



MINISTERIO
DE LA PRESIDENCIA, JUSTICIA
Y RELACIONES CON LAS CORTES

INSTITUTO NACIONAL DE TOXICOLOGÍA Y CIENCIAS FORENSES DEPARTAMENTO DE MADRID REGISTRO	
FECHA	02-06-2026
Nº SALIDA	12.808



S/REF.

N/REF.

FECHA 02/06/2026

ASUNTO CIRCULAR INFORMATIVA

**SERVICIO DE INFORMACIÓN A AFECTADOS POR
LA POSIBLE SUSTRACCIÓN DE RECIÉN NACIDOS**

**C/ SAN BERNARDO N.º 21, 2ª PLANTA
28015 MADRID**

**CIRCULAR INFORMATIVA PARA EL SERVICIO DE INFORMACIÓN A
AFECTADOS POR LA POSIBLE SUSTRACCIÓN DE RECIÉN NACIDOS**

La presente circular tiene por objeto informar sobre las importantes limitaciones que presenta la búsqueda de compatibilidades genéticas entre solo dos posibles hermanos biológicos en la base de datos de *Perfiles de ADN de personas afectadas por la sustracción de recién nacidos* gestionada por el Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses (en adelante, INTCF). **Esta circular actualiza y sustituye íntegramente a la emitida con fecha 21 de enero de 2014.**

Actualmente, la base de datos de *Perfiles de ADN de personas afectadas por la sustracción de recién nacidos* está integrada mayoritariamente por perfiles genéticos de marcadores STR autosómicos, dado que es el único tipo de perfil aportado por la totalidad de las personas inscritas. Conviene recordar que cada progenitor comparte con su hijo o hija biológico/a al menos un alelo en cada uno de los marcadores analizados, lo que permite detectar con relativa facilidad compatibilidades genéticas propias de una relación paternofilial o maternofilial entre dos personas.

No obstante, es importante señalar que, por azar, dos personas hermanas de padre y madre pueden no compartir ningún alelo en un marcador autosómico concreto si cada una hereda de sus progenitores precisamente los dos alelos (de los cuatro posibles) que la otra no recibe. Del mismo modo, también por azar, dos personas sin relación biológica pueden compartir uno o ambos alelos en varios o incluso en todos los marcadores genéticos analizados.

Como consecuencia, en la investigación de una relación de hermandad biológica, aumenta la incidencia tanto de falsos negativos como de falsos positivos, lo que limita la capacidad de obtener conclusiones sólidas sin la participación de otros familiares o el análisis de marcadores genéticos complementarios (como, por ejemplo, marcadores STR del cromosoma Y, específicos de varón, que se heredan por línea paterna, o ADN mitocondrial, que se hereda por línea materna). Lógicamente, la dificultad se incrementa aún más cuando la relación investigada es de medio hermandad.

De acuerdo con las [Recomendaciones sobre los estudios de identificación genética en casos de adopciones irregulares y sustracción de recién nacidos](#) (documento aprobado en el Pleno de la Comisión Nacional para el Uso Forense del ADN de fecha 16 de mayo de 2012):

“Los familiares más adecuados para proceder a la identificación de hijos adoptados irregularmente, por orden de prioridad, son los siguientes: ambos progenitores, un solo progenitor más otro familiar de línea complementaria (ejemplo: padre y un familiar materno,



N/REF.

FECHA 02/06/2026

madre y un familiar paterno), hermanos varones de padre y madre (2 o más es lo más apropiado), hermanas de padre y madre (2 o más es lo más apropiado), otros familiares que compartan la línea paterna o la línea materna.”

Por tanto, se recomienda que, en todos aquellos casos en los que la persona afectada por una posible sustracción de recién nacido busque a un/a hermano/a biológico/a, se le informe de esta dificultad y se valoren las siguientes posibilidades:

1. Obtención de muestras de los progenitores: es recomendable la obtención de muestras y perfiles de ADN de los progenitores biológicos (padre y/o madre) del presunto recién nacido sustraído, ya que son muestras más apropiadas para la búsqueda de compatibilidades en la base de datos de ADN. En caso de progenitores fallecidos, se recomienda valorar la posibilidad de recuperar muestras *ante mortem* procedentes del ámbito familiar u hospitalario (que deberían ser autenticadas mediante cotejo con los perfiles genéticos de alguno de sus descendientes directos) o de proceder a la exhumación del cadáver.

2. Obtención de perfiles de otros hermanos biológicos: si no es posible obtener muestras de los progenitores y solo se dispone del perfil de ADN de hermanos (preferiblemente de padre y madre), se recomienda remitir los perfiles de ADN del máximo número posible de hermanos/as para su registro en la base de datos. En el caso de que se busque a un hermano varón, resulta especialmente útil disponer de perfiles de hermanos varones que permitan realizar el cotejo mediante marcadores STR de cromosoma Y, complementando así las posibles compatibilidades observadas con STR autosómicos.

Si, tras valorar las opciones anteriores, finalmente solo se dispone de un/a hermano/a, se recomienda registrar en la base de datos tanto los marcadores STR autosómicos como el haplotipo de ADN mitocondrial y, en el caso de varones, también el haplotipo de marcadores STR del cromosoma Y. Esta recomendación se extiende igualmente a todas las personas adoptadas que buscan a sus familiares biológicos, ya que el registro de estos marcadores incrementa la eficacia de las búsquedas cuando en la base de datos no figuran los progenitores biológicos, sino uno o más hermanos/as.

Por último, en caso de que exista la posibilidad de que la relación investigada sea de medio hermandad (solo por parte materna o paterna), es imprescindible comunicarlo al INTCF, ya que es necesario ajustar los parámetros de la búsqueda en la base de datos de ADN a dicha circunstancia para evitar el riesgo de obtener falsos negativos derivados de un modelo de parentesco incorrecto.

En Las Rozas de Madrid, a 2 de junio de 2026

Fdo. Jorge Fernández González
Director del INTCF