



GRUPO DE HABLA ESPAÑOLA Y PORTUGUESA DE LA ISFG

GRUPO DE LÍNGUAS ESPANHOLA E PORTUGUESA DA ISFG

Instituto Nacional de Toxicología
y Ciencias Forenses

MINISTERIO DE LA PRESIDENCIA JUSTICIA Y RELACIONES CON LAS CORTES
SERVICIO DE GARANTÍA DE CALIDAD
DEPARTAMENTO DE MADRID
C/ José Echegaray nº 4 - 28232 Las Rozas de Madrid (Madrid)
Tf. +34 91 7688919 Fax +34 91 5648654
e-mail: intcf.eiadr@justicia.es

EXERCÍCIO DE INTERCOMPARAÇÃO “ESTUDO DE POLIMORFISMOS DE DNA EM MANCHAS DE SANGUE E OUTRAS AMOSTRAS BIOLÓGICAS”

NIVEL BÁSICO**EXERCÍCIO EIADN- 33 (2025)****DATA LIMITE: 15/05/2025****Itens enviados****2025/Módulo de Parentesco**

M1 a M3: itens de referência

2025/Módulo Forense

M4: item forense desconhecido

M5: cabelo ou pêlo

Nº de selo

Abordagem proposta:**2025/Módulo de Parentesco - Nível básico****Estudo prático de parentesco**

- **M1, M2, M3:** itens de referência para análise genética.

Estudo teórico de parentesco

Solicita-se a resolução do caso teórico apresentado.

2025/Módulo Forense - Nível básico**Estudo prático forense**

- **M4:** item forense para análise genética.
 - **M5:** cabelo ou pêlo para análise de DNA mitocondrial.
- ◆ Estabeleça a natureza do componente ou dos possíveis componentes do item M4.
 - ◆ Poderia ter contribuído ao item M4 algum dos dadores dos itens de referência M1, M2, M3?

Estudo teórico forense

Solicita-se a resolução do caso teórico apresentado.

Metodologia a empregar

A investigação será realizada com os marcadores e métodos que o laboratório escolha e que habitualmente usa na rotina ou no ponto de entrar em rotina. Os itens devem ser tratados como amostras laboratoriais de rotina e, se possível, de forma cega.

O Instituto Nacional de Toxicología y Ciencias Forenses é o titular da acreditação

***As actividades marcadas não estão cobertas pela acreditação de ENAC**



ÍNDICE

Pág.

1. Metodologia	
1.1. Extracção, purificação/concentração e quantificação de DNA	3
1.2. Metodologia STR	
1.2.1. Metodologia de kits multiplex	3
1.2.2. Outra metodologia para marcadores STR autossómicos e amelogenina	4
1.2.3. Outra metodologia para marcadores Y-STR	4
1.2.4. Outra metodologia para marcadores X-STR	4
1.3. Metodologia DNA mitocondrial	
1.3.1. Parâmetros de amplificação	4
1.3.2. Parâmetros de sequenciação e edição	5
1.4. Metodologia para identificação de fluídos no item M4	5
1.5. Outros aspectos da metodologia diferentes dos indicados nas tabelas anteriores	5
2. Resultados estudos práticos	
2.1. Resultados STR	
2.1.1. STR autossómicos e amelogenina	6
2.1.2. Y-STR	7
2.1.3. X-STR	8
2.2. Resultados de DNA mitocondrial	8
3. Conclusões estudos práticos	
3.1. Módulo de Parentesco	
3.1.1. Observações para os itens M1, M2 e M3	9
3.2. Módulo Forense	
3.2.1. Pergunta 1	9
3.2.2. Pergunta 2	9
3.2.3. Pergunta 3	9
3.2.4. Observações para os itens M4 e M5	9
4. Estudos teóricos	
4.1. Estudo teórico de Parentesco	10
4.2. Estudo teórico Forense	13
5. Observações ao presente exercício	18
6. Sugestões para o próximo exercício	18
7. Compromissos do participante	18
Data e assinatura do responsável	18
Pedido do certificado	18

1. Metodologia *Leia atentamente as instruções proporcionadas antes de preencher esta secção***1.1 Extracção, purificação/concentração e quantificação de DNA**

TABELA 1

Item	Lise diferencial (Sim ou Não)	Extracção Purificação/ Concentração (Código)	EP00 (Especificar)	Quantificação (Código)	C00 (Especificar)
M1					
M2					
M3					
M4					
M5					

Codificação no Anexo 2025

1.2 Metodologia STR**1.2.1 Metodologia de kits multiplex**

TABELA 2A (Kits multiplex)

Se utiliza um kit não incluído na tabela, adicione-o nas últimas linhas.

Multiplex	Indicar 'SIM' se foi utilizado	Detecção (Código)	D00 (Especificar)
FFFL (Promega)			
PowerPlex 16/16 HS (Promega)			
PowerPlex ESI 16 (Promega)			
PowerPlex ESX 16 (Promega)			
PowerPlex ESI 17 (Promega)			
PowerPlex ESX 17 (Promega)			
PowerPlex 18D (Promega)			
Profiler Plus (AB)			
SGM Plus (AB)			
Identifiler (AB)			
Identifiler Plus (AB)			
Identifiler Direct (AB)			
NGM (AB)			
NGM Select (AB)			
MiniFiler (AB)			
Investigator ESSplex (Qiagen)			
Investigator ESSplex SE (Qiagen)			
Investigator IDplex (Qiagen)			
Yfiler (AB)			
PowerPlex Y (Promega)			
Argus X-8 (Biotype)			
Investigator Argus X-12 (Qiagen)			
XSTR-Decaplex GHEP (Gusmão)			
PowerPlex CS7 (Promega)			
Profiler (AB)			
Investigator Argus Y-12 (Qiagen)			
SEfiler (AB)			
PowerPlex 23Y (Promega)			
PowerPlex Fusion System (Promega)			

Multiplex	Indicar 'SIM' se foi utilizado	Detecção (Código)	D00 (Especificar)
Global Filer (AB)			
PowerPlex 21 (Promega)			
Investigator 24plex QS (Qiagen)			
PowerPlex Fusion 6C System (Promega)			
Verifiler (AB)			
YFiler plus (AB)			
Investigator ESSplex plus (Qiagen)			
Investigator ESSplex Plus SE(Qiagen)			
Investigator IDplex Plus (Qiagen)			
Investigator HDplex (Qiagen)			
Investigator Argus X-12 QS (Qiagen)			

Codificação no Anexo 2025

1.2.2 Outra metodologia para marcadores STR autossômicos e amelogenina**TABELA 2B**

No caso de não usar kits multiplex ou usar marcadores STR autossômicos adicionais, indique o número de marcadores e os *primers* usados, bem como o método de detecção.

Número de marcadores	Primer/Ladder (código)	PL00 (Especificar)	Detecção (Código)	D00 (Especificar)

Codificação no Anexo 2025

1.2.3 Outra metodologia para marcadores Y-STR**TABELA 2C**

No caso de não usar kits multiplex ou usar marcadores Y-STR adicionais, indique o número de marcadores e os *primers* usados, bem como o método de detecção.

Número de marcadores	Primer/Ladder (código)	PL00 (Especificar)	Detecção (Código)	D00 (Especificar)

Codificação no Anexo 2025

1.2.4 Outra metodologia para marcadores X-STR**TABELA 2D**

No caso de não usar kits multiplex ou usar marcadores X-STR adicionais, indique o número de marcadores e os *primers* usados, bem como o método de detecção.

Número de marcadores	Primer/Ladder (código)	PL00 (Especificar)	Detecção (Código)	D00 (Especificar)

Codificação no Anexo 2025

1.3 Metodologia DNA mitocondrial**1.3.1 Parâmetros de amplificação****TABELA 3**

Indique o par de *primers* em cada campo, nomeando-os de acordo com a cadeia (L ou H) e posição em 3' (Ex: L15997/H00619).

Item	Pares de <i>primers</i> de amplificação				Nº de ciclos
	Forward/Reverse	Forward/Reverse	Forward/Reverse	Forward/Reverse	
M1-M3					
M4					
M5					

1.3.2 Parâmetros de sequenciação e edição**TABELA 4**

Item	PU	QS	PE	S	SE
M1-M3					
M4					
M5					

Codificação no Anexo 2025

1.4 Metodologia para identificação de fluidos no item M4**TABELA 5**

Indique o método usado para confirmar ou investigar a presença de fluidos biológicos no item M4. Especifique o código do método utilizado e o resultado (negativo, positivo ou inconclusivo). Se indicar 'Outros', especifique.

Item	Método (Código)	Outros (Especificar)	Resultado (Negativo/Positivo/Inconclusivo)	Observações

Codificação no Anexo 2025

1.5 Outros aspectos da metodologia diferentes dos indicados nas tabelas anteriores

--

2. Resultados estudos práticos:

Leia atentamente as instruções enviadas para preencher as tabelas de resultados, e as bases de participação para conhecer o estabelecimento dos valores atribuídos e a avaliação dos resultados <https://ghep-isfg.org/pt/proficiency/participation>

2.1 Resultados STR

TODOS OS PARTICIPANTES DEVEM PREENCHER OBRIGATORIAMENTE A COLUNA DOS ALELOS TOTAIS DETECTADOS INDEPENDENTEMENTE DO SISTEMA DE EXTRACÇÃO QUE UTILIZEM. As colunas da 1ª e 2ª fracção são adicionais e opcionais, caso o laboratório tenha realizado a lise diferencial e queira indicar o seu resultado.

2.1.1 STR autossómicos e amelogenina

TABELA 6A

MÓDULO DE PARENTESCO				MÓDULO FORENSE		
MARCADOR	M1	M2	M3	M4		
				Alelos totais detectados Ex: 9-11-15-17	1ª fracção Ex: 9-17	2ª fracção Ex: 11-15
AMEL						
D8S1179						
D21S11						
D7S820						
CSF1PO						
D3S1358						
TH01						
D13S317						
D16S539						
D2S1338						
D19S433						
vWA						
TPOX						
D18S51						
D5S818						
FGA						
Penta D						
Penta E						
D10S1248						
D22S1045						
D2S441						
D1S1656						
D12S391						
SE33						
FES/FPS						
F13A01						
F13B						
LPL						
Penta C						
D6S1043						

2.1.2 Y-STR

TABELA 6B

MÓDULO DE PARENTESCO				MÓDULO FORENSE		
MARCADOR	M1	M2	M3	M4		
				Alelos totais detectados Ex: 13-15	1ª fracção Ex: 15	2ª fracção Ex: 13
DYS456						
DYS389 I						
DYS390						
DYS389 II						
DYS458						
DYS19						
DYS385						
DYS393						
DYS391						
DYS439 (GATA A4)						
DYS635 (GATA C4)						
DYS392						
GATAH4						
DYS437						
DYS438						
DYS448						
DYS460 (GATA A7.1)						
DYS461 (GATA A7.2)						
GATAA10						
DYS388						
DYS576						
DYS481						
DYS549						
DYS533						
DYS570						
DYS643						
DYS627						
DYS518						
DYS449						
DYF387S1						

2.1.3 X-STR

TABELA 6C

MÓDULO DE PARENTESCO				MÓDULO FORENSE		
MARCADOR	M1	M2	M3	M4		
				Alelos totais detectados Ex: 12-15-17-20	1ª fracção Ex:12-15	2ª fracção Ex:17-20
HPRTB						
DXS8378						
DXS9898						
DXS7133						
GATA31E08						
GATA172D05						
DXS7423						
DXS6809						
DXS7132						
DXS9902						
DXS6789						
DXS10103						
DXS10134						
DXS10074						
DXS10101						
DXS10135						
DXS10146						
DXS10079						
DXS10148						

2.2 Resultados de DNA mitocondrial

Na Tabela 7A, indique as posições inicial e final das regiões editadas e na Tabela 7B, informe os haplótipos seguindo a ordem solicitada nas instruções.

TABELA 7A

ITENS	REGIÕES EDITADAS	
MÓDULO PARENTESCO		
M1		
M2		
M3		
MÓDULO FORENSE		
M4	1ª fracção	
	2ª fracção	
Cabelo ou pêlo M5		

TABELA 7B

ITENS		HAPLÓTIPO
MÓDULO PARENTESCO		
M1		
M2		
M3		
MÓDULO FORENSE		
M4	1ª fracção	
	2ª fracção	
Cabelo ou pêlo M5		

3. Conclusões estudos práticos

3.1 Módulo de Parentesco

3.1.1 *Observações relativas aos itens M1, M2 y M3

Indique os comentários e observações que deseja fazer em relação aos itens analisados. Relembra-se que apenas é solicitada a análise genética dos itens de referência M1 a M3; não é necessário investigar relações de parentesco entre eles.

--

3.2 Módulo Forense

3.2.1 Estabeleça a natureza do componente ou possíveis componentes do item M4.

Componentes (marque com um X o componente ou componentes detectados)

	Sangue	Sémen	Saliva
M4	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

3.2.2 Indique o número mínimo de contribuintes detectados no item M4.

	1	2	3
M4	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

3.2.3 Poderia ter contribuído para o item M4 algum dos dadores dos itens de referência M1, M2, M3?

	M1	M2	M3
M4	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

3.2.4 *Observações relativas aos itens M4 e M5.

--

4. Estudos Teóricos

Leia atentamente as instruções enviadas para preencher as tabelas de resultados, e as bases de participação para conhecer o estabelecimento dos valores atribuídos e a avaliação dos resultados <https://ghep-isfg.org/pt/proficiency/participation>

Para a resolução dos estudos teóricos (parentesco e forense) assume-se que:

- a população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg e não há necessidade de fazer correcções pela existência de sub-estruturação populacional ($t=0$).
- a taxa de alelos silenciosos e a taxa de mutação é 0.
- correcção drop in, drop out= 0

Os cálculos devem ser efectuados recorrendo à tabela "Frequências alélicas 2025" fornecida.

4.1 Estudo teórico de Parentesco

4.1.1 Exposição do problema

Ocorre um acidente fatal. Um caminhão-cisterna que transportava material inflamável sai da estrada e cai por um aterro, incendiando-se. Devido à carga que transportava, a possível empresa proprietária foi localizada. Acredita-se que o motorista seja um homem chamado Fernando, que costumava fazer esse trajeto e que não atende os telefonemas dos pais. O corpo ficou totalmente carbonizado e a única forma de identificá-lo é por meio de análise de DNA.

Estão disponíveis os perfis genéticos dos pais biológicos de Fernando: Paco e Dolores.

- o **Considera-se que o casamento teve apenas um filho: Fernando.**
- o **Não há dúvida de que Paco e Dolores são os pais biológicos de Fernando.**

Marcador	Vítima	Dolores	Paco
D8S1179	13- 14	13- 14	13- 14
D21S11	28- 32.2	30.2- 32.2	28
D7S820	11	10- 11	10- 11
CSF1PO	11	11	11
D3S1358	15- 16	15- 18	14- 16
TH01	8- 9.3	6- 9.3	6- 8
D13S317	11	10- 11	10- 11
D16S539	11- 12	10- 12	11- 13
D2S1338	19- 25	17- 19	20- 25
D19S433	14- 15.2	13- 15.2	14- 15
VWA	17- 18	17- 18	15- 17
TPOX	8- 9	8- 11	9- 11
D18S51	12- 16	11- 12	13- 16
D5S818	11- 13	9- 11	10- 13
FGA	22- 24	20- 24	22
D10S1248	15	12- 15	15
D1S1656	16- 17.3	15- 16	12- 17.3

D22S1045	15- 16	15- 17	16
D2S441	11	10- 11	10- 11
D12S391	18	18	18- 22
PENTA_D	9- 12	9	12- 13
PENTA_E	12- 15	7- 15	12- 17
D6S1043	11- 12	11- 20	12- 14
Amelogenin	X-Y	X	X-Y

4.1.2 Índice de paternidade-maternidade

Solicita-se o cálculo do índice de paternidade-maternidade considerando as seguintes hipóteses:

H0	O cadáver carbonizado é filho de Paco e Dolores.
H1	O cadáver carbonizado é filho de um homem e de uma mulher geneticamente não relacionados entre si nem com Paco e Dolores.

Indique os Índices de paternidade-maternidade parciais e o IP total na Tabela 8.

Utilize notação científica (formato Excel) aplicando arredondamento com 4 casas decimais. Ex. 1,2346E-01

TABELA 8

Marcadores	IPM
D8S1179	
D21S11	
D7S820	
CSF1PO	
D3S1358	
TH01	
D13S317	
D16S539	
D2S1338	
D19S433	
VWA	
TPOX	
D18S51	
D5S818	
FGA	
D10S1248	
D1S1656	
D22S1045	
D2S441	
D12S391	
PENTA_D	
PENTA_E	

Marcadores	IPM
D6S1043	
IPM TOTAL	

4.1.3 Programa(s) informático(s) utilizados para os cálculos estatísticos.

Programa	Versão	Observações (outros programas, comentários, etc)
Familias		
DNA view		
PatPCR		
BDGen		
PatCan		
Genética Forense Final		
Software próprio ¹		
Outros ¹		

¹Se não encontra o programa informático na tabela, escolha "Outros" e indique-o nas "Observações"

4.1.4 Cálculo manual. Fórmulas utilizadas

No caso do seu laboratório ter realizado todos os cálculos manualmente, indique as fórmulas utilizadas na Tabela 9

TABELA 9

Marcadores	IPM
D8S1179	
D21S11	
D7S820	
CSF1PO	
D3S1358	
TH01	
D13S317	
D16S539	
D2S1338	
D19S433	
VWA	
TPOX	
D18S51	
D5S818	
FGA	
D10S1248	
D1S1656	
D22S1045	

Marcadores	IPM
D2S441	
D12S391	
PENTA_D	
PENTA_E	
D6S1043	
IPM TOTAL	

4.1.5 * Conclusões e observações sobre o estudo teórico de parentesco.

4.2 Estudo teórico Forense.

4.2.1 Exposição do problema

Uma jovem denuncia uma agressão sexual 10 dias após o incidente. Ela conduz a polícia até ao local onde ocorreram os factos e lá encontram uma calcinha/cueca, que a vítima reconhece como sendo sua.

A peça de roupa é analisada e obtém-se um perfil de mistura, o qual é inserido no CODIS e coincide com o perfil de um suspeito de roubo com força encontrado na base de dados identificado como RF1810024-EIADN-M.

Está disponível uma amostra de referência da vítima.

Marcadores	Perfil de mistura (calcinha/cueca)	RF1810024-EIADN-M
D3S1358	15- 16	16
D1S1656	11- 13- 14- 18.3	11- 14
D2S441	11- 12- 14	12
D10S1248	12- 13- 14	12-14
D13S317	11- 12- 14	12
Penta E	11- 15	11- 15
D16S539	8- 10- 13	8- 13
D18S51	12- 13- 14- 16	12- 16
D2S1338	17- 21- 22	17- 22
CSF1PO	12- 13	12- 13
Penta D	9- 11- 13	11
TH01	6- 9	9
VWA	14- 16- 17- 20	16- 17
D21S11	28- 30- 32.2- 33.2	28- 32.2
D7S820	10- 11- 12	11
D5S818	10- 12	10- 12
TPOX	8- 9	8- 9

Marcadores	Perfil de mistura (calcinha/cueca)	RF1810024- EIADN-M
D8S1179	13- 14- 16	14
D12S391	17- 18- 19- 24	17- 18
D19S433	12- 13- 14.2	12- 14.2
SE33	19- 21- 30.2	19- 21
D22S1045	11- 14- 15- 16	14- 16
FGA	18- 21- 25	21- 25
D6S1043	17- 19- 20	17- 19
Amelogenin	X-Y	X-Y

4.2.2 Valor de LR

Indique na **Tabela 10** os índices parciais da razão de máxima verosimilhança (LR), bem como o LR total, com base nas seguintes hipóteses:

H0	Uma mulher e RF1810024-EIADN-M contribuíram para a mistura de perfis genéticos obtidos na calcinha/cueca
H1	Uma mulher e um desconhecido tomado ao acaso da população e geneticamente não aparentado com os anteriores contribuíram para a mistura

TABELA 10

Use notação científica (formato Excel) aplicando arredondamento com 4 casas decimais. Ex. 1,2346E-01

Marcadores	LR
D3S1358	
D1S1656	
D2S441	
D10S1248	
D13S317	
Penta E	
D16S539	
D18S51	
D2S1338	
CSF1PO	
Penta D	
TH01	
VWA	
D21S11	
D7S820	
D5S818	
TPOX	

Marcadores	LR
D8S1179	
D12S391	
D19S433	
SE33	
D22S1045	
FGA	
D6S1043	
LR Total	

4.2.3 Programa(s) informático(s) utilizados para os cálculos estatísticos.

Programa	Versão	Observações (outros programas, comentários, etc.)
LRmix Studio		
LR mezcla v.inteligente		
EuroForMix		
DNAMix		
Genética Forense Final		
Software próprio		
DNA view		
Outros ²		

²Se não encontra o programa informático na tabela, escolha "Outros" e indique-o nas "Observações"

4.2.4 Cálculo manual. Fórmulas utilizadas

No caso de ter efectuado os cálculos unicamente de forma manual, indique as fórmulas utilizadas na Tabela 11.

TABELA 11

Marcadores	LR
D3S1358	
D1S1656	
D2S441	
D10S1248	
D13S317	
Penta E	
D16S539	
D18S51	
D2S1338	
CSF1PO	
Penta D	
TH01	

VWA	
D21S11	
D7S820	
D5S818	
TPOX	
D8S1179	
D12S391	
D19S433	
SE33	
D22S1045	
FGA	
D6S1043	
LR Total	

4.2.5* Conclusões

Emita uma conclusão sobre os resultados obtidos.

Tendo em conta o perfil de referência da vítima. Responda às questões seguintes

Marcadores	Vítima (V)
D3S1358	15
D1S1656	13- 18.3
D2S441	11- 14
D10S1248	13- 14
D13S317	11- 14
Penta E	11
D16S539	10- 13
D18S51	13- 14
D2S1338	21
CSF1PO	12- 13
Penta D	9- 13
TH01	6- 9
VWA	14- 20
D21S11	30- 33.2
D7S820	10- 12
D5S818	10- 12
TPOX	8- 9

D8S1179	13- 16
D12S391	19- 24
D19S433	13
SE33	21- 30.2
D22S1045	11- 15
FGA	18
D6S1043	20
Amelogenin	X

4.2.6- * Em relação ao marcador D1S1656, para o qual

- O perfil da mistura (M) é 11- 13- 14- 18.3
- O perfil de **RF1810024-EIADN-M** é 11-14
- O perfil da vítima é 13-18.3

Determine a razão de máxima verosimilhança (LR) para este marcador com base nas seguintes hipóteses

H0	A vítima (V) e RF1810024-EIADN-M contribuíram para a mistura de perfis genéticos obtidos na calcinha/cueca
H1	A vítima (V) e um desconhecido tomado ao acaso da população e geneticamente não aparentado com os anteriores contribuíram para a mistura

Marcador	LR
D1S1656	

4.2.7* Em relação à pergunta anterior, indique as fórmulas utilizadas no cálculo da razão de verosimilhança (LR) para esse marcador.

- $1/(f_{11} * f_{14})$
- $1/(f_{13} * f_{18.3})$
- $1/(2 * f_{11} * f_{14})$
- $1/(2 * f_{13} * f_{18.3})$
- $1/(f_{11} * f_{13} * f_{14} * f_{18.3})$

5. Observações ao presente exercício**6. Sugestões para o próximo exercício****7. Compromissos do participante**

As análises, tanto na obtenção dos resultados como no seu tratamento estatístico, foram realizadas nas instalações pertencentes ao laboratório inscrito e pelos seus técnicos/peritos, por meio de procedimentos de trabalho similares aos observados em amostras de rotina e foram adoptadas as medidas apropriadas de Higiene e Segurança. **De acordo com o consentimento dado pelos dadores, o laboratório compromete-se a analisar os itens de forma anónima para o Exercício de Intercomparação do INTCFM/GHEP-ISFG e adicionalmente utilizá-los como material de referência e/ou controle de qualidade laboratorial, seja com as técnicas requeridas no Exercício ou com outras de uso forense, mas em qualquer caso sempre para fins de identificação humana, analisando regiões não codificantes ou que não fornecem informações sensíveis do dador: doenças, patologias ou outro tipo de informação genética que possa violar sua privacidade.**

Nome do responsável

Data e assinatura

QUER RECEBER O CERTIFICADO DE AVALIAÇÃO?

Módulo de Parentesco (Nível Básico) (Sim/Não)	Módulo Forense (Nível Básico) (Sim/Não)

ESCOLHA O IDIOMA DO CERTIFICADO ESPANHOL INGLÊS AMBOS

Nota.- Para receber o certificado de avaliação é obrigatório o envio deste formulário assinado.