

Genética Forense: Do Perfil genético ao Relatório Pericial

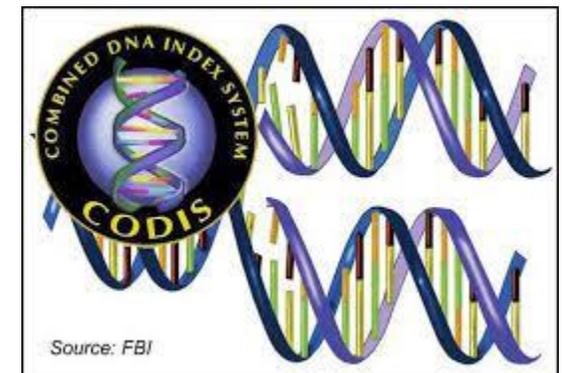
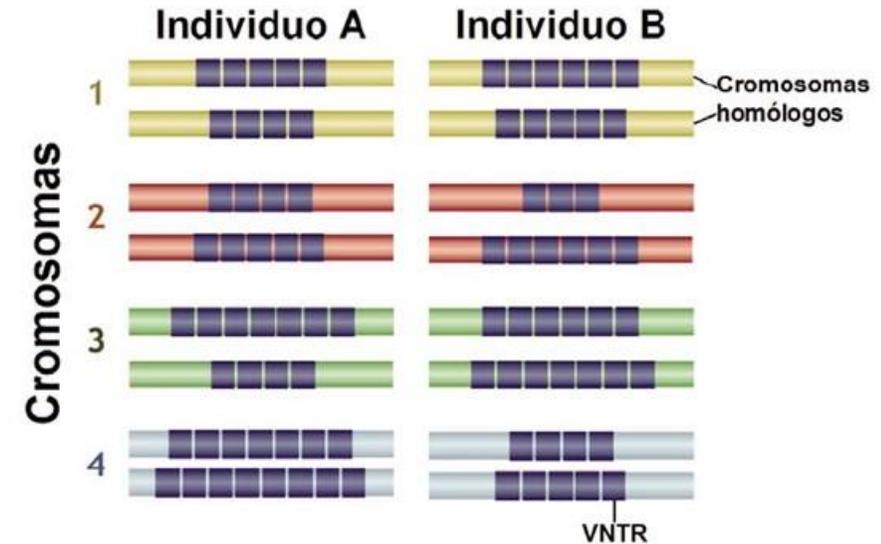
Cláudia Vieira da Silva

Serviço de Genética e Biologia Forenses-Instituto
Nacional de Medicina Legal e Ciências Forenses



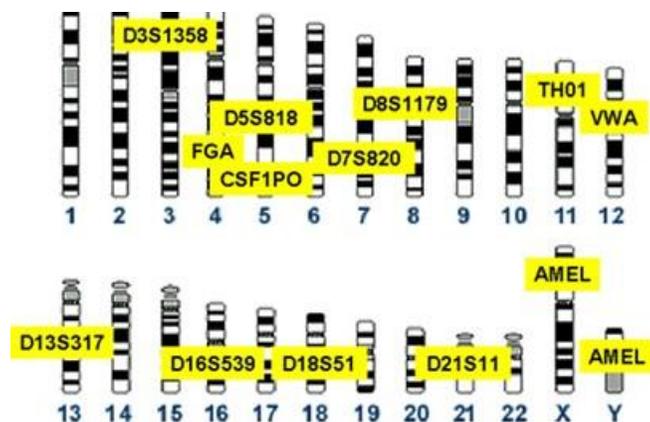
□ Breve história da genética forense – Depois de 1985

- 1980-Ray White descreve o primeiro RFLP.
- 1985 - Alec Jeffreys descreve os VNTR (Variable Number Tandem Repeats)
- 1985 – Primeiro “papper” sobre PCR – Kary Mullis
- 1988 - FBI inicia a aplicação do DNA nos casos forenses
- 1991 – primeiro “papper” sobre STRs (Short Tandem Repeats)
- 1995 – FSS (Forensic Science Service) UK inicia a base de dados de perfis de DNA.
- 1998 – O FBI criou a base do CODIS



Os marcadores genéticos de interesse forense- STRs usados na rotina dos casos forenses

13 STRs autossômicos e respectivas posições cromossômicas



STRs autossômicos extra-CODIS- *European Standard Set*

D2S1338, D19S433, PENTAE, PENTA D, D1S1656,

D2S441, D12S391, D22S1045, D10S124 e SE33

STRs adicionais- usados em casos complexos

D2S1360, D3S1744, D4S2366, D5S2500, D6S474, D7S1517,
D8S1132, D10S2325, D12S391, D18S51, D21S2055

STRs do cromossoma X

DXS7132, DXS7423, DXS8378, DXS10074, DXS10079, DXS10101, DXS10103, DXS10134, DXS10135, DXS10146, DXS10148 e HPRTB

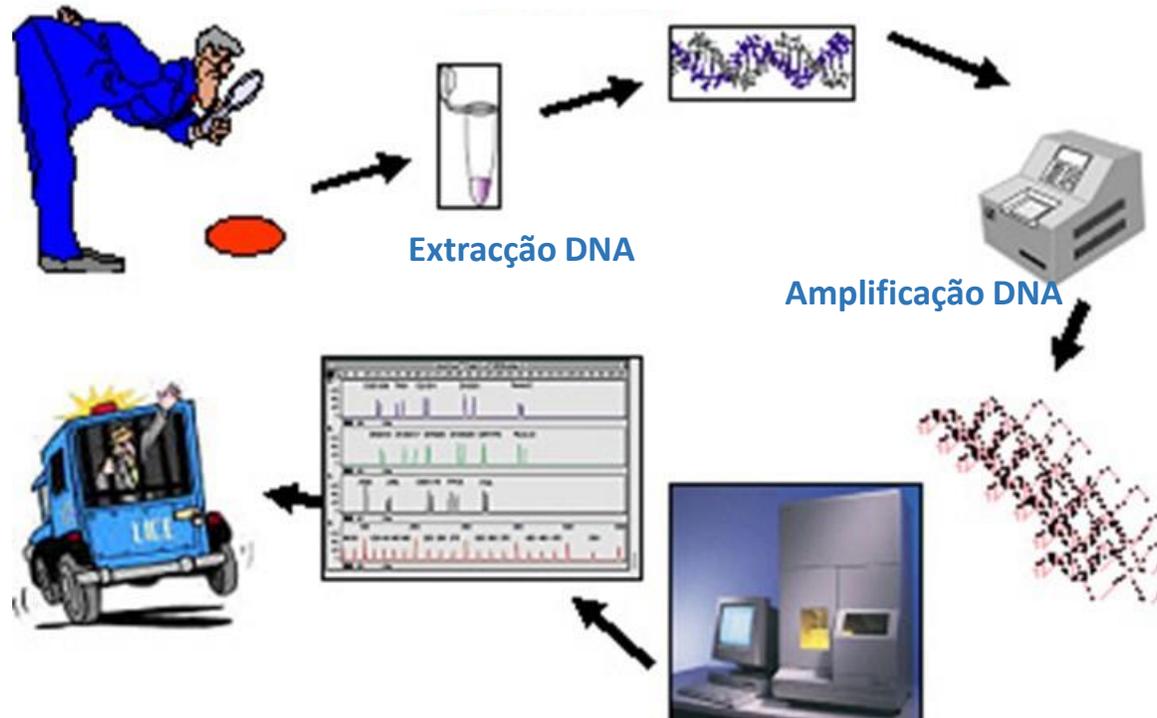
STRs do cromossoma Y

DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS390, DYS438, DYS392, DYS518, DYS570, DYS437, DYS385a/b, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYS387S1 e DYS533.

❑ Percurso laboratorial

Recolha de indícios com vestígios biológicos/
Recolha de amostras de referência

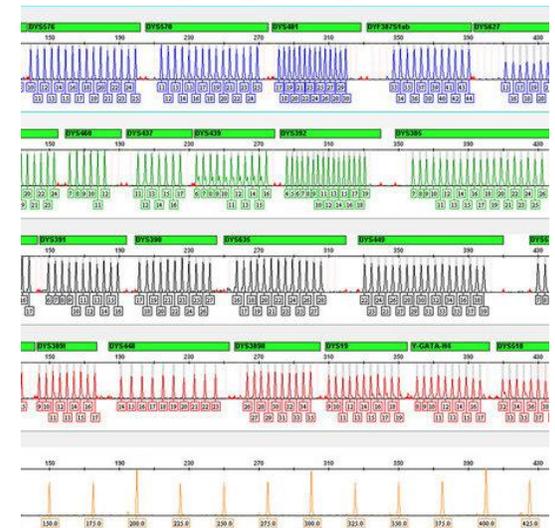
O processo de estudo de ADN até ao relatório final



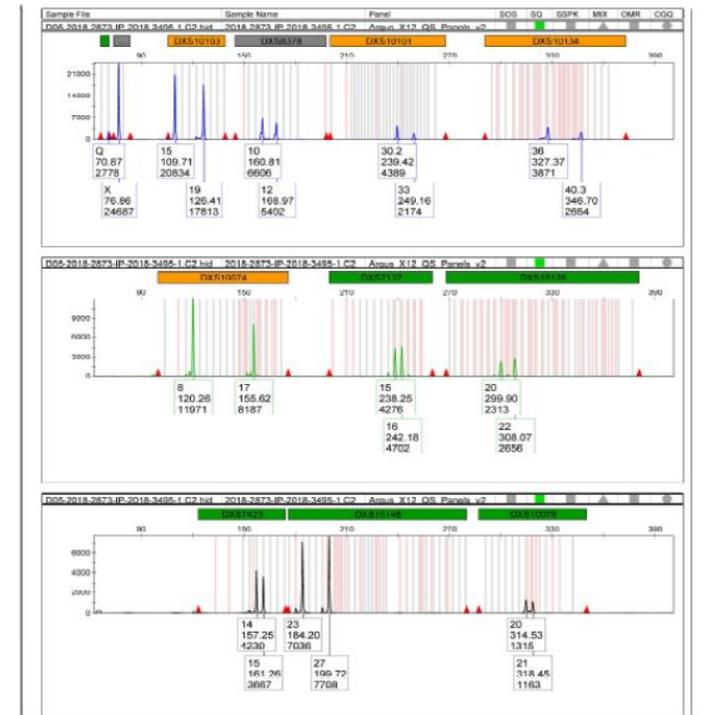
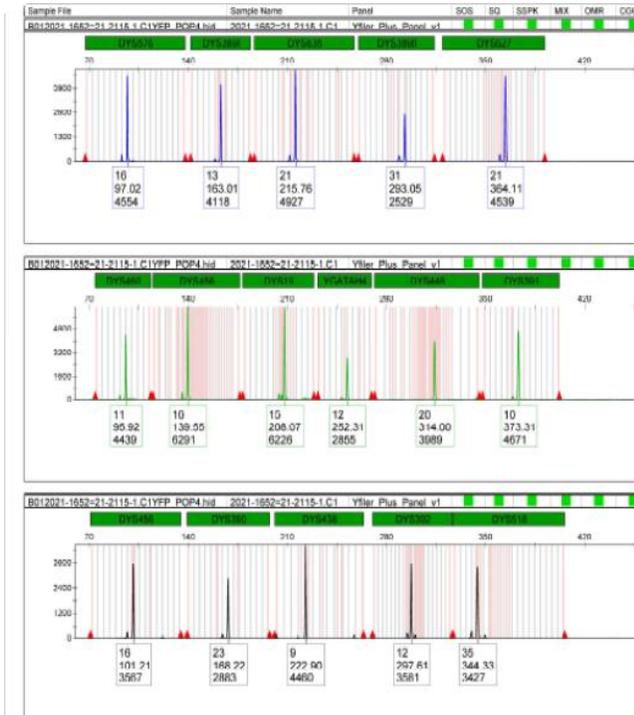
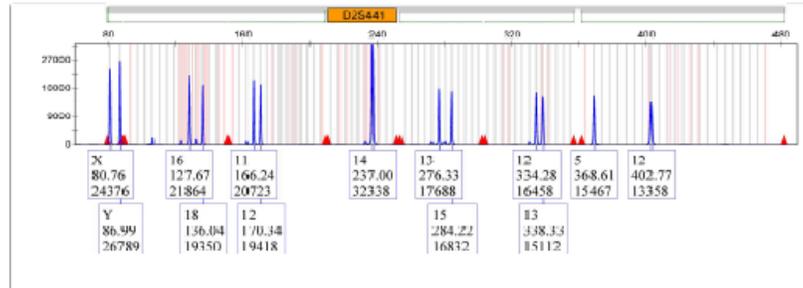
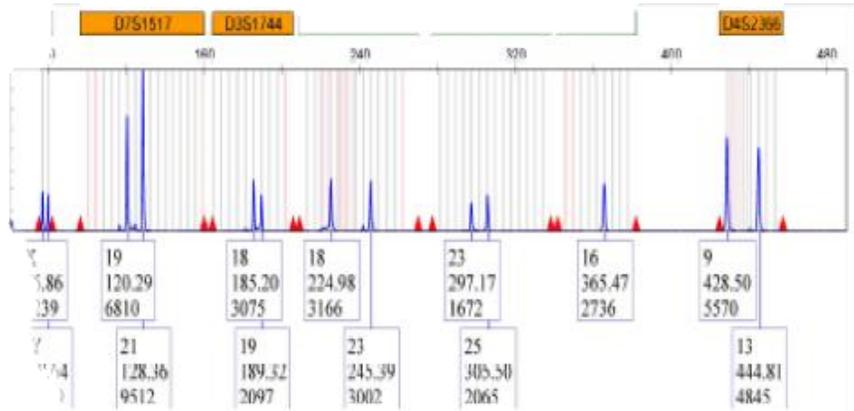
Análise de resultados e elaboração do relatório pericial



Decisão Judicial



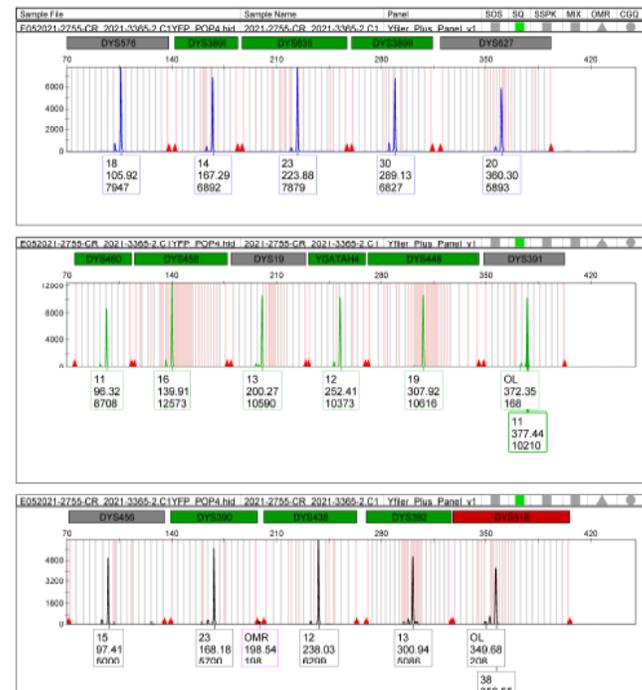
☐ Perfis genéticos Interpretação dos resultados laboratoriais – casos de parentesco com amostras de referência seguras



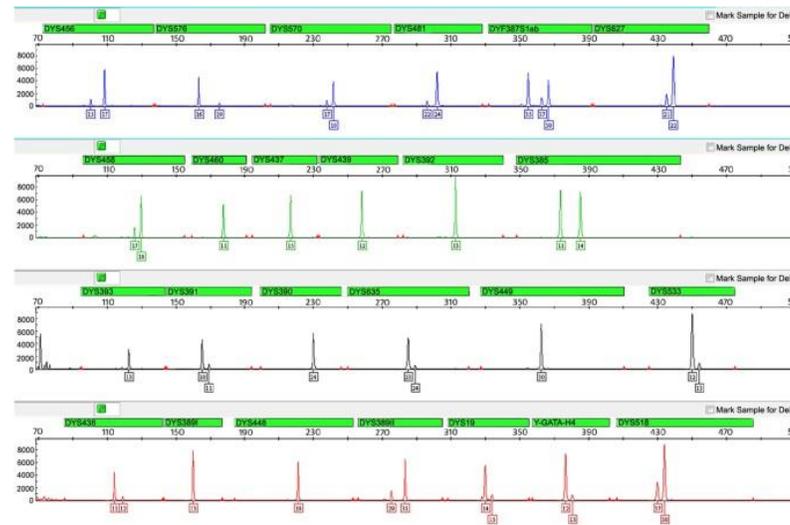
Perfil Genético para valorização estatística

❑ Perfis genéticos Interpretação dos resultados laboratoriais – casos de amostras problema relacionados com casos criminais

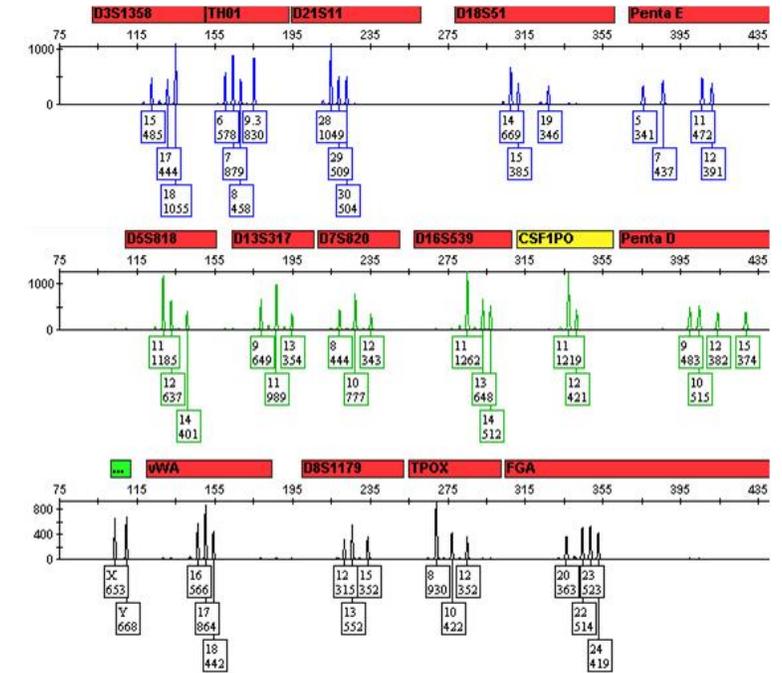
Y-STRs- perfil genético correspondente a uma linhagem paterna



Y-STRs- perfil genético correspondente a mistura de pelo menos duas linhagens paternas



Perfil genético de mistura-STRs autossómicos

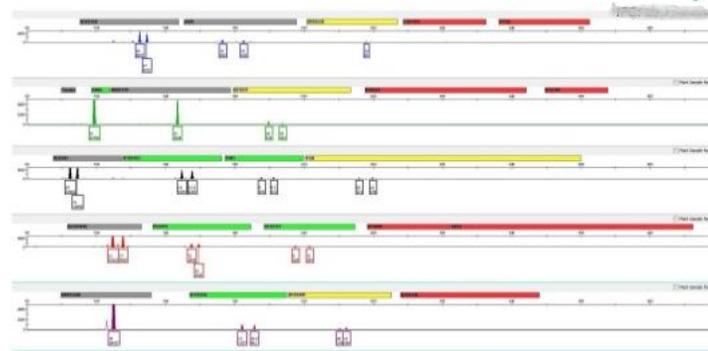


❑ Perfis genéticos Interpretação dos resultados laboratoriais – casos de amostras problema relacionados com casos criminais

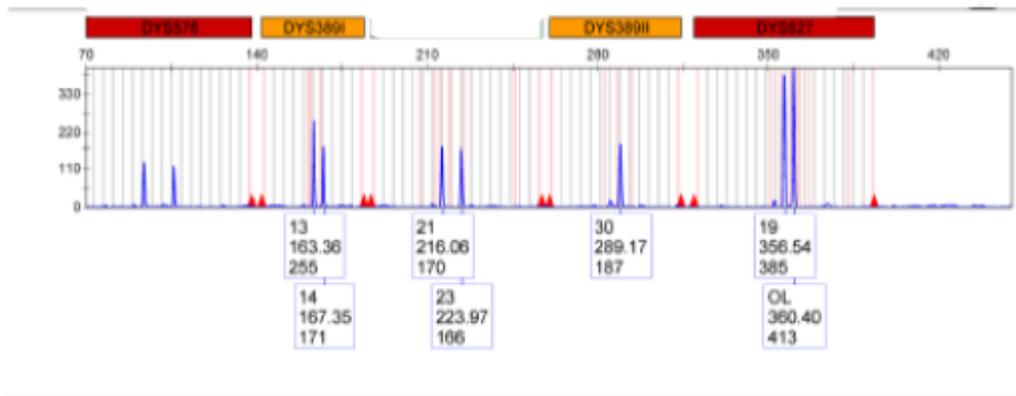
Perfil genético com excesso de material genético



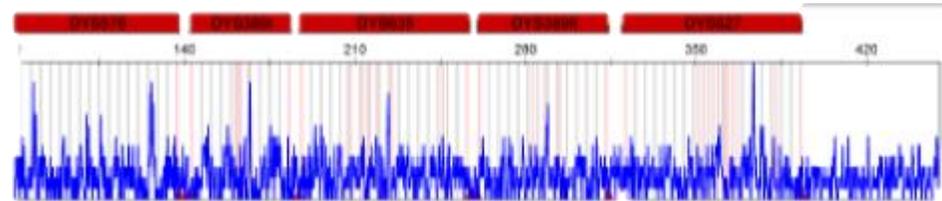
Perfil genético com pouco material genético



Mistura de linhagens paternas - incompleto



Ausência de material genético masculino



Análise dos resultados e definição de estratégia laboratorial a seguir

☐ Interpretação dos resultados laboratoriais- nos casos de investigação de parentesco

Exclusão da paternidade/maternidade



Não exclusão da paternidade/maternidade

Casos complexos de investigação de parentesco

Valorização Estatística da Prova



Sistemas estudados	P.PAI	Mãe	FILHO
D3S1358	16-17	16-19	16-16
TH01	6-8	6-7	6-7
D21S11	28	30-30.2	28-30.2
D18S51	13-18	14-22	14-18
PENTA E	12-14	11-13	11-12
D5S818	12	10-11	11-12
D13S317	11-13	11-13	11-13
D7S820	12-12	8-13	12-13
D16S539	10-13	11-13	10-13
CSF1PO	10-11	10-12	10-12
PENTA D	9-13	9-13	9-13
VWA	17-18	14-19	18-19
D8S1179	14-15	14-15	14-15
TPOX	8-9	8-8	8-8
FIBRA	20	21-26	20-26
D2S1338	20-23	19-21	20-21
D19S433	13-14	13-14	14-14

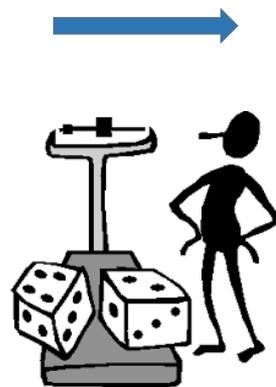


❑ Interpretação dos resultados laboratoriais-nos casos criminais

Inconclusivos

Não coincidência (perfis singulares únicos)/Não compatibilidade (misturas)

Coincidência (perfis singulares únicos) /compatibilidade de perfis genéticos (misturas)



Valorização Estatística da Prova

Sistemas estudados	Vestígio	Suspeito
D3S1358	14, 16	14, 16
TH01	6, 8	6, 8
D21S11	30, 30.2	30, 30.2
D18S51	13, 22	13, 22
PENTA E	7, 11	7, 11
D5S818	11	11
D13S317	11	11
D7S820	9, 10	9, 10
D16S539	11	11
CSF1PO	11, 12	11, 12
PENTA D	12	12
VWA	16, 18	16, 18
D8S1179	13, 15	13, 15
TPOX	8, 11	8, 11
FIBRA	21, 24	21, 24
D2S1338	17, 21	17, 21
D19S433	14, 15.2	14, 15.2

☐ Valorização da prova

Valorização: determinação do valor da Razão de Verosimilhanças (LR) (Índice de Parentesco nos casos de investigação de paternidade)

ANÁLISE COM PROBABILIDADES

INFORMAÇÃO QUANTITATIVA



D18S51	13-18	14-22	14-18
PENTA E	12-14	11-13	11-12
D5S818	12	10-11	11-12
D13S317	11-13	11-13	11-13
D7S820	12-12	8-13	12-13
D16S539	10-13	11-13	10-13
CSF1PO	10-11	10-12	10-12

❑ O Teorema de Bayes (1701-1761)

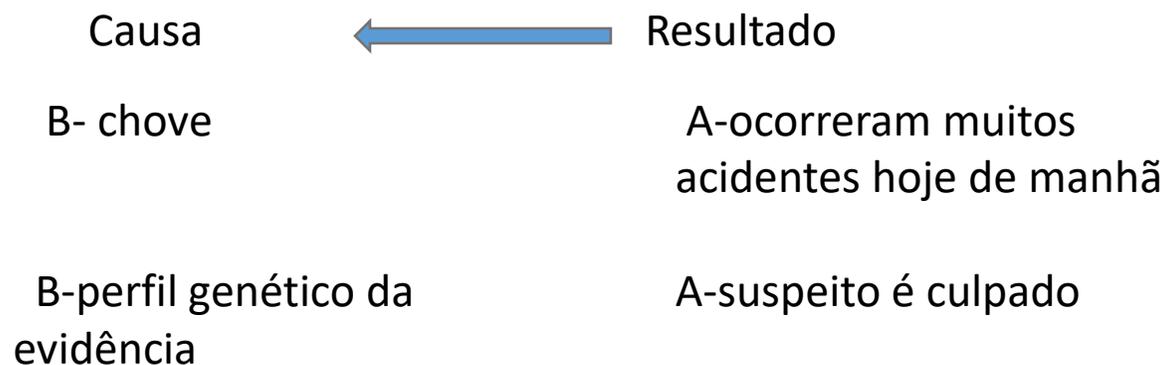
$$P(A|B) = \frac{P(B|A) \cdot P(A)}{P(B)}$$

- “...Somos todos Bayesianos na vida real...”
(Bruce Budowle)

- O teorema de Bayes é fundamental para a Inferência intuitiva (Finkelstein and Levin)



Acontecimento A condicionado por acontecimento B



☐ Construção de proposições

Surgem a partir das informações sobre os casos. Resumem ambos os pontos de vista no tribunal.

Contraposição da hipótese da acusação contra a hipótese da defesa.

Construção de uma hierarquia de proposições (hipóteses)

1-Hipótese H_0 -Proposição referente à acusação de um determinado arguido (num caso criminal) ou a favor do parentesco (num caso de investigação de parentesco)

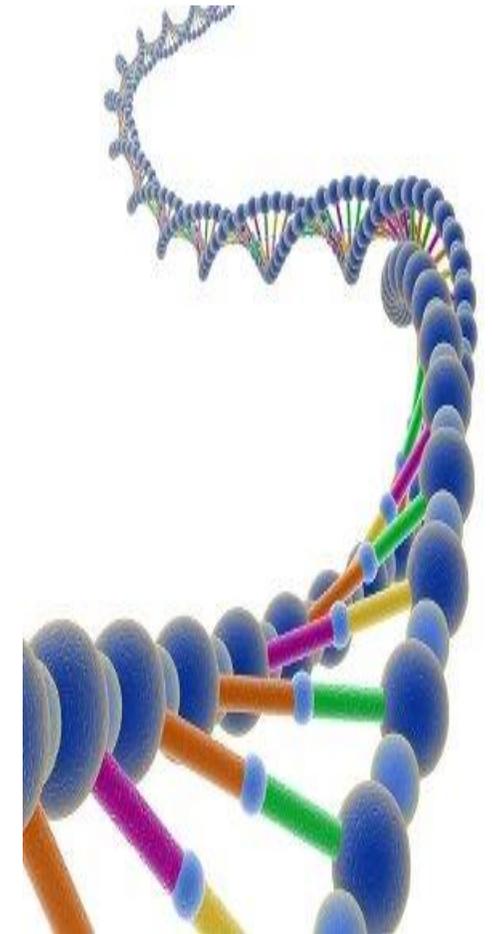
(Ex: H_0 – O vestígio foi produzido pelo suspeito Y)

H_0 – O indivíduo X é o pai- processo civil

2-Hipótese H_1 -Proposição referente à defesa de um determinado arguido num caso criminal ou hipótese de não parentesco (num caso de investigação de parentesco)

Ex: H_1 – O vestígio foi produzido por outro indivíduo ao acaso na população)

H_1 – O pai biológico é um indivíduo ao acaso na população.



□ Aplicação do Teorema de Bayes às proposições

Sejam as seguintes proposições:

H0: Hipótese da Acusação

Exs: O indivíduo é o pai biológico

Um filho de A e B é o pai biológico

O vestígio biológico foi produzido por Z

O vestígio biológico foi produzido pela vítima e pelo suspeito

H1: Hipótese da Defesa

E- evidências genéticas

I – toda a informação relevante para o caso

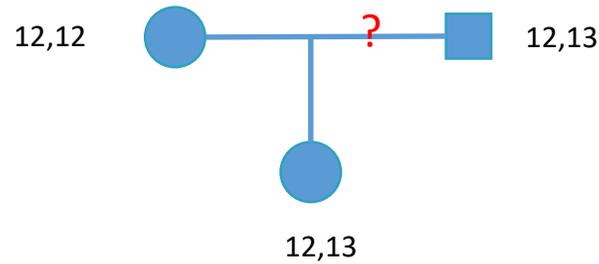


$$P[H_0 | E, I] = \frac{P[E | H_0, I]P[H_0 | I]}{\underbrace{P[E | H_0, I]P[H_0 | I] + P[E | H_1, I]P[H_1 | I]}_{\approx 1}}$$

Probabilidade *a posteriori* = Probabilidade da evidência considerando H0 x probabilidade *a priori*

Relativamente a H₀ existe informação do caso. Para H₁ é necessário usar informação populacional.

- Num caso de parentesco típico: averiguação da paternidade envolvendo um trio P.Pai, Mãe biológica e P. Filho em D3S1358



Mãe\P.Pai	12	13
12	12, 12	12,13
12	12, 12	12, 13

É possível que o P. Pai seja o pai biológico?

Como calcular estas probabilidades ??????

Podemos afirmar que é o único possível pai?



☐ Num caso criminal

Observa-se que o perfil genético do suspeito coincide com o perfil genético do vestígio encontrado no local do crime.



	Vestígio	Suspeito (S)
FIBRA	23,27	23, 27

É possível que o Suspeito tenha contribuído para o vestígio observado no local do crime?

Será o suspeito (S) o único contribuinte possível para o vestígio?

❑ Probabilidades e Genética populacional- Estudos populacionais, frequências genotípicas e frequências alélicas

É necessário determinar a probabilidade de encontrar um outro indivíduo ao acaso na população que possa ser o pai biológico ou que tenha contribuído para um determinado vestígio biológico.

Frequências alélicas –
corresponde à proporção
ou à frequência relativa das
diferentes variantes alélicas
de um locus na população

Frequências genotípicas- proporção
dos diferentes genótipos de um
locus numa determinada população



□ Probabilidades e Genética populacional- Estudos populacionais, frequências genotípicas e frequências alélicas

São essenciais para o estudo das frequências alélicas na população.

A população deve respeitar o **equilíbrio de Hardy-Weinberg**.

Permite relacionar as frequências alélicas na população e as frequências genotípicas.

Assume que as populações são suficientemente grandes para eliminar os efeitos ao acaso, nomeadamente os efeitos das migrações populacionais.

Num determinado *locus* com 2 alelos A e B, em que $f=p$ e $f=q$

$$(p + q)^2 = (p^2 + 2pq + q^2)$$

{	p^2	}	<i>homozigóticos</i>
	q^2		
	$2p \cdot q$		<i>heterozigóticos</i>





South Portugal population genetic analysis with 17 loci STRs

C. Vieira-Silva*, C. Cruz, T. Ribeiro, R. Espinheira

Service of Forensic Genetics, Delegation of Lisbon, National Institute of Legal Medicine, Portugal

Abstract. It was necessary to establish a statistically significant population database from South Portugal residents for further reliable statistical analysis in forensic cases. Genetic analysis of 17 loci was performed on samples obtained from 2723 south Portugal residents after informed consent. Allele frequencies and statistical parameters were calculated for each locus. © 2006 Elsevier B.V. All rights reserved.

Keywords: Powerplex 16; Identifier; G



Forensic Population Genetics—Letter to the Editor

Genetic portrait of Brazilian immigrant population living in Lisboa

Dear Editor,

As well as it occurs all over Europe, in Portugal, and particularly in Lisboa, immigrant populations are increasing [1]. According to Portuguese Foreign Affair Services and to the Instituto Nacional de Estatística de Portugal, Brazilian immigrants with fixed residence in Portugal increased from 11,000 up to 119,000 individuals, between 1990 and 2010. From those 119,000 Brazilian individuals, up to 63,000 live in Lisboa and near cities or villages.

Brazilian population is one of the most heterogeneous populations of the world, formed mainly by an admixture of European, African and Native American populations. The Brazilian population

Allowing the definition of individual genetic profiles, simultaneously, some genetic traits, in STR markers, can also be associated with specific populations, or natives of specific regions, or even with specific ethnicities [4,5]. To our knowledge, there is no published data of the above mentioned group of STR with focus on the population of Brazilian immigrants living in Lisboa. Our sample and our data are representative of that population.

A total of 207 healthy and unrelated individuals of a unique generation of couples, natives Brasil, presently living in Lisboa, and undergoing forensic investigations in Delegação do Sul, of Instituto Nacional de Medicina Legal e Ciências Forenses, were studied.

Peripheral blood samples were collected on Whatman® paper and DNA was extracted using the Chelex® method [6]. Amplification of 13 STR CODIS loci (CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TPOX, TH01, vWA), and STR loci D2S1339 and D19S433 was performed with IdentifierPlus® Kit, Applied Biosystems, UK [6]. Amplification of the STR loci Penta D and Penta E, together with the 13 STR CODIS loci was performed with PowerPlex® 16 System Kit, Promega, USA [7]. The amplified products were separated and detected by capillary electrophoresis using an ABI PRISM® Genetic Analyzer 3130 XL sequencer, Applied Biosystems, UK.

Letter to the Editor

Genetic portrait of a native population of Cabo Verde living in Lisboa

Dear Editor,

Cabo Verde is an African archipelago located in West Africa coast of the Atlantic Ocean. The country consists of 10 volcanic islands, 9 of them inhabited, and several uninhabited islets. The largest islands are Santiago's island where is located the capital – Praia, and the island of Santo Antão. Praia is the main human agglomeration of the archipelago.

The archipelago was discovered in 1460 by the Portuguese explorer Diogo Gomes, that found the islands uninhabited and without previous evidence of human presence.

The Portuguese colonization has begun soon as archipelago discovery being Santiago and Fogo islands the first islands to be populated. According to historical literature colonization took place with caucasian Portuguese men and African slaves.

1. Materials and methods

A total of 213 healthy and unrelated individuals of a unique generation of couples, natives of Cabo Verde, presently living in Lisboa, and undergoing forensic investigations in Delegação do Sul, of Instituto Nacional de Medicina Legal e Ciências Forenses, were studied.

Peripheral blood samples were collected on Whatman® paper and DNA was extracted using the Chelex® method [5]. Amplification of 13 STR CODIS loci (CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TPOX, TH01, vWA), and STR loci D2S1339 and D19S433 was performed with IdentifierPlus® Kit, Applied Biosystems, UK [6]. Amplification of the STR loci Penta D and Penta E, together with the 13 STR CODIS loci was performed with PowerPlex® 16 System Kit, Promega, USA [7]. The amplified products were separated and detected by capillary electrophoresis using an ABI PRISM® Genetic Analyzer 3130 XL sequencer, Applied Biosystems, UK.

□ Peso das evidências e a Razão de Verosimilhanças



Forensic Science International 129 (2002) 148–157



www.elsevier.com/locate/forensic

Paternity Testing Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on genetic investigations in paternity cases

Niels Morling^{a,*}, Robert W. Allen^b, Angel Carracedo^c, Helena Geadá^d, Francois Guidet^e, Charlotte Hallenberg^a, Wolfgang Martin^f, Wolfgang R. Mayr^g, Bjørnar Olaisen^h, Vince L. Pascaliⁱ, Peter M. Schneider^j

^aDepartment of Forensic Genetics, Institute of Forensic Medicine, University of Copenhagen, 11 Frederik V's Vej, DK-2100 Copenhagen Ø, Denmark

^bChapman Institute, Schusterman HSC, 44503 East 41 Street, Tulsa, OK 74135, USA

^cInstitute of Legal Medicine, University of Santiago de Compostela, E-15705 Santiago de Compostela, Spain

^dGabinete de Medicina Legal, Instituto de Medicina Legal de Lisboa, Rua Manuel Bento de Sousa, 1150-219 Lisboa, Portugal

^eLaboratoire de Genétique Moleculaire, Institut de Biologie, CHU-Hotel Dieu, 9 Quai Moncoussu, F-44093 Nantes Cedex 1, France

^fInstitut für Blutgruppenserologie und Genetik, Holsteinscher Kamp 67, D-22081 Hamburg, Germany

^gUniversity Clinic for Blood Group Serology and Transfusion Medicine, University of Vienna, A-1090 Vienna, Austria

^hRettsmedisinsk Institut, University of Oslo, Rikshospitalet, N-0027 Oslo, Norway

ⁱIstituto Medicina Legale, Università Cattolica, Largo Francesco Vito 1, I-00168 Rome, Italy

^jInstitut für Rechtsmedizin, Universität Mainz, Am Pulverturm 3, D-55131 Mainz, Germany

Received 15 July 2002; accepted 15 July 2002



Available online at www.sciencedirect.com



Forensic Science International: Genetics xxx (2007) xxx–xxx



www.elsevier.com/locate/fsig

Review

ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing

David W. Gjertson^a, Charles H. Brenner^b, Max P. Baur^c, Angel Carracedo^d, Francois Guidet^e, Juan A. Luque^f, Rüdiger Lessig^g, Wolfgang R. Mayr^h, Vince L. Pascaliⁱ, Mechthild Prinz^j, Peter M. Schneider^k, Niels Morling^{l,*}

^aDepartment of Biostatistics, UCLA School of Public Health, Box 951772, Los Angeles, CA 90095-1772, USA

^b6801 Thornhill Drive, Oakland, CA 94611-1336, USA

^cInstitute of Medical Biometry, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Sigmund-Freud-Str. 25, D-53105 Bonn, Germany

^dInstitute of Legal Medicine, University of Santiago de Compostela, E-15705 Santiago de Compostela, Spain

^eInstitut Genétique Nantes Atlantique, 19 rue Leon Durocher, BP 70425, F-44204 Nantes Cedex 2, France

^fInstituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses, Servicio de Biología, Ministerio de Justicia, Merced 1, E-08002 Barcelona, Spain

^gInstitute of Legal Medicine, University of Leipzig, Johannisallee 28, D-04103 Leipzig, Germany

^hUniversity Clinic for Blood Group Serology and Transfusion Medicine, Medical University of Vienna, A-1090 Vienna, Austria

ⁱIstituto di medicina legale, Università Cattolica, Largo Francesco Vito, I-100168 Roma, Italy

^jOffice of the Chief Medical Examiner, Department of Forensic Biology, 520 First Avenue, New York, NY 10016, USA

^kInstitute of Legal Medicine, University of Cologne, D-50823 Köln, Germany

^lDepartment of Forensic Medicine, Faculty of Health Sciences, University of Copenhagen, 11 Frederik V's Vej, DK-2100 Copenhagen Ø, Denmark

Received 23 June 2007; accepted 27 June 2007

Genética Forense: Do perfil genético ao relatório final

☐ Valores de LR

O que acontece quando o valor de LR > 1

$$\frac{P(H_0 | E, I)}{P(H_1 | E, I)} = \frac{P(E | H_0, I)}{P(E | H_1, I)} > 1$$

Evidências suportam a hipótese do P.Pai ser o Pai Biológico

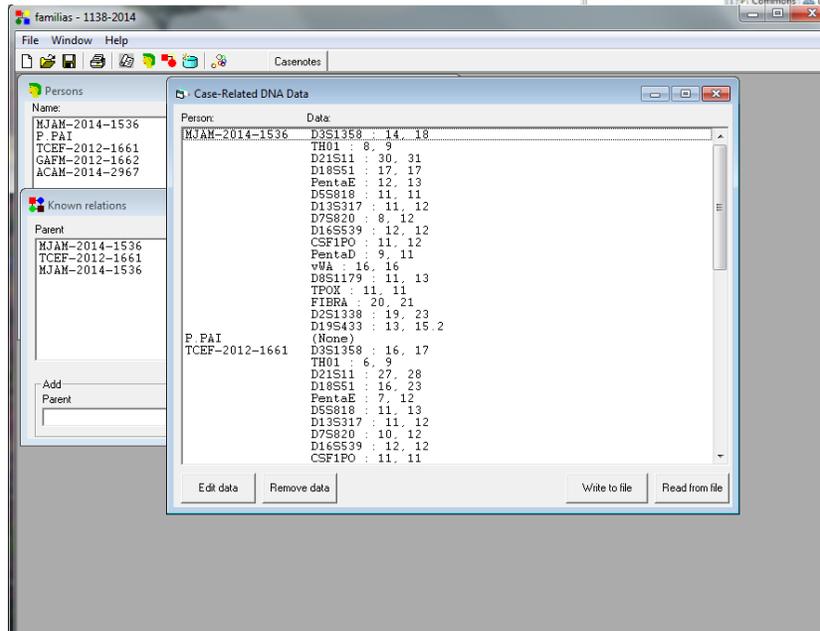
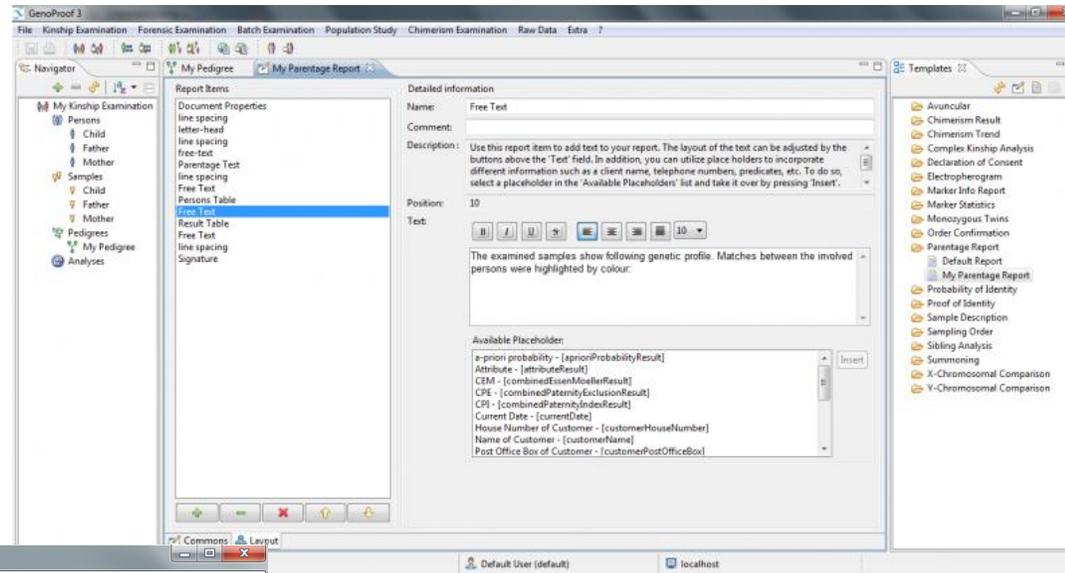
$$\frac{P(H_0 | E, I)}{P(H_1 | E, I)} = \frac{P(E | H_0, I)}{P(E | H_1, I)} < 1$$

Evidências não suportam a hipótese do P.Pai ser o pai biológico. O Pai biológico deve ser outro indivíduo ao acaso da população

$$LR_{TOTAL} = \prod_{j=1}^m LR_j$$

j-nº de *loci* estudados

$$W_{Total} = \frac{LR_{TOTAL}}{LR_{TOTAL} + 1}$$



Genética Forense: Do perfil genético ao relatório final

❑ Cálculo das probabilidades de um suspeito ter contribuído para um determinado vestígio biológico.

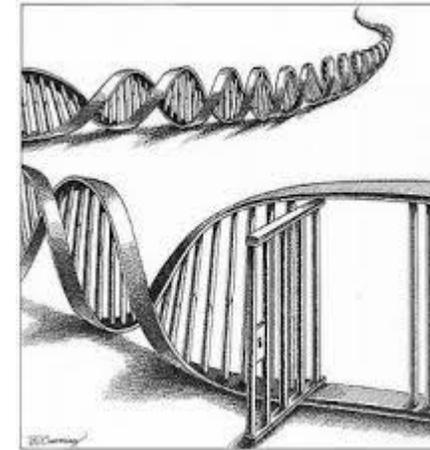
Considerando um vestígio biológico (E) e um suspeito (S)

H_0 : O Suspeito contribuiu para o vestígio biológico (hipótese da acusação)

H_1 : Outro indivíduo ao acaso na população contribuiu para o vestígio (hipótese da defesa).

$$\frac{P(H_0 | E, I)}{P(H_1 | E, I)} = \frac{P(E | H_0, I) \cancel{P(H_0)}}{P(E | H_1, I) \cancel{P(H_1)}}.$$

$$LR = \frac{P(H_0 | E, I)}{P(H_1 | E, I)} = \frac{P(E | H_0, I)}{P(E | H_1, I)}.$$



❑ Valores de LR num caso criminal

$$\frac{P(H_0 | E, I)}{P(H_1 | E, I)} = \frac{P(E | H_0, I)}{P(E | H_1, I)} > 1$$

Evidências suportam a hipótese da acusação



$$\frac{P(H_0 | E, I)}{P(H_1 | E, I)} = \frac{P(E | H_0, I)}{P(E | H_1, I)} < 1$$

Evidências suportam a hipótese da defesa. Terá sido outro indivíduo ao acaso da população

☐ **Caso de parentesco (Pai Registral Excluído e averiguação da paternidade com 3 Presumíveis Tias Paternas-irmãs do Presumível Pai falecido)**

	P.Pai-excluído	P. Tia Paterna 1	P.Tia Paterna 2	P.Tia Paterna 3	Mãe	Filha investigada
Amelogenina	XY	XX	XX	XX	XX	XX
D3S1358	14, 17	16, 18	16	14, 16	16	15, 16
vWA	16, 17	16	16	17, 18	16, 18	16, 17
D16S539	8, 13	11, 12	11, 12	11, 12	11, 12	11, 12
CSF1PO	12	12	12	11	12	10, 11
TPOX	8, 11	8, 12	8, 12	9, 11	8, 12	9, 11
D8S1179	12	10	10, 13	11,1 4	10, 13	11, 14
D21S11	28, 30	27, 31	27, 32.2	29	31, 32.2	29, 30.2
D18S51	15, 16	15, 16	13, 16	12, 20	13, 16	18, 20
D2S441	10	14, 15	14, 15	11.3, 14	14, 15	11,11.3
D19S433	13, 14	13, 15	13	12, 14	13	14
TH01	6, 9.3	8, 9	8, 9	9, 9.3	8, 9.3	9, 9.3
FGA	21, 25	22, 25	21, 27	25, 26	21, 26	23, 25
D10S1248	14, 16	13, 15	13, 15	14,1 6	13, 15	14, 16

Posterior probability:
1,5825288421188
6E-03

Incompatibilidades STRs autossômicos e nos marcadores do Cromossma X também amplificados.

☐ **Caso de parentesco II** (Presumível Pai falecido e averiguação da paternidade com Irmã filha do mesmo Indivíduo e mãe da menor investigada)

	P. Irmã	Mãe	Filha
Amelogenina	XX	XX	XX
D3S1358	14, 16	14, 15	15, 18
vWA	16, 17	16, 17	16
D16S539	12, 13	11, 12	9, 11
CSF1PO	10, 12	11, 12	10, 12
TPOX	8	8, 11	8
D8S1179	13	13, 15	13
D21S11	28, 32.2	28, 30	30, 32.2
D18S51	13, 17	13, 16	13
D2S441	14	11.3, 14	10, 11.3
D19S433	14, 15	13, 14	13, 15
TH01	9, 9.3	9, 9.3	7, 9
FGA	23, 25	19, 20	19, 20

	P. Irmã	Mãe	Filha
DXS10103	20	18, 20	20
DXS8378	11	11, 12	11, 12
DXS10101	27.2, 29.2	30.2, 33	27.2, 33
DXS10134	36, 37	35, 40.3	37, 40.3
DXS10074	7, 8	15, 18	7, 18
DXS7132	13, 15	13	13
DXS10135	19, 25	19, 21	19, 25
DXS7423	14, 16	15, 16	14, 16
DXS10146	25, 30	30, 40.2	30, 40.2

LR=44 285

A partilha de pelo menos um alelo em cada um dos polimorfismos de ADN estudados do cromossoma X entre P.Irmã e Filha

☐ **Caso de parentesco** (caso de parentesco com P. Avô Paterno, P.Irmã, P. Irmão (filhos de outra mulher), Mãe e Filho)

	P.Avô Paterno	P. Irmã	P.irmão	Mãe	Filho
Amelogenina	XY	XX	XY	XX	XY
D3S1358	14, 15	14, 15	16	16	14, 16
VWA	16, 18	16, 17	17, 18	15, 17	17, 18
D16S539	11, 12	9, 14	11, 12	12, 13	12
CSF1PO	10, 12	11, 13	10, 12	11, 12	10, 11
TPOX	8, 11	11	8	8, 11	11
D8S1179	13, 16	13, 14	13, 15	14, 16	13, 16
D21S11	26, 29	29, 31	29, 31	29, 30.2	29, 30.2
D18S51	15, 16	15, 17	15, 17	18, 20	13, 18
D2S441	14	12, 14	12, 14	11	11, 14
D19S433	14	13, 14	13	14, 16.2	14
TH01	6, 9	9	6, 9	7, 8	8, 9
FGA	22, 23	23, 24	23	24, 25	24
D22S1045	15	15, 17	15, 17	16, 17	15, 17

LR=349 310 061

❑ **Caso criminal** (comparação entre o perfil da vítima e manchas encontradas numa camisola, encontrada no local do crime, forma de)

	vítima	Camisola C1	Camisola C2	Camisola C3	Camisola C4
Provas Clássicas (Orientação)					
Provas Clássicas (Certeza)					
ADN Total (ng/μL)		0.81/0.99	0.00/0.01	0.00/0.02	0.01/0.01
ADN YCr (ng/μL)		1.07	0.01	0.02	0.01
Amelogenina	XY	XY			
D3S1358	17	17			
vWA	14, 19	14, 19			
D16S539	11, 12	11, 12	SEM	SEM	SEM
CSF1PO	12	12	PERFIL	PERFIL	PERFIL
TPOX	8	8			
D8S1179	10, 14	10, 14			

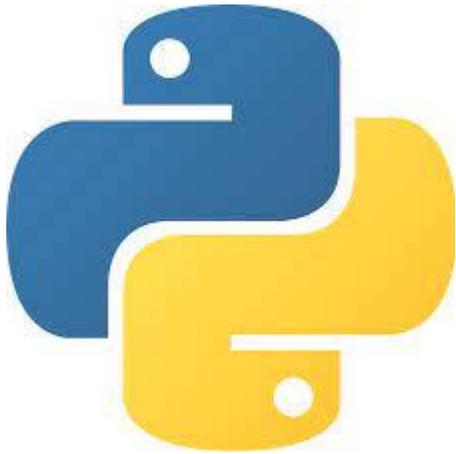
❑ **Caso criminal** (comparação entre o perfil da vítima, zaragatoa vaginal, cuecas e perfil do arguido)

	vítima	z.vaginal	cuecas	suspeito
Amelogenina	X	XY	XY	XY
D3S1358	16, 17	10, 18	10, 16, 17, 18	10, 18
vWA	16, 19	16, 19	16, 19	16, 19
D16S539	11, 13	13	11, 13	13
CSF1PO	10, 11	10, 12	10, 11, 12	10, 12
TPOX	8, 9	8, 11	8, 9, 11	8, 11
D8S1179	10, 11	14	10, 11, 14	14

LR- z.vaginal - 204 218 516 328 372 000 000 000 000 000 000

LR-cuecas-150 836 904 373 160 000 000 000 000.

☐ Novos desafios futuros



POLIORFISMOS DE ADN	P.Pai 1	P.PAI 2	MÃE	FILHO
Amelogenina	XY	XY	XX	XY
D3S1358	14, 16	14, 16	15, 16	14, 16
VWA	13, 16	13, 16	13, 18	16, 17
D16S539	11, 12	11, 12	11	11, 12
CSF1PO	8, 12	8, 12	8, 10	10, 12
TPOX	8, 9	8, 9	9	8, 11
D8S1179	13, 14	13, 14	13	11, 14
D21S11	29, 30	29, 30	29, 30	29, 31.2
D18S51	12, 13	12, 13	12, 19	12, 13
D2S441	11.3	11.3	11.3, 14	11.3, 14
D19S433	15, 15.2	15, 15.2	14, 15	13, 15.2
TH01	6, 9	6, 9	7, 9	6, 7
FGA	23, 24	23, 24	21, 23	19, 24
D22S1045	11, 16	11, 16	11, 17	16
D5S818	11, 13	11, 13	13	11
D13S317	8, 11	8, 11	11	8, 13
D7S820	10	10	10, 11	10, 13
SE33	19, 27.2	19, 27.2	19, 27.2	19, 28.2
D10S1248	12, 16	12, 16	12, 13	14, 16
D1S1656	14, 16	14, 16	13, 14	12, 16
D12S391	15, 20	15, 20	15, 18	20, 22
D2S1338	17, 23	17, 23	17, 19	20, 23
PentaE	8, 16	8, 16	5, 16	8, 19
PentaD	10, 13	10, 13	8, 10	9, 13

❑ Referências Bibliográficas

- ❑ Butler, J.M.; *Advanced topics in forensic DNA typing: interpretation*, 1rd ed.; Academic Press: San Diego, USA 2010;3-81.
- ❑ Butler 1, A.B.; *Fundamentals of Forensic DNA Typing*, 1rd ed.; Academic Press: San Diego, USA 2014; pp. 19-39.
- ❑ Egeland, T., Kling, D., Mostad, P.; *Relationship inference with Familias and R statistical methods in forensic genetics*, 1rd ed.: Elsevier, 2016; pp. 2–38.
- ❑ Haned, H, Benschop C.C.G, Gill P.D, Sijen T, Complex DNA mixture analysis in a forensic context: evaluating the probative value using a likelihood ratio model, *For Sci Int Genetic*.2015 May;16:17-25.
- ❑ Xavier C.; De la Puente,M.; Development and validation of the VISAGE AmpliSeq Basic Tool to predict appearance and ancestry from DNA. *For Sci Int: Genetics* 48, 102336 2020.

Obrigada!!!

