



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

**EJERCICIO DE INTERCOMPARACIÓN
“ESTUDIO DE POLIMORFISMOS DE ADN EN MANCHAS DE SANGRE Y OTRAS
MUESTRAS BIOLÓGICAS”**

NIVEL BÁSICO**EJERCICIO EIADN- 33 (2025)****FECHA LÍMITE: 15/05/2025****Ítems enviados****2025/Módulo de Parentesco****M1 a M3: ítems de referencia****2025/Módulo Forense****M4: ítem dubitado forense****M5: cabello o vello**

Nº de precinto

Planteamiento propuesto:**2025/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.

2025/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

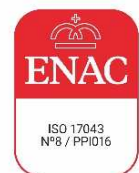
Se solicita la resolución del caso teórico planteado.

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

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



ÍNDICE

Pág.

	Pág.
1. Metodología	
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
2. Resultados estudios prácticos	
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
3. Conclusiones estudios prácticos	
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
4. Estudios teóricos	
4.1. Estudio teórico de Parentesco	10
4.2. Estudio teórico Forense	13
5. Observaciones al presente ejercicio	18
6. Sugerencias para el próximo ejercicio	18
7. Compromisos del participante	18
Fecha y firma del responsable	18
Solicitud de certificado	18

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 2025

1.2 Metodología STR

1.2.1 Metodología de kits multiplex

TABLA 2A (Kits multiplex)

Si utiliza un kit no incluido en la tabla, añádalo 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)			
PowerPlex Fusion System (Promega)			
Global Filer (AB)			
PowerPlex 21 (Promega)			
Investigator 24plex QS (Qiagen)			

Multiplex	Indicar 'SI' si se ha utilizado	Detección (Código)	D00 (Especificar)
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 2025

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 2025

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 2025

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 2025

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 2025

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 2025

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
MÓDULO PARENTESCO		
M1		
M2		
M3		
MÓDULO FORENSE		
M4	1ª fracción	
	2ª fracción	
Cabello o vello M5		

TABLA 7B

ÍTEMS		HAPLOTIPO
MÓDULO PARENTESCO		
M1		
M2		
M3		
MÓDULO FORENSE		
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)

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

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

	1	2	3
M4	<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?

	M1	M2	M3
M4	<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 2025" proporcionada.

4.1 Estudio teórico de Parentesco

4.1.1 Planteamiento

Se produce un fatal accidente. Un camión cisterna con material inflamable se sale de la carretera y se cae por un terraplén incendiándose posteriormente. Por la carga que llevaba se localiza a la posible empresa dueña del mismo. Se cree que el conductor es un hombre llamado Fernando que solía cubrir esa ruta y que no responde a las llamadas de sus padres. El cuerpo ha quedado completamente calcinado y la única manera de identificarlo es mediante el análisis de ADN.

Se dispone del perfil genético de los padres biológicos de Fernando: Paco y Dolores.

- o Se considerará que el matrimonio sólo tuvo un hijo: Fernando.
- o No se duda que Paco y Dolores son los padres biológicos de Fernando

Marcador	Victima	Dolores	Paco
D8S1179	13- 14	13- 14	13- 14
D21S11	28- 32.2	30.2- 32.2	28
D7S820	11	10- 11	10- 11
CSF1PO	11	11	11
D3S1358	15- 16	15- 18	14- 16
TH01	8- 9.3	6- 9.3	6- 8
D13S317	11	10- 11	10- 11
D16S539	11- 12	10- 12	11- 13
D2S1338	19- 25	17- 19	20- 25
D19S433	14- 15.2	13- 15.2	14- 15
VWA	17- 18	17- 18	15- 17
TPOX	8- 9	8- 11	9- 11
D18S51	12- 16	11- 12	13- 16
D5S818	11- 13	9- 11	10- 13
FGA	22- 24	20- 24	22
D10S1248	15	12- 15	15
D1S1656	16- 17.3	15- 16	12- 17.3
D22S1045	15- 16	15- 17	16
D2S441	11	10- 11	10- 11
D12S391	18	18	18- 22
PENTA D	9- 12	9	12- 13
PENTA E	12- 15	7- 15	12- 17
D6S1043	11- 12	11- 20	12- 14
Amelogenina	X-Y	X	X-Y

4.1.2 Índice de paternidad-maternidad

Se solicita el cálculo del Índice de paternidad-maternidad considerando las siguientes hipótesis:

H0	El cadáver calcinado es hijo de Paco y Dolores.
H1	El cadáver calcinado es hijo de un hombre y una mujer no relacionados genéticamente entre sí ni con Paco y Dolores.

Refleje los Índices de paternidad-maternidad 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	IPM
D8S1179	
D21S11	
D7S820	
CSF1PO	
D3S1358	
TH01	
D13S317	
D16S539	
D2S1338	
D19S433	
VWA	
TPOX	
D18S51	
D5S818	
FGA	
D10S1248	
D1S1656	
D22S1045	
D2S441	
D12S391	
PENTA_D	
PENTA_E	
D6S1043	
IPM 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		

Programa	versión	Observaciones (otros software, comentarios, etc)
Genética Forense Final		
Software propio ¹		
Otros ¹		

¹Si 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	IPM
D8S1179	
D21S11	
D7S820	
CSF1PO	
D3S1358	
TH01	
D13S317	
D16S539	
D2S1338	
D19S433	
VWA	
TPOX	
D18S51	
D5S818	
FGA	
D10S1248	
D1S1656	
D22S1045	
D2S441	
D12S391	
PENTA_D	
PENTA_E	
D6S1043	
IP TOTAL	

4.1.5 *Conclusiones y observaciones al estudio teórico de parentesco.

--

4.2 Estudio teórico Forense

4.2.1 Planteamiento

Una joven denuncia una agresión sexual transcurridos 10 días de la misma, conduce a la policía a donde se desarrollaron los hechos y allí se encuentra una braga, que la víctima reconoce como suya. Se analiza la prenda y se obtiene un perfil mezcla, el cual se mete en CODIS y da una coincidencia con el perfil de un sospechoso de robo con fuerza que se encuentra en la base de datos identificado como RF1810024-EIADN-M.

Se dispone de una muestra indubitada de la víctima.

Marcadores	Perfil mezcla braga	RF1810024-EIADN-M
D3S1358	15- 16	16
D1S1656	11- 13- 14- 18.3	11- 14
D2S441	11- 12- 14	12
D10S1248	12- 13- 14	12-14
D13S317	11- 12- 14	12
Penta E	11- 15	11- 15
D16S539	8- 10- 13	8- 13
D18S51	12- 13- 14- 16	12- 16
D2S1338	17- 21- 22	17- 22
CSF1PO	12- 13	12- 13
Penta D	9- 11- 13	11
TH01	6- 9	9
VWA	14- 16- 17- 20	16- 17
D21S11	28- 30- 32.2- 33.2	28- 32.2
D7S820	10- 11- 12	11
D5S818	10- 12	10- 12
TPOX	8- 9	8- 9
D8S1179	13- 14- 16	14
D12S391	17- 18- 19- 24	17- 18
D19S433	12- 13- 14.2	12- 14.2
SE33	19- 21- 30.2	19- 21
D22S1045	11- 14- 15- 16	14- 16
FGA	18- 21- 25	21- 25
D6S1043	17- 19- 20	17- 19
Amelogenina	X-Y	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:

H0	Una mujer y RF1810024-EIADN-M han contribuido a la mezcla de perfiles genéticos obtenidos en la braga
H1	Una mujer 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	
D1S1656	
D2S441	
D10S1248	
D13S317	
Penta E	
D16S539	
D18S51	
D2S1338	
CSF1PO	
Penta D	
TH01	
VWA	
D21S11	
D7S820	
D5S818	
TPOX	
D8S1179	
D12S391	
D19S433	
SE33	
D22S1045	
FGA	
D6S1043	
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 ²		

²Si 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	
D1S1656	
D2S441	
D10S1248	
D13S317	
Penta E	
D16S539	
D18S51	
D2S1338	
CSF1PO	
Penta D	
TH01	
VWA	
D21S11	
D7S820	
D5S818	
TPOX	
D8S1179	
D12S391	
D19S433	
SE33	
D22S1045	
FGA	
D6S1043	
LR Total	

4.2.5* Conclusiones

Emita una conclusión derivada de los resultados obtenidos.

--

Teniendo en cuenta el siguiente perfil de referencia de la víctima. Conteste a las siguientes preguntas

Marcadores	Víctima (V)
D3S1358	15
D1S1656	13- 18.3
D2S441	11- 14
D10S1248	13- 14
D13S317	11- 14
Penta E	11
D16S539	10- 13
D18S51	13- 14
D2S1338	21
CSF1PO	12- 13
Penta D	9- 13
TH01	6- 9
VWA	14- 20
D21S11	30- 33.2
D7S820	10- 12
D5S818	10- 12
TPOX	8- 9
D8S1179	13- 16
D12S391	19- 24
D19S433	13
SE33	21- 30.2
D22S1045	11- 15
FGA	18
D6S1043	20
Amelogenina	X

4.2.6- *Con respecto al marcador D1S1656, para el cual

- El perfil de la mezcla (M) es 11- 13- 14- 18.3
- El perfil de **RF1810024-EIADN-M** es 11-14
- El perfil de la víctima es 13-18.3

Determine la razón de máxima Verosimilitud (LR) para este marcador según las siguientes hipótesis

H0	La víctima (V) y RF1810024-EIADN-M han contribuido a la mezcla de perfiles genéticos obtenidos en la braga
H1	La víctima (V) y un desconocido tomado al azar de la población y no relacionado genéticamente con los anteriores han contribuido a la mezcla

Marcador	LR
D1S1656	

4.2.7* Con respecto a la anterior pregunta, indique las fórmulas empleadas para el cálculo de la Razón de Verosimilitud (LR) para ese marcador

- a) $1/(f_{11} * f_{14})$
- b) $1/(f_{13} * f_{18.3})$
- c) $1/(2 * f_{11} * f_{14})$
- d) $1/(2 * f_{13} * f_{18.3})$
- e) $1/(f_{11} * f_{13} * f_{14} * f_{18.3})$

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.