



GRUPO DE HABLA ESPAÑOLA Y PORTUGUESA DE LA ISFG

GRUPO DE LÍNGUAS ESPANHOLA E PORTUGUESA DA ISFG

Instituto Nacional de Toxicología  
y Ciencias Forenses

MINISTERIO DE LA PRESIDENCIA JUSTICIA Y RELACIONES CON LAS CORTES  
SERVICIO DE GARANTÍA DE CALIDAD  
DEPARTAMENTO DE MADRID  
C/ José Echegaray nº 4 - 28232 Las Rozas de Madrid (Madrid)  
Tf. +34 91 768 89 19 Fax +34 91 564 86 54  
e-mail: intcf.eiadm@justicia.es

*\*Las actividades marcadas no están amparadas por la acreditación de ENAC*

## EJERCICIO DE INTERCOMPARACIÓN

### “ESTUDIO DE POLIMORFISMOS DE ADN EN MANCHAS DE SANGRE Y OTRAS MUESTRAS BIOLÓGICAS”

NIVEL BÁSICO

EJERCICIO EIADN- 32 (2024)

FECHA LÍMITE: 15/05/2024

#### Ítems enviados

##### 2024/Módulo de Parentesco

M1 a M3: ítems de referencia

##### 2024/Módulo Forense

M4: ítem dubitado forense

M5: cabello o vello

Nº de precinto

#### Planteamiento propuesto:

##### 2024/Módulo de Parentesco - Nivel básico

###### Estudio práctico de parentesco

- M1, M2, M3: ítems de referencia para análisis genético.

###### Estudio teórico de parentesco

Se solicita la resolución del caso teórico planteado.

##### 2024/Módulo Forense - Nivel básico

###### Estudio práctico forense

- M4: ítem forense para análisis genético.
- M5: cabello o vello para análisis de ADN mitocondrial.
- ◆ Establezca la naturaleza del componente o de los posibles componentes del ítem M4.
- ◆ ¿Podría haber contribuido al ítem M4 alguno de los donantes de los ítems de referencia M1, M2, M3?

###### Estudio teórico forense

Se solicita la resolución del caso teórico planteado.

#### Metodología a emplear

La investigación se realizará con los marcadores y métodos que el laboratorio elija y que habitualmente use en rutina o esté poniendo a punto. Los ítems han de ser tratados como muestras rutinarias del laboratorio y, si es posible, de forma ciega.

El Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses es el titular de la acreditación



## ÍNDICE

Pág.

<b>1. Metodología</b>	
1.1. Extracción, purificación/concentración y cuantificación de ADN	3
1.2. Metodología STR	
1.2.1. Metodología de kits multiplex	3
1.2.2. Otra metodología para marcadores STR autosómicos y amelogenina	4
1.2.3. Otra metodología para marcadores Y-STR	4
1.2.4. Otra metodología para marcadores X-STR	4
1.3. Metodología ADN mitocondrial	
1.3.1. Parámetros de amplificación	4
1.3.2. Parámetros de secuenciación y edición	5
1.4. Metodología para identificación de fluidos en el ítem M4	5
1.5. Otros aspectos de la metodología diferentes a los indicados en las tablas anteriores	5
<b>2. Resultados estudios prácticos</b>	
2.1. Resultados STR	
2.1.1. STR autosómicos y amelogenina	6
2.1.2. Y-STR	7
2.1.3. X-STR	8
2.2. Resultados de ADN mitocondrial	8
<b>3. Conclusiones estudios prácticos</b>	
3.1. Módulo de Parentesco	
3.1.1. Observaciones a los ítems M1, M2 y M3	9
3.2. Módulo Forense	
3.2.1. Pregunta 1	9
3.2.2. Pregunta 2	9
3.2.3. Pregunta 3	9
3.2.4. Observaciones a los ítems M4 y M5	9
<b>4. Estudios teóricos</b>	
4.1. Estudio teórico de Parentesco	10
4.2. Estudio teórico Forense	13
<b>5. Observaciones al presente ejercicio</b>	<b>17</b>
<b>6. Sugerencias para el próximo ejercicio</b>	<b>17</b>
<b>7. Compromisos del participante</b>	<b>17</b>
<b>Fecha y firma del responsable</b>	<b>17</b>
<b>Solicitud de certificado</b>	<b>17</b>

## 1. Metodología *Lea atentamente las instrucciones proporcionadas antes de cumplimentar este apartado*

### 1.1 Extracción, purificación/concentración y cuantificación de ADN

TABLA 1

Ítem	Lisis diferencial (Sí o No)	Extracción Purificación/ Concentración (Código)	EP00 (Especificar)	Cuantificación (Código)	C00 (Especificar)
M1					
M2					
M3					
M4					
M5					

Codificación en el Anexo 2024

### 1.2 Metodología STR

#### 1.2.1 Metodología de kits multiplex

TABLA 2A (Kits multiplex)

Si utiliza un kit no incluido en la tabla, añádale en las últimas filas.

Multiplex	Indicar 'SI' si se ha utilizado	Detección (Código)	D00 (Especificar)
FFFL (Promega)			
PowerPlex 16/16 HS (Promega)			
PowerPlex ESI 16 (Promega)			
PowerPlex ESX 16 (Promega)			
PowerPlex ESI 17 (Promega)			
PowerPlex ESX 17 (Promega)			
PowerPlex 18D (Promega)			
Profiler Plus (AB)			
SGM Plus (AB)			
Identifiler (AB)			
Identifiler Plus (AB)			
Identifiler Direct (AB)			
NGM (AB)			
NGM SElect (AB)			
MiniFiler (AB)			
Investigator ESSplex (Qiagen)			
Investigator ESSplex SE (Qiagen)			
Investigator IDplex (Qiagen)			
YFiler (AB)			
PowerPlex Y (Promega)			
Argus X-8 (Biotype)			
Investigator Argus X-12 (Qiagen)			
XSTR-Decaplex GHEP (Gusmão)			
PowerPlex CS7 (Promega)			
Profiler (AB)			
Investigator Argus Y-12 (Qiagen)			
SEfiler (AB)			
PowerPlex 23Y (Promega)			

Multiplex	Indicar 'SI' si se ha utilizado	Detección (Código)	D00 (Especificar)
PowerPlex Fusion System (Promega)			
Global Filer (AB)			
PowerPlex 21 (Promega)			
Investigator 24plex QS (Qiagen)			
PowerPlex Fusion 6C System (Promega)			
Verifiler (AB)			
YFiler plus (AB)			
Investigator ESSplex plus (Qiagen)			
Investigator ESSplex Plus SE(Qiagen)			
Investigator IDplex Plus (Qiagen)			
Investigator HDplex (Qiagen)			
Investigator Argus X-12 QS (Qiagen)			

Codificación en el Anexo 2024

**1.2.2 Otra metodología para marcadores STR autosómicos y amelogenina**

**TABLA 2B**

En caso de no utilizar kits multiplex o de utilizar marcadores STR autosómicos adicionales, indicar el número de marcadores y los *primer* utilizados, así como el método de detección.

Número de marcadores	Primer/Ladder (Código)	PL00 (Especificar)	Detección (Código)	D00 (Especificar)

Codificación en el Anexo 2024

**1.2.3 Otra metodología para marcadores Y-STR**

**TABLA 2C**

En caso de no utilizar kits multiplex o de utilizar marcadores Y-STR adicionales, indicar el número de marcadores y los *primer* utilizados, así como el método de detección.

Número de marcadores	Primer/Ladder (Código)	PL00 (Especificar)	Detección (Código)	D00 (Especificar)

Codificación en el Anexo 2024

**1.2.4 Otra metodología para marcadores X-STR**

**TABLA 2D**

En caso de no utilizar kits multiplex o de utilizar marcadores X-STR adicionales, indicar el número de marcadores y los *primer* utilizados, así como el método de detección.

Número de marcadores	Primer/Ladder (Código)	PL00 (Especificar)	Detección (Código)	D00 (Especificar)

Codificación en el Anexo 2024

**1.3 Metodología ADN mitocondrial**

**1.3.1 Parámetros de amplificación**

**TABLA 3**

Refleje cada pareja de *primer* en un campo nombrándolos según cadena (L o H) y posición en 3' (Ej.: L15997/H00619)

Pares de <i>primer</i> de amplificación					Nº de ciclos
Ítem	Directo/reverso	Directo/reverso	Directo/reverso	Directo/reverso	
M1-M3					
M4					
M5					

**1.3.2 Parámetros de secuenciación y edición**

**TABLA 4**

Ítem	PU	QS	PE	S	SE
M1-M3					
M4					
M5					

Codificación en el Anexo 2024

**1.4 Metodología para identificación de fluidos en el ítem M4**

**TABLA 5**

Indique el método empleado para confirmar o investigar la presencia de fluidos biológicos en el ítem M4. Especifique el código del método utilizado y el resultado (negativo, positivo o inconcluyente). En caso de indicar 'Otros', especificar.

Método (Código)	Otros (Especificar)	Resultado (Negativo/Positivo/Inconcluyente)	Observaciones

Codificación en el Anexo 2024

**1.5 Otros aspectos de la metodología diferentes a los indicados en las tablas anteriores**

--

**2. Resultados estudios prácticos:**

*Lea atentamente las instrucciones enviadas, para cumplimentar las tablas de resultados y las bases de participación, para conocer el establecimiento de valores asignados y la evaluación de resultados <https://ghep-isfg.org/es/proficiency/participation/>*

**2.1 Resultados STR**

**TODOS LOS PARTICIPANTES DEL MÓDULO FORENSE, DEBEN CUMPLIMENTAR OBLIGATORIAMENTE LA COLUMNA DE ALELOS TOTALES DETECTADOS INDEPENDIENTEMENTE DEL SISTEMA DE EXTRACCIÓN QUE UTILICEN.** Las columnas de 1ª y 2ª fracción son adicionales y optativas, en caso de que el laboratorio haya realizado lisis diferencial y quiera reflejar su resultado.

**2.1.1 STR autosómicos y amelogenina**

TABLA 6A

MÓDULO DE PARENTESCO				MÓDULO FORENSE		
MARCADOR	M1	M2	M3	M4		
				Alelos totales detectados Ej: 9-11-15-17	1ª fracción Ej: 9-17	2ª fracción Ej: 11-15
AMEL						
D8S1179						
D21S11						
D7S820						
CSF1PO						
D3S1358						
TH01						
D13S327						
D16S539						
D2S1338						
D19S433						
vWA						
TPOX						
D18S51						
D5S818						
FGA						
Penta D						
Penta E						
D10S1248						
D22S1045						
D2S441						
D1S1656						
D12S391						
SE33						
FES/FPS						
F13A01						
F13B						
LPL						
Penta C						
D6S1043						

2.1.2 Y-STR

TABLA 6B

MÓDULO DE PARENTESCO				MÓDULO FORENSE		
MARCADOR	M1	M2	M3	M4		
				Alelos totales detectados Ej: 13-15	1ª fracción Ej: 15	2ª fracción Ej: 13
DYS456						
DYS389 I						
DYS390						
DYS389 II						
DYS458						
DYS19						
DYS385						
DYS393						
DYS391						
DYS439 (GATA A4)						
DYS635 (GATA C4)						
DYS392						
GATAH4						
DYS437						
DYS438						
DYS448						
DYS460 (GATA A7.1)						
DYS461 (GATA A7.2)						
GATAA10						
DYS388						
DYS576						
DYS481						
DYS549						
DYS533						
DYS570						
DYS643						
DYS627						
DYS518						
DYS449						
DYF387S1						

2.1.3 X-STR

TABLA 6C

MÓDULO DE PARENTESCO				MÓDULO FORENSE		
MARCADOR	M1	M2	M3	M4		
				Alelos totales detectados Ej: 12-15-17-20	1ª fracción Ej:12-15	2ª fracción Ej:17-20
HPRTB						
DXS8378						
DXS9898						
DXS7133						
GATA32E08						
GATA172D05						
DXS7423						
DXS6809						
DXS7132						
DXS9902						
DXS6789						
DXS10103						
DXS10134						
DXS10074						
DXS10101						
DXS10135						
DXS10146						
DXS10079						
DXS10148						

2.2 Resultados de ADN mitocondrial

En la Tabla 7A refleje las posiciones inicial y final de las regiones editadas y en la Tabla 7B informe los haplotipos siguiendo el orden que se solicita en las instrucciones

TABLA 7A

ÍTEMS		REGIONES EDITADAS
<b>MÓDULO PARENTESCO</b>		
M1		
M2		
M3		
<b>MÓDULO FORENSE</b>		
M4	1ª fracción	
	2ª fracción	
Cabello o vello M5		



**TABLA 7B**

ÍTEMS		HAPLOTIPO
<b>MÓDULO PARENTESCO</b>		
M1		
M2		
M3		
<b>MÓDULO FORENSE</b>		
M4	1ª fracción	
	2ª fracción	
Cabello o vello M5		

**3. Conclusiones estudios prácticos**

**3.1 Módulo de Parentesco**

**3.1.1\* Observaciones a los ítems M1, M2 y M3**

Refleje los comentarios y observaciones que desee hacer referentes a los ítems analizados. Se recuerda que sólo se solicita el análisis genético de los ítems de referencia M1 a M3; no es necesario investigar relaciones de parentesco entre ellos.

--

**3.2 Módulo Forense**

**3.2.1 Establezca la naturaleza del componente o posibles componentes del ítem M4.**

**Componentes (marque con una X el componente o componentes detectados)**

	<b>Sangre</b>	<b>Semen</b>	<b>Saliva</b>
<b>M4</b>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

**3.2.2 Indique el número mínimo de contribuyentes detectados en el ítem M4.**

	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>
<b>M4</b>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

**3.2.3 ¿Podría haber contribuido al ítem M4 alguno de los donantes de los ítems de referencia M1, M2, M3?**

	<b>M1</b>	<b>M2</b>	<b>M3</b>
<b>M4</b>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

**3.2.4\* Observaciones a los ítems M4 y M5.**

--

#### 4. Estudios Teóricos

**Lea atentamente las instrucciones enviadas, para cumplimentar las tablas de resultados y las bases de participación, para conocer el establecimiento de valores asignados y la evaluación de resultados <https://ghep-isfg.org/es/proficiency/participation/>**

##### **Para la resolución de los estudios teóricos (parentesco y forense) se asume que:**

- la población está en equilibrio Hardy-Weinberg y no hay que hacer corrección por la existencia de subestructuración poblacional ( $\theta=0$ ).
- la tasa de alelos silentes y la tasa de mutación es 0.
- corrección drop in, drop out=0

**Los cálculos se realizarán con la tabla "Frecuencias alélicas 2024" proporcionada.**

#### 4.1 Estudio teórico de Parentesco

##### 4.1.1 Planteamiento

Un matrimonio anciano: José y María, tras la muerte de su único hijo, Carlos, tratan de mantener la relación con su único nieto, Raúl, hijo de Carlos y Juana. Juana se niega alegando que Raúl no era hijo biológico de Carlos. Los abuelos y la madre acuerdan realizar una prueba biológica de parentesco para conocer la realidad biológica y actuar en consecuencia.

Se dispone del perfil genético de José y María, del de Juana y del supuesto nieto Raúl.

- o **Se considerará que el matrimonio anciano sólo tuvo un hijo.** No se dispone del perfil genético de su hijo Carlos ya que fue incinerado.
- o **No se duda que Raúl es hijo biológico de Juana.**

Marcadores	JOSÉ	MARÍA	JUANA	RAUL
D8S1179	14	14	14	14
D21S11	28	28-30	28-30	28-30
D7S820	9-10	9-10	11-12	9-11
CSF1PO	10	11	11-12	10-12
D3S1358	14	15-16	16	16
TH01	7-8	8-9	9.3	8-9.3
D13S317	11-12	13	11-12	11-12
D16S539	9-10	11-12	13	12-13
D2S1338	19	19	20	19-20
D19S433	13	13-14	13-14	13
VWA	16-17	16-17	16-17	16-17
TPOX	8	11	8-11	11
D18S51	12	13-14	15-16	12-16
D5S818	11-12	12-13	12-13	12-13
FGA	20-21	22	23	22-23
D10S1248	13-14	15-16	14-15	14
D1S1656	12	12	12-15	12-15
D22S1045	15	15-16	15-16	16
D2S441	10-11	10-11	14	11-14

Marcadores	JOSÉ	MARÍA	JUANA	RAUL
D12S391	18	19	18-19	18-19
Penta D	9	11-12	12-13	12
Penta E	11-12	12-13	11-13	13
SE33	17-18	19	20-22.2	18-20
D6S1043	11-19	12-18	12	12

#### 4.1.2 Índice de parentesco

Calcular el índice de parentesco considerando las siguientes hipótesis:

<b>H0</b>	El hijo de José y María (Carlos), es el padre biológico de Raúl, teniendo en cuenta que Juana es la madre biológica
<b>H1</b>	Otro individuo tomado al azar de la población y no relacionado genéticamente con los anteriores es el padre biológico de Raúl, teniendo en cuenta que Juana es la madre biológica

Refleje los Índices de parentesco parciales y el IP total en la **Tabla 8**.

Utilice notación científica (formato Excel) y redondeo a 4 decimales. Por ejemplo 1,2346E-01

**TABLA 8**

Marcadores	IP
D8S1179	
D21S11	
D7S820	
CSF1PO	
D3S1358	
TH01	
D13S317	
D16S539	
D2S1338	
D19S433	
VWA	
TPOX	
D18S51	
D5S818	
FGA	
D10S1248	
D1S1656	
D22S1045	
D2S441	
D12S391	
Penta D	
Penta E	
SE33	

Marcadores	IP
D6S1043	
IP TOTAL	

#### 4.1.3 Programa/s informático/s utilizado/s para los cálculos estadísticos.

Programa	versión	Observaciones (otros software, comentarios, etc)
Familias		
DNA view		
PatPCR		
BDGen		
PatCan		
Genética Forense Final		
Software propio <sup>1</sup>		
Otros <sup>1</sup> .		

<sup>1</sup>Si no se encuentra el software en la tabla elija "otros" y especifíquelo en observaciones

#### 4.1.4 Cálculo manual. Fórmulas utilizadas

En caso de que su laboratorio haya realizado todos los cálculos manualmente, refleje las fórmulas utilizadas en la **Tabla 9**.

**TABLA 9**

Marcadores	IP
D8S1179	
D21S11	
D7S820	
CSF1PO	
D3S1358	
TH01	
D13S317	
D16S539	
D2S1338	
D19S433	
VWA	
TPOX	
D18S51	
D5S818	
FGA	
D10S1248	
D1S1656	
D22S1045	

Marcadores	IP
D2S441	
D12S391	
Penta D	
Penta E	
SE33	
D6S1043	
IP TOTAL	

**4.1.5 \*Conclusiones y observaciones al estudio teórico de parentesco.**

**4.2 Estudio teórico Forense**

**4.2.1 Planteamiento**

En una discoteca, una joven (Carlota), en un momento de la noche, se siente mareada y desorientada. Cuando se recupera se encuentra en una ambulancia camino del hospital. Recuerda vagamente que le rodeó un grupo de jóvenes y revolve por uno de ellos intentaba besarle.

En el hospital se le toman varias muestras corporales y en el hisopo obtenido en el cuello se obtiene una mezcla de perfiles genéticos procedente de al menos dos personas.

El personal de seguridad de la discoteca identifica a los presuntos agresores que son retenidos hasta la llegada de la policía.

Se dispone de los perfiles genéticos de los presuntos agresores que son hermanos. Se le toma también una muestra indubitada a la víctima.

- Se requiere saber si el perfil genético de alguno de los individuos es compatible con la mezcla de perfiles genéticos obtenida.

Marcadores	Hermano 1	Hermano 2	Carlota	Hisopo cuello
D3S1358	15 - 17	14 - 17	15 - 17	14 - 15 - 17
vWA	15 - 16	15 - 17	16 - 17	15 - 16 - 17
D16S539	9 - 11	9 - 11	11 - 12	9 - 11 - 12
CSF1PO	10 - 12	11 - 12	12 - 13	11 - 12 - 13
D6S1043	18 - 20	18 - 20	19 - 20	18 - 19 - 20
D8S1179	15 - 16	15	11 - 12	11 - 12 - 15
D21S11	29	29 - 30	30 - 31	29 - 30 - 31
D18S51	13 - 14	13 - 16	14 - 15	13 - 14 - 15 - 16
D5S818	12	11 - 12	11 - 12	11 - 12
D2S441	10 - 15	11 - 15	14	11 - 14 - 15
D19S433	14	14 - 15	14 - 15	14 - 15
FGA	19 - 21	19 - 24	19 - 21	19 - 21 - 24
D10S1248	16	14 - 16	14 - 16	14 - 16
D22S1045	11 - 16	11 - 15	16	11 - 15 - 16
D1S1656	14 - 15	12 - 15	12 - 14	12 - 14 - 15
D13S317	9	9 - 11	10 - 13	9 - 10 - 11 - 13

Marcadores	Hermano 1	Hermano 2	Carlota	Hisopo cuello
D7S820	8 - 9	8 - 9	11 - 12	8 - 9 - 11 - 12
PENTA-E	7 - 11	11 - 12	7 - 13	7 - 11 - 12 - 13
PENTA-D	9 - 13	9 - 13	10 - 11	9 - 10 - 11 - 13
TH01	6 - 7	6	7	6 - 7
D12S391	18 - 19.3	18	18.3 - 19.3	18 - 18.3 - 19.3
D2S1338	18 - 23	18 - 23	17 - 19	17 - 18 - 19 - 23
TPOX	11	8 - 11	8 - 11	8 - 11
AMELOGENINA	X - Y	X - Y	X	X - Y

4.2.2 Valor LR

Indique en la **Tabla 10**, los valores parciales de la razón de máxima verosimilitud (LR), así como la LR total en base a las siguientes hipótesis:

<b>H0</b>	La joven (Carlota) y el individuo no excluido han contribuido a la mezcla de perfiles genéticos obtenida.
<b>H1</b>	La joven y un desconocido tomado al azar de la población y no relacionado genéticamente con los anteriores han contribuido a la mezcla.

**TABLA 10**

Utilice notación científica (formato Excel) y redondeo a 4 decimales. Por ejemplo 1,2346E-01

Marcadores	LR
D3S1358	
vWA	
D16S539	
CSF1PO	
D6S1043	
D8S1179	
D21S11	
D18S51	
D5S818	
D2S441	
D19S433	
FGA	
D10S1248	
D22S1045	
D1S1656	
D13S317	
D7S820	
PENTA E	
PENTA D	

Marcadores	LR
TH01	
D12S391	
D2S1338	
TPOX	
LR Total	

#### 4.2.3 Programa/s informático/s utilizado/s para los cálculos estadísticos.

Programa	versión	Observaciones (otros software, comentarios, etc)
LRmix Studio		
LR mezcla v.inteligente		
EuroForMix		
DNAMix		
Genética Forense Final		
Software propio		
DNA view		
Otros <sup>2</sup>		

<sup>2</sup>Si no se encuentra el software en la tabla elija "otros" y especifíquelo en observaciones

#### 4.2.4 Cálculo manual. Fórmulas utilizadas

En caso sólo de cálculo manual, refleje las fórmulas utilizadas en la **Tabla 11**.

**TABLA 11**

Marcadores	LR
D3S1358	
vWA	
D16S539	
CSF1PO	
D6S1043	
D8S1179	
D21S11	
D18S51	
D5S818	
D2S441	
D19S433	
FGA	
D10S1248	
D22S1045	
D1S1656	
D13S317	
D7S820	

<b>PENTA E</b>	
<b>PENTA D</b>	
<b>TH01</b>	
<b>D12S391</b>	
<b>D2S1338</b>	
<b>TPOX</b>	
<b>LR Total</b>	

**4.2.5\* Conclusiones**

Emita una conclusión derivada de los resultados obtenidos.

--



**5. Observaciones al presente ejercicio**

--

**6. Sugerencias para el próximo ejercicio**

--

**7. Compromisos del participante**

Los análisis, tanto en la generación de los resultados como en su tratamiento estadístico, se han realizado en las instalaciones pertenecientes al laboratorio inscrito y por su personal mediante procedimientos de trabajo similares a los seguidos en muestras rutinarias y se han tomado las oportunas medidas de Higiene y Seguridad. **De conformidad con el consentimiento prestado por los donantes el laboratorio se compromete a analizar los ítems de forma anónima para el Ejercicio de intercomparación del INTCFM/GHEP-ISFG y de manera adicional utilizarlos como material de referencia y/o control de la calidad del laboratorio bien sea con las técnicas requeridas en el Ejercicio o con otras de uso forense, pero en todo caso siempre con fines de identificación humana, analizando regiones no codificantes o que no proporcionen información sensible del donante: enfermedades, patologías u otro tipo de información genética que pueda vulnerar su intimidad.**

Nombre del responsable

Fecha y firma

**¿QUIERE RECIBIR EL CERTIFICADO DE EVALUACIÓN?**

Módulo de Parentesco (Nivel Básico) (Sí/No)	Módulo Forense (Nivel Básico) (Sí/No)

ELIJA EL IDIOMA DEL CERTIFICADO

ESPAÑOL

INGLÉS

AMBOS

Nota.- Para recibir el certificado de evaluación es obligatoria la remisión de este formulario firmado.