

**Fwd: Anexos Complementares as Contrarrazões - EDITAL DE LICITAÇÃO - PE - SECOP/SEAC
PREGÃO ELETRÔNICO/SRP N.º 046/2024-TJAM**

1 mensagem

Carlos Jesus <carlos.jesus@conlicitacao.com.br>

7 de outubro de 2024 às 18:06

Para: colic@tjam.jus.br, Weliconbiocroma@gmail.com, Exames DNA <examesdna@gmail.com>

AO EGRÉGIO TRIBUNAL DE JUSTIÇA DO ESTADO DO AMAZONAS

A/C Ilmo(a). Sr(a). Pregoeiro(a) e Equipe de Apoio

Ref.: EDITAL DE LICITAÇÃO - PE - SECOP/SEAC PREGÃO ELETRÔNICO/SRP N.º 046/2024-TJAM

BIOCROMA CLINICA DE EXAMES DE DNA LTDA., pessoa jurídica de direito privado devidamente inscrita no CNPJ sob o no 09.001.104/0001-95, sediada na *Avenida Castelo Branco, no 915, Quadra 02, Lote 112, Setor Coimbra, cidade de Goiânia, Estado de Goiás, CEP 74.530-010*, com supedâneo no item 16.2 do edital, na Lei Federal 14.133/21 e nas demais legislações aplicáveis, por intermédio de seu representante legal subscrito ao final, vem, *“data máxima vênia”*, à augusta presença de Vossa Senhoria e da nobre Equipe de Apoio, solicitar a inclusão **dos ANEXOS COMPLEMENTARES AS CONTRARRAZÕES** que já foi protocolizada no portal www.compras.gov.br no dia 07/10/2024 em face das alegações sofistas trazidas à baila pela proponente **PERITOSLAB FORENSE LTDA.** sob a forma de recurso administrativo.

Devido à limitação de tamanho do arquivo no portal, foi necessário enviar os anexos complementares por e-mail. Conforme previsto na página 1 do edital, as informações adicionais devem ser enviadas exclusivamente para o e-mail colic@tjam.jus.br.

No entanto, é imprescindível que os anexos sejam avaliados por Vossa Senhoria, uma vez que corroboram com a tese defendida pela Recorrida.

Aproveito a oportunidade para externar protestos de elevada estima e distinta consideração, peço a gentileza que confirme o recebimento do e-mail.

Atenciosamente,

KAIRO GABRIEL CECILIANO SILVA

REPRESENTANTE LEGAL

CPF nº 082.879.501-04

 **Laudos_.zip**
3862K

PARECER DO LABORATÓRIO BIOCROMA À SOLICITAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

Nº DE REGISTRO INTERNO: [REDACTED]

CADASTRO:

ESPECIFICAÇÃO	NOME	CÓDIGO IDENTIFICAÇÃO
Filho(a) Investigante	[REDACTED]	026854_FI
Suposto Pai	[REDACTED]	026854_SP
DADOS COMPLEMENTARES		
TIPO EXAME	VARA / COMARCA	
Extrajudicial	51ª Promotoria de Justica / Goiania-GO	
DADOS COLETA		
DATA	RESPONSÁVEL	AMOSTRA BIOLÓGICA
14/07/2017	[REDACTED]	Papel FTA
MUNICÍPIO	INSTITUIÇÃO SOLICITANTE	ESTADO
Goiania	Poder Judiciario	GO

Declaramos que todas as cópias da documentação dos envolvidos ou de seus representantes legais, termos de consentimento e as assinaturas e/ou impressões digitais ficam registradas e armazenadas em arquivo junto ao Laboratório Biocroma.

DESCRITIVO METODOLÓGICO:

A análise do DNA de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento de ácidos nucleicos e PCR.

Foram seguidos protocolos específicos de investigação de vínculo genético tomando-se como base as publicações da AABB (American Association of Blood Banks) que são aplicados no rigoroso padrão de qualidade do FBI (Federal Bureau of Investigation), observando *loci* altamente polimórficos do DNA.

Os *loci* amplificados são detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através do equipamento ABI 3500 Genetic Analyzer – Applied Biosystems / Hitachi, que determina excelente precisão das análises.

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de três (3) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o (a) filho (a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a).

Ressalta-se que a conclusão desta investigação depende da correta informação quanto à inexistência de parentesco entre a mãe e o suposto pai, bem como da inexistência de outro suposto pai que seja parente próximo do indivíduo analisado.

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, a frequência do alelo paterno obrigatório, o poder de exclusão e os índices de paternidade calculados correspondentes a cada locus genético.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 026854GNA14072017VGN

Região	Filho(a)		Suposto Pai		F.A.P.		P.E.	I.P.
D3S1358	16	16	16	17	0,270	0,000	0,5325	1,8497
D1S1656	14	17	13	17	0,000	0,042	0,9187	6,0241
D2S441	11	14	11	15	0,289	0,000	0,5061	0,8663
D10S1248	13	14	13	14	0,270	0,305	0,1807	1,7458
D13S317	9	11	9	13	0,082	0,000	0,8432	3,0586
Penta_E	8	10	10	13	0,000	0,072	0,8610	3,4667
D16S539	8	9	8	11	0,024	0,000	0,9523	10,3618
D18S51	13	20	13	20	0,109	0,029	0,7437	10,8990
D2S1338	18	23	19	23	0,000	0,135	0,7481	1,8505
CSF1PO	10	12	12	12	0,000	0,302	0,4866	1,6532
Penta_D	13	17	8	17	0,000	0,001	0,9974	188,9645
TH01	6	9	6	9	0,211	0,163	0,3921	2,7214
vWA	15	18	15	17	0,138	0,000	0,7431	1,8117
D21S11	29	31	29	31	0,208	0,077	0,5112	4,4516
D7S820	12	12	7	12	0,161	0,000	0,7033	3,0981
D5S818	10	11	10	13	0,062	0,000	0,8801	4,0418
TPOX	8	8	8	10	0,456	0,000	0,2961	1,0968
D8S1179	9	13	9	12	0,009	0,000	0,9812	26,5139
D12S391	17	19	17	19	0,096	0,170	0,5389	4,0756
D19S433	14	14,2	12	14	0,262	0,000	0,5446	0,9542
FGA	17	23	23	25	0,000	0,149	0,7237	1,6747
D22S1045	10	17	17	17	0,000	0,120	0,7737	4,1528
AMELOGENINA	XX		XY		-	-	-	1,00

I.C.P. = 2.521.538.109.266,8900 P.P. = 99,999999999603% P.E. = 99,999999999999%

I.P. = Índice de Paternidade I.C.P. = Índice Combinado de Paternidade P.P. = Probabilidade de Paternidade F.A.P. = Frequência do Alelo Paterno P.E. = Poder Exclusão
Banco de Frequência alélica próprio. Probabilidade a priori de 0,5

CONCLUSÃO:

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, a detecção de, pelo menos, um alelo de origem paterna obrigatório presente no suposto pai em todos os loci analisados, bem como os índices obtidos e descritos acima, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] pode ser considerado **PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiânia-GO, quarta-feira, 19 de julho de 2017


MSc. Ricardo Goulart Rodvalho
- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

PARECER DO LABORATÓRIO BIOCROMA À SOLICITAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

Nº DE REGISTRO INTERNO: [REDACTED]

CADASTRO:

ESPECIFICAÇÃO	NOME	CÓDIGO IDENTIFICAÇÃO
Mãe do(a) Investigante	[REDACTED]	020311_M
Filho(a) Investigante	[REDACTED]	020311_FI
Suposto Pai	[REDACTED]	020311_SP
DADOS COMPLEMENTARES		
TIPO EXAME	VARA / COMARCA	OFICIO
Extrajudicial	Defensoria Publica do Estado da Bahia (Comarca de Juazeiro)	[REDACTED]
DADOS COLETA		
DATA	RESPONSÁVEL	AMOSTRA BIOLÓGICA
18/10/2016	[REDACTED]	Swab Bucal

Declaramos que todas as cópias da documentação dos envolvidos ou de seus representantes legais, termos de consentimento e as assinaturas e/ou impressões digitais ficam registradas e armazenadas em arquivo junto ao Laboratório Biocroma.

DESCRITIVO METODOLÓGICO:

A análise do DNA de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento de ácidos nucleicos e PCR.

Foram seguidos protocolos específicos de investigação de vínculo genético tomando-se como base as publicações da AABB (American Association of Blood Banks) que são aplicados no rigoroso padrão de qualidade do FBI (Federal Bureau of Investigation), observando *loci* altamente polimórficos do DNA.

Os *loci* amplificados são detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através do equipamento ABI 3500 Genetic Analyzer – Applied Biosystems / Hitachi, que determina excelente precisão das análises.

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de três (3) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o (a) filho (a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a).

Ressalta-se que a conclusão desta investigação depende da correta informação quanto à inexistência de parentesco entre a mãe e o suposto pai, bem como da inexistência de outro suposto pai que seja parente próximo do indivíduo analisado.

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, a frequência do alelo paterno obrigatório, o poder de exclusão e os índices de paternidade calculados correspondentes a cada locus genético.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 020311GNA04112016VGN

Região	Mãe do(a) Investigante		Filho(a)		Suposto Pai		F.A.P.		P.E.	I.P.
D3S1358	17	17	16	17	15	16	0,270	0,000	0,5325	1,8497
D1S1656	15,3	16	15	15,3	15	17,3	0,159	0,000	0,7078	3,1506
D2S441	11	11	11	14	14	14	0,000	0,261	0,5469	3,8388
D10S1248	12	13	12	13	13	16	0,061	0,270	0,4481	1,5124
D13S317	11	13	13	13	11	13	0,126	0,000	0,7631	3,9550
Penta_E	7	14	7	19	11	19	0,000	0,014	0,9719	35,3832
D16S539	11	14	12	14	12	12	0,256	0,000	0,5535	3,9056
D18S51	12	18	12	13	13	13	0,000	0,109	0,7947	9,2139
D2S1338	16	17	16	23	17	23	0,000	0,135	0,7481	3,7010
CSF1PO	10	12	10	10	10	11	0,262	0,000	0,5441	1,9057
Penta_D	10	10	8	10	8	12	0,051	0,000	0,9010	9,8416
TH01	8	9	9	9	9	9	0,163	0,000	0,7013	6,1515
vWA	18	19	17	18	17	18	0,255	0,000	0,5553	1,9620
D21S11	29	30	28	30	28	30,2	0,159	0,000	0,7067	3,1374
D7S820	10	11	8	11	8	8	0,157	0,000	0,7105	6,3660
D5S818	12	14	12	13	13	13	0,000	0,174	0,6815	5,7315
TPOX	8	11	8	8	8	11	0,456	0,000	0,2961	1,0968
D8S1179	14	16	14	16	11	14	0,251	0,034	0,5119	1,7575
D12S391	19	20	18,3	20	17,3	18,3	0,014	0,000	0,9714	34,7222
D19S433	13	14,2	14,2	15	13	15	0,000	0,139	0,7417	3,6023
FGA	20	21	20	23	22	23	0,000	0,149	0,7237	3,3493
D22S1045	16	16	16	16	15	16	0,329	0,000	0,4506	1,5211
AMELOGENINA	XX		XX		XY		-	-	-	1,00

I.C.P. = 20.071.960.080.449,8000 P.P. = 99,99999999995% P.E. = 99,999999999937%

I.P. = Índice de Paternidade I.C.P. = Índice Combinado de Paternidade P.P. = Probabilidade de Paternidade F.A.P. = Frequência do Alelo Paterno P.E. = Poder Exclusão
Banco de Frequência alélica próprio. Probabilidade a priori de 0,5

CONCLUSÃO:

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, a detecção de, pelo menos, um alelo de origem paterna obrigatório presente no suposto pai em todos os loci analisados, bem como os índices obtidos e descritos acima, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] pode ser considerado **PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiânia-GO, segunda-feira, 21 de novembro de 2016


MSc. Ricardo Goulart Rodvalho
- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

PARECER DO LABORATÓRIO BIOCROMA À SOLICITAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

Nº DE REGISTRO INTERNO: [REDACTED]

CADASTRO:

ESPECIFICAÇÃO	NOME	CÓDIGO IDENTIFICAÇÃO
Mãe do(a) Investigante	[REDACTED]	029715_M
Filho(a) Investigante	[REDACTED]	029715_FI
Suposto Pai	[REDACTED]	029715_SP
DADOS COMPLEMENTARES		
TIPO EXAME	VARA / COMARCA	OFICIO
Extrajudicial	Defensoria Publica do Estado da Bahia (Comarca de Vitoria da Conquista)	[REDACTED]
DADOS COLETA		
DATA	RESPONSÁVEL	AMOSTRA BIOLÓGICA
28/09/2017	[REDACTED]	Papel FTA

Declaramos que todas as cópias da documentação dos envolvidos ou de seus representantes legais, termos de consentimento e as assinaturas e/ou impressões digitais ficam registradas e armazenadas em arquivo junto ao Laboratório Biocroma.

DESCRITIVO METODOLÓGICO:

A análise do DNA de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento de ácidos nucleicos e PCR.

Foram seguidos protocolos específicos de investigação de vínculo genético tomando-se como base as publicações da AABB (American Association of Blood Banks) que são aplicados no rigoroso padrão de qualidade do FBI (Federal Bureau of Investigation), observando *loci* altamente polimórficos do DNA.

Os *loci* amplificados são detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através do equipamento ABI 3500 Genetic Analyzer – Applied Biosystems / Hitachi, que determina excelente precisão das análises.

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de três (3) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o (a) filho (a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a).

Ressalta-se que a conclusão desta investigação depende da correta informação quanto à inexistência de parentesco entre a mãe e o suposto pai, bem como da inexistência de outro suposto pai que seja parente próximo do indivíduo analisado.

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, o índice de paternidade calculado correspondente a cada locus genético e as regiões onde ocorreram exclusões de paternidade ou mutações dos perfis analisados.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 029715GNA13102017VGN

Região	Mãe do(a) Investigante		Filho(a)		Suposto Pai		I.P. / Exclusões
D3S1358	15	16	15	17	14	16	EXCLUSÃO
D1S1656	12	15	15	16	15	16	3,7651
D2S441	10	10	10	10	14	14	EXCLUSÃO
D10S1248	13	13	13	13	13	13	3,7023
D13S317	12	13	9	13	11	11	EXCLUSÃO
Penta E	8	15	14	15	13	23	EXCLUSÃO
D16S539	11	13	11	13	11	12	1,1282
D18S51	14	15	15	17	17	18	4,1012
D2S1338	19	22	17	22	18	24	EXCLUSÃO
CSF1PO	12	13	12	13	10	13	1,3656
Penta D	12	13	11	12	9	14	EXCLUSÃO
TH01	6	9,3	9,3	9,3	7	7	EXCLUSÃO
vWA	18	19	17	19	18	19	EXCLUSÃO
D21S11	30	31,2	28	31,2	30	30	EXCLUSÃO
D7S820	9	11	9	10	9	10	1,8180
D5S818	12	13	11	12	12	13	EXCLUSÃO
TPOX	7	8	8	11	8	9	EXCLUSÃO
D8S1179	14	15	13	15	15	15	EXCLUSÃO
D12S391	18	19	19	23	21	22	EXCLUSÃO
D19S433	14	15	13	15	14	14	EXCLUSÃO
SE33	16	27,2	17	27,2	18	23,2	EXCLUSÃO
FGA	23	24	23	25	21	27	EXCLUSÃO
D22S1045	15	15	15	15	11	16	EXCLUSÃO
AMELOGENINA	XX		XY		XY		1,00

I.P. = Índice de Paternidade

CONCLUSÃO:

De acordo com 23 loci analisados para os participantes envolvidos e baseados nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observados 17 loci de exclusão alélica entre os perfis genéticos do(a) filho(a) [REDACTED] e do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, bem como o percentual de exclusões alélicas acima apresentadas, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] **NÃO PODE SER CONSIDERADO O PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiânia-GO, quinta-feira, 26 de outubro de 2017



MSc. Ricardo Goulart Rodvalho
- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, a frequência do alelo paterno obrigatório, o poder de exclusão e os índices de paternidade calculados correspondentes a cada locus genético.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 026855GNA14072017VGN

Região	Filho(a)		Suposto Pai		F.A.P.		P.E.	I.P.
D3S1358	14	15	15	16	0,000	0,291	0,5027	0,8591
D1S1656	16	17,3	15	16	0,133	0,000	0,7520	1,8825
D2S441	10	11	10	11	0,261	0,289	0,2028	1,8237
D10S1248	14	17	14	15	0,305	0,000	0,4833	0,8202
D13S317	12	14	12	14	0,293	0,048	0,4335	6,0360
Penta_E	13	15	11	15	0,000	0,062	0,8799	4,0350
D16S539	12	13	12	12	0,256	0,000	0,5535	1,9528
D18S51	13	13	13	20	0,109	0,000	0,7947	4,6069
D2S1338	19	26	19	20	0,126	0,000	0,7648	1,9920
CSF1PO	10	13	10	13	0,262	0,064	0,4542	4,8783
Penta_D	11	15	11	15	0,157	0,019	0,6789	14,5626
TH01	6	9	6	9	0,211	0,163	0,3921	2,7214
vWA	16	18	17	18	0,000	0,170	0,6886	1,4693
D21S11	24,2	31,2	28	31,2	0,000	0,090	0,8283	2,7813
D7S820	8	10	8	10	0,157	0,275	0,3225	2,5005
D5S818	12	13	12	13	0,346	0,174	0,2296	2,1546
TPOX	9	9	8	9	0,124	0,000	0,7672	4,0285
D8S1179	13	13	13	14	0,279	0,000	0,5203	1,7943
D12S391	18	19	18	19	0,188	0,170	0,4124	2,8019
D19S433	13	13	13	15,2	0,249	0,000	0,5634	2,0048
FGA	21	23	21	21	0,151	0,000	0,7207	3,3095
D22S1045	15	15	15	16	0,361	0,000	0,4090	1,3870
AMELOGENINA	XY		XY		-	-	-	1,00

I.C.P. = 837.684.899,1230 P.P. = 99,999998806234% P.E. = 99,999999954637%

I.P. = Índice de Paternidade I.C.P. = Índice Combinado de Paternidade P.P. = Probabilidade de Paternidade F.A.P. = Frequência do Alelo Paterno P.E. = Poder Exclusão
Banco de Frequência alélica próprio. Probabilidade a priori de 0,5

CONCLUSÃO:

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, a detecção de, pelo menos, um alelo de origem paterna obrigatório presente no suposto pai em todos os loci analisados, bem como os índices obtidos e descritos acima, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] pode ser considerado **PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED]

Goiânia-GO, quarta-feira, 19 de julho de 2017


MSc. Ricardo Goulart Rodvalho
- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

PARECER DO LABORATÓRIO BIOCROMA À SOLICITAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

Nº DE REGISTRO INTERNO: [REDACTED]

CADASTRO:

ESPECIFICAÇÃO	NOME	CÓDIGO IDENTIFICAÇÃO
Mãe do(a) Investigante	[REDACTED]	020580_M
Filho(a) Investigante	[REDACTED]	020580_FI
Suposto Pai	[REDACTED]	020580_SP
DADOS COMPLEMENTARES		
TIPO EXAME	VARA / COMARCA	PROCESSO
Judicial	Projeto Pai Presente / Valparaíso de Goiás-GO	[REDACTED]
DADOS COLETA		
DATA	RESPONSÁVEL	AMOSTRA BIOLÓGICA
31/10/2016	[REDACTED]	Papel FTA
MUNICÍPIO	INSTITUIÇÃO SOLICITANTE	ESTADO
Valparaíso de Goiás	Poder Judiciário	GO

Declaramos que todas as cópias da documentação dos envolvidos ou de seus representantes legais, termos de consentimento e as assinaturas e/ou impressões digitais ficam registradas e armazenadas em arquivo junto ao Laboratório Biocroma.

DESCRIPTIVO METODOLÓGICO:

A análise do DNA de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento de ácidos nucleicos e PCR.

Foram seguidos protocolos específicos de investigação de vínculo genético tomando-se como base as publicações da AABB (American Association of Blood Banks) que são aplicados no rigoroso padrão de qualidade do FBI (Federal Bureau of Investigation), observando *loci* altamente polimórficos do DNA.

Os *loci* amplificados são detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através do equipamento ABI 3500 Genetic Analyzer – Applied Biosystems / Hitachi, que determina excelente precisão das análises.

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de três (3) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o (a) filho (a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a).

Ressalta-se que a conclusão desta investigação depende da correta informação quanto à inexistência de parentesco entre a mãe e o suposto pai, bem como da inexistência de outro suposto pai que seja parente próximo do indivíduo analisado.

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, o índice de paternidade calculado correspondente a cada locus genético e as regiões onde ocorreram exclusões de paternidade ou mutações dos perfis analisados.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 020580GNA09112016VGN

Região	Mãe do(a) Investigante		Filho(a)		Suposto Pai		I.P. / Exclusões
D3S1358	17	17	15	17	15	16	1,7183
D1S1656	11	16	11	17,3	12	18,3	EXCLUSÃO
D2S441	10	10	10	11	11,3	14	EXCLUSÃO
D10S1248	13	17	13	15	12	14	EXCLUSÃO
D13S317	11	14	8	14	11	12	EXCLUSÃO
Penta_E	8	13	13	15	10	15	8,0700
D16S539	9	12	12	12	9	12	1,9528
D18S51	16	20	16	17	15	15	EXCLUSÃO
D2S1338	19	19	18	19	25	25	EXCLUSÃO
CSF1PO	12	12	11	12	10	12	EXCLUSÃO
Penta_D	12	12	10	12	11	12	EXCLUSÃO
TH01	7	9,3	8	9,3	7	9	EXCLUSÃO
vWA	16	16	16	16	17	17	EXCLUSÃO
D21S11	29	30	30	31,2	28	32,2	EXCLUSÃO
D7S820	8	10	8	11	8	11	2,1154
D5S818	9	11	11	12	11	11	EXCLUSÃO
TPOX	8	11	11	12	11	11	EXCLUSÃO
D8S1179	11	13	11	15	12	15	3,6145
D12S391	17	20	17	22	18	20	EXCLUSÃO
D19S433	13	15	12	15	13	14	EXCLUSÃO
FGA	20	22	20	24	24	26	3,3128
D22S1045	11	17	11	12	15	17	EXCLUSÃO
AMELOGENINA	XX		XY		XY		1,00

I.P. = Índice de Paternidade

CONCLUSÃO:

De acordo com 22 loci analisados para os participantes envolvidos e baseados nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observados 16 loci de exclusão alélica entre os perfis genéticos do(a) filho(a) [REDACTED] e do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, bem como o percentual de exclusões alélicas acima apresentadas, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] **NÃO PODE SER CONSIDERADO O PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiânia-GO, quarta-feira, 16 de novembro de 2016



MSc. Ricardo Goulart Rodvalho
- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

PARECER DO LABORATÓRIO BIOCROMA À SOLICITAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

Nº DE REGISTRO INTERNO: [REDACTED]

CADASTRO:

ESPECIFICAÇÃO	NOME	CÓDIGO IDENTIFICAÇÃO
Mãe do(a) Investigante	[REDACTED]	029706_M
Filho(a) Investigante	[REDACTED]	029706_FI
Suposto Pai	[REDACTED]	029706_SP
DADOS COMPLEMENTARES		
TIPO EXAME	VARA / COMARCA	OFICIO
Extrajudicial	Defensoria Publica do Estado da Bahia (Comarca de Ilheus)	[REDACTED]
DADOS COLETA		
DATA	RESPONSÁVEL	AMOSTRA BIOLÓGICA
27/09/2017	[REDACTED]	Papel FTA

Declaramos que todas as cópias da documentação dos envolvidos ou de seus representantes legais, termos de consentimento e as assinaturas e/ou impressões digitais ficam registradas e armazenadas em arquivo junto ao Laboratório Biocroma.

DESCRITIVO METODOLÓGICO:

A análise do DNA de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento de ácidos nucleicos e PCR.

Foram seguidos protocolos específicos de investigação de vínculo genético tomando-se como base as publicações da AABB (American Association of Blood Banks) que são aplicados no rigoroso padrão de qualidade do FBI (Federal Bureau of Investigation), observando *loci* altamente polimórficos do DNA.

Os *loci* amplificados são detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através do equipamento ABI 3500 Genetic Analyzer – Applied Biosystems / Hitachi, que determina excelente precisão das análises.

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de três (3) loci que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o (a) filho (a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os loci analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a).

Ressalta-se que a conclusão desta investigação depende da correta informação quanto à inexistência de parentesco entre a mãe e o suposto pai, bem como da inexistência de outro suposto pai que seja parente próximo do indivíduo analisado.

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, o índice de paternidade calculado correspondente a cada locus genético e as regiões onde ocorreram exclusões de paternidade ou mutações dos perfis analisados.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 029706GNA13102017VGN

Região	Mãe do(a) Investigante		Filho(a)		Suposto Pai		I.P. / Exclusões
D3S1358	16	17	17	18	15	15	EXCLUSÃO
D1S1656	15	19	15	19	14	17,3	EXCLUSÃO
D2S441	11	13	13	14	10	11,3	EXCLUSÃO
D10S1248	13	14	13	15	13	14	EXCLUSÃO
D13S317	12	12	12	13	9	12	EXCLUSÃO
Penta E	8	16	15	16	11	18	EXCLUSÃO
D16S539	11	12	11	13	12	13	3,2361
D18S51	18	20	16	18	12	17	EXCLUSÃO
D2S1338	23	24	23	24	16	23	2,3010
CSF1PO	7	11	11	12	10	13	EXCLUSÃO
Penta D	2,2	9	9	10	8	9	EXCLUSÃO
TH01	6	6	6	7	7	9,3	2,0794
vWA	17	18	16	18	15	16	1,9229
D21S11	29	30	29	30	31	32	EXCLUSÃO
D7S820	11	11	10	11	8	10	1,8180
D5S818	11	12	11	13	12	12	EXCLUSÃO
TPOX	8	11	8	10	8	8	EXCLUSÃO
D8S1179	13	14	11	14	13	14	EXCLUSÃO
D12S391	15	18	18	20	17	17	EXCLUSÃO
D19S433	12,2	15	12,2	14,2	14	16	EXCLUSÃO
SE33	18	19	19	25,2	18	32,2	EXCLUSÃO
FGA	23	26	23	25	22	23	EXCLUSÃO
D22S1045	15	16	15	16	15	16	1,4510
AMELOGENINA	XX		XX		XY		1,00

I.P. = Índice de Paternidade

CONCLUSÃO:

De acordo com 23 loci analisados para os participantes envolvidos e baseados nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observados 17 loci de exclusão alélica entre os perfis genéticos do(a) filho(a) [REDACTED] e do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, bem como o percentual de exclusões alélicas acima apresentadas, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] **NÃO PODE SER CONSIDERADO O PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiânia-GO, quinta-feira, 26 de outubro de 2017



MSc. Ricardo Goulart Rodvalho
- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, o índice de paternidade calculado correspondente a cada locus genético e as regiões onde ocorreram exclusões de paternidade ou mutações dos perfis analisados.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 026853GNA14072017VGN

Região	Mãe do(a) Investigante		Filho(a)		Suposto Pai		I.P. / Exclusões
D3S1358	15	17	15	17	15	16	1,0116
D1S1656	14	15	15	16	14	15	EXCLUSÃO
D2S441	11	14	11	11	10	10	EXCLUSÃO
D10S1248	15	16	12	16	13	15	EXCLUSÃO
D13S317	9	12	12	13	12	13	3,9550
Penta_E	8	13	5	8	7	11	EXCLUSÃO
D16S539	9	13	9	9	11	11	EXCLUSÃO
D18S51	17	17	14	17	15	15	EXCLUSÃO
D2S1338	16	19	16	19	17	17	EXCLUSÃO
CSF1PO	10	11	10	11	8	12	EXCLUSÃO
Penta_D	2,2	12	2,2	10	9	13	EXCLUSÃO
TH01	7	8	6	7	7	9,3	EXCLUSÃO
vWA	15	18	18	19	14	18	EXCLUSÃO
D21S11	28	30	28	28	29	30	EXCLUSÃO
D7S820	12	13	11	13	8	10	EXCLUSÃO
D5S818	13	13	12	13	10	13	EXCLUSÃO
TPOX	9	11	11	11	8	11	1,8147
D8S1179	10	13	10	16	12	15	EXCLUSÃO
D12S391	19	21	19	19	18	19	2,9429
D19S433	13	15	13	15	14,2	16	EXCLUSÃO
FGA	20	21	20	23	20	22	EXCLUSÃO
D22S1045	10	16	10	15	11	16	EXCLUSÃO
AMELOGENINA	XX		XX		XY		1,00

I.P. = Índice de Paternidade

CONCLUSÃO:

De acordo com 22 loci analisados para os participantes envolvidos e baseados nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observados 18 loci de exclusão alélica entre os perfis genéticos do(a) filho(a) [REDACTED] e do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, bem como o percentual de exclusões alélicas acima apresentadas, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] **NÃO PODE SER CONSIDERADO O PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiania-GO, quarta-feira, 19 de julho de 2017



MSc. Ricardo Goulart Rodvalho

- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

PARECER DO LABORATÓRIO BIOCROMA À SOLICITAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

Nº DE REGISTRO INTERNO: [REDACTED]

CADASTRO:

ESPECIFICAÇÃO	NOME	CÓDIGO IDENTIFICAÇÃO
Mãe do(a) Investigante	[REDACTED]	031273_M
Filho(a) Investigante	[REDACTED]	031273_FI
Suposto Pai	[REDACTED]	031273_SP
DADOS COMPLEMENTARES		
TIPO EXAME	VARA / COMARCA	
Extrajudicial	Projeto Pai Presente / Aparecida de Goiania-GO	
DADOS COLETA		
DATA	RESPONSÁVEL	AMOSTRA BIOLÓGICA
09/11/2017	[REDACTED]	Papel FTA
MUNICÍPIO	INSTITUIÇÃO SOLICITANTE	ESTADO
Aparecida de Goiania	Poder Judiciario	GO

Declaramos que todas as cópias da documentação dos envolvidos ou de seus representantes legais, termos de consentimento e as assinaturas e/ou impressões digitais ficam registradas e armazenadas em arquivo junto ao Laboratório Biocroma.

DESCRIPTIVO METODOLÓGICO:

A análise do DNA de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento de ácidos nucleicos e PCR.

Foram seguidos protocolos específicos de investigação de vínculo genético tomando-se como base as publicações da AABB (American Association of Blood Banks) que são aplicados no rigoroso padrão de qualidade do FBI (Federal Bureau of Investigation), observando *loci* altamente polimórficos do DNA.

Os *loci* amplificados são detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através do equipamento ABI 3500 Genetic Analyzer – Applied Biosystems / Hitachi, que determina excelente precisão das análises.

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de três (3) loci que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o (a) filho (a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os loci analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a).

Ressalta-se que a conclusão desta investigação depende da correta informação quanto à inexistência de parentesco entre a mãe e o suposto pai, bem como da inexistência de outro suposto pai que seja parente próximo do indivíduo analisado.

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, a frequência do alelo paterno obrigatório, o poder de exclusão e os índices de paternidade calculados correspondentes a cada locus genético.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 031273GNA05122017VGN

Região	Mãe do(a) Investigante		Filho(a)		Suposto Pai		F.A.P.		P.E.	I.P.
D3S1358	14	15	14	17	15	17	0,000	0,203	0,6348	2,4597
D1S1656	14	16	14,3	16	14,3	17,3	0,009	0,000	0,9821	55,5556
D2S441	10	16	12	16	10	12	0,073	0,000	0,8591	6,8399
D10S1248	10	12	10	14	14	14	0,000	0,305	0,4833	3,2808
D13S317	8	12	9	12	9	11	0,082	0,000	0,8432	6,1173
Penta E	5	8	8	13	7	13	0,000	0,113	0,7868	4,4259
D16S539	9	12	9	11	11	12	0,000	0,289	0,5060	1,7320
D18S51	16	18	12	16	12	16	0,121	0,000	0,7724	4,1282
D2S1338	17	24	21	24	21	26	0,049	0,000	0,9040	10,1626
CSF1PO	11	11	9	11	9	12	0,033	0,000	0,9354	15,2161
Penta D	2,2	14	14	14	9	14	0,060	0,000	0,8837	8,3433
TH01	7	8	7	7	7	8	0,240	0,000	0,5769	2,0794
vWA	15	17	16	17	16	18	0,260	0,000	0,5476	1,9229
D21S11	30	30	28	30	28	30	0,159	0,000	0,7067	3,1374
D7S820	8	10	9	10	9	10	0,121	0,000	0,7735	4,1483
D5S818	10	11	10	11	11	12	0,062	0,329	0,3710	1,2790
TPOX	11	11	9	11	9	9	0,124	0,000	0,7672	8,0569
D8S1179	12	13	13	14	11	14	0,000	0,251	0,5612	1,9931
D12S391	18	22	19	22	15	19	0,170	0,000	0,6891	2,9429
D19S433	14	14	12	14	12	15,2	0,100	0,000	0,8093	4,9801
SE33	18	18	17	18	17	18	0,070	0,000	0,8649	7,1429
FGA	19	24	23	24	19,2	23	0,149	0,000	0,7237	3,3493
D22S1045	12	14	12	16	11	16	0,000	0,329	0,4506	1,5211
AMELOGENINA	XX		XX		XY		-	-	-	1,00

I.C.P. = 436.610.404.067.712,0000 P.P. = 99,9999999999998% P.E. = 99,999999999999%

I.P. = Índice de Paternidade I.C.P. = Índice Combinado de Paternidade P.P. = Probabilidade de Paternidade F.A.P. = Frequência do Alelo Paterno P.E. = Poder Exclusão
Banco de Frequência alélica próprio. Probabilidade a priori de 0,5

CONCLUSÃO:

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, a detecção de, pelo menos, um alelo de origem paterna obrigatório presente no suposto pai em todos os loci analisados, bem como os índices obtidos e descritos acima, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED] pode ser considerado **PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiânia-GO, sexta-feira, 15 de dezembro de 2017



MSc. Ricardo Goulart Rodvalho
- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D

PARECER DO LABORATÓRIO BIOCROMA À SOLICITAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

Nº DE REGISTRO INTERNO: [REDACTED]

CADASTRO:

ESPECIFICAÇÃO	NOME	CÓDIGO IDENTIFICAÇÃO
Mãe do(a) Investigante	[REDACTED]	020315_M
Filho(a) Investigante	[REDACTED]	020315_FI
Suposto Pai	[REDACTED]	020315_SP
DADOS COMPLEMENTARES		
TIPO EXAME	VARA / COMARCA	PRÉ - PROCESSO
Extrajudicial	Projeto Pai Presente / Campos Belos- GO	[REDACTED]
DADOS COLETA		
DATA	RESPONSÁVEL	AMOSTRA BIOLÓGICA
21/10/2016	[REDACTED]	Papel FTA
MUNICÍPIO	INSTITUIÇÃO SOLICITANTE	ESTADO
Campos Belos	Poder Judiciario	GO

Declaramos que todas as cópias da documentação dos envolvidos ou de seus representantes legais, termos de consentimento e as assinaturas e/ou impressões digitais ficam registradas e armazenadas em arquivo junto ao Laboratório Biocroma.

DESCRIPTIVO METODOLÓGICO:

A análise do DNA de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento de ácidos nucleicos e PCR.

Foram seguidos protocolos específicos de investigação de vínculo genético tomando-se como base as publicações da AABB (American Association of Blood Banks) que são aplicados no rigoroso padrão de qualidade do FBI (Federal Bureau of Investigation), observando *loci* altamente polimórficos do DNA.

Os *loci* amplificados são detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através do equipamento ABI 3500 Genetic Analyzer – Applied Biosystems / Hitachi, que determina excelente precisão das análises.

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de três (3) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o (a) filho (a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a).

Ressalta-se que a conclusão desta investigação depende da correta informação quanto à inexistência de parentesco entre a mãe e o suposto pai, bem como da inexistência de outro suposto pai que seja parente próximo do indivíduo analisado.

RESULTADOS:

A tabela abaixo mostra a representação numérica das regiões de DNA analisadas dos envolvidos no exame, o índice de paternidade calculado correspondente a cada locus genético e as regiões onde ocorreram exclusões de paternidade ou mutações dos perfis analisados.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 020315GNA04112016VGN

Região	Mãe do(a) Investigante		Filho(a)		Suposto Pai		I.P. / Exclusões
D3S1358	15	17	15	18	15	16	EXCLUSÃO
D1S1656	13	17,3	13	17,3	13	15	2,2432
D2S441	10	11	10	11	10	11	1,8192
D10S1248	12	14	12	12	14	14	EXCLUSÃO
D13S317	11	11	9	11	11	11	EXCLUSÃO
Penta_E	7	12	7	14	5	10	EXCLUSÃO
D16S539	9	9	9	13	12	13	3,2361
D18S51	12	20	12	14	16	20	EXCLUSÃO
D2S1338	17	17	17	25	17	19	EXCLUSÃO
CSF1PO	10	12	10	11	10	11	1,7031
Penta_D	11	12	2,2	12	10	13	EXCLUSÃO
TH01	6	7	7	8	9	9,3	EXCLUSÃO
vWA	17	18	18	18	15	17	EXCLUSÃO
D21S11	27	29	29	29	31	32,2	EXCLUSÃO
D7S820	10	10	10	12	11	12	3,0981
D5S818	13	13	13	13	11	11	EXCLUSÃO
TPOX	10	11	8	11	8	11	1,0968
D8S1179	12	13	12	12	15	17	EXCLUSÃO
D12S391	17	20	17	21	15	23	EXCLUSÃO
D19S433	13	13	12,2	13	14	14,2	EXCLUSÃO
FGA	21	24	16,1	21	24	25	EXCLUSÃO
D22S1045	11	16	11	16	15	16	1,1631
AMELOGENINA	XX		XX		XY		1,00

I.P. = Índice de Paternidade

CONCLUSÃO:

De acordo com 22 loci analisados para os participantes envolvidos e baseados nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observados 15 loci de exclusão alélica entre os perfis genéticos do(a) filho(a) [REDACTED] e do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação dos envolvidos, a procedência das amostras analisadas, bem como o percentual de exclusões alélicas acima apresentadas, conclui-se que o Suposto Pai [REDACTED]

[REDACTED] **NÃO PODE SER CONSIDERADO O PAI BIOLÓGICO** do(a) filho(a) [REDACTED].

Goiânia-GO, quinta-feira, 10 de novembro de 2016



MSc. Ricardo Goulart Rodvalho

- Responsável Técnico -
CRBio 62129/4-D



PODER JUDICIÁRIO

Corregedoria-Geral da Justiça do Estado de Goiás

ATESTADO DE CAPACIDADE TÉCNICA

O Tribunal de Justiça do Estado de Goiás, inscrito no CNPJ nº 02.292.266/0001-80, por meio do Programa Pai Presente, situado na Av. Assis Chateaubriand, nº 195, Setor Oeste, Goiânia/GO, atesta para os devidos fins, que o Laboratório BIOCROMA Clínica de Exames de DNA Ltda, com CNPJ nº 09.001.104/0001-95, sediado na Avenida Castelo Branco, nº 915, Setor Coimbra, Goiânia/GO, atualmente sob a responsabilidade técnica do Dr. Ricardo Gourlat Rodovalho - CRBio 62129/4-D, fornece serviços na área de Genética Humana há 12 anos relacionados a exames de investigação de vínculo genético pela análise de DNA com eficiência e prestatividade desde 2016, realizando mais de 8.000 exames na área de Investigação de Paternidade (DNA).

Atestamos que tais fornecimentos ou prestação de serviços foram executados satisfatoriamente. Não existe em nossos registros, até esta data, fatos que desabonem sua conduta e responsabilidade com as obrigações assumidas.

Goiânia, 04 de outubro de 2024.

Maria Madalena de Sousa
Gerente Administrativo
do Programa Pai Presente

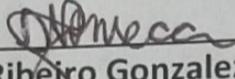
M^a Madalena de Sousa – Gerente Administrativo do Programa Pai Presente CGJ/GO
Assinatura e carimbo

ATESTADO DE CAPACIDADE TÉCNICA

A Defensoria Pública do Estado da Bahia atesta para fins de habilitação em processo licitatório, que o laboratório BIOCROMA, com CNPJ nº 09.001.104/0001-95, sediado na Avenida Castelo Branco ao número 915, Setor Coimbra, CEP: 74.530-010 no município de Goiânia/GO, sobre a responsabilidade do Dr. Ricardo Goulart Rodovalho, ao qual realiza exames laboratoriais de vínculo genético (exames de DNA), que tem por finalidade atender as solicitações emanadas de autoridades da Defensoria Pública do Estado da Bahia (capital e interior), decorrentes de processos judiciais e extrajudiciais de investigação de paternidade/maternidade e investigação de paternidade/maternidade POST MORTEM, cujos requerentes e/ou investigados se encontrem auspicados pelos benefícios da justiça gratuita. Desde o ano de 2016, até a presente data.

Atestamos ainda, que os serviços vêm sendo prestados cumprindo o Contrato firmado com padrões de qualidade pactuados, não havendo até o momento nada que desabone a reputação profissional, tendo realizado aproximadamente 10.781 exames na modalidade TRIO, 2.134 exames na modalidade DUO e 2.645 exames na modalidade Espólio, totalizando em 15.560 exames de investigação de vínculo genético.

Salvador, 07 de outubro de 2024.



Donila Ribeiro Gonzalez de Sá Fonseca
Coordenadora Executiva das Defensorias Públicas Especializadas

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	25/04/1992
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	03/09/2022
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	25/05/1990

Informações	Dados Complementares
Tipo	JUDICIAL
Proc./Ofício	[REDACTED]
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	12/08/2024
Conveniado	TRIBUNAL DE JUSTIÇA DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	PROJETO PAI PRESENTE DE ANÁPOLIS/GO

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 61267

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	Y	X	X	
AMEL	X	Y	X	Y	X	X	-
D3S1358	15	17	15	16	15	16	0.838002
D1S1656	16	17.3	15	16	13	15	3.953569
D2S441	11	14	11	14	10	11	1.976785
D10S1248	15	15	14	15	14	16	4.865943
D13S317	8	12	8	11	9	11	5.453217
PentaE	11	12	12	13	10	13	3.139402
D16S539	11	11	11	11	11	12	3.702346
D18S51	13	16	16	17	12	17	3.605865
D2S1338	17	19	17	19	19	23	2.308978
CSF1PO	10	12	10	11	11	11	1.911914
PentaD	9	12	9	9	9	13	2.300003
TH01	7	9.3	7	9.3	7	9.3	2.106567
vWA	18	20	15	20	15	18	30.750307
D21S11	29	31.2	31.2	32.2	30	32.2	4.751091
D7S820	11	11	11	11	10	11	4.130593
D5S818	12	13	11	12	11	12	0.745454
TPOX	11	12	10	11	10	11	1.432082
D8S1179	13	13	9	13	9	13	3.475674
D12S391	20	22	18	20	18	19.1	3.385332
D19S433	13	15.2	13	14	14	14	1.895548
SE33	14	17	17	23.2	23.2	27.2	7.141939
D22S1045	11	16	11	17	17	17	4.876669
FGA	22	24	19	24	19	19	3.109549
DYS391	11	11	11	11	-	-	-
DYS576	19	19	19	19	-	-	-
DYS570	20	20	20	20	-	-	-

4. CONCLUSÃO

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como o Índice Acumulado de Paternidade (ICP) correspondente à 242434867200.000000, ressalta-se:

Existe uma probabilidade de paternidade correspondente à 99.999999999% entre o Suposto Pai [REDACTED] e o (a) Filho (a) Investigante [REDACTED] O. Nesse sentido, assumindo como verdadeiras todas as condições reportadas neste laudo, pode-se considerar que o Suposto Pai [REDACTED] É O PAI BIOLÓGICO do (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. *Electrophoresis*, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.
- BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. *Genetics*, v. 145, p. 535-542, 1997.
- MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. *Forensic Science International*, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.
- JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. *International Congress Series*, v. 1261, p. 511-513, 2004.
- GE, J. et al. *Investigative Genetics*, v. 3, p. 1, 2012.
- RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. *Genetics and Molecular Research: GMR*, v. 16, n. 2, 2017.
- FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. *Introdução à Genética Forense*. Millennium Editora, 2020.
- RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. *Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística*. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**

Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**

Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.

Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 21/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	05/07/2001
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	24/11/2020
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	13/11/2000

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	01/08/2024
Conveniado	TRIBUNAL DE JUSTIÇA DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	PROJETO PAI PRESENTE DE APARECIDA DE GOIÂNIA/GO

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 60590

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	X	X	X	
AMEL	X	Y	X	X	X	X	-
D3S1358	15	16	16	17	16	18	EXCLUSÃO
D1S1656	12	16	13	17	13	15.3	EXCLUSÃO
D2S441	10	11	11	11	11	11	1.635157
D10S1248	14	16	14	15	14	14	EXCLUSÃO
D13S317	12	13	12	13	8	13	1.708333
PentaE	11	13	8	8	8	15	EXCLUSÃO
D16S539	12	13	12	13	11	13	1.857383
D18S51	20	20	15	19	13	15	EXCLUSÃO
D2S1338	17	19	18	23	18	25	EXCLUSÃO
CSF1PO	11	12	10	12	10	11	1.508173
PentaD	12	14	10	13	10	13	EXCLUSÃO
TH01	7	9.3	7	8	7	8	1.227274
vWA	16	19	15	19	15	15	8.080285
D21S11	28	29	29	31.2	29	31.2	1.690080
D7S820	8	11	12	12	10	12	EXCLUSÃO
D5S818	12	12	11	13	11	13	EXCLUSÃO
TPOX	8	11	8	9	8	9	0.874407
D8S1179	14	16	13	14	14	14	EXCLUSÃO
D12S391	20	21	15	17	15	17	EXCLUSÃO
D19S433	16	16.2	13	15	14.2	15	EXCLUSÃO
SE33	15	20	26.2	28.2	18	28.2	EXCLUSÃO
D22S1045	16	16	10	16	10	14	2.853091
FGA	21	22	20	24	20	24	EXCLUSÃO
DYS391	10	10	-	-	-	-	-
DYS576	17	17	-	-	-	-	-

4. CONCLUSÃO

De acordo com as 23 regiões autossômicas analisadas e baseando-se nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observadas 14 (quatorze) incoerência (s) alélica (s) entre o perfil genético do (a) filho (a) investigante [REDACTED] e o perfil genético do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como as exclusões alélicas identificadas, conclui-se que: **o Suposto Pai [REDACTED] NÃO É O PAI BIOLÓGICO do (a) filho (a) investigante [REDACTED]**.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. *Electrophoresis*, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.
- BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. *Genetics*, v. 145, p. 535-542, 1997.
- MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. *Forensic Science International*, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.
- JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. *International Congress Series*, v. 1261, p. 511-513, 2004.
- GE, J. et al. *Investigative Genetics*, v. 3, p. 1, 2012.
- RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. *Genetics and Molecular Research: GMR*, v. 16, n. 2, 2017.
- FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGUINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. *Introdução à Genética Forense*. Millennium Editora, 2020.
- RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. *Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística*. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**

Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**

Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.

Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 08/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	20/11/1991
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	05/07/2024
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	08/07/1996

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	15/08/2024
Conveniado	TRIBUNAL DE JUSTIÇA DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	PROJETO PAI PRESENTE DE APARECIDA DE GOIÂNIA/GO

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 61184

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	X	X	X	
AMEL	X	Y	X	X	X	X	-
D3S1358	16	16	16	19	18	19	3.536743
D1S1656	14	17.3	14	15	15	16	3.982001
D2S441	11	14	10	14	10	11	1.976785
D10S1248	14	15	13	14	13	13	1.625551
D13S317	10	12	12	13	12	13	1.150727
PentaE	13	14	13	14	8	13	7.617655
D16S539	9	15	9	12	10	12	2.853100
D18S51	17	19	19	20	17	20	10.250102
D2S1338	17	19	19	25	19	25	2.614666
CSF1PO	10	12	10	14	14	14	1.911914
PentaD	9	10	10	13	8	13	3.920462
TH01	7	9.3	7	8	6	8	1.948945
vWA	15	18	16	18	15	16	3.275145
D21S11	29	30	29	30	29	30	2.284832
D7S820	10	10	8	10	8	11	3.897891
D5S818	11	11	11	14	12	14	3.016346
TPOX	8	11	9	11	9	9	1.754355
D8S1179	12	14	14	15	14	15	1.305425
D12S391	18	20	18	18	18	20	2.661061
D19S433	16.2	16.2	15	16.2	12	15	61.500614
SE33	19	31.2	14	31.2	14	28.2	20.886419
D22S1045	14	15	15	15	15	15	1.403040
FGA	21	26	21	22	22	24	3.804133
DYS391	10	10	-	-	-	-	-
DYS576	15	15	-	-	-	-	-
DYS570	19	19	-	-	-	-	-

4. CONCLUSÃO

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como o Índice Acumulado de Paternidade (ICP) correspondente à 1628973301760.000000, ressalta-se:

Existe uma probabilidade de paternidade correspondente à 99.999999999% entre o Suposto Pai [REDACTED] e o (a) Filho (a) Investigante [REDACTED] S. Nesse sentido, assumindo como verdadeiras todas as condições reportadas neste laudo, pode-se considerar que o **Suposto Pai [REDACTED] A É O PAI BIOLÓGICO do (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]**

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. Electrophoresis, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.

BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. Genetics, v. 145, p. 535-542, 1997.

MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. Forensic Science International, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.

JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. International Congress Series, v. 1261, p. 511-513, 2004.

GE, J. et al. Investigative Genetics, v. 3, p. 1, 2012.

RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. Genetics and Molecular Research: GMR, v. 16, n. 2, 2017.

FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. Introdução à Genética Forense. Millennium Editora, 2020.

RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**

Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**

Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.
Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 20/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	20/03/2003
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	08/05/2024
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	30/11/1997

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Proc./Ofício	[REDACTED]
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	05/08/2024
Conveniada	TRIBUNAL DE JUSTIÇA DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	PROJETO PAI PRESENTE DE FLORES DE GOIAS/GO

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 60820

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	Y	X	X	
AMEL	X	Y	X	Y	X	X	-
D3S1358	16	17	15	16	15	15	1.768372
D1S1656	16	18.3	16	18.3	11	16	11.412398
D2S441	10	11	10	12	12	15	1.902059
D10S1248	14	14	14	14	13	14	3.251102
D13S317	11	13	13	14	11	14	3.525471
PentaE	10	11	5	11	5	10	5.954011
D16S539	9	10	9	12	11	12	2.853100
D18S51	11	13	13	17	14	17	4.964109
D2S1338	17	20	20	21	21	22	3.711401
CSF1PO	11	12	12	12	12	13	1.508173
TH01	6	6	6	9	9	9.3	4.546198
vWA	16	17	16	16	16	16	1.808822
D21S11	29	30	30	30	30	30	2.023767
D7S820	10	13	9	13	9	11	13.500013
D5S818	9	12	12	12	12	13	1.474035
TPOX	8	13	8	11	10	11	1.073715
D8S1179	12	14	13	14	13	15	2.104563
D12S391	18	21	15	18	15	20	2.661061
D19S433	11	12	12	12.2	12	12.2	4.358286
SE33	16	18	18	29.2	20.2	29.2	5.054794
D22S1045	15	16	16	17	16	17	1.088495
FGA	18	23	18	24	22	24	48.132462
DYS391	11	11	11	11	-	-	-
DYS576	18	18	18	18	-	-	-
DYS570	18	18	18	18	-	-	-

4. CONCLUSÃO

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como o Índice Acumulado de Paternidade (ICP) correspondente à 477326114816.000000, ressalta-se:

Existe uma probabilidade de paternidade correspondente à 99.999999999% entre o Suposto Pai [REDACTED] e o (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]. Nesse sentido, assumindo como verdadeiras todas as condições reportadas neste laudo, pode-se considerar que o Suposto Pai [REDACTED] **É O PAI BIOLÓGICO do (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]**

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. Electrophoresis, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.

BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. Genetics, v. 145, p. 535-542, 1997.

MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. Forensic Science International, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.

JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. International Congress Series, v. 1261, p. 511-513, 2004.

GE, J. et al. Investigative Genetics, v. 3, p. 1, 2012.

RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. Genetics and Molecular Research: GMR, v. 16, n. 2, 2017.

FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. Introdução à Genética Forense. Millennium Editora, 2020.

RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**

Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**

Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.
Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 12/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	04/08/1999
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	15/01/2024
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	10/12/1999

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Proc./Ofício	[REDACTED]
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	19/08/2024
Conveniado	TRIBUNAL DE JUSTIÇA DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	PROJETO PAI PRESENTE DE GOIÂNIA/GO

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 61359

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	Y	X	X	
AMEL	X	Y	X	Y	X	X	-
D3S1358	16	16	16	16	14	16	3.536743
D1S1656	12	15	12	18.3	14	18.3	5.197181
D2S441	10	10	10	14	11	14	3.804118
D10S1248	12	13	13	14	14	15	1.841933
D13S317	11	13	13	14	13	14	2.629448
PentaE	12	12	12	19	12	19	5.692329
D16S539	11	12	12	12	11	12	1.857383
D18S51	12	17	12	17	11	17	4.358286
D2S1338	19	24	17	24	17	25	6.869547
CSF1PO	10	11	11	12	12	12	1.679820
PentaD	9	9	9	12	12	13	4.600007
TH01	6	7	7	7	7	10	1.948945
vWA	16	17	16	17	15	16	1.823726
D21S11	27	30	30	30	30	31.2	2.023767
D7S820	9	10	10	12	12	12	1.948945
D5S818	12	12	12	12	12	12	2.948070
TPOX	8	10	8	10	8	11	7.795813
D8S1179	12	15	15	15	13	15	3.437891
D12S391	17	20	17	20	20	21	4.813061
D19S433	15.2	16	15	16	13	15	19.421246
SE33	18	21	20	21	19	20	14.565794
D22S1045	15	17	17	17	16	17	4.593351
FGA	21	31.2	21	26	24	26	3.804133
DYS391	11	11	11	11	-	-	-
DYS576	18	18	18	18	-	-	-
DYS570	16	16	16	16	-	-	-

4. CONCLUSÃO

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como o Índice Acumulado de Paternidade (ICP) correspondente à 21829745901568.000000, ressalta-se:

Existe uma probabilidade de paternidade correspondente à 99.999999999% entre o Suposto Pai [REDACTED] e o (a) Filho (a) Investigante [REDACTED] S. Nesse sentido, assumindo como verdadeiras todas as condições reportadas neste laudo, pode-se considerar que **o Suposto Pai [REDACTED] S É O PAI BIOLÓGICO do (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]**

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLIGAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. *Electrophoresis*, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.
- BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. *Genetics*, v. 145, p. 535-542, 1997.
- MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. *Forensic Science International*, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.
- JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. *International Congress Series*, v. 1261, p. 511-513, 2004.
- GE, J. et al. *Investigative Genetics*, v. 3, p. 1, 2012.
- RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. *Genetics and Molecular Research: GMR*, v. 16, n. 2, 2017.
- FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. *Introdução à Genética Forense*. Millennium Editora, 2020.
- RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. *Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística*. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**
Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**
Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.
Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 21/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	12/06/1976
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	10/10/2000

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Proc./Ofício	[REDACTED]
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	25/03/2024
Conveniada	DEFENSORIA PÚBLICA DO ESTADO DA BAHIA
Solicitação	COMARCA DE SALVADOR

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucléicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 52346

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	Y	
AMEL	X	Y	X	Y	-
D3S1358	14	17	16	16	EXCLUSÃO
D1S1656	16	17.3	14	15	EXCLUSÃO
D2S441	10	11	10	14	0.951030
D10S1248	12	15	13	13	EXCLUSÃO
D13S317	11	12	11	12	1.776665
PentaE	7	12	10	12	1.569701
D16S539	9	13	10	11	EXCLUSÃO
D18S51	17	19	15	15	EXCLUSÃO
D2S1338	20	23	17	21	EXCLUSÃO
CSF1PO	10	11	10	11	1.795867
PentaD	8	12	11	12	1.474361
TH01	7	8	6	9	EXCLUSÃO
vWA	15	16	16	17	0.904411
D21S11	28	30	29	30	1.011884
D7S820	8	12	8	14	1.657188
D5S818	11	12	12	12	1.474035
TPOX	8	9	11	12	EXCLUSÃO
D8S1179	13	15	11	13	0.892742
D12S391	17	19	18	19	1.567988
D19S433	14	14	14	15	1.879459
SE33	18	21.2	18	19	2.527397
D22S1045	15	16	15	15	1.403040
FGA	22	24	20	25	EXCLUSÃO
DYS391	11	11	11	11	-
DYS576	18	18	18	18	-
DYS570	18	18	19	19	-

4. CONCLUSÃO

De acordo com as 23 regiões autossômicas analisadas e baseando-se nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observadas 9 (nove) incoerência(s) alélica(s) entre o perfil genético do (a) filho (a) investigante [REDACTED] e o perfil genético do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como as exclusões alélicas identificadas, conclui-se que: **o Suposto Pai [REDACTED] NÃO É O PAI BIOLÓGICO do (a) filho (a) investigante [REDACTED]**.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. *Electrophoresis*, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.
- BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. *Genetics*, v. 145, p. 535-542, 1997.
- MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. *Forensic Science International*, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.
- JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. *International Congress Series*, v. 1261, p. 511-513, 2004.
- GE, J. et al. *Investigative Genetics*, v. 3, p. 1, 2012.
- RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. *Genetics and Molecular Research: GMR*, v. 16, n. 2, 2017.
- FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. *Introdução à Genética Forense*. Millennium Editora, 2020.
- RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. *Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística*. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**
Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**
Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.
Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 03/09/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	28/11/1986
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	06/03/2017

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Proc./Ofício	[REDACTED]
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	02/08/2024
Conveniado	DEFENSORIA PÚBLICA DO ESTADO DA BAHIA
Solicitação	COMARCA DE MACAÚBAS

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 61122

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	X	
AMEL	X	Y	X	X	-
D3S1358	16	17	16	17	2.180436
D1S1656	16	17.3	16	16.3	1.976785
D2S441	11	12	10	11	0.817579
D10S1248	14	14	14	15	1.625551
D13S317	11	14	12	13	EXCLUSÃO
PentaE	10	11	12	16	EXCLUSÃO
D16S539	11	11	9	10	EXCLUSÃO
D18S51	16	19	15	18	EXCLUSÃO
D2S1338	17	24	20	20	EXCLUSÃO
CSF1PO	12	12	12	12	3.016346
PentaD	9	10	9	13	1.150002
TH01	6	7	6	7	2.111022
vWA	17	18	17	18	2.549436
D21S11	28	30	28	30	2.597846
D7S820	8	10	9	10	0.974473
D5S818	12	13	11	12	0.737017
TPOX	8	9	8	9	2.892171
D8S1179	13	13	10	12	EXCLUSÃO
D12S391	18	22	17	19	EXCLUSÃO
D19S433	13	13	12	14	EXCLUSÃO
SE33	23.2	28.2	18	18	EXCLUSÃO
D22S1045	11	17	15	16	EXCLUSÃO
FGA	22	22	25	28	EXCLUSÃO
DYS391	10	10	-	-	-
DYS576	17	17	-	-	-
DYS570	17	17	-	-	-

4. CONCLUSÃO

De acordo com as 23 regiões autossômicas analisadas e baseando-se nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observadas 11 (onze) incoerência(s) alélica(s) entre o perfil genético do (a) filho (a) investigante [REDACTED] e o perfil genético do Suposto Pai [REDACTED]

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como as exclusões alélicas identificadas, conclui-se que: **o Suposto Pai [REDACTED] NÃO É O PAI BIOLÓGICO do (a) filho (a) investigante [REDACTED].**

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. *Electrophoresis*, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.
- BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. *Genetics*, v. 145, p. 535-542, 1997.
- MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. *Forensic Science International*, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.
- JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. *International Congress Series*, v. 1261, p. 511-513, 2004.
- GE, J. et al. *Investigative Genetics*, v. 3, p. 1, 2012.
- RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. *Genetics and Molecular Research: GMR*, v. 16, n. 2, 2017.
- FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. *Introdução à Genética Forense*. Millennium Editora, 2020.
- RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. *Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística*. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**
Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**
Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.
Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 19/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	28/07/2000
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	07/06/2017
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	11/02/2001

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	06/08/2024
Conveniado	MINISTÉRIO PÚBLICO DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	51ª PROMOTORIA DE JUSTIÇA DE GOIÂNIA

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 60624

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	Y	X	X	
AMEL	X	Y	X	Y	X	X	-
D3S1358	16	16	15	16	15	18	3.536743
D1S1656	14	14	14	18.3	17.3	18.3	7.964002
D2S441	10	11	11	11	11	15	1.635157
D10S1248	15	16	15	15	14	15	2.432971
D13S317	11	11	11	14	9	14	3.689996
PentaE	8	15	15	23	18	23	7.617655
D16S539	9	9	9	12	12	13	5.706199
D18S51	13	16	13	16	16	17	4.964109
D2S1338	17	20	17	18	18	24	2.308978
CSF1PO	10	12	10	11	11	11	1.911914
PentaD	10	11	9	11	9	9	3.214277
TH01	6	8	6	9	7	9	2.273099
vWA	16	20	18	20	17	18	30.750307
D21S11	31.2	32.2	30	31.2	30	32.2	4.751091
D7S820	8	11	10	11	10	11	1.002717
D5S818	12	13	12	13	13	13	1.474035
TPOX	9	9	9	11	8	11	9.421252
D8S1179	11	11	11	16	13	16	15.482512
D12S391	17	18	18	24	19	24	2.661061
D19S433	13	15.2	13	13	13	15	1.895548
SE33	13	14	14	26.2	26.2	26.2	18.450184
D22S1045	15	15	15	15	15	16	2.806080
FGA	19	23	23	23	19	23	3.582534
DYS391	10	10	10	10	-	-	-
DYS576	18	18	18	18	-	-	-
DYS570	18	18	18	18	-	-	-

4. CONCLUSÃO

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como o Índice Acumulado de Paternidade (ICP) correspondente à 84804053762048.000000, ressalta-se:

Existe uma probabilidade de paternidade correspondente à 99.999999999% entre o Suposto Pai [REDACTED] e o (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]. Nesse sentido, assumindo como verdadeiras todas as condições reportadas neste laudo, pode-se considerar que **o Suposto Pai [REDACTED] É O PAI BIOLÓGICO do (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]**

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. *Electrophoresis*, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.
- BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. *Genetics*, v. 145, p. 535-542, 1997.
- MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. *Forensic Science International*, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.
- JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. *International Congress Series*, v. 1261, p. 511-513, 2004.
- GE, J. et al. *Investigative Genetics*, v. 3, p. 1, 2012.
- RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. *Genetics and Molecular Research: GMR*, v. 16, n. 2, 2017.
- FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGUINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. *Introdução à Genética Forense*. Millennium Editora, 2020.
- RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. *Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística*. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**

Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**

Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.

Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 08/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	15/05/2007
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	15/04/2024
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	07/09/2010

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Proc./Ofício	[REDACTED]
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	12/08/2024
Conveniada	MINISTÉRIO PÚBLICO DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	51ª PROMOTORIA DE JUSTIÇA DE GOIÂNIA

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 60961

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	X	X	X	
AMEL	X	Y	X	X	X	X	-
D3S1358	15	16	15	16	16	17	1.592808
D1S1656	14	17	14	17	15	17	3.982001
D2S441	14	15	12	14	10	12	1.976785
D10S1248	14	14	13	14	14	15	EXCLUSÃO
D13S317	12	12	12	13	8	12	EXCLUSÃO
PentaE	8	12	11	15	15	17	EXCLUSÃO
D16S539	12	13	11	12	11	11	1.857383
D18S51	11	16	12	18	12	13	EXCLUSÃO
D2S1338	20	20	19	24	21	24	EXCLUSÃO
CSF1PO	11	12	11	12	10	11	1.508173
PentaD	9	11	9	11	9	9	3.214277
TH01	9	9	7	9.3	7	7	EXCLUSÃO
vWA	16	19	17	19	17	18	8.080285
D21S11	30	31	30	32.2	32.2	32.2	2.023767
D7S820	10	12	8	11	11	13	EXCLUSÃO
D5S818	12	12	10	12	10	13	2.948070
TPOX	8	10	8	8	8	8	1.073715
D8S1179	13	15	12	13	13	13	EXCLUSÃO
D12S391	16	22	17	17	17	17	EXCLUSÃO
D19S433	13	14	14	14	14	15	1.879459
SE33	15	18	20.2	31.2	16	31.2	EXCLUSÃO
D22S1045	14	15	15	15	15	16	1.403040
FGA	21.2	24	22	26	24	26	EXCLUSÃO
DYS391	11	11	-	-	-	-	-
DYS576	18	18	-	-	-	-	-
DYS570	15	15	-	-	-	-	-

4. CONCLUSÃO

De acordo com as 23 regiões autossômicas analisadas e baseando-se nos princípios de transmissão Mendeliana de caracteres hereditários, foram observadas 11 (onze) incoerência(s) alélica(s) entre o perfil genético do (a) filho (a) investigante [REDACTED] e o perfil genético do Suposto Pai [REDACTED].

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como as exclusões alélicas identificadas, conclui-se que: **o Suposto Pai [REDACTED] NÃO É O PAI BIOLÓGICO do (a) filho (a) investigante [REDACTED]**

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. Electrophoresis, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.
- BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. Genetics, v. 145, p. 535-542, 1997.
- MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. Forensic Science International, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.
- JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. International Congress Series, v. 1261, p. 511-513, 2004.
- GE, J. et al. Investigative Genetics, v. 3, p. 1, 2012.
- RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. Genetics and Molecular Research: GMR, v. 16, n. 2, 2017.
- FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. Introdução à Genética Forense. Millennium Editora, 2020.
- RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**
Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**
Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.
Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 15/08/2024

LAUDO DE INVESTIGAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO

1. CADASTRO:

Investigados	Nome	Data de Nascimento
SUPOSTO PAI	[REDACTED]	12/05/1987
FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	10/06/2024
MÃE DO(A) FILHO(A) INVESTIGANTE	[REDACTED]	30/05/1998

Informações	Dados Complementares
Tipo	EXTRAJUDICIAL
Proc./Ofício	[REDACTED]
Protocolo	[REDACTED]
Tipo de Amostra	SANGUE
Responsável pela Coleta	[REDACTED]
Data da coleta	16/08/2024
Conveniado	MINISTÉRIO PÚBLICO DO ESTADO DE GOIÁS
Solicitação	51ª PROMOTORIA DE JUSTIÇA DE GOIÂNIA

2. METODOLOGIA:

A análise do padrão genético de cada indivíduo seguiu os protocolos recomendados para isolamento e amplificação (PCR) dos ácidos nucleicos. Nesse sentido, as metodologias adotadas para investigação de vínculo biológico, descritas em publicações científicas de circulação internacional, visam obtenção de padrões moleculares altamente discriminatórios a partir do uso de marcadores polimórficos STRs.

Os *loci* amplificados foram detectados pelo método de eletroforese capilar em sequenciador automático através da(s) plataforma(s) Spectrum CE System – Promega / Spectrum Compact CE System – Promega / ABI 3500 Genetic Analyzer – Thermo Fisher Scientific, que determinam excelente precisão das análises. Os genótipos foram analisados com o uso dos softwares Genemapper ID-X v.1.2 (Applied Biosystems) e GeneMarker HID v.3.0.0 (SoftGenetics).

Em nosso controle de qualidade, exclusões de vínculo genético são determinadas a partir da detecção de quatro (4) *loci* que não apresentem coincidência do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Já a inclusão de vínculo genético é caracterizada pela coincidência, em todos os *loci* analisados, do alelo paterno obrigatório entre o suposto pai e o(a) filho(a). Porém, segundo a literatura científica, a detecção de até 3 *loci* inconsistentes PODE ser caracterizada por mutações germinativas.

Para estimativa dos índices de vínculo genético foi considerado uma probabilidade a priori correspondente à 0,5 e os seguintes bancos de frequências alélicas e/ou haplotípicas (banco interno de frequências alélicas; www.yhrd.org; www.chrx-str.org). Em situações envolvendo a ocorrência de mutação germinativa, o modelo de Brenner (Symbolic Kinship Program) é adotado para a estimativa do índice de vínculo genético.

RESSALTA-SE QUE, EM CASOS DE INCLUSÃO DE VÍNCULO GENÉTICO, A CONCLUSÃO DESTA INVESTIGAÇÃO DEPENDE DA CORRETA INFORMAÇÃO QUANTO À INEXISTÊNCIA DE PARENTESCO ENTRE A MÃE E O SUPOSTO PAI, BEM COMO DA INEXISTÊNCIA DE OUTRO SUPOSTO PAI QUE SEJA PARENTE PRÓXIMO DO INDIVÍDUO ANALISADO.

3. RESULTADOS

A tabela alélica abaixo reporta a representação numérica dos marcadores genéticos analisados dos envolvidos no presente exame e os respectivos índices de paternidade (IPs) obtidos.

TABELA ALÉLICA DO EXAME: 61288

Regiões	Suposto Pai		Filho(a) Investigante		Mãe do(a) Filho(a) Investigante		Índices de Paternidade
	X	Y	X	Y	X	X	
AMEL	X	Y	X	Y	X	X	-
D3S1358	15	16	15	17	17	17	1.592808
D1S1656	13	17.3	12	13	12	15	6.049167
D2S441	11	14	11	14	11	11	1.976785
D10S1248	14	16	14	16	13	16	1.625551
D13S317	8	13	11	13	8	11	3.525471
PentaE	5	12	5	14	12	14	6.860970
D16S539	11	14	9	11	8	9	1.851173
D18S51	16	20	17	20	16	17	19.767534
D2S1338	22	24	22	23	21	23	6.743906
CSF1PO	10	12	12	12	11	12	1.508173
PentaD	11	11	11	12	12	13	6.428553
TH01	7	8	7	7	7	7	1.948945
vWA	14	17	14	16	15	16	6.550333
D21S11	29	32.2	30	32.2	30	31	5.101364
D7S820	8	11	8	11	8	8	2.065296
D5S818	11	12	11	13	7	13	1.508173
TPOX	11	11	8	11	8	8	3.508710
D8S1179	12	13	12	13	12	13	2.365386
D12S391	18	20	20	20	18	20	3.385332
D19S433	12	14	14	16	14	16	1.713626
SE33	16.2	22.2	22.2	25.2	16	25.2	20.886419
D22S1045	15	15	15	17	15	17	2.149511
FGA	19	21	21	26	23	26	3.804133
DYS391	10	10	10	10	-	-	-
DYS576	16	16	16	16	-	-	-
DYS570	17	17	17	17	-	-	-

4. CONCLUSÃO

Tendo como verdade as informações de identificação de todos os envolvidos, a procedência das amostras analisadas, as considerações técnicas e científicas descritas na metodologia, bem como o Índice Acumulado de Paternidade (ICP) correspondente à 2988863651840.000000, ressalta-se:

Existe uma probabilidade de paternidade correspondente à 99.999999999% entre o Suposto Pai [REDACTED] (a) Filho (a) Investigante [REDACTED]. Nesse sentido, assumindo como verdadeiras todas as condições reportadas neste laudo, pode-se considerar que **o Suposto Pai [REDACTED] É O PAI BIOLÓGICO do (a) Filho (a) Investigante [REDACTED].**

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

GILL, P.; EVETT, I. W.; WOODROFFE, S.; LYGO, J. E.; MILLICAN, E.; WEBSTER, M. Databases, quality control and interpretation of DNA profiling in the Home Office Forensic Science Service. Electrophoresis, v. 12, n. 2-3, p. 204-209, 1991.

BRENNER, S. Symbolic Kinship Program. Genetics, v. 145, p. 535-542, 1997.

MORLING, N.; ALLEN, R. W.; CARRACEDO, A.; GEADA, H.; GUIDET, F.; HALLENBERG, C.; MARTIN, W.; MAYR, W. R.; OLAISEN, B.; PASCALI, V. L.; SCHNEIDER, P. M. Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases. Forensic Science International, v. 129, n. 3, p. 148-157, 2002.

JACEWICZ, R. et al. Non-exclusion paternity case with a triple genetic incompatibility. International Congress Series, v. 1261, p. 511-513, 2004.

GE, J. et al. Investigative Genetics, v. 3, p. 1, 2012.

RODOVALHO, R. G.; RODRIGUES, E. L.; SANTOS, G. S.; CAVALCANTI, L. M.; LIMA, P. R.; RODOVALHO, A. G.; VITAL, R. G.; GIGONZAC, M. A. D.; CRUZ, A. D. Development of a polymorphic short tandem repeat locus multiplex system for efficient human identification. Genetics and Molecular Research: GMR, v. 16, n. 2, 2017.

FILHO, C. R. D.; RODRIGUES, E. L.; MALAGHINI, M.; FRANCEZ, P. A. C.; GARRIDO, R. G. Introdução à Genética Forense. Millennium Editora, 2020.

RODRIGUES, E. L.; CERQUEIRA, C. C. S.; FILHO, C. R. D.; KORTMANN, G. L.; FRANCEZ, P. A. da C. Genética Forense: Manual de Interpretação de Resultados e Estatística. Millennium Editora, 2023.

Responsável Técnico: **RICARDO GOULART RODOVALHO - CRBIO 62129/04-D 4ª Região**

Laudo revisado por: **POLIANA RIBEIRO DE LIMA - CRBIO 134057/04-D 4ª Região**

Laudo liberado eletronicamente por: **GILBERTO DE SOUZA SANTOS - CRBIO 93813/04-D 4ª Região**



Ricardo Goulart Rodovalho, Dr.

Doutor em Biotecnologia e Biodiversidade
CRBio 62129/4-D

Data de Liberação: 20/08/2024