calidad en los cromatogramas (Genius)	----
3019	Isopoda	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 100% Bold: 100%
3020	Isopoda	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 100% Bold: 100%
3021	Isopoda	Fannidae	----
3025	Isopoda	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 97.08%
3026	Isopoda	Baja calidad en los cromatogramas (Genius)	----
3027	Isopoda	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 96.55%
3028	Diplura	Diptera	----
3029	Diplura	Baja calidad en los cromatogramas (Genius)	----
3031	Collembola	<i>Pogonognathellus flavescens</i>	Genbank: 100% Bold: 100%

3032	Amphipoda	<i>Talitroides topitotum</i>	Genbank: 100% BOLD: 100%
3033	Amphipoda	<i>Talitroides topitotum</i>	Genbank: 100% BOLD: 100%
3057*	Isopoda	<i>Porcellionides pruinosus</i>	Genbank: 99.8% BOLD: 99.79%
3071	Isopoda	<i>Porcellionides pruinosus</i>	Genbank: 98.8% BOLD: 100%
3101	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Cambarellus</i> sp. (Decapoda)	-----
3102	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 99.5% BOLD: 100%
3117	<i>Porcellio laevis</i>	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 96%
3118	<i>Porcellio scaber</i>	<i>Porcellio scaber</i>	Genbank: 97.2%
3119	<i>Porcellio scaber</i>	<i>Calliphora</i> sp. (Diptera)	-----
3120	<i>Porcellio scaber</i>	<i>Porcellio scaber</i>	Genbank: 79.7%
3121	Oniscidae	No se obtuvieron datos	-----
3122	Oniscidae	Diptera	-----
3123	Oniscidae	Diptera	-----
3124	<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	Genbank: 97.1%
3125	<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	Genbank: 96.3%
3126	<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	Genbank: 94.7%
3127	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank:99.8% BOLD: 99.82%
3128	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 99.5% BOLD: 98.64%
3129	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 99.4% BOLD: 99.22%
3130	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 99.4% BOLD: 99.23%
3131	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 100% BOLD: 100%
3132	<i>Armadillidium vulgare</i>	<i>Armadillidium vulgare</i>	Genbank: 99.7% BOLD: 98.78%
3133	<i>Porcellio dilatatus</i>	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 96.5%
3134	<i>Porcellio dilatatus</i>	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 96.4%

3135	<i>Porcellio dilatatus</i>	<i>Porcellio dilatatus</i>	Genbank: 96.4%
3137	<i>Collembola Symphypleona</i>	<i>Centropages</i> sp. (Copepoda)	-----
3138	<i>Collembola Symphypleona</i>	<i>Sminthurinus elegans</i>	Genbank: 96.7%
3139	<i>Collembola Symphypleona</i>	<i>Sminthurinus elegans</i>	Genbank: 90.0%
3140	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	<i>Parisotoma notabilis</i>	Genbank: 99.8%
3141	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	<i>Parisotoma notabilis</i>	Genbank: 90.3%
3142	<i>Collembola Poduromorpha</i>	<i>Neanura muscorum</i>	Genbank: 99.1%
3143	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	<i>Pogonognathellus flavescens</i>	Genbank: 89.6%
3144	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	Hymenoptera	-----
3145	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	No se obtuvieron datos	-----
3146	Diplura	<i>Wolbachia</i> sp. (bacteria)	-----
3147	Diplura	Hemiptera	-----
3148	Diplura	<i>Campodea fragilis</i>	Genbank: 97.1%
3149	Diplura	<i>Campodea fragilis</i>	Genbank: 97.8%

Por otro lado, de las **muestras colectadas en la Cantera Oriente en 2023**, la muestra con código CPL 3117 presentó un porcentaje de similitud de 96% con *Porcellio dilatatus*, mientras que morfológicamente se puede asignar de forma muy clara a *Porcellio laevis*. En este caso al conjuntar la información de ambos resultados, se consideró la información morfológica dado que los caracteres incluidos en las claves utilizadas son claramente pertenecientes a la especie de *Porcellio laevis*, la cual se propone en este trabajo como una identificación preliminar. Será motivo de un trabajo posterior definir si efectivamente es la especie de *Porcellio laevis* con un alto grado de distancia intraespecífica o si se trata de una nueva especie del género *Porcellio*.

Se presentaron varios casos con valores menores a 96% de similitud. Los isópodos *Porcellionides sexfasciatus* y *Porcellio dilatatus*, se asignaron a tales especies porque ya identificación morfológica era muy clara y los valores eran cercanos al límite seguido en este trabajo. Una de las dos secuencias de *Porcellio scaber* en contraste, mostró un valor mucho menor

(79.7%), lo cual debe ser corroborado con la secuenciación de organismos adicionales. Los colémbolos *Sminthurinus elegans*, *Parisotoma notabilis* y *Pogonognathellus flavescens*, en algún caso mostraron valores menores a 96% y por ello será motivo de un trabajo posterior el definir si se trata de una especie con altas distancias genéticas intraespecíficas o una especie sin representación en las bases de datos genéticas de referencia utilizadas.

Finalmente, de las muestras correspondientes a los **muestreos manuales** recolectados en el sitio durante la fase de campo del experimento en el 2017 (recordando que estas identificaciones son presentadas para quedar como registros de las posibles especies de los grupos que se encontraron presentes durante esas fechas). Se precisa que en su amplificación fueron utilizados los cebadores más universales, por lo que es posible que las contaminaciones observadas se deban a que se amplificaron tazas de DNA ambiental con facilidad, al ser muestras con su contenido genético muy degradado.

Asimismo, es importante mencionar que se tuvo un grado de dificultad en ambas identificaciones, debido a las condiciones de fragilidad y deshidratación de los organismos con los que se trabajó; aunado a que esto en la identificación molecular desencadenó dificultades en la extracción y amplificación del contenido genético para los organismos identificados morfológicamente como *Porcellio laevis* y *Oniscus asellus*, ya que no se logró su identificación a nivel de especie por este método. Sin embargo, a pesar de ello, se decidió continuar su identificación siguiendo únicamente lo obtenido por la identificación morfológica.

Por su parte *Oniscus asellus*, a pesar de no llegar a su identificación a nivel genético, también se decidió confiar en la identificación morfológica realizada, ya que es bastante diferente a nivel morfológico en comparación con el resto de las especies y debido a que sus organismos encontrados en las trampas pitfall fueron los que se encontraron en condiciones estructurales más completas fue que se logró reunir caracteres morfológicos suficientes para su identificación morfológica.

Una vez mencionado lo anterior y conjuntando ambas informaciones de la identificación de los organismos en el caso de los isópodos, se obtuvieron las siguientes abundancias para cada especie durante los 8 muestreos (Tabla 12).

Tabla 12. Total de organismos por especie durante cada muestreo.

Especie	Muestreo							
	A	B	C	D	E	F	G	H
<i>Armadillidium vulgare</i>	196	71	71	75	99	199	105	134
<i>Porcellio dilatatus</i>	24	22	18	14	24	48	41	22
<i>Porcellio scaber</i>	26	20	55	90	38	244	65	119
<i>Porcellio laevis</i>	0	0	1	1	0	3	2	0
<i>Porcellionides pruinosus</i>	1	4	5	11	1	16	6	1
<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	5	3	4	0	1	6	3	0
<i>Oniscus asellus</i>	24	34	7	38	58	110	38	31

7.6 Resultados estadísticos

7.6.1 Análisis de asociación

Como resultado de conjuntar en un gráfico de dispersión la información de las abundancias/día/trampa con cada grupo de artrópodos a lo largo de los ocho muestreos realizados durante el proceso, se observaron cambios en las abundancias para todos los grupos analizados (Figura 37). En el caso del grupo Amphipoda, el cambio de abundancia fue muy característico, toda vez que durante el primer muestreo (“A”) contó con una cantidad mayor de organismos recolectados, en comparación con los demás. En el segundo muestreo presentó una disminución de al menos la mitad de sus organismos iniciales, mientras que en el muestreo “C” se encontró el punto más bajo de sus abundancias durante el desarrolló la etapa de Descomposición activa. Más adelante, durante la etapa de Descomposición avanzada volvió a mostrarse un incremento de las abundancias, sin embargo, éste siguió siendo menor que el registrado durante el primer muestreo. Por su parte, al final de la Descomposición avanzada y durante toda la Reducción esquelética, continuó la disminución, llegando a registrar abundancias cercanas a 0.

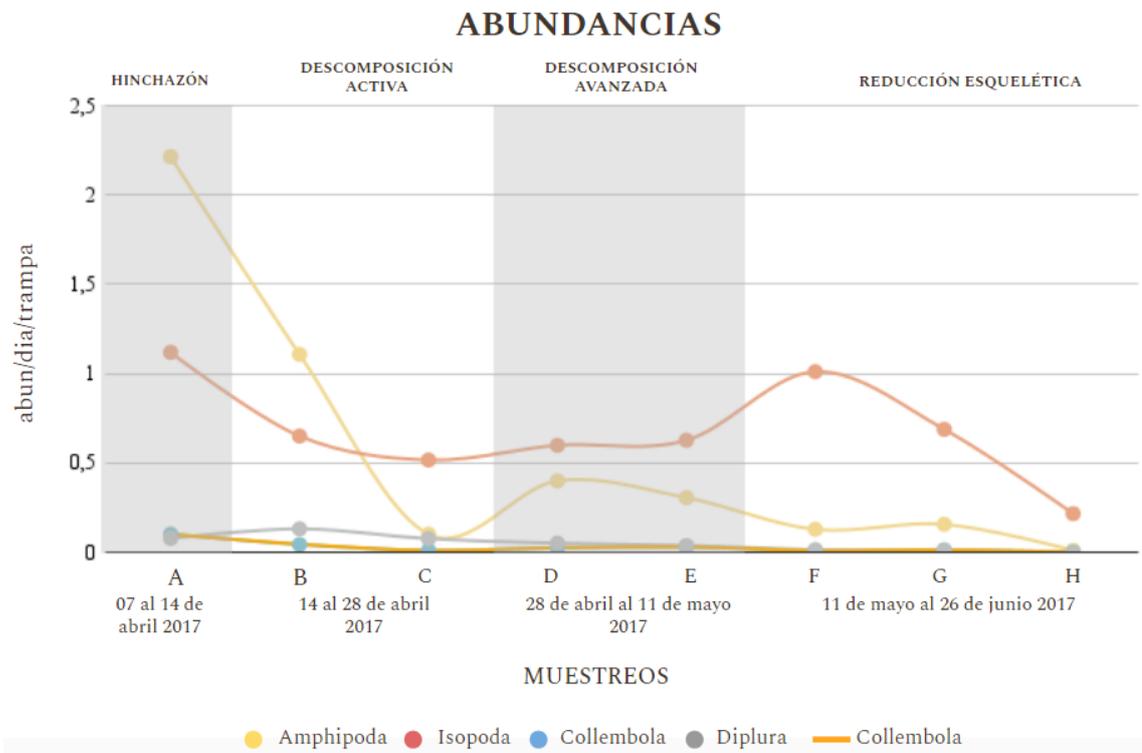


Figura 37. Cambios en las abundancias/día/trampa de cada grupo, a lo largo del proceso de descomposición del biomodelo.

De manera independiente, en los grupos pertenecientes a la Clase Malacostraca (Figura 38), se puede observar que existió un mayor número de Amphipoda que de Isopoda; entre estos órdenes las abundancias se comportaron de forma distinta a lo largo del proceso. El mayor registro de abundancias para el grupo de los **anfípodos** fue en el muestreo “A” durante la etapa de Hinchazón, teniendo un segundo pico de abundancia durante el muestreo “C”, perteneciente a la etapa de Descomposición activa. Por su parte, el grupo de los **isópodos** registró su mayor abundancia durante el primer muestreo (“A”), teniendo un segundo pico casi de la misma cantidad durante el muestreo “F”, correspondiente al inicio de la etapa de Reducción esquelética.

En contraste, el punto más bajo de las abundancias para cada grupo, se observó en el caso de los anfípodos durante el muestreo “C”, correspondiente a la etapa de Descomposición activa y uno más al final del proceso, correspondiente al muestreo “H”. Mientras que, para los isópodos tuvo lugar durante el muestreo “H”, es decir, durante la etapa de Reducción esquelética.

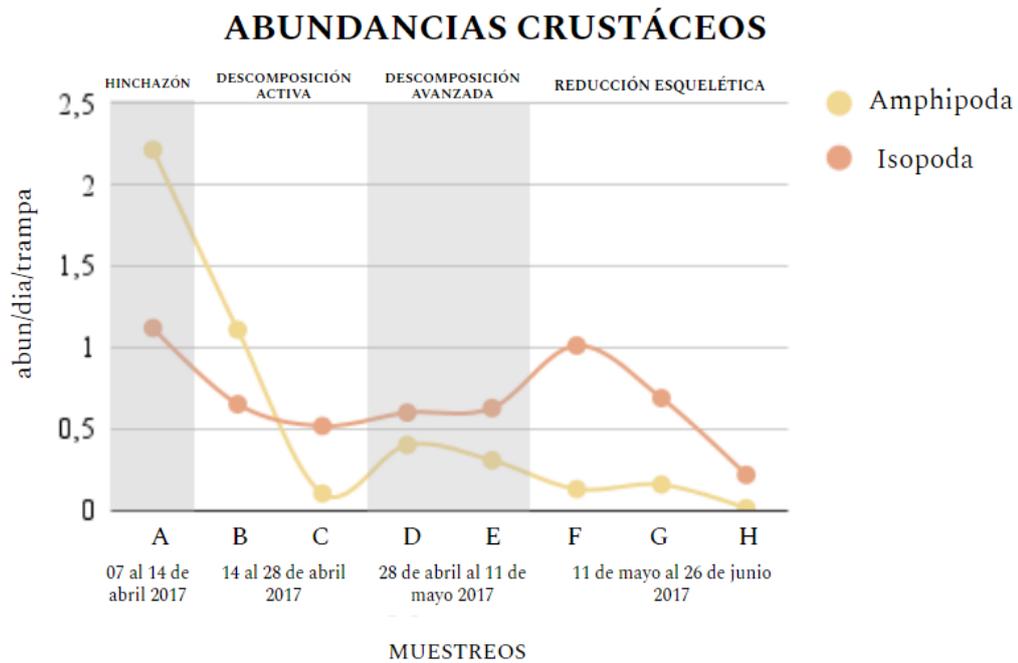


Figura 38. Abundancias de los crustáceos a lo largo del proceso de descomposición del biomodelo.

Por su parte, *Collembola* y *Diplura*, también tuvieron variaciones visuales de sus abundancias a lo largo del proceso (Figura 39). Una característica en este caso, es que posterior al número de organismos colectados durante el primer muestreo, la abundancia registrada en el muestreo “B” para **Diplura**, aumenta considerablemente, mostrando un pico de abundancia para este grupo al inicio de la Descomposición activa del cadáver, siendo éste el único incremento de sus abundancias, ya que en el resto de los muestreos se registra únicamente disminución de los organismos.

En comparación, **Collembola** durante el primer muestreo presentó el punto más alto de sus abundancias y posteriormente durante la etapa de Descomposición activa mostró una considerable disminución de organismos, sin embargo, al inicio de la etapa de Descomposición avanzada sus abundancias volvieron a incrementar, aunque no al nivel de las registradas en el primer muestreo. Aunado a que, finalizando la anterior etapa y a inicios de la Reducción esquelética se registró nuevamente una variación de las abundancias, presentando un decremento de las mismas en el muestreo “F”, para posteriormente registrar un ligero incremento en el muestreo “G” y finalmente tener una abundancia de 0 organismos en el último muestreo.

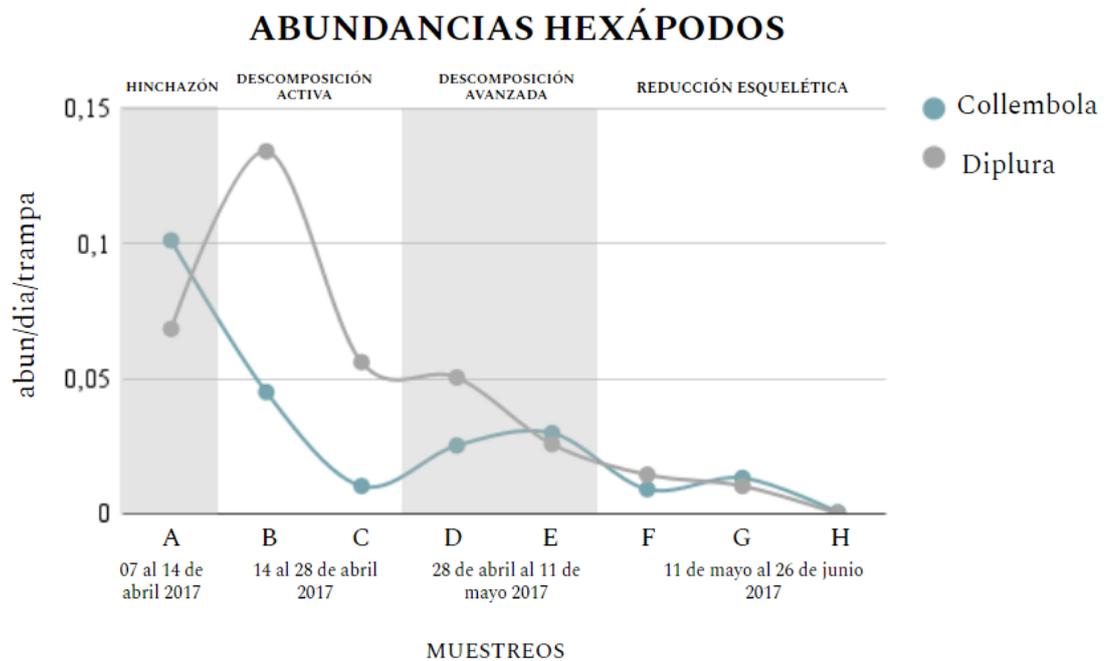


Figura 39. Abundancias de los hexápodos a lo largo del proceso de descomposición del biomodelo.

Considerando lo observado en los anteriores gráficos, se detectó un comportamiento similar de las abundancias para los grupos **Amphipoda** y **Collembola**, por lo que se obtuvo un gráfico (Figura 40), donde se conjuntan sus abundancias y se permite apreciar mejor esta similitud. Considerando esto se puede mencionar que, ambos grupos presentaron su punto de abundancia más alto únicamente en el primer muestreo; posteriormente mostraron una disminución considerable durante la Descomposición activa, registrando una disminución casi total en muestreo “C”; más adelante al inicio de la Descomposición avanzada para ambos se observó un ligero incremento de las abundancias, aunque para el grupo Amphipoda a partir del muestreo “E”, es decir, al final de la Descomposición avanzada continuó con una disminución de abundancias hasta el final del proceso, mientras que el grupo Collembola continuó con un ligero aumento de sus abundancias en el muestreo “E”, presentó una disminución a inicios de la Reducción esquelética; nuevamente un ligero aumento en el muestreo “G” y finalmente ambas coinciden nuevamente con el valor de sus abundancias en el muestreo “H”.

A pesar de las ligeras variaciones durante las últimas etapas del proceso, aún se se puede decir que estos grupos presentan un comportamiento bastante similar en cuanto al cambio de sus abundancias al menos durante las primeras etapas, lo cual es representativo ya que se trata de dos grupos que no pertenecen a la misma Clase y aún con ello parecen reaccionar de forma muy parecida cada que se tiene un cambio de etapa en el proceso.

ABUNDANCIAS

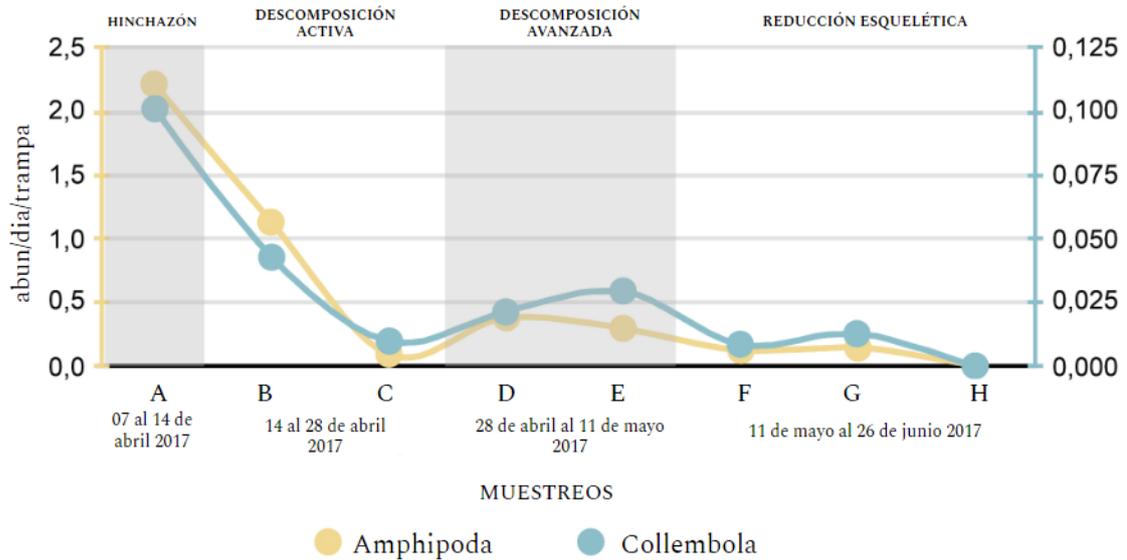


Figura 40. Abundancias de los grupos Amphipoda (con escala de lado izquierdo en color amarillo) y Collembola (con escala de lado derecho en color azul) a lo largo del proceso de descomposición del biomodelo.

Por su parte, entre las especies de isópodos también se observó un cambio de abundancias a lo largo del proceso de descomposición (Figura 41). Característicamente, *Armadillidium vulgare* es aquella que presenta el mayor número de organismos durante el proceso, aunque a pesar de que durante la Descomposición avanzada presenta un aumento de sus abundancias estas no están cerca de igualar a las reportadas inicialmente. En contraste, con las especies de *Porcellionides pruinosus*, *Porcellionides sexfasciatus* y *Porcellio laevis*, las cuales presentan los valores más bajos de organismos durante todo el proceso. *Porcellio scaber*, se mantuvo presente durante todo el proceso, aunque es la especie con mayor variación en sus abundancias, ya que su punto más bajo se encontró en el muestreo “B” a inicios de la Descomposición activa, y posteriormente presentó dos picos de abundancias durante los muestreos “D” y “F”, es decir, a inicios de la Descomposición avanzada y de la Reducción esquelética. Teniendo una disminución de abundancias durante el muestreo “E”, “G” y “H”.

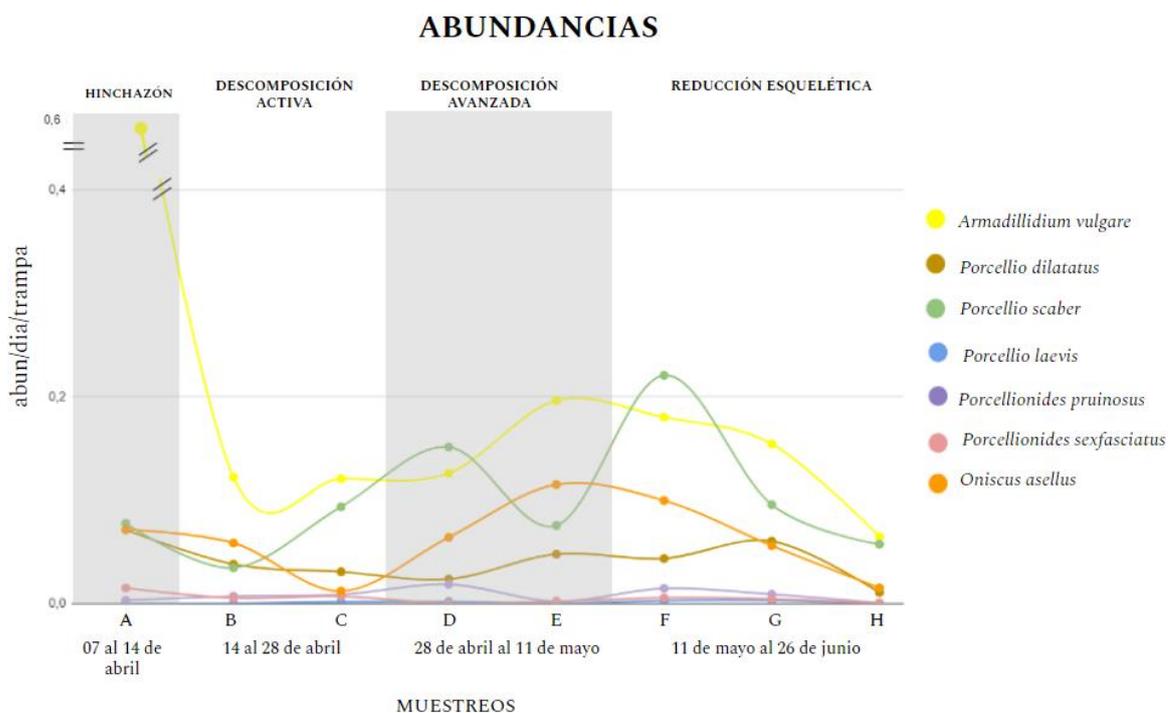


Figura 41. Cambios en las abundancias/día/trampa de las especies de isópodos, a lo largo del proceso de descomposición.

Para visualizar de forma independiente los gráficos de las abundancias para cada grupo y especie consultar los apartados 8 al 18 en los ANEXOS DE LOS RESULTADOS.

Condiciones ambientales

Al obtener los promedios por día de las condiciones ambientales de temperatura (°C), humedad (%) y la suma de los valores de precipitación (mm); en conjunto con las fechas en correspondientes a cada etapa del proceso de descomposición (desde la colocación del biomodelo), se localizaron los valores promedio máximos y mínimos de cada condición ambiental para cada etapa del proceso (para revisar los valores correspondientes de cada condición, consultar el apartado 19 en los ANEXOS DE LOS RESULTADOS).

Asimismo, se obtuvieron gráficos de dispersión para cada condición ambiental donde para la temperatura (Figura 42) su valor más bajo se registró durante la etapa de Descomposición activa, mientras que la más alta se obtuvo durante la Reducción esquelética y en general el promedio de las temperaturas registradas no rebasaron los 25°C.

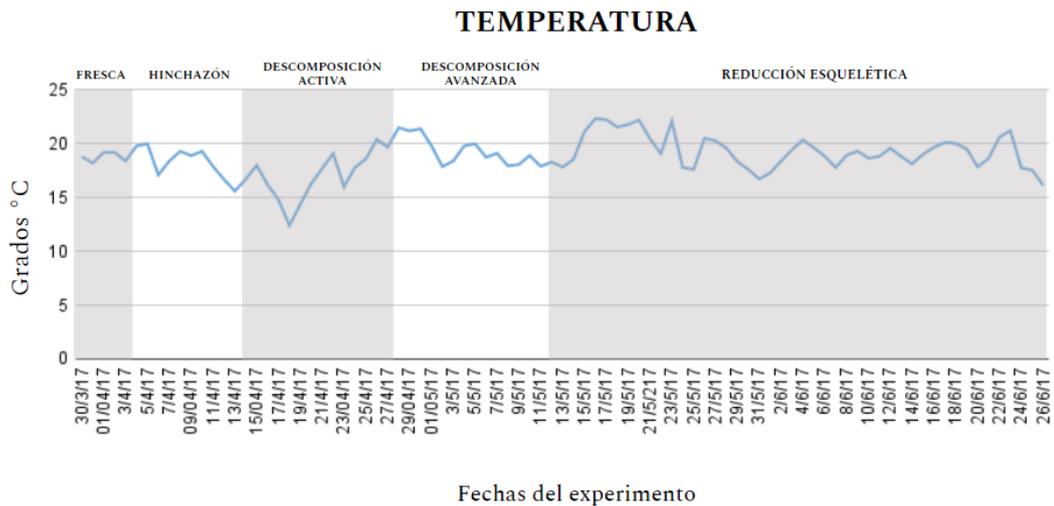


Figura 42. Cambios de los valores de temperatura durante el proceso de descomposición.

En cuanto a la humedad, el menor registro se dió durante la etapa Fresca del proceso y el mayor durante la Reducción esquelética, aunado a ello se presentó otra disminución de su porcentaje durante el final de la Descomposición activa y el comienzo de la Descomposición avanzada (Figura 43).

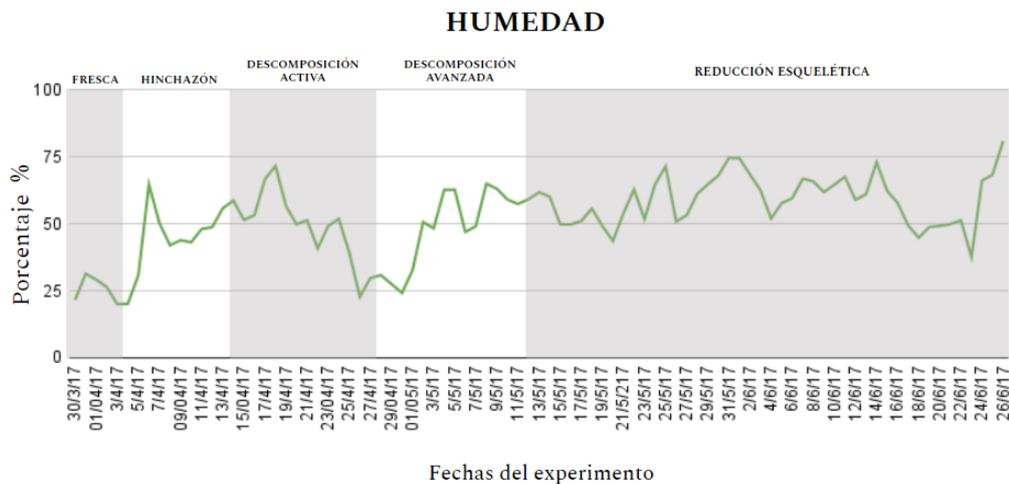


Figura 43. Cambios de los valores de humedad durante el proceso de descomposición.

Finalmente, para la precipitación (Figura 44) la etapa Fresca no presentó ningún registro, mientras que la etapa de Reducción esquelética mostró el valor más alto de precipitación, específicamente durante el día 29 de mayo de 2017; el resto de las etapas presentaron escasos registros de precipitaciones.

PRECIPITACIÓN

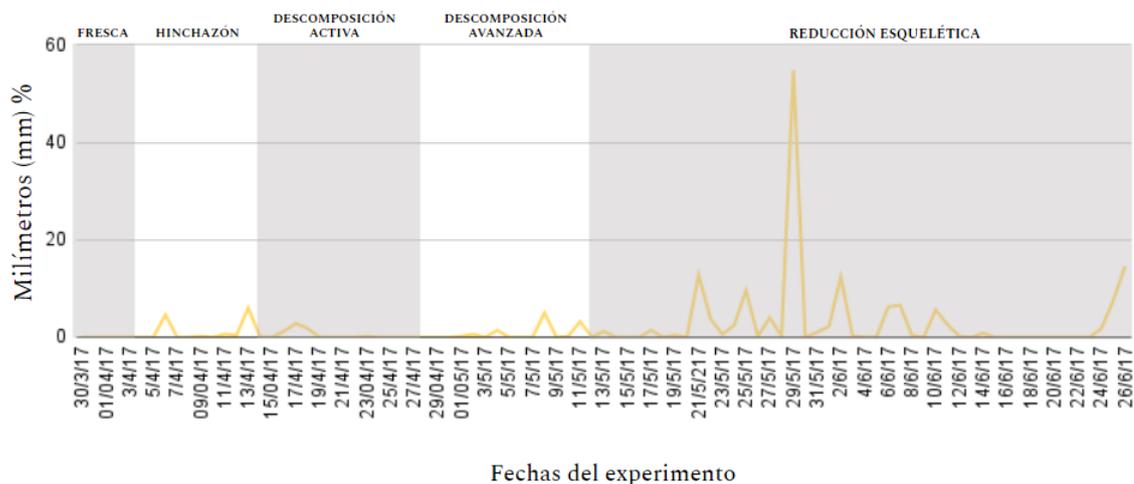


Figura 44. Cambios de los valores de las precipitaciones durante el proceso de descomposición.

Mapas de Calor

Se obtuvieron ocho mapas de calor para cada uno de los grupos de artrópodos. Para el orden Amphipoda, tal como se muestra en la Figura 45, las abundancias más altas se presentaron durante el muestreo “A”, y se registraron en las trampas pitfall más cercanas al biomodelo, dejando la periferia de la zona Noroeste sin registro de organismos. Para el muestreo “B”, se observó la disminución de sus abundancias, así como el primer movimiento de estos artrópodos dirigiéndose hacia el Noreste y Sur del sitio. Durante el muestreo “C”, hay una ausencia de estos organismos en la sección de las primeras trampas que rodean al biomodelo; donde, además de ser evidente la disminución de abundancias, se visualizó que los organismos presentes se ubicaron únicamente en el extremo Noreste del sitio, dejando prácticamente toda la zona Noroeste sin presencia de anfípodos. En los muestreos “D” y E” se observó un patrón de redistribución de los organismos, toda vez que las abundancias se distribuyeron más uniformemente por todo el sitio, esta distribución tuvo lugar durante el desarrollo de la etapa de Descomposición avanzada. Sin embargo, para los últimos muestreos (“F”, “G” y “H”) correspondientes a la etapa de Reducción esquelética, se observó nuevamente un alejamiento de los organismos hacia la periferia del sitio; aunado a la reducción de los mismos, llegando a tener en el muestreo “H” únicamente 13 trampas con presencia de especímenes.

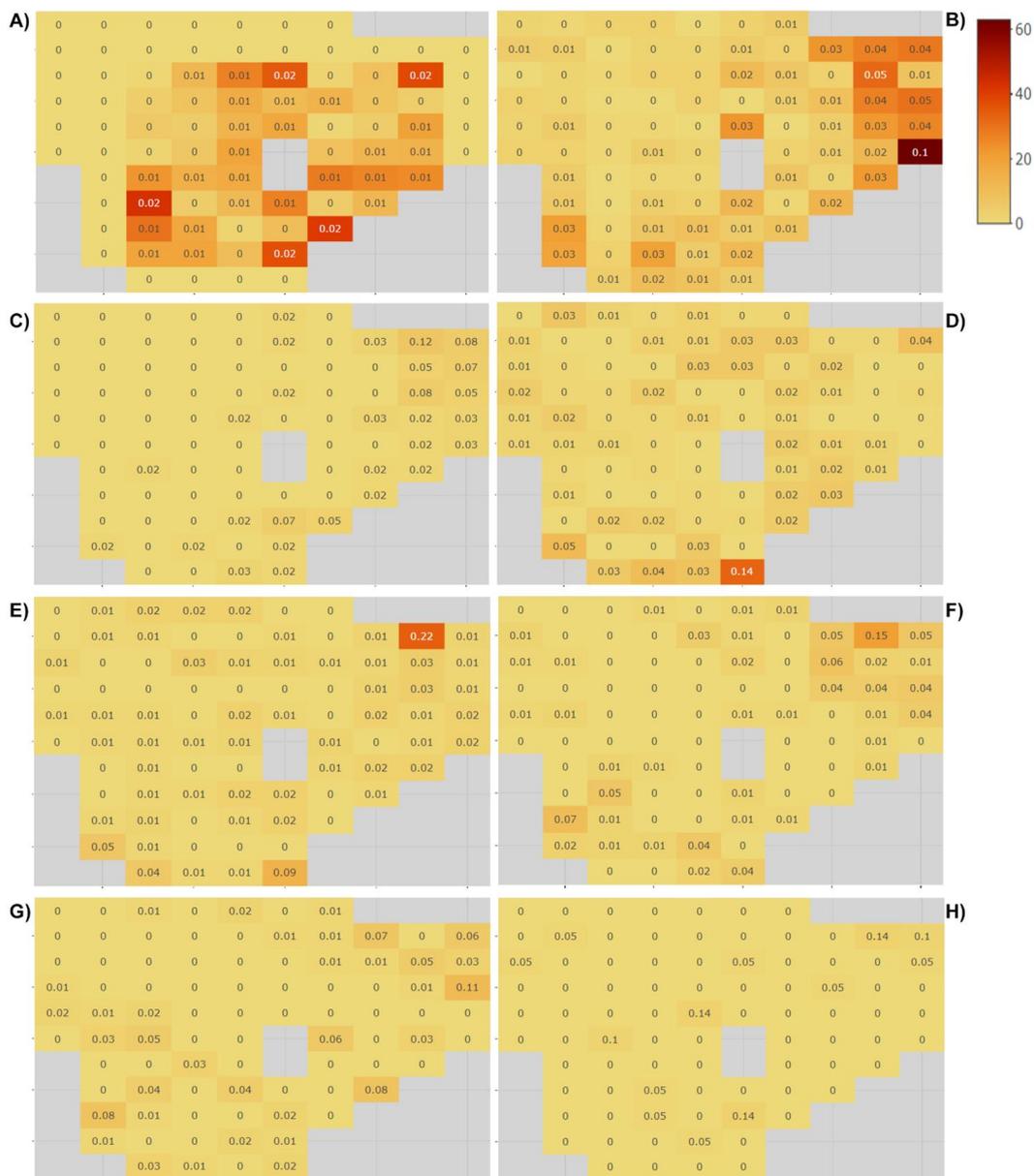


Figura 45. Mapas de calor de Amphipoda durante los ocho muestreos.

Por su lado, los organismos del orden Isopoda (Figura 46) en el muestreo “A” se encontraron distribuidos en en las trampas más cercanas a la ubicación del biomodelo. Para los muestreos “B” y “C” comenzó su distribución por las trampas más lejanas al cadáver, siendo éstas las de la periferia Norte, Este y Oeste. En los muestreos “D” y “E” se continuó con la observación de registros distantes al biomodelo. En el muestreo “F” que representa el inicio de la Reducción esquelética, se presentó un incremento en las abundancias, mayormente dada por la presencia de un mayor número de organismos en una de las trampas ubicada en el Noreste del sitio. Finalmente, a lo largo de esta etapa que abarca también el muestreo “G” y “H”, las abundancias de isópodos se distribuyeron en todo el sitio.

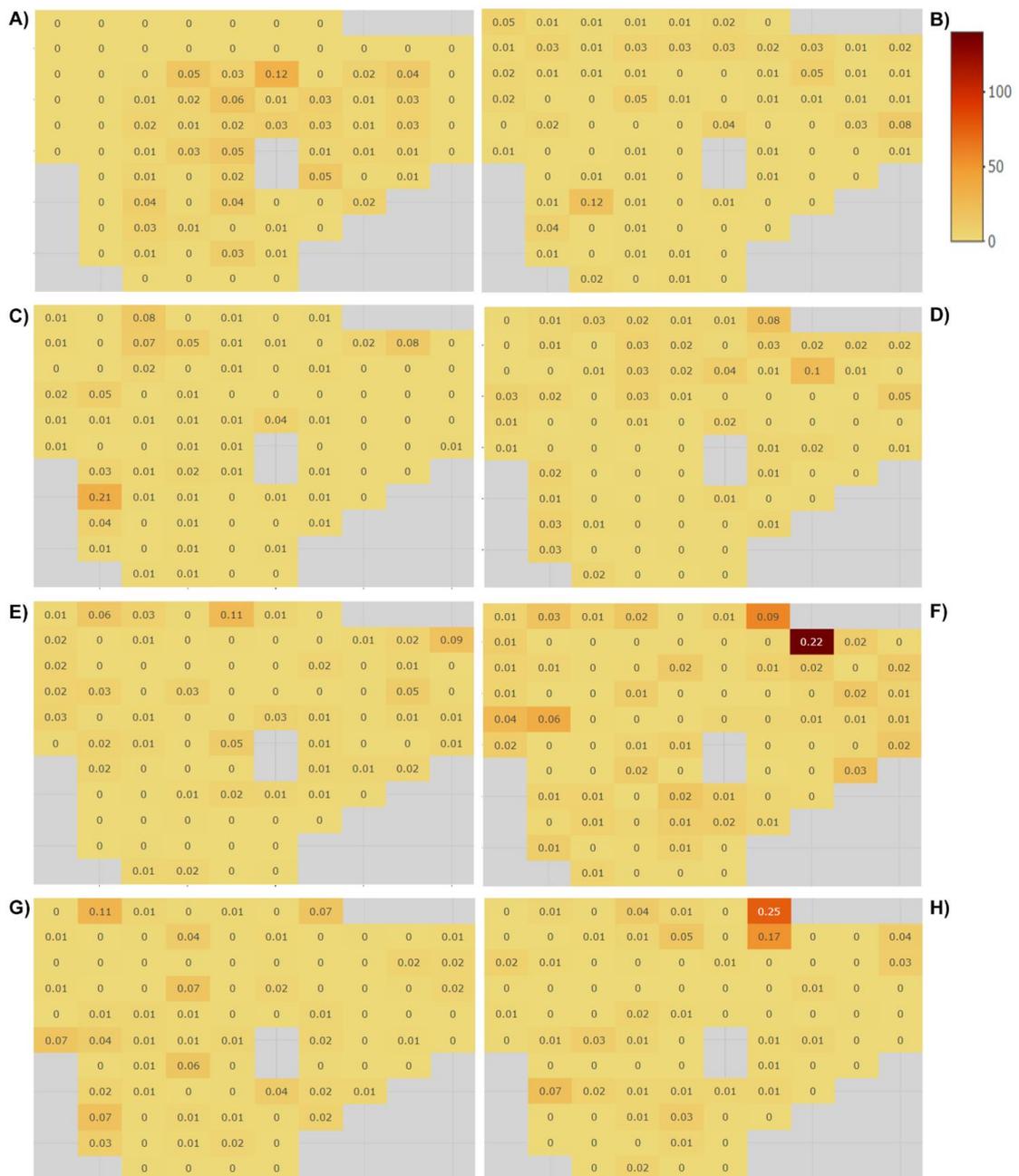


Figura 46. Mapas de calor de Isopoda durante los ocho muestreos.

Los colémbolos (Figura 47), a pesar de tener una menor cantidad de organismos en comparación con los anfípodos, en el primer muestreo también se registró su mayor cantidad, distribuidos mayormente en las trampas de la zona Noreste y muy poco en la zona Sur. El movimiento de dichos organismos inicia en el muestreo “B” y “C” (durante la Descomposición activa), donde incluso se tuvo la presencia de los mismos en las trampas más lejanas al biomodelo de la zona Noroeste y Suroeste. Más adelante, para los siguientes muestreos (“D”, “E” y “F”) la presencia de estos organismos únicamente se dió en las trampas localizadas al Norte del sitio. Finalmente, en los muestreos “G” y “H” (parte de la Reducción esquelética) prácticamente la

redistribución en la mayoría de las trampas del Norte y Sur del lugar de muestreo. Finalmente, el muestreo “G” fue el último que contó con registro de colémbolos en el proceso, encontrándose únicamente en las trampas del extremo Noroeste y una al Sur del lugar.

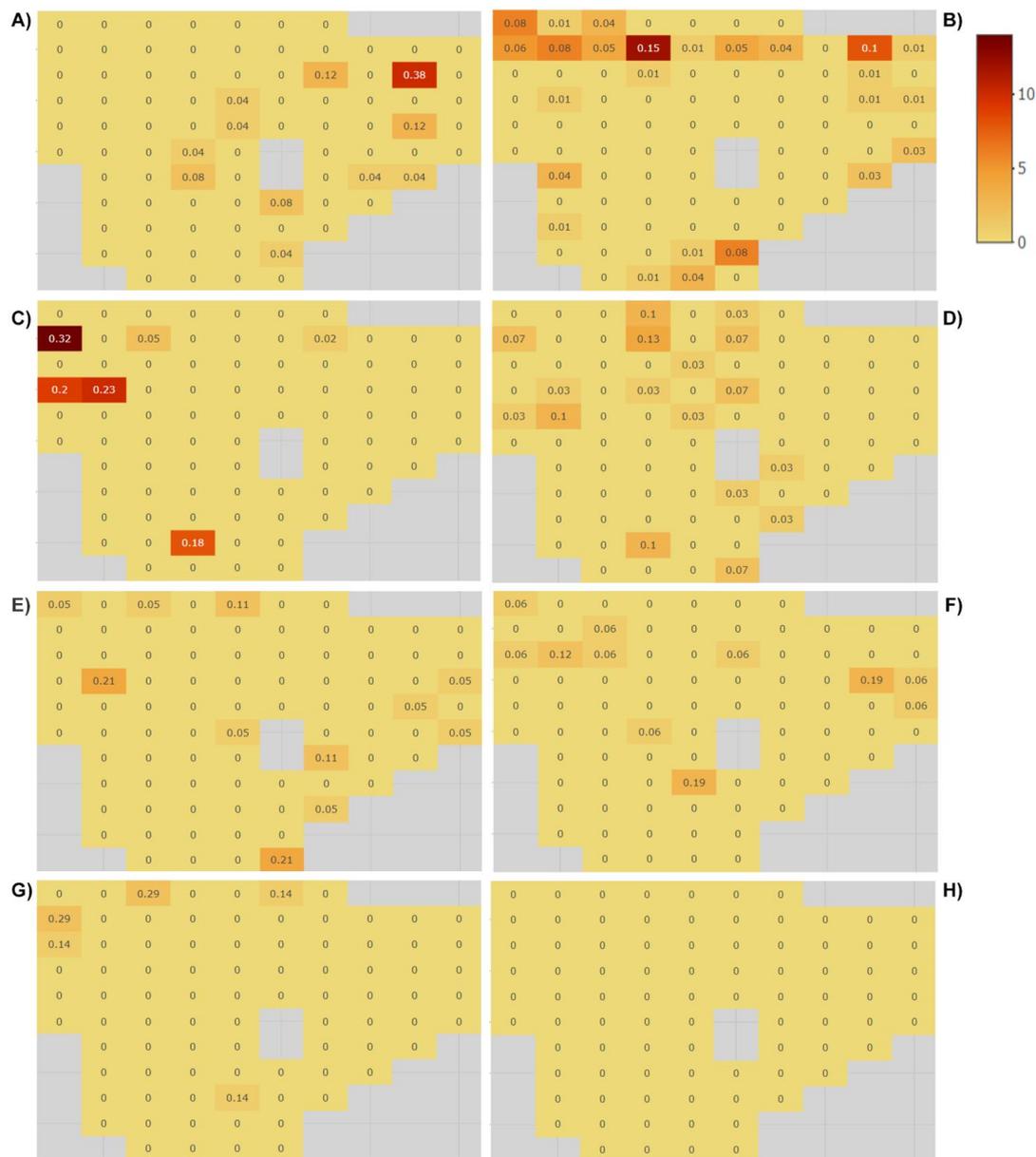


Figura 48. Mapas de calor de Diplura durante los ocho muestreos.

También se obtuvieron mapas de calor para todas las especies de isópodos. En el caso de *Armadillidium vulgare* (Figura 49), después de encontrarse una distribución en las trampas cercanas al biomodelo durante el muestreo “A”; durante la Descomposición activa (muestreo “B” y “C”) se notó una dispersión de los organismos hacia la periferia de la zona Norte y Sur del sitio. Mientras que en el muestreo “F”, además de notarse un aumento en los números de organismos presentes, se contó con una distribución más amplia de los isópodos por la mayoría de las trampas pitfall, la cual

continuó, aunque en menor abundancia en los muestreos subsecuentes correspondientes a la Reducción esquelética.

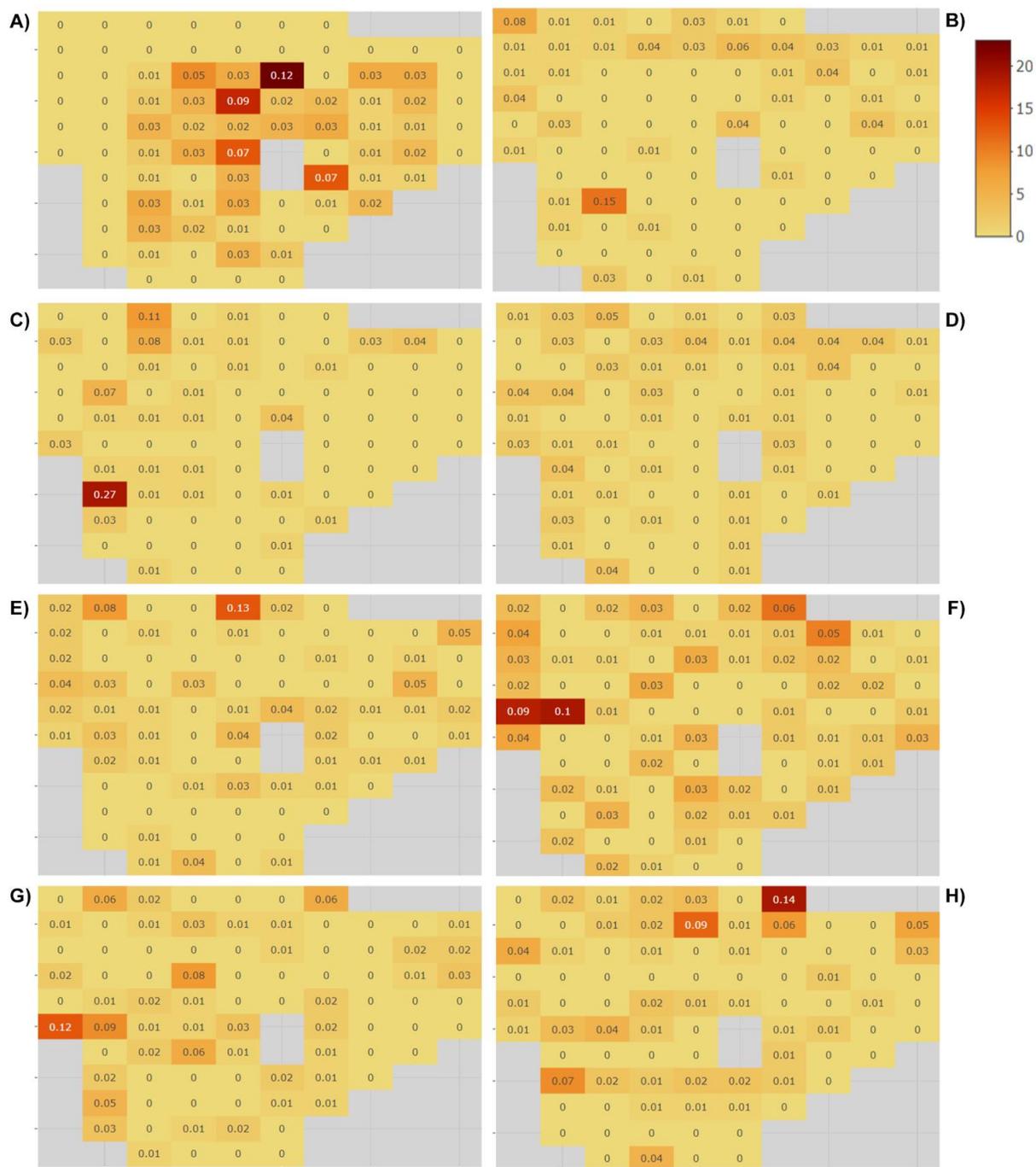


Figura 49. Mapas de calor de *Armadillidium vulgare* durante los ocho muestreos.

En *Porcellio dilatatus* (Figura 50), en comparación con el muestreo “A”, durante los muestreos “B”, “C” y “D” (correspondientes a las etapas de Hinchazón y Descomposición activa) presentó un alejamiento de sus organismos en relación con el cadáver. A partir del muestreo “E”, en el que se marca el término de la Descomposición avanzada, se presentó una mayor distribución de estos isópodos en mayor número de trampas pitfall, principalmente localizadas en el Norte, Este

y Sur del sitio, lo cual continuó hasta el muestreo “G”, mientras que durante el muestreo “H” esta distribución se vió reducida al encontrándose especímenes únicamente en algunas trampas hacia el Norte, Noroeste y dos más en el Este.

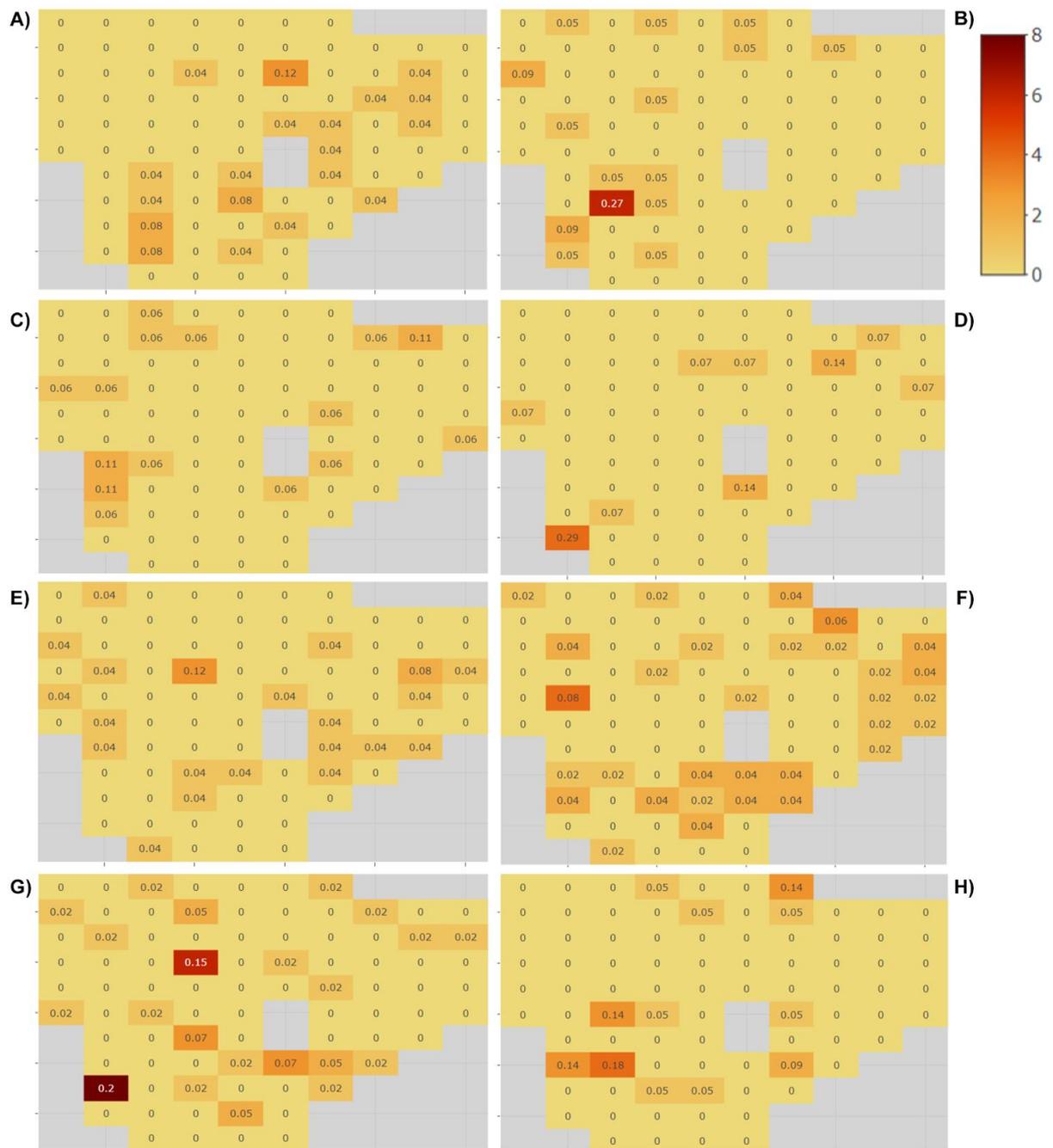


Figura 50. Mapas de calor de *Porcellio dilatatus* durante los ocho muestreos.

En el caso de *Porcellio scaber*, *Porcellio laevis* y *Porcellionides sexfasciatus* al no contar con una distribución visual muy evidente, sus respectivos mapas de calor se pueden encontrar en los apartados 20 y 21 en los ANEXOS DE LOS RESULTADOS.

Lo que caracterizó a su movimiento espacial de *Porcellio scaber*, fue que durante su primer muestreo contó con la presencia de organismos en las trampas cercanas al biomodelo, sin tener presencia en las más lejanas localizadas hacia el Norte y Este del sitio. Sin embargo, más adelante en el muestreo “B” (durante el inicio de la Descomposición activa) se percibió una mayor distribución de los organismos, ahora en las trampas de los márgenes del Norte, Este y Sur. Sin embargo, para la Reducción esquelética (muestréos “F”, “G” y en mayor medida en el “H”) se observó nuevamente que la mayoría de los registros se dieron en trampas lejanas al cadáver.

Por su parte, *Porcellio laevis* no tuvo una variación de sus abundancias en el lugar comparable con el resto de las especies, debido a que sus números eran muy bajos. Tuvo presencia en el proceso por primera ocasión en el muestreo “C” (al término de la Descomposición activa), con sólo un organismo ubicado en una de las trampas más lejanas de la cuadrícula, hacia el extremo Noroeste. En el muestreo “D” nuevamente se dió la presencia de uno de sus organismos localizado en una de las trampas más cercanas al cadáver. Para el muestreo “E” no se contó con un registro de especímenes, sin embargo, volvió a tener presencia hasta el muestreo “F”, esta vez con 3 especímenes. Finalmente, el muestreo “G” fue el último que tuvo un registro para esta especie.

En *Porcellionides pruinosus* (Figura 51), se presentó una mayor distribución de sus organismos a partir del muestreo “D” (al inicio de la Descomposición avanzada), sin embargo, en el muestreo “E” presentó una disminución considerable de sus abundancias teniendo un sólo registro localizado cerca de la roca. En el muestreo “F” que marca el inicio de la Reducción esquelética se tuvo un aumento de organismos en las trampas del Noreste, Noroeste y Sur de la cuadrícula. No obstante, vuelve a disminuir sus abundancias en el muestreo “G” y finalmente se registró un último organismo en el muestreo “H”.

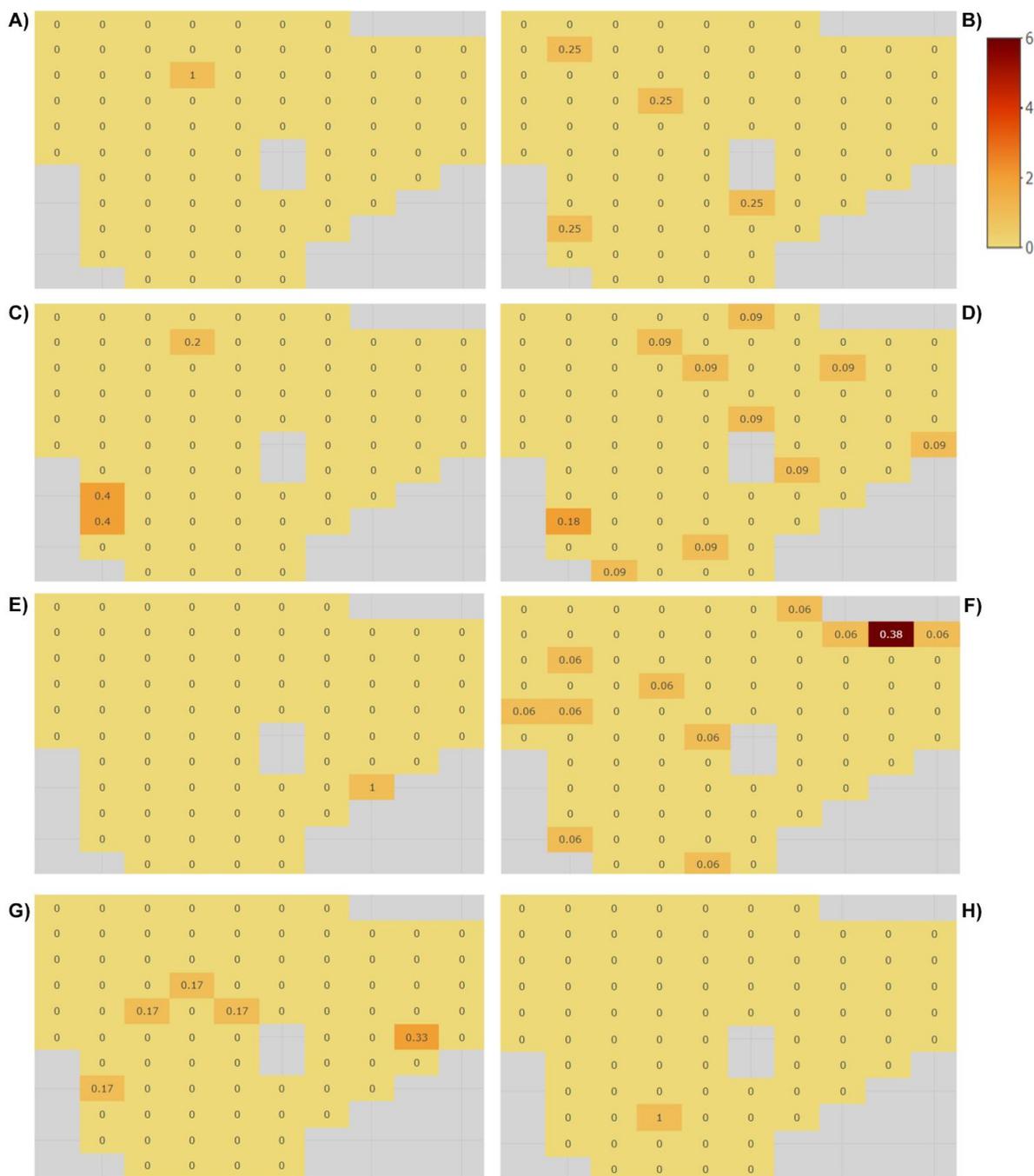


Figura 51. Mapas de calor de *Porcellionides pruinosus* durante los ocho muestreos.

Porcellionides sexfasciatus, presentó distintas distribuciones de abundancias en el lugar durante los tres primeros muestreos, más adelante no tuvo registros en el muestreo “D” (en el inicio de la Descomposición avanzada), sin embargo, durante el muestreo “E” se presentó un sólo organismo en la periferia del Noroeste. Por su parte, a inicios de la etapa de Reducción esquelética correspondiente al muestreo “F”, se observaron en un mayor número organismos de trampas y cubriendo un área mayor en la zona Este, no obstante, en el muestreo “G” volvió a disminuir sus números hasta desaparecer en el muestreo “H”.

Finalmente, *Oniscus asellus* (Figura 52), presentó escasos registros durante el muestreo “C” (finales de la Descomposición activa), no obstante, en el resto de los muestreos “D”, “E”, “F” y “G” se observó un mayor número de registros, los cuales tuvieron una tendencia a la periferia del extremo Norte, Este y Oeste de la cuadrícula.

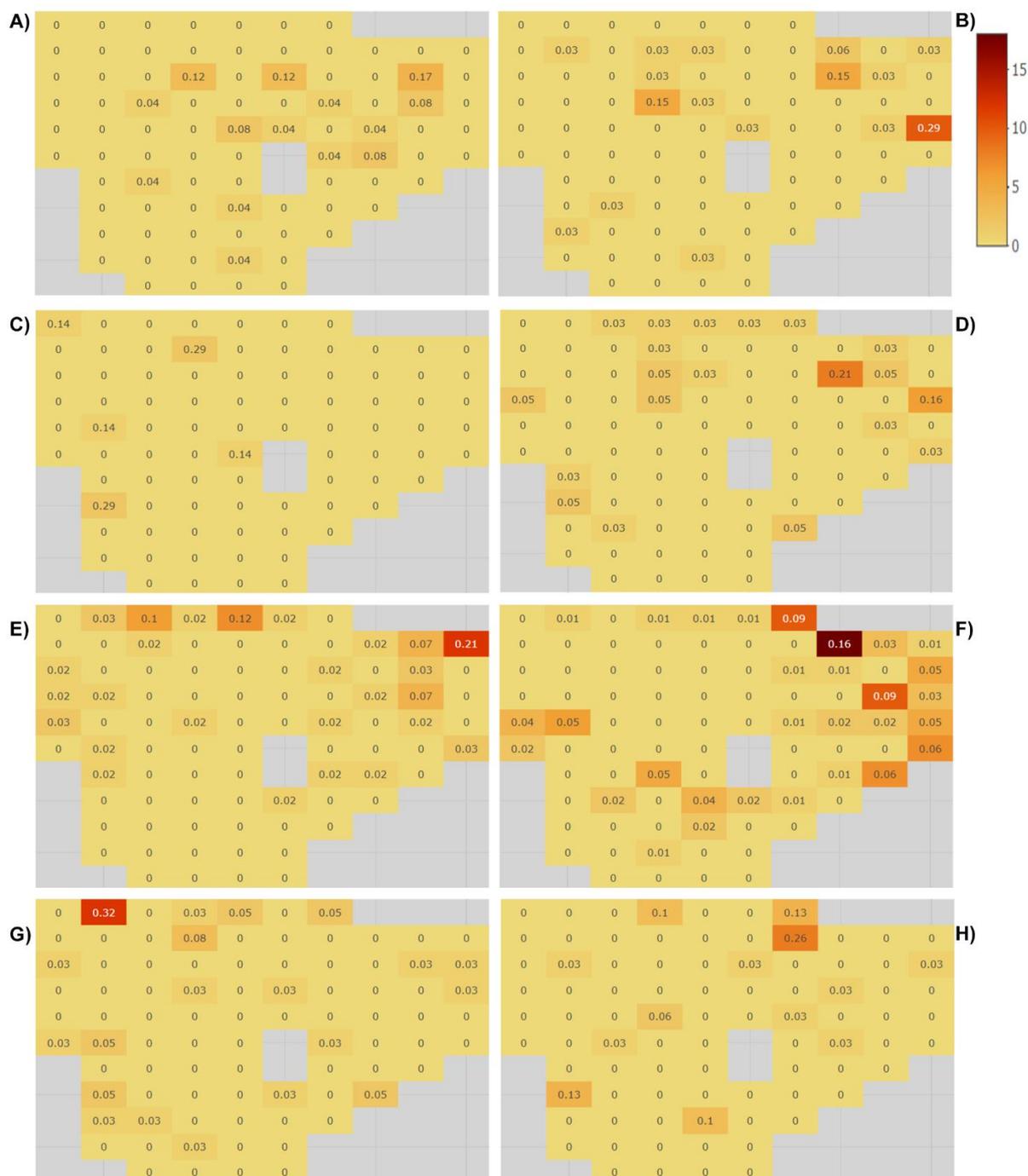


Figura 52. Mapas de calor de *Oniscus asellus* durante los ocho muestreos.

Prueba de Spearman

Resultante de la prueba de *Spearman*, para evaluar si existe una dependencia o no de **abundancia** de cada grupo de artrópodos y especie en el caso de los isópodos con respecto a las **condiciones ambientales**, se obtuvieron los siguientes resultados.

Se muestran primero las condiciones ambientales por grupo (Tabla 13) que presentaron una dependencia con sus abundancias, asimismo, se reporta el valor de p-value obtenido para cada dependencia, el cual debe ser menor a 0.05 y se presenta el valor de significancia, con el que se especifica si la dependencia es positiva o negativa. Un punto a considerar es que la variable de “Precipitación mínima” no fue considerada en estos resultados, ya que su valor era de 0.

Tabla 13. Condiciones ambientales que mostraron dependencia con respecto a las abundancias de los órdenes Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura de acuerdo a la prueba de correlación de *Spearman*.

Dependencia			
Abundancia del grupo	Condiciones ambientales Temperatura (°C), Humedad (%) y Precipitación (mm)	p- value	Significancia
Amphipoda	Temperatura Min	0.000854	-0.3634124
	Humedad Min	0.002957	-0.3262306
Isopoda	Humedad Min	0.02306	-0.2523117
Collembola	Temperatura Min	1.008e-05	-0.4689159
	Temperatura Max	0.03942	-0.2293653
	Humedad Min	0.002552	-0.3308851
Diplura	Temperatura Min	3.265e-07	-0.5316826
	Temperatura Max	0.0373	-0.2318231
	Humedad Min	0.0001218	-0.4140439
	Humedad Max	0.003089	-0.3248351

Al menos para estos grupos se muestra una dependencia general por la **temperatura mínima** y la **humedad mínima**. Es decir, las abundancias sí se vieron relacionadas con los cambios en las temperaturas y humedades registradas durante el experimento. Aunado a que presentan un tipo de dependencia negativa, por lo que se puede decir que mientras menor sea la temperatura, sus abundancias serán mayores.

A continuación, se presentan como ejemplo los gráficos resultantes de misma prueba de la dependencia entre la temperatura mínima con las abundancias de Amphipoda, así como la dependencia de la humedad mínima con las abundancias de Collembola, donde para cada grupo se observa la formación de al menos tres sectores de distintas abundancias con rangos de valores de temperatura y humedad mínimas donde se distribuyen, respectivamente. Para el grupo Amphipoda (Figura 53, A), se percibe que las abundancias que están entre 0 ó menores a 0.05 se encuentran distribuidas entre temperaturas mínimas de 10 a 16 °C, mientras que aquellas que son abundancias entre 1 y 1.5 se distribuyen por debajo de los 11°C; finalmente, se observa que cuando presentan abundancias con valor a 2 estas se distribuyen en temperaturas que van de alrededor de 11°C y llegan hasta los 14°C máximo.

Por su parte, para Collembola (Figura 53, B), sus abundancias entre 0 ó por debajo de 0.026 se encuentran distribuidas entre humedades mínimas menores a un 10% y un 36%. Asimismo, su grupo de abundancias que son mayores a 0.026 pero menores a 0.050 se distribuyen entre valores de humedad de alrededor de 18% y un 38% aproximadamente. Mientras que para las abundancias mayores a 0.100, éstas se distribuyen entre porcentajes de alrededor de 17% y hasta un 28% aproximadamente.

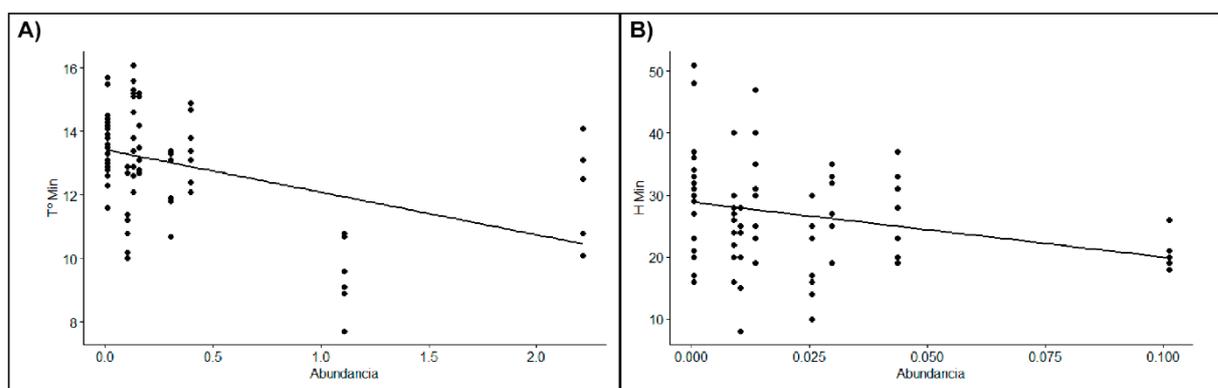


Figura 53. Ejemplos de los gráficos resultantes de la prueba de *Spearman*, que representan una dependencia de las abundancias de los grupos Amphipoda con la temperatura mínima (°C) (A) y Collembola con la humedad mínima (%) (B), respectivamente.

Ahora bien, a continuación, se presentan las condiciones ambientales que tuvieron una dependencia con cada una de las especies de isópodos (Tabla 14), así como sus valores de p-value y su valor de significancia en cada caso.

Tabla 14. Condiciones ambientales que mostraron dependencia con respecto a las abundancias de las especies de isópodos de acuerdo a la prueba de correlación de *Spearman*.

Dependencia			
Abundancia de la especie	Condiciones ambientales Temperatura (°C), Humedad (%) y Precipitación (mm)	p- value	Significancia
<i>Armadillidium vulgare</i>	Humedad Mín	0.009541	-0.177326
<i>Porcellio dilatatus</i>	---	---	---
<i>Porcellio scaber</i>	Temperatura Min	0.003107	0.3246447
	Temperatura Max	3.233e-06	0.4911427
	Humedad Min	0.01738	-0.263683
	Humedad Max	0.01043	-0.2831495
<i>Porcellio laevis</i>	Temperatura Min	0.01147	0.2796147
	Temperatura Max	0.0004257	0.3824586
<i>Porcellionides pruinosus</i>	Temperatura Max	0.01304	0.274793
	Humedad Min	0.003305	-0.3226617
	Humedad Max	0.008876	-0.2890123
<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	Temperatura Min	0.007716	-0.2940239
	Humedad Min	0.005562	-0.3054086
	Humedad Max	0.03926	-0.2295457
<i>Oniscus asellus</i>	Temperatura Max	0.02077	0.2565736

En las especies de isópodos, se observa una dependencia de la abundancia en general con los valores de **temperatura máxima** y **humedad mínima** para todos los grupos. Excepto, *Porcellio dilatatus* quien fue la única que no presentó una dependencia con ninguna de las condiciones ambientales. Es decir, sus abundancias no aumentaban o disminuían debido al cambio de temperaturas, humedad o porcentaje de precipitación.

En el caso de la temperatura máxima, está tiende a relacionarse de forma positiva con las abundancias de las especies de *Porcellio scaber*, *Porcellio laevis*, *Porcellionides pruinosus* y *Oniscus asellus*, lo cual representa que mientras mayor sea la temperatura, mayor son los registros de abundancia de estas especies. Mientras que la humedad mínima se relaciona de forma negativa con las abundancias de las especies de *Armadillidium vulgare*, *Porcellio scaber*, *Porcellionides*

pruinus y *Porcellionides sexfasciatus*, que indica que mientras menor sean los registros de humedad mínima, mayor serán las abundancias de estos grupos.

Aunado a lo anterior, también se presentan como ejemplo los gráficos resultantes de la misma prueba para las especies de isópodos. Para *Armadillidium vulgare* (Figura 54, A), se observa la formación de al menos dos sectores de distintas abundancias con rangos de valores de humedad mínimas donde se distribuyen. Las abundancias que van de 0 a 0.2 se distribuyen en porcentajes de humedad menores a 10% y aproximadamente hasta 51%. Así como las abundancias alrededor de 0.6 se distribuyen en humedades de aproximadamente 18% y 29%.

Por su lado, la especie de *Porcellio scaber* (Figura 54, D), presenta al menos cuatro sectores de distintas abundancias con rangos de temperaturas mínimas, donde abundancias entre 0 y menores a 0.05 se distribuyen en temperaturas de menos 21°C y 25°C; así como abundancias mayores a 0.05 y menores a 0.10 se distribuyen entre temperaturas de 22°C a 28°C aproximadamente. Abundancias de 0.15 se distribuyen en temperaturas de alrededor de 24°C hasta 29°C. Finalmente, abundancias mayores a 0.20 se distribuyen en temperaturas mínimas de 24°C a 31°C.

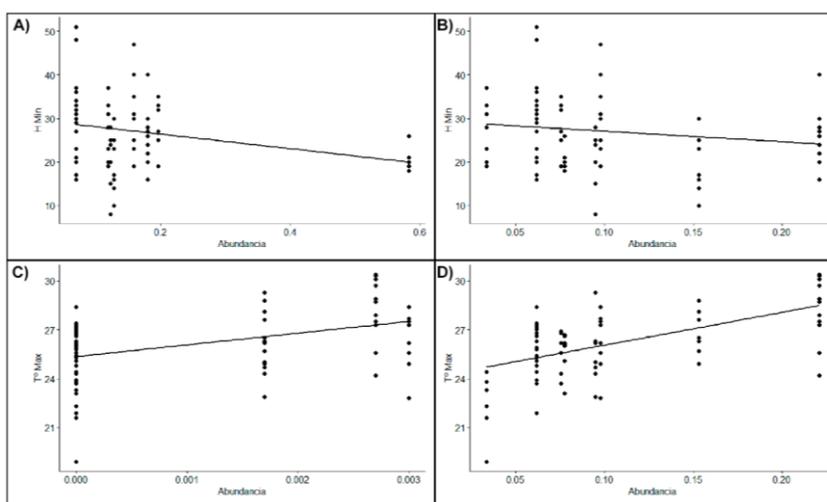


Figura 54. Ejemplos de los gráficos resultantes de la prueba de *Spearman*, que representan una dependencia de las abundancias de las especies de isópodos; *Armadillidium vulgare* (A) y *Porcellio scaber* (B) con la humedad mínima; *Porcellio laevis* (C) y *Porcellio scaber* (D) con la temperatura máxima, respectivamente.

Las condiciones ambientales que no se relacionan con la mayoría de los grupos y especies de isópodos resultaron ser la **humedad máxima** y la **precipitación máxima** (para consultar a detalle las condiciones no relacionales con cada grupo de artrópodos y especie de isópodos revisar el apartado 23 de los ANEXOS DE RESULTADOS).

Abundancia-Proceso de descomposición

Por otro lado, al evaluar si existe una dependencia o no de la **abundancia** de cada grupo de artrópodos y especie (en el caso de los isópodos) con respecto al **proceso de descomposición**, se obtuvieron los siguientes resultados.

Los grupos de estudio que presentaron una relación con el proceso de descomposición a través del resultado de la prueba de *Spearman*, obteniendo un valor de p-value menor a 0.05, se muestran en el Tabla 15.

Tabla 15. Grupos y especies que mostraron una dependencia de sus abundancias con respecto al proceso de descomposición.

Dependencia al proceso de descomposición		
Grupo	p-value	Significancia
Amphipoda	8.002e-14	-0.713202
Isopoda	0.002169	-0.3359394
Collembola	<2.2e-16	-0.8155979
Diplura	<2.2e-16	-0.8970801
<i>Armadillidium vulgare</i>	0.0001997	-0.40194
<i>Porcellio dilatatus</i>	0.0002253	-0.3989135
<i>Porcellio laevis</i>	0.02795	0.02793
<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	2.66e-07	-0.5330663

Además de los grupos Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura, las especies de isópodos *Armadillidium vulgare*, *Porcellio dilatatus*, *Porcellio laevis* y *Porcellionides sexfasciatus* fueron las únicas que presentaron una relación de dependencia de sus abundancias con el proceso de descomposición, dejando fuera a las especies *Porcellio scaber*, *Porcellionides pruinosus* y *Oniscus asellus*.

Asimismo, de la prueba se obtuvieron gráficos para cada grupo, en los cuales se detectaron tres tipos de patrones temporales que presentaban los grupos, con respecto a los cambios de sus abundancias durante el proceso de descomposición. Todos los grupos se clasificaron en estos tres patrones, de la siguiente manera:

En el patrón **Incremental** se encontró la especie de *Porcellio laevis*, la cual presentó una dependencia con el proceso de tipo positiva, lo que tuvo como característica de que sus abundancias iban aumentando mientras avanzaba el proceso de descomposición. Como se puede observar en la Figura 55 este patrón es claro en la especie, donde el mayor número de especímenes se encontró durante la etapa de Reducción esquelética, mientras que la abundancia menor fue en la etapa de Descomposición Activa, toda vez que en la Hinchada no se tuvo registro de algún espécimen.

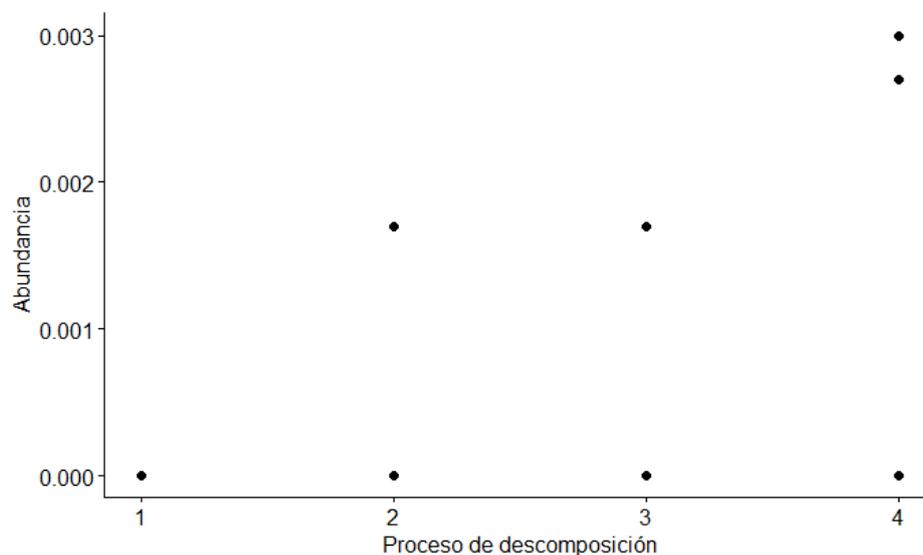


Figura 55. Gráfico obtenido de la prueba de *Spearman* que muestra el patrón temporal incremental de las abundancias para la especie de *Porcellio laevis* durante las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

En el patrón **Decremental** se encontraron Amphipoda y Collembola. Para categorizarlos en este tipo de patrón, se tomó como característica que existiera una disminución de sus abundancias a lo largo de las etapas del proceso de descomposición. Como se puede observar la Figura 56 este patrón es claro para ambos, en donde el mayor número de especímenes se encontró durante la etapa de Hinchazón, mientras que la abundancia más baja para los grupos se encontró en la última etapa del proceso correspondiente a la Reducción esquelética.

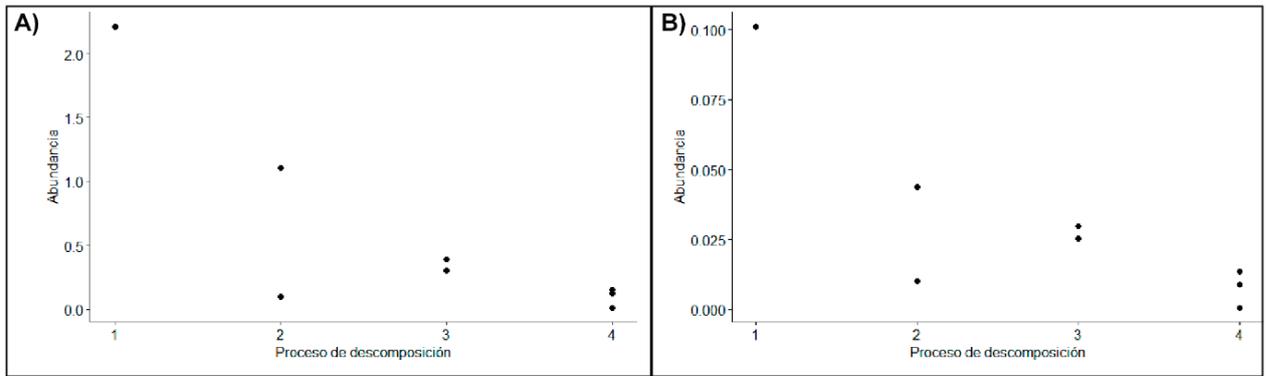


Figura 56. Gráficos obtenidos de la prueba de *Spearman* que muestran el patrón temporal decremental de las abundancias en los grupos Amphipoda (A) y Collembola (B) durante las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

Conjuntando los resultados otorgados de la prueba *spearman* con sus respectivos gráficos y al presentar una dependencia negativa, se entiende que la variable de la abundancia de estos grupos disminuye en medida que avanza el proceso de descomposición.

Por otro lado, en el patrón **Mixto** se categorizaron Diplura, así como las especies *Armadillidium vulgare*, *Porcellio dilatatus* y *Porcellionides sexfasciatus*. En este caso, el cambio de las abundancias muestra tanto disminuciones como aumentos en las distintas etapas del proceso. Para Diplura (Figura 57) en las etapas de Hinchazón, Descomposición activa y Reducción esquelética se presenta una abundancia menor que la registrada en la Descomposición activa.

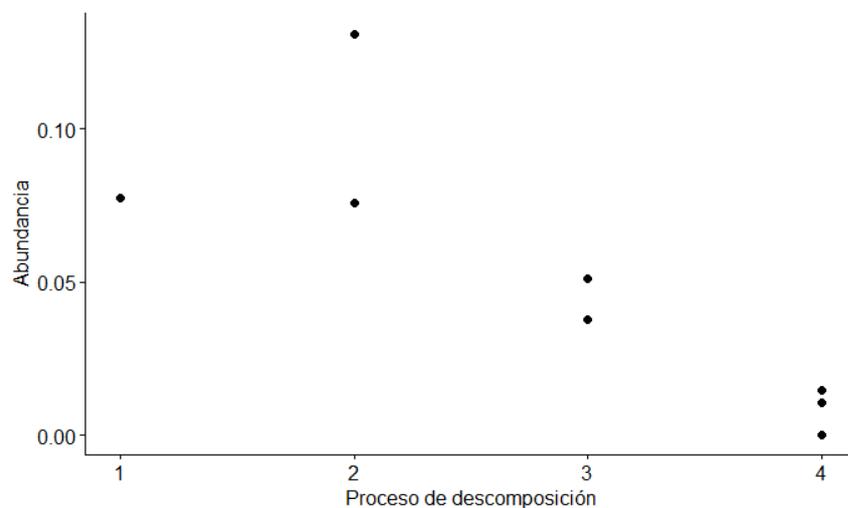


Figura 57. Gráfico obtenido de la prueba de *Spearman* que muestra el patrón temporal mixto de las abundancias de Diplura durante las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

Para *Armadillidium vulgare* (Figura 58, A), este patrón se presenta debido a que, en la etapa de Hinchazón se registró el valor más alto de abundancia, posteriormente en la Descomposición activa se obtuvo la menor abundancia y en las etapas de Descomposición avanzada y Reducción esquelética sus abundancias son muy similares tendiendo a ser mayores a la etapa anterior.

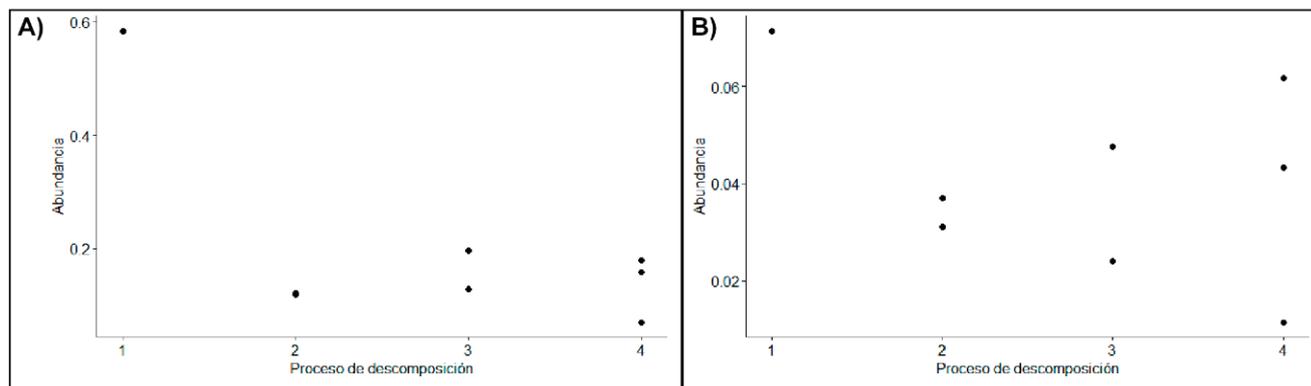


Figura 58. Gráficos obtenidos de la prueba de *Spearman* que muestran el patrón temporal mixto de las abundancias en las especies de *Armadillidium vulgare* (A) y *Porcellio dilatatus* (B) durante las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

Mientras que en la especie de *Porcellio dilatatus* (Figura 58, B) pareciera que a partir de la etapa de Descomposición activa hasta la Reducción esquelética se presenta un patrón incremental, sin embargo, el punto más alto de sus abundancias se da en la etapa de Hinchazón.

En el gráfico de *Porcellionides sexfasciatus* (Figura 59) se observa un tipo de campana invertida ya que, si se consideran las abundancias de las primeras tres etapas del proceso, pareciera que se puede presentar un patrón decremental, aunque en la última etapa correspondiente a la Reducción esquelética nuevamente se tiene un incremento de sus abundancias.

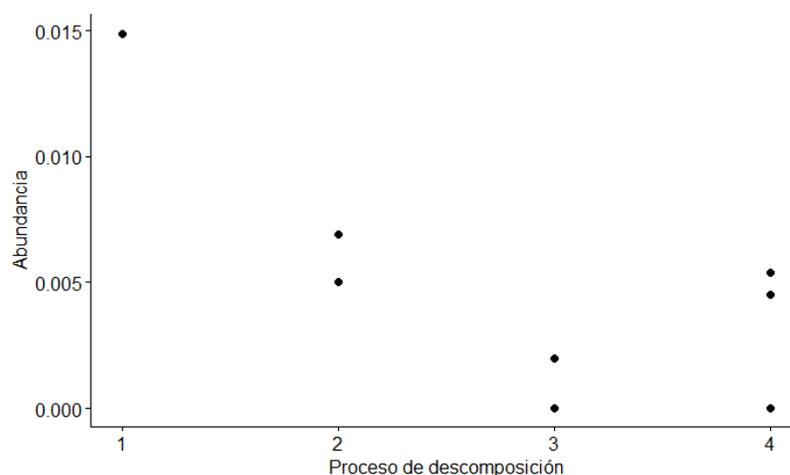


Figura 59. Gráfico obtenido de la prueba de *Spearman* que muestra el patrón temporal mixto de las abundancias de *Porcellionides sexfasciatus* durante las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

Es necesario precisar, que las especies que no presentaron una dependencia de sus abundancias con las etapas de proceso de descomposición (*Porcellio scaber*, *Porcellionides pruinosus* y *Oniscus asellus*) fueron categorizadas dentro de un patrón temporal **No relacional**, toda vez que su dispersión a lo largo del proceso no es uniforme (revisar apartado 24 en los ANEXOS DE LOS RESULTADOS).

Abundancia de acuerdo con la pendiente del lugar de muestreo

Después de realizar la prueba de *Spearman* para evaluar la dependencia o no de la **abundancia** total por trampa de cada grupo (Tabla 16) y especie de isópodos relacionados con el proceso, con respecto a los valores de altitud de la **pendiente del lugar de muestreo**, se presentan los grupos y las etapas del proceso donde se obtuvo un valor de p-value menor a 0.05, con el cual se marca una relación entre las abundancias y la pendiente del sitio durante el experimento.

Tabla 16. Grupos y sus respectivas etapas del proceso en que mostraron una dependencia con respecto a la pendiente.

Dependencia			
Abundancia del grupo	Etapas del proceso en que se da la dependencia	p- value	Significancia
Amphipoda	Descomposición activa	2.203e-08	-0.5794648
	Reducción esquelética	0.001579	-0.4057334
Collembola	Reducción esquelética	0.03648	0.5619712
Diplura	Descomposición activa	0.0132	0.4707307

Como se aprecia en la Tabla 16, en conjunto con el gráfico del orden Amphipoda (Figura 60), este grupo en ambas etapas del proceso Descomposición activa y Reducción esquelética se presentó un patrón de disminución de sus abundancias en medida que aumenta la altura del lugar de muestreo, es decir, que las mayores abundancias en ambas etapas del proceso, tienden a encontrarse en trampas pitfall de las zonas de menor altitud de la pendiente.

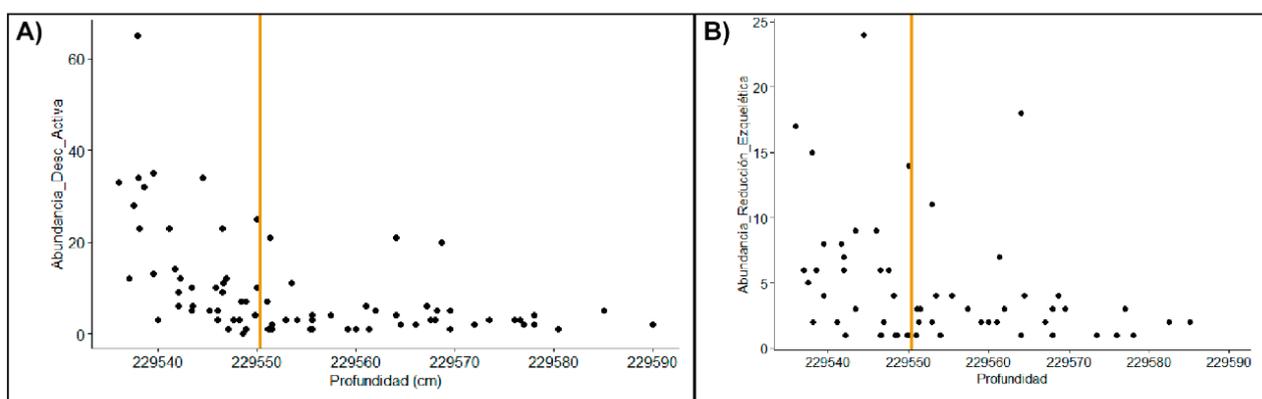


Figura 60. Gráficos obtenidos de la prueba de *Spearman* que muestran las abundancias de Amphipoda durante la etapa de Descomposición activa (A) y Reducción esquelética (B), con respecto a las altitudes sobre el nivel del mar de la pendiente del lugar de muestreo. Se muestra una línea trazada de color naranja que referencia la altitud aproximada en la que se encontraba el biomodelo.

A pesar de que para Collembola y Diplura se obtuvo una relación de dependencia de las abundancias con los valores de altitud de la pendiente del sitio, al obtener sus gráficos no se observa un patrón orientativo que hable de la tendencia de aumento o disminución de las abundancias con respecto a zonas más altas o bajas del sitio; ya que no presenta una distribución uniforme.

Por su parte, de las especies de isópodos sólo *Armadillidium vulgare* presentó una relación de sus abundancias con los valores de profundidad de la pendiente en dos etapas del proceso, Descomposición avanzada y Reducción esquelética (Tabla 17).

Tabla 17. Especies y sus respectivas etapas del proceso que mostraron una dependencia con respecto a la pendiente.

Dependencia		
Abundancia de la especie	Etapas del proceso en que se da la dependencia	p- value
<i>Armadillidium vulgare</i>	Descomposición avanzada	0.04155
	Reducción esquelética	0.0002987

Sin embargo, de la misma forma como sucedió con *Collembola* y *Diplura*, en sus gráficos resultantes de estas pruebas, no se observó un patrón característico donde se pueda apreciar la tendencia de aumento o disminución de las abundancias con respecto a zonas más altas o bajas del lugar de muestreo.

Cabe mencionar que la especie de *Oniscus asellus*, también mostró una primera dependencia utilizando los valores de abundancia totales en conjunto con las altitudes de la pendiente, obteniendo un p-value de 0.03548, sin embargo, cuando se realizó nuevamente la prueba para reconocer las etapas del proceso en las cuales se detectaría esta relación, ninguna de las 4 tuvo una dependencia con la pendiente del lugar de muestreo.

A continuación, se presenta el mapa 3D (Figura 61) resultante de los datos de altitud obtenidos en la réplica de la localización de las trampas en el sitio del experimento, descrita en los anexos de la metodología. En donde se pueden observar con mejor detalle las diferencias en altitudes que presentaba el lugar de muestreo en el experimento, denotando el hecho de que el lugar es un perfil topográfico heterogéneo con lo que se forma la pendiente aquí analizada. Asimismo, se indica con un banderín el punto en el cual se encontraba localizado el biomodelo.

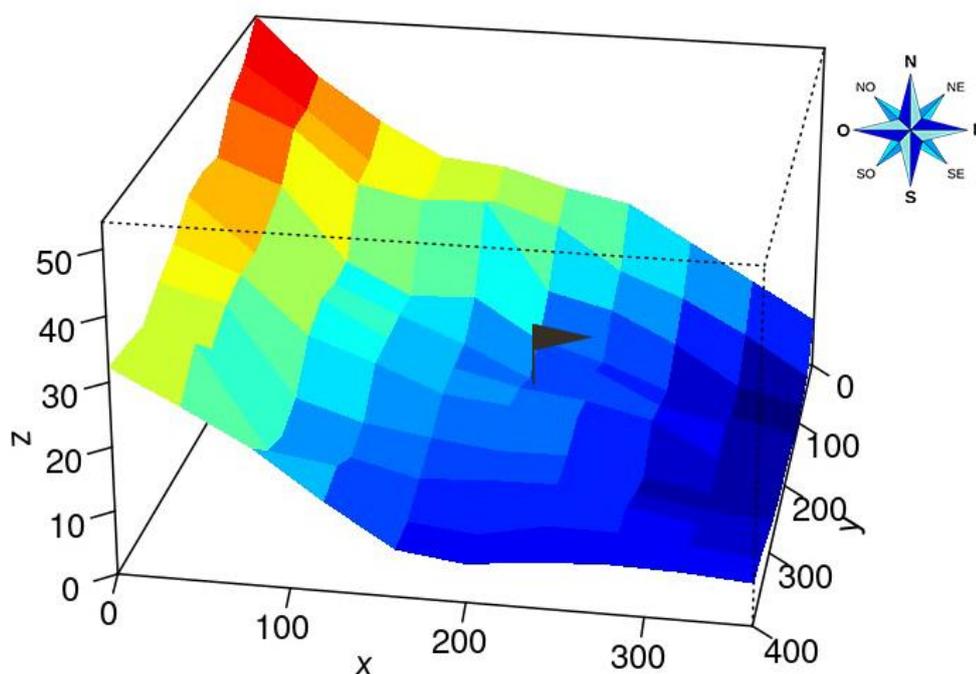


Figura 61. Mapa 3D, del lugar de muestreo, donde se observa con mayor claridad la diferencia de 54 cm en la pendiente entre el punto más bajo y el punto más bajo.

7.6.2 Análisis de comparación de muestras

Al evaluar mediante la prueba de Kruskal-Wallis, si existe al menos una diferencia significativa entre las **abundancias** (log10), los **patrones** temporales de los grupos y las **etapas del proceso de descomposición**, se obtuvieron los siguientes resultados, para cada patrón (los gráficos resultantes de la prueba pueden ser consultados en los apartados 25 a 27 de los ANEXOS DE LOS RESULTADOS).

En esta prueba el **patrón incremental** presentó un valor de p-value de 0.3916, con lo que se descarta que exista al menos una diferencia significativa entre las variables de abundancia de *Porcellio laevis*, con su patrón temporal y con las etapas del proceso. Se considera la posibilidad de este resultado debido al tamaño de la muestra tan pequeño que presentó la especie *Porcellio laevis*.

Por su parte el **patrón decremental**, en esta prueba presentó un valor de p-value de 0.6444, con lo que se descarta que exista al menos una diferencia significativa entre las variables de abundancia de los grupos, su patrón temporal y las etapas del proceso.

Por su parte, el **patrón mixto** al igual que el patrón decremental presentó un valor de p-value mayor a 0.05, siendo este con un valor de 0.9541, con lo que también se descarta que exista al menos una diferencia significativa entre las variables de abundancia de los grupos, su patrón de temporal y las etapas del proceso para los organismos categorizados en este patrón.

Abundancia-Refugios-Etapas del proceso

Por otro lado, al evaluar si existe al menos una diferencia significativa de la **abundancia**, con las **etapas del proceso** y los **refugios** (“Árbol” y “Roca”). Se obtuvo como resultado que el orden Amphipoda y la especie de *Armadillidium vulgare*, fueron los únicos que presentaron al menos una diferencia significativa entre estas variables. En contraste con el resto de los grupos Collembola, Diplura, *Porcellio dilatatus*, *Porcellio saber*, *Porcellio laevis*, *Porcellionides pruinosis*, *Porcellionides sexfasciatus* y *Oniscus asellus*; presentaron un valor de p-value mayores a 0.05 en las evaluaciones de ambos refugios.

Como se muestra en la Tabla 18, el orden Amphipoda obtuvo un valor de p-value menor a 0.05 en la prueba para el refugio de la roca. Representando así que a nivel estadístico este grupo sí presenta al menos una diferencia significativa entre sus variables.

Tabla 18. Resultados de la prueba de *Kruskal Wallis* para evaluar la influencia de los refugios en las abundancias del orden Amphipoda durante el proceso de descomposición, donde se resalta con color verde el valor de p-value menor a 0.05.

Refugio	p-value Kruskal - Wallis
Roca	0.001597
Árbol	0.3328

Asimismo, en su gráfico resultante (Figura 62), se puede observar al menos de forma visual una diferencia para el refugio de la “Roca” entre las etapas 1 (Hinchazón) y 4 (Reducción esquelética).

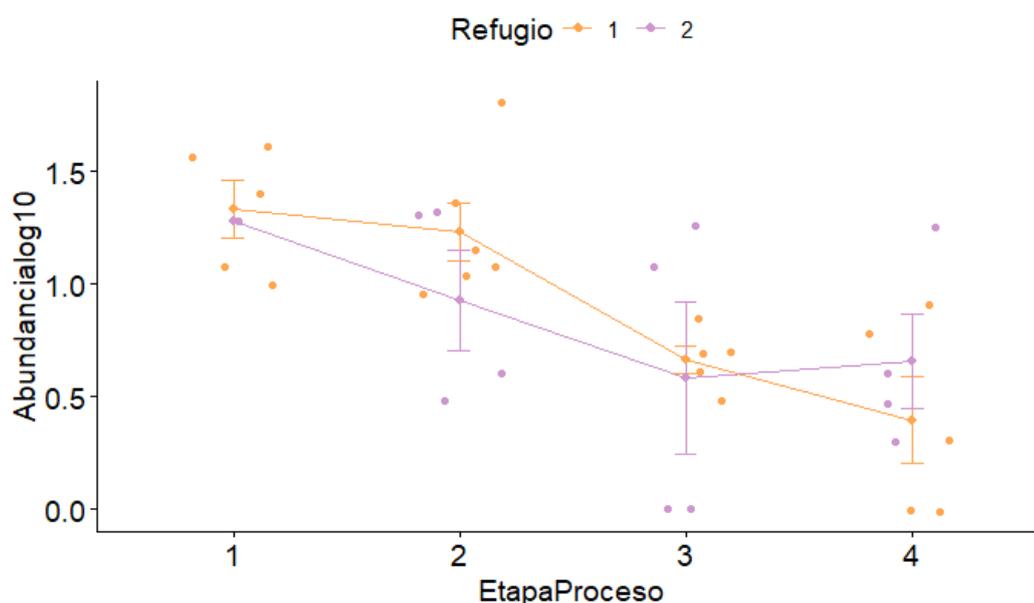


Figura 62. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal Wallis* para Amphipoda con respecto a sus abundancias, los refugios: 1. Roca y 2. Árbol, así como las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

Para este grupo al presentar estadísticamente una diferencia significativa con respecto al refugio de la “Roca”, se realizó posteriormente la comparación por pares con la prueba de U de Mann-Whitney, para identificar cuáles son las diferencias significativas que se presentan, de la cual se obtuvieron los resultados mostrados en la Tabla 19.

Tabla 19. Valores de comparaciones pareadas resultantes de cada comparación por pares de las etapas del proceso, utilizando las variables del refugio “Roca” del orden Amphipoda, donde se resalta con color verde el valor de p-value menor a 0.05.

Etapas del proceso	1 (Hinchazón)	2 (Desc. activa)	3 (Desc. avanzada)
2 (Desc. activa)	0.583	---	---
3 (Desc. avanzada)	0.012	0.008	---
4 (Reducción esquelética)	0.012	0.008	0.528

Con lo obtenido de la prueba U de Mann-Whitney, se identifica que existen diferencias significativas entre la etapa del proceso Hinchazón con la Descomposición activa y la Reducción esquelética; Asimismo, entre la Descomposición activa con la Descomposición avanzada y la Reducción esquelética.

Por su parte, *Armadillidium vulgare* como se muestra en la Tabla 20, obtuvo un valor de p-value menor a 0.05 únicamente en la prueba para el refugio “Roca”. Resultando así que a nivel estadístico este grupo sí presenta al menos una diferencia significativa considerando este refugio.

Tabla 20. Resultados de la prueba de *Kruskal Wallis* para evaluar la influencia de los refugios en las abundancias de *Armadillidium vulgare* durante el proceso de descomposición, donde se resalta con color verde el valor de p-value menor a 0.05.

Refugio	p-value Kruskal - Wallis
Roca	0.02528
Árbol	0.07403

De igual forma, en su gráfico resultante (Figura 63), se puede observar al menos de forma visual una diferencia para el refugio de la “Roca” entre las etapas 1 (Hinchazón) y 2 (Descomposición activa) y entre 3 (Descomposición avanzada) y 4 (Reducción esquelética).

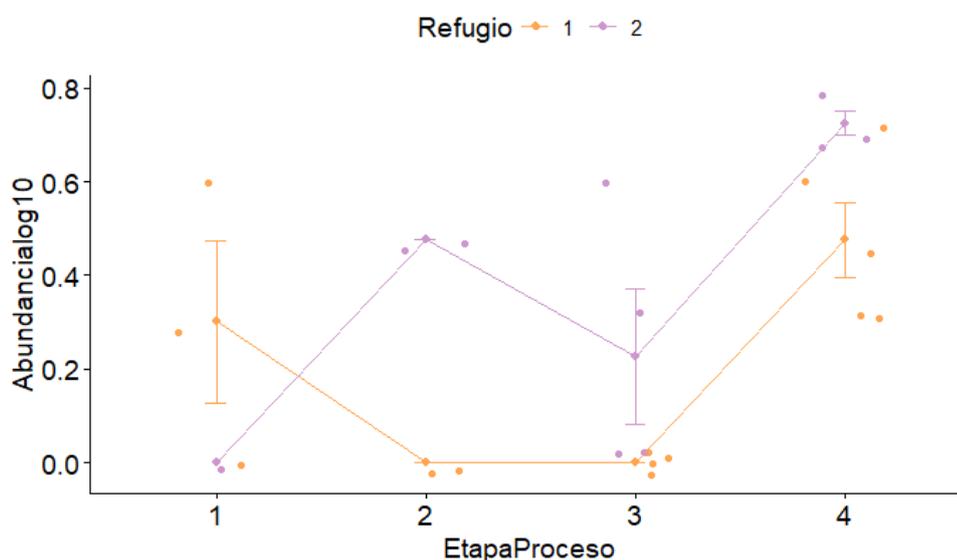


Figura 63. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal Wallis* para la especie de *Armadillidium vulgare* con respecto a sus abundancias, los refugios: 1. Roca y 2. Árbol con las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

Al presentar estadísticamente una diferencia significativa con respecto al refugio de la “Roca”, posteriormente se realizó la comparación por pares con la prueba U de Mann-Whitney para identificar cuáles son las diferencias significativas que se presentan, de la cual se obtuvieron los resultados mostrados en la Tabla 21.

Tabla 21. Valores de comparaciones pareadas resultantes de cada comparación por pares de las etapas del proceso, utilizando las variables del refugio “Roca”, de la especie *Armadillidium vulgare*, donde se resalta con color verde el valor de p-value menor a 0.05.

Etapas del proceso	1 (Hinchazón)	2 (Desc. activa)	3 (Desc. avanzada)
2 (Desc. activa)	0.333		
3 (Desc. avanzada)	0.123		
4 (Reducción esquelética)	0.442	0.076	0.015

Con lo obtenido de la prueba U de Mann-Whitney para esta especie considerando el refugio “Roca”, se puede determinar que existe únicamente diferencia significativa entre la etapa del proceso de Descomposición avanzada y la Reducción esquelética.

Un punto a considerar para esta especie, es que al realizar la comparación por pares con la prueba U de Mann-Whitney para verificar la existencia de alguna diferencia significativa o no, con respecto al refugio “Árbol”, se detectó que existe al menos una diferencia significativa entre la etapa del proceso de Descomposición avanzada y la Reducción esquelética (Tabla 22).

Tabla 22. Valores de pairwise resultantes de cada comparación por pares de las etapas del proceso, utilizando las variables del refugio “Árbol” de la especie *Armadillidium vulgare*, donde se resalta con color verde el valor de p-value menor a 0.05.

Etapas del proceso	1 (Hinchazón)	2 (Desc. activa)	3 (Desc. avanzada)
2 (Desc. activa)	0.480		
3 (Desc. avanzada)	0.693	0.475	
4 (Reducción esquelética)	0.346	0.128	0.048

A continuación, se presenta como ejemplo el caso de Collembola, como uno de los grupos que no obtuvieron una diferencia significativa de sus abundancias con los refugios y las etapas del proceso de descomposición.

Collembola obtuvo para el refugio de la “Roca” un valor de p-value mayor a 0.05, mientras que para el refugio del “Árbol” presentó una evaluación nula, ya que no se contó con una abundancia de estos organismos en las trampas pitfall cercanas a ese refugio durante las etapas de Hinchazón y Descomposición avanzada, como se presenta en la Tabla 23 y el gráfico de la Figura 64. Pudiendo decir así que a nivel estadístico este grupo no presenta al menos una diferencia significativa entre sus variables.

Tabla 23. Resultados de la prueba de *Kruskal Wallis* para evaluar la influencia de los refugios en las abundancias de Collembola durante el proceso de descomposición.

Refugio	p-value Kruskal - Wallis
Roca	0.2231
Árbol	NA

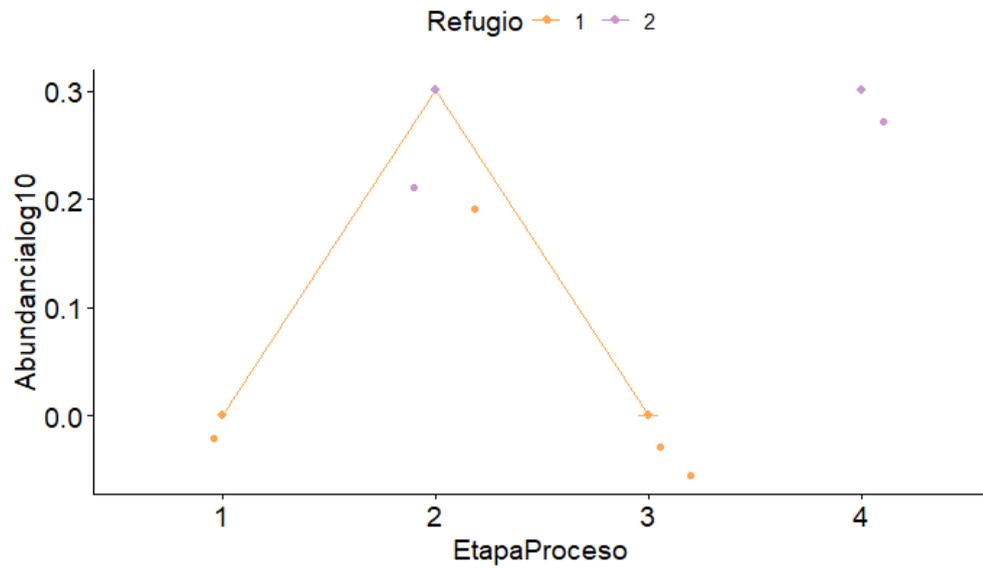


Figura 64. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal Wallis* para Collembola con respecto a sus abundancias, los refugios y las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

8. DISCUSIÓN

Este es el primer trabajo que aborda de forma sistemática y conjunta el análisis de organismos pertenecientes a los grupos Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura de la fauna edáfica en un proceso de descomposición. Se llevaron a cabo las identificaciones de todos los organismos recolectados ya sea a nivel de grupo o especie mediante el uso conjunto de dos métodos de identificación: morfológica (mediante el uso de claves de identificación) y molecular (mediante la secuenciación del gen mitocondrial COI), que permitió a su vez conocer la presencia y abundancia de cada grupo en cada una de las etapas del proceso de descomposición. Aunado a ello, con estos datos fue posible analizar la relación de estos grupos con el proceso de descomposición y al mismo tiempo con otros factores externos (condiciones ambientales, la evaluación del perfil topográfico del terreno y la presencia de refugios (referido a la presencia de grandes objetos (“Árbol” y “Roca”))). Los datos obtenidos se analizaron mediante pruebas estadísticas de asociación (coeficiente de correlación de *Spearman*) con los valores de abundancia registrados para cada grupo, con los que se determinó con un grado de confianza del 95% una relación significativa o no de los grupos y especies con respecto al proceso de descomposición y al resto de variables. A grandes rasgos, los resultados obtenidos en esta investigación proporcionan información relevante, conjunta e integral acerca del impacto que genera un proceso de descomposición en el comportamiento de algunos elementos de la fauna edáfica.

Sin duda, los estudios previos que lleven a cabo un análisis para estos y otros grupos de la fauna edáfica son prácticamente inexistentes a nivel internacional. Si bien se han llevado a cabo investigaciones con enfoque a la sucesión de distintos artrópodos en la descomposición de un cadáver desde los años 50' con el estudio de Bornemissza (1957) y algunos subsecuentes (Tullins y Goff, 1987; Grassberger y Frank, 2004) éstos únicamente se enfocan en realizar un análisis más profundo de la relación de grupos de insectos denominados “necrócolos” (dípteros, coleópteros e himenópteros principalmente) con el proceso de descomposición, dejando de lado la evaluación detallada de la presencia o abundancia del resto de los artrópodos recolectados en sus respectivos estudios.

8.1 Asociación temporal y espacial de los grupos evaluados con el proceso de descomposición

Es preciso resaltar, que tampoco hay estudios previos que fundamenten el uso de los grupos de fauna edáfica estudiados en esta tesis (Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura) que encuentren una relación con el cadáver o incluso que emitan una propuesta respecto a que potencialmente puedan ser utilizados como indicadores de una etapa determinada del proceso de descomposición. A excepción, de un trabajo realizado en México por Sánchez-Ramos y colaboradores en el año de 2010, quienes cuentan con un estudio con abundantes datos, derivados del proceso de descomposición en 7 cadáveres de cerdo. Sin embargo, a pesar de llevar a cabo este registro para varios grupos de artrópodos, únicamente el resto de análisis son enfocados en grupos como Diptera y Coleoptera; y sólo se cuenta con la mención de la presencia del orden Isopoda durante las etapas de Descomposición activa y avanzada, sin sustentar estadísticamente su relación con el proceso de descomposición.

En este trabajo, con base en los resultados obtenidos respecto al orden **Amphipoda**, se encontraron datos relevantes en cuanto a su relación con el proceso. Además de ser el segundo grupo más abundante de los estudiados en esta tesis con un total de 2,115 organismos, al analizar sus abundancias con respecto al proceso de descomposición mediante la prueba de asociación de *Spearman*, mostró una relación significativa, presentando un tipo de patrón temporal decremental muy marcado a lo largo del mismo, lo que corresponde con que conforme avanzó el proceso sus abundancias disminuyeron (Figura 56, A). De igual manera, presentó una relación significativa con respecto a la pendiente en las etapas del proceso de Descomposición activa y Reducción esquelética (Figura 60) y mostró al menos una diferencia significativa entre las variables de su abundancia con las etapas del proceso y el “refugio” de la “Roca” situada en el lugar del muestreo. Lo anterior conjuntado con la información de su dispersión espacial vista en sus mapas de calor (Figura 45), puede corresponder con una preferencia del grupo por las zonas con una menor altitud del lugar de muestreo. Asimismo, se observó el inicio de su movimiento hacia el lado Noreste del sitio a partir de la etapa de Descomposición activa, en donde sus abundancias se redujeron a menos de la mitad que las registradas en la primera etapa. La información obtenida respecto a este grupo desafortunadamente no puede ser comparada con algún estudio de referencia, toda vez que sólo hay un estudio que ha reportado la presencia de este grupo en un proceso de descomposición cadavérica (Tullins y Goff, 1987), donde sólo se menciona su presencia en todas las etapas del proceso, sin embargo, no son reportados datos ni análisis que sustentan esta relación, aunado a que fuera de su mención en dichas etapas no se especifica ni especies de este grupo ni valores de abundancias en cada una de ellas, y por tanto no se describen sus cambios a lo largo del proceso. Sin embargo, es

considerado relevante en este trabajo como una mención previa del grupo en un proceso de esta naturaleza.

Con respecto al grupo **Collembola**, se cuenta con un estudio previo de Bornemissza (1957), en donde después de hacer una examinación de la influencia de la carroña en éste y otros grupos de artrópodos del suelo de un bosque, determina que los productos de descomposición presentes en el suelo durante la putrefacción afectan a la fauna del suelo, ya sea reduciendo sus abundancias o eliminado especies. Asimismo, hace referencia en que sus resultados sugieren que los colémbolos probablemente se alejaron de la carroña debido a la presencia de productos licuados durante la etapa de putrefacción que formaron una costra cementada con la hojarasca y la capa superior del suelo. Lo anterior resulta coincidente con lo observado en los resultados de este trabajo, toda vez que en primera instancia se determinó mediante la prueba de asociación de *Spearman* una relación significativa de las abundancias con respecto al proceso de descomposición, presentando al igual que el grupo Amphipoda un patrón temporal tipo decremental (Figura 56, B), que a su vez mostraba una relación negativa con el proceso, es decir, mientras más avanzaba el proceso sus abundancias fueron disminuyendo. Esta disminución se observó de forma muy evidente a partir del inicio de la etapa de Descomposición activa, donde también en sus mapas de calor (Figura 47) se observó que al inicio del proceso sus organismos se encontraron en las trampas cercanas al biomodelo, incluso no se encontraron especímenes en la periferia del lugar de muestreo y su movimiento espacial comenzó a inicios de la etapa de Descomposición activa, donde ahora tuvo la presencia de los mismos en las trampas más lejanas al biomodelo de la zona Noroeste y Suroeste, y al final de la última etapa del proceso sus abundancias se reducen a únicamente 1 espécimen. A pesar de que también se encontró una asociación significativa con la pendiente, ésta no pudo ser completamente determinada ya que, al comparar con la información gráfica de la prueba, no se observa un patrón claro de relación con la pendiente.

Por su parte, el grupo **Diplura** presentó una abundancia total de 220 organismos durante este proceso, donde después de analizar sus abundancias con respecto al proceso de descomposición, mediante la prueba de asociación de *Spearman*, mostró una relación significativa con el proceso, presentando un tipo de patrón temporal mixto de sus abundancias (Figura 57). Éste se caracterizó por presentar un aumento de sus abundancias en la etapa de Descomposición activa y posteriormente una disminución de las mismas en la etapa de Descomposición avanzada y Reducción esquelética. Es decir, los datos sustentan que para este grupo se mostró una mayor actividad de sus organismos durante la etapa de Descomposición activa. Aunado a ello, al igual que el grupo Collembola se

encontró una asociación significativa del grupo con la pendiente, que no pudo ser completamente determinada, ya que al conjuntar lo observado en su gráfico no se percibe un patrón con la pendiente. En cuanto al movimiento espacial en el lugar del muestreo a lo largo del proceso, se observó que tuvo un movimiento de sus organismos evidente en la etapa de Descomposición activa (Figura 48), en donde la mayoría de sus organismos se encontraron distribuidos a las periferias del sitio, para después verse de forma clara la disminución de sus abundancias hasta el final de la Reducción esquelética, donde ya no se observó ningún organismo. Al igual que con otros grupos, los resultados antes mencionados, desafortunadamente no pueden ser comparados a grandes rasgos con ningún otro trabajo previo, ya que sólo se cuenta con el registro de la presencia del grupo en el trabajo de Tullins y Goff (1987), quienes hacen mención del grupo durante la etapa de descomposición, Fresca y de Hinchazón, sin embargo, no se ve sustentado estadísticamente con una prueba de asociación, ni se reportan datos de abundancias en estas etapas que puedan ser comparables con los resultados antes expuestos. Únicamente puede localizarse la coincidencia de una familia del grupo por referencia, que también se encontró en este trabajo, la cual es la familia Campodeidae.

Al igual que el grupo Amphipoda, la especie de *Armadillidium vulgare*, presentó mucha información respecto a su papel en el proceso de descomposición. Inicialmente fue la especie de isópodos que registró el mayor número de especímenes en el proceso, con un total de 950 organismos. Aunado a ello, se determinó que existe una relación significativa con el proceso de descomposición, presentando un tipo de patrón temporal mixto de sus abundancias (Figura 58, A), que se caracterizó por tener una disminución notable de sus abundancias entre la etapa de Hinchazón y la Descomposición activa. Posterior a ello, se presentó un aumento de las abundancias, sin llegar a recuperar sus números a las iniciales. Del mismo modo, que para los grupos Collembola y Diplura, se encontró una asociación significativa del grupo con la pendiente, sin embargo, no pudo ser completamente determinada, ya que al conjuntar lo observado en su gráfico no se observa un patrón para ver su comportamiento dado a esta relación con la pendiente. Aunado a ello, este grupo mediante las pruebas de Kruskal-Wallis y U de Mann-Whitney se determinó que existe al menos una diferencia significativa con las abundancias, las etapas del proceso y el factor de los refugios de Árbol y la Roca entre las etapas del proceso de descomposición. Lo anterior es coincidente con lo observado en su movimiento espacial en los mapas de calor (Figura 49), donde sus organismos tuvieron un desplazamiento evidente a inicios de la etapa de Descomposición avanzada hacia la periferia. Conjuntando estos datos se puede inferir que el movimiento realizado por la especie, así como la disminución de sus abundancias pueden deberse a que, en la etapa de Descomposición activa, al tener la característica de ser la etapa de mayor cambio en el biomodelo debido entre otras

cosas a la liberación de lixiviados, pudo relacionarse con el alejamiento de la especie hacia la periferia del lugar de muestreo. Sin embargo, lo anterior se menciona únicamente como una posibilidad de relación, ya que únicamente se cuenta con un estudio previo (Onyshi et al., 2020) en el que los autores hacen mención de la presencia de *Armadillidium* sp. en el proceso de descomposición sin estudiar más su comportamiento a lo largo del mismo.

La especie de *Porcellio dilatatus*, presentó una relación significativa con el proceso de descomposición, presentando un patrón temporal mixto de sus abundancias (Figura 58, B), que se caracterizó por presentar una disminución en la etapa de Descomposición activa y a partir de ella mostrar un incremento en el resto de sus etapas. Aunado a ello, una característica importante es que fue el único grupo que no presentó una relación significativa con ninguno de los factores externos. En cuanto a su movimiento espacial (Figura 50) se observó que los registros de organismos se dieron hacia la periferia del lugar de muestreo justo al inicio de la Descomposición activa. Por su parte, *Porcellio laevis*, fue la especie que menor registro de organismos presentó durante el proceso, contando únicamente con 7 organismos, a pesar de ello mostró una relación significativa con el proceso, aunque en su caso con un tipo de patrón incremental (Figura 55), una característica es que el patrón se vió reflejado a partir de la etapa de Descomposición activa, toda vez que fue la primera ocasión en la que se tuvo registro de la especie. Aunado a ello, el único factor externo con el que presentó una relación significativa fue el ambiental con la variable de temperatura. Desafortunadamente, para ambos casos estos resultados obtenidos no pueden ser comparados debido a que no existe un registro previo de las especies en un proceso de descomposición.

Por su parte *Porcellionides sexfasciatus*, fue la última especie que presentó una relación significativa con el proceso de descomposición, presentando un tipo de patrón mixto (Figura 59), el cual fue muy característico, toda vez que presentó primero un patrón decremental durante las primeras tres etapas del proceso, siendo la etapa de Descomposición avanzada la que menos registro de organismos presentó, para posteriormente tener un incremento de su abundancia hacia principios de la etapa de Reducción esquelética, y para el final de ésta ya no contó con registro de organismos. Debido a esto se puede inferir que mientras se llevaban a cabo las etapas de mayor cambio en el cadáver, las abundancias de esta especie fueron disminuyendo hasta el punto de casi quedarse sin organismos, sin embargo, se infiere que el aumento de sus especies puede estar dada por un comportamiento repoblatorio en la fase de Reducción esquelética una vez que haya terminado el proceso. Asimismo, esta especie sólo presentó una relación significativa con el factor ambiental con las variables de temperatura mínima y la humedad. De la misma forma los resultados aquí obtenidos

no pueden ser comparados debido a que no existe un registro previo de la especie en un proceso de descomposición.

Un punto a destacar, es que Grassberger y Frank (2004) reportan en su estudio la presencia de la especie de *Porcellio scaber* en un proceso de descomposición durante las etapas de Hinchazón, Descomposición activa y avanzada, mientras que en este estudio fue una especie que no presentó estadísticamente una relación significativa con el proceso de descomposición. La diferencia en este caso radica en que en el estudio realizado por los autores no se realiza un análisis más profundo de la especie, únicamente reportan su presencia en estas etapas, sin sustentar la relación con el proceso. Otro punto importante a considerar es que a pesar de que esta especie fue la segunda más abundante de los isópodos en el proceso con un total de 657 organismos, como ya fue mencionado, esta no presentó una relación con el proceso, lo que da como indicativo de que no sólo el hecho de contar con un registro de una presencia abundante significa que deba estar relacionada con el mismo.

De igual forma sucede con *Porcellionides pruinosus*, la cual se encontró reportada en el estudio de Tantawi, eL-Kady, Greenberg y el-Ghaffar, 1996, como una de las especies “atraídas a un cadáver de conejo”, mientras este se encontraba en su fase de Descomposición activa-avanzada, reportando únicamente la presencia de estos organismos en esa etapa del proceso. Lo anterior considerando lo obtenido en este trabajo puede ser debatible, toda vez que esa relación que establecen los autores no se encuentra sustentada con otros análisis más profundos de la especie, nuevamente sólo reportan una presencia, careciendo incluso de abundancias registradas; mientras que en este trabajo después de ser realizados análisis de asociación de las abundancias se determinó que no fue un grupo que tuviera una relación con el proceso.

Siendo analizados todos los datos para cada una de las especies que mostraron una relación con el proceso de descomposición, se puede destacar que es evidente el cambio en sus abundancias mientras se desarrollaba la etapa de Descomposición activa. Por lo que derivado de la información conjunta de sus patrones temporales de sus abundancias en el proceso, y considerando como antecedente lo reportado por Bornemissza (1957), donde menciona que los productos de descomposición presentes en el suelo durante la putrefacción afecta a la fauna del suelo, ya sea reduciendo los números de sus abundancias o eliminado especies, es que en este trabajo se llega a inferir que estos cambios podrían estar dados en función del impacto que genera la etapa de Descomposición activa y avanzada en el suelo, por la salida y dispersión de los líquidos derivados de la putrefacción, lo cual resulta poco atractivo para estos grupos.

8.2 Etapas del proceso de descomposición

La descomposición de cadáveres constituye una perturbación natural que puede alterar dramáticamente las características edáficas, biológicas y químicas en el suelo (Hopkins et al., 2000; Towne, 2000). Específicamente, durante la etapa de Descomposición activa se produce una rápida pérdida de masa resultante del pico de actividad de larvas (de dípteros principalmente) y se da el comienzo de una liberación sustancial de fluidos cadavéricos en el suelo a través de rupturas de la piel y orificios naturales, producto de la putrefacción. Este flujo de material cadavérico que se produce hacia el suelo conectará con cualquier isla de fertilidad resultante del líquido de putrúlagos (también llamado líquido de purga) y, por lo tanto, conducirá a la formación de una única Isla de Descomposición Cadavérica (IDC), la cual al generarse tendrá un impacto en el establecimiento de especies de plantas pioneras, ya que la muerte de la vegetación asociada con la descomposición de los cadáveres representa una perturbación que aporta una elevada cantidad de recursos (Towne, 2000). Más adelante, en la etapa de Descomposición avanzada se lleva a cabo la extensión lateral de esta isla (Tortora y Grabowski, 2000). Dentro de este trabajo, después de observar el comportamiento de las abundancias de los grupos durante el proceso de descomposición, fue evidente que la etapa que más coincidió con los momentos en que se dio una disminución en las mismas, fue la Descomposición activa, específicamente en los grupos Amphipoda, Collembola, así como en las especies de *Armadillidium vulgare* y *Porcellio dilatatus*. Por lo que se puede llegar a inferir que, así como ha sido reportado para Collembola, las características de la etapa de Descomposición activa y avanzada pueden provocar tanto la disminución de los especímenes como el alejamiento de los mismos a áreas más lejanas del lugar donde se encuentre el cadáver.

8.3 Criterios propuestos para definir especies indicadoras de etapas del proceso

En este trabajo se encontraron dos grandes grupos dentro de las especies que se relacionan con el proceso, en cuanto a cómo se comportan a lo largo del mismo. El primero de ellos engloba al tipo de patrón temporal incremental y decremental por separado, los cuales contemplan especies que presentan tendencias constantes de las abundancias. El segundo grupo engloba a las especies con un tipo de patrón temporal mixto de sus abundancias, que presentan dos patrones dentro del mismo proceso de descomposición. Ambos grupos se proponen en este trabajo como potenciales indicadores de alguna etapa del proceso.

Por un lado, los grupos Amphipoda y Collembola debido al tipo de patrón decremental que presentan a lo largo del proceso, pueden llegar a ser indicadoras de al menos la etapa de Reducción

esquelética, toda vez que si se considera que estos grupos se encuentran dentro de la fauna edáfica, y que sus abundancias se vieron reducidas notoriamente mientras el proceso se iba desarrollando, esto representa un indicador importante de que el lugar donde se esperaría encontrar una abundancia mayor de estos grupos y no lo hay puede ser debido a que en ese lugar se tuvo una perturbación del mismo. De igual forma un tipo de patrón incremental en el proceso puede ser indicador de la etapa de Reducción esquelética, toda vez que en su caso prácticamente se denotará un aumento poco usual de la especie en el lugar, donde antes no lo había. Sin embargo, en este caso específicamente *Porcellio laevis* se propone como potencial indicador con reservas, debido a que las abundancias que presentó en esta investigación fueron menores a 10, con lo que no se puede observar un cambio muy grande de sus abundancias a lo largo del proceso, más sin embargo el hecho de que presente este tipo de patrón sí puede hacer que se considere como antecedente para futuros análisis.

Por su lado las especies con un tipo de patrón mixto se proponen como potenciales indicadores del proceso, un ejemplo muy evidente es *Porcellionides sexfasciatus*, ya que al ser una especie que se encuentra presente en todo el proceso pero a su vez presenta la característica de tener una disminución casi total de sus abundancias en una etapa de Descomposición activa y posteriormente volver a tener un aumento de las mismas en la Reducción esquelética, esto puede ser un indicativo de que algo sucede en esa etapa que provoca la disminución de sus abundancias.

Antes de este trabajo no hay estudios previos que propongan una serie de criterios estandarizados para delimitar qué especies pueden ser indicadoras de una o varias etapas del proceso y cuáles no. En este trabajo, considerando las razones antes expuestas, se proponen tres criterios que pueden ayudar a definir que una especie pueda ser considerada como indicador de una etapa del proceso de descomposición.

1. Las abundancias de la especie/grupo deben tener una relación con el proceso de descomposición; esto fundamentado no sólo con un registro de presencia de la misma, si no que debe ser corroborado que sus abundancias se encuentran relacionadas significativamente mediante el uso de pruebas estadísticas que permita estimar la intensidad de la relación entre estas variables.
2. Una vez establecida la relación, en ella se debe presentar un cambio notorio o una reacción a alguna etapa del proceso, basado en una relación significativa ya sea positiva (aumento) o negativa (reducción) representada mediante patrones temporales de sus abundancias.

3. Que las abundancias de la especie no se vean relacionadas con otros factores externos al proceso de descomposición (por ejemplo, condiciones ambientales).

En el caso del tercer criterio se precisa que puede ser considerado como adicional más no como condicionante para la definición de una especie como indicador. Es decir, se considera que este criterio puede reforzar a los anteriores, ya que en caso de cumplir con él se podría establecer con mayor certidumbre su asociación con el proceso de descomposición. Asimismo, este se propone ya que en este trabajo, *Porcellio dilatatus* cumple con los tres criterios aquí propuestos y al ser la única especie, se considera que debido a ello presenta una relación más estrecha con el proceso, al demostrar con sus resultados estadísticos que sus abundancias presentan una relación con el cadáver, aunado a presentar un tipo de patrón temporal mixto, con la característica de tener una disminución notoria de sus abundancias durante la etapa de Descomposición activa y que además no presentó una relación significativa con alguna condición ambiental.

Asimismo, se precisa que las especies que aquí se proponen de ser probablemente indicadores, no son concluyentes debido a que al menos para la mayoría no se cuenta con estudios previos que puedan sustentar esta conclusión. Sin embargo, considerando los resultados ya expuestos en este trabajo, pueden ser meritorias para ser evaluadas en estudios posteriores.

Finalmente, es preciso mencionar que en este trabajo también se presentaron algunas limitantes con las cuales de no haber existido se pudiera haber robustecido aún más la información aquí presentada. Una de ellas es la falta de muestras control de trampas pitfall en periodos previos y posteriores al proceso de descomposición, con los cuales se pudiera haber completado la información y con ello emitir conclusiones respecto al comportamiento repoblatorio de los artrópodos aquí estudiados en función de abundancia y tiempo. Asimismo, otra de las limitantes producto de los permisos para este proyecto, fue la falta de réplicas del experimento con los cuales se pudiera haber realizado una comparación de los resultados entre cadáveres. Sin embargo, a pesar de lo anterior, se considera que este trabajo arrojó información valiosa del papel de la fauna edáfica en un proceso de descomposición y por ende en el área forense, la cual se espera que pueda ser retomada por futuros investigadores del área para generar investigaciones más robustas y sistemáticas en la entomología forense.

8.4 Observaciones en la identificación molecular de los grupos de artrópodos incluidos

Durante el desarrollo de este trabajo se presentaron algunas dificultades para llegar a la identificación molecular de algunos especímenes, tales como el nivel de degradación del DNA, la reducida cantidad de tejido en muestras de organismos pequeños (dipluros, colémbolos), la presencia de inhibidores durante la fase de extracción y amplificación, las señales de dobles picos y ruido excesivo en las secuencias, así como la falta de representación en los bancos de datos genéticos.

Es importante considerar que, si bien el uso del COI es el método más utilizado para la identificación molecular de especies animales, deben tomarse en cuenta algunas de las implicaciones al utilizarlo como un marcador único (Krishnamurthy y Francis, 2012):

1. No se detecta hibridación, es decir, al ser de origen mitocondrial, no se tiene la capacidad de diferenciar entre las especies involucradas, a menos que se incorporen loci nucleares.
2. Separación incompleta de linajes (Incomplete lineage sorting), que se refiere a que, de todo el genoma algunos genes no se separan siguiendo la tasa de separación genealógica de las especies.
3. La incongruencia entre la tasa de evolución del COI, y la tasa de evolución morfológica, la cual puede ser más rápida debido a procesos adaptativos específicos.
4. Presencia de pseudogenes, que son fragmentos del genoma mitocondrial que migran al genoma nuclear, y que se observan como secuencias anormalmente distantes en un árbol filogenético. Su presencia puede detectarse mediante la observación de codones de paro en la secuencia del COI. En este trabajo no se detectaron pseudogenes.

En el caso la muestra CPL 3117 correspondiente a *Porcellio laevis*, se considera que cualquiera de los tres primeros fenómenos pueden estar relacionados, lo que no permitió delimitar molecularmente a esta especie de *Porcellio dilatatus*.

De igual forma la falta de secuencias de referencia para varios grupos en los bancos de datos genéticos, expusieron una limitante para la identificación de organismos tanto para *Pogonognathellus flavescens* (CPL 3143), como para los otros casos similares en Collembola e Isopoda, para los cuales se obtuvieron valores de similitud bajos, con lo que no se establecería fehacientemente la pertenencia a esa especie, por lo cual se contempló a este resultado como una identificación preliminar.

A pesar de presentar estas problemáticas y limitantes este trabajo aportó información relevante no sólo para el área forense, sino que también para el área biológica al obtener secuencias de calidad para grupos que no han sido tan estudiados mediante este método como Diplura y Collembola en los que se obtuvieron entre 97.8 a un 100% de coincidencias con secuencias de referencia. En donde se considera también que la extracción y secuenciación en organismos tan pequeños no resulta un trabajo sencillo.

Es por todo lo anterior que, para esta investigación al comparar la información proveniente de las secuencias con los bancos genéticos de referencia, se consideró una similitud del 97% o más, para la asignación a una especie (Zhang y Bu, 2022). En ese estudio se refiere que usualmente es un valor de similitud habitual, si bien, también precisan que este no es un valor fijo para todas las especies, ni debería serlo ya que la evolución entre cada especie puede ser muy diferente, por lo que recomiendan que se generen umbrales óptimos que correspondan a taxones específicos, en lugar de uno fijo para todas las especies.

8.5 Implicaciones para la práctica forense

Como se ha visto hasta ahora es notorio el contraste de resultados a los que se pueden llegar después de analizar con más detalle la forma en la que un proceso de descomposición altera el comportamiento de algunos grupos de artrópodos de la fauna edáfica. En este trabajo, se demostró que la característica de alimentarse directamente del cadáver que algunos artrópodos presentan, no debería ser la única para catalogar a una especie como de importancia forense. Si no que dentro de las investigaciones que involucren a la entomología forense, los expertos deben ver más allá de lo que ya ha sido reportado, toda vez que otros artrópodos distintos a los necrófagos como los estudiados en esta tesis (Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura), también pueden proporcionar información importante respecto a lugares y momentos en los que se desarrolla un proceso de descomposición.

Por esta razón es que se considera que este trabajo sienta las bases para incentivar al desarrollo de las investigaciones, cuyos objetivos estén destinados a la documentación y análisis de la fauna edáfica presente durante un proceso de descomposición. Asimismo, otra de las aportaciones más importantes que proporciona este estudio para el área forense es que en este trabajo se obtuvo información de referencia que puede ser de gran utilidad para las investigaciones enfocadas a la búsqueda y ubicación de fosas clandestinas, considerando que la entomología forense con estas

referencias de patrones temporales en sus abundancias detectados en los grupos estudiados en esta tesis, puede llegar a aportar indicios relevantes sobre los niveles de perturbación del suelo mediante la realización de un proceso sistemático y metodológico relacionado con los cambios de abundancia de la fauna edáfica. Con lo que a su vez se destacaría la importancia de incorporar a la entomología forense dentro de las áreas que coadyuven en las investigaciones de la búsqueda de personas desaparecidas y no localizadas en México.

9. CONCLUSIONES

1. En este estudio se identificó en orden Amphipoda la especie de *Talitroides topitotum*. En el orden Isopoda, se identificaron siete especies siendo estas *Armadillidium vulgare*, *Porcellio dilatatus*, *Porcellio scaber*, *Porcellio laevis*, *Porcellionides pruinosus*, *Porcellionides sexfasciatus* y *Oniscus asellus*. En grupo Collembola se identificaron las familias Tomoceridae y Paronellidae, así como las especies de *Tomocerina lamellifera*, *Pogonognathellus flavescens*, *Sminthurinus elegans* y *Parisotoma notabilis*. Y finalmente, para Diplura se identificaron las familias Campodeidae, Anajapyx, Parallocampa y las especies *Campodea* sp, *Campodea fragilis*, *Anajapyx* sp y *Parallocampa chipinquensis*.
2. Estadísticamente, los únicos grupos que presentaron una asociación de sus abundancias con el proceso de descomposición fueron Amphipoda, Collembola y Diplura; así como las especies de isópodos de *Armadillidium vulgare*, *Porcellio dilatatus*, *Porcellio laevis* y *Porcellionides sexfasciatus*.
3. En esta investigación se detectaron tres patrones temporales en los grupos que presentaron una relación significativa de sus abundancias con el proceso de descomposición, el primero de tipo **incremental** (donde se catalogó la especie de *Porcellio laevis*); el segundo **decremental** (que incluye a Amphipoda y Collembola) y el tercero **mixto** (donde se incluyen las especies de isópodos *Armadillidium vulgare*, *Porcellio dilatatus* y *Porcellionides sexfasciatus*).
4. Los grupos Amphipoda y Collembola, así como las especies de *Armadillidium vulgare*, *Porcellio dilatatus*, *Porcellio scaber*, *Porcellionides pruinosus* y *Oniscus asellus*, fueron los grupos que se encontraron presentes durante todo el proceso de descomposición.
5. El orden Amphipoda, se caracterizó por presentar una relación negativa con el proceso de descomposición de manera que mientras más avanzaba el proceso, sus abundancias mostraron un patrón de disminución constante, presentando además un movimiento espacial de sus organismos del centro del lugar de muestreo hacia el lado noreste. Aunado a que fue el único grupo que presentó una relación observable con el factor de la pendiente, mostrando una preferencia de sus abundancias hacia las zonas de menor altitud, siendo estas ubicadas en el lado Noreste y Sureste del sitio.
6. Collembola, tuvo una relación con el proceso de descomposición de tipo negativa, toda vez que sus abundancias presentaron un patrón de disminución constante a medida que el proceso de descomposición avanzaba, asimismo presentó un movimiento espacial de

alejamiento de las cercanías del cadáver hacia la periferia Noreste y Sureste del lugar de muestreo.

7. Diplura, presentó un cambio de sus abundancias notorio durante la etapa de descomposición activa, donde el número de sus organismos se elevó en comparación con el resto de las etapas del proceso y presentó un patrón temporal de sus abundancias diferente al tener una disminución en las mismas. Aunado a que fue el único grupo de los estudiados en esta tesis, que en el último de sus muestreos ya no contó con ningún organismo en el lugar de muestreo.
8. *Armadillidium vulgare*, fue la especie de isópodos con el mayor número de organismos registrados en este estudio. Presentó una disminución muy notoria de sus abundancias entre la etapa de Hinchazón y la Descomposición activa. También mostró un desplazamiento evidente de sus organismos a inicios de la etapa de Descomposición avanzada hacia la periferia del lugar de muestreo.
9. *Porcellio dilatatus*, fue la única especie que sólo mostró una relación de sus abundancias con el proceso de descomposición, es decir no mostró una relación con el resto de los factores analizados en este estudio. Aunado a ello se caracterizó por presentar una disminución en la etapa de Descomposición activa y a partir de ella mostrar un incremento en el resto de sus etapas. En cuanto a su movimiento espacial se observó un alejamiento de sus organismos hacia la periferia del lugar de muestreo justo al inicio de la Descomposición activa.
10. *Porcellio laevis*, fue la especie que menor registro de organismos tuvo, aunado a que contó con presencia en el proceso a partir de la etapa de Descomposición activa, mostrando posteriormente un patrón incremental en el resto del proceso.
11. *Porcellionides sexfasciatus* en el proceso de descomposición primero presentó un patrón decreciente en las primeras dos etapas del proceso, para posteriormente tener el mayor cambio en sus abundancias durante la etapa de Descomposición avanzada, en la que registró el menor número de organismos, y finalmente volver a tener un aumento de su abundancia en la etapa de Reducción esquelética.
12. *Porcellio scaber*, *Porcellionides pruinosus* y *Oniscus asellus* estadísticamente no tuvieron una relación significativa con el proceso de descomposición.
13. En este trabajo se presenta el primer registro para las especies *Porcellio dilatatus* y *Porcellionides sexfasciatus* en la Cantera Oriente, UNAM.
14. Amphipoda, Collembola y Diplura, así como las especies de isópodos *Armadillidium vulgare*, *Porcellio dilatatus*, *Porcellio laevis* y *Porcellionides sexfasciatus*, son consideradas en este trabajo como artrópodos de la fauna edáfica potenciales indicadores en el proceso de descomposición.

15. Se expuso a través de este estudio que los artrópodos edáficos de los grupos Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura pueden aportar información relevante respecto a momentos y lugares donde se desarrolla un proceso de descomposición.
16. Se exponen las bases para que en la entomología forense se replante la forma en la que se determina que una especie sea de importancia forense.

10. REFERENCIAS

Amendt, J., Campobasso, C., Gaudry, E., Reiter, C., LeBlanc, H., y Hall, M. (2007). Best practice in forensic entomology-Standards and guidelines. *International Journal of Legal Medicine*, 121, 90–104.

Anderson, G. (1995). El uso de insectos en las investigaciones de muertes: un análisis de casos en Columbia Británica durante un período de cinco años. *Revista de la Sociedad Canadiense de Ciencias Forenses*, 28, 277–292.

Anderson, G. y VanLaerhoven, S. (1996). Initial studies on insect succession on carrion in southwestern British Columbia. *Journal of Forensic Sciences*, 41, 617–625.

Anderson, G. (2001). Insect succession on carrion and its relationship to determining time of death. En J. Byrd y J. Castner (Eds.), *Forensic Entomology: The Utility of Arthropods in Legal Investigations* (pp. 143–176). Boca Raton, FL: CRC Press.

Anderson, G. (2010). Factors that influence insect succession on carrion. En J. Byrd y J. Castner (Eds.), *Forensic Entomology: The Utility of Arthropods in Legal Investigations* (pp. 201–250). Boca Raton, FL: CRC Press.

Armbrecht, M., Gloe, J., Goemann, W. (2013). Determination of nucleic acid concentrations using fluorescent dyes in the Eppendorf BioSpectrometer fluorescence. *eppendorf*, 271 (1), 1-10.

Arnaldos, M., García, M., Romera, E., Presa, J., y Luna, A. (2005). Estimation of postmortem interval in real cases based on experimentally obtained entomological evidence. *Forensic science international*, 149(1), 57–65. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.04.087>

Ballard, J. y Whitlock, M. (2004). The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*, 13(4), 729–744.

Barton, P., Archer, M., Quaggiotto, M-M. y Wallman, J. (2010). Chapter 6: Invertebrate Succession in Natural Terrestrial Environments. En J. Byrd y J. Castner (Eds.), *Forensic Entomology: The Utility of Arthropods in Legal Investigations* (pp. 103-140). CRC Press Boca Raton, Florida.

- Barrera, M. (2014). Uso de la correlación de Spearman en un estudio de intervención en fisioterapia. *Movimiento científico*, 8(1), 98-104.
- Begon, M., Townsend, C. y Harper, J. (2009). *Ecology: Form individuals to ecosystems*. United Kingdom. Blackwell Publishing.
- Benbow, M., Lewis, A., Tomberlin, J. y Pechal, J. (2013). Seasonal necrophagous insect community assembly during vertebrate carrion decomposition. *Journal of Medical Entomology*, 50, 440–450.
- Benecke, M. (2004). Forensic Entomology: Arthropods and Corpses. En M. Tsokos (Ed.), *Forensic Path Rev Vol II*, Humana Press, Totowa (NJ, USA), p. 207-240
- Bethel, P., Carver M. (1987). Detection and enhancement of decayed inhumations at Sutton Hoo. En A. Boddington, A. N. Garland y R.C. Janaway (Eds.), *Death, decay and reconstruction: approaches to archaeology and forensic science*, (pp.10–21). Manchester University Press.
- Billheimer, D., Guttorp, P. y Fagan, W. F. (2001). Statistical Interpretation of Species Composition. *Journal of the American Statistical Association*, 96(456), 1205–1214.
- Blasi, S., Menta, C., Balducci, L., Conti, F., Petrini, E. y Piovesan, G. (2013). Soil microarthropod communities of Mediterranean forest ecosystems in central Italy under different disturbances. *Environmental Monitoring and Assessment*, 185, 1637–1655.
- Bousslama, M., Gtari, M. y Charfi-Cheikhrouha, F. (2009). Impact of Environmental Factors on Zonation, Abundance, and Other Biological Parameters of Two Tunisian Populations of *Talitrus saltator* (Amphipoda, Talitridae). *Crustaceana*, 82(2), 141–157.
- Bowman, C. (2021). Feeding design in free-living mesostigmatid chelicerae (Acari: Anactinotrichida). *Experimental & applied acarology*, 84(1), 1–119. <https://doi.org/10.1007/s10493-021-00612-8>
- Brusca, R. y Brusca, G. (2003). Invertebrates. *Systematic Biology*, 53, 664-666. <https://doi.org/10.1080/10635150490472968>.

- Brusca, R. y Brusca, G. (2005). Zoología de Invertebrados. (F. Pardos, J. Salido, I. Fernández, J. Bautista, trad.). (2da ed.). McGraw Hill. pp 936.
- Byrd, J. y Tomberlin, J. (2010). Chapter 2: Insect of Forensic importance. En J. Byrd y J. Castner (Eds.), *Forensic Entomology: The Utility of Arthropods in Legal Investigations* (pp. 39-126). CRC Press Boca Raton, Florida.
- Caballero, U. y León-Cortés, J. (2014). Beetle succession and diversity between clothed sun-exposed and shaded pig carrion in a tropical dry forest landscape in Southern Mexico, *Forensic Science International*. <http://dx.doi.org/10.1016/j.forsciint.2014.10.040>
- Callaghan, C., Santini, L., Spake, R. y Bowler, D. (2024). Population abundance estimates in conservation and biodiversity research. *Trends in Ecology & Evolution*, 39 (6), 515-523. ISSN 0169-5347. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2024.01.012>.
- Campos, N. (2003). Los isópodos marinos (Crustacea: Peracarida) del Caribe colombiano. *Biota Colombiana*, 4 (1), 79-87.
- Carter, D. (2005). Forensic taphonomy: processes associated with cadaver decomposition in soil. *Ph.D. thesis*, James Cook University.
- Carter, D., Yellowlees, D. y Tibbett, M. (2007). Cadaver decomposition in terrestrial ecosystems. *Naturwissenschaften*, 94, 12–24.
- Carstens, B., Pelletier, T., Reid, N. y Satler, J. (2013). How to fail at species delimitation. *Molecular ecology*, 22(17), 4369–4383. <https://doi.org/10.1111/mec.12413>
- Catts, E. y Goff M. (1992). Forensic entomology in criminal investigations. *Annual review of entomology*, 37, 253–272.
- Clark, M., Worrell, M. y Pless, J. (1997). Postmortem changes in soft tissue. En W. Haglund, M. Sorg (Eds.), *Forensic Taphonomy: The Postmortem Fate of Human Remains* (pp. 151). Boca Raton, FL. CRC Press.

Clements, F. (1916). Plant succession. An Analysis of the Development of Vegetation. Carnegie Inst. Washington Pub. 242. 512.

Cochard, P., Vilisics, F. y Sechet, E. (2010). Alien terrestrial crustaceans (Isopods and Amphipods) Chapter 7.1. *BioRisk*, 4, 81–96. <https://doi.org/10.3897/biorisk.4.54>

Cordeiro, C., Ordóñez-Mayán, L., Lendoiro, E., Febrero-Bande, M., Vieira, D. y Muñoz-Barús, J. (2019). A reliable method for estimating the postmortem interval from the biochemistry of the vitreous humor, temperature and body weight. *Forensic Science International*, 295, 157–168. doi: 10.1016/j.forsciint.2018.12.007.

Connell, J. y Slatyer, R. (1977). Mechanisms of succession in natural communities and their role in community stability and organization. *The american naturalist*, 111(982), 1119-1144.

Cooper, W. (1913). The climax forest of Isle Royale, Lake Superior, and its development. *Bot. Gaz*, 55, 1-44, 115-140, 189-235.

Cowles, H. (1899). The ecological relations of the vegetation on the sand dunes of Lake Michigan. *Bot. Gaz*, 27, pp.97-117; 167-902; 281-308; 361-391.

Diario Oficial de la Federación. (2020). Acuerdo SNBP/002/2020. Por el que se aprueba el Protocolo Homologado para la Búsqueda de Personas Desaparecidas y No Localizadas. DOF: 06/10/2020.

Díaz-Martín, B. y Saloña-Bordas, M. (2015). Arthropods of forensic interest associated to pig carcasses in Aiako Harria Natural Park (Basque Country, Northern Spain). *Ciencia forense: Revista aragonesa de medicina legal*, 12, 207-228.

De Jesús, V., Pedraza-Lara, C., Zaldívar-Riverón, A. (2018). Métodos de delimitación de especie y su importancia en la entomología forense. En Z. García-Castillo, F. Lopez-Escobedo y L. Goslinga (Coords.), *Temas de vanguardia en ciencia forense*, (pp.169-187). Tirant Lo Blanch.

De la Fuente, F. (1994). Zoología de Artrópodos. *Revista de la Sociedad Entomológica Argentina*, 56 (1-4) McGraw Hill. España. pp.805.

DeSutter, T. y Ham, J. (2005). Lagoon-biogas emissions and carbon balance estimates of a swine production facility. *Journal Environmental Quality*, 34:198–206.

Espinoza, M. (1999). Taxonomía y afinidades biogeográficas de los isópodos (Crustacea: Peracarida: Isopoda) del pacífico mexicano. [Tesis de Maestría]. Posgrado en Ciencias del Mar. Universidad Nacional Autónoma de México, Mazatlán, Sinaloa.

Fierro, F. (2014). Electroforesis de ADN. En A. Cornejo, A. Serrato, B. Rendón y M. Rocha (Eds.), *Herramientas moleculares aplicada en ecología: Aspectos teóricos y prácticos* (pp. 27-51; PP. 27-28). Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, México.

Flores, L. (2009). Sucesión de entomofauna cadavérica utilizando como biomodelo cerdo blanco, *Sus scrofa* L, [Tesis de Doctorado]. Postgrado de Fitosanidad Entomología y Acarología. Colegio de Postgraduados, Texcoco, Edo. de México.

Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R y Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294-299.

Forbes, S., Dent, B. y Stuart, B. (2005). The effect of soil type on adipocere formation. *Forensic Science International*, 154, 35–43.

Friend, J. A. y Richardson, A. M. M. (1986). Biology of terrestrial Amphipods. *Annual Review of Entomology*, 31, 25-48.

García, L. (2015). Orden Isopoda: Suborden Oniscidea. *clbero Diversidad Entomológica @ccesible*, N° 78, pp. 1-12. ISSN 2386-7183.

Geller, J., Meyer, C., Parker, M. y Hawk, H. (2013). Redesign of PCR primers for mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I for marine invertebrates and application in all-taxa biotic surveys. *Molecular Ecology Resources*, 13, 851-861. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12138>

- Gessner, M., Swan, C., Dang, C., McKie, B., Bardgett, R., Wall, D. y Hättenschwieler, S. (2010). Diversity meets decomposition. *Trends in Ecology & Evolution*, 25:372–380
- Gill-King, H. (1997). Chemical and ultrastructural aspects of decomposition. En W. Haglund, M. Sorg (Eds.), *Forensic Taphonomy: The Postmortem Fate of Human Remains*, pp. 93. Boca Raton, FL: CRC Press.
- Goff, M. (1993). Estimation of the postmortem interval using arthropod development and succession patterns. *Forensic Science Review*, 5:81–94.
- González, C., Vallarino, A. y Low, A. (2014). *Bioindicadores: Guardianes de nuestro futuro ambiental*. Primera Edición. El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR). México.
- González, J. (2022). Taxonomía y distribución geográfica de los isópodos (Crustacea: Peracarida: Isopoda) del sur del golfo de México. [Tesis de Maestría]. Posgrado en Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México.
- Grassberger, M. y Frank, C. (2004). Initial Study of Arthropod Succession on Pig Carrion in a Central European Urban Habitat. *Journal of Medical Entomology*. 41(3): 511D523
- Gullan, P. y Cranston, P. (2005). Insect systematics: Phylogeny and classification. En J. Wiley y Sons (Eds.), *The insects: an outline of entomology*. (3ra Edición. pp 177-200). Blackwell Publishing.
- Gupta, N. (2019). DNA Extraction and Polymerase Chain Reaction. *Journal of cytology*, 36(2), 116–117. https://doi.org/10.4103/JOC.JOC_110_18
- Hatch, M. (1947). The Chelifera and Isopoda of Washington and adjacent regions. *University of Washington Publications in Biology*, 10, 155–274.
- Hernández, E. (2020). Riqueza de dípteros de la familia Fanniidae de importancia forense, en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel. [Tesis de Licenciatura]. Universidad Nacional Autónoma de México. Disponible en:

https://tesiunam.dgb.unam.mx/F/2SLXQSHUF9L61C3TNFHYSMU3SERQA7TFN3C2YB4PV6H4MI3NRCL-01482?func=full-set-set&set_number=057596&set_entry=000001&format=040

Hopkin, S.P. (1997). *Biology of the springtails (Insecta: Collembola)*. Oxford University Press, Oxford.

Hopkin, S.P. (2002). *The biology of the Collembola (Springtails): The abundant insects in the world*. En: [https://www.semanticscholar.org/paper/The-Biology-of-the-Collembola-\(Springtails\)-%3A-The/a2413a26ab74c93dd8db7f1da9d9249891f45f9d](https://www.semanticscholar.org/paper/The-Biology-of-the-Collembola-(Springtails)-%3A-The/a2413a26ab74c93dd8db7f1da9d9249891f45f9d), última consulta: junio de 2024.

Hopkins, D., Wiltshire, P. y Turner, B. (2000). Microbial characteristics of soils from graves: an investigation at the interface of soil microbiology and forensic science. *Applied Soil Ecology*. 14:283–288

Huntley, B. (2023). *Conceptos generales de ecología*. En: *Ecología de Angola*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-031-18923-4_9

Ibáñez-Bernal, S. (2024). *Sistemática y ecología de artrópodos con interés en medicina humana y animal*. INECOL. <https://www.inecol.mx/inecol/index.php/es/ct-menu-item-25/ct-menu-item-27/17-ciencia-hoy/182-sistemática-y-ecología-de-artropodos-con-interes-en-medicina-humana-y-animal>

Iloba, B. y Odo, P. (2020). Forensic Entomology: Arthropods collected on decomposing pig carrions in Warri, Delta State, *Nigerian annals of pure and applied sciences*, 3. 8-19. 10.46912/napas.197.

Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos “Dr. Manuel Martínez Báez” (InDRE). (2023). *Lineamientos para la vigilancia entomológica por laboratorio*, México: Secretaría de Salud.

Kientega, H., Ilboudo, E., Waongo, A., Ilboudo, Z., Zeba, M., y Sanon, A. (2024). Seasonal diversity and dynamics of entomofauna associated with the decomposition of pig (*Sus scrofa domesticus* L.) carcasses in a Peri-urban area of Central Burkina Faso, West Africa. *Forensic science, medicine, and pathology*, 20(1), 89–99. <https://doi.org/10.1007/s12024-023-00619-0>

Krapp, S., Häussermann, V. y Vader, W. (2015). A new Stenothoespecies (Crustacea: Amphipoda: Stenothoidae) living on *Boloceropsis platei* (Anthozoa: Actiniaria) from Chilean Patagonia. *Helgoland Marine Research*, 69 (2): 213-220.

Krishnamurthy, P. y Francis, R. (2012). A critical review on the utility of DNA barcoding in biodiversity conservation. *Biodiversity and Conservation*, 21, 1901-1919. DOI 10.1007/s10531-012-0306-2

Labrador Chávez, G. (2005). Coleópteros necrófilos de México: distribución y diversidad. [Tesis de Licenciatura], Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Zapopan, Jalisco.

Lindeman, D. (1991). Natural history of the terrestrial amphipod *Cerorchestia hyloraina* Lindeman (Crustacea: Amphipoda: Talitridae) in a Costa Rican cloud forest. *Journal of Natural History*, 25, 623- 638.

Lot, A. (Coord.). (2007). *Guía Ilustrada de la Cantera Oriente: caracterización ambiental e inventario biológico*. Coordinación de la Investigación Científica, Secretaría Ejecutiva de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel de la Ciudad Universitaria, UNAM. México. pp. 7-12.

Llorente-Bousquets, J., y Ocegueda, S. (2008). Estado del conocimiento de la biota. En *Capital natural de México, Conocimiento actual de la biodiversidad* (1). Conabio, México, pp. 283-322

Margam, V., Gachomo, E., Shukle, J., Ariyo, O., Seufferheld, M. y Kotchoni, S. (2010). A simplified arthropod genomic-DNA extraction protocol for polymerase chain reaction (PCR)-based specimen identification through barcoding. *Molecular Biology Reports*, 37, 3631–3635. <https://doi.org/10.1007/s11033-010-0014-5>

Matuszewski, S., Bajerlein, D., Konwerski, S. y Szpila, K. (2010a). Insect succession and carrion decomposition in selected forests of Central Europe. Part 1: Pattern and rate of decomposition. *Forensic Science International*, 194, 85–93.

Matuszewski, S., Bajerlein, D., Konwerski, S. y Szpila, K. (2010b). Insect succession and carrion decomposition in selected forests of Central Europe. Part 3: Succession of carrion fauna. *Forensic Science International*, 207 (1-3), 150–163.

Matuszewski, S., Hall, M., Moreau, G., Schoenly, K., Tarone, A. y Villet, M. (2019). Pigs vs people: the use of pigs as analogues for humans in forensic entomology and taphonomy research. *International Journal of Legal Medicine*, 134, 793-810.

Mazé, R. (2015). Clase Malacostraca. Orden Amphipoda. *Ibero Diversidad Entomológica @ccesible*, 82, 1-10. ISSN 2386-7183.

Misof, B., Liu, S., Meusemann, K., Peters, R. S., Donath, A., Mayer, C., *et al.* (2014). Phylogenomics resolves the timing and pattern of insect evolution. *Science*, 346(6210), 763-767.

Molina, H. (2009). Conformación del laboratorio de Entomología Forense en la Procuraduría General de Justicia del Distrito Federal (PGJDF). [Tesis de Licenciatura]. Universidad Nacional Autónoma de México.
<http://repositorio.fcencias.unam.mx:8080/xmlui/handle/11154/139719?show=full>

Morales, C. (2020). Descripción de la población de anfípodos en composta para jardín, Comitán de Domínguez, Chiapas. [Tesis de Licenciatura]. Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas.

Naranjo-López, A. y Navarrete-Heredia, J. (2011). Coleópteros necrócolos (Histeridae, Silphidae y Scarabaeidae) en dos localidades de Gómez Farías, Jalisco, México. *Revista Colombiana de Entomología*, 37 (1), 103-110.

Nelson, E. (2000). Estimation of short-term postmortem interval utilizing core body temperature: a new algorithm. *Forensic Science International*, 109 (1), 31–38.

National Human Genome (NIH). (2024). Polymerase chain reaction (PCR). Research Institute. <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Polymerase-Chain-Reaction>

National Human Genome (NIH). (2024). DNA sequencing. Research Institute. <https://www.genome.gov/genetics-glossary/DNA-Sequencing>

Okoye, K. y Hosseini, S. (2024). Mann–Whitney U Test and Kruskal–Wallis H Test Statistics in R. En R. Programming. Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-97-3385-9_11.

Olea, P., Mateo-Tomás, P. y Sánchez-Zapata, J (Eds.) (2019). Carrion Ecology and Management. Vol 2, Springer, 281.

Olguín, M. (2018). Cantera Oriente de la UNAM, es un pulmón para la ciudad. *Global revista*. <https://unamglobal.unam.mx/cantera-oriente-de-la-unam-es-un-pulmon-para-la-ciudad/>

Onyshi, G., Osuala, F., Aguzie, I., Okwuonu, E., y Orakwelu, C. (2020). Arthropod succession on exposed and shaded mammalian carcasses in Nsukka, Nigeria. *Animal Research International*. 17 (3), 3869-3877.

Ortíz, M., Figueroa, M., Salazar, E., Parada, C y Castillo, T. (2007). Unidades ambientales. En: Lot, A. (coord.) *Guía Ilustrada de la Cantera Oriente: caracterización ambiental e inventario biológico*. Coordinación de la Investigación Científica, Secretaría Ejecutiva de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel de la Ciudad Universitaria, UNAM. México, pp. 15-42.

Palacios-Vargas, J.G., Castaño Meneses, G. y Mejía Recamier, B.E. (2000). Collembola. En J. Llorente, E. González y N. Papavero (Eds.), *Biodiversidad, Taxonomía y Biogeografía de Artrópodos de México: Hacia una síntesis de su conocimiento*. Vol. II. UNAM, México, Ciudad de México., pp. 249-273.

Palacios-Vargas, J. G. y Mejía Recamier, B. E. (2007). TÉCNICAS DE COLECTA, PRESERVACIÓN Y MONTAJE DE MICROARTRÓPODOS. Las prensas de Ciencias, Fac. Ciencias, UNAM, pp 74.

Palacios-Vargas, J.G., Cutz-Pool, L. y Estrada, D. (2004). Actualización de la colección de Collembola de México. pp. 764-768. XXXIX Congreso Nacional de Entomología. Resúmenes. Mazatlán, Sinaloa.

Palacios-Vargas, J. G., Mejía Recamier, B. E. y De Oyarzabal, A. (2014). Guía ilustrada para los artrópodos edáficos. Prensas de Ciencias, Fac. Ciencias, UNAM, pp 87.

Palacios-Vargas, J.G. (2016). Los “insectos” colas de resorte (colémbolos). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) y Secretaría del Medio Ambiente del Distrito Federal (SEDEMA). La biodiversidad en la Ciudad de México. CONABIO/SEDEMA. México. Tomo II. Pp. 249-258.

Pedraza-Lara, C. (2016). El estudio de la fauna en el ámbito forense: revisión y enfoques de frontera. En C. García, y C. Álvarez, (Eds.). *Ciencia Forense en el contexto del nuevo sistema de justicia penal*, 1ra ed. Tribunal Superior de Justicia de la Ciudad de México. Ciudad de México. pp.69-91.

Pedraza-Lara, C. (2017). Entomología Forense. En E. L. Pérez-Campos, Z. Garcia, M.E. Bravo-Gomez, E. Pérez-Campos (Coords.), *Tópicos selectos de Ciencias Forenses y Seguridad* (pp. 257-264). CONACYT.

Pedraza-Lara, C. y Vergara-Pineda, S. (2017). El estado del arte de la entomología forense en México. En Z. García-Castillo, M. Bravo-Gómez (Coords.). *El estado del arte de las ciencias forenses en México*. Tirant Lo Blanch. 258.

Pineda, J. (2024). Sucesión ecológica. [imagen]. *Encolombia*. <https://encolombia.com/medio-ambiente/interes-a/sucesion-ecologica/>

Pedraza-Lara, C., Zaldívar-Riverón, A., Navarrete-Heredia, J. L., Quiroz, G. A., Vergara, S., Flores, L. R., Quiterio, E. C y Pérez, F.M. (2018). La entomología forense como disciplina integral: perspectivas y desafíos en México. En Z. García, F. Lopez-Escobedo y Goslinga, L. (Coords.), *Temas de vanguardia en ciencia forense* (pp.169-187). Tirant lo blanch.

Pérez-Schultheiss, J. (2010). Familias de Isópodos Terrestres (Crustacea: Isopoda: Oniscidea) de Chile: sinopsis y clave de identificación. *Boletín de Biodiversidad de Chile*. 63.

Quiroz, A. (2015). *Medicina Forense*. Tercera Edición. México: Porrúa.

REPSA, UNAM. (2019). La REPSA, ecosistema único en el mundo castigado por la UNAM. Fundación UNAM. <https://www.fundacionunam.org.mx/unam-al-dia/la-repsa-ecosistema-unico-en-el-mundo-custodiado-por-la-unam/>

Ribera, I., Melic, A. y Torralba, A. (2015). Introducción y guía visual de los artrópodos. *Ibero Diversidad Entomológica @ccesible*, N° 2, pp. 1-30. ISSN 2386-7183

Richter, A., Keller, R. A., Rosumek, F. B., Economo, E. P., Hita Garcia, F. y Beutel, R. G. (2019). The cephalic anatomy of workers of the ant species *Wasmannia affinis* (Formicidae, Hymenoptera, Insecta) and its evolutionary implications. *Arthropod Structure & Development*, 49, 26–49. doi:10.1016/j.asd.2019.02.002

Ricklefs, R. (2008). Community Structure. En *The Economy of Nature* (6th Ed), W. H. Freeman and Company. St. Louis.

Rivers, D. y Dahlem, G. (2014). Introduction to entomology. En D. Rivers y G. Dahlem (Eds.). *The Science of Forensic Entomology* (pp.47-67). John Wiley & Sons.

Rodríguez, S. (2014). Revisión taxonómica de los Oníscidos (Crustacea: Isopoda) de México. [Tesis de Licenciatura]. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México.

Rodríguez, W. y Bass, W. (1985). Decomposition of buried bodies and methods that may aid in their location. *Journal of Forensic Science*, 30, 836–852.

Roswell, M., Dushoff, J. y Winfree, R. (2021). A conceptual guide to measuring species diversity. *Oikos*, 130: 321-338. <https://doi.org/10.1111/oik.07202>

Rysavy, N. y Goff, M. (2015). Preliminary observations of arthropods associated with buried carrion on Oahu. *Journal of forensic sciences*, 60(2), 462–467. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.12643>

Saloña, M., Moraza, M., Carles-Tolrá, M., Iraola, V., Bahillo, P., Yélamos, T. y Alcaraz, R. (2010). Searching the Soil: Forensic Importance of Edaphic Fauna After the Removal of a Corpse. *Journal of Forensic Sciences*, 55(6), 1652–1655. doi:10.1111/j.1556-4029.2010.01506.x

Shahid, A., Schoenly, K., Haskell, N., Hall, R. y Zhang, W. (2003). Carcass Enrichment Does Not Alter Decay Rates or Arthropod Community Structure: A Test of the Arthropod Saturation

Hypothesis at the Anthropology Research Facility in Knoxville, Tennessee. *Journal of Medical Entomology*, 40, 4, 559–569, <https://doi.org/10.1603/0022-2585-40.4.559>

Santos, D., Ribeiro, G., Cabral, A., y Sperança, M. (2018). A non-destructive enzymatic method to extract DNA from arthropod specimens: Implications for morphological and molecular studies. *PloS one*, 13(2). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192200>

Schmidt, C. (2008). Phylogeny of the terrestrial Isopoda (Oniscidea): a review. *Arthropod Systematics & Phylogeny*, 66, 191–226.

Schowalter, T. (2006). Community ecology. pp. 219-220. En T. Schowalter, *Insect ecology: an ecosystem approach* (2nd ed., pp. 219-220), Academic Press. USA.

Segura, N., Bonilla, M., Usaquén, W. y Bello, F. (2011). Entomofauna resource distribution associated with pig cadavers in Bogotá DC. *Medical and veterinary entomology*, 25(1), 46–52. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2010.00933.x>

Sendra, A. (2015). Clase Entognatha. Orden Diplura. *Ibero Diversidad Entomológica @ccesible*, N° 35, pp. 1-11. ISSN 2386-7183.

Sendra, A., Jiménez-Valverde, A., Selfa, J. y Reboleira, A.S.P.S. (2021), Diversity, ecology, distribution and biogeography of Diplura. *Insect Conserv Divers*, 14, 415-425. <https://doi.org/10.1111/icad.12480>

Simoës, N., Mascaró, M., Ordóñez, U. y Ardisson, P. (2010). Crustáceos. En R. Durán y M. Méndez, *Biodiversidad y Desarrollo Humano en Yucatán*, 223-225. CICY.

Socarrás, A. (2013). Mesofauna edáfica: indicador biológico de la calidad del suelo. *Pastos y Forrajes*, 36(1), 5-13.

Song, H., Buhay, J., Whiting, M. y Crandall, K. (2008). Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105, pp. 13486-13491.

- Shi, Y., Liu, X., Wang, H. y Zhang, R. (2009). Seasonality of insect succession on exposed rabbit carrion in Guangzhou, China. *Insect Science*, 16, 425-439. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7917.2009.01277.x>
- Shultz, J. (2018). A guide to the identification of the terrestrial Isopoda of Maryland, U.S.A. (Crustacea). *ZooKeys*, (801), 207–228. <https://doi.org/10.3897/zookeys.801.24146>
- Swift, M., Heal, O. y Anderson, J. (1979). *Decomposition in Terrestrial Ecosystems*. Blackwell Scientific Publications, Oxford.
- Tabor, K., Brewster, C. y Fell, R. (2004). Analysis of the successional patterns of insects on carrion in southwest Virginia. *Journal of Medical Entomology*. 41, 785-795.
- Tantawi, T., eL-Kady, E., Greenberg, B., y el-Ghaffar, H. (1996). Arthropod succession on exposed rabbit carrion in Alexandria, Egypt. *Journal of Medical Entomology*, 33(4), 566–580. <https://doi.org/10.1093/jmedent/33.4.566>
- Téllez, I. (2018). Código de barras genético de especies de dípteros necrófilos de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel, Ciudad de México. [Tesis de Licenciatura]. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Tembe, D. y Mukaratirwa, S. (2021). Insect Succession and Decomposition Pattern on Pig Carrion During Warm and Cold Seasons in Kwazulu-Natal Province of South Africa. *Journal of Medical Entomology*, 58(6), 2047–2057. <https://doi.org/10.1093/jme/tjab099>
- Tortora, G., Grabowski, S. (2000). *Principles of anatomy and physiology*. (9th edn.). Wiley, Inc., New York.
- Towne, E.G. (2000). Prairie vegetation and soil nutrient responses to ungulate carcasses. *Oecologia*, 122, 232–239
- Triplehorn, Ch. y Johnson, N. (2005). *Borror and DeLong's Introduction to the Study of Insects*. (7th Ed). BROOKS/COLE.

Troutman, L., Moffatt, C. y Simmons, T. (2014). A preliminary examination of differential decomposition patterns in mass graves. *Journal of Forensic Sciences*, 59, 621–626.

Tullis, K. y Goff, M. (1987). Arthropod Succession in Exposed Carrion in a Tropical Rainforest on O'ahu Island, Hawai'i. *Journal of Medical Entomology*, 24(3), 332–339. doi:10.1093/jmedent/24.3.332

UNESCO. (2005). Universidad Nacional Autónoma de México: Campus Central de la Ciudad Universitaria.

Universidad Nacional Autónoma de México. (2022). *Programas Institucionales de Iniciación a la Investigación*. <https://www.cch.unam.mx/aprendizaje/programajovenes/pembu>

Uribe-Hernández, R., Juárez-Méndez, C., Montes de Oca, M., Palacios-Vargas, J.G, Cutz-Pool, L. y Mejía-Recarmier, B.E. (2010). Colémbolos (Hexápoda) como bioindicadores de la calidad de suelos contaminados con hidrocarburos en el sureste de México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 81 (1), 153-162.

Valdés-Pérezgasga, M., Sánchez-Ramos, F., García-Martínez, O. y Anderson, G. (2010). Arthropods of Forensic Importance on Pig Carrion in the Coahuilan Semidesert, Mexico. *Journal of Forensic Sciences*, 55(4), pp. 1098–1101. doi:10.1111/j.1556-4029.2010.01381.x

Vargas, E. (1999). *Medicina Legal*. Segunda Edición. México: Trillas.

Vass, A., Bass, W., Wolt, J., Foss, J. y Ammons, J. (1992). Time since death determinations of human cadavers using soil solution. *Journal of Forensic Sciences*, 37, 1236–1253.

Vergara-Pineda, S., Múzquiz, H., García-Martínez, O., Cantú-Sifuentes, M., Landeros-Flores, J. y Tomberlin, J. (2012). Dispersión espacial de larvas de *Lucilia sericata* y *Calliphora coloradensis* (Diptera: Calliphoridae) en etapa de postalimentación. *Revista Colombiana de Entomología*, 38(1), 97-99. Retrieved April 10, 2024, from http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-04882012000100017&lng=en&tlng=es.

Villavicencio, A. y Guardado, M. (2017). Perfiles de ADN. En E. L. Pérez-Campos, Z. Garcia, M.E. Bravo-Gómez y E. Pérez-Campos, *Tópicos selectos de Ciencias Forenses y Seguridad* (pp. 221-230). CONACYT.

Voss, S., Forbes, S. y Dadour, I. (2010). Chapter 12: The soil environment and forensic entomology. En J. Byrd y J. Castner. (Eds.), *Forensic Entomology: The utility of arthropods in legal investigations* (pp. 103-140). CRC Press Boca Raton, Florida.

Walker, S., Novaro, A. y Nichols, J. (2000). Consideraciones para la estimación de abundancia de poblaciones de mamíferos. *Mastozoología Neotropical*, 7, 73-80.

White-Canale, A. (2021). Medical Illustrator Scientific Artist, & Adventurous Creative. Disponible en: <https://illuminatingcurios.com/forensics>

Wilson, D., Rusell, F., Nichols, J., Rudran, R. y Foster, M. (Eds.). (1996). *Measuring and Monitoring Biological Diversity, Standar Methods for Mammals*. Smithsonian Institution Press. Washington and London.

Zhang, H y Bu, W. (2022). Exploring Large-Scale Patterns of Genetic Variation in the COI Gene among Insecta: Implications for DNA Barcoding and Threshold-Based Species Delimitation Studies. *Insects*, 13, 425. <https://doi.org/10.3390/insects13050425>

11. ANEXOS

ANEXOS DE LA INTRODUCCIÓN

1. Tabla de los fenómenos cadavéricos tempranos, basado en la clasificación de Vargas Alvarado, 1999.

<i>Fenómeno</i>	<i>Descripción</i>
<p>Enfriamiento</p> <p><i>Algor mortis</i></p>	<ul style="list-style-type: none"> - El cuerpo comienza a enfriarse desde el momento en que se extingue la vida. - Comienza por la cara y las extremidades superiores e inferiores. - La pérdida de temperatura se da a razón de 1°C/h durante las primeras 12 hrs y a 0.5°C/h en las segundas 12 hrs.
Deshidratación	<ul style="list-style-type: none"> - Pérdida de agua por evaporación. - Se manifiesta en los ojos. - Se caracteriza por dos fenómenos visibles: Stenon-Louis y Sommer (Aparecen a los 45 min en ojos abiertos, y a las 24 hrs con párpados cerrados)
<p>Livideces</p> <p><i>livor moros</i></p>	<ul style="list-style-type: none"> - Son manchas púrpuras en la piel del cadáver en las zonas de declive, son de margen horizontal y densidad uniforme. - Aparecen aproximadamente a las 3 hrs de la muerte. Durante las primeras 12 hrs pueden modificarse, y a las 12 hrs posteriores pueden aparecer nuevas pero las anteriores ya no desaparecen. A las 24 hrs posteriores están fijas. - En los órganos internos constituyen la hipostasia visceral.
<p>Rigidez</p> <p><i>rigor mortis</i></p>	<ul style="list-style-type: none"> - Endurecimiento y retracción de los músculos del cadáver. - Se manifiesta primero en la cara y por último en las extremidades inferiores. - Provoca cutis anserina. - Comienza a las 3 hrs de la muerte. Se completa a las 12-15 hrs, y desaparece entre 20 y 24 hrs.
Espasmo cadavérico	<ul style="list-style-type: none"> - Es un tipo especial de rigidez, que se refiere a la perduración de la postura que tenía el cadáver al momento de la muerte. - Se trata de un fenómeno poco común, el cual se presenta usualmente en casos de muerte por traumatismos o enfermedades del Sistema Nervioso Central (SNC).

2. Tabla de los fenómenos cadavéricos tardíos, basada en la clasificación de Vargas Alvarado, 1999.

<i>Fenómeno</i>	<i>Descripción</i>
Autolisis	<ul style="list-style-type: none"> - Es la disolución de los tejidos. Es un proceso fermentativo. - Los primeros blancos son el área suprarrenal y el páncreas.
Putrefacción	<ul style="list-style-type: none"> - Es la descomposición de la materia orgánica del cadáver, por acción de las bacterias. - Comienza a partir de las 20 a 24 hrs de la muerte. - Visualmente existe una coloración verdosa. - Tiene 4 periodos, que tiene diferentes periodos de duración: Cromático (horas): Es característica por mostrar cambios en la coloración del cuerpo. Se manifiesta en un primer momento una mancha verdosa localizada en la fosa ilíaca derecha, y la coloración del resto del cuerpo, que de verde oscila a negruzco. Enfisematoso (días): Está caracterizada por la acumulación de gases en ciertas regiones corporales, por ejemplo, abdomen, órganos genitales, etc., producto de la actividad microbiana. Durante esta etapa pueden observarse ampollas, generadas por el desprendimiento de la epidermis. Colicuativo (semanas): Consiste en la licuefacción de los tejidos blandos, primeramente, observandos en las partes bajas y luego en las superiores. Proporciona a la piel un aspecto acaramelado.

	y Reducción esquelética (años): Este periodo avanza hasta la pulverización, que suele finalizar en un intervalo que oscila entre 5 y 50 años.
Antropofagia cadavérica	- Destrucción del cadáver debido a la acción de animales.

ANEXOS DE LA METODOLOGÍA

1. Protocolo para la identificación molecular

Limpieza de especímenes

En esta etapa se seleccionó la cantidad de tejido que sería utilizado para la extracción, esta cantidad fue variable dependiendo del organismo, ya que en aquellos de mayor tamaño eran utilizadas únicamente patas, mientras que en los organismos de menor tamaño se decidió utilizar el espécimen completo.

Se utilizaron los siguientes materiales, los cuales ya se encontraban presentes en el laboratorio: pinzas de disección, un mechero, encendedor, cajas petri, hojas de bisturí, etanol al 96%, agua destilada, tubos eppendorf estériles de 1.5 mL y papel absorbente (sanitas).

Extracción de DNA

La extracción de DNA es un método para purificar el DNA mediante métodos físicos y/o químicos a partir de una muestra, donde se realiza la separación del contenido genético de las membranas celulares, proteínas y otros componentes celulares. Pueden ser utilizados diversos tejidos, entre ellos sangre, fluidos corporales, secciones de tejidos congelados etc. (Gupta, 2019), en el caso de artrópodos se suele utilizar el total del ejemplar o en su caso una proporción de la región torácica (Margam et al., 2010), así como pequeñas muestras de tejido de patas o alas (Santos et al., 2018).

Para la digestión de tejido fueron utilizados los siguientes materiales, los cuales se encontraban disponibles dentro del laboratorio. **Sustancias:** muestras de tejido, *Proteinasa K*. **Material- equipos:** micropipetas de 2-20 uL y de 100-1000 uL, puntas estériles para micropipetas (200 uL y 1 mL), Vortex, Thermo Shaker marca ALLSHENG MS-100 y tubos eppendorf estériles de 1.5 mL.

Mientras que para la extracción del contenido genético los materiales utilizados fueron los mencionados en la Tabla 1, los cuales se encontraban disponibles en el laboratorio de biología molecular de entomología forense.

Tabla 1. Materiales para la extracción de DNA.

Materiales utilizados		
<i>Material</i>	<i>Sustancias</i>	<i>Equipos</i>
Gradilla para muestras	Muestras de tejido	Micropipetas de 100-1000 uL y de 20-200 uL
Mín columnas y tubos de colecta (2 mL) de centrifugado marca Dneasy	Etanol al 96%	Vortex
Tubos eppendorf estériles de 1.5 mL	Kit de extracción Qiagen	Thermo Shaker marca ALLSHENG MS-100
Puntas estériles para micropipetas (200 uL y 1 mL)		Centrífuga marca DLAB D-3024

Primero se seleccionaron seis especímenes del orden Isopoda, donde se extrajo un organismo de los primeros seis morfotipos categorizados del muestreo aleatorio previamente realizado, los cuales se identifican con el número después del guión de cada trampa (ejemplo: A44- (trampa) 2 (morfotipo)). Posteriormente, fueron enviados nuevos organismos de los primeros seis morfotipos separados; dos más del morfotipo 7 y 8, así como uno del morfotipo 9. También, se enviaron las primeras muestras de los grupos Amphipoda, Collembola y Diplura. Aunado a que se enviaron por primera vez dos organismos del morfotipo 12.

En una siguiente extracción, se consideró que, derivado de los resultados de secuenciación de las muestras anteriores, ya se conocía la identificación de los especímenes a nivel molecular, por lo que algunos morfotipos se consideraron de la misma especie, además de que por primera vez se enviaron dos de los morfotipos 10 y 13.

Un punto a resaltar es que debido a que algunas de las muestras de especies de isópodos identificadas morfológicamente no lograron ser amplificadas durante la PCR, además de los organismos de las trampas pitfall, el 13 de diciembre de 2023 fue realizado un nuevo muestreo en el sitio donde se llevó a cabo el experimento durante el 2017, donde se buscaron nuevos isópodos que pudieran estar en mejores condiciones que los del primer muestreo y así poder robustecer la identificación de estas especies.

Como última extracción fueron seleccionados especímenes de distinta morfología de los grupos Collembola y Diplura, que ya se encontraban previamente contabilizados e identificados morfológicamente (por un integrante del Laboratorio de Entomología Forense con tiempo de anterioridad), estos pertenecientes a las muestras de suelo realizadas durante la fase de campo del

experimento. En el caso del grupo Collembola fueron reconocidos tres distintos morfotipos, de los cuales a su vez se seleccionaron tres organismos de cada uno para que se les realizará la extracción de DNA. Por su parte, en el grupo de los dipluros los organismos se encontraban en condiciones deterioradas por lo que no fue posible distinguir distintos morfotipos, es por ello que únicamente fueron seleccionados los cuatro organismos de mayor tamaño. Lo anterior fue realizado con el objetivo de tener un referente de las posibles especies de estos grupos que se encontraron en los muestreos manuales recolectados en el sitio durante la fase de campo del experimento.

Todos lo anterior se encuentra concentrado en la Tabla 2.

Tabla 2. Extracciones de DNA realizadas.

<i>Grupo</i>	<i>Trampa/Posible especie</i>	<i>Código</i>	<i>Cantidad de tejido tomado</i>	
Isopoda	A44-2	CPL3011	5 patas	
	A38-4	CPL3012		
	CXI-6	CPL3013		
	H21-1	CPL3014		
	A38-3	CPL3015		
	B36-5	CPL3016	5 patas y tejido del abdomen	
	G23-1	CPL3017	Total del espécimen	
	EXXIV-2	CPL3018	5 patas	
	F3-3	CPL3019		
	FXV-4	CPL3020		
	H17-5	CPL3021		
	EXVII-6	CPL3022		
	D39-7	CPL3023		
	FXV-7	CPL3024		
	D11-8	CPL3025	5 patas y tejido del abdomen	
	EXVII-8	CPL3026	5 patas	
	G36-9	CPL3027		
	Diplura	F35	CPL3028	Todo el espécimen
		BIII	CPL3029	
	A38	CPL3030		

Collembola	DIV	CPL3031	Todo el espécimen
Amphipoda	BXXIII	CPL3032	Todo el espécimen
	D4	CPL3033	
Isopoda	C17-7	CPL3057	5 patas y tejido del abdomen
	G36-7	CPL3058	Todas las patas
	B9-5	CPL3071	
	B9-12	CPL3090	
	HXIV-12	CPL3091	5 patas y tejido del abdomen
	F32-5	CPL3092	
	C17-7	CPL3057*	
	G36-7	CPL3058*	Todo el espécimen
	EVIII	CPL3101	Todas las patas
	B20	CPL3102	
	E21-10	CPL3103	
	CXXXI-10	CPL3104	
	EVI-12	CPL3105	
	EX-12	CPL3106	
	CXXXII-13	CPL3107	
	EVIII-13	CPL3108	
	Collembola	A7	
CIII		CPL3110	
EXIII		CPL3111	
FXVI		CPL3112	
Diplura	BII	CPL3113	Todo el espécimen
	B47	CPL3114	
	DXI	CPL3115	
	CXXII	CPL3116	
	<i>Porcellio laevis</i>	CPL3117	
	<i>Porcellio scaber</i>	CPL3118	
	<i>Porcellio scaber</i>	CPL3119	
	<i>Porcellio scaber</i>	CPL3120	

Isopoda Muestras colectadas en la Cantera Oriente en 2023.	Oniscidae	CPL3121	Todas las patas
	Oniscidae	CPL3122	
	Oniscidae	CPL3123	
	<i>Porcellionides pruinosus</i>	CPL3124	
	<i>Porcellionides pruinosus</i>	CPL3125	
	<i>Porcellionides pruinosus</i>	CPL3126	
	<i>M1 Armadillidium vulgare</i>	CPL3127	
	<i>M1 Armadillidium vulgare</i>	CPL3128	
	<i>M1 Armadillidium vulgare</i>	CPL3129	
	<i>Armadillidium vulgare</i>	CPL3130	
	<i>Armadillidium vulgare</i>	CPL3131	
	<i>Armadillidium vulgare</i>	CPL3132	
	<i>Porcellio dilatatus</i>	CPL3133	
	<i>Porcellio dilatatus</i>	CPL3134	
	<i>Porcellio dilatatus</i>	CPL3135	
Collembola Muestreos manuales realizados durante la fase de campo del experimento 2017.	<i>Collembola Symphypleona</i>	CPL3137	Todo el espécimen
	<i>Collembola Symphypleona</i>	CPL3138	
	<i>Collembola Symphypleona</i>	CPL3139	
	<i>Collembola Poduromorpha</i>	CPL3140	
	<i>Collembola Poduromorpha</i>	CPL3141	
	<i>Collembola Poduromorpha</i>	CPL3142	
	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	CPL3143	
	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	CPL3144	
	<i>Collembola Entomobryomorpha</i>	CPL3145	
Diplura Muestreos manuales realizados durante la fase de campo del experimento 2017.	-	CPL3146	Todo el espécimen
	-	CPL3147	
	-	CPL3148	
	-	CPL3149	

(-): No había una especie esperada en específico, solo se conocía que el organismo correspondía a un dipluro.

(CPL): Corresponden a aquellas extracciones en las que se utilizaron los cebadores universales jgHCO2198: TAIACYTCIGGRTGICRAARAAYCA y jgLCO1490: T ITC IAC IAAAYCAYAARGAYATTGG (Geller et al., 2013), durante la etapa de PCR.

Reacción de la Cadena de la Polimerasa (PCR)

Para realizar la PCR fueron utilizados los materiales listados en la Tabla 3.

Tabla 3. Materiales para la PCR.

Materiales utilizados		
<i>Material</i>	<i>Sustancias</i>	<i>Equipos</i>
Gradilla para muestras	Muestras de DNA + Controles positivo y negativo	Micropipetas de 0.5-10 uL, 100-1000 uL y de 20-200 uL
Tiras de tubos estériles para PCR 0.2 mL	Agua inyectable	Vortex
Tubos eppendorf estériles de 1.5 mL	Primers (LCO, HCO, FLCO, RHCO, DNTP'S, ORCO 1F, COI camb AR, COI camb BF, COI camb BR, Fwd, Rev)	Termociclador marca DLAB TC 1000-G
Puntas estériles para micropipetas (10 uL, 200 uL y 1 mL)	Buffer (del kit Qiagen), BSA, My Taq, Qiagen Master Mix, Mg, Multiplex Mix,	

Asimismo, se presentan las condiciones programadas en el Termociclador para cada tipo de cebador (Tabla 4 y 5).

Tabla 4. Programa térmico de la PCR con la Taq polimerasa My Taq, para el gen COI.

Tiempo total: ~ 2:30 hrs					
Etapa 01	Etapa 02	Etapa 03	Etapa 04	Etapa 05	Etapa 06
Tiempo: 04:00 T°: 95.0	Tiempo: 00:35 T°: 95.0	Tiempo: 00:40 T°: 50.0	Tiempo: 00:40 T°: 72.0	Tiempo: 05:00 T°: 72.0	Tiempo: ∞ T°: 11.0
	(30 ciclos)	(30 ciclos)	(30 ciclos)		

Tabla 5. Programa térmico de la PCR con la Taq polimerasa Qiagen-Mastermix, para el gen COI.

Tiempo total: ~ 4:30 hrs				
Etapa 01	Etapa 02	Etapa 03	Etapa 04	Etapa 05
Tiempo: 15:00 T°: 95.0	Tiempo: 00:30 T°: 94.0	Tiempo: 01:15 T°: 57.0	Tiempo: 0:80 T°: 72.0	Tiempo: 10:00 T°: 72.0
	(30 ciclos)	(30 ciclos)	(30 ciclos)	

Electroforesis en gel de agarosa

La electroforesis en gel de agarosa es una técnica utilizada para separar fragmentos de DNA de distintos tamaños que van desde 100 pb (pares de bases) a 25 kb (kilobases), se basa en someter los ácidos nucleicos a un campo eléctrico, donde la carga neta negativa del DNA hará que éstos se muevan en dirección al ánodo y mediante una combinación de fuerzas eléctricas y de fricción permitirá el desplazamiento y separación en función del tamaño de diferentes moléculas de ADN, aunado a que permite visualizarlos mediante una sencilla tinción, y de esta forma determinar el contenido de ácidos nucleicos de una muestra, teniendo una estimación de su concentración y grado de integridad (Fierro, 2014).

Para esta etapa se utilizaron los materiales mencionados en la Tabla 6.

Tabla 6. Materiales para realizar la electroforesis en gel de agarosa.

Materiales utilizados		
<i>Material</i>	<i>Sustancias y reactivos</i>	<i>Equipos</i>
Charola exagonal de plástico	Muestras de PCR + controles + y -	Balanza electrónica marca HINOTEK YP1201N
Espátula de metal	Agarosa grado molecular	Microondas
Matraz de 500 mL/ Probeta	Buffer de TBE	Cámara de electroforesis con fuente de poder
Cinta de parafilm	Marcador de peso molecular (Ladder)	Peines de 16 y 20 pocillos
Puntas para micropipetas	Buffer de azul de bromofenol + red gel (Biotium)	Micropipeta de 0.5 - 10 uL
Cajas de almacenamiento para tubos de PCR		Fotodocumentador marca ENDURO GDS

Para llevar a cabo la inyección de las muestras en el gel de agarosa se llevó a cabo el siguiente procedimiento:

1. En un cuadrado de la cinta de parafilm se colocó 1 uL de la solución de Buffer de azul de bromofenol + red gel (Biotium) en dilución 1:1000 por cada una de las muestras, considerando los controles positivo y negativo, así como dos lugares más para el marcador de peso molecular (ladder).
2. Asimismo, se agregó 2 uL de DNA de la PCR, y en su caso 2 uL del reactivo del marcador molecular.

3. Se cargaron las muestras en el gel de agarosa, considerando otorgar el primer y último pocillo a las muestras de ladder, tal como se muestra en la Figura 1.
4. Se colocó la tapa a la cámara y se conectaron los electrodos, positivo (color rojo) y negativo (color negro) a la fuente de poder programada a 120 V (voltios) durante 45 minutos.
5. Una vez transcurrido el tiempo, se desconectó la cámara de electroforesis y se llevó el gel al transiluminador de luz UV, de forma que la observación de una banda en el tamaño deseado (aprox. 600 pb) indicaba la obtención de amplificación positiva.

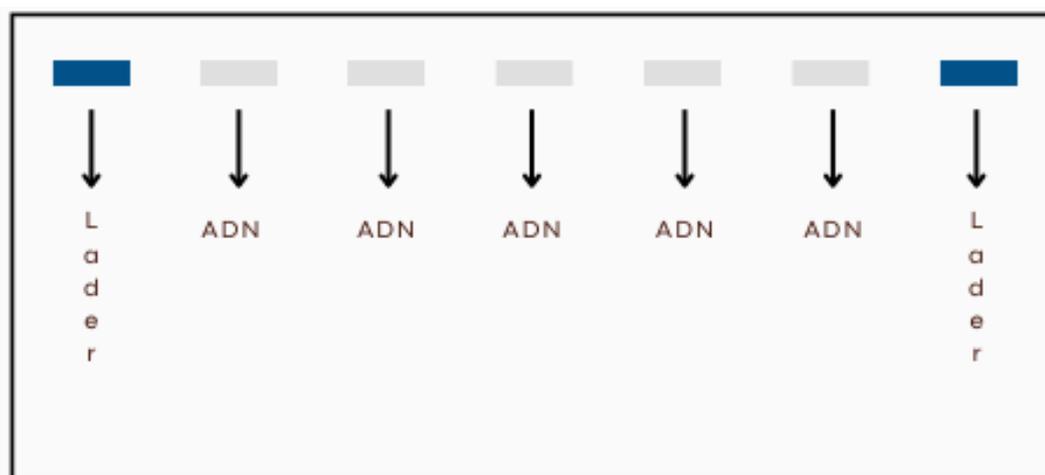


Figura 1. Ejemplo del orden de carga de las muestras en el gel de agarosa.

Cuantificación del DNA

En esta etapa se utilizaron los materiales presentados en la Tabla 7.

Tabla 7. Materiales para la medición de DNA.

<i>Muestras/Sustancias/Reactivos</i>	<i>Materiales/Equipos</i>
Muestras de DNA	Tubos de pared delgada sin esterilizar de 0.5 mL
Blanco y Estándar	Tubo de centrifuga de 50 mL estéril
Buffer	Micropipetas de 100-1000 uL y de 0.5 - 10 uL
Colorante reactivo (dye)	Vortex
	Fluorómetro de la marca Promega Quantus.

Y se siguió el siguiente procedimiento:

1. Fue preparado un mix que contenía Buffer y el colorante en las siguientes cantidades:

Tabla 8. Preparación del mix para la cuantificación de las muestras de DNA.

Preparación del mix	
Buffer 199.5 uL/mL x # de muestras =	Cantidad para el mix
Dye 0.5 uL x # de muestras =	

Vol total: 200 uL	

2. Con una micropipeta de 100-1000 uL se le agregó a cada tubo de pared delgada (de 0.2 mL) 200 uL del mix; de igual forma utilizando una micropipeta de 0.5 - 10 uL se añadió a cada tubo 2 uL de DNA.
3. Posteriormente, cada uno se colocó en el vortex durante 7 segundos para homogeneizar las muestras.
4. Cada muestra fue llevada al Laboratorio de Genética Forense de la ENaCiF, para ser cuantificada haciendo uso del equipo *Quantus*, el cual primero fue calibrado colocando la muestra “Blanco” y posteriormente la muestra “Estándar”. Después se realizó la lectura y el registro de cada una de las muestras.

Secuenciación

Este proceso de limpieza consistió en lo siguiente:

1. Se realizaron cálculos para formar el mix que se le colocaría a cada muestra:

Tabla 9. Preparación del mix para la limpieza de muestras de PCR.

Preparación del mix	
H2O 4.43 uL x # de muestras =	Cantidad para el mix
EXO 0.12 x # de muestras =	
SAP 0.45 x # de muestras =	

Vol total: 5 uL	

2. Utilizando tubos esterilizados en placa para secuenciar y una micropipeta de 0.5-20 uL/mL, se inyectó a cada tubo 5 uL del mix + el total de la muestra de la PCR. En este punto se siguió un orden de inyección para las muestras, el cual fue llevado a cabo por columnas, tal como lo especifica el formato de placa para secuenciación.
3. Posteriormente, se le colocaron las tapas a los tubos que contenían las muestras para estas ser ingresadas en el termociclador, el cual se programó previamente (Tabla 10).

Tabla 11. Materiales para el levantamiento topográfico del sitio del experimento.

MATERIALES	
Brújula	Flexómetro
Varillas	Nivel de hilo
Cordel	Estadal de GPS marca Garmin
Banderines	Banco de nivel
Agua	Manguera de plástico
Datos de las distancias entre cada una de las trampas pitfall.	Esquema de la localización de las trampas pitfall.

Asimismo, se siguió el procedimiento:

1. Con ayuda de una brújula, en el lugar se identificó la orientación hacia el Norte.
2. Considerando los datos de la localización geográfica del biomodelo, fue colocada en esa misma posición la base de la reja utilizada para albergar al biomodelo.
3. Posteriormente, utilizando el flexómetro, el cordel, el nivel de hilo y las varillas, se trazó una cruz de dos líneas bases (trazadas en color azul en la Figura 4), las cuales serían orientativas para que a partir de ellas se pudiera conocer la posición de cada una de las trampas pitfall. Para ello, se consideró como punto de intersección la ubicación de la trampa pitfall número 17, la cual con orientación al Norte, se encontraba posicionada en la esquina superior izquierda de la reja, donde se encontraba el biomodelo. La primera línea fue trazada con dos varillas de Norte a Sur, teniendo una longitud total de 4.19 m. Mientras que la segunda se colocó en orientación de Oeste a Este y tuvo una longitud total de 3.53 m.
4. Una vez colocadas las líneas bases, se localizaron dos árboles que fungieron como puntos fijos de referencia para identificar la altitud sobre el nivel del mar y con ello se colocaron mangueras con agua que funcionaron como niveles al momento de tomar las profundidades de cada una de las trampas.
5. Partiendo de la trampa centro (trampa número 17) y con ayuda de los datos de distancias entre cada trampa pitfall se comenzó por localizar la posición de cada una, dicha localización fue realizada por cuadrantes ya delimitados por el cruce de las líneas base (Figura 4).
6. Al mismo tiempo que se localizaba el lugar de una trampa, fueron registrados sus datos GPS, así como la altitud sobre el nivel del mar correspondiente.

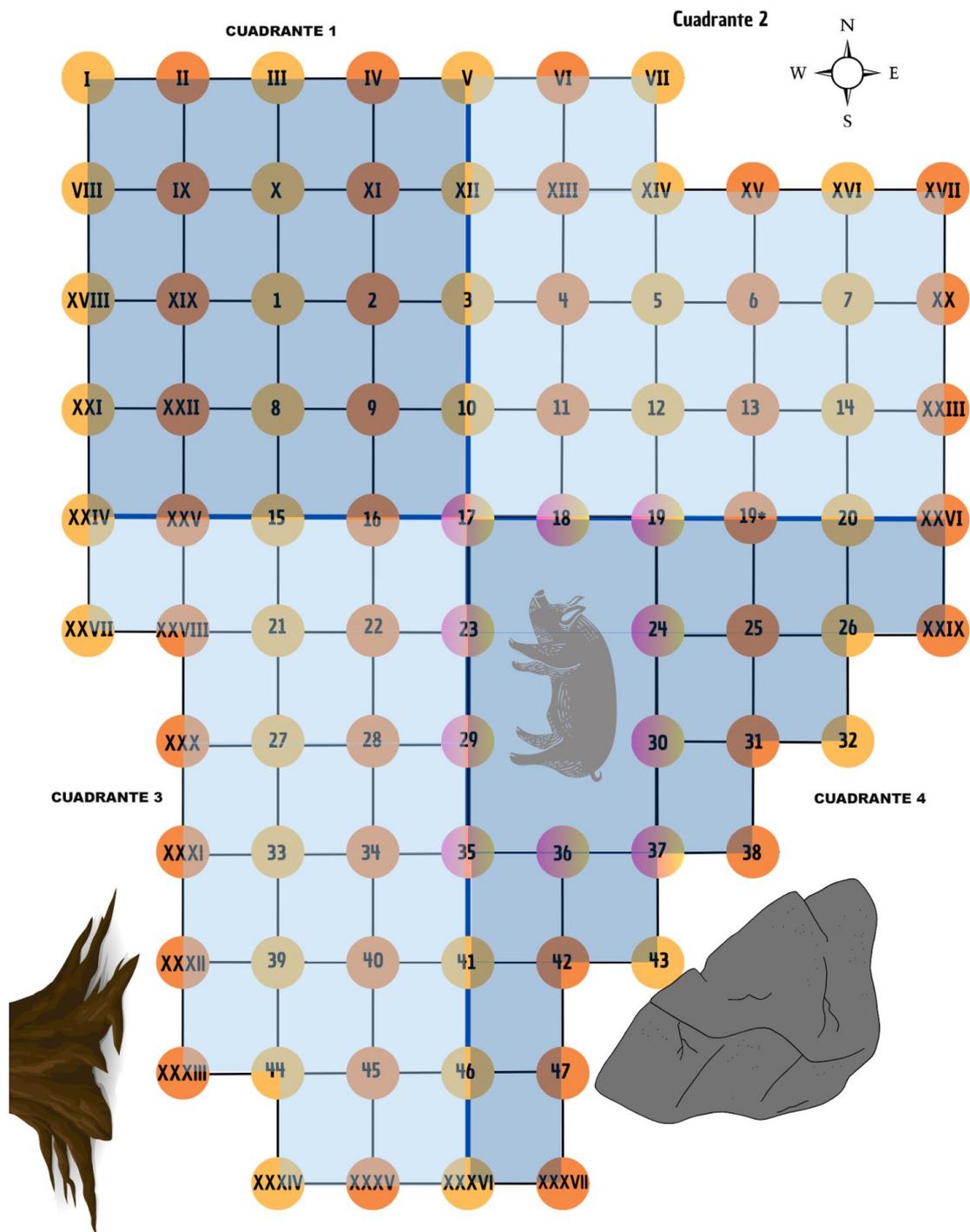


Figura 4. Localización con color azul de las líneas bases trazadas durante el proceso de réplica de la cuadrícula de trampas pitfall; así como de los cuadrantes delimitados para realizar la recreación.

ANEXOS DE LOS RESULTADOS

1. Puntos de la clave de identificación para la especie *Armadillidium vulgare*

Familia (Rodríguez, 2014):

- Urópodos no sobrepasan margen posterior del pleotelson. Con capacidad conglobacional total.....3
- Exopodito de los urópodos ancho y aplanado, articulado en la porción final del margen interno del protópodo, alcanzando el borde posterior del cuerpo.....

Armadillidiidae.

Especie (Shultz, 2018):

- Cabeza con proyección frontal media que se extiende dorsalmente, con margen dorsal superpuesto al borde anterior del dorso cefálico. Pleotelson sub trapezoidal, con margen posterior casi recto (Figura 1).....*Armadillidium vulgare* (Latreille, 1804).

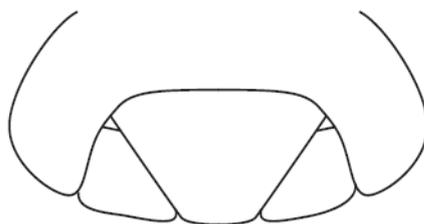


Figura 1. *Armadillidium vulgare*. Pleotelson sub trapezoidal, con margen posterior casi recto. Obtenido de Shultz (2018).

2. Puntos de la clave de identificación para la especie *Porcellio dilatatus*

Familia (Rodríguez, 2014):

- Urópodos visibles dorsalmente. Segundo al séptimo pereionito con las placas pleurales no articuladas, formando una placa continua. Con o sin capacidad conglobacional.....2
- Urópodos sobrepasan margen posterior del pleotelson. Con capacidad conglobacional parcial o sin capacidad conglobacional.....4
- Sin capacidad conglobacional. Flagelo antenal con dos a seis divisiones.....5
- Flagelo antenal con dos segmentos.....6
- Sexos diferenciados. Placa frontal del cefalotórax con dos o más lóbulos.....7
- Organismos de talla normal a grande (4 a más de 8 mm en su forma adulta), pigmentados. Setas dorsales escasas o nulas. Dos a tres lóbulos en el margen anterior del cefalotórax.....8

- Exopoditos de los tres primeros pleópodos, con pseudotráqueas. Organismos de talla grande (6 - 8 mm). Dos lóbulos en el margen anterior del cefalotórax..... **Porcellionidae.**

Género (Rodríguez, 2014):

- Talla grande (adultos mayores a 6 mm). Margen anterior del cefalotórax con un lóbulo medio y laterales prominentes. Telson triangular, terminado en forma redondeada.....**Porcellio.**

Especie (Pérez-Schultheiss, 2010):

- Pleotelson con el ápice redondeado (Figura 2).....**Porcellio dilatatus.**



Figura 2. *Porcellio dilatatus*. Pleotelson con ápice redondeado. Obtenido de Pérez-Schultheiss (2010).

3.Puntos de la clave de identificación para la especie *Porcellio scaber*

Especie (Rodríguez, 2014):

- Superficie dorsal del pereion, cubierta con numerosos tubérculos pequeños y poco elevados. Telson triangular, terminado en forma aguda (Figura 3, A).....**Porcellio scaber** (Latreille, 1804).

(Pérez-Schultheiss, 2010)

- Superficie dorsal del cuerpo granulada, margen posterior del primer pereionito cóncavo a los lados. Ángulo posterolateral de las coxas, 2-3 agudos.....**Porcellio scaber** (Latreille, 1804).

4.Puntos de la clave de identificación para la especie *Porcellio laevis*

Especie (Rodríguez, 2014):

- Superficie dorsal del pereion, sin tubérculos, aparentemente lisa. Telson triangular, terminado en forma redondeada.....**Porcellio laevis** (Latreille, 1804).

(Pérez-Schultheiss, 2010)

- Superficie dorsal del cuerpo lisa, margen posterior del primer pereionito suavemente cóncavo a los lados. Ángulos posterolaterales de las coxas 2-3 no agudo (Figura 3, B).....**Porcellio laevis** (Latreille, 1804).

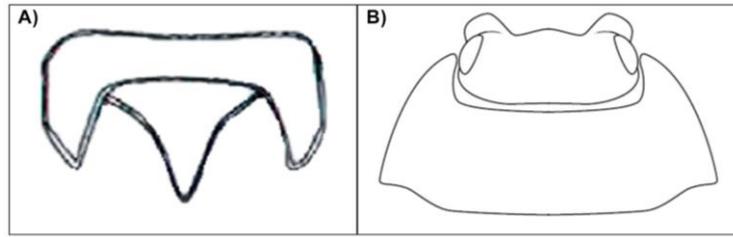


Figura 3. A) *Porcellio scaber*. Ejemplo de pleotelson triangular/ápice agudo (modificado de Pérez-Schultheiss, 2010); B) *Porcellio laevis*. pereionito suavemente cóncavo a los lados (modificado de Shultz, 2018).

5. Puntos de la clave de identificación para la especie *Porcellionides pruinosus*

Se resalta que fueron utilizados los mismos puntos antes mencionados en *Porcellio dilatatus* para determinar la familia, por lo que aquí se hace referencia únicamente a los puntos para determinar las especies.

Especie (Shultz, 2018):

- Pleón abruptamente más estrecho que el pereón (Figura 4). Lóbulos anterolaterales muy pequeños. Cutícula a menudo de aspecto grisáceo o polvoriento, pero esto puede estar ausente. Antenómeros IV y V generalmente con banda terminal blanca. Margen frontal sin proyección media evidente.....*Porcellionides pruinosus* (Brandt, 1833).

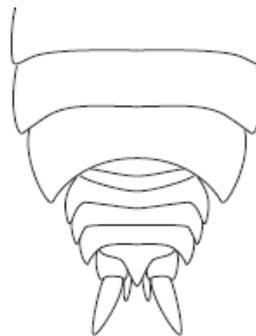


Figura 4. *Porcellionides pruinosus*. Pleón abruptamente más estrecho que el pereón. Obtenido de Shultz (2018).

6. Puntos de la clave de identificación para la especie *Porcellionides sexfasciatus*

Especie (Pérez-Schultheiss, 2010):

- Primer artículo del flagelo de la antena más largo que el segundo. Exópodo del pleópodo 1 del macho periforme. Tegumento pruinoso.....*Porcellionides pruinosus* (Brandt, 1833).
- Artículos del flagelo de la antena 1 de tamaño semejante entre sí. Exópodo del pleópodo 1 del macho subtriangular. Tegumento no pruinoso.....*Porcellionides sexfasciatus* (Kock, 1847).

7. Puntos de la clave de identificación para la especie *Oniscus asellus*

Familia:

- Urópodos visibles dorsalmente. Segundo al séptimo pereionito con las placas pleurales no articuladas, formando una placa continua. Con o sin capacidad conglobacional.....2
- Urópodos sobrepasan margen posterior del pleotelson. Con capacidad conglobacional parcial o sin capacidad conglobacional.....4
- Sin capacidad conglobacional. Flagelo antenal con dos a seis divisiones.....5
- Flagelo antenal con tres o más segmentos.....9
- Ancho máximo del cuerpo corresponde a poco más de la mitad de su longitud. Placas pleurales bien desarrolladas, pleon estrechándose regularmente, no diferenciado del pereión. Telson con la sección posterior estrecha y prolongada.....**Oniscidae**

Género:

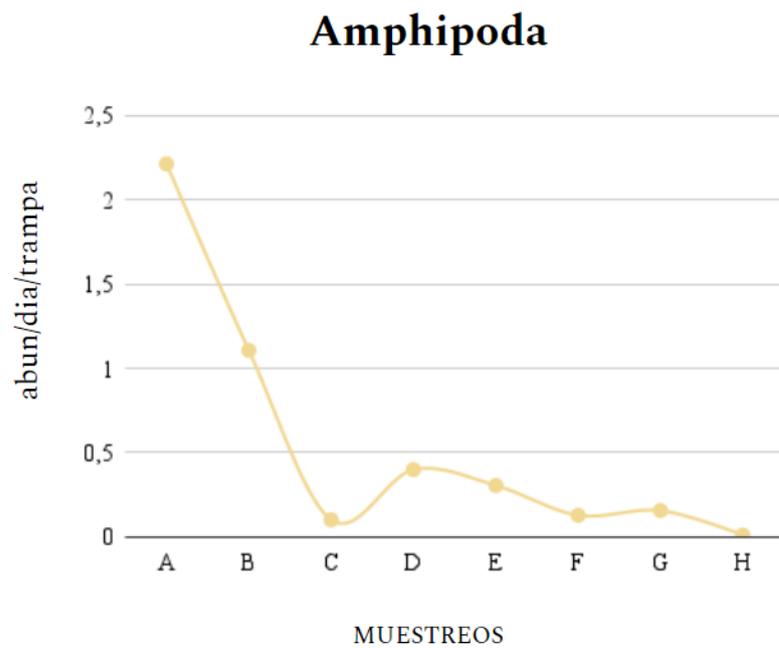
En este caso, se refiere una diagnosis.

- Cuerpo moderadamente ancho y deprimido. Margen anterior del cefalotórax presenta lóbulos laterales bien desarrollados; al centro del margen es redondeado y ligeramente proyectado hacia adelante. Antenas con tres segmentos en el flagelo. Pleonitos tres, cuatro y cinco con placas pleurales bien desarrolladas, agudas y proyectadas hacia atrás.....***Oniscus*** (Linnaeus, 1758).

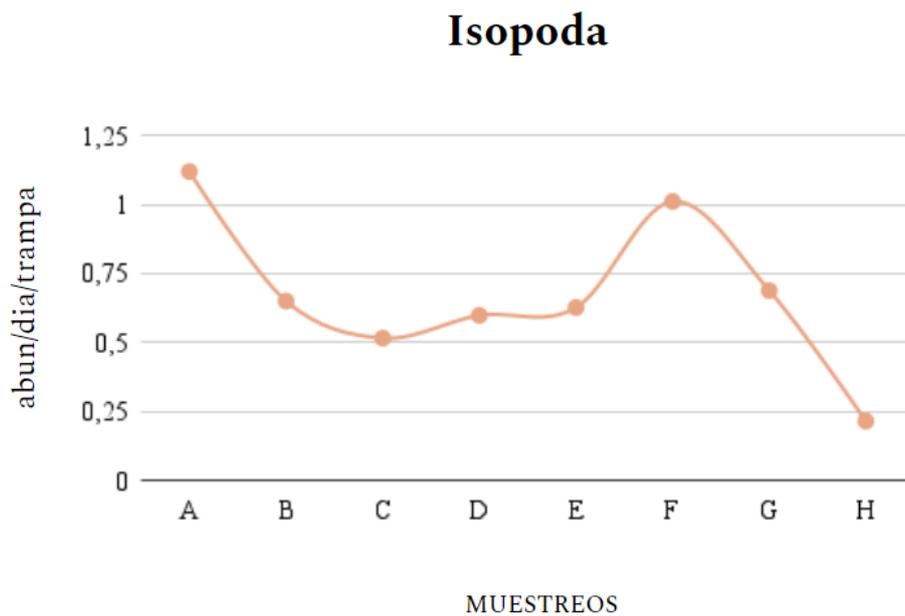
Especie:

- Ojos con 16 omatidas. Segmento distal del flagelo antenal, ligeramente más largo que el basal, segmento medio corresponde a la mitad del basal. Línea supra-antenal con dos lóbulos laterales angostos y margen central ligeramente proyectado hacia adelante, sin alcanzar el contorno anterior de los lóbulos. Telson con los $\frac{2}{3}$ posteriores formando un triángulo alargado, cuyos márgenes laterales convergen abruptamente en la porción final para formar un punta aguda.....***Oniscus asellus*** (Linnaeus, 1758).

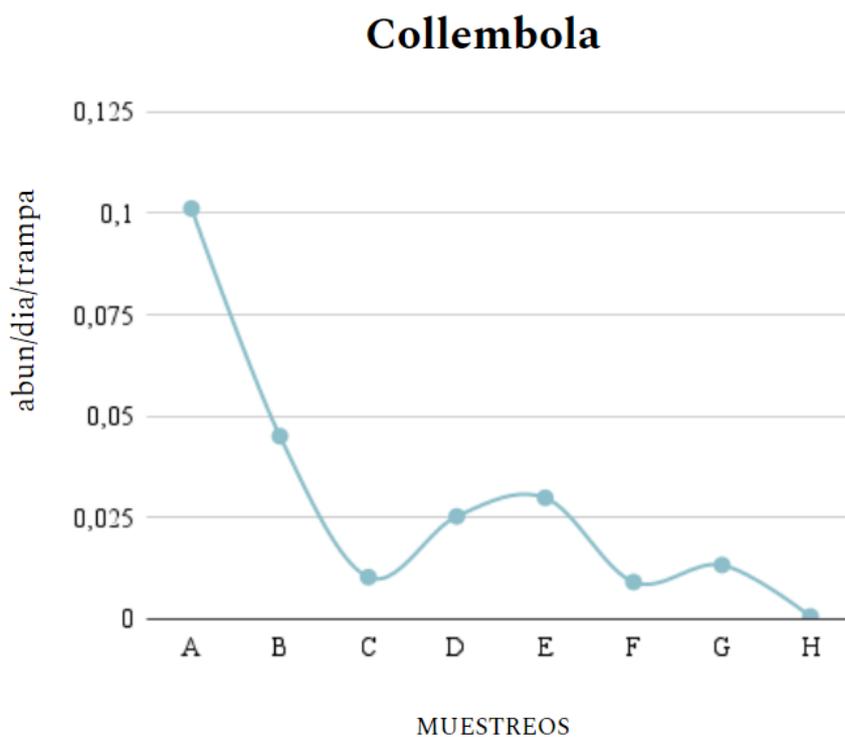
8. Gráfico de dispersión de Amphipoda a lo largo de los muestreos realizados



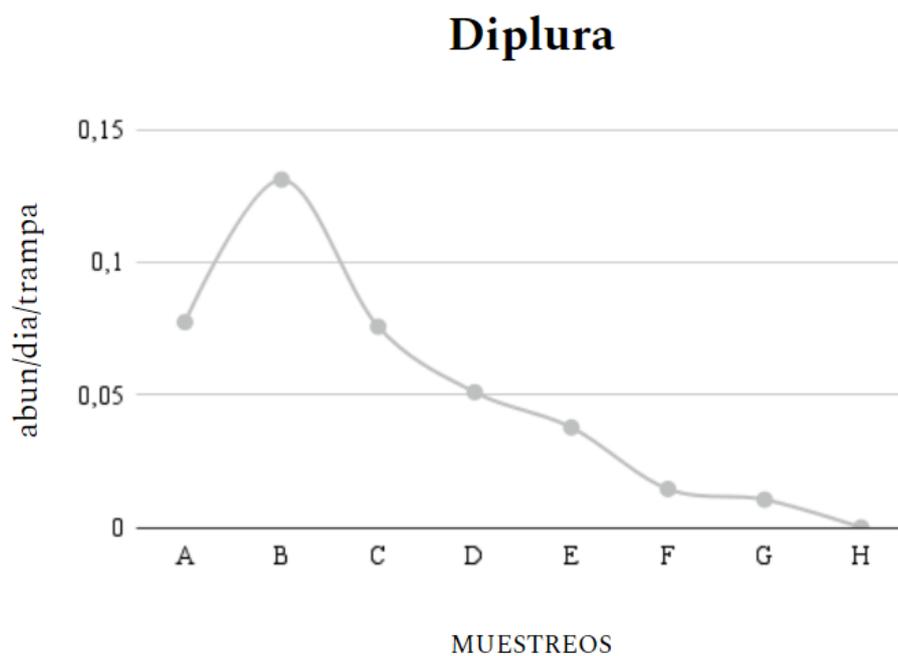
9. Gráfico de dispersión de Isopoda a lo largo de los muestreos realizados



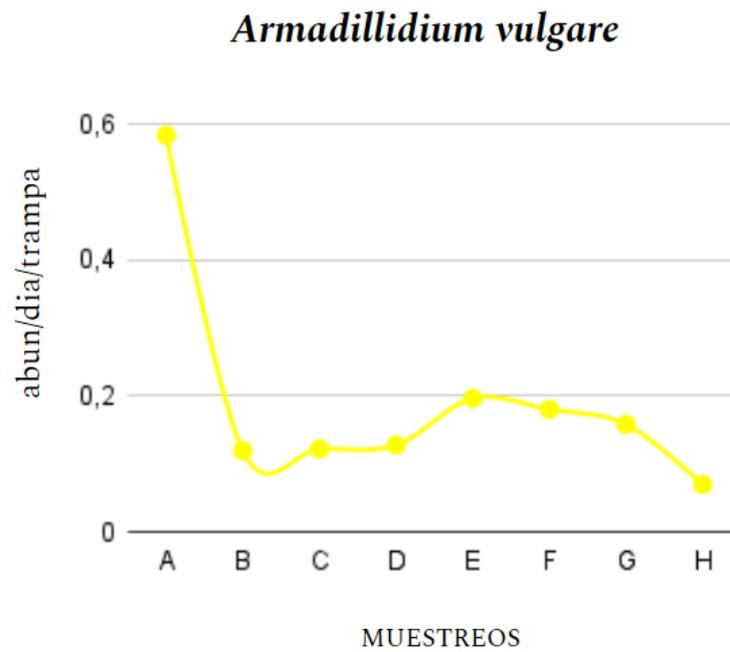
10. Gráfico de dispersión del Collembola a lo largo de los muestreos realizados



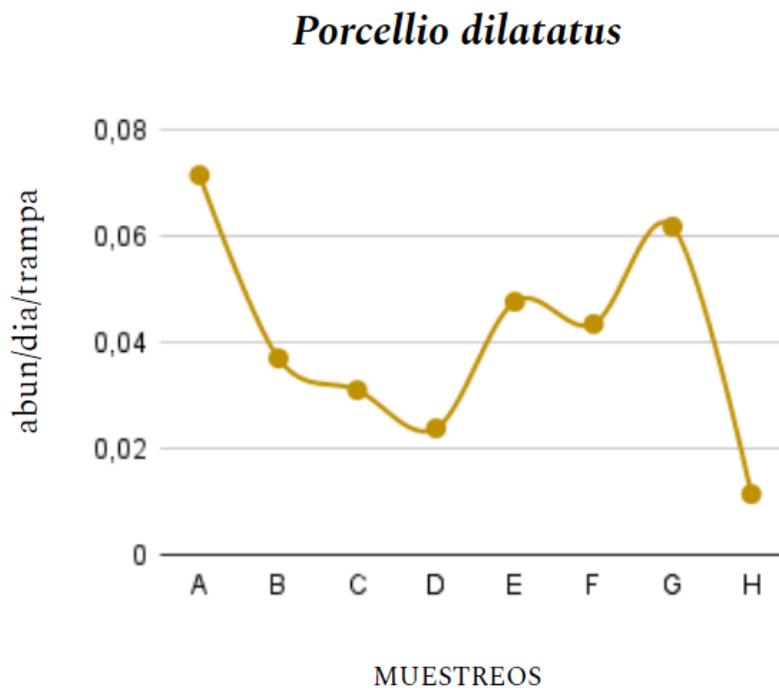
11. Gráfico de dispersión de Diplura a lo largo de los muestreos realizados



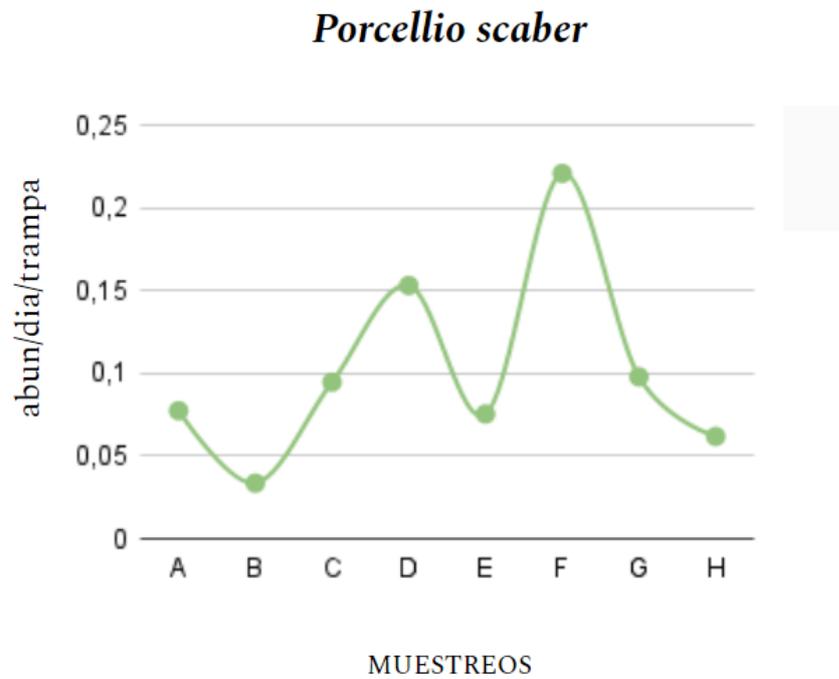
12. Gráfico de dispersión de *Armadillidium vulgare* a lo largo de los muestreos realizados



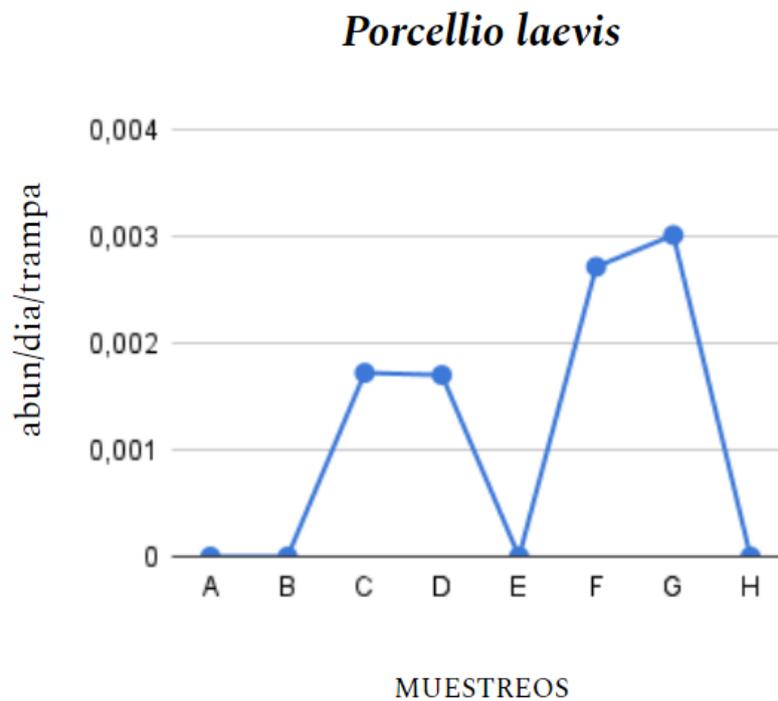
13. Gráfico de dispersión de *Porcellio dilatatus* a lo largo de los muestreos realizados



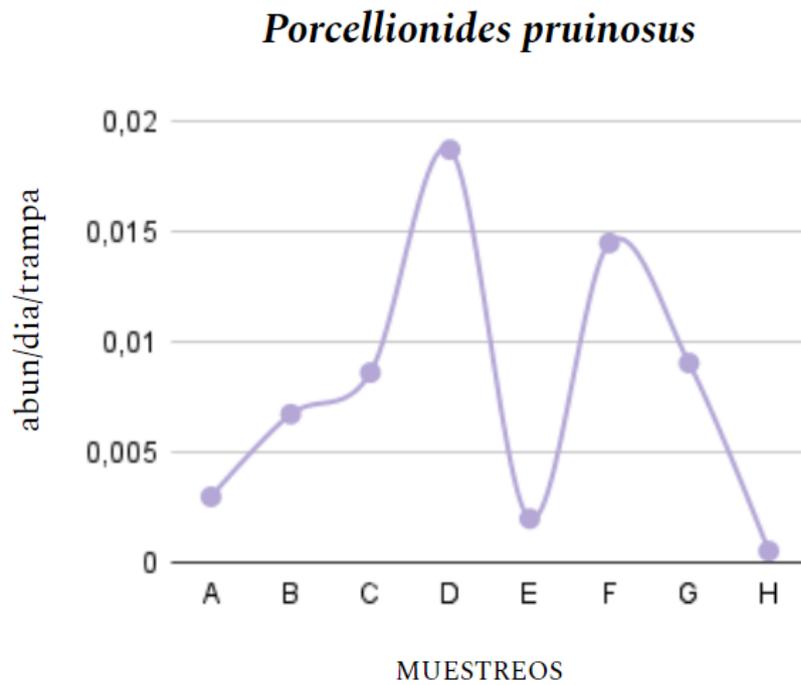
14. Gráfico de dispersión de *Porcellio scaber* a lo largo de los muestreos realizados



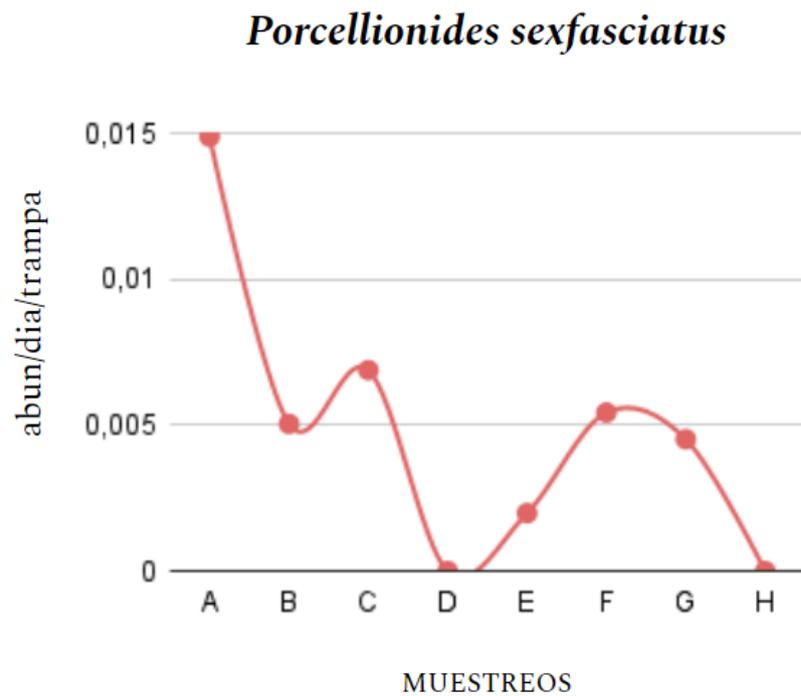
15. Gráfico de dispersión de *Porcellio laevis* a lo largo de los muestreos realizados



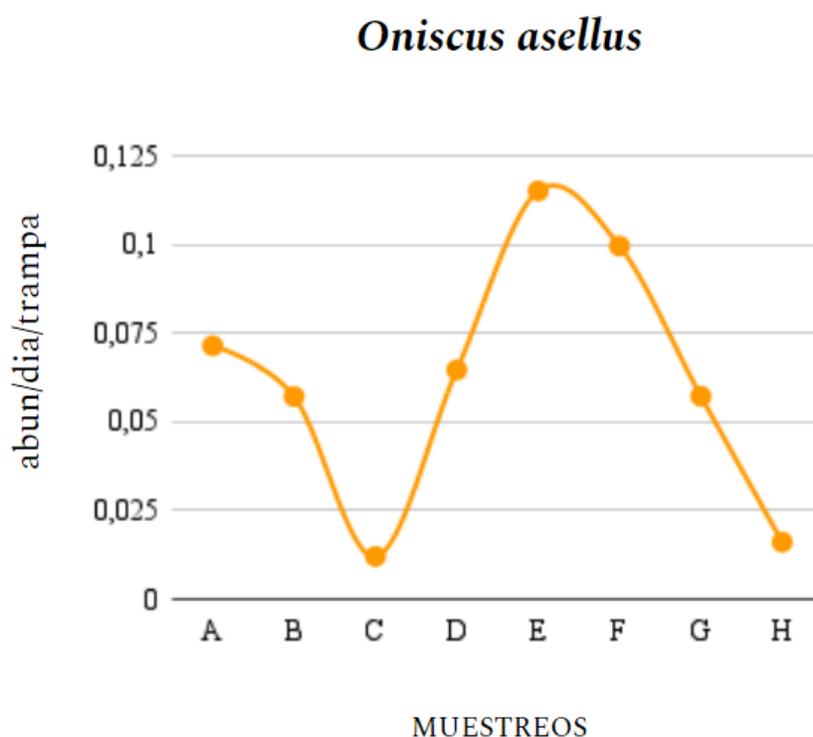
16. Gráfico de dispersión de *Porcellionides pruinosus* a lo largo de los muestreos realizados



17. Gráfico de dispersión de *Porcellionides sexfasciatus* a lo largo de los muestreos realizados



18. Gráfico de dispersión de *Oniscus asellus* a lo largo de los muestreos realizados



19. Tablas de las condiciones ambientales consideradas en este estudio

Tabla 1. Temperaturas promedio máximas y mínimas registradas durante cada una de las etapas del proceso de descomposición.

Temperatura (°C)		
Etapa del proceso	Mínima	Máxima
Fresca	18,2	19,2
Hinchazón	15,6	20
Descomposición activa	12,4	20,4
Descomposición avanzada	17,88	21,5
Reducción esquelética	16,14	22,34
Durante todo el proceso	12,4	22,34

Tabla 2. Valores promedio máximos y mínimos de la humedad registrados durante cada una de las etapas del proceso de descomposición.

Humedad (%)		
Etapas del proceso	Mínima	Máxima
Fresca	20,02	31,41
Hinchazón	20,17	64,77
Descomposición activa	22,79	71,68
Descomposición avanzada	24,22	65,02
Reducción esquelética	37,64	80,97
Durante todo el proceso	20,02	80,97

Tabla 3. Valores promedio máximos y mínimos de la precipitación durante el periodo de cada una de las etapas del proceso de descomposición.

Precipitación (mm)		
Etapas del proceso	Mínima	Máxima
Fresca	0	0
Hinchazón	0	6
Descomposición activa	0	2,8
Descomposición avanzada	0	3,2
Reducción esquelética	0	54,8
Durante todo el proceso	0	54,8

20. Mapas de calor de *Porcellio scaber*

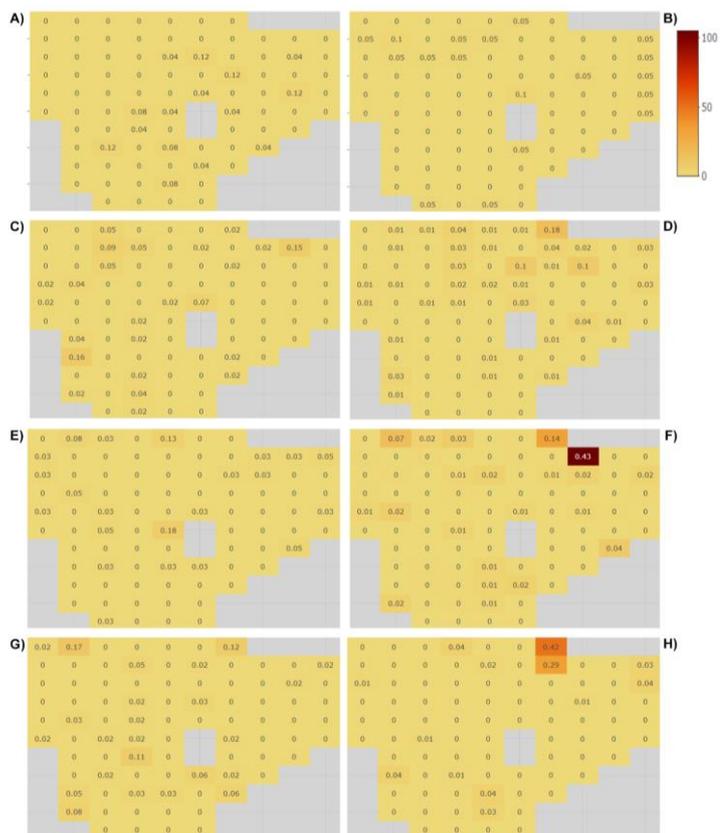


Figura 5. Mapas de calor de la especie *Porcellio scaber* durante los ocho muestreos.

21. Mapas de calor de *Porcellio laevis*

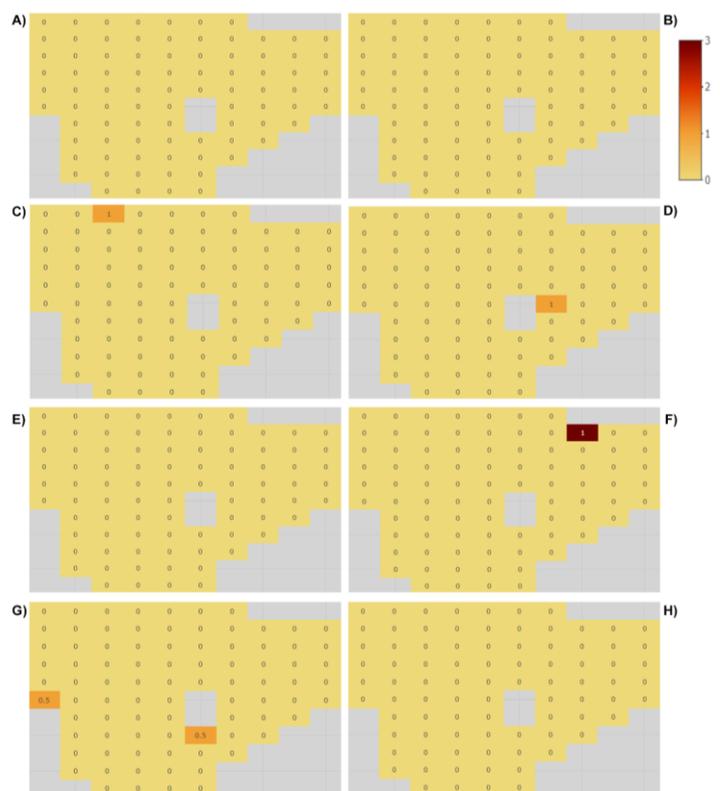


Figura 6. Mapas de calor de la especie *Porcellio laevis* durante los ocho muestreos.

22. Mapas de calor de *Porcellionides sexfasciatus*

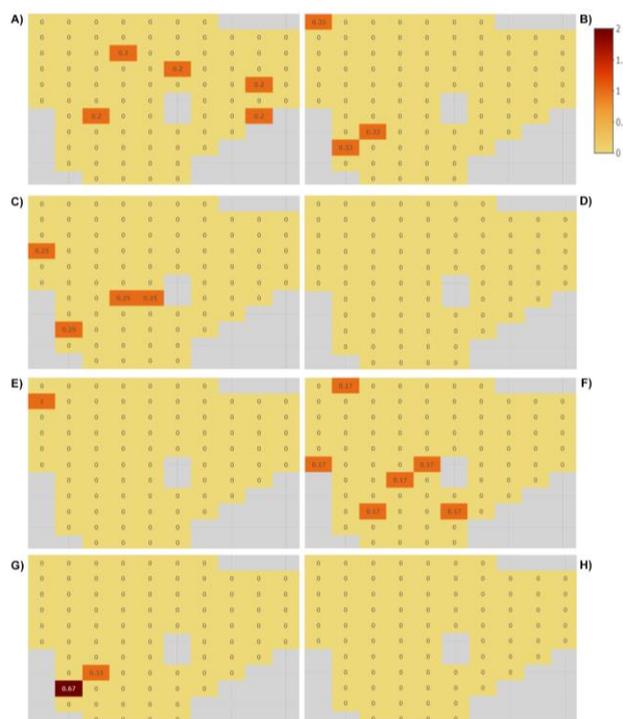


Figura 7. Mapas de calor de la especie *Porcellionides sexfasciatus* durante los ocho muestreos.

23. Condiciones ambientales que no presentaron una dependencia con las abundancias de los grupos de artópodos y especies de isópodos

Tabla 4. Condiciones ambientales que NO mostraron una dependencia con respecto a las abundancias de los grupos Amphipoda, Isopoda, Collembola y Diplura.

NO tienen dependencia		
Abundancia del Orden	Condiciones ambientales Temperatura (°C), Humedad (%) y Precipitación (mm)	p- value
Amphipoda	Temperatura Max	0.2054
	Humedad Max	0.1449
	Precipitación Max	0.8341
Isopoda	Temperatura Min	0.5024
	Temperatura Max	0.1851
	Humedad Max	0.3249
	Precipitación Max	0.4916
	Humedad Max	0.1137

Collembola	Precipitación Max	0.5609
Diplura	Precipitación Max	0.1286

Tabla 5. Condiciones ambientales que NO mostraron una dependencia con respecto a las abundancias de las especies de isópodos.

NO tienen dependencia		
Abundancia de la especie	Condiciones ambientales Temperatura (°C), Humedad (%) y Precipitación (mm)	p- value
<i>Armadillidium vulgare</i>	Temperatura Min	0.5797
	Temperatura Max	0.1133
	Humedad Max	0.09311
	Precipitación Max	0.9996
<i>Porcellio dilatatus</i>	Temperatura Min	0.1394
	Temperatura Max	0.6964
	Humedad Min	0.07574
	Humedad Max	0.7263
	Precipitación Max	0.4866
<i>Porcellio scaber</i>	Precipitación Max	0.8865
<i>Porcellio laevis</i>	Humedad Min	0.3029
	Humedad Max	0.362
	Precipitación Max	0.3861
<i>Porcellionides pruinosus</i>	Temperatura Min	0.5572
	Precipitación Max	0.8614
<i>Porcellionides sexfasciatus</i>	Temperatura Max	0.9716
	Precipitación Max	0.6413
<i>Oniscus asellus</i>	Temperatura Min	0.22
	Humedad Min	0.3006
	Humedad Max	0.8153
	Precipitación Max	0.5895

24. Gráfico que representa el patrón temporal no relacional que presentó las abundancias de la especie *Oniscus asellus*

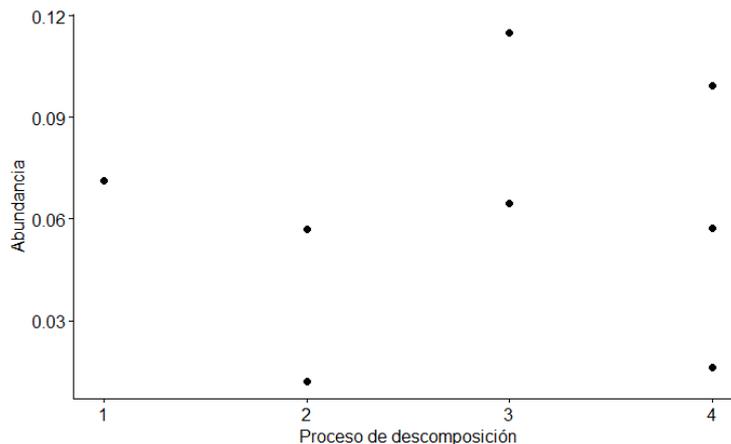


Figura 8. Gráfico obtenido de la prueba de *Spearman* que muestra el patrón temporal **no relacional** de las abundancias de la especie *Oniscus asellus* durante las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

25. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal-Wallis* para el patrón temporal incremental con respecto a las etapas del proceso de descomposición

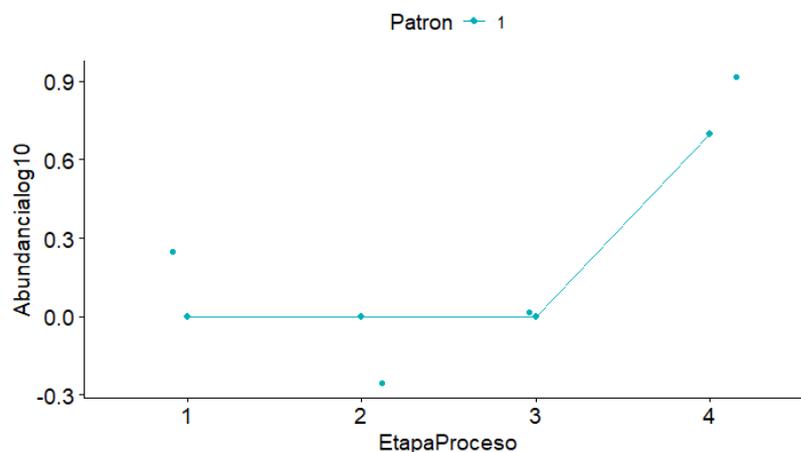


Figura 9. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal-Wallis* para el patrón temporal incremental con respecto a las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

De acuerdo con el gráfico anterior, se puede observar una diferencia de las etapas 1 (Hinchazón), 2 (Descomposición activa) y 3 (Descomposición avanzada) con la etapa 4 (Reducción esquelética), sin embargo, estas diferencias a nivel estadístico no se ven representadas.

26. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal-Wallis* para el patrón temporal decremental con respecto a las etapas del proceso de descomposición

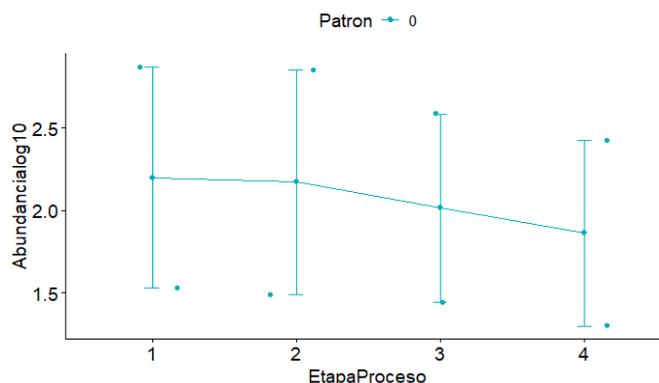


Figura 10. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal-Wallis* para el patrón temporal decremental con respecto a las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

En este caso, visualmente se percibe al menos una ligera diferencia entre la etapa 1 (Hinchazón) y la etapa 4 (Reducción esquelética), sin embargo, estas diferencias a nivel estadístico no se ven representadas.

27. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal-Wallis* para el patrón temporal mixto con respecto a las etapas del proceso de descomposición

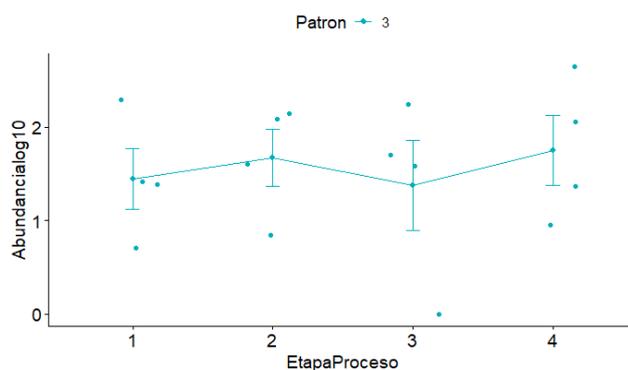


Figura 11. Gráfico obtenido de la prueba *Kruskal-Wallis* para el patrón temporal mixto con respecto a las etapas del proceso de descomposición: 1. Hinchazón; 2. Descomposición activa; 3. Descomposición avanzada y 4. Reducción esquelética.

Visualmente, también se observa un cambio muy ligero de abundancias entre cada una de las etapas del proceso, por lo cual estadísticamente no se marca una diferencia significativa entre las variables.