

MINISTERIO DE LA PRESIDENCIA, JUSTICIA Y RELACIONES CON LAS CORTES

Convocatoria: Orden PJC/1534/2025, de 17 de diciembre



Pruebas selectivas para ingreso, por el sistema general de acceso libre y promoción interna, en el Cuerpo Especial de Facultativos del Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses

Segundo Ejercicio: **BIOLOGIA**

Día 18 de octubre de 2026.

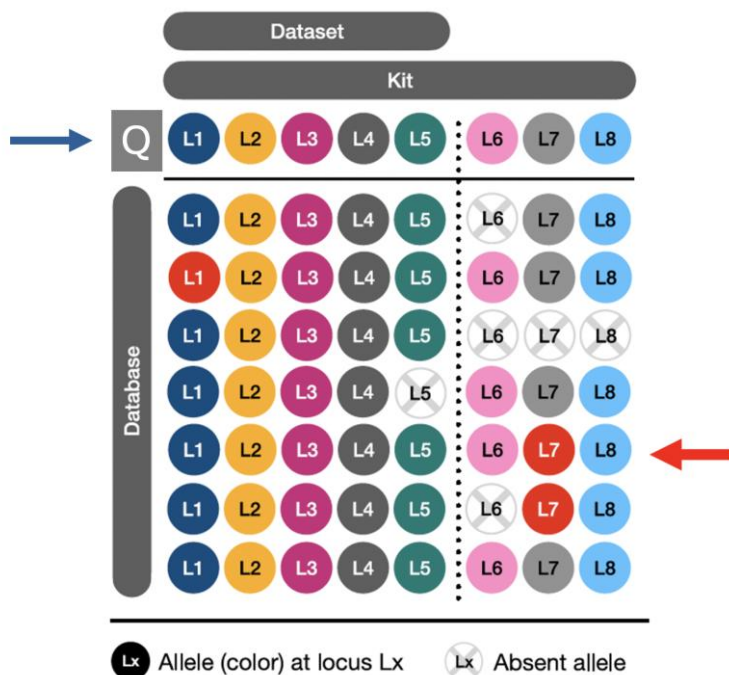
INSTRUCCIONES:

1. Utilice exclusivamente **bolígrafo negro o azul**. Lea detenidamente antes de comenzar las instrucciones que figuran al dorso de la hoja de respuestas.
 2. **NO ABRA ESTE CUESTIONARIO HASTA QUE SE LE INDIQUE.**
 3. Todas las preguntas de este cuestionario tienen el mismo valor.
 4. El cuestionario contendrá 22 preguntas, las 2 últimas de reserva.
 5. Se calificarán de 0 a 40 puntos. Sólo se calificarán las respuestas marcadas en la "Hoja de respuestas". Las preguntas acertadas se valorarán con 2 puntos; las preguntas no acertadas y aquellas que contengan respuestas múltiples descontarán 0,5 puntos; las preguntas no contestadas no serán puntuadas.
 6. Compruebe siempre que el número de respuesta que señale en la "Hoja de respuestas" es el que corresponde con el número de pregunta de este Cuestionario (de la 1 a la 22).
 7. Recuerde que el tiempo de realización de esta prueba es de 100 minutos.
- Este cuestionario es propiedad del Ministerio de la Presidencia, Justicia y Relaciones con las Cortes
 - Queda prohibida la reproducción total o parcial de este cuestionario incluso citando la procedencia.

FACULTATIVOS DEL INTCF- ESPECIALIDAD BIOLOGIA

SEGUNDO EJERCICIO

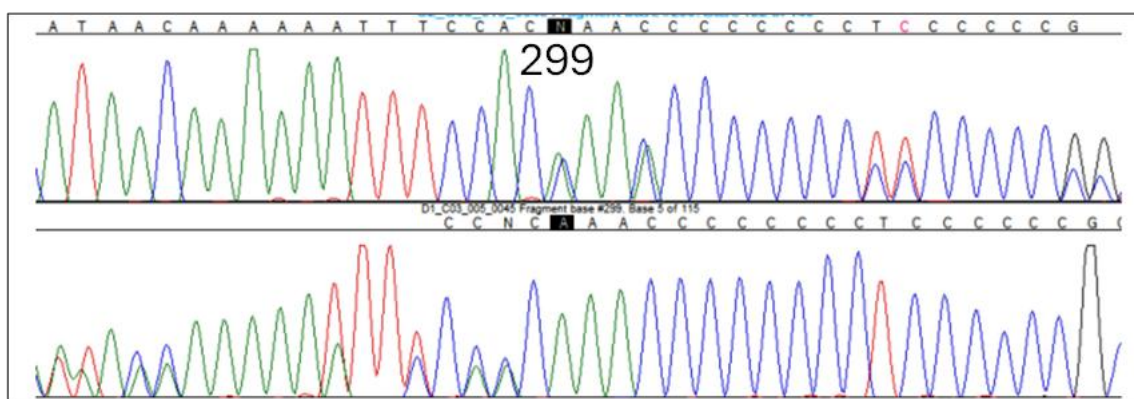
- Se lleva a cabo una búsqueda de un haplotipo de cromosoma Y en la base de datos YHRD utilizando el método “*transient search*”. A la vista de la figura adjunta, indique qué resultado se obtendría tras el cotejo de la muestra “Q” (flecha azul) con la muestra señalada (flecha roja) en el “*database*”



- Coincidencia.
- No coincidencia.
- Es un haplotipo no sometido a comparación.
- Es un tipo de búsqueda que no se puede realizar ya que el número de STRs del *dataset* y del *kit* es diferente.

2. En la imagen adjunta, la secuencia superior corresponde a la lectura forward y la inferior a la reverse de un fragmento de una secuenciación de la molécula de ADN mitocondrial. A la vista de la misma indique con que se corresponde:

- Una heteroplasmia en la posición 299.
- Una mezcla constituida por secuencias con variantes que muestran delección en la posición 299 y otras secuencias sin dicha delección.
- Heteroplasmia de longitud en el tracto 303-315.
- Ruido de fondo debido a la escasez de producto secuenciado.



3. Un laboratorio ha adquirido un equipo de cuantificación basado en real-time PCR (qPCR). Para iniciar su uso lleva a cabo una validación siguiendo las recomendaciones de ENFSI, *Guideline for internal validation/verification of various aspects of the DNA profiling process, 2023*. Entre los parámetros estudiados por el laboratorio, se analiza los efectos del tipo de la matriz sobre la cuantificación de ADN. Para ello, se incluye el ensayo con elementos como colágeno, melanina, hemoglobina e iones de calcio. Además, se lleva a cabo una prueba de homogeneidad de temperaturas entre los pocillos del bloque y se calcula el límite de detección. Indique la respuesta correcta:

- Además, para evaluar el efecto de la matriz las recomendaciones de ENFSI incluye el ensayo con ácidos húmicos.
- Las recomendaciones de ENFSI no incluyen la evaluación de la homogeneidad entre pocillos como un parámetro requerido.
- Según lo incluido en las recomendaciones ENFSI, el análisis del efecto de la matriz no es un parámetro requerido para validar equipos de qPCR.
- El límite de detección es necesario que tenga como punto inicial de la serie de diluciones la de 5ng/ul.

4. En el contexto de una agresión sexual, se le toma una muestra vaginal a una víctima (V), la cual relata que previamente a la agresión mantuvo relaciones sexuales consentidas con su pareja (P). La policía cuenta con un individuo sospechoso (S) del que se dispone de perfil genético. Como resultados de los análisis, se detecta en el laboratorio una mezcla de perfiles genéticos y se asume la presencia de tres contribuyentes. Para llevar a cabo el cálculo del LR, indique qué pareja de hipótesis plantearía, asumiendo la contribución de V y P:

a) $H_0 = V+P+D^*$

$H_1 = V+P+S.$

b) $H_0 = V+2D$

$H_1 = V+P+D.$

c) $H_0 = V+P+D$

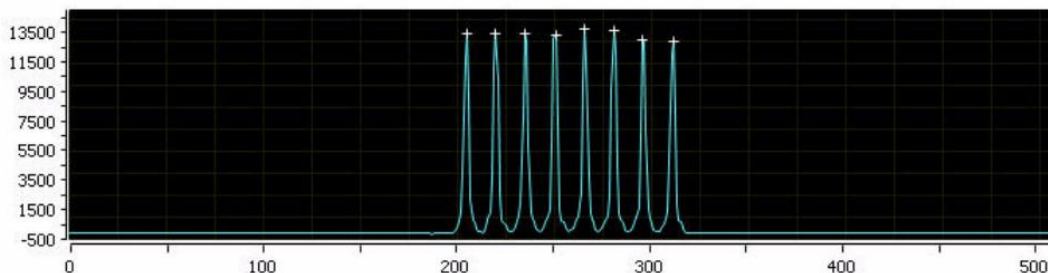
$H_1 = V +2D.$

d) $H_0 = V+P+S$

$H_1 = V+P+D.$

D*= desconocido

5. Indique con que se corresponde la imagen inferior:



- a) Perfil correspondiente a una calibración espectral en un equipo ABI 3500 de 8 capilares.
- b) Perfil correspondiente a una calibración espacial en un equipo ABI 3500 de 8 capilares.
- c) Perfil correspondiente a una calibración espectral saturada en un equipo ABI 3500 de 8 capilares.
- d) Perfil correspondiente a una calibración biespacial en un equipo ABI 3500 de 8 capilares.

6. La tabla adjunta muestra un detalle de un registro obtenido a partir de un equipo de qPCR, ABI PRISM 7500, como resultado de un ensayo (por triplicado) de tres concentraciones de ADN (0,02, 0,2 y 2 ng/ul) de un estándar de cantidad de ADN. A la vista del dato referente a la columna “C_T”, se podría asegurar que la curva estándar obtenida:

View Plate Layout

View Well Table

Select Wells With: - Select Item - - Select Item -

Show in Table ▼

Group By ▼

Expand All

Collapse All

#	Well	Omit	Flag	Sample Na...	Target Name	Task	Dyes	Ct	Ct Mean	Ct SD	Quantity	Normaliz...	Normaliz...
GAPDH - NTC													
1	A4	☐			GAPDH	NTC	FAM-NFQ-MGB	Undetermined					
2	A5	☐			GAPDH	NTC	FAM-NFQ-MGB	Undetermined					
3	A6	☐			GAPDH	NTC	FAM-NFQ-MGB	Undetermined					
GAPDH - STANDARD - 0.02													
4	D10	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	33.15889	33.04322	0.1	0.02		
5	D11	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	32.98368	33.04322	0.1	0.02		
6	D12	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	32.98709	33.04322	0.1	0.02		
GAPDH - STANDARD - 0.2													
7	D7	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	29.626238	29.70095	0.065	0.2		
8	D8	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	29.729017	29.70095	0.065	0.2		
9	D9	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	29.747599	29.70095	0.065	0.2		
GAPDH - STANDARD - 2.0													
10	D4	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	26.369404	26.396555	0.025	2		
11	D5	☐			GAPDH	STANDARD	FAM-NFQ-MGB	26.418335	26.396555	0.025	2		

- a) Es correcta, ya que los valores de C_T oscilan entre >8 y <35.
b) Es incorrecta, ya que debería obtenerse al menos un punto con un valor C_T superior a 36).
c) Los resultados aconsejan volver a correr el estándar de cantidad.
d) Es incorrecta ya que los datos muestran valores de C_T invertidos, es decir, a la cantidad de 0,02 ng/ul le correspondería un valor inferior a la del standard de 2 ng/ul.
7. En el contexto de una agresión sexual, se obtiene el perfil genético de una mancha de semen para un marcador STR (L1). El resultado del mismo es 12-13-14-15, se asume una mezcla aportada por dos contribuyentes. Por otro lado, existe un sospechoso (S1) cuyo genotipo para L1 es 12-12. Considerando el siguiente par de hipótesis H1 y H2, calcular el valor de LR para el marcador L1:

Datos:

H1: La mancha de semen proviene de un hijo de S1 y de un desconocido.

H2= La mancha de semen proviene de dos desconocidos.

f12=0,25 f13=0,25 f14=0.25 f15=0,25.

- a) LR = 4.
b) LR = 2.
c) LR = 1.
d) LR = 100.

8. Un hijo es concebido como resultado de una agresión sexual. Se dispone de los genotipos para el marcador STR (L1) de la madre (M), el hijo (H) y el presunto padre (S1). Considerando las hipótesis H1 y H2 calcular el valor del LR para el marcador L1.

Datos:

H1: Un hermano de S1 es el padre del hijo.

H2= S1 no tiene relación con el padre de hijo.

$f_{12}=0,25$ $f_{13}=0,25$ $f_{14}=0,25$ $f_{15}=0,25$

STR	Madre	Hijo	Presunto padre
L1	10-14	10-15	14-15

- a) $LR= 1,5$.
- b) $LR=2$.
- c) $LR=1,25$.
- d) $LR= 0,5$.

9. Un laboratorio lleva a cabo un cálculo del umbral estocástico para un determinado kit empleando un secuenciador automático. Para ello, se realizan diluciones seriadas (1, 0,5, 0,25, 0,125, 0,063, 0,031, 0,016 ng/ul) a partir de una concentración inicial (1ng/ul) de ADN. Se triplica la amplificación de las distintas concentraciones. Como resultado del tipaje genético de dichas concentraciones de ADN, se obtiene el siguiente mapa de calor (*heatmap*). En base a los resultados obtenidos y los datos aportados a continuación indique que valor de los propuestos podría asignarse como umbral estocástico (en *Relative Fluorescence Units*, RFUs).

Datos:

Umbral analítico (UA) = 50 RFUs.

Perfil esperado = primera fila sombreada de gris del mapa de calor.

Datos explicativos de la tabla en la siguiente leyenda.

	Perfil completo
	Perfil completo con desequilibrio heterocigotos
	Drop in
	Pérdida alélica (valores RFU del pico restante)
	Pérdida alélica del locus
	Homocigotos

Mapa de calor (*heatmap*)



- a) Entre 100 y 300.
b) 400.
c) 197.
d) La media de los valores de RFUs obtenidos (137).

10. En el laboratorio se obtiene un haplotipo de STRs de cromosoma Y que es coincidente con el haplotipo de un sospechoso. Para llevar a cabo el cálculo de la frecuencia haplotípica se emplea una estimación estadística mediante el coeficiente κ (kappa) en la base de datos de haplotipos YHRD. Con los datos aportados en la tabla adjunta calcule el valor del LR.

Datos:

- Tamaño de la base de datos de referencia: $N = 12.500$ haplotipos.
 - El haplotipo de interés no aparece ninguna vez en la base de datos.
 - En esa base de datos hay 5000 haplotipos que aparecen representados una única vez (*singletons*).
- a) $LR = 41666$.
b) $LR = 2300$.
c) $LR = 0,4$.
d) $LR = 20833$.

11. Para un locus STR (L1) se ha obtenido el siguiente perfil genético ficticio (obsérvese que no aparecen picos *stutter*) (gráfico 1) con la distribución en valores RFU desglosada por alelo que indica la tabla 1. Adicionalmente, se sabe que dicha mezcla está constituida por 5 contribuyentes (tabla 2) con los detalles que se aportan. A la vista de los datos, indique la proporción teórica en la que se presentan los distintos contribuyentes a la mezcla (según el orden que aparece en la tabla 2).

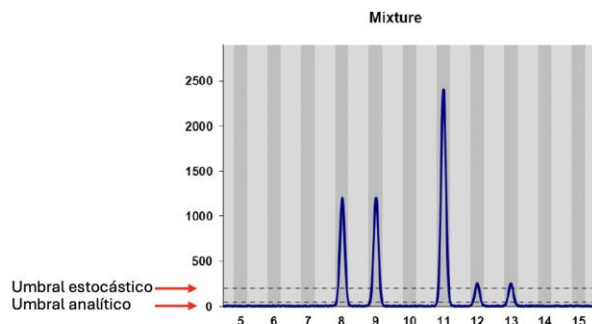


Grafico 1

Bin	RFU
8	1200
9	1200
11	2400
12	250
13	250

Tabla 1

	Contributor 1	Contributor 2	Contributor 3	Contributor 4	Contributor 5
Genotype	8,11	11,11	9,9	9,12	9,13
RFU	1200, 1200	1200	600	300, 250	300, 250
PHR	100%	N/A	N/A	83%	83%

Tabla 2

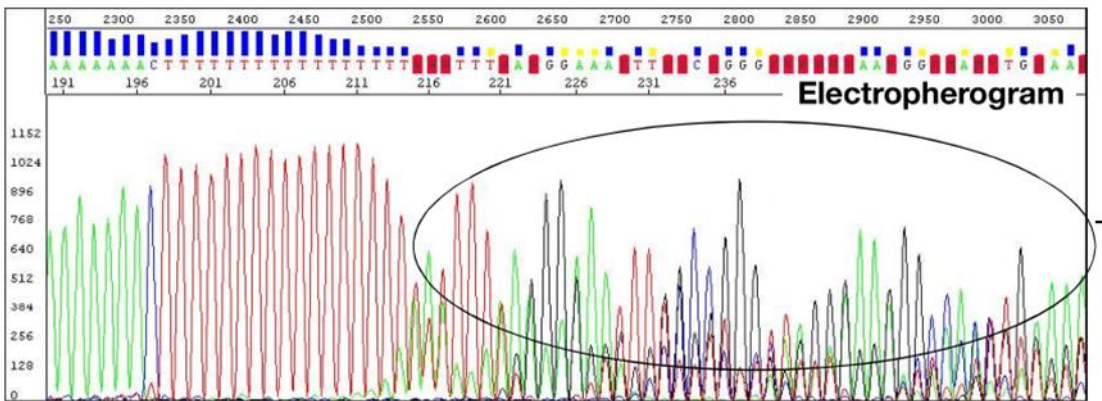
- a) 5:3:2:1:1.
b) 4:4:1:1:1.
c) 4:2:1:0,9:0,9.
d) 4:2:2:1:1.

12. En un test para la detección de PSA humana basado en una reacción antígeno-anticuerpo se observa el siguiente resultado (figura 1). Indique que tipo de anticuerpo genera la banda T (TEST) de color rojo.



Figura 1

- a) Anticuerpo monoclonal anti-IgE humano (inmovilizado).
 - b) Anticuerpo monoclonal anti-PSA humano (libre).
 - c) Anticuerpo monoclonal murino anti-PSA humano (inmovilizado).
 - d) Anticuerpo policlonal anti-PSA humano (inmovilizado).
- 13. A continuación, se muestra un fragmento del electroferograma resultante de un análisis de secuenciación. Identifique la causa que ocasiona el espacio marcado con un círculo en la figura adjunta.**



- a) Se debe al tracto homopolimérico (Poli-T) que precede la zona marcada
- b) Es un efecto de degradación.
- c) Se debe a un exceso de producto amplificado.
- d) Se debe a una deficiente purificación de reactivos empleados durante la secuenciación.

14. Identifique con qué se corresponde la letra “A” de la siguiente fórmula matemática:

$$\underbrace{\frac{Pr(H_1 | I)}{Pr(H_2 | I)}}_A \times \underbrace{\frac{Pr(E | H_1, I)}{Pr(E | H_2, I)}}_B = \underbrace{\frac{Pr(H_1 | E, I)}{Pr(H_2 | E, I)}}_C$$

H1: hipótesis del fiscal

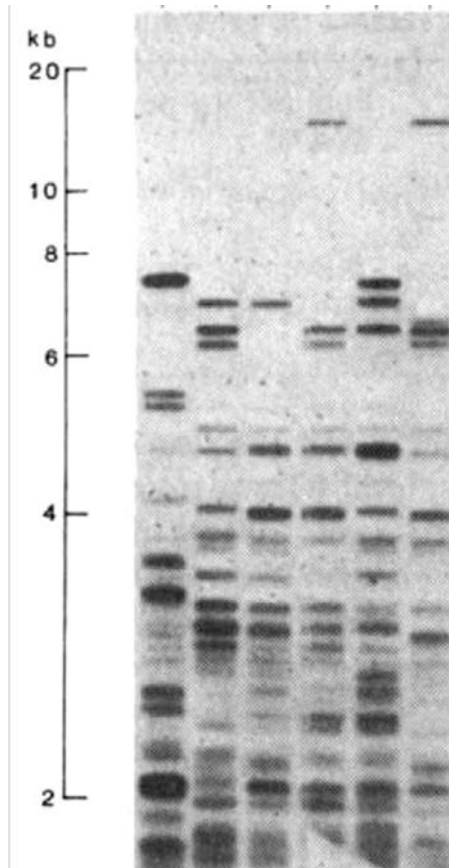
H2: hipótesis de la defensa

I: indicios

E: perfil genético

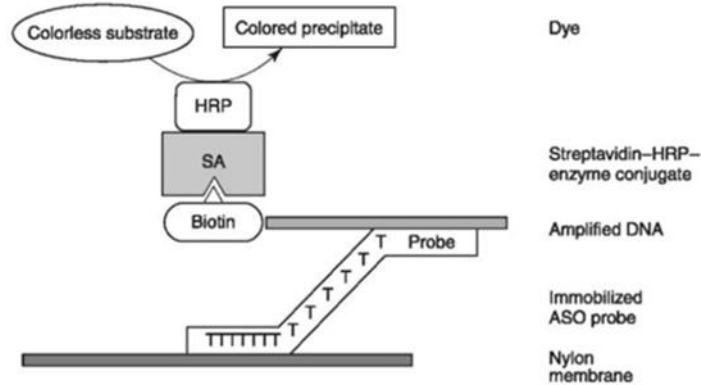
- a) Likelihood ratio.
- b) Prior odds.
- c) Posterior odds.
- d) Average odds.

15. Identifique que visualiza la imagen adjunta.

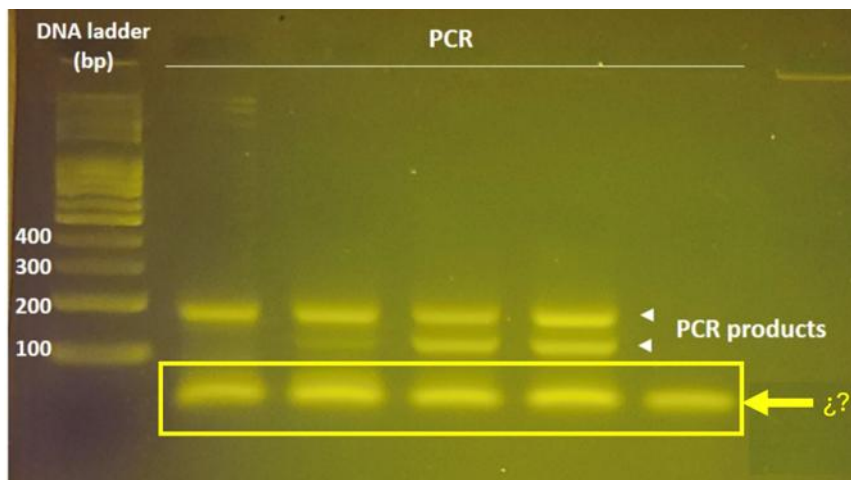


- a) ADN degradado.
- b) Técnica RFLP (*Restriction Fragments Length Polymorphism*) con sondas multi-locus.
- c) Técnica RFLP (*Restriction Fragments Length Polymorphism*) con sondas uni-locus.
- d) Técnica AmpFLPs (*Amplified Fragments Length Polymorphism*).

16. La imagen adjunta representa un método de detección empleado para analizar ciertos polimorfismos alélicos. Indique con cuál de los siguientes polimorfismos se ha empleado dicha técnica.

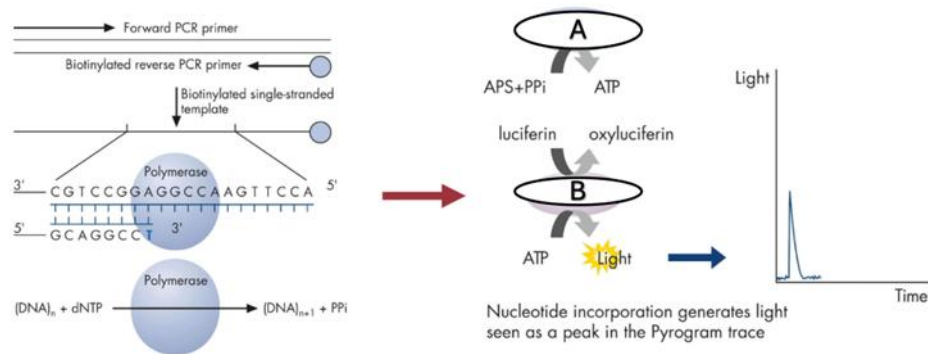


- a) Análisis de citocromo b para determinación de especie.
 b) VNTRs (*variable number tandem repeats*).
 c) Sistema HLA-DQ alfa.
 d) Polimorfismos en el gen del ARN ribosomal 23S.
17. La imagen adjunta representa un gel de agarosa (revelado) para la detección de productos de amplificación por PCR. Identificar con que se corresponde las bandas encuadradas en amarillo y señaladas con la flecha de color amarillo.



- a) Bandas stutter.
 b) Dimeros de cebadores (*primer-dimer*).
 c) Bandas -A.
 d) Bandas correspondientes a heterodúplex.

18. Algunas químicas de MPS (*Massive Parallel Sequencing*) se basan en el principio de la pirosecuenciación para llevar a cabo la reacción de secuenciación. Identifique en la imagen adjunta con que enzimas se corresponden las letras “A” y “B”.



- a) A= fosforilasa y B= sulfurilasa.
- b) A= atepasa y B= oxil-luciferasa.
- c) A= fosforilasa y B= oxil-luciferasa.
- d) A= sulfurilasa y B=luciferasa.

- 19. Según lo recogido en el documento sobre gestión de bases de datos de ADN emitido por ENFSI (*European Network Forensic Science Institutes*) en 2023 (*GUIDELINE FOR DNA DATABASE MANAGEMENT REVIEW AND RECOMMENDATIONS*) en lo referido a modos de búsqueda de bases de datos, se plantea el siguiente supuesto:**

Un laboratorio dispone de un perfil y emplea la base de datos CODIS para llevar a cabo dicha comparación, para ello emplea distintas modalidades de búsqueda (llamadas strigencies en software CODIS). A la vista de la tabla adjunta identifique el resultado esperado (coincidencia/no coincidencia). Se ha simplificado la búsqueda a un solo marcador STR (L1).

	STR (L1)	Strigency		
Perfil buscado	15-16	High	Moderate	Low
Perfiles candidatos	15-17	A	B	C
	15-16-17	D	E	F

- a) A= Coincidencia.
B= No coincidencia.
C= Coincidencia.
D= No coincidencia.
E= No coincidencia.
F= No Coincidencia.
- b) A= Coincidencia.
B= No coincidencia.
C= Coincidencia.
D= No coincidencia.
E= No coincidencia.
F= Coincidencia.
- c) A= No Coincidencia.
B= No coincidencia.
C= No Coincidencia.
D= No coincidencia.
E= No coincidencia.
F= Coincidencia.
- d) A= No coincidencia.
B= No coincidencia.
C= Coincidencia.
D= No coincidencia.
E= Coincidencia.
F= Coincidencia.

20. Un laboratorio de genética forense decide calcular la probabilidad de *drop-in* de manera empírica. Un extracto de los resultados se muestra en la tabla adjunta. Considerando que el umbral analítico obtenido en la validación interna de un kit comercial de 24 marcadores STRs es de 50 RFUs y han sido analizados 68 controles negativos cuyos resultados arrojan 51 registros (recuadro rojo) por encima del umbral analítico, indique cual sería la probabilidad de *drop-in*.

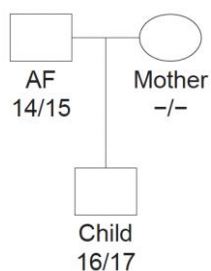
Sample File	Sample Name	AMEL	Height	D3S1358	Height	D151656	Height	D2S441	Height	D10S1248	Height	D13S317	Height	Penta E	Height	D16S539	Height	D18S5
02.bl-060213-9_B01.fsa	02.bl-060213-9	Y,	53,															
02.bl-080213-1_B01.fsa	02.bl-080213-1																	
02.bl-260313-3_B01.fsa	02.bl-260313-3															5,	75,	
02.bl-280213-1_B01.fsa	02.bl-280213-1															13,	52,	
03.bl-180213-2_C01.fsa	03.bl-180213-2																	
03.bl-190213-2_C01.fsa	03.bl-190213-2																	
03.bl-270213-3_C01.fsa	03.bl-270213-3																	

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S
58.bl-220213-62_B08.fsa	58.bl-220213-62																	
59.bl-130213-40_C08.fsa	59.bl-130213-40																	
60.bl-060313-61_D08.fsa	60.bl-060313-61																	
61.bl-250213-58_D08.fsa	61.bl-250213-58																	
62.bl-280213-60_D08.fsa	62.bl-280213-60																	
62.bl-050313-60_F08.fsa	62.bl-050313-60																	
64.bl-070313-62_H08.fsa	64.bl-070313-62	X,	51,															
65.bl-140213-68_A09.fsa	65.bl-140213-68	X,	60,															
66.bl-210313-72_D09.fsa	66.bl-210313-72							11,	82,					10,	97,	12,	149,	
74.bl-140313-79_B10.fsa	74.bl-140313-79																	
75.bl-080213-73_C10.fsa	75.bl-080213-73																	
77.bl-180213-75_E10.fsa	77.bl-180213-75									13,	63,					12,	53,	
TOTAL		68	51															

- a) 0,45.
 b) 0,001.
 c) 0,045.
 d) 0,031.

PREGUNTAS DE RESERVA

21. Se trata la investigación de un caso de paternidad en ausencia de madre. Se asume un modelo de mutación “equal probability” (todas las mutaciones posibles tienen idéntica probabilidad). La tasa de mutación para ese marcador STR es $\mu = 0,007$ (para varones y mujeres). Calcule el valor del LR para dicho STR.



Allele	Frequency
14	0.072
15	0.082
16	0.212
17	0.292
18	0.222
19	0.097
20	0.02
21	0.003

- a) 0,0234.
- b) 0,00407.
- c) 0,00307.
- d) 0,00031.

-

- a) En la esta región analizada (la que incluye la posición 263), la profundidad de lectura es muy baja (aproximadamente 200 lecturas) en relación con el resto de la secuencia, considerando que dicho valor es inferior al estándar internacional establecido (1000 lecturas) no se pueden emitir conclusiones.
- b) Los resultados son concluyentes al ser coincidentes los haplotipos obtenidos del pelo y del investigado. La detección de la mutación 263G en el pelo no se tiene en cuenta dado que para esa posición la profundidad de lecturas está por debajo del umbral analítico estandarizado internacionalmente.
- c) Dada sólo esta región, se puede concluir que el haplotipo del investigado no es coincidente con el haplotipo del pelo, con lo que se descarta que pueda pertenecer a él.
- d) Los resultados son inconcluyentes, ya que en el haplotipo del investigado no se detecta la mutación 263G.