



GRUPO DE HABLA ESPAÑOLA Y PORTUGUESA DE LA ISFG

GRUPO DE LÍNGUAS ESPANHOLA E PORTUGUESA DA ISFG

Instituto Nacional de Toxicología
y Ciencias ForensesMINISTERIO 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

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 (2026)****FECHA LÍMITE: 15/05/2026**Ítems enviados2026/Módulo de Parentesco

M1 a M3: ítems de referencia

2026/Módulo Forense

M4: ítem dubitado forense

M5: cabello o vello

Nº de precinto

Planteamiento propuesto:**2026/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.

2026/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

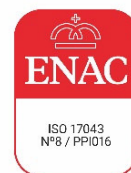
Se solicita la resolución del caso teórico planteado.

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.
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	12
5. Observaciones al presente ejercicio	16
6. Sugerencias para el próximo ejercicio	16
7. Compromisos del participante	16
Fecha y firma del responsable	16
Solicitud de certificado	16

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 2026

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 2026

1.2.2 Otra metodología para marcadores STR autosómicos y amelogénina**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 2026

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 2026

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 2026

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 2026

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 2026

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	☐	☐	☐

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

	1	2	3
M4	☐	☐	☐

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	☐	☐	☐

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 2026” proporcionada.

4.1 Estudio teórico de Parentesco

4.1.1 Planteamiento

Alberto Jr. reclama ser reconocido como hijo de un conocido empresario, el Sr. Alberto que ha fallecido. Su madre, la Sra. Pilar estuvo trabajando muchos años como secretaria de la empresa y cuando quedó embarazada del empresario fue despedida. No obstante, el empresario estuvo pagando la manutención hasta que Alberto Jr. fue mayor de edad.

El juez ve suficientes pruebas como para aceptar el trámite de la demanda a favor del reconocimiento de paternidad, y solicita una prueba de ADN. El cadáver del supuesto padre fue incinerado, pero se dispone de un bloque de parafina (FFPE) de una biopsia de la arteria coronaria, realizada en el hospital antes de este fallecer. Se obtiene un perfil genético a partir del bloque de parafina.

- Se dispone del perfil genético la Sra. Pilar (madre de Alberto Jr). No se duda que sea su madre biológica.
- Se dispone del perfil genético de Alberto Jr.
- Se dispone de un perfil genético parcial obtenido a partir de la muestra de FFPE (Sr. Alberto, Supuesto Padre).

Marcador	Sra. Pilar	Alberto Jr.	Supuesto Padre (FFPE)
D3S1358	15	14–15	14–16
D1S1656	12–15	12	12–18.3
D2S441	11–13	11–14	10–14
D10S1248	15	15	
D13S317	8-14	8–9	
D16S539	11–12	11–12	9–11
D18S51	13–17	14–17	12–14
D2S1338	19–23	17–19	
Penta D	10–15	10–15	12–15
TH01	7–9	7–8	8–9.3
VWA	15–18	18–19	17–19
D21S11	31.2–32	29–32	28–29
D8S1179	13–14	12–13	12–14
D19S433	13–16	13–15.2	14–15.2
D22S1045	14–15	14–16	15 –16
FGA	19–26	21–26	
AMELOGENINA	X	X–Y	X–Y

4.1.2 Índice de paternidad

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

H0	Sr. Alberto es el padre de Alberto Jr. (se dispone del perfil de la madre de la que no se duda)
H1	Otro hombre no relacionado genéticamente con el Sr Alberto . es su padre.

Refleje los Índices de paternidad 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
D3S1358	
D1S1656	
D2S441	
D10S1248	
D13S317	
D16S539	
D18S51	
D2S1338	
Penta D	
TH01	
VWA	
D21S11	
D8S1179	
D19S433	
D22S1045	
FGA	
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 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	IP
D3S1358	
D1S1656	
D2S441	
D10S1248	
D13S317	
D16S539	
D18S51	
D2S1338	
Penta D	
TH01	
VWA	
D21S11	
D8S1179	
D19S433	
D22S1045	
FGA	
IP TOTAL	

4.1.5 *Conclusiones y observaciones al estudio teórico de parentesco.

--

4.2 Estudio teórico Forense

4.2.1 Planteamiento

Una joven con capacidades disminuidas denuncia una agresión sexual llevada a cabo por varios individuos. Ella declara que han participado en la agresión su novio (con el que nunca había mantenido relaciones sexuales), un hermano del novio y un primo de ambos (del novio y su hermano).

Tras la exploración en el hospital, se realiza un lavado vaginal en el que se obtiene un perfil mezcla de la víctima y un varón.

Se detiene al novio (N), al hermano (H) y al primo (P) de éstos. Se les toma una muestra indubitada.
Se dispone de una muestra indubitada de la víctima.

Determinar cuál de los tres hombres es compatible con la mezcla y en base a ello realizar el cálculo de la LR.

Marcadores	Perfil mezcla lavado vaginal	Víctima	Novio	Hermano del novio	Primo de ambos
D3S1358	15-16	15-16	15-16	15-16	15-16
D1S1656	11-15-16-18.3	15-16	12-18.3	11-18.3	16-17.3
D2S441	11-14-15	14-15	10-11	11	10-11
D10S1248	13-15	13	13-15	15	13-15
D13S317	9-12-13	12-13	8	9-13	11-13
Penta E	5-12-13-14	5-14	12-13	12-13	13-17
D16S539	9-11-13	9-11	9-12	9-13	9-13
D18S51	14-15-16	14	15	15-16	14
D2S1338	17-19-20-24	19-24	17-20	17-20	20-24
CSF1PO	10-11-12	11	9-10	10-12	11
Penta D	9-13-15	9-13	9-10	9-15	9-16
TH01	6-7-9.3	6-9.3	6-7	6-7	6-9.3
vWA	17-18-19	18-19	18	17-19	15-17
D21S11	29-30.2-32.2-33.2	29-32.2	30-33.2	30.2-33.2	28-31.2
D7S820	8-10-11-12	8-10	11-12	11-12	8-10
D5S818	9-10-11	10	9-12	9-11	7-14
TPOX	8-10-12	10-12	8-11	8-12	8-9
D8S1179	12-13-15-16	12-13	12-14	15-16	14-15
D12S391	15-17.3-18	15-18	18-20	17.3-18	18
D19S433	13-14-14.2-16.2	14.2-16.2	14	13-14	13-14
SE33	14-15-16-19	15-16	11-17	14-19	15.2-20
D22S1045	14-15-16	14-15	15-16	15-16	16
FGA	19-21-22-23	19-22	21-23	21-23	21
Amelogenina	X-Y	X	X-Y	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	La víctima y el implicado (N, H o P) han contribuido a la mezcla de perfiles genéticos obtenida en el lavado vaginal.
H1	La víctima y un desconocido tomado al azar de la población y no relacionado genéticamente con los anteriores han contribuido al perfil genético mezcla

Indique el contribuyente varón en la mezcla *

Novio (N)		Hermano del novio (H)		Primo de ambos (P)	
-----------	--	-----------------------	--	--------------------	--

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	
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	
LR Total	

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.