

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E DE TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

GEORGE HENRY MILLARD

ASPECTOS CIENTÍFICOS, TÉCNICOS, ÉTICOS E LEGAIS DO DNA
FORENSE

SÃO CARLOS
2014

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E DE TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

ASPECTOS CIENTÍFICOS, TÉCNICOS, ÉTICOS E LEGAIS DO DNA.

FORENSE

Tese de doutorado apresentada como
requisito para a obtenção de título de
Doutorado em Biotecnologia

Orientadores:

Prof. Dr. Euclides Matheucci Junior

Prof. Dr. Júlio Zuckerman-Schpector

SÃO CARLOS
2014

**Ficha catalográfica elaborada pelo DePT da
Biblioteca Comunitária/UFSCar**

M645ac Millard, George Henry.
Aspectos científicos, técnicos, éticos e legais do DNA forense / George Henry Millard. -- São Carlos : UFSCar, 2015.
122 f.

Tese (Doutorado) -- Universidade Federal de São Carlos, 2014.

1. Ácido desoxirribonucleico. 2. Reação em cadeia de polimerase em tempo real (PCR). 3. Frequência alélica STR. 4. Banco de dados. I. Título.

CDD: 574.87322 (20^a)



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

Centro de Ciências Exatas e de Tecnologia
Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia

Folha de Aprovação

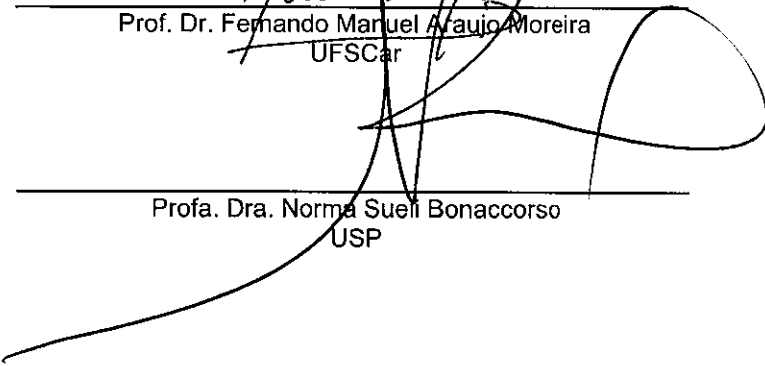
Assinaturas dos membros da comissão examinadora que avaliou e aprovou a Defesa de Tese de Doutorado do candidato George Henry Millard, realizada em 16/01/2015:

Prof. Dr. Euclides Matheucci Junior
UFSCar

Profa. Dra. Lucimara Aparecida Forato
Embrapa

Prof. Dr. Marco Aurélio Guimarães
USP

Prof. Dr. Fernando Manuel Araújo Moreira
UFSCar



Profa. Dra. Norma Sueli Bonaccorso
USP

AGRADECIMENTOS

Muito a agradecer, inclusive aos caminhos do acaso, que me levaram a São Carlos, polo de excelência acadêmica, quando estive Diretor do DEINTER -3, e conheci o PPG Biotecnologia da UFSCar, e o Professor Fernando Araújo Moreira, meu orientador inicial que indicou e guiou pelos primeiros caminhos de uma vida nova, com sua competência e objetividade.

Aposentado, avô e agora estudante, estava colocado de frente com o mundo da ciência, sem nenhuma vivência anterior, mas com vontade e muita curiosidade. A partir deste momento uma sucessão de eventos me leva a inúmeros momentos gratificantes, quando o agradecer se torna uma constante.

A empatia com Professor Euclides Matheucci Júnior, e o descortinar do DNA Forense, visto como ciência e não mais apenas ferramenta de trabalho policial, conduz a ser meu orientador ao me decidir por esta linha de pesquisa; os anos que passamos juntos me deram a certeza da boa escolha, fica aqui registrado mais uma vez meu muito obrigado pela paciência e dedicação.

Ao Professor Júlio Zukerman-Schpector, meus agradecimentos, não apenas pela co-orientação, por me ter acolhido em seu laboratório e ser ajudado a entender seus ensinamentos e da Dra. Ignez Caracelli; para mim realmente um admirável mundo novo; mas, principalmente pela sua firmeza de princípios, ao me levar a cumprir prazos encerrando etapas, pelo que sou reconhecido.

De certa forma todos, colegas e professores com quem convivi nestes anos serão sempre lembrados por seu apoio, pelos momentos de descontração, e os ensinamentos enriquecedores. À secretária do programa, Claudia Pastega, obrigado pela paciência e simpatia, parte inerente de sua pessoa.

A Dra. Adriana Medaglia pela inestimável ajuda e preciosos ensinamentos.

Ao George e Flavio filhos mais velhos pelo incentivo; ao Charles, mais moço pelo interesse e participação; aos netos Camila, Louis e Eduardo com as minhas desculpas pela ausência.

À Monica Bartolomei pelo apoio e preocupação.

À Dra. Mariangela Dametto, pelo apoio, pela dedicação, e sua observação crítica e analítica, ao tentar ajudar-me a transpor as barreiras que separam humanas e exatas em sua forma de expressar.

Certamente caberiam aqui muitos mais agradecimentos, porém deixo-os na conta devedora que certamente me será cobrada, como a todos nós, quando chegar a hora.

**You can change the rules,
but you can't stop the game.**

RESUMO

A análise do DNA com a finalidade de obtenção de perfil genético tornou-se imprescindível para a investigação criminal e a persecução judicial. Desde os primórdios das técnicas de identificação humana, nada havia sido descoberto com maior poder discriminatório entre dois indivíduos escolhidos ao acaso. A prova genética assumiu grande importância nos tribunais, no entanto, para os operadores do direito, toda essa temática se reveste de grande mistério. O objetivo deste estudo foi obter, e poder oferecer aos operadores do Direito, uma visão geral sobre a utilização de perfis genéticos, e suas consequências para o sistema e a sociedade brasileira. No entanto, essa poderosa ferramenta de identificação humana, o DNA e suas interligações, vêm sendo impulsionada por recentíssimos avanços, de tal monta a alterar de forma significativa procedimentos e resultados, obrigando percorrer os caminhos trilhados pelos cientistas, para de forma simplificada ordenar as informações que nortearam a genética forense até nossos dias. Fez-se uma revisita à identificação humana, até a descoberta do DNA, sua estrutura, evolução e desdobramento. Foram analisados os procedimentos, e as várias técnicas, que foram sendo aperfeiçoadas, para obtenção de resultados desde a coleta de vestígios biológicos na cena do crime, até a análise laboratorial, culminando com a automatização pela PCR e a elaboração de um perfil genético. Examinou-se o DNA no mundo Forense, seu nascimento e consagração. A presença do instrumental à disposição para trabalhar marcadores, conferindo maior poder de discriminação, o exame dos STRs (*Short Tandem Repeats*), o futuro com SNPs, o sequenciamento de segunda geração e a obtenção de características fenotípicas foram devidamente abordadas. Verificou-se, desde sua origem e implantação até nossos dias, o funcionamento dos Bancos de Perfis Genéticos mais significativos, sua problemática técnica e legal, assim como a situação do Brasil, com seus avanços e entraves para fazer parte da comunidade forense do DNA. Realizou-se experimentalmente o exame de ossos humanos carbonizados, para identificação em procedimento criminal, com detalhamento dos materiais utilizados, metodologia, equipamentos laboratoriais e *software* para análise de resultados, finalizando com resultado conclusivo. Na parte exploratória vivencial deste trabalho, foram realizadas visitas aos mais expressivos centros mundiais de DNA, localizados no EUA, França, Reino Unido e Brasil, objetivando por meio de entrevistas discutir a temática, da técnica à ética, e dos bancos de dados à operacionalidade do sistema. Finalmente, na discussão foram abordados os pontos observados nos centros de excelência, o resultado das entrevistas, e as possíveis vantagens de cada sistema, em uma totalmente fracionada postura global.

PALAVRAS – CHAVE: DNA Forense - Perfil Genético – PCR - STR –SNP - Bancos de Dados – DNA - EVC

ABSTRACT

The analysis of DNA for the purpose of obtaining genetic profile has become essential for criminal investigation and judicial procedure. Since the origins of the techniques of human identification, nothing has been discovered with greater discriminatory power, between two randomly chosen individuals. Genetic proof has assumed great importance in the courts, however, for the operators of law this whole theme is cloaked in great mystery. The objective of this study was to obtain, and to offer to the operators of Law, a general view on the utilization of genetic profiles, and their consequences for the system, and Brazilian society. However, this powerful tool of human identification, DNA and its interconnections, has been thrust forward by very recent advances, in such volume as to alter in a significant way procedures and results, being obliged to follow the paths beaten by scientists, for a simplified form to put into order the information which has directed the forensic genetics to its current point in time. A review of human identification was made until the discovery of DNA, its structure, evolution and development. The procedures and the various techniques were analyzed, which were being perfected for the obtaining results from the collecting of biological traces at the crime scene to the laboratory analysis, culminating with automatization by PCR and the elaboration of a genetic profile. DNA in the Forensic world, its birth and consecration were examined. The presence of the instruments available for working the markets, bestowing greater means of discrimination, the STR tests, the future of the SNPs, the sequence of the second generation, and the obtaining of phenotypic characteristics, were duly dealt with. It was analysed, since its origin and implantation up to the current time, the working of the more significant Genetic Profile Data Banks, its technical and legal concerns, as well as the situation in Brazil, with its advances and obstacles, to become part of the forensic DNA community. Experiments in the testing of carbonized human bones were carried out, for identification in criminal procedure, with full details of the materials utilized, methodology, laboratory equipment and software for analyzing the results, ending up with a conclusive result. Following on the exploratory part was carried out through visits to the most expressive world DNA centres, located in the USA, France, the United Kingdom and Brazil, aimed at by means of interviews to discuss this topic, from technical to ethical aspects, and of the data banks to the operations of the system. Finally, in the discussion, the points observed in the centres of excellence, the results of the interviews, and the possible advantages of each system, in a totally fractioned global posture, were addressed.

KEYWORDS: Forensic DNA - Genetic Profile - PCR - STR - SNP - Data Banks - DNA - EVC

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1 - Esquema ilustrativo de Impressão digital mostrando algumas das características rotineiramente avaliadas para identificação humana. 22
- FIGURA 2 - Representação esquemática da estrutura da dupla hélice do DNA proposta por Watson & Crick. 21
- FIGURA 3 - Cromossomos Autossômicos e Sexuais. Cariótipo de célula humana contendo os 22 cromossomos autossômicos e os dois cromossomos sexuais X e Y 26
- FIGURA 4 - Esquema representando os vários níveis de compactação do DNA, desde a dupla fita com 2 nm de diâmetro até a estrutura do cromossomo. 27
- FIGURA 5 - Enzimas de Restrição e Clivagem. Esquema mostrando atuação da enzima de restrição *EcoRI*, clivando a sequência palindrômica de nucleotídeos 5' GAATTC 3' e produzindo extremidades com sequências complementares. 30
- FIGURA 6 - RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*). A) Representação das etapas da técnica do RFLP. B) Resultado de RFLP publicado por Alec Jeffreys (Jeffreys AJ, Turner M, Debenham P) para mostrar o aspecto de um filme obtido num experimento real. 31
- FIGURA 7 - Componentes da reação de PCR. Desenho esquemático de *ependorff* contendo a amostra de DNA a replicar, a enzima (DNA Polimerase), os *primers* (iniciadores) complementares à sequência de DNA e nucleotídeos de DNA os (desoxinucleotídeos), que formam a matéria prima para sintetizar as novas fitas. 40
- FIGURA 8 – Esquema ilustrativo dos passos básicos da PCR. A desnaturação para separar as duas fitas de DNA, o anelamento (após resfriamento) das sequências de DNA com os primers e a adição de nucleotídeos pela DNA polimerase. Estão representados 3 ciclos, originando 8 novas moléculas de DNA. 40
- FIGURA 9 - Poder de Discriminação x Rapidez Resultados. Interface mostrando a relação entre o poder de discriminação da genética e a velocidade da análise proporcionada pela tecnologia aplicada, conforme os marcadores utilizados. 41

FIGURA 10 – Esquema representativo dos cinco passos necessários à análise de perfil genético: identificação do DNA, Extração do DNA, Amplificação dos STR's por PCR, Genotipagem em sequenciador Capilar e Análise.	44
FIGURA 11 - Desenho esquemático mostrando as localizações dos 13 marcadores STR da CODIS nos cromossomos.	47
FIGURA 12 - Esquema das etapas análise do DNA mostrando as fases do trabalho para estabelecer um perfil genético a partir de amostra biológica, conforme os procedimentos das áreas de Biologia, Tecnologia e Genética.	50
FIGURA 13 – Mapa representando os países (em coloração mais escura) que já possuem seus Bancos de Dados em condições operacionais, e os países que ainda se encontram em fase de planejamento, ou cujas bases de dados ainda não foram instaladas (em coloração mais clara).	60
FIGURA 14 - Esquema ilustrativo da sobreposição de marcadores utilizados, pelo CODIS, nos Estados Unidos, pelo ESS, padrão europeu, em relação aos 24 marcadores STR oferecidos nos kits comerciais, incluindo <i>locus</i> (únicos) utilizados na China e Alemanha, e os mini STRs do NIST.	61
FIGURA 15 – Fragmento de um fêmur e uma vértebra carbonizados relacionados ao local de referentes ao B.O.:666/12 da Delegacia de Polícia de Sertãozinho – SP.	86
FIGURA 16 – Exonerações por Ano nos EUA.	100

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Quantidade de DNA órgãos e tecidos (Adaptada de Kobilinsk)	38
TABELA 2 - Kits Comerciais para marcadores Autossômicos e Cromossomo Y	47
TABELA 3 - Avaliação SENASP	57
TABELA 4 - Probabilidade de coincidência entre parentes	62
TABELA 5 - Base nacional de dados do Reino Unido - estatística	63
TABELA 6 - Identificação positiva de perfis DNA por delito 2012-13	64
TABELA 7 - DNA - Data Base Management: revisão e recomendações do grupo de trabalho de DNA do ENFSI - Abril 2014	66
TABELA 8 - Instituições visitadas e especialistas entrevistados.	77
TABELA 9 - <i>INTERPOL – DNA UNIT</i>	80
TABELA 10 - Sistemas <i>STR</i> analisados pelo <i>kit Human ID QGene</i> para identificação individual.	89
TABELA 11 - Perfil Genético	92
TABELA 12 - Vínculo Genético – Paternidade	93
TABELA 13 Vínculo Genético	94
TABELA 14 – Vínculo Genético	95

LISTA DE SÍMBOLOS E ABREVIACÕES

ABNT - Associação Brasileira de Normas Técnicas

ACPO - *Association of Chief Police Officers*

AFIS - *Automatic Fingerprint Identification Systems*

CODIS - Combined DNA Index System, EUA

DNA MEG - Grupo de Trabalho de DNA da Interpol

DOU - Diário Oficial da União

ENFSI - *European Network of Forensic Science Institute*

ESS - *European Standard Set* ou série normalizada europeia de marcadores de DNA

FBI - *Federal Bureau Investigation*

FDDU - *Federal DNA Database Unit*

FDP - *Forensic DNA Phenotyping*

FGM - Multiplex de Primeira Geração

FSS – *Forensic Science Service, do Reino Unido*

HLA - *Histocompatibility Leucocyte Antigen*

IC - Instituto de Criminalística

INMETRO - Instituto Nacional de Metrologia, Normalização e Qualidade Industrial

INTERPOL – *International Police*

ISO - *International Standards Organization*

LDIS – *Local DNA Index System, EUA*

MIT - *Massachusetts Institute of Technology*

MJ - Ministério da Justiça

MPP - *Massively Parallel Processing*

NDIS – *National DNA Index System, EUA*

NDNAD - *National DNA Database, do Reino Unido*

NIJ - *National Institute of Justice, EUA*

NIST - National Institute of Science and Technology

NPIA - National Policing Improvement Agency, do Reino Unido.

NRC – National Research Council, EUA

PCR – Polymerase Chain Reaction ou reação em cadeia da polimerase

RFLP - restriction fragment length polymorphism ou polimorfismo de tamanho de fragmentos de restrição

SENASP/MJ - Secretaria Nacional de Segurança Pública - Ministério da Justiça

SDIS - State DNA Index System, EUA

SNP - single nucleotide polymorphism ou polimorfismo de nucleotídeo único

SPTC - Superintendência da Polícia Técnico-Científica do Estado de São Paulo

SSP – Secretaria de Segurança Pública de São Paulo

STR - short tandem repeats ou repetições curtas consecutivas

SWGDM – Scientific Working Group DNA Analysis Methods

UNESCO - Organização das Nações Unidas para a Educação, a Ciência e a Cultura.

VNTR - variable number of tandem repeats ou número variável de repetições consecutivas

Y-SNP – SNP presente no cromossomo Y

Y-STR – STR presente no cromossomo Y

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	15
2. OBJETIVOS	17
2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	17
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	18
3.1. IDENTIFICAÇÃO HUMANA	18
3.2. CONCEITO DE IDENTIDADE	18
3.3. CONCEITOS DE IDENTIFICAÇÃO	18
3.4. LINHA DO TEMPO	19
3.5. IMPRESSÃO DIGITAL	21
3.6. BASE GENÉTIC	21
3.7. DESCOBERTA DO DNA: EVOLUÇÃO	24
3.8. O DNA NO MUNDO FORENSE	29
3.9. DNA “FINGERPRINTS”	33
3.10. DNA IDENTIFICAÇÃO: TÉCNICAS	37
3.10.1. PCR “ <i>Polymerase Chain Reaction</i> ”	38
3.10.2. Perfil de DNA	42
3.10.3. Perfil de DNA: Individualização	51
3.11. POSSIBILIDADES FUTURAS: PERFÍS FENOTÍPICOS	52
3.12. MANEJO DAS AMOSTRAS BIOLÓGICAS	54
3.13. BANCOS DE DADOS: DNA	58
3.13.1. Bancos de dados: Reino Unido	61
3.13.2. Bancos de dados: a comunidade Europeia	65
3.13.4. Bancos de dados: Estados Unidos	67
3.13.5. Bancos de dados: INTERPOL	69
3.13.6. Banco de dados: Brasil	70

3.14. BANCO DE DADOS: CONCLUSÃO	73
3.15. PERSPECTIVAS FUTURAS	74
4. MATERIAL E MÉTODOS	77
4.1. RELATÓRIOS VIVENCIAIS E ENTREVISTAS	78
4.1.1. <i>Bode Technology Group</i>	79
4.1.2. INTERPOL	79
4.1.3. <i>Office of Chief Medical Examiner</i>	81
4.1.4. Superintendência da Polícia Técnico-Científica do Estado de São Paulo (SPTC)	82
4.1.5. Universidade de Kent - <i>School of Physical Sciences</i>	83
4.2. IDENTIFICAÇÃO DE OSSOS CARBONIZADOS E RELAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO ATRAVÉS DA ANÁLISE DO DNA	84
4.2.1. Histórico	84
4.2.2. Material Biológico	85
4.2.3. Amostra Referência	85
4.2.4. Amostra Questionada	85
4.3. METODOLOGIA DE ANÁLISE	86
4.3.1. Extração do DNA	86
5. RESULTADOS	91
5.1 VISITAS A INSTITUIÇÕES E PERITOS EM DNA FORENSE	91
5.2. IDENTIFICAÇÃO DE OSSOS CARBONIZADOS E RELAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO ATRAVÉS DA ANÁLISE DO DNA	91
5.2.1. Resultado de vínculo genético de paternidade, entre o perfil genético dos ossos carbonizados, o filho legítimo 1, WQS e sua mãe JTQS.	92
5.2.2. Resultado da análise de vínculo genético (paternidade) entre o perfil genético dos ossos carbonizados, a filha legítima 2, AQS e sua mãe JTQS.	93
5.2.3. Resultado da análise de vínculo genético (paternidade) entre o perfil genético dos ossos carbonizados, a filha legítima 3, PQS e sua mãe JTQS.	94

5.3. DISCUSSÃO	96
5.3.1. Base dados para casos arquivados <i>cold case</i>	99
5.3.2. DNA para Inocentar	99
5.3.3. Questões Técnicas Banco de Dados DNA	100
5.3.4. Diferenças Operacionais e Legais entre países e seus sistemas	103
5.3.5. DNA rápido	105
5.3.6. Questões Legais	105
5.3.7. Integridade e indagações éticas	106
6. REFERÊNCIAS	109

1. INTRODUÇÃO

A análise do DNA tornou-se imprescindível para a investigação policial, e a persecução judicial. Desde os primórdios de sua utilização, na Inglaterra em 1984, até nossos dias (WILLIAMS; JOHNSON, 2008), somos surpreendidos com o deslinde de casos criminosos, em circunstâncias extremamente complexas. Inaugurou-se uma nova era no que se refere à identificação humana devido à variabilidade genética, circunstância fundamental para conferir sua grande valia para os exames forenses em relação à individualização por DNA (BONACCORSO, 2004). Com a apresentação das prova geradas por análise de DNA, a fundamentação científica que se fez presente pela própria natureza das informações biológicas, a prova genética, assumiu grande importância nos tribunais, nas varas criminais e nas de família (GOMES, 2009; MEDEIROS, 2009).

Por quarenta anos desenvolvi atividade profissional ligada à investigação policial e notei que meus colegas de formação jurídica têm imensa dificuldade em compreender essa poderosa ferramenta de identificação humana, o DNA e suas interligações, inclusive pela dinâmica, que é inerente à ciência, e mais ainda, impulsionada por recentíssimos avanços de tal monta que alteram de forma significativa seus procedimentos e resultados. Assim é o caso dos operadores do direito, acusadores, defensores ou julgadores, inclusive aqueles que gravitam nesta mesma órbita como é o de peritos e chegando a jurados, entre outros, para os quais toda essa temática de se reveste de grande mistério (JASANOFF, 2006).

Para entender, inicialmente, como se processam os exames de DNA, de que forma são obtidos seus resultados, seu poder discriminatório, sua relação com o mundo forense e todas as nuances que cercam sua utilização, entendemos ser necessário iniciar por compreender os caminhos percorridos pelos cientistas que descortinaram esse novo mundo. Motivo pelo qual revisitamos essa trajetória desde seu início, tentando de forma simplificada ordenar as informações que nortearam a genética forense até nossos dias.

Desde que foi provada a existência de um perfil genético único para cada indivíduo, definitivamente alterou-se a metodologia utilizada para identificação, descortinando novas possibilidades nas investigações criminais, bem como nas análises forenses convencionais (HILL et al., 2008). Mas também, e principalmente nas decisões judiciais, pela introdução de um elemento novo, que foi muito bem anotado por Garrido e Pessoa (2012), quando se

referem ao observado por Gomes (2009, p. X) “[...] os testes de DNA tornaram-se, nas palavras de ser um recurso *irresistível e imperioso*, deixando de ser meio complementar de prova para se tornar fundamento das decisões dos magistrados”.

A possibilidade de estabelecer correlação com a cena do crime e perfil genético de indivíduos suspeitos permite a elucidação de crimes muitas vezes aparentemente esquecidos nos arquivos de casos insolúveis. A identificação de criminosos, principalmente relacionados à violência sexual, tem sido relatada de forma abundante na literatura (BACKES, 2013; FERREIRA et. al., 2013), da mesma forma que faz justiça, como recurso derradeiro, inocentando condenados encarcerados cumprindo indevidas penas (INNOCENCE PROJECT, 2013¹).

A utilização do DNA Forense tem sido de importância inestimável, para não afirmar ser a única possibilidade, na identificação de despojos, de vítimas de catástrofes e nas grandes tragédias (BUDOWLE et. al., 2005; BRENNER; WEIRB, 2003).

A cada vez mais desenvolvida pesquisa genética e seu avanço na área forense, resultado das biotecnologias que expandem as fronteiras da ciência, não impede o aparecimento, na sociedade brasileira, de reflexões e críticas tendentes à limitação, ou impossibilidade da utilização plena dos recursos disponibilizados a serviço da persecução criminal, mormente na criação de bancos de perfis genéticos para finalidades criminais (FONSECA, 2013; ROCHA, 2013).

¹ <http://www.innocenceproject.org/>

2. OBJETIVOS

Reflexão multidisciplinar sobre a obtenção, análise e formação de arquivos de perfis genéticos (DNA), ou de amostras biológicas, para identificação criminal, e seus desdobramentos para a investigação criminal e a persecução judicial.

Proporcionar, para os operadores do Direito, uma visão geral sobre a utilização de perfis genéticos, e suas consequências à luz das eventuais vantagens para o sistema, e a sociedade brasileira.

2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Descrever a identificação criminal e seus desdobramentos ao longo do tempo.
- Analisar potencial informativo obtido pelo DNA, e os avanços tecnológicos e metodológicos.
- Estudar o DNA Forense, métodos de obtenção e vantagens.
- Descrever a contribuição da Biologia Molecular na elucidação de crimes.
- Demonstrar a potencialidade do exame de DNA.
- Verificar os cuidados integrais da coleta e custódia, armazenamento, descarte de amostras biológicas de relevância forense.
- Discorrer sobre os bancos de dados sua significância, e sua instrumentalização nacional e internacional.
- Avaliar os progressos do DNA Forense e suas futuras perspectivas.
- Oferecer subsídios para discussão, das questões éticas e legais, que permeiam nossa sociedade no que tange a banco de dados de perfis genéticos de criminosos.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. IDENTIFICAÇÃO HUMANA

A identificação humana se insere no domínio das chamadas ciências forenses, que providenciam suporte científico necessário para a solução de questões legais nas várias áreas do Direito em íntima ligação com a medicina forense ou medicina legal e a criminalística. Trata-se de estudos multi e transdisciplinares que envolvem conhecimentos de física, química, matemática, biologia, informática, e suas disciplinas afins. Identificação humana requer um trabalho complexo, multidisciplinar por abranger diversas áreas do conhecimento científico, demandando qualificação profissional e equipes especializadas alocadas para a atividade. A identificação segura garante a justiça e a estabilidade nas relações sociais (ARAÚJO, 2009).

3.2. CONCEITO DE IDENTIDADE

“Identidade pode ser descrita como a soma de caracteres que individualizam uma pessoa, distinguindo-a das demais”, sendo que o emprego de meios adequados para determinar a identidade ou não identidade das pessoas é o processo de identificação, que sofreu profundas alterações ao longo do tempo (SIEGEL; KNUPFER; SUUKKO, 2000).

Genival Veloso de França (2001, p.32) define identidade como sendo o "[...] conjunto de caracteres que individualiza uma pessoa ou uma coisa, fazendo-a distinta das demais".

3.3. CONCEITOS DE IDENTIFICAÇÃO

Identificação trata de garantir, pela presença de atributos ou elementos de distinção, a identidade de pessoa ou coisa. Deve obedecer a requisitos que possam ser conferidos individualmente, que sejam únicos e perenes, de modo a resistir à passagem do tempo, imutáveis no sentido de não sofrerem alteração, e que possuam praticabilidade para agilizar a

obtenção de seus elementos, além da muito importante possibilidade de arquivamento, e recuperação de dados com praticidade (FRANÇA, 2001).

A diferenciação entre identidade e identificação pode ser resumida simplesmente entendendo-se que identidade é o conjunto de sinais, propriedades e características que individualizam uma pessoa. De outra parte a identificação corresponde aos diversos processos, métodos e sistemas para o reconhecimento de pessoas seja em vida, morta ou restos mortais, bem como os procedimentos pelos quais se determina ou estabelece a identidade de um indivíduo (FIGINI et al.,2003).

3.4. LINHA DO TEMPO

No passado na Idade Média, escravos e criminosos eram identificados por marcas provocadas por ferro aquecido, denominado de *ferrete*, como se fora uma conhecida ferramenta de marcação de bovinos e equinos. Tanto na velha Grécia quanto em Roma, havia o costume de se marcar criminosos e ladrões com o ferro quente ou cortando uma orelha. No Brasil, marcavam-se escravos com ferro incandescente durante o período do império colonial, praticamente até a abolição da escravatura.

A mutilação (BRAZ, 2013) de determinado órgão tinha uma relação simbólica, de modo a estigmatizar, em virtude do crime praticado e o respectivo desvalor ético-jurídico. Como as características físicas podiam ser burladas com um disfarce, a monarquia francesa adotou uma maneira permanente de marcar os criminosos. Marcação a fogo com uma "tatuagem" no rosto, no formato da flor-de-lis, o emblema do poder francês desde o século XII. A cicatriz durava para sempre, posteriormente até 1823, com as chamadas "letras de fogo", como GAL, nas costas para condenados às galés, entre outras, que indicavam crimes diversos. Essa prática, também foi utilizada em Portugal, tendo persistido até praticamente o final do século XVII (ARAUJO, 2006)

No século XIX, com a invenção da fotografia, a identificação foi adotada em diversos países, as fotos eram arquivadas juntamente dados pessoais dos criminosos, embora não permitisse classificação para busca. A sua utilização sistemática iniciou-se em 1854, na

cidade de San Francisco nos Estados Unidos (INSTITUTO DE IDENTIFICAÇÃO DO PARANÁ, sem data)².

Cronologia de importantes eventos na história da identificação humana:

1686 – Malpighi, Marcelo, Professor de Anatomia da Universidade de Bologna, percebeu e descreveu a existência nos dedos, de sulcos, laços, espirais, todavia não estabeleceu relação com identificação.

1858 – Hershel, Sir William James, magistrado em Jungipoor, na Índia, serviu-se de impressões digitais em contratos, notando a possibilidade de virem a servir como meio de identificação.

1883 - Mark Twain, pseudônimo do escritor Samuel L. Clemens, nos Estados Unidos, serviu-se das digitais para identificação de um assassino no seu livro “*Life on Mississippi*”, e ainda posteriormente, em outra obra sobre julgamento com mesmo tema.

1882 – Bertillon, Alphonse, policial na França, idealizou o Sistema Antropométrico que levou seu nome, “Bertillon”. Servia-se de instrumentos para medir partes do corpo: pé esquerdo, crânio, dedo indicador e medidas faciais. Utilizou a impressão digital de forma secundária. Foi criador do Departamento de Identificação Judicial.

1888- Galton, Sir Francis, antropólogo britânico, validou as impressões digitais como meio de identificação. Em seu livro, “*Fingerprints: Individualidade e Permanência*”, introduziu o sistema de classificação que levou seu nome, tendo desenvolvido estudos indicando similaridade na proporção 1:64000000.

1891- Vucetich, Juan, oficial de polícia argentino, iniciou o primeiro arquivamento de impressões digitais baseado nos tipos descritos por Galton, incorporando, num primeiro momento, o sistema Bertillon (GARRIDO, GIOVANELLI, 2009).

² Disponível em: <<http://www.institutodeidentificacao.pr.gov.br>>. Acesso em 12 nov. 2014

3.5. IMPRESSÃO DIGITAL

O estudo dos desenhos dermopapilares que existem na ponta dos dedos (figura 1), na palma das mãos e na planta dos pés, denomina-se lofoscopia, provindo este termo do grego “lophos” (relevo, crista) e “skopen” (observar, examinar), e a datiloscopia é uma das suas divisões.³

As primeiras referências sobre as papilas epidérmicas foram feitas por Malpighi no séc. XVII, mas foi só no séc. XIX que Faulds, Herschel, Darwin e Galton sistematizaram sua utilização. Porém coube a Juan Vucetich, na Argentina, criar o método de identificação dactiloscópico atualmente utilizado denominado de Vucetich, no ano de 1892 (GARRIDO; GIOVANELLI, 2009). É de sua autoria a primeira identificação baseada em impressão digital. Encontrou, numa cena de crime, uma impressão em um batente de porta, feita com sangue, que permitiu identificar uma mulher que matara seus dois filhos e cortara a própria garganta. A base do Sistema Vucetich, é a apresentação classificada dos tipos de conformação das papilas dérmicas nas falanges distais: arco; presilha interna; presilha externa; verticilo, que por sua vez apresentam outras variações.

Massivamente empregada, a identificação por meio da datiloscopia ganhou seu espaço no século XX, obrigando a formação de peritos papiloscopistas, de maneira a classificar, comparar, além de estabelecer técnicas, para coleta das impressões digitais.

Desde os anos setenta, com o desenvolvimento do “chip” de sílica, surgiram soluções para automatizar o processo de comparação das impressões. Consagrou-se assim um equipamento digitalizador, AFIS “*Automatic Fingerprint Identification System*”, que captura e processa as imagens das impressões digitais estabelecendo seu correlacionamento com a base de dados cadastrada (JOHNSON, 1998).

3.6. BASE GENÉTICA

Tudo se inicia no passado remoto, em 1865, na antiga Tchecoslováquia, com o monge austríaco Gregor Mendel (1822-1884) tornando públicas suas descobertas, nas quais vinha

³ Disponível em <<http://www.criminalistica.com.mx/areas-forenses/dactiloscopia/330-la-lofoscopia>>. Acesso em jun 2014.



FIGURA 1 - Esquema ilustrativo de Impressão digital mostrando algumas das características rotineiramente avaliadas para identificação humana. **Fonte:** Modificado de <http://innovationtrail.org/post/fingerprint-research-points-way-accuracy>.

trabalhando nos últimos nove anos. Seus experimentos com ervilhas foram divulgados na “*Natural History Society*” da cidade de Brünn, na Bohemia, hoje Brno, pertencente à República Tcheca. Denominou o resultado de seu trabalho como “Experiências sobre Híbridos e Plantas”.

Abria-se assim, a perspectiva da passagem de elementos físicos controladores de características hereditárias distintas dos genitores para a prole, que viriam posteriormente a ser denominados genes. Deve-se creditar a ele a descoberta dos genes, e de como são herdados.

O termo gene foi criado pelo botânico dinamarquês Johansen derivado do termo “pangen” e introduzido por De Vries, que por sua vez é derivado do termo “trangênese”, criado por Charles Darwin no ano de 1868. Assim, surgiram dos experimentos de Mendel, as características dominantes, e as chamadas de recessivas. Sua proposta era de que as plantas de

cruzamento puro, com dois genes idênticos, seriam as homozigotas, e aquelas com características contrastantes seriam a heterozigotas. E os genes responsáveis pelas características contrastantes seriam os alelomorfos, ou simplesmente alelos (TURNPENNY, 2009).

Todavia, o trabalho de Mendel não obteve nenhuma repercussão. Somente dezesseis anos após sua morte, pode-se afirmar ser a data formal do nascimento da genética. Assim, foi 1900 um ano especial para Genética, era o momento da redescoberta de suas leis, pela tríade Hugo de Vries (1848-1935), Carl Correns (1864-1933), e Erich von Tschermak (1871-1962), com estudos e pesquisas nas áreas de citologia, embriologia, entre outras embasando as descobertas que se seguiriam (MONAGHAN; CORCOS, 1984; SALZANO, 2004).

É também de 1900, o surgimento do primeiro marcador genético confiável, o sistema do grupo ABO, fruto dos trabalhos de Karl Landsteiner (1868 -1943), que praticamente dedicou sua vida a comprovar que havia diferenças no sangue dos indivíduos, foi reconhecido pela comunidade científica com o prêmio Nobel de Medicina em 1930, que tardou trinta anos para lhe ser conferido (LANDSTEINER; WIENNER, 1940).

O polimorfismo básico, originado a partir de uma simples mutação, foi encontrado no sistema ABO. Na sequência, ainda como resultado das pesquisas de Landsteiner, descobriu-se o sistema MN de grupos sanguíneos, no ano de 1920. Finalmente, coube ainda a ele em 1937, a revelação do fator RH em trabalho conjunto com Alexander Solomon Wiener (LANDSTEINER; WIENNER, 1940).

A introdução do fator RH foi determinante para a ciência forense, pois os exames assim realizados possibilitaram estabelecer exclusão em estudos de parentesco, além de outras incontáveis aplicações na medicina (SILVA et al., 2010).

Na década de sessenta, eram conhecidos 17 grupos de sistemas sanguíneos, embora não fossem todos utilizados para finalidade de identificação.

Nos anos oitenta surge o sistema *Histocompatibility Leucocyte Antigen* HLA, que é um conjunto de genes codominantes conhecidos como antígenos leucocitários humanos, provenientes do soro humano (RUMJANEK, 1997). Estes antígenos são analisados por meio de anticorpos denominados de anti-HLA, permitindo individualização com alta probabilidade de inclusão, que pode chegar até 95%. Todavia, ainda não suficiente para identificação definitiva.

As técnicas sorológicas, embora pudessem ser utilizadas conjuntamente, não possibilitavam uma identificação segura, porém tinham a importante virtude de excluir.

3.7. DESCOBERTA DO DNA: EVOLUÇÃO

A Biologia Molecular e seus avanços possibilitaram caminhar no sentido do aperfeiçoamento dos métodos de identificação humana. A tipagem individual relacionada com DNA dos anos oitenta se transformou na poderosa ferramenta de identificação humana. O exame de DNA veio a ser a mais importante técnica de identificação humana, desde a utilização das impressões digitais.

Em 1869, Friedrich Miescher (1844-1895), bioquímico suíço, na Alemanha, isolou o que ele denominou de “nucleína”, com grande número de células brancas do sangue, conseguidas pelo pus de bandagens cirúrgicas sujas. Ele havia isolado, dos núcleos das células uma macromolécula desconhecida até então, e que posteriormente veio a receber o nome de ácido nucleico, substância que seria a base da herança dos caracteres nos seres vivos. Sua descoberta só veio ter este sentido na segunda metade do século XIX. (COLD SPRING HARBOR LABORATORY, 2014).

No início do século passado, Ludwig Albrecht Kossel, isolou e caracterizou os compostos orgânicos presentes nos ácidos nucleicos, nomeando-os: adenina, citosina, guanina, timina e uracila. Estas seriam as peças fundamentais, para formação do DNA e do ácido ribonucleico ARN ou RNA (ALBERTS et al., 2002).

Foi no ano de 1944 que Oswald Theodore Avery, Colin MacLeod e Macklin McCarthy indicaram que o ácido desoxirribonucleico (ADN ou DNA) seria o transmissor de características biológicas. Esta descoberta se deu no laboratório do Instituto Rockefeller de Nova York, na sequência das experiências de Fred Griffith, cientista inglês, que estudara a fundo o *Pneumococcus*, agente bacteriano da pneumonia, no ano de 1928, às quais denominou Princípio da Transformação (AVERY et al., 1944). A comprovação da transmissão de caracteres - hereditariedade – veio a se dar com os trabalhos de Alfred Hershey e Martha Chase, evidenciando a ligação entre hereditariedade e DNA, no ano de 1952, utilizando marcadores radioativos (MIKLOS et al., 2005).

Esta sucessão de descobertas permitiu entender a ligação DNA com os genes.

Os cientistas que estudavam o DNA e buscavam conhecer sua estrutura, deram origem a uma corrida, que se tornou uma competição entre Linnus Pauling do *Caltech* - Instituto de Tecnologia da Califórnia, considerado à época como o químico de maior expressão mundial, James Watson e Francis Crick, do Laboratório Cavendish da Universidade de Cambridge; e Maurice Wilkins e Rosalind Franklin do King's College, em Londres.

A partir de uma imagem obtida por Franklin, que fotografara com raios-X o DNA, Watson e Crick, embasando seus estudos anteriores, formularam o modelo espacial da estrutura helicoidal do DNA (WATSON, 2007). Esse exame do DNA feito por difração de raios X, e a conclusão da estrutura atômica tridimensional do DNA, configurando tratar-se de duas longas fitas que se assemelhavam a uma hélice (figura 2), realizado em 1953, renderam a ambos o Prêmio Nobel em Medicina e Fisiologia (FERREIRA, 2003).

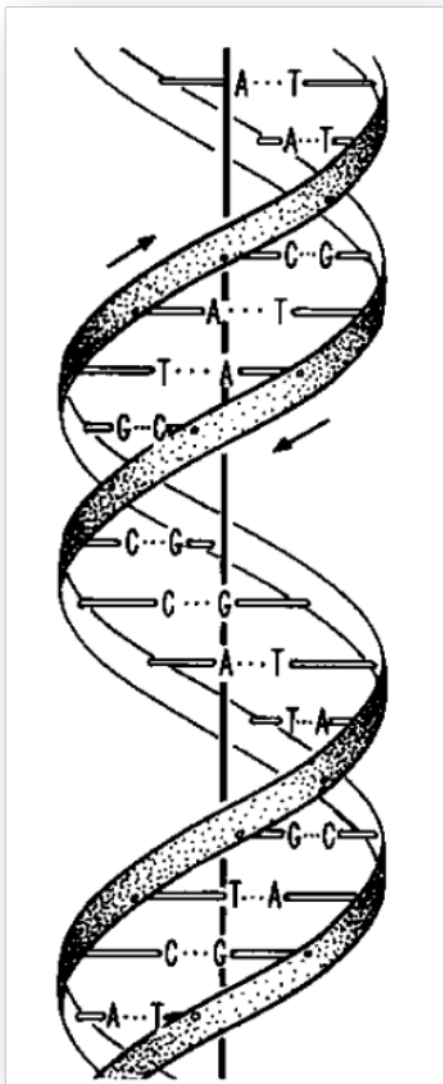


FIGURA 2 - Representação esquemática da estrutura da dupla hélice do DNA proposta por Watson & Crick. Nota-se nesta figura que as fitas da dupla hélice são antiparalelas, conforme indica a direção das setas; As bases nitrogenadas A (adenina), C (citosina), G (guanina) e T (timina) estão na posição interna da dupla hélice e pareiam-se A-T e C-G unindo as duas fitas.

Fonte: modificada de KLUG, Aaron. The discovery of the DNA double helix. **Journal of Molecular Biology**, v.2004, n. 335.

Pode-se então afirmar que DNA, como habitualmente nominado, é a sigla para ácido desoxirribonucleico, formando um composto orgânico cujas moléculas contêm instruções genéticas que coordenam o desenvolvimento e funcionamento de todos os seres vivos e de alguns vírus. O DNA era a molécula da vida (MIKLOS et. al., 2005; WATSON, 2007).

Conceituou-se assim, ser o DNA o transportador das informações genéticas que determinam as características físicas dos indivíduos, e comanda os processos químicos envolvidos no funcionamento do corpo.

O DNA é encontrado de forma semi-ordenada dentro do núcleo celular, de todos os indivíduos, com exceção das células vermelhas do sangue, as hemácias. Essas células não têm núcleo e, portanto, não têm DNA. O núcleo da célula humana compreende 23 pares de cromossomas herdados um do pai e um da mãe (figura 3) (FARAH, 1997).

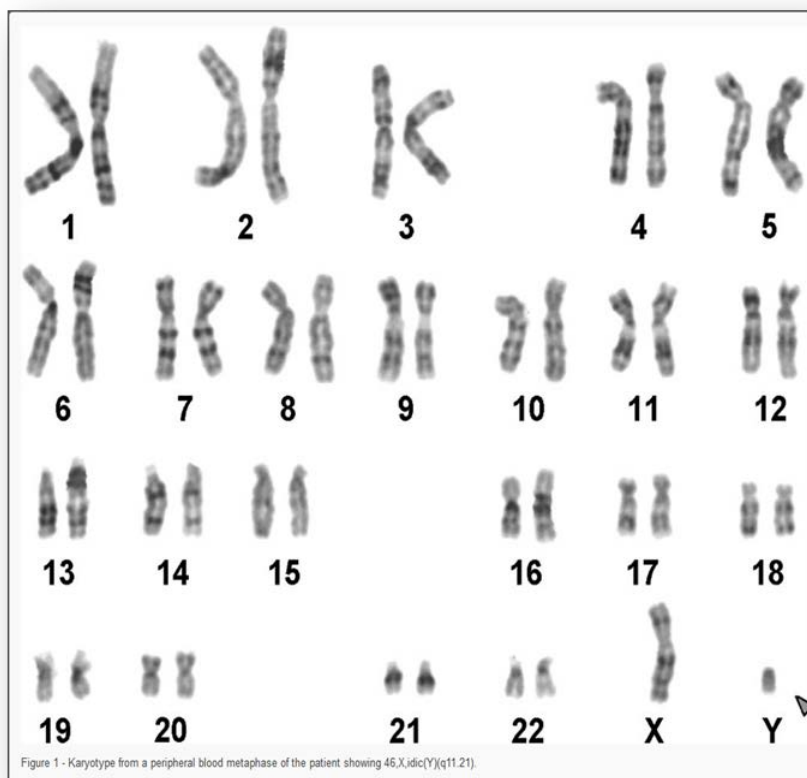


FIGURA 3 - Cromossomos Autossômicos e Sexuais. Cariótipo de célula humana contendo os 22 cromossomos autossômicos e os dois cromossomos sexuais X e Y.

Fonte: AL-ACHKAR, W. et al. Detailed analysis of an idic(Y)(q11.21) in a mosaic karyotype.

Molecular Medicine Reports, v.6, n. 2, p. 293-296, ago 2012.

Um dos pares de cromossomas é chamado de “cromossomo sexual”, um macho tem um X e um cromossomo Y e a fêmea tem dois cromossomos X. Sabe-se diferenciar pelo fato de no macho haver o Y, caso não estejamos frente a um dos raros casos de mutação onde podem aparecer só um Y e dois X.

A estrutura da molécula de DNA é uma dupla hélice construída em espiral para formar os cromossomos (figura 4).

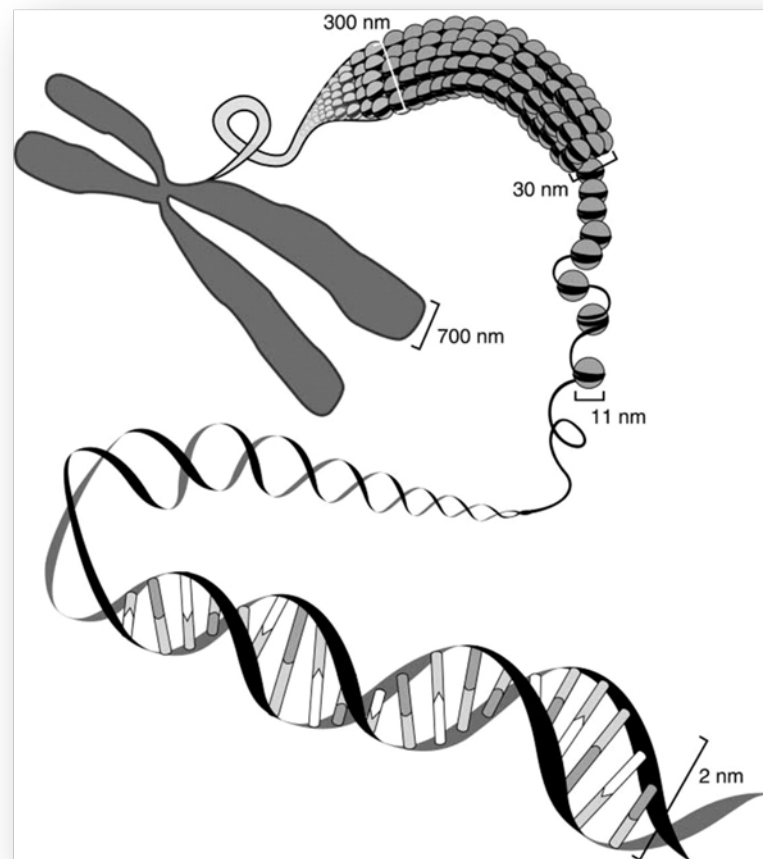


FIGURA 4 - Esquema representando os vários níveis de compactação do DNA, desde a dupla fita com 2 nm de diâmetro até a estrutura do cromossomo. **Fonte:** WEIER, Heinz-Ulrich G. DNA fiber mapping techniques for the assembly of high-resolution physical maps. **Journal of Histochemistry & Cytochemistry**, n. 49, p. 939, 2001.

O DNA de dupla fita, com a espessura de 2nm, se enrola sobre si mesmo e então se associa com estruturas proteicas denominadas histonas, com 11 nm. As histonas associadas ao

DNA se associam em fibras de 30 nm que se unem para formar as fibras de 300nm, que por sua vez ligam-se ao esqueleto proteico do cromossomo.

Como entendida atualmente, a molécula de DNA é descrita tendo extensas fitas de polinucleotídeos, os quatro nucleotídeos referidos anteriormente, que são ligados à fita por polaridade química, sendo que esta polaridade é indicada pelas referências 3' e 5', respectivamente para cada extremidade da molécula.

Os nucleotídeos são compostos por um açúcar com cinco átomos de carbono, marcados de 1'ate'5', os fosfatos que formam ligações covalentes com os carbonos 3' e 5' de uma base nitrogenada. As bases nitrogenadas podem ser purinas, adeninas (A), e guanina (G), ou pirimidinas, citosina (C) e timina (T), e estas base se ligam ao carbono 1'da pentose por meio de uma ligação glicosídica (BONACCORSO, 2008).

Simplificando, cada nucleotídeo é formado por uma pentose (molécula de açúcar), um ácido fosfórico e uma base nitrogenada. Como as bases nitrogenadas do DNA são quatro, formam os quatro diferentes tipos de nucleotídeos, que pareiam entre si na dupla fita obedecendo sempre a mesma complementaridade, C pareia com G e A pareia com T.

Quimicamente, o DNA é idêntico para todos, porém a diferença reside no conjunto de informação que é regido pela sequência das bases. Portanto a ordem dessas bases determina o código genético.

O genoma humano é composto por mais de três bilhões de pares de bases, e 99.9 % do DNA possuem a mesma sequência de pares de bases. A identificação baseada na análise do DNA implica em observar a variação encontrada em 1% (SILVA; PASSOS 2006).

Nos anos oitenta, Raymond “Ray” White, geneticista da Universidade de Utah, e Arlene Wyman do *Massachussets Institute of Technology* MIT identificam regiões do DNA que não codificavam proteínas, mas em compensação eram extremamente variáveis entre indivíduos. Este mesmo fenômeno era similar ao observado por Jeffreys (JEFFREYS et al., 1985) constatando que um pequeno trecho do DNA se repetia continuamente, mas que o número dessas repetições era variável entre indivíduos (WATSON, 2007; WYMAN & WHITE, 1980). Foram pioneiros no desenvolvimento de marcadores genéticos a partir das sequências de variações do DNA, que viriam a se tornar a base para o mapeamento e a identificação de variações de genes. Suas contribuições e seus trabalhos possibilitaram a detecção de

modificações de pares de bases no DNA humano, criando uma nova fonte de marcadores genéticos (WYMAN & WHITE, 1980).

3.8. O DNA NO MUNDO FORENSE

No ano de 1984, o professor Alex Jeffreys, da Universidade de Leicester, observou que as variações de DNA eram únicas para cada indivíduo. Jeffreys e seus colaboradores descobriram uma forma de diferenciar as amostras genéticas se servindo do método *Restriction Fragment Length Polymorphisms* RFLP, primeira técnica de marcadores polimórficos do DNA (WYMAN; WHITE, 1980). Essas diferenças de indivíduo para indivíduo ocorrem simplesmente porque o DNA naquela região se manifesta de diferentes formas e tamanhos. Neste método de detecção de regiões polimórficas do DNA, fragmentos de DNA são analisados por meio de corte utilizando enzimas de restrição, que têm um funcionamento com se fossem tesouras moleculares. O local do “corte” é conhecido como sítio alvo.

As enzimas de restrição, chamadas também de endonucleases (endo - dentro), atuam no interior das moléculas de DNA. São enzimas que cortam a molécula de DNA por meio do reconhecimento de sequências nucleotídicas específicas. Essas enzimas produzidas por bactérias clivam, ou seja, cortam a molécula de DNA sempre em determinados locais.

Uma das primeiras enzimas de restrição a ser isolada foi a *EcoRI*, produzida pela bactéria *Escherichia Coli*, que tem a capacidade de reconhecer a sequência 5' GAATTC 3', atuando com corte sempre entre G e o primeiro A. A enzima de restrição *EcoRI*, extraída de células de *E. Coli*, reconhece e cliva a sequência palindrômica de nucleotídeos 5' GAATTC 3'. A clivagem de DNA nesta sequência produz caudas de fita simples complementares (figura 5). Estas caudas complementares com "extremidades coesivas" podem se emparelhar uma com a outra, mesmo se os dois fragmentos forem provenientes de diferentes organismos.

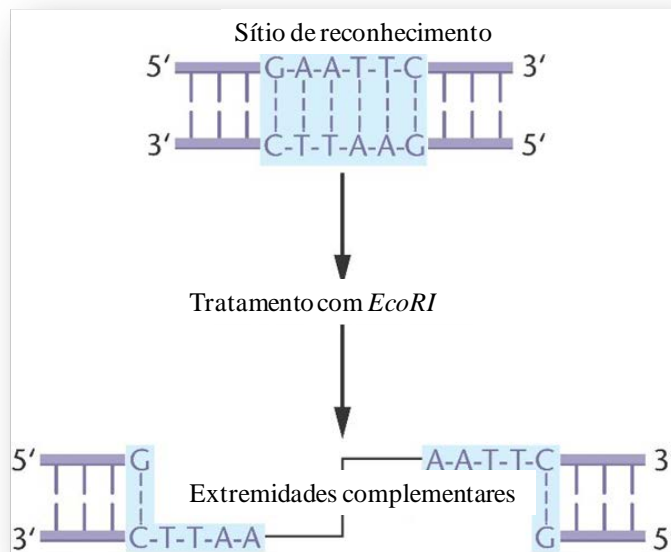


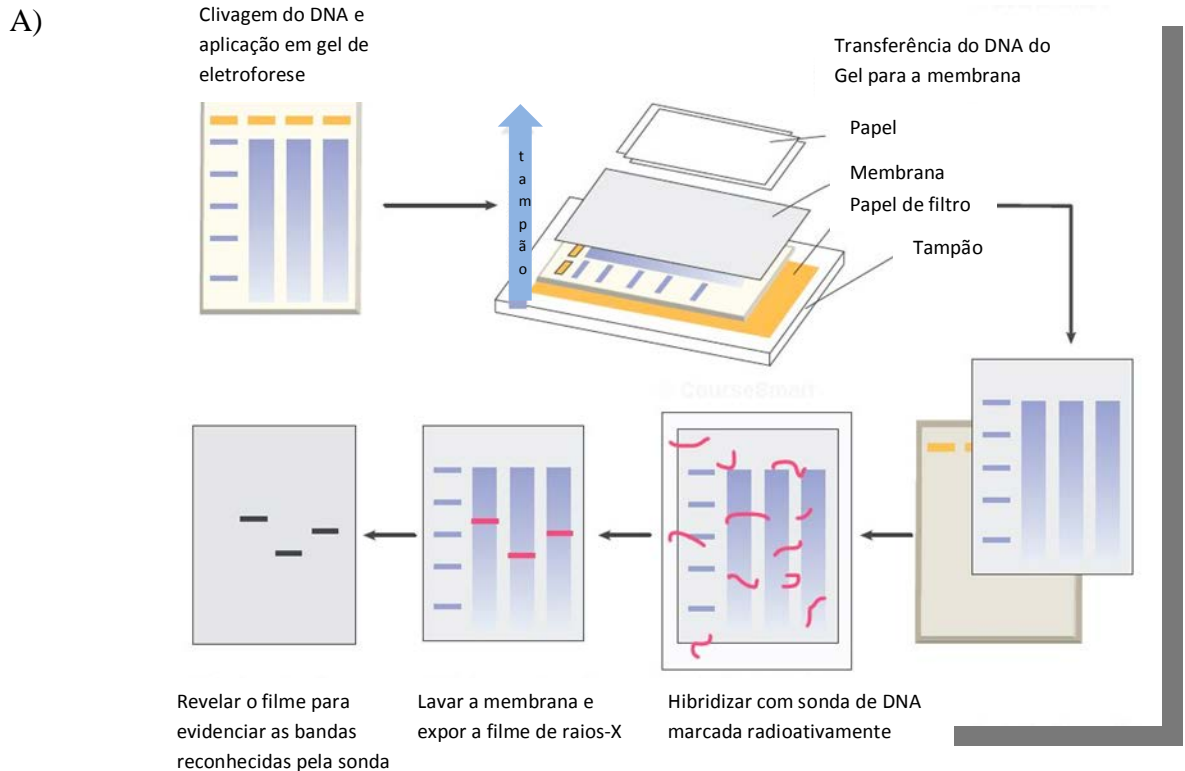
FIGURA 5 - Enzimas de Restrição e Clivagem. Esquema mostrando atuação da enzima de restrição *EcoRI*, clivando a sequência palindrômica de nucleotídeos 5'GAATTC 3' e produzindo extremidades com sequências complementares. **Fonte:** Modificado de **Concepts of Genetics**. Disponível em: <<http://bio3400.nicerweb.com/>>. Acesso em 11 dez. 2014

Feito o corte, os pedaços são analisados com objetivo de se perceber as diferenças (polimorfismos), seja no tamanho, seja no comprimento, entre os indivíduos, podendo ter diferentes classificações dependendo do tipo de mutação.

Como mencionado anteriormente, denomina-se de polimorfismo básico aquele que é originado a partir de uma simples mutação, ou seja, quando houver uma substituição de um único nucleotídeo. Estaremos então presenciando o que se denominou *Single Nucleotide Polymorphism* SNP ou polimorfismo de nucleotídeo único.

Existem outros tipos de polimorfismos, que ocorrem quando há inserção ou deleção de pedaços do DNA. Também podem ser encontrados polimorfismos de bases repetidas do DNA, que podem ser duas, três ou quatro bases, chamados de *Short Tandem Repeats* STRs ou microssatélites.

A análise da variação de comprimento dos polimorfismos dos *loci* do DNA é observada pelo número de pares de bases de sequências repetidas, que continham *Variable number of Tandem Repeats* VNTRs, ou seja, número variável de repetições consecutivas, também denominados de microssatélites.



B)

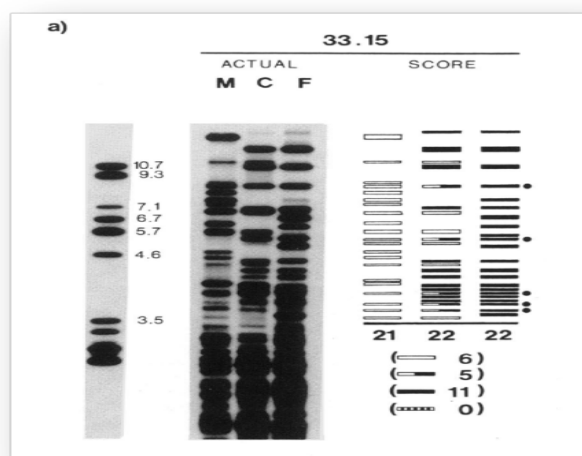


FIGURA 6 - RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*). A) Representação das etapas da técnica do RFLP. Após aplicação dos fragmentos de DNA em gel de eletroforese, transferência deste DNA do gel para uma membrana, hibridização com sonda radioativa, expõe-se a raios-X e revela para obtenção do filme contendo as bandas específicas indicando cada fragmento de DNA. B) Resultado de RFLP publicado por Allec Jeffreys (Jeffreys AJ, Turner M, Debenham. P) para mostrar o aspecto de um filme obtido num experimento real.

Fonte: Jeffreys & Turner, 1991.

O desenvolvimento das sondas de DNA para os *loci* VNTR foi a chave para a utilização das análises de RFLP na Medicina Forense. A sonda original de Jeffreys era uma sonda multilocal - MLP, que age se ligando a várias sequências de DNA, de forma a produzir inúmeras bandas (figura 6) (BONACCORSO, 2005).

O objetivo que se pretende indica qual a técnica mais adequada para análise do DNA, mas, independentemente das particularidades de cada uma delas, diversas etapas devem ser obedecidas. Essas etapas sempre serão: coleta de amostra, extração, purificação e quantificação do DNA de todas as amostras, análise dos loci, visualização dos fragmentos e respectiva caracterização (aplicação Eletroforese), interpretação e análise dos resultados (COMMITTEE ON DNA FORENSIC SCIENCE, 1996).

O DNA da amostra deverá ser purificado, para facilitar seu poder de discriminação, por lise celular (ruptura da membrana plasmática) e precipitação (BUTLER, 2005) A extração mais simples utilizada na genética forense é feita pela retirada das proteínas presentes na amostra lisada do DNA utilizando-se uma mistura de dois solventes orgânicos, clorofórmio e fenol, muito utilizados pelo baixo custo e a grau pureza bastante alto (BONACCORSO, 2004). Outros métodos podem ser empregados demandando a utilização de *kits* comerciais disponíveis no mercado (PROMEGA, 2009).

Um dos métodos usados para detectar uma sequência específica de DNA numa amostra é denominado *Southern Blot*. Neste processo, após a clivagem por enzimas de restrição, os fragmentos do DNA são separados pela eletroforese em gel de agarose, aproximadamente de acordo com seus tamanhos. Após terem atravessado o gel, dá-se a transferência do DNA do gel para membrana de nylon, que age como se fosse um mata-borrão (esse é o processo do *blot*). As membranas utilizadas no *Southern Blot* possuem em sua superfície cargas elétricas positivas, que ajudam a ligar a molécula de DNA com carga negativa. Subsequentemente, ocorre a desnaturação do DNA dupla fita pela introdução de produtos químicos, finalizando com uma sonda genética marcada com isótopo radioativo ou fluoróforo. Esta sonda marcada possui uma sequência de DNA específica que hibridiza com uma sequência conhecida do DNA estudado. Finalmente, a membrana é exposta a um filme fotográfico adequado, no caso de raio-X, para obtenção de uma autorradiografia resultando numa imagem com uma série de bandas paralelas, de diferentes tamanhos, que correspondem ao comprimento do fragmento de DNA, como anteriormente citado, das áreas repetidas. Para melhor entendimento, é como se fosse o que hoje denominamos de código de barras, encontrado em diversos produtos.

Nos nossos dias a metodologia do RFLP (figura 6A) é raramente praticada, e como se nota na figura 6B, o tipo de prova apresentada pelos peritos era uma placa radiográfica, assemelhada à de raios-X, que servia de sustentação para confecção do laudo. Neste teste a informação se referia para onde as bandas se moveram apontando a presença ou ausência de alelos. O teste original do primeiro caso de DNA Forense identificou o autor do delito, na Inglaterra, e foi apresentado desta forma.

3.9. DNA “FINGERPRINTS”

No ano de 1985, as técnicas moleculares de Jeffreys foram utilizadas inicialmente para identificação em um caso de imigração que se revelou positiva, e portanto exitosa (JEFFREYS et al., 1985), e posteriormente para solucionar crimes relacionados com estupro e morte da vítima, que foram praticados no Condado de Leicestershire, na Inglaterra.

O resultado de seu trabalho revelou uma abordagem totalmente diferente do que se conhecia em termos de identificação humana, recebendo a denominação inicial de impressão digital de DNA, “*DNA Fingerprint*”⁴.

O primeiro caso de investigação com o uso da tecnologia ficou conhecido como “Caso Pitchfork”. A tecnologia inicial, para capturar e expor diferenças individuais se baseou em sequências repetidas de DNA, desenvolvidas na Universidade de Leicester por Jeffreys e seus colegas. Esse sistema permite distinguir características específicas de cada amostra. Quando o resultado foi atingido, no dia 15 de setembro de 1984, por Jeffreys e seus colegas, ficou definitivamente consagrada a terminologia “*DNA fingerprints*” (JEFFREYS et al., 1985).

Essa sequência de descobertas e resultados se deu em virtude de Jeffreys ter notado, durante seu trabalho com genes da mioglobina humana, que certos trechos do DNA apresentavam polimorfismos. Após analisar vários indivíduos que não tinham relação de parentesco entre si, notou que o padrão de DNA de cada um dos indivíduos examinados não

⁴ Disponível em <<http://www.le.ac.uk>>. Acesso em 12 nov. 2014.

se repetia, motivo pelo qual chegou à conclusão da existência de um padrão único para cada indivíduo, surgindo daí a analogia com o termo utilizado para as impressões digitais.

Para alcançar esse resultado, utilizou uma sonda, a partir uma sequência curta de quinze nucleotídeos, que foi marcada com uma molécula radioativa. Ele buscou no genoma esta sequência que é encontrada pelo emparelhamento das bases e pela aderência à sua sequência complementar. Por meio de raios-X, foi feito o registro desses pontos radioativos (figura 6B). Após analisar inúmeras amostras de DNA, verificou que embora a sonda tivesse detectado muitas sequências similares, havia um grande número de variações entre as amostras, mesmo entre familiares. Foi então que percebeu a possibilidade de diferenciar indivíduos (WATSON, 2007).

Jeffreys, na continuação de suas observações que dizem respeito aos padrões polimórficos, estabeleceu o conceito de haver uma estabilidade no polimorfismo. Ou seja, concluiu que o polimorfismo aparecia em todas as células do mesmo indivíduo, portanto estaria presente em qualquer tecido, sangue ou fluídos corpóreos. E ainda, a transmissão dos polimorfismos para a descendência estaria garantida, da mesma forma como se transmitem os genes (RUMJANEK, 1997).

O uso do DNA pela polícia teve sua primeira vez no ano de 1986, em Northampton Shire, durante investigação de estupro e morte de uma jovem de 15 anos de idade. Exames realizados na amostra de sêmen coletado na vítima revelaram ser do tipo sanguíneo A, com uma forte presença da enzima fosfoglicomutase (WILLIAMS; JONHSON, 2008). Segundo cálculos estatísticos, essa combinação apareceria na proporção de um para cada dez homens.

Este resultado foi idêntico para a amostra colhida em outro caso de estupro, fato que se dera em 1983. Devido a contradições, após a prisão de um jovem de 17 anos, que havia confessado ser o autor do crime, embora veementemente negasse a participação no caso anterior, foi solicitada a colaboração de Jeffreys para aplicar sua técnica. Amostras de manchas de sêmen dos dois casos foram examinadas por duas vezes, chegando à mesma conclusão. O sêmem analisado provinha, nas duas amostras, do mesmo indivíduo, e não era compatível com o suspeito, réu confesso. A exoneração do suspeito foi confirmada em definitivo, até porque, num primeiro momento, já havia sido verificado ser seu tipo sanguíneo não condizente com o da amostra, motivo pelo qual havia uma flagrante inconsistência na prova material. As autoridades policiais decidiram por um rastreamento orientado para obter DNA de todos os homens residentes no local do crime e nas imediações. Estabeleceram uma

faixa de idade entre 16 e 34 anos, devido à alta contagem de espermatozoides, encontrada na amostra obtida na cena do crime, fator indicativo de que deveria pertencer a um indivíduo jovem.

No ano de 1987, foi preso Colin Pitchfork, seguindo-se à informação de haver tentado fraudar a coleta de amostra de sangue em andamento para identificação do estupro via DNA. Após sua prisão, confissão da autoria dos dois estupros e morte de suas vítimas, uma confirmação positiva foi obtida pela realização de exame de DNA, que definitivamente o colocou na cena do crime. Pelo sistema penal britânico, por ele ter se declarado culpado, não houve contraditório e a evidência DNA nunca foi apresentada na corte (WILLIAMS; JONHSON, 2008).

Naquele mesmo ano de 1987, em Bristol, um suspeito de estupro foi declarado culpado e condenado após terem sido comparadas amostras de DNA, que o indicaram como o autor do crime, com a probabilidade de um para quatro milhões.

Estava dessa forma consagrada, para fins de identificação forense, a utilização da técnica inventada por Alec Jeffreys (LUFTIG, 2001). Porém, perdurava a dificuldade de que as análises utilizando RFLP eram extremamente sensíveis à degradação, e ainda necessitavam de amostras com grande quantidade de DNA para sua realização.

Por volta de julho de 1988, cerca de 200 casos foram encaminhados à Divisão de Biologia do Serviço de Ciência Forense, *Forensic Science Service* (FSS) do *Home Office*, buscando estabelecer perfil de DNA, resultado dos esforços de rápida adoção da nova metodologia. O *Home Office* é o departamento de governo no Reino Unido encarregado de policiamento, crime, contraterrorismo, e imigração. Era a junção de técnicas científicas, altamente especializadas, com a inovação na forma de investigar, que havia se provado válida após o caso Pitchfork (WILLIAMS; JONHSON, 2008), foi a pedra de toque para o novo caminho que se abriu inaugurando a era da biologia molecular nas ciências forenses.

A análise de DNA forense provou ser de extrema validade para situações como a identificação de restos mortais, em casos de desaparecidos, e identificação de vítimas em grandes catástrofes, bem como na vinculação de suspeito ao crime, comprometimento de suspeito em série de delitos de forma a colocá-lo na cena do crime em diferentes locais.

Para a análise do DNA, é imprescindível a coleta de amostra biológica, que deve merecer cuidados especiais, de modo a garantir sua integridade. Além de outras precauções, esses

cuidados se referem à escolha da amostra, coleta e seu material, transporte, e finalmente seu armazenamento. E ainda mais, é obrigatório estabelecer-se uma cadeia de custódia, que possa controlar de forma documentada, a integridade física do material coletado e garantir seu valor legal, por sua importância esse assunto virá a ser mais bem explorado na sequência.

TABELA 1 - Quantidade de DNA órgãos e tecidos (Adaptada de Kobilinsk)

Tecido Biológico	Quantidade aproximada de DNA
Líquido amniótico	65ng/mL (1×10^4 cel/mL na 16 ^a semana de gestação)
Sangue (mamíferos)	30 a 60µg /mL ($\mu\text{g} = 4 \times 10^3$ células, equivalendo uma célula íntegra a 6,6 pg de DNA)
Raiz de cabelo	250ng/raiz de cabelo arrancado
Fígado	15µg /mg
Músculo	3µg /mg
Pele	15µg /mg
Esperma	3,3pg/cel
Célula-diplóide humana	5 a 6pg
Sêmen	480 µg /MI

Fonte: BONACCORSO, 2005, p.39; SILVA E PASSOS, 2006, p.8

Realmente, a habilidade de detectar polimorfismos em material biológico revolucionou a ciência forense. Nas palavras de Beroldigen et al. (1992), bons resultados puderam ser obtidos e devem ser debitados à da análise de RLFP e de DNA *fingerprints*.

A dificuldade maior reside no fato da necessidade de material relativamente não degradado e em quantidade suficiente, entendida como sendo no mínimo 50 ng de DNA no uso em sonda individual, e mais de 100ng no caso de sonda com *multilocus*. Além do fato de que estas quantidades não podem ser sempre conseguidas na prática forense, a outra dificuldade está relacionada ao volume utilizado, o que, quase sempre, não permite uma possível reanálise. A tabela 1 mostra a quantidade aproximada de DNA presente em diferentes órgãos e tecidos biológicos, que eventualmente podem servir como amostras para as práticas policial e forense.

Além do uso do DNA nuclear, como descrito até agora, não podemos deixar de mencionar outra possibilidade importante para a área forense: o DNA mitocondrial, presente

nas células eucarióticas. Pelo fato de se encontrar na organela citoplasmática e fora do núcleo celular, é uma molécula de DNA extra cromossomal. Na maioria dos organismos, este DNA mitocondrial é herdado de forma uniparental materna. Tem a forma de uma dupla cadeia circular com cerca de 15.659 pares de bases, onde apenas 10% de sua totalidade não é codificante (BUDOWLE et. al.,2003). Sua importância na área forense está diretamente relacionada à maior resistência à degradação, pela natureza circular, e pelo elevado número de cópias, principalmente em se tratando de vestígios/amostras obtidas em locais de crime, onde a disponibilidade é quase sempre escassa (BUTLER, 2010). Ressalvadas as ocorrências onde o DNAm é a única alternativa viável nos casos de identificação humana, como em situações de degradação ou na falta de DNA nuclear (como quando se trata de fragmentos de cabelo) (SALAS, et. al., 2001), a comunidade forense tem se servido deste tipo de DNA como uma ferramenta assistencial. Mas com os estudos de novos marcadores SNPs e consequente aprimoramento de seu poder discriminatório, a utilização do DNA mitocondrial tem se tornado uma opção valiosa e contributiva cada vez mais presente na área investigativa.

As limitações descritas aqui são um obstáculo e em muitos casos de evidências biológicas, exige-se a superação destas limitações para que seja possível a obtenção dos objetivos nas análises forenses. (BEROLDIGEN et al., 1992).

Há ainda a considerar que os testes utilizados nas décadas de 80 e 90 levavam mais de um mês, e às vezes dois ou três meses para apresentar o resultado de um perfil genético, além do já mencionado problema de que o material biológico poucas vezes era encontrado em quantidade suficiente nas cenas de crime para permitir resultado (GREEN, 2014).

3.10. DNA IDENTIFICAÇÃO: TÉCNICAS

O avanço tecnológico levou a novas técnicas para trabalhar o DNA, como a desenvolvida por Saiki et al. (1985) e Mullis et al. (1986). Kary Mullis trabalhou na amplificação do gene da beta globina humana, e teve uma ideia que revolucionou a forma de trabalhar o DNA, criando uma técnica para amplificar o DNA, descrita por ele pela primeira vez em 1985. Conhecida como PCR "*Polymerase Chain Reaction*", é uma dessas ferramentas causadoras de enorme impacto na comunidade científica, por permitir a amplificação do DNA e, por via de consequência, todos importantes desdobramentos que se seguiram. Sua descoberta

possibilitou a produção de milhões de cópias de uma molécula de DNA em muito curto espaço de tempo. O prêmio Nobel de química do ano de 1993 lhe foi conferido pela invenção do processo PCR.

3.10.1. PCR “*Polymerase Chain Reaction*”

Mullis introduziu modificações essenciais na técnica já descrita, servindo-se do conceito de *primer* de PCR, que são os chamados DNA iniciadores. Consistem em fitas de DNA complementares, com cerca de 20 pares de bases (A, T, G, C), e possuem a função de se ligar ao início da sequência de DNA que se busca multiplicar. Por serem fitas duplas, cada uma servirá de molde para duplicação e, por serem complementares, dois tipos de *primers* deverão ser usados.

Na sequência, Mullins veio a utilizar uma polimerase que não sofria alteração com temperatura, tratava-se da *Taq DNA polimerase*, cuja propriedade é a da termoestabilidade. Esta enzima isolada de bactéria de fontes termais se mantém inalterada em temperaturas de até 117 °C, possuindo uma temperatura ótima de 72 °C, o que permitia realizar toda operação sem adição de enzimas após cada ciclo.

No início, os tubos eram colocados em diversos banhos-maria, pois o processo exigia variação de temperatura. Posteriormente, surgiram os termocicladores, que vieram a automatizar todo o procedimento, que continua se realizando exatamente nos mesmos moldes até hoje.

O processo consiste em colocar em tubo de ensaio a amostra de DNA a replicar, a enzima (DNA Polimerase), os *primers* (iniciadores) complementares a sequência de DNA e nucleotídeos de DNA os (desoxinucleotídeos), que formam a matéria prima para sintetizar as novas fitas.

Em seguida, por aquecimento controlado no termociclador, acontecem:

I. Desnaturação das cadeias do DNA molde a 94°C para separação das fitas da dupla hélice;

II. Anelamento ou Pareamento dos *primers* no início das duas fitas simples, resfriando-se, por exemplo, a 54°C, onde os primers se anelam ao início das duas fitas simples, servindo de iniciadores para a enzima polimerase;

III. A ação da enzima polimerase, na sua temperatura ótima para, após a sequência do primer, coloca os nucleotídeos livres na fita de DNA, que estarão ligados por complementariedade, criando desta forma uma nova fita dupla;

IV. Cerca de 30 ciclos: 94°C, um minuto, 54°C, um minuto e 72°C, um minuto. É importante citar que as temperaturas, os tempos e o número de ciclos variam conforme a reação. Além disso, também devem ser otimizadas as concentrações de cada componente da reação (figura 7).

Em síntese, a técnica desenvolvida por Mullis et al. (1983) da reação em cadeia da polimerase (PCR) é um método rápido e sensível para a amplificação seletiva de sequências de DNA, a partir de amostras de ácidos nucleicos. O objetivo da técnica é produzir milhões de cópias de DNA a partir de quantidades mínimas de amostra. As fitas do DNA molde são separadas pelo calor (95°C). A temperatura baixa (aproximadamente 54 °C) permitindo que um *primer* sintético anele em uma posição específica complementar à fita molde, o qual sinaliza e oferece a extremidade 3' para elongação da nova fita de DNA. A *DNA Polimerase Termoestável* adiciona nucleotídeos na extremidade 3' do *primer*, complementares aos nucleotídeos da fita molde, na sua temperatura ótima de 72 °C (figura 8).

O alongamento da cadeia de DNA ocorre no sentido 5' para 3'. Assim sendo, as fitas de DNA sintetizadas durante a técnica de PCR têm na sua sequência um primer na extremidade 5'e, em função da complementariedade, o outro primer estará na extremidade 3'. A repetição dos ciclos irá dobrando a quantidade de DNA, gerando quantidades de cópias para mais de centenas de milhões. Ao final da reação, a quantidade de DNA amplificado em relação ao DNA inicial é igual a 2^n sendo n o número de ciclos. Portanto, numa PCR de 29 ciclos, teremos 2^{29} que corresponde a 536.870.912 cópias para cada fita original.

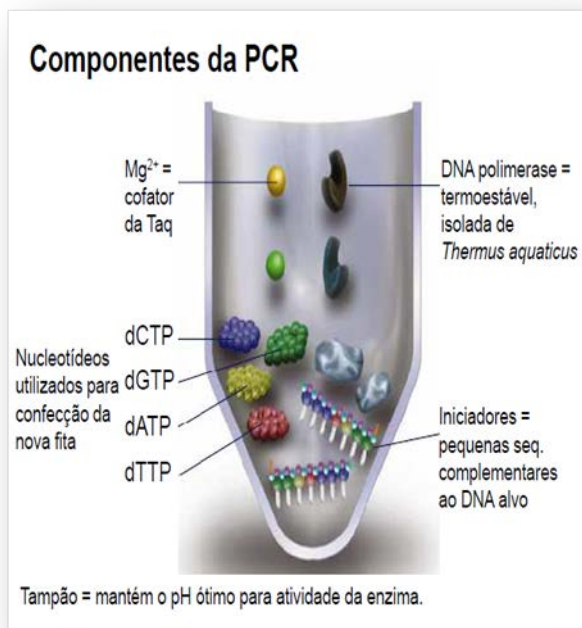


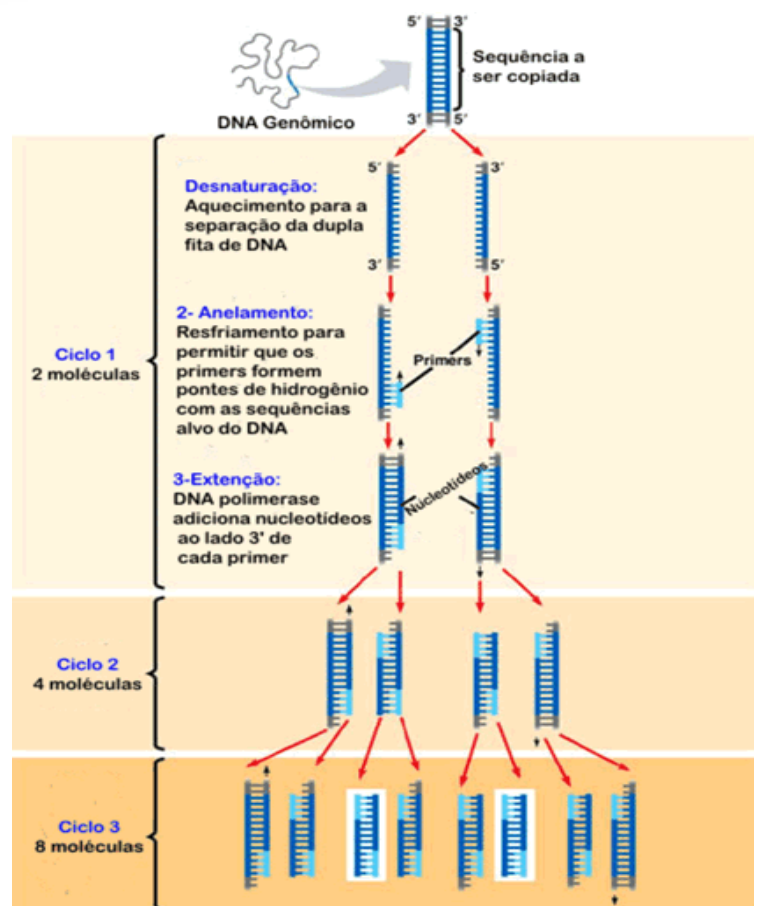
FIGURA 7 - Componentes da reação de PCR. Desenho esquemático de *ependorff* contendo a amostra de DNA a replicar, a enzima (DNA Polimerase), os *primers* (iniciadores) complementares à sequência de DNA e nucleotídeos de DNA os (desoxinucleotídeos), que formam a matéria prima para sintetizar as novas fitas. **Fonte:** Adaptado de slideplayer.com.br

FIGURA 8 – Esquema ilustrativo dos passos básicos da PCR. A desnaturação para separar as duas fitas de DNA, o anelamento (após resfriamento) das seqüências de DNA com os primers e a adição de nucleotídeos pela DNA polimerase. Estão representados 3 ciclos, originando 8 novas moléculas de DNA.

Fonte: Disponível em:

<http://www.sobiologia.com.br/conteudos/Biotecnologia/PCR.php>. Acesso em 11 dez. 2014. Copyright © 2008-2014

Biologia



Com a introdução da técnica de PCR, amostras degradadas e com baixas quantidades de DNA puderam ser utilizadas, merecendo a preferência da comunidade forense na análise de STR “*short tandem repeat*”. Este foi um dos motivos da perda de espaço de RFLP, que foi substituída pela PCR, pois esta apresenta a vantagem adicional de permitir automação (BONACCORSO, 2005; BUTLER, 2005).

O primeiro kit comercial para identificação forense introduzido no mercado foi produzido pela Applied Biosystems em 1994, sendo conhecido como FGM, Multiplex de Primeira Geração, e amplificava quatro STRs (WILLIAMS; JONHSON, 2008).

Na figura 9, adaptada de Butler (2005), descreve-se a interface entre a genética, biologia e tecnologia, em uma relação com marcadores, poder de discriminação, amostra analisada e o tempo para obtenção de resultados.

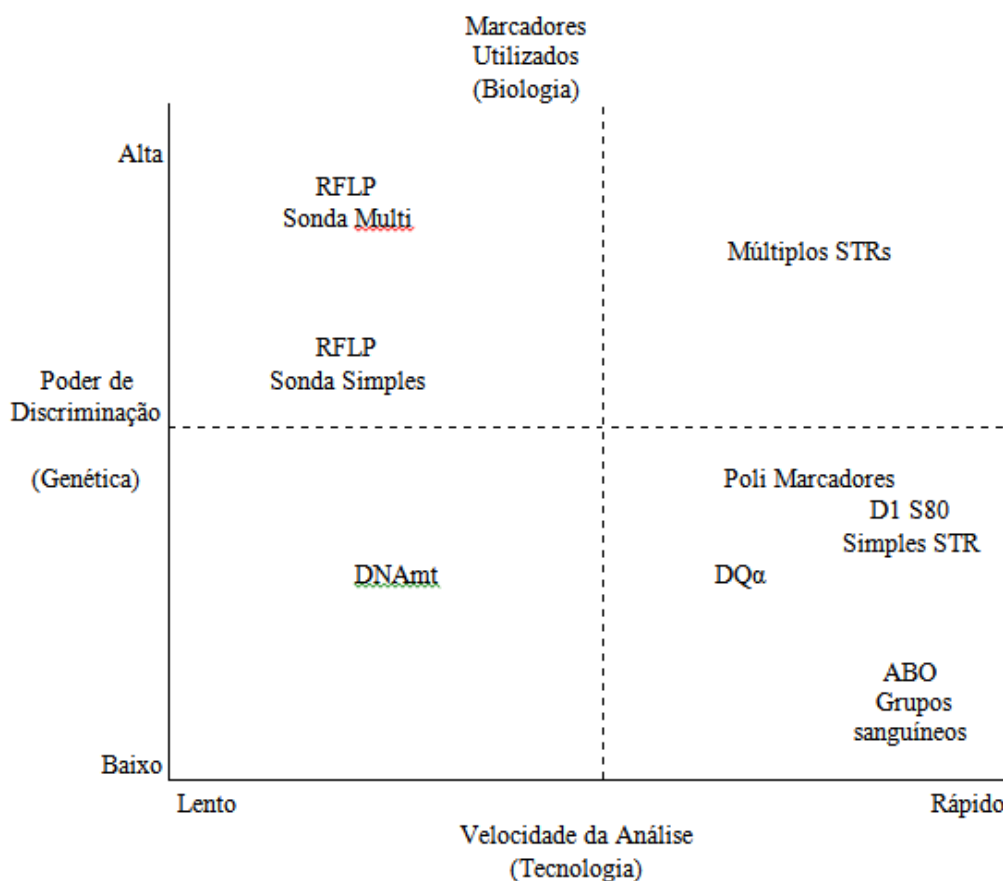


FIGURA 9 - Poder de Discriminação x Rapidez Resultados. Interface mostrando a relação entre o poder de discriminação da genética e a velocidade da análise proporcionada pela tecnologia aplicada, conforme os marcadores utilizados. **Fonte:** Adaptada de Butler (2005).

3.10.2. PERFIL DE DNA

A identificação dos fragmentos das diferentes amostras de DNA pode ser realizada de várias formas, a tradicional utilizava eletroforese em gel de poliacrilamida. A técnica da eletroforese é um processo para separar moléculas carregadas que se baseia no seu movimento em um ambiente onde se aplica um campo elétrico. Essa movimentação de partículas foi observada em 1807, por F. Reuss cientista russo, seu trabalho foi ampliado pelo químico sueco Arne Tiselius. Em 1930 foi por ele introduzido um método de separar proteínas em suspensão servindo-se de corrente elétrica (TISSELIUS, 1930). Era a descoberta da chamada eletroforese que lhe rendeu em 1948 o Premio Nobel de Química. A partir de então múltiplas aplicações aconteceram para separar componentes de misturas, sendo o método preferencial para separar produtos de DNA amplificado.

Aplicada a eletroforese, dá-se a migração diferencial dos fragmentos de DNA, determinados pelo seu tamanho, onde a maior distância percorrida é aquela dos fragmentos mais curtos. Este método mostra eficiência quando se trata de pequenos fragmentos de DNA (5-500pb), que é o caso da análise do DNA forense. Tem poder de resolução extremamente alto, separando fragmentos de DNA de tamanho de mesmo apenas 1pb (par de bases) em comprimento, ou 0,1% de sua massa, inclusive com resultados rápidos e razoáveis quantidades de DNA. A detecção se dá pela utilização dos reagentes utilizados na amplificação, por coloração do gel em prata, com a precipitação da prata em bandas com os alelos identificados (BONACCORSO, 2005).

A maior desvantagem do sistema tradicional está na dificuldade de manuseio do gel. Além disso, os géis de poliacrilamida possuem outra desvantagem de serem difíceis de preparar, quando comparados com a eletroforese automatizada.

Utilizando o método automatizado, a eletroforese capilar, para analisar os fragmentos de DNA (chamados amplicons), torna-se possível a detecção do tamanho dos fragmentos amplificados por PCR, utilizando iniciadores marcados com fluorescência chamados de fluorocromos (QUEIROZ e JARDIM, 2001). Esta técnica é usualmente empregada na análise de microssatélites, para um grande número de aplicações, além da genética forense, a exemplo dos estudos de identificação de marcadores moleculares de doenças.

A eletroforese capilar veio a substituir os tradicionais sistemas de detecção como os géis de poliacrilamida e até mesmo o gel de agarose, por apresentar diversas vantagens, dentre elas um maior poder de resolução, corrida mais rápida, potencial para automação, utilização de pequenas quantidades de amostra e visualização imediata do resultado com os alelos apresentados em bandas ou picos.

As vantagens adicionais da automação estão na utilização de um conjunto de *softwares* de análise dos resultados, minimizando dificuldades relacionadas à interpretação. Como muito bem observa Bonaccorso (2004), a tradicional e subjetiva interpretação do analista forense, agora convertida em regras heurísticas, para programas de informática conhecidos como *experts systems*, que levam em conta entre outros, gabaritos de medidas, e ainda verificação automática para interpretação de artefatos da PCR, caso dos *stutters*.

Os *stutters* são picos que podem aparecer entre alelos verdadeiros, porém não têm nenhum significado. Na verdade, são como sombras que devem ser desconsideradas, pois ocorrem devido a erros de cópia na PCR.

De forma esquematizada estabelecer um perfil de DNA requer cinco passos (figura 10):

1. Identificação de amostras biológica (sêmem, sangue, entre outras): utilização de produtos químicos ou fonte de luz.
2. Extração do DNA: tratamento da amostra biológica de modo a romper as células, extrair e purificar o DNA para processamento.
3. Amplificação do DNA extraído: usando a técnica da PCR, tendo por alvo de 8 a 15 (STRs) áreas específicas do DNA.
4. Separação e visualização do perfil DNA: visualizar os fragmentos STR por meio de um corante fluorescente e separá-los usando a técnica de gel ou eletroforese capilar, possibilitando um perfil da amostra.
5. Comparação e interpretação: o perfil gerado da amostra biológica é comparado a outros e/ou integrado a uma base de dados para ser pesquisado, por comparação direta.



FIGURA 10 - Esquema representativo dos cinco passos necessários à análise de perfil genético: identificação do DNA, Extração do DNA, Amplificação dos STR's por PCR, Genotipagem em sequenciador Capilar e Análise. **Fonte:** produzido pelo autor.

Um dos pontos de análise histórica deste trabalho foi a evolução de como os perfis de DNA foram gerados e os testes aplicados nas últimas décadas, desde seu aparecimento nas investigações criminais e nos tribunais. Basicamente, das diferentes modalidades, foram utilizadas o RFLP, com suas bandas apontando a presença ou não de alelos, com uma sensibilidade e rapidez de resultados que deixavam a desejar, mas tinham, em compensação, um poder de discriminação muito elevado. Estes testes tinham à época um poder discriminatório de um para milhão, ou mesmo de um para dez milhões de possibilidades de haver coincidência entre o suspeito e o verdadeiro autor do delito.

Com a automação dos testes, a geração PCR veio a preencher com satisfação os três critérios iniciais: sensibilidade, poder de discriminação e rapidez do processo. Além da vantagem de poder gerar perfis com volumes de amostras que chegam à casa de unidades de células, em apenas horas de trabalho. O valor probatório é referido nos tribunais americanos como sendo da ordem de um para quatrilhão, enquanto que no Reino Unido de forma mais conservadora ordem é alterada para relação de um para bilhão.

Desde 1990, inúmeros produtos comerciais são oferecidos para PCR. Segundo Butler (2005), o componente provavelmente mais importante da PCR está no desenho dos *primers*, disponibilizado em *softwares* como, por exemplo, da *Applied Biosystems* e da *Olig Molecular Biology Insights*, dentre outros pacotes de *software* de *primers* desenhados para a mesma

finalidade, e hoje encontráveis com facilidade, inclusive disponíveis na rede mundial de computadores.

Como a PCR permite que mais de uma região seja copiada ao mesmo tempo, simplesmente pela adição dos *primers* corretos, essa amplificação simultânea pode ser efetivada mantendo-se todos os elementos desejados para pesquisa, tendo sido denominada multiplex ou Multiplex PCR (HAYDEN et al., 2008). É necessário apenas, segundo Butler (2005), que haja compatibilidade entre os pares de *primers*, em termos de temperatura de anelamento, por exemplo.

Para a finalidade de identificação humana, importante é ter marcadores de DNA que apresentem o maior número possível de variações, ou menor número de marcadores polimórficos que possam ser combinados de forma a discriminar amostras (TURNPENNY E ELLARD, 2005). A preferência dos cientistas forenses está nas repetições de quatro nucleotídeos – tetranucleotídeos, mais utilizados para os propósitos de identificação humana, com as combinações AGAT ou GATA, mais comuns para os STR *loci* (BUTLER, 2005).

O trabalho nas análises de DNA forense se baseia, como já observamos, na utilização de oligonucleotídeos marcados encontráveis em kits comerciais, seguida da eletroforese capilar para analisar o tamanho dos amplicons dos microssatélites STRs, que são regiões repetitivas do DNA, descobertas como marcadores genéticos ou moleculares (ELLEGGREN, 2004). Os microssatélites utilizados para a finalidade de DNA forense são mais resistentes à degradação ambiental. Os alelos STRs presentes nos cromossomos autossomais são herdados tanto do pai quanto da mãe, o que possibilita alta variabilidade genética, ainda mais devido ao polimorfismo dessas regiões, permitindo informações suficientes para traçar o perfil genotípico dos indivíduos.

Na prática forense, inúmeros são os *loci* analisados pela utilização da técnica PCR, devido ao fato de haver centenas de microssatélites interessantes para análise. Segundo BONACCORSO (2005), *loci* de microssatélites (STRs) apresentam alelos ou fragmentos de DNA de 100 a 300 pares de bases, e são os preferidos pelos analistas forenses.

Um tópico relevante, em virtude da multiplicidade de jurisdições onde devem ser considerados, é a escolha dos marcadores de DNA utilizados pela comunidade forense, sendo de todo desejável que houvesse a possibilidade de padronização. Os *loci* de STR comumente usados foram inicialmente desenvolvidos por pesquisadores do FSS na Inglaterra e produzidos

pela empresa (Applied Biosystems - Life Technologies). Paralelamente, nos Estados Unidos, os caracterizados pelo *Baylor College of Medicine*, do Texas, foram comercializados pelo Laboratório Promega. Posteriormente ambos os laboratórios vieram a desenvolver novos conjuntos de marcadores que se encontram disponíveis para venda no mercado⁵ (tabela 2).

Os laboratórios passaram a comercializar kits, que permitiram em uma única amplificação multiplex discriminação da ordem de bilhão, com um conjunto de oito ou mais *loci* e amostra de 1 ng ou menos de DNA, em apenas algumas horas.

O FSS desenvolveu seu primeiro multiplex com quatro *loci* TH01, FES/FPS, VWA e F13A1, era a primeira geração com discriminação de 1 x 10.000. Ainda no Reino Unido, foi desenvolvido o SGM (2ª Geração), com seis polimorfismos STR utilizado durante anos, com TH01, VWA, FGA, D8S1179, D18S51 e D2S11, com a possibilidade de coincidência saltando para 1 em 50 milhões (GILL et al., 1994).

Nos Estados Unidos, o uso de STR teve considerável atraso perante a Europa especialmente pelos largos passos desenvolvidos pelo FSS. Durante o ano de 1996, uma comunidade de cientistas patrocinada pelo FBI realizou um grande esforço conjunto para constituir sua base de dados, no sentido de promover *loci* que pudessem formar uma plataforma cerne do sistema de perfis americano. Após um ano de trabalho que envolveu 22 laboratórios, o projeto STR finalizou por decidir-se por 13 *loci* escolhidos após testes, que demonstraram ser a possibilidade de coincidência randômica entre indivíduos não-relacionados de um para mais de um trilhão. Em novembro de 1997, o *Federal Bureau of Investigation* selecionou os 13 marcadores STR para serem usados como a base do sistema *Combined DNA Index System* CODIS: CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, e D21S11 (figura 11) (BUDOWLE, B. et al., 1999).

⁵ Disponível em <http://www.promega.com> e <http://www.lifetechnologies.com>

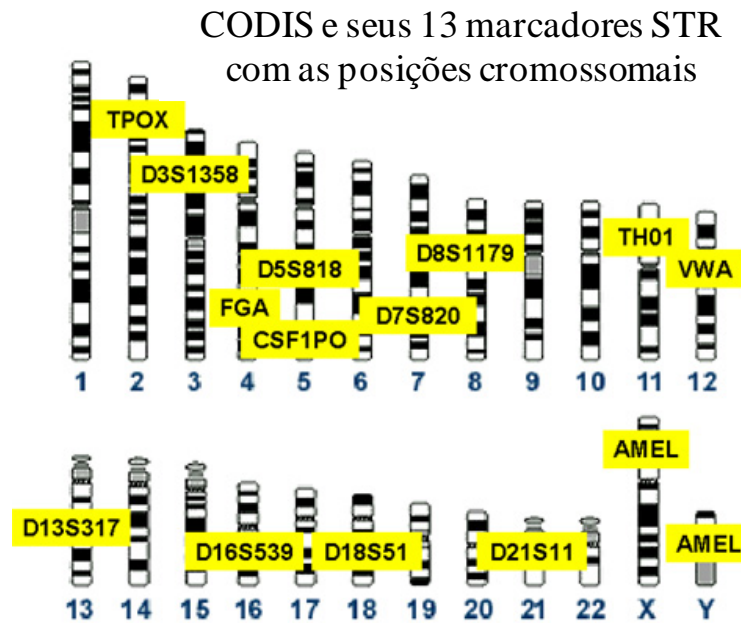


FIGURA 11 – Desenho esquemático mostrando as localizações dos 13 marcadores STR da CODIS nos cromossomos. **Fonte:** © National Institute of Health

Os laboratórios passaram a produzir comercialmente kits com marcadores selecionados e com poder de discriminação de acordo com a sensibilidade desejada, como se verifica na tabela 2.

TABELA 2 - Kits Comerciais para marcadores Autossômicos e Cromossomo Y

Nome do Kit	Fonte	Marcadores / Loci analisados	Poder de Discriminação (* ⁶)
PowerPlex 1.1	Promega	CSF1PO, TH01, TPOX, VWA, D5S818 D7S820, D13S317, D16S539	1:1.2 x10 ⁸
PowerPlex 2.1	Promega	FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, D8S1179 D18S51, D2S11, Penta E	1:1.7 x10 ¹¹
PowerPlex 16	Promega	CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358 D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, amel, D16S539, D18S51, D21S11, Penta D, Penta E	1:3.4 x10 ¹⁷

⁶ Calculado por probabilidades randômicas de acertos

Nome do Kit	Fonte	Marcadores / Loci analisados	Poder de Discriminação (* ⁷)
PowerPlex ES Profiler Plus	Promega	FGA, TH01, VWA, D3S1358, D8S1179 D18S51, D2S11, SE33, amel	1:5.0 x10 ¹⁰
COfiler	Applied	FGA, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820 Biosystems D8S1179, D13S317, D18S51, D21S11, amel	1:9.4 x10 ¹⁰
SGM Plus	Applied	CSF1PO, TH01, TPOX, D3S1358, D7S820 Biosystems D16S539, amel	1:1.3 x10 ⁶
Profiler	Applied	FGA, TH01, VWA, D3S1358, D8S1179 Biosystems D16S539, D18S51, D21S11, D2S1338, D19S433, amel	1:4.8 x10 ¹²
Identifiler	Applied	CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, Biosystems D5S818, D7S820, D13S317, amel, CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358,	1:3.9 x10 ⁹
SEfiler	Applied	D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, Biosystems D16S539, D18S1, D2S1338, D19S433, amel	1:2.5 x10 ¹⁷
CTT CTTv	Promega	FGA, TH01, VWA, D3S1358, D8S1179 Biosystems D16S539, D18S51, D21S11, D2S1338 D19S433, SE33, amel	1:2.4 x10 ¹⁴
GammaSTR	Promega	CSF1PO, TPOX, TH01(silver stain)	1:570
FFFL	Promega	CSF1PO, TPOX, TH01, VWA (silver stain ou fluorescência)	1:9100
Y-PLEX 6	Promega	D5S818, D7S820, D13S317, D16S539 (silver stain ou fluorescência)	1:1.3 x10 ⁴
Y-PLEX 5	Promega	F13A1, FES/FPS, F13B, LPL (silver stain ou fluorescência)	1:2700
Y-PLEX 12	RealiaGene	Kit Y-STR DYS19, DYS385a/b, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS393	
PowerPlex Y	RealiaGene	DYS389I/II, DYS392, DYS438, DYS439 DYS19, DYS385a/b, DYS389I/II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS438, DYS439, amel	
PowerPlex Y	Promega	DSY19, DYS385a/b, DYS389I/II, DYS390DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439	

Fonte: tabela adaptada de Butler (2005a)

⁷ Calculado por probabilidades randômicas de acertos

Até o ano 2000, ainda que houvesse contestação nos tribunais dos Estados Unidos pela não revelação das sequências de *primers*, garantida por direito de propriedade intelectual (a exemplo da *Applied Biosystems*), o problema foi ultrapassado após inúmeras validações para garantir a inviolabilidade dos segredos industriais, e assegurar o direito de acesso pleno à defesa a todas as provas produzidas no curso do processo.

Os “Kits Multiplex” acabaram por ter aceitação nos tribunais sem mais contestações, de forma a atender às necessidades dos peritos, e os resultados são atualmente perfeitamente aceitos e validados para utilização como prova.

A Comissão Nacional para o Futuro das Provas de DNA, segundo Butler et al. (2004), concluiu, no ano 2000, que o uso dos STRs deverá se consagrar como principal método de análise forense do DNA pelos próximos cinco a dez anos, tanto pela necessidade de ter que haver consistência nas bases de dados (nacional e internacionalmente) quanto pelo fato do método de marcadores STR garantir vantagens não alcançadas pelos métodos que o antecederam.

Desde os anos 90, as rotinas de utilização dos STRs foram adotadas pelos laboratórios forenses devido às vantagens realçadas pelo pequeno tamanho molecular (conferindo então sensibilidade 200 vezes maior que as técnicas anteriores), que possibilitavam exames com quantidades de DNA da ordem de 0,2 a 0,5 ng.

A evolução da análise dos STRs chegou a mais de 16 marcadores combinados em um único teste, um passo gigantesco para acelerar o processamento da amostra quando comparado às fases iniciais de análise de perfis. Ressalvadas as peculiaridades de cada teste, todos ao final se resumem em três distintas fases: a primeira diz respeito a determinar os tipos de marcadores a serem utilizados em locais múltiplos, onde se produzem as possíveis variações; a segunda se refere à comparação para estabelecer se há combinação de marcadores entre as amostras, de modo a verificar se possam ter a mesma origem; e finalmente, estabelecida a combinação baseada em dados estatísticos populacionais, estabelecer-se a probabilidade de haver uma coincidência aleatória entre as amostras de diferentes pessoas (NCR, 1999).

Na figura 12 estão apresentadas as três fases do trabalho de estabelecimento de um perfil genético a partir de amostra biológica (local de crime ou teste de paternidade), de

acordo com as ações tomadas nos campos da Biologia, Tecnologia e Genética, (BUTLER, 2005a).

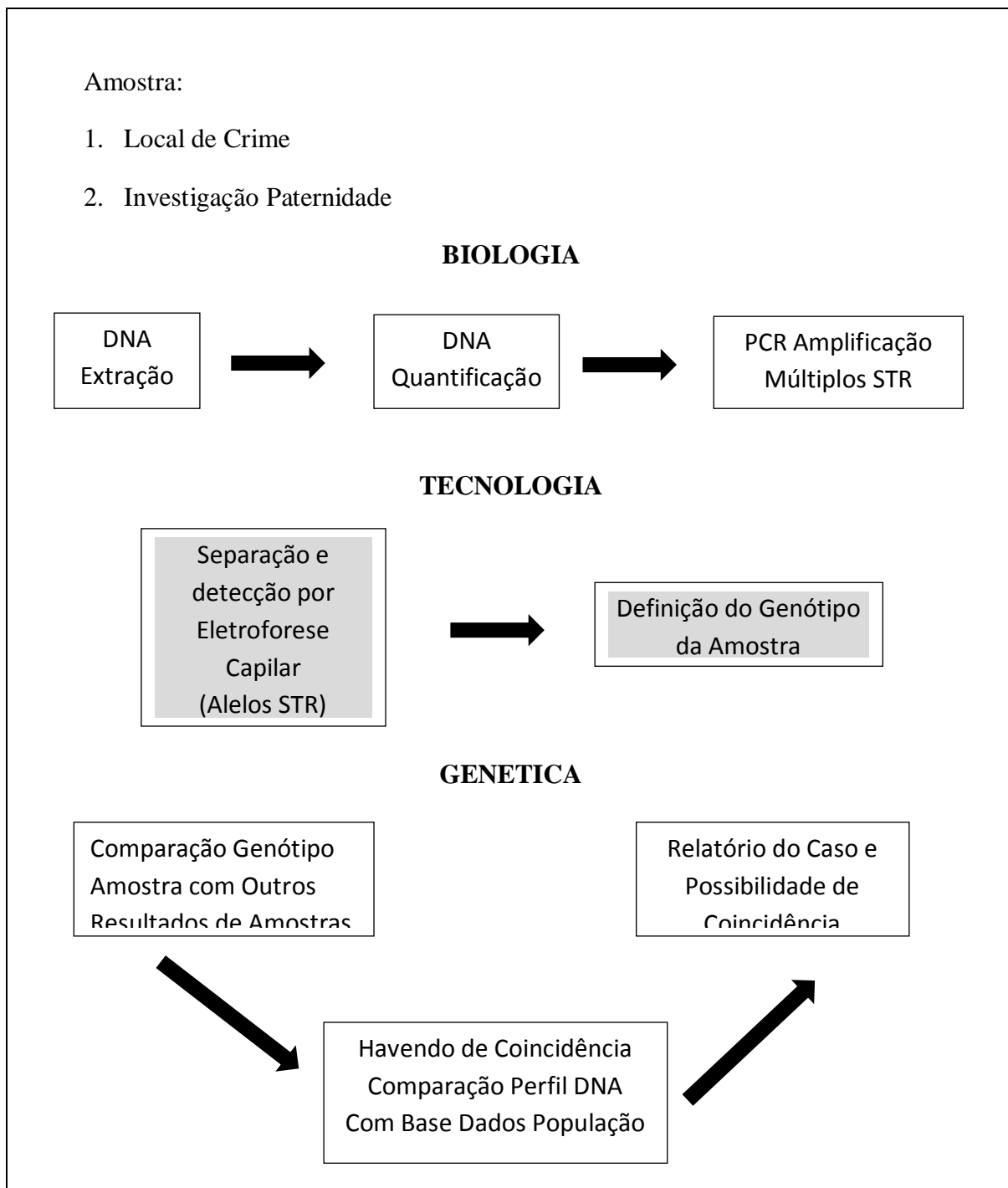


FIGURA 12 – Esquema das etapas análise do DNA mostrando as fases do trabalho para estabelecer um perfil genético a partir de amostra biológica, conforme os procedimentos das áreas de Biologia, Tecnologia e Genética. **Fonte:** Adaptada de Butler (2005).

Em 1992, o Comitê sobre Tecnologia do DNA na Ciência Forense emitiu um alerta referindo-se aos métodos de tipagem do DNA, denominação preferencial por eles adotada. Todos os métodos têm suas vantagens e limitações, e, exceto nos casos em que o exame da amostra desonera o suspeito, inocentando-o, a avaliação do resultado requer, para sua significância, uma análise estatística das frequências populacionais (NCR, 1992, 1996). Quando se depara com resultado de DNA analisado a partir de vestígio ou amostra, demonstrando o indivíduo não ser a fonte biológica, dá-se a chamada exclusão. Todavia, havendo coincidência, obriga-se ao exame de loci em quantidade suficiente para duas situações, segundo recomendação do acima citado Comitê, a confirmação de sua inclusão, e a virtual exclusão de toda população mundial de forma a torna-lo único (NCR, 1999; BONACCORSO, 2005).

Os nucleotídeos A, T, G, C podem vir a formar bilhões de posições nos seres humanos. As várias combinações, que podem se constituir pelos quatro nucleotídeos em cada posição, levam a extraordinária casa de trilhões de possibilidades (BUTLER, 2005a). Percebe-se que 97,3% do DNA é exatamente o mesmo, e se encontra em todas as pessoas. A variação das moléculas de DNA nos indivíduos corresponde a apenas 3%, cerca de 3 bilhões de nucleotídeos, permitindo assim a individualização.

3.10.3. Perfil DNA: Individualização

O perfil específico de STR encontrado numa amostra permite a individualização, com o auxílio de marcação por fluorescência. O produto da PCR os STRs são marcados por fluorescência, através da ligação covalente entre uma molécula fluorescente e o nucleotídeo (geralmente 5' do iniciador), e separados por eletroforese capilar - EC. Conforme o fragmento marcado com um determinado fluoróforo passa pelo detector ele é excitado por um determinado comprimento de onda e emite fótons em outro comprimento de onda específico, ou seja, com uma cor específica para o fluoróforo. O resultado é representado por uma série de picos coloridos para cada amostra. A genotipagem é o processo de converter essa série de picos em alelos STR já nomeados. Esse resultado é conseguido utilizando-se *softwares* de análise comerciais como *GeneScam* e *Genotyper*, e a interpretação manual de um analista.

Cada STR da amostra terá, ou um pico de alelo se for homocigoto, ou dois picos de alelos no caso de ser heterocigoto. A combinação dos picos de alelos em cada STR da amostra representa um perfil STR, e os alelos são nomeados de acordo com o número de repetições no fragmento examinado.

3.11. POSSIBILIDADES FUTURAS: PERFÍS FENOTÍPICOS

Os exames das regiões de polimorfismos realizados para estabelecer perfil de DNA dos indivíduos, com a finalidade de identificação criminal e que farão parte da base de dados, se limitam ao genótipo. As informações sobre características relacionadas ao fenótipo não são o objetivo dos Bancos de Dados de DNA.

As chamadas *Externally Visible Characteristics* EVCs fazem parte de um novo capítulo no âmbito da genética forense, uma abordagem que se volta para a identificação de indivíduos baseando-se no fenótipo. São dados referentes à aparência, agregando informações às apresentadas pela metodologia tradicional através do perfil STR. Ou apenas introduzindo novos dados e características que podem ser extremamente relevantes na impossibilidade de uso da metodologia tradicional.

Para a realização desse tipo de exame é necessário que seja obtido um perfil fenotípico, que se dá pela genotipagem dos *Single Nucleotide Polymorphisms* SNPs, relacionados com características fenotípicas desejadas.

Para a obtenção dos dados tanto de STRs como de SNPs, há necessidade da utilização de um equipamento chamado de *Next Generation Sequencing* NGS, disponível em diversas plataformas. O diferencial está no fato de que a análise de diferentes tipos de polimorfismos não pode ser realizada de forma simultânea pela eletroforese capilar, enquanto que com NGS vários polimorfismos podem ser analisados simultaneamente, com segurança de resultados e maior resolução dos marcadores utilizados pela análise mais aprofundada dos amplicons.

A virtude do *Forensic DNA Phenotyping* FDP (KAYSER; SCHNEIDER, 2009) está em inovar pelo uso de técnicas, a seguir descritas, para obter em locais de crime, novos modelos de informação, que embora cogitados, nunca antes haviam se tornado realidade.

A obtenção do perfil fenotípico, conseguido por meio de exame molecular de amostras encontradas em cenas de crime, foi possível no que tange à cor de olhos, tonalidade da pele, cor de cabelos e conhecimento de ascendência, pelo trabalho realizado pelo professor Manfred Kayser e seus colaboradores da Universidade Erasmus, na Holanda. (WALSH et. al.; 2011; WALSH, KAYSER, 2011).

Neste momento, estas pesquisas pela sua própria limitação, estão alinhadas com a exoneração de indivíduos reduzindo o espectro de suspeitos potenciais, de mesma forma que norteiam investigações para a busca de possíveis autores de crimes (KAYSER; KNIJFF, 2011).

DNA Intelligence, quase que um neologismo coloca a biologia forense, em um patamar onde prever características visíveis externas, de baseando-se em quantidades mínimas de material biológico em locais de crime passa a ser uma realidade (WALSH, 2013).

Em junho de 2013, Susan Walsh defendeu, sob orientação do Professor Kayser, sua tese de doutorado no Erasmus MC intitulada “Fenotipagem do DNA: Prognóstico de pigmentação de características pessoais por meio de dados genéticos”, afirmando que a obtenção de perfis fenotípicos é a capacidade de caracterizar com parâmetros mensuráveis (WALSH, 2013).

Utilizando sensíveis ensaios laboratoriais combinados com modelos estatísticos, o sistema IrisPlex e HIrisPlex, inventado por Manfred Kayser e colaboradores, é respectivamente capaz de prever cor de olhos e cor de cabelos. Embora ainda não estejam disponíveis comercialmente, já foram testados com sucesso em laboratórios forenses, antes e depois do processo de validação. Foi concedido, em janeiro de 2012, registro de patente⁸ internacional, tendo como cessionário o Erasmus University Medical Center Rotterdam (Rotterdam) e indicando os inventores Manfred Heinz Kayser (Rotterdam), Fan Liu (Rotterdam), Albert Hofman (Rotterdam) do “*Method for prediction of human iris color*”.

IrisPlex tem a capacidade de determinar, em único multiplex de genotipagem associado a modelos estatísticos, a cor de olhos, servindo-se de 6 SNPs de seis genes com elevado grau de

⁸ [https://www.justia.com/ Patent Application \(Application #20110312534\)](https://www.justia.com/Patent%20Application%20Application%20#20110312534)

acurácia para tonalidades de azul a marrom, com confiabilidade independentemente do conhecimento de ascendência ou origem. Quanto ao HIrisPlex, tem arquitetura semelhante, porém com o prognóstico englobando dois modelos, um para cor de olhos e outro para cor de cabelos. Este sistema com dupla análise tem por alvo 24 das mais representativas variantes de DNA, responsáveis pela coloração de olhos e cabelos, de um indivíduo com o exame de apenas uma amostra. Desta forma, a análise dos SNP's rs12913832, rs1800407, rs12896399, rs16891982, rs1393350 e rs12203592, respectivamente nos genes HERC2, OCA2, SLC24A4, SLC45A2, MATP e TYR, podem prever a cor dos olhos.

3.12. MANEJO DAS AMOSTRAS BIOLÓGICAS

As provas biológicas encontradas em cenas de crime e em locais de interesse para investigação, mormente manchas de sangue, fios de cabelo, pêlos, sêmem, tecidos e células, ossos e dentes, dentre outras, constituem-se na matéria prima para a extração do DNA, com a finalidade de identificação forense.

Um aspecto muito importante a ser considerado é a idoneidade da prova. A única forma de validar os trabalhos de identificação via DNA, para que sejam considerados e confirmados nas várias instâncias da persecução criminal, é a rigorosa observância de padrões aprovados para o manejo das amostras biológicas que servirão como evidências. Para que a técnica de identificação pelo DNA seja plenamente confirmada, a amostra biológica deve ser selecionada de maneira correta, coletada, transportada e armazenada seguindo o protocolo determinado para cada passo (IWAMURA; MUÑOZ, 2003; SILVA; PASSOS, 2006).

Com a sensibilidade cada vez mais apurada, de acordo com a *East Midlands Forensic Pathology Unit of Leicester*, na Inglaterra, esforços rigorosos devem ser uma preocupação constante para reduzir a contaminação e não devem se limitar à extração, mas adotar posturas inclusive de total proteção com vestimentas adequadas em todos os estágios do processamento, da cenas de crime a extração, PCR, sequenciamento e apresentação do perfil DNA.⁹

⁹ <http://www2.le.ac.uk/departments/emfpu>.

As boas práticas recomendam que haja um manual normatizando a manutenção de provas, transporte seguro, embalagem e estocagem, cadeia de custódia, possibilidade de rastreamento e o descarte apropriado quando as provas se tornarem legalmente dispensáveis.

Nos Estados Unidos, procedimentos foram padronizados pelo *National Institute of Standards and Technology* NIST, órgão do governo Americano criado em 1901, que faz parte do Departamento de Comércio e tem a missão de desenvolver e promover medição, padrões e tecnologia para elevar a produtividade, facilitar o comércio e melhorar a qualidade de vida. Em muitos aspectos, é bastante semelhante ao Instituto Nacional de Metrologia, Qualidade e Tecnologia (INMETRO), uma autarquia federal, vinculada ao Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior que tem por missão prover confiança à sociedade brasileira nas medições e nos produtos, por meio da metrologia e da avaliação da conformidade, promovendo a harmonização das relações de consumo, a inovação e a competitividade do País.

O INMETRO patrocinou, em 2010, o Painel de Metrologia Forense na Análise de DNA nas suas instalações em Xérem, RJ, com objetivo específico de reunir a comunidade envolvida com a problemática do DNA e seus laboratórios, com a presença de peritos oficiais de vários estados e da Polícia Federal, inclusive especialistas em metrologia e normatização a exemplo da Associação Brasileira de Normas Técnicas (ABNT).

Entre os temas discutidos, saliente-se a acreditação dos laboratórios de perícias, a observância de programas de avaliação e a produção de materiais de referência certificados para perícia forense no Brasil, de acordo com normas internacionais.

Para garantir a qualidade dos dados a partir das evidências, os procedimentos laboratoriais devem passar por avaliação de eficiência e confiabilidade, sendo este processo chamado de validação. Em seguida, é necessária a confirmação periódica da validação, conhecida como verificação. A verificação é realizada com utilização de técnica e instrumental adequados, e de procedimentos padronizados.

Fica assim assegurada, pela adoção de métodos internacionalmente reconhecidos, a legitimidade dos trabalhos realizados. Os protocolos mais utilizados atualmente são a ISO/IEC 17025:2005 e as ISO 9000 e 9001, que possibilitam aos laboratórios a acreditação internacional (SILVA; GONTIJO, 2010).

A *International Standards Organization ISO* é uma organização exclusivamente normativa, que procura produzir guias e padrões a serem seguidos pelos laboratórios. Cabe a ela a regulação externa para os laboratórios forenses por não pertencer ao Estado e nem estar vinculada a qualquer instituição. Em 1999, publicou a ISO/IEC 17025, que versa sobre a competência de laboratórios de teste e calibração, posteriormente corrigida em 2005 e 2006.

No Brasil, o INMETRO¹⁰ é um instituto filiado diretamente à ISO.

O Ministério da Justiça (MJ) editou normas para padronização dos exames de DNA em perícias criminais, detalhando coleta, cadeia de custódia, instalações laboratoriais, marcadores a utilizar, a análise estatística dos resultados, formatação dos laudos periciais, testes de proficiência e qualificação profissional (MJ, 2013). Porém, as dimensões continentais do Brasil aliadas às diferenças regionais demonstram que há um longo caminho a percorrer, segundo o relatório SENASP – Secretaria Nacional de Segurança Pública, do Ministério da Justiça, de 2012.

Já foi devidamente demonstrada a necessidade de haver certeza, da forma mais absoluta e consistente possível, da integridade das provas biológicas e de toda sequência de ações que finaliza com a produção dos laudos correspondentes e seu encaminhamento, e ainda a manutenção de material suficiente para eventual laudo complementar ou contraprova, sempre que possível. Lamentavelmente, a avaliação SENASP indica a necessidade de maior esforço institucional para alterar o quadro evidenciado na tabela 3.

Na Europa, no ano de 2005, o *European Network of Forensic Science Institute ENFSI* divulgou um documento sobre a política de acreditação laboratorial, no sentido de que todos os laboratórios membros devem, obrigatoriamente, ser acreditados segundo as diretrizes da ISO/IEC 170253.

Nos Estados Unidos, o NIST editou o *Biological Preservation Handbook: Best Practices for Evidence Handlers*, uma publicação normativa de melhores práticas para manuseio de provas biológicas, patrocinada pelo Departamento de Justiça, através do *National Institute of*

¹⁰ <http://www.inmetro.gov.br>

TABELA 3 - Avaliação SENASP ¹¹

ELEMENTOS DA CADEIA DE CUSTÓDIA NOS LABORATÓRIOS DE DNA	Respostas	
	Sim	Não
Questionário Respondido por Peritos Forenses		
Perguntas		
Há registro numérico da evidência no local de crime?	0	6
As evidências são lacradas no local de crime?	0	6
Há protocolo de recebimento e encaminhamento de evidências dentro da Unidade?	3	3
Há local seguro para guarda das evidências?	2	4
O local da guarda preserva as características das evidências?	2	4
O manuseio das evidências é feita apenas por profissionais responsáveis pela cadeia	4	2
Existe rastreabilidade do manuseio das evidências?	4	2
Os procedimentos da cadeia de custódia são de conhecimento dos peritos?	5	1

Fonte: Secretaria Nacional de Segurança Pública/Ministério da Justiça. Diagnóstico da Perícia Criminal no Brasil, 2012

*Justice NIJ*¹². Esta publicação pretende ser de tal modo abrangente para oferecer orientação a todos os envolvidos que, de qualquer forma, possam estar em contato com evidências biológicas, sem distinção de policiais a peritos, pessoal de laboratório em todos os níveis, advogados e servidores da justiça. Especial ênfase é dada à coleta e todas as fases subsequentes anteriormente descritas, inclusive às relacionadas a tempo e condições de armazenamento.

Como consequência das diferenças existentes entre as diversas instituições envolvidas, no que se refere ao tema DNA Forense, nos níveis federal, estadual e municipal, e com o objetivo de evitar conflitos e facilitar seu entendimento, grupos de trabalho foram criados.

Nos anos noventa por iniciativa do FBI, foi formado o Grupo de Trabalho Científico em Métodos de Análise de DNA, o *Scientific Working Group on DNA Analysis Methods*, SWGDAM, constituído de aproximadamente cinquenta cientistas dos âmbitos federal, estadual e local, com representantes de laboratórios forenses de DNA, dos Estados Unidos e

¹¹ Secretaria Nacional de Segurança Pública - Ministério Justiça

¹² Disponível em <http://dx.doi.org/10.6028/NIST.IR.7928>, Abril 2013, consultado em junho de 2014.

Canadá. Desde então, seguindo programação de reuniões duas vezes ao ano, divididos em subcomitês, produzem documentos para divulgação na comunidade, discutem tópicos de interesse e formulam normas e orientação.

Uma das preocupações, que emerge dos documentos que referem a manejo de amostras biológicas, às boas práticas, à obediência a rígidos protocolos para manipulação do DNA, está na inserção de perfis imaculados nos bancos de dados, pois toda confiabilidade do sistema depende da lisura deste encadear de elementos.

3.13. BANCOS DE DADOS: DNA

Com os avanços das técnicas de DNA para individualização, os países têm buscado organizar estas informações em bancos de dados (figura 13).

Segundo a Rede Europeia de Institutos de Ciências Forenses ENFSI, o Conselho da União Europeia convidou os países membros da Comunidade Europeia a estabelecer base de dados ou bancos de dados de DNA desde 1997.

No ano de 2001, foi adotado um conjunto de regras nomeado de *European Standards Sets* ESS, de modo a possibilitar o intercâmbio de informações de perfis de DNA entre os diferentes países, baseado na determinação de loci (figura 14).

No ano de 2009, ficou acertada a inclusão de mais cinco *loci*, que foi convertida em decisão pela legislação decorrente do Tratado de Prüm (2005).

O tratado de Prüm, na Alemanha, de 27 de maio de 2005, foi assinado com objetivo de estabelecer marco legal de cooperação entre países da Comunidade Europeia. É um tratado de direito internacional, que abrange assuntos como terrorismo, imigração ilegal e delinquência fronteiriça; bem como de intercâmbio de perfis de DNA, dados dactiloscópicos e outros no âmbito da justiça criminal.

O referido tratado definiu um quadro legal visando:

“[...] o desenvolvimento da cooperação entre os Estados-Membros no domínio da luta contra o terrorismo, a criminalidade transfronteiras e a imigração ilegal. Mais especificamente, regula o intercâmbio de informações sobre DNA impressões digitais, registo de veículos e dados pessoais e não pessoais no âmbito da cooperação policial transfronteiriça entre as partes contratantes” (p.2)¹³.

Naquela oportunidade, obrigaram-se os estados membros a criar uma base de dados de DNA, disponível para buscas automáticas pelos diversos países da comunidade europeia,

Tratando da implementação do Tratado de Prüm, Kees van der Beek (2011) concluiu ter sido este instrumento desenvolvido e instrumentalizado para comparação, de bases europeias de dados de DNA, e que nessas condições sua finalidade atende plenamente os objetivos propostos. Recomendou também que fossem efetivados testes adicionais de perfis de DNA, envolvendo ao menos seis ou sete sítios coincidentes, a serem considerados como mínimo necessário para dirimir dúvidas quanto a resultados fortuitos ou falsos positivos, em sintonia com ENFSI, que recomendava a expansão do número de *loci* nos testes de DNA. (GILL et al., 2006).

Na oportunidade, definiram-se objetivos para acelerar a solução de crimes, não apenas relacionada à quantidade de crimes esclarecidos, mas inclusive na rapidez de sua solução, na otimização do tempo da polícia em outras atividades, na possibilidade de conexão entre crimes não solucionados e também na descoberta de identidades falsas.

Os sistemas STR foram sendo adaptados para cada país, com soluções próprias, de modo a montarem suas bases de dados que acabaram por se transformar nos chamados Bancos de Dados. Lamentavelmente, diversos modelos foram adotados, tornando a compatibilização um assunto de grande importância para poder permitir o que de mais relevante se espera de uma base de dados, o compartilhamento de informações.

Entre os sistemas Europeus, e o CODIS dos Estados Unidos, e os outros países que seguem mesmo sistema, há a superposição de oito *loci*, que serão detalhados na sequência.

¹³Disponível

em: <http://www.europarl.europa.eu/meetdocs/2004_2009/documents/dt/660/660824/660824pt.pdf>. Acesso em 12 nov. 2014

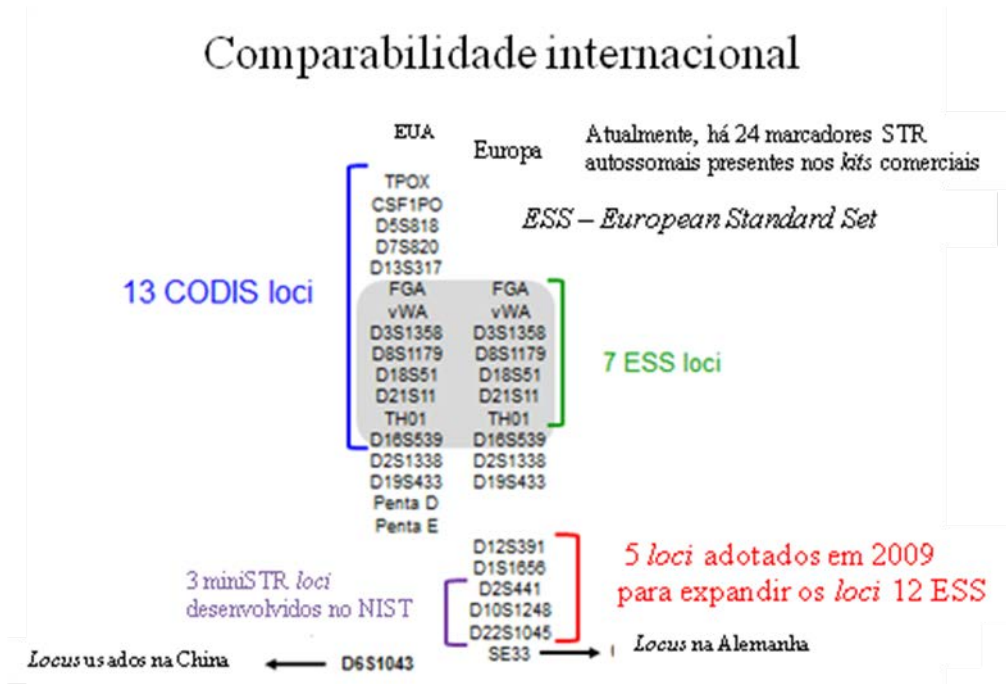


FIGURA 14 - Esquema ilustrativo da sobreposição de marcadores utilizados, pelo CODIS, nos Estados Unidos, pelo ESS, padrão europeu em relação aos 24 marcadores STR oferecidos nos kits comerciais, incluindo *locus* (únicos) utilizados na China e Alemanha, e os mini STRs do NIST. **Fonte:** Apresentada por Butler, no IV^o Congresso Brasileiro de Genética Forense (2013)

3.13.1. Bancos de dados: Reino Unido

No Reino Unido, em 1995, quando foi criado o banco de dados de DNA, o perfil de cada indivíduo era baseado no exame realizado em seis “*loci*”, ou sítios, utilizando o sistema *Second Generation Multiplex SGM*. Trata-se de um teste baseado na técnica PCR, para analisar STRS que foi largamente utilizado nas análises forenses no Reino Unido, devido às vantagens que apresentava na sensibilidade mais acurada, na habilidade de distinguir alelos discretos, e na eficácia de ação com amostras degradadas. Era a aplicação do sistema multiplex, segundo Cotton (et al., 2000), que possibilitava a verificação simultânea de diversos *loci*, incluindo também amelogenina com o poder de determinar sexo da amostra. Os

loci eram: TH01, D21S11, D18S51, D8S1179, WF31, FGA, em conjunção com os genes homólogos X e Y amelogina.

As dificuldades encontradas no passado deveram-se em parte à pequena quantidade de sítios examinados para que se pudessem estabelecer comparações. O poder discriminatório do SGM era de um em 50 milhões, sendo que no ano de 2000, a população do Reino Unido apenas, era de 58.951.000, portanto insuficiente para o pretendido.

Todavia, com o crescimento da base de dados, a aplicação do teste SGM levou a um número de resultados aleatórios, demonstrando sua ineficácia. Suspeitos foram detidos claramente sem nenhum comprometimento. Não havia suficiente credibilidade para investigar e prender, baseando-se nos resultados coincidentes do exame de DNA (GREEN, 2014). Mais poder de discriminação poderia ser obtido pelo aumento do número de *loci*, motivo pelo qual mais quatro *loci* foram acrescentados, dessa forma no ano 2000, deu-se o aparecimento do SGM Plus, contando com dez posições.

O AMPFLSTR, denominado SGM Plus, é um sistema multiplex STR, produzido comercialmente pela *Applied Biosystems* de Foster City, na Califórnia, EUA, e que veio a suceder o SGM. Foram mantidos os seis loci anteriores, mais amelogina, e incluídos mais quatro, D3S1358, D19S433, D16S539, e D2S1338 (GREEN, 2014; COTTON, 2000)

A probabilidade de coincidência foi significativamente ampliada, aumentando o poder discriminatório para aproximadamente 1 em 1.000.000.000 (tabela 4) (COTTON et al., 2000; BONACCORSO, 2005; ENFSI, 2014).

TABELA 4 - Probabilidade de coincidência entre parentes¹⁴

Grau de Parentesco	Taxa de probabilidade
Nenhum (probabilidade randômica)	1 em 10 ⁹
Primos: primeiro grau	1 em 10 ⁹
Tio/Sobrinho	1 em 10 ⁹
Pais ou Filho	1 em 10 ⁷
Irmã /Irmão	1 em 10 ⁵

Fonte: European Network of Forensic Science Institute ENSFI¹⁵

¹⁴ Taxa de máxima de probabilidade relacionada ao valor da prova com total coincidência utilizando DNA Plex

¹⁵ Disponível em: <http://www.enfsi.eu/sites/default/files/documents/enfsi_2014_document_on_dna-database_management_0.pdf> . Acesso em: 13 nov. 2014

No Reino Unido, composto pela Inglaterra, Gales, Escócia, Irlanda do Norte, há uma padronização pela utilização do sistema próprio *SGM PLUS*, e uma base nacional de dados, criada em 1995, denominada *National DNA Database* NDNAD (tabelas 5 e 6). A gestão é realizada pelo *Forensic Science Service* FSS, contratado pelo *Home Office* que é um departamento ministerial responsável, entre outras atividades, pela política criminal.

As operações do banco de dados nacional são supervisionadas e reguladas pelo *National DNA Data Base Strategy Board*. Esta junta é composta por vários membros representando a *ACPO* - Associação dos Chefes de Polícia; o *Home Office*, o Grupo de DNA Ético, a Agência de Regulação dos Serviços Forenses, a Associação dos Chefes de Polícia da Escócia, a *National Improvement Agency* NPIA que teve suas atividades encerradas em outubro de 2013, passando suas funções para o *Home Office*, Serviço de Polícia da Escócia, Serviço de Justiça Criminal e Serviço de Suporte Científico da Irlanda do Norte.

Na Inglaterra e no País de Gales, a legislação autoriza que qualquer pessoa detida e presa numa unidade policial seja obrigatoriamente sujeita a um processo de colheita de DNA.

TABELA 5 - Base nacional de dados do Reino Unido - estatística¹⁶

Perfis de DNA Inseridos na NDNAD até 31/03/2013	
Todas as Instituições do Reino Unido	
Perfis Individuais Cadastrado na Base	6.737.973
Dados de Voluntários	4.074
Perfis Arquivados de Locais de Crime	428.634
Total de Perfis de DNA Inseridos	7.166.607
Estimativa de Duplicação	11,60%
Estimativa de Indivíduos Cadastrados	5.593.810

Fonte: Administração NDNAD. A estimativa de duplicação está baseada em que apenas um perfil individual seja idêntico a outro

Desde a implantação da base de dados de perfis genéticos no Reino Unido, não só amostras de condenados são depositadas, mas são mantidas no banco depois de cumpridas as penas.

¹⁶ <https://www.gov.uk/government/publications/national-dna-database-annual-report-2012-to-2013>

TABELA 6 - Identificação positiva de perfis DNA por delito 2012-13¹⁷**Base Nacional de Dados (NDNAD) - Identificação Positiva de Perfis DNA****Tipo de Delito encontrado em amostras de locais de Crime nos exercícios de 2012-13.**

Tipo de Delito	Todas as Agências Policiais do Reino Unido Número de Crimes com identificação positiva na Base Nacional de Dados
Furto (incluindo qualificado)	10.976
Veículos Furto/Roubo	3.772
Dano	2905
Crimes Violentos	1.293
Narcóticos	1.254
Furto	1.227
Roubo	1.037
Estupro	466
Trânsito (incluindo Morte)	243
Homicídio (incluindo tentativa)	183
Incêndio	172
Outros crimes sexuais	171
Fraude	151
Armas de Fogo	146
Desordem	92
Sequestro	46
Explosivos	9
Extorsão	4
Outros	747
TOTAL	24.894

Fonte: centro de informações NDNAD

Mudanças recentes foram implementadas devido a condenação dessas práticas pelo tribunal de direitos humanos da Comunidade Europeia (NETO, 2010). Essas mudanças foram tomadas com conseqüente alteração legislativa, uma delas refere ao limite de seis anos, que passa a vigorar para manutenção de perfis de suspeitos, ou daqueles que não receberam nenhuma sentença (NETO, 2010).

O *Protection of Freedoms Act* ¹⁸ de 2012 aprovada no parlamento recebeu assinatura real para seus efeitos de proteção e garantias individuais, referentes a retenção pela polícia de impressões digitais e dados de DNA. Por essa medida mais de um milhão de perfis genéticos

¹⁷ <https://www.gov.uk/government/publications/national-dna-database-annual-report-2012-to-2013>

¹⁸ <http://www.legislation.gov.uk/ukpga/2012/9/contents/enacted>

de inocentes foram removidos da base nacional de dados NDNAD, na Inglaterra e País de Gales (INTERPOL, 2013).

3.13.2. Bancos de dados: A Comunidade Europeia

Os Bancos de Dados e programas utilizados pelos diferentes países europeus e algumas organizações internacionais (tabela 7), de acordo com ENFSI, têm a missão de: “[...] compartilhar conhecimento, troca de experiências e a busca de acordos mútuos, no âmbito das ciências forenses, gozando do reconhecimento de ser um grupo de excelência no seu campo de ação”.

TABELA 7 - DNA - Data Base Management: revisão e recomendações do grupo de trabalho de DNA do ENFSI¹⁹ - Abril 2014

País	Banco de Dados		País	Banco de Dados SDP CODIS	de
	SDP ²⁰	CODIS ²¹			
Alemanha	SDP		Letônia	CODIS	
Armênia	Não possui		Liechtenstein	Suíça	à
Áustria	SDP		Lituânia	CODIS	
Bélgica	CODIS		Luxemburgo	SDP	
Bósnia & Herzegovina	CODIS		Macedônia	eQMS:DNA ²²	
Bulgária	SDP		Malta	CODIS	
Croácia	CODIS		Montenegro	CODIS	
Chipre	SDP		Noruega	CODIS	
Dinamarca	SDP + CODIS		Polônia	CODIS	
Escócia ²³	SDP		Portugal	CODIS	
Eslováquia	CODIS		Reino Unido:		
Eslovênia	SDP		Inglaterra, Gales,	SDP	
Espanha	CODIS		Escócia, Irlanda	do	
Estônia	CODIS		Norte		
Finlândia	CODIS		Republica Tcheca	CODIS	
França	CODIS + SDP		România	CODIS	
Geórgia	CODIS		Rússia DNA	Não possui	
Grécia	CODIS		Servia	CODIS	
Holanda	CODIS		Suécia	CODIS	
Hungria	CODIS		Suíça	CODIS	
Islândia	CODIS		Turquia	Não possui	
Itália	CODIS		Ucrânia	SDP	
Irlanda do Norte	SDP		INTERPOL	SDP	
Kosovo	CODIS				

Fonte: http://www.europarl.europa.eu/meetdocs/2004_2009/documents/dt/660/660824/660824es.pdf

¹⁹ *European Network of Forensic Science Institutes*

²⁰ SDP “*Self Developed Program*” - Programa Próprio

²¹ CODIS “*Combined DNA Index Systems*”.

²² eQMS :DNA “Software Banco Dados Genótipos Forense desenvolvido na Croácia”.

²³ Irlanda do Norte e Escócia possuem seu próprio banco de dados, e participam do Banco de Dados Nacional do Reino Unido (NDNAD)

3.13.4. Bancos de dados: Estados Unidos

Os Estados Unidos adotaram o *Combined DNA Index Systems* CODIS, desenvolvido pelo *Federal Bureau of Investigation* FBI, e validado pelo Congresso, para assistir e promover pistas de investigação para as autoridades policiais, nos casos em que ainda não se identificou suspeito.

A missão do CODIS segundo o FBI é de:

“[...] administrar o Sistema Nacional de Indexação (NDIS), responsável por desenvolver, prover e apoiar o programa CODIS, no nível federal, estadual, e de laboratórios locais nos Estados Unidos e laboratórios policiais internacionais selecionados, para promover intercâmbio e comparação de provas forenses provenientes de DNA, em investigação de crimes violentos”.²⁴

Cabe ao CODIS promover o gerenciamento administrativo e dar apoio ao FBI, ao Departamento de Justiça, e à legislação referente ao DNA.

A atividade do CODIS se exerce em vários níveis, iniciando-se pelo chamado nível local, onde são mantidos banco de dados denominados de *Local DNA Index System* LDIS. A continuidade do processo passa ao âmbito estadual, com a operação do *State DNA Index System* SDIS. Os vários laboratórios forenses locais contribuem com seus perfis para alimentar o banco de dados estadual que, por sua vez, também incorpora perfis decorrentes de exames realizados em unidades laboratoriais dos governos estaduais.

Tendo em vista que, o sistema legal americano permite aos legislativos estaduais estabelecerem suas próprias políticas em assuntos relevantes de matéria penal, não há no país uniformidade de procedimentos relacionados ao sistema Banco de Dados de DNA.

²⁴ Disponível em: <<http://www.fbi.gov/about-us/lab/biometric-analysis/codis>>. Acesso em 13 nov. 2014

No nível nacional, cabe ao FBI gerir a *Federal DNA Database Unit* (FDDU), sua função está descrita no Serviço de Laboratórios do FBI, e é a de examinar os marcadores de DNA, de forma a enquadrar-se nos padrões estabelecidos pelo CODIS.

No que se refere a material recebido, seja de amostras bucais ou sangue de detidos condenados por crimes federais, de acusados de crimes federais, bem como de estrangeiros detidos por autoridades americanas, exerce controle para que, os perfis que serão carregados no NDIS, mantenham padrão e uniformidade.

A partir deste momento ficando certificada a padronização e cumpridos os demais requisitos, há a inserção das novas amostras, que agora poderão ser objeto de comparação com o acervo do NDIS. No caso de haver acerto (*match*) indicando ter havido amostras coincidentes, normalmente será requerida nova amostra para confirmação, somente assim serão fornecidos os detalhes, relativos a nome, informações pessoais e possível localização.

Todos os dados sempre são encaminhados ao laboratório de origem para serem usados como apoio à investigação.

Apenas no ano de 2012 mais de 1000 investigações receberam suporte do NDIS.

O trabalho é realizado por uma equipe de cientistas que procedem à triagem inicial, cadastramento, histórico, e o preparo das amostras para iniciar os estágios da análise. Outra equipe de cientistas utilizará estações de processamento robótico, e instrumental digital de alta produção para poder gerar resultados no prazo de dias desde a entrada da amostra. Finalmente, mais uma equipe providenciará os relatórios que forem resultantes da interpretação dos perfis de DNA, e da aprovação dos dados obtidos para serem anexados ao NDIS de acordo com protocolo FDDU, além da já mencionada comunicação ao laboratório de origem da amostra, no caso de haver coincidência com perfil existente na base de dados.

Segundo informação da Unidade Federal de Banco de Dados referente ao ano fiscal de 2012, deram entrada mais de 92000 pedidos de análise, por motivos vários de prisão, desde detenção, liberdade provisória, inclusive custodiados no âmbito da Justiça Federal.

Baseado no volume de análises de DNA, que significa uma média de 22 dias para processamento total, por amostra recebida, desde o momento de sua entrada no sistema, exemplifica a magnitude do sistema.²⁵

Pelas estatísticas do CODIS baseadas no NDIS, constam do *National DNA Index* registrados 11.219.527 perfís de criminosos. A medida de sucesso do sistema se baseia nos crimes que auxiliou a solucionar, que até o mês de outubro de 2014, havia obtido resultados positivos de coincidências de perfís genéticos *hits*, em 263.847 casos. Na mesma data, 252.272²⁶ casos, foram anotados como número de investigações policiais assistidas ou de alguma forma apoiadas, segundo as estatísticas do CODIS, divulgadas pelo Serviço de Laboratório do FBI .

A variedade de submissão de amostras ao NDIS relacionada às políticas estaduais faz com que aporte ao NDIS um maior número de perfís de condenados, seguindo-se de vestígios de cenas de crime, de pessoas desaparecidas, e de restos mortais de desconhecidos, na expectativa de obter uma coincidência. Nos estados onde se permite manter perfís de investigados, “estes devem permanecer no âmbito dos processos penais, mas não podem ser enviados ao NDIS”, como aponta Bonaccorso (2010, p.160).

A magnitude dos bancos de dados até maio de 2013, na China e nos Estados Unidos, países que detém as maiores bases de dados de DNA forense, contendo respectivamente mais de 20 milhões e 12 milhões de perfís, produziram resultados acima de 410 000 e 185 000 acertos, com revelação de perfís coincidentes; segundo dados do obtidos no 14º Simpósio de Genética Forense, em 2013, realizado em Beijing – China, e do CODIS / FBI.

3.13.5. Bancos de dados: INTERPOL

A base de dados da Interpol tem como objetivo principal sua utilização em investigações criminais, favorecendo seus países membros.

A base de dados é automatizada e tem nome *DNA Gateway*, ou seja, é uma porta de comunicação entre rede de computadores, com padrão internacionalmente reconhecido padrão

²⁵ Disponível em: <<http://www.fbi.gov/about-us/lab/biometric-analysis/federal-dna-database>>. Acesso em 13 nov. 2014

²⁶ Disponível em:< <http://www.fbi.gov/about-us/lab/biometric-analysis/codis/ndis-statistics> >. Acesso em 13 nov2014

internacional objetivando facilitar a transferência eletrônica de dados de DNA entre a INTERPOL e seus países membros. Foi estabelecida em 2002, e agora no final do ano de 2013, conta com 140 000 perfis fornecidos pelos 69 países membros.

A maior diferença entre a base da Interpol e as demais bases de dados de DNA, reside no fato de que os perfis nela incluídos apresentados pelos países contribuintes, recolhidos de cenas de crime, pessoas desaparecidas, e corpos não identificados, é apenas e tão somente utilizada para compartilhar informações e comparações, e não apontará para nenhum indivíduo, bem como não conterá nenhuma inclusão de condições sejam elas físicas ou psicológicas.²⁷

O *Gateway* também possui compatibilidade com o sistema da União Europeia denominado de *Prüm DNA Data Exchange Network*, e ainda para a exportação de perfis de DNA para países que utilizam o sistema CODIS. Para os países do G-8 há uma forma de comunicação de perfis padronizada funcionando sem interrupção.

3.13.6. Banco de dados: Brasil

O Brasil se coloca no cenário mundial como país que adota a identificação por DNA, para investigação policial de forma sistematizada, em conformidade com os sistemas adotados pela comunidade forense internacional, a partir da assinatura da Presidente Dilma Rousseff, no dia 28 de Maio de 2012, sancionando a Lei Ordinária Federal nº 12.654, que prevê a coleta de perfil genético como forma de identificação criminal.

Até essa data o uso da técnica do DNA Forense, estava limitado a casos fechados em que vítima e autor já haviam sido colocados na cena do crime, e o trabalho pericial e laboratorial que seguiria objetivava robustecer a prova ou garantir a autoria delituosa.

Com a lei no. 12.654, ficava finalmente configurada a possibilidade da ampliação da investigação policial, pela utilização de materiais biológicos coletados nos locais de crime, acrescentando maior potencial para elucidação de delitos. A tendência que já havia se

²⁷ Disponível em: <<http://www.interpol.int/INTERPOL-expertise/Forensics/DNA>>. Acesso em 13 nov. 2013

manifestado há anos com os trabalhos pioneiros de Alec Jeffreys na Inglaterra, se materializava no país, 27 anos depois.

Embora existisse a legislação, não estava plenamente instrumentalizada e, portanto impossível sua efetiva e colocação em prática, pois se fazia necessária sua regulamentação. Essa situação só veio a se resolver com Decreto n.º 7.950, de 12 de março de 2013 que instituiu o Banco Nacional de Perfis Genéticos e a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos. A partir do decreto, ficou ainda estabelecido que a gestora do banco será a unidade de perícia oficial do Ministério da Justiça.

Os fatos que antecederam a concretização desta aspiração, em âmbito federal, tiveram como datas marcantes 18 de maio de 2009, quando foi assinado na Bahia, um acordo de cooperação técnica entre a Polícia Federal e o FBI, durante o *FBI NAA Latin American-Caribbean Chapter Conference*, para utilização do CODIS, sigla em inglês para Sistema de Combinação e Indexação de DNA, adotado como padrão para uso nos EUA.

E posteriormente, um ano após da doação pelo FBI, e assinatura do Termo de Compromisso para utilização do software *CODIS Combined DNA Index System*, (desenvolvido pelo FBI), foi efetivada sua aplicação. Em 2010, foi feita, segundo a Polícia Federal, a maior instalação do programa CODIS fora dos EUA, incluindo 15 laboratórios estaduais, um laboratório federal, mais os bancos nacionais, tanto do CODIS 5.7.4 (criminal), quanto do CODIS 6.1 (pessoas desaparecidas) (AGUIAR, et al., 2011).

O banco de dados brasileiro, a princípio, teria os mesmos padrões do banco norte-americano, a partir implantação do sistema CODIS no Brasil, criou-se a Rede Integrada de Banco de Perfis Genéticos, e seus laboratórios um projeto da Polícia Federal e das Secretárias Estaduais de Segurança Pública, em parceria com a Secretária Nacional Segurança Pública-SENASP, com a finalidade de possibilitar o compartilhamento e a comparação de perfis genéticos em todo o país, por meio de um banco central em que todos os laboratórios forenses estaduais estariam conectados.

Os laboratórios forenses que integram a rede de perfis genéticos à época, se encontravam no Distrito Federal, Amazonas, Amapá, Bahia, Ceará, Espírito Santo, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará, Paraíba, Pernambuco, Paraná, Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul, Santa Catarina e São Paulo (BONACCORSO, 2010).

O Estado de São Paulo sempre foi pioneiro nas iniciativas que se referem a avanço tecnológico e consequente utilização nos setores de segurança pública, como se infere da decisão da Secretaria da Segurança Pública do Estado de São Paulo, resolução 129 /SSP, publicada em 2010, que estabelecia em seu artigo 1º:

“Fica criado o Banco de Perfis Genéticos da Superintendência da Polícia Técnico-Científica do Estado de São Paulo sob a responsabilidade do Núcleo de Biologia e Bioquímica, do Centro de Exames Análises e Pesquisas do Instituto de Criminalística São Paulo, órgão vinculado diretamente à Secretaria de Segurança Pública deste Estado”.

Esta resolução reforçava a capacitação do Laboratório de DNA do Núcleo de Biologia e Bioquímica do Centro de Análises e Pesquisas, do Instituto de Criminalística de São Paulo, para atender as necessidades relacionadas à produção de resultados contributivos para identificação e persecução criminal no âmbito de Estado de São Paulo, em sintonia com a Rede Integrada de Perfis Genéticos.

A lei que regulamentou o Banco de Perfis Genéticos Criminal Brasileiro tem de apenas quatro dispositivos, trata-se da já mencionada a Lei nº 12.654/2012, altera lei da identificação civil e criminal, e a lei que trata da execução criminal. Em seu artigo 2º, dá nova redação ao artigo 9º da Lei de Execução Criminal:

“Os condenados por crime praticado, dolosamente, com violência de natureza grave contra pessoa, ou por qualquer dos crimes previstos art. 1º da Lei nº 8.072, de 25 de julho de 1990, serão submetidos, obrigatoriamente, à identificação do perfil genético, mediante extração de DNA - ácido desoxirribonucleico, por técnica adequada e indolor.”

Portanto, não há nenhuma dúvida quanto a “coleta compulsória de material genético, de todo indivíduo condenado por um crime doloso contra pessoa, de natureza grave e cometido mediante violência [...]” nos crimes capitulados contra a pessoa, como é o caso do homicídio, da lesão corporal de natureza grave, do aborto; e nos crimes hediondos como estupro, o homicídio praticado por grupo de extermínio, latrocínio, extorsão com qualificadora por

morte. O assunto que parecia ter sido decidido por texto legal, que não deixaria margem a interpretação, está longe de ser resolvido.

Além disso, tendo em vista que a lei estabelece a obrigatoriedade da identificação após condenação e que os dados genéticos serão mantidos no banco até a prescrição do delito, faz-se necessário a determinação de procedimentos padrões para a troca de informações entre os Tribunais de Justiça e os órgãos executores das tipagem genética e gerenciamento das informações, as unidades oficiais de perícia criminal, a ser decidida por normas específicas (BRASIL, 2012).

Desde a decisão da adoção de um sistema de obtenção de perfis genéticos com finalidade de persecução criminal, em maio de 2012, no mesmo mês de maio, agora em 2014, ainda se discute a padronização de procedimentos relativos à coleta compulsória de material biológico para fins de inclusão, armazenamento e manutenção dos perfis genéticos nos bancos de dados que compõem a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (HAYDEN, 2014).

A lentidão das medidas para efetiva consecução dos objetivos pretendidos pela adoção da legislação do DNA Forense, para investigação e identificação criminal, parece estar atrelada às críticas que foram levantadas desde então.

Trabalhos acadêmicos, membros da sociedade civil representantes de organizações de direitos humanos entre muitos outros, tem se manifestado de forma taxativa quanto à constitucionalidade do processo de investigação e persecução criminal, de acordo com a legislação vigente no Brasil (ROCHA, 2013; MACHADO, 2012; LOPES JR., 2012; GOMES, 2012; CUNHA; GOMES, 2010; SCHIOCCHET, 2012)

De outra parte há também inúmeros autores, de todas as áreas, que se posicionam a favor da coleta obrigatória argumentando que, o interesse social é maior e justificado, pois garante a proteção da sociedade (BONACCORSO, 2013).

3.14. BANCO DE DADOS: CONCLUSÃO

De todo o exposto no que se refere a base de dados, e seus diferentes sistemas, pode-se inferir que a utilização de um conjunto de STRs, que se estabilizou a quase 15 anos, BUTLER (2006) mereceu a preferencia, em termos de genética forense, e se tornou o pilar da identificação humana pelo DNA.

No caso dos Estados Unidos e demais países que seguem com o CODIS, são considerados 13 STRs, no Reino Unido 10 sítios (*loci*) e em grande parte da Europa adotam oito que se sobrepõem àqueles do CODIS, além dos marcadores adicionais que se referem aos novos sítios em número de cinco determinados pelo *European Standard Set* (ESS), a saber : D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391 (ĆURIC et al, .2012).

A dinâmica que envolve o tema relacionado a banco de dados impede haja precisão pode-se apenas oferecer um instantâneo, que reflete um determinado momento, e nada mais. Essa afirmação se materializa quando, em 29 janeiro de 2014, a África do Sul se tornou o 57º país a aprovar legislação referente à implementação e regulamentação de banco de dados de criminosos. A nova lei foi assinada pelo presidente daquela nação, e está em sintonia com as tendências globais das bases de dados de DNA, obrigando maioria de condenados ou detidos por crimes a oferecer amostra de DNA. Bem como também consistente com a tendência internacional de descartar e destruir perfis e amostras em todos os casos de absolvição (SCHELLBERG, 2014).

Deve ser notada a existência de fortes correntes contrárias a muitos aspectos dos bancos de dados de DNA, inclusive de forma organizada, representando a sociedade civil como é o caso da *GeneWatch*, ONG se dedica aos vários aspectos da genética, sediada na Inglaterra.

Sua posição é de não se opor à existência da base de dados, porém pretender que seja exercido controle muito mais rigoroso nas inclusões e na remoção dos perfis.²⁸

A discussão sobre base de dados continua no sentido de serem estabelecidas salvaguardas sob a égide da preservação da privacidade das pessoas, e de outros direitos humanos. E mais, sob a alegação de que grandes bases de dados de DNA não ajudam a resolver mais crimes, pois os benefícios são menores e os custos e riscos envolvidos são maiores, conforme as bases de dados aumentam em tamanho (WALLACE, 2012).

3.15. PERSPECTIVAS FUTURAS

No ano 2000, o Instituto Nacional de Justiça dos Estados Unidos, avaliava que a ampliação do uso dos STR para as bases de dados nacionais, era um sinal de que estes

²⁸Reclaim your DNA. Disponível em: <<http://www.genewatch.org/>>. Acesso em 11 dez. 2014

marcadores ficariam entrincheirados nos laboratórios forenses por um período de tempo futuro sem previsão (NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE, 2000).

A expansão da quantidade de sítios a ser analisada, objetivando a maior compatibilidade possível para uma eventual base de dados global, é uma necessidade que vem sendo suprida desde que os cientistas forenses, e policiais perceberam a vantagem de buscas internacionais, especialmente em países da mesma região trabalho geográfica. A reação se deu pelo trabalho conjunto, estabelecendo cooperação entre representantes de laboratórios para determinar uma padronização de *loci* e recomendações para a criação de base de dados com possível compatibilização para troca de informações, de forma automática ao menos nas mesmas regiões (SCHELLBERG et al., 2012).

É como se fosse uma corrida dos laboratórios para oferecer, sistemas de multiplex globalizados, incluindo os *loci* desejados, sem perder capacidade de processamento entre outras habilidades necessárias.

Entre as várias propostas um sistema de análise de 27 *locus* STR, idealizado para satisfazer todos os requisitos e padrões das forças policiais dos Estados Unidos e da Europa acaba de ser divulgado, por uma empresa que produz instrumentos e *kits* multiplex para identificação humana (SCHUMM et al., 2013).

Certamente é a tendência dominante, quando se trata de STR, baseando-se no que se vislumbrava, em um passado recente, quando o desejo era poder ter um desenvolvimento que estivesse em sintonia com completa automação desde a extração até o final, inclusive na interpretação. Previa-se que este desenvolvimento de plataformas seguramente iria resultar em métodos mais rápidos e mais baratos, mormente quando a utilização da ciência forense no caso do DNA resultava na utilização estratégica tanto para crimes hediondos quanto para de menor potencial ofensivo como furtos, em consonância com medidas preventivas para redução de criminalidade (GILL, 2002).

Atualmente a comunidade forense está questionando para qual direção a tecnologia da identificação pelo DNA deverá seguir no futuro. Parece certo que o sequenciamento do DNA vai substituir toda a metodologia que se baseia na análise de fragmentos e suas dimensões.

O surgimento de novas tecnologias, a exemplo do Sequenciamento de Nova Geração, conhecido como *Next Generation Sequencing*, e pela sua sigla NGS, que traz a garantia de

expansão da base examinada de forma eficiente, rápida e com interessante relação custo em função de resultado (ROEWER, 2013).

As limitações da eletroforese capilar estão sendo transpostas com estas novas metodologias que permitem, com uma margem incrivelmente alta, a superação do número máximo de 25 a 30 STR *loci*, anteriormente alcançada, que de certa forma implicava numa redução da capacidade da base de dados.

A tendência inevitável, talvez venha ser imprescindível no futuro, de ter à disposição um conjunto de informações de STRs e SNPs, com grande abrangência. Certamente, o atual estado da arte em análise de perfis de DNA, permite a informação simultânea, com montagem de painéis, caso detalhado por Hares (2012), de 24 sítios loci STR, com além de um conjunto de STRs Y e STRs X, sequência completa de genoma DNA mitocondrial, e identidade de SNPs, da ordem de 400 a 500 marcadores.

Utilizando-se técnica de análise massiva *Massively Parallel Processing* MPP, também denominada sequenciamento de segunda geração *Next Generation Sequencing* NGS, cujos equipamentos são encontráveis no mercado desde 2005.

Segundo Roewer (2013), foi apresentada em Setembro de 2013, no 25º Congresso da Sociedade Internacional de Genética Forense, uma interessante abordagem com a técnica de NGS, onde se produziu a análise simultânea de 10 STRs, juntamente com 386 SNPs autossomais de ancestralidade e informações fenotípicas, além do completo genoma de DNA mitocondrial.

Os SNPs representam uma grande esperança nas aplicações que certamente virão a ter no futuro, em todas as análises de DNA forense como observava Gill desde 2001.

Porém o maior entrave para sua efetiva utilização está na compatibilização de marcadores e de tecnologia, de modo viabilizar a conversão de milhões de perfis genéticos que deverão ser novamente analisados, pois só assim haverá a adaptação dos sistemas a um modelo único. (GILL, 2002).

4. MATERIAL E MÉTODOS

Para atender os objetivos propostos, foram programadas duas fases, a primeira baseada em metodologia exploratória, que visa melhor conhecer a temática sob a visão de especialistas, de reconhecido saber, fundamentada em relatórios vivenciais e entrevistas. Para o embasamento da pesquisa e seu encaminhamento adotou-se o procedimento clássico da revisão bibliográfica numa perspectiva interdisciplinar. A segunda fase, eminentemente prática, tratou de trabalho de DNA Forense, com viés criminal, relacionado à identificação de ossos carbonizados e seu de vínculo genético através da análise do DNA.

4.1. RELATÓRIOS VIVENCIAIS E ENTREVISTAS

Para entender o contexto em que se trabalha o DNA Forense na academia, em empresas na iniciativa privada, em instituições e em entidades governamentais, decidiu-se aproveitar todas as oportunidades para visitas aos mais expressivos centros mundiais de DNA (tabela 8). A seleção dos locais foi baseada na sua expressão internacional, na excelência acadêmica, em sua importância como agência governamental, ou pela atividade de ponta no desenvolvimento de novas tecnologias. Em todos os locais foram mantidas entrevistas, não estruturadas, com personalidades representativas versando sobre suas especialidades e as entidades visitadas.

TABELA 8 - Instituições visitadas e especialistas entrevistados.

Instituição	Local	Entrevistado
Bode Technology	Virginia EUA	Barry S. Watson Manzar Ahmed
Interpol	Lyon França	Susan Hitchin Sophie Dumoulin
Office of The Chief Medical Examiner	Nova Iorque EUA	
Superintendência da Polícia Científica do Estado de São Paulo	São Paulo SP	Norma S. Bonaccorso Cristina Lekich
University of Kent Forensic Sciences	Canterbury Reino Unido	Robert Green Holly French

4.1.1. Bode Technology Group

10430 Furnace Road Suite 107 Lorton, VA 22079 EUA

Fomos recebidos pelo Presidente e CEO, Barry S. Watson, de por Dr. Manzar Ahmed Vice Presidente de Tecnologia, Diretor de Treinamento e Consultoria, em novembro de 2012.

Bode Technology, dos EUA, é reconhecida como parceira do FBI, lidera o fornecimento serviços de análise de DNA forense, e de produtos para coleta de amostras para identificação humana, A companhia presta serviços de identificação humana forense para várias agências governamentais dos EUA e de outros países. Foi responsável por casos de identificação de vítimas em tragédias como o atentado ao World Trade Center, o furacão Katrina, a Guerra da Bósnia, e em catástrofes, como a do terremoto no Haiti. Está também engajada em processo de identificação de restos mortais de soldados americanos da Guerra do Vietnã,

A Bode concluiu nos últimos oito anos mais de 50 mil casos forenses, tem ainda forte atuação na área de sistemas da qualidade, validação de metodologias e capacitação de pessoal, acreditada segundo a ISO/IEC 17025 pelo FQS-I e ASCLD/LAB, os dois maiores organismos de acreditação da área forense no mundo.

Serviços executados se referem testes de DNA elevada acurácia, análise de casos, identificação de pessoas desaparecidas, banco de dados privados e CODIS de condenados ou detidos, testes paternidade. Tem patenteados sistemas de coleta de DNA, de condenados, de cenas de crime e seus respectivos complementos.

Uma de suas mais importantes atividades está na Divisão de Inteligência, operacionalizada para desenvolver soluções avançadas para a ciência forense. Por meio de trabalho conjunto com agências federais, como exemplos mais significativos estão:

A) *Rapid DNA Analysis* - Análise Rápida para produzir análise validada, em múltiplas referencias e amostras ou provas em aproximadamente 70 minutos.

B) Processamento de misturas para individualizar perfis de DNA em misturas de até sete indivíduos.

C) Verificação pós-explosão – Identificação de indivíduos que manusearam explosivos pela técnica de toque de DNA a tecnologia de *low copy number* - baixo número de cópias.

4.1.2. INTERPOL

7TH INTERNATIONAL DNA USERS' CONFERENCE FOR INVESTIGATIVE OFFICERS - GENERAL SECRETARIAT

200 Quai Charles de Gaulle 69006 Lyon, France

Fomos recebidos por Susan Hitchin, Coordenadora do *DNA Police Forensics Sub-directorate ICPO-INTERPOL*, e Sophie Dumoulin, Assistente Sênior de Operações do *DNA Police Forensics Sub-directorate ICPO-INTERPOL*, na condição de convidado especial, sem representar qualquer país membro.

A conferência realizada a cada dois anos, tem como prioridade o encontro de policiais, representantes de forças policiais de países membros, especialistas em DNA, e peritos da Interpol, para discutir as aplicações do DNA em investigações criminais.

A própria natureza do evento permitiu uma total inteiração extremamente proveitosa para atender os objetivos propostos de entrevistas e acesso ao estado da arte do DNA Forense em termos globais.

A agenda do ano de 2013 incluiu:

1. Novas tecnologias de DNA para alavancar as operações policiais, incluindo a tecnologia *Rapid DNA*;
2. O DNA na estratégia das policias nacionais (federais);
3. Banco de Dados de DNA, legislação, e intercambio internacional;
4. Investigação de Pessoas Desaparecidas e identificação de vítimas de desastres.

Os temas em foram agrupados por assunto ficando assim distribuídos:

TABELA 9 - INTERPOL – DNA UNIT²⁹

Opening speech by the Secretary General of INTERPOL

New DNA Technologies – Enhancing Police Operations

DNA for investigations
Rapid DNA Session³⁰
INTROD Introduction and opening presentation
IntegenX
LGC
Morpho
NEC
Netbio

DNA Databases, Legislation, and International Exchange

International DNA exchange mechanisms
Criminal offender DNA databases - A global legislative and policy update
Thailand's national DNA profiling and database applications
Application of new methods for DNA typing in forensics laboratory research in Islamic Republic of Iran
South Africa's new DNA legislation
DNA profiling capabilities in the Middle East
Implications of the UK Freedom Bill³¹
The US Supreme Court's ruling in Maryland v King: Where to from here?³²
Searching DNA databases with complex STR profiles: a feasibility study
Be careful with touch DNA - the need for elimination databases

DNA in Police Strategies

DNA and Biometrics: opportunities and implications
Forensics in the age of austerity and the economics of DNA databases
DNA to exonerate the innocent³³
Public perceptions and knowledge of forensic use of DNA
Effects of DNA databases on crime
Do the New Zealand police make the most of DNA technology to investigate crime?
Familial searching in The Netherlands

DNA in Investigations

²⁹ Unidade de DNA da Interpol coordenadora da conferência, assistida pelo Grupo de Monitoramento de Especialistas da Interpol

³⁰ Equipamento para obter perfil completo no campo em menos de 2 horas.

³¹ Consequências imposição legal para eliminar milhões de perfis da NDNAD.

³² Decisão Suprema Corte EUA colocando no mesmo patamar Impressão Digital Fotografia, e Obtenção DNA

³³ Revisão de casos pós-condenação, para inocentar.

A suspected lawnmower murder

Match reporting and forensic analysis - a successful case in Sweden

“That’s the Defendant’s DNA”: Forensic Scientists, statistics, and pragmatic conclusions

A statistical analysis of DNA profile networks to support criminal investigations

Missing Persons and DVI

Missing persons program in China

Identifying missing persons in the United States of America

INTERPOL DNA MEG recommendation on DNA typing standards for missing persons

Best practices and international mechanisms for large scale DNA identification of missing persons

International use of CODIS for databasing and disaster victim identification

Update on INTERPOL DVI activities:

Overview of Interpol DVI Platform in Singapore

INTERPOL DVI forms and guide

FASTID

Environmental Crime

The Consortium for the Barcode of Life (TBC)

INTERPOL’s Environmental Crime Program

Maritime Piracy

Forensics and the INTERPOL Maritime Piracy Task Force

Fonte: INTERNATIONAL DNA USERS’ CONFERENCE FOR INVESTIGATIVE OFFICERS., 7, 2013. Lyon, **Anais**...Lyon: INTERPOL – DNA Unit, 2013

4.1.3. Office of Chief Medical Examiner

Charles S. Hirsch Center for Forensic Sciences

East 26th Street, New York N.Y. 10016 EUA

Fomos recebidos e acompanhados pelo Promotor Assistente do Distrito de Manhattan Clark Abrams, que nos apresentou à direção do OCME, em Setembro de 2012. A administração autorizou uma visita guiada, abrangente com acesso total aos cientistas e pessoal de suporte.

O *Office of Chief Medical Examiner of the City of New York OCME*, caso pudesse ser comparado por suas atividades, de Medicina Legal, de Criminalística, de Perícias

Laboratoriais entre outras tantas, teria bastante semelhança com a Superintendência de Polícia Técnica e Científica do Estado de São Paulo.

Em fevereiro de 2007, foi inaugurado o edifício de DNA do OCME DNA, que abriga o estado da arte em laboratórios de Biologia Forense, centro administrativo, e instalações especiais para manutenção, guarda e proteção de provas, uma oficina para a e análise forense de veículos, e um auditório de 250 lugares com sistemas de ponta de mídia e tecnologia. Inclui em suas atividades treinamento especializado de ciências forenses, financiado pelo Instituto Nacional de Justiça, considerada como oportunidade especialíssima para que investigadores de locais de crime com morte possam treinar com melhores especialistas do país.

O laboratório do Departamento Biologia Forense, do OCME, é o maior laboratório público de DNA dos Estados Unidos, realiza exames em provas físicas de casos criminais na cidade de Nova Iorque. É composto por 160 peritos, supervisores e gerentes, para análises de DNA e serológicos relacionados a cada categoria de crime, como homicídio, crimes sexuais, assaltos (roubos), furtos, crimes de intolerância e preconceito, e posse de armas. O laboratório de DNA executa todos os possíveis exames, sequenciamento, DNA mitocondrial, padrão autossômico, cromossomo Y, de STR de alta sensibilidade, testes genéticos moleculares para predisposição de doenças que possam causar Síndrome de Morte Súbita Infantil e, Morte Súbita Não Explicada. O foco da visita foi centrado na cadeia de custódia, pela magnitude dos serviços prestados, na interface de resultados obtidos com o sistema CODIS, e nos novos caminhos de trabalho e pesquisa.

4.1.4. Superintendência da Polícia Técnico-Científica do Estado de São Paulo (SPTC)

Instituto de Criminalística de São Paulo - IC

Rua Moncorvo Filho, 410 – Butantã CEP 05507-060 – São Paulo – SP

Fomos recebidos pela Dra. Norma Suely Bonaccorso, Superintendente da Polícia Técnico-Científica do Estado de São Paulo, que nos encaminhou para o setor responsável pelos exames de DNA, indicando a Dra. Cristina Lekich, Diretora do Núcleo de Biologia e Bioquímica para entrevista. O objetivo de nossa visita era o Laboratório de DNA, que se

encontra do Núcleo de Biologia e Bioquímica do Centro de Análises e Pesquisas, que faz parte da estrutura do Instituto de Criminalística – IC, também conhecido como Polícia Técnica, foi criado em 30 de dezembro de 1924. O IC é o responsável por fornecer provas técnicas sobre locais, materiais, objetos, instrumentos e pessoas relacionadas a ações criminosas. O Laboratório de DNA abriga desde 2006 equipamentos para sequenciar DNA, época em que o núcleo foi automatizado, com a tecnologia implantada novos caminhos surgiram para a perícia criminal. A aquisição de novos equipamentos como PCR em tempo real, permitiu incorporação de novas técnicas, que impulsionam continuamente até hoje o laboratório determinando mais aquisições para manter elevados níveis de qualidade, atualmente o laboratório está equipado com analisador genético *ABI 3500 Applied Biosystems by Life Technologies*.

4.1.5. Universidade de Kent - *School Of Physical Sciences*

Ingram Building, Room 315, Canterbury, Kent CT2 7NH - Inglaterra

Fomos recebidos pelo Professor Robert Green OBE, Diretor da Faculdade de Ciências Forenses, e pela Dra. Holly French, da Faculdade de Ciências Físicas, no campus de Canterbury, em setembro de 2013.

O professor Robert Green é reconhecido por sua importante contribuição no campo de DNA, no Reino Unido, desde as fases iniciais da criação do banco nacional de dados junto ao Home Office, que lhe rendeu a Ordem do Império Britânico- OBE por seus relevantes serviços prestados.

A Universidade Kent tem apenas 50 anos, é uma das “Top 20”, considerada como a universidade europeia do Reino Unido, oferece na sua grade curricular uma série de cursos de bacharelado na área forense, com ênfase em química forense, e mestrado em Ciências Forenses, com duração de quatro anos, em compartilhamento com os professores e técnicos das Faculdade de Direito, Faculdade de Ciências Físicas, e Faculdade de Biociências.

Especificamente em Kent, na Faculdade de Ciências Forenses, o Professor Green, planejou um curso que habilita a atuação profissional na prática, e aplicada às análises, no que se refere a DNA forense, e seus aspectos. O curso é ministrado por profissionais da área, peritos externos de laboratórios forenses, com apoio de estudo prático de casos, cobrindo inclusive aspectos de recentes atualizações na matéria como é o caso do DNA 17.

A formação profissional está dirigida principalmente à iniciativa privada, uma vez que no Reino Unido, todos os serviços periciais laboratoriais foram terceirizados.

Os laboratórios foram montados de maneira a proporcionar a execução de todas as técnicas, com equipamentos em constante atualização, como nos foi mostrado em na minuciosa visita realizada com a Dra. French, responsável pela calibração e certificação de todo instrumental disponibilizado, e em utilização nos cursos forenses e de ciências físicas.

4.2. IDENTIFICAÇÃO DE OSSOS CARBONIZADOS E RELAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO ATRAVÉS DA ANÁLISE DO DNA

4.2.1. Histórico

Atendendo a solicitação do Sr. Dr. George Theodoro Ary, Delegado de Polícia de Sertãozinho - SP, foi realizada a perícia de Vínculo Genético através da análise do DNA no Laboratório DNA Consult Genética e Biotecnologia Ltda, CNPJ 03.062.362/0001-03, referente ao Boletim de Ocorrência lavrado na Delegacia Policial de Sertãozinho - SP. O objetivo da análise foi determinar o perfil genético dos ossos carbonizados supostamente pertencentes ao CJS e comparar com os perfis genéticos dos seus três filhos legítimos: WQS, AQS e PQS para estabelecer eventual relação de vínculo genético de paternidade.

4.2.2. Material Biológico

Para assegurar a qualidade, integridade e segurança na perícia de testes de DNA, o Laboratório DNA Consult Genética e Biotecnologia seguiu rigorosos procedimentos internos descritos no Manual da Qualidade baseado na norma NBR ISO/IEC 17025:2005. Além de também possuir um banco de dados dos genótipos de todos os funcionários da empresa com o objetivo de confrontar com os resultados, descartando todas as possibilidades de contaminação.

4.2.3. Amostra Referência

Foram coletadas células epiteliais da boca no laboratório DNA Consult da ex-esposa de CJS, JTQS e dos seus três filhos legítimos: WQS, AQS e PQS para realização da perícia de DNA. As amostras foram armazenadas em freezer a -20°C até o momento da extração do DNA.

4.2.4. Amostra Questionada

No dia 26/06/2012, foram entregues ao Dr. Euclides Matheucci Jr, pelo Dr. Marco Aurélio Guimarães, médico legista do Centro de Medicina Legal – CEMEL de Ribeirão Preto - SP, um fragmento de fêmur e uma vértebra (figura 15) e levados para DNA Consult para realização da perícia de DNA.



FIGURA 15 – Fragmento de um fêmur e uma vértebra carbonizados relacionados ao local de referentes ao B.O.:666/12 da Delegacia de Polícia de Sertãozinho – SP. **Fonte:** produzida pelo autor.

4.3. METODOLOGIA DE ANÁLISE

4.3.1. Extração do DNA

Amostras Referência: Células epiteliais da cavidade oral

Protocolo para a extração do DNA:

1. Em um tubo cônico de 1,5mL foram adicionados 300 μ L de homogenizado de células epiteliais e centrifugados a cinco minutos a 10.000 r.p.m.;
2. O sobrenadante foi descartado e ao precipitado celular foram acrescentados 500 μ L de TE (Tris EDTA 10mM, pH 7,6);
3. A solução foi homogeneizada e centrifugada durante cinco minutos a 10.000 r.p.m. O sobrenadante foi descartado e o precipitado celular foi lavado com 800 μ L de água ultra pura autoclavada e centrifugado durante cinco minutos a 10.000 r.p.m.;

4. O sobrenadante foi descartado e ao precipitado celular foi acrescentado 80 μL de solução tampão de proteinase K (10 mM Tris-HCl, pH 7,8, 5mM *EDTA* e 0,5% SDS), 20 μL de Proteinase K (20 mg/mL), 40 μL de SDS 10% e 240 μL de água.
5. Após a homogeneização, a solução foi submetida à temperatura de 60°C por 30 minutos;
6. Adicionou-se 120 μL de NaCl 5M seguido pela homogeneização e centrifugação 13.000 r.p.m. por 10 min. Em seguida foram adicionados 2,5 volumes de etanol 70%;
7. Centrifuga-se a 12.000 rpm/10 min. e descartou-se e a amostra foi seca por evaporação.
8. O DNA obtido é ressuspendido em 30 μL de água ultrapura e estéril, submetido a uma leve agitação e centrifugado a 12.000 rpm/10min;
9. Após sua secagem, o DNA é ressuspendido em 30 μL de água ultrapura autoclavada e armazenado a -20°C.

Tratamento da Amostra : Ossos Carbonizados

Para obtenção de DNA genômico, as amostras biológicas foram extraídas utilizando-se o “kit” comercial *QIAMP DNA INVESTIGATOR*, *QUIAGEN*[®], conforme instruções do fabricante.

Amplificação do DNA

As amostras de DNA foram submetidas à amplificação pelo método da Reação em Cadeia da Polimerase PCR, com utilização de 15 (quinze) *loci STRs (short tandem repeats)* altamente variáveis mais a Amelogenina com o “kit” *Human ID – QGENE*.

A PCR foi realizada, servindo-se de equipamento termociclador modelo *Veriti*[™] *Thermal Cycler* da *Applied Biosystems*.

O protocolo de amplificação para identificação individual utilizado para este trabalho é descrito como se segue:

1. As reações de PCR Multiplex foram realizadas em volume final de 15 μL , contendo 1,5 μL de tampão 10 \times , 1,5 μL de oligonucleotídeo, 2,5 U de *Taq* DNA Polimerase Platinum[®], *Invitrogen*[™], aproximadamente 10ng de DNA e o volume foi ajustado para 15 μL com água ultrapura;
2. O ciclo térmico utilizado inclui desnaturação inicial de:

- a. 95°C por 11 minutos,
- b. 96°C por 2 minutos,
- c. Seguido de 10 ciclos de 94°C por 1 minuto, 60°C por 1 minuto e 70°C por 1,5 minutos;
- d. 22 ciclos de 90°C por 1 minuto, 60°C por 1 minuto e 70°C por 1,5 minutos, seguido de 60°C por 30 minutos;
- e. Manter a 4°C.

Os produtos de PCR dos ossos carbonizado foram reamplificados utilizando como amostra 1,0 µL de produto de PCR e as mesmas condições de amplificação descritas acima.

O produto de PCR foi diluído 20 × e injetado no sequenciador automático *MegaBACE 1000 DNA Analysis System (GE – Healthcare)*.

Para análise dos genótipos foi utilizado o *software MegaBACE Fragment Profiler Version 1.2*.

As informações sobre os sistemas analisados são apresentados como se segue na Tabela 10.

Deteção e Análises dos Perfis Alélicos

Os produtos da PCR foram submetidos a eletroforese em sequenciador automático *MegaBACE 1000 DNA Analysis Systems* da *GE – Healthcare*, equipamento de 96 capilares e a análise dos fragmentos foi através do *software Fragment Profile*.

Como padrão interno para dimensionamento dos fragmentos separados no capilar, em cada reação foi utilizado um padrão interno, o *MegaBACETM ET550-R Size Standard – GE Healthcare*

TABELA 10 - Sistemas *STR* analisados pelo kit Human ID QGene para identificação individual. **Fonte:** GENEPRINT®

Locos STR	Marcação	Localização no Cromossomo	Alelos	Sequência de repetição 5´-3
Amelogenina	TET	Xp22.1–22.3 E y	X, Y	-
CSF1PO	HEX	5q33.3-34	6–15	AGAT
D13S317	HEX	13q22–q31	7–15	TATC
D16S539	HEX	16q24–qter	5, 8–15	GATA
D18S51	FAM	18q21.3	8–10, 10.2, 11–13, 13.2, 14–27	AAAGA
D21S11	FAM	21q11–21q21	24, 24.2, 25, 25.2, 26–28, 28.2, 29, 29.2, 30, 30.2, 31, 31.2, 32, 32.2, 33, 33.2, 34, 34.2, 35, 35.2, 36–38	TCTA Complex (20)
D3S1358	FAM	3p	12–20	TCTA Complex
D5S818	HEX	5q23.3–32	7–16	AGAT
D7S820	HEX	7q11.21–22	6–14	GATA
FGA	TET	4q28	16–18, 18.2, 19, 19.2, 20, 20.2 21, 21.2, 22, 22.2, 23, 23.2, 24, 24.2, 25, 25.2, 26–30, 31.2, 43.2, 44.2, 45.2, 46.2	TTTC Complex (20)
D8S1179	TET	8q	7–18	TCTA Complex (20)
Penta D	HEX	21q	2.2, 3.2, 5, 7–17	AAAGA
Penta E	FAM	15q	5–24	AAAGA
TPOX	TET	2p23–2pter	6–13	AATG
THO1	FAM	11p15.5	4–9, 9.3, 10–11, 13.3	AATG (20)
vWA	TET	12p12–pter	10–22	TCTA

Análise Estatística

As análises estatísticas foram realizadas através do *software Famílias 2.0* (EAGELAND et al., 2000)

5. RESULTADOS

5.1 VISITAS A INSTITUIÇÕES E PERITOS EM DNA FORENSE

Em todas as visitas realizadas foram entrevistados agentes de cada instituição, bem como realizadas visitas técnicas aos laboratórios. Das visitas realizadas a órgãos governamentais, instituições, empresas e academia, foram obtidas informações e dados técnicos durante as entrevistas planejadas, para subsidiar discussão e avaliação de novas propostas.

5.2. IDENTIFICAÇÃO DE OSSOS CARBONIZADOS E RELAÇÃO DE VÍNCULO GENÉTICO ATRAVÉS DA ANÁLISE DO DNA

Como descrito em material e métodos, foi realizada uma reamplificação do produto de PCR (*nested* PCR), para melhorar a qualidade dos eletroferogramas da primeira amplificação dos ossos carbonizados. Desta maneira, foi obtida com sucesso a amplificação de 11 sistemas STRs dos ossos carbonizados.

Perfil Genético

Abaixo, segue a Tabela 11 com o perfil genético obtido dos ossos carbonizados, com 11 sistemas *STRs* (*Short Tandem Repeats*) altamente polimórficos mais a Amelogenina (marcador sexual).

Nesta perícia, foi testado o vínculo genético entre o filho 1, WQS e o genótipo dos ossos carbonizados de CJS (Tabela 12). Em todos os sistemas analisados o filho compartilhou alelos com a Mãe e o Suposto Pai, portanto, inclusão de paternidade. Os sistemas analisados nos permitem afirmar, com índice de paternidade acumulado de 526.897, 4957 e uma probabilidade de 99, 99981%, que Restos mortais de CJS *É PAI BIOLÓGICO* de WQS.

TABELA 11 – Perfil Genético

Sistemas Analisados	Alelos	
AMELOGENINA	X	Y
CSF1PO	10	11
D13S317	11	14
D16S539	-	-
D18S51	12	12
D21S11	30	31,2
D3S1358	16	17
D5S818	11	11
D7S820	8	13
D8S1179	11	13
FGA	19	23
Penta_D	-	-
Penta_E	-	-
TH01	9,3	9,3
TPOX	-	-
vWA	16	17

Fonte: produzido pelo autor

5.2.1. Resultado de vínculo genético de paternidade, entre o perfil genético dos ossos carbonizados, o filho legítimo 1, WQS e sua mãe JTQS.

TABELA 12 - Vínculo Genético – Paternidade

Sistemas Analisados	Alelos da Mãe		Alelos do Filho1		Alelos do Suposto Pai		Resultado
	X	X	X	Y	X	Y	
AMELOGENINA	X	X	X	Y	X	Y	-
CSF1PO	10	12	10	12	10	11	INCLUSÃO
D13S317	11	11	11	14	11	14	INCLUSÃO
D16S539	11	13	11	13	-	-	INCLUSÃO
D18S51	16	18	12	16	12	12	INCLUSÃO
D21S11	30	32,2	30	30	30	31,2	INCLUSÃO
D3S1358	15	18	15	16	16	17	INCLUSÃO
D5S818	11	12	11	12	11	11	INCLUSÃO
D7S820	10	10	10	13	8	13	INCLUSÃO
D8S1179	11	12	11	12	11	13	INCLUSÃO
FGA	20	24	23	24	19	23	INCLUSÃO
Penta_D	9	9	9	14	-	-	INCLUSÃO
Penta_E	7	16	7	12	-	-	INCLUSÃO
TH01	6	7	6	9,3	9,3	9,3	INCLUSÃO
TPOX	8	9	9	10	-	-	INCLUSÃO
vWA	18	21	17	21	16	17	INCLUSÃO

Fonte: produzido pelo autor

5.2.2. Resultado da análise de vínculo genético (paternidade) entre o perfil genético dos ossos carbonizados, a filha legítima 2, AQS e sua mãe JTQS.

Nesta perícia, foi testado o vínculo genético entre a filha 2, AQS e o genótipo dos ossos carbonizados de CJS (Tabela 13). Em todos os sistemas analisados a filha compartilhou alelos com a Mãe e o Suposto Pai, portanto, inclusão de paternidade. Os sistemas analisados nos permitem afirmar, com índice de paternidade acumulado de 692.644,3049 e uma

probabilidade de 99, 99981%, 99, 99985%, que restos mortais de CJS É PAI BIOLÓGICO de AQS.

TABELA 13 – Vínculo Genético

Sistemas Analisados	Alelos da Mãe		Alelos da Filha 2		Alelos do Suposto Pai		Resultado
	X	X	X	X	X	Y	
AMELOGENINA	X	X	X	X	X	Y	-
CSF1PO	10	12	11	12	10	11	INCLUSÃO
D13S317	11	11	11	11	11	14	INCLUSÃO
D16S539	11	13	11	11	-	-	INCLUSÃO
D18S51	16	18	12	16	12	12	INCLUSÃO
D21S11	30	32,2	30	31,2	30	31,2	INCLUSÃO
D3S1358	15	18	15	16	16	17	INCLUSÃO
D5S818	11	12	11	12	11	11	INCLUSÃO
D7S820	10	10	10	13	8	13	INCLUSÃO
D8S1179	11	12	12	13	11	13	INCLUSÃO
FGA	20	24	19	24	19	23	INCLUSÃO
Penta_D	9	9	9	9	-	-	INCLUSÃO
Penta_E	7	16	12	16	-	-	INCLUSÃO
TH01	6	7	6	9,3	9,3	9,3	INCLUSÃO
TPOX	8	9	8	8	-	-	INCLUSÃO
vWA	18	21	17	18	16	17	INCLUSÃO

Fonte: produzido pelo autor

5.2.3. Resultado da análise de vínculo genético (paternidade) entre o perfil genético dos ossos carbonizados, a filha legítima 3, PQS e sua mãe JTQS.

Nesta perícia, foi testado o vínculo genético entre a filha 3, PQS, e o genótipo dos ossos carbonizados de CJS (tabela 14). Em todos os sistemas analisados a filha compartilhou alelos com a Mãe e o Suposto Pai, portanto, PATERNIDADE COMPATÍVEL/ INCLUSÃO

DE PATERNIDADE. Os sistemas analisados nos permitem afirmar, com um índice de paternidade de **554.493,366** e uma probabilidade de 99,99998%, que restos mortais de CJS *É PAI BIOLÓGICO* de PQS.

TABELA 14 – Vínculo Genético

Sistemas Analisados	Alelos da Mãe		Alelos da Filha 3		Alelos do Suposto Pai		Resultado
AMELOGENINA	X	X	X	X	X	Y	-
CSF1PO	10	12	10	12	10	11	INCLUSÃO
D13S317	11	11	11	14	11	14	INCLUSÃO
D16S539	11	13	11	11	-	-	INCLUSÃO
D18S51	16	18	12	18	12	12	INCLUSÃO
D21S11	30	32,2	30	32,2	30	31,2	INCLUSÃO
D3S1358	15	18	15	17	16	17	INCLUSÃO
D5S818	11	12	11	11	11	11	INCLUSÃO
D7S820	10	10	10	13	8	13	INCLUSÃO
D8S1179	11	12	11	11	11	13	INCLUSÃO
FGA	20	24	19	20	19	23	INCLUSÃO
Penta_D	9	9	9	14	-	-	INCLUSÃO
Penta_E	7	16	12	16	-	-	INCLUSÃO
TH01	6	7	7	9,3	9,3	9,3	INCLUSÃO
TPOX	8	9	8	10	-	-	INCLUSÃO
vWA	18	21	16	21	16	17	INCLUSÃO

Fonte: produzido pelo autor

As análises individuais de paternidade para cada um dos três filhos legítimos em comparação com o DNA extraído dos ossos (tabelas 02, 03 e 04) mostraram vínculo genético, demonstrando com probabilidades superiores a 99,99998%.

OS DADOS ACIMA PERMITEM CONCLUIR QUE OS RESTOS MORTAIS ANALISADOS PERTENCEM A CJS.

5.3. DISCUSSÃO

Perseguindo nosso objetivo de expor para os profissionais da área jurídica, os chamados operadores do direito, a utilização do DNA na área forense, proporcionado uma visão sobre os avanços da tecnologia em termos mundiais, possibilidades de utilização dos perfis genéticos para investigação criminal, e seus atuais e futuros desdobramentos para a sociedade, faz-se necessário um aprofundamento crítico e avaliações pontuais.

Características Visuais Externas -Fenótipos

Um olhar para o futuro é inevitável quando se está em visita a centros de excelência, ou compartilhando o mesmo espaço, com destacadas personalidades internacionalmente reconhecidas no mundo científico. Tive o privilégio de conhecer o professor Dr. Manfred Kayser, Chairman do Departamento de Biologia Molecular Forense da Universidade Erasmus Medical Center, de Rotterdam, conhecido por Erasmus MC, através do Dr. Kees van der Beek, qé o “Guardião da Base Nacional de DNA do Instituto Forense da Holanda”, na sede da Interpol em Lyon, na França.

Foi o contato inicial com o surgimento de um novo capítulo no âmbito da genética forense, o relacionado à aparência do indivíduo, nomeada como *Externally Visible Characteristics* EVCs, abrindo caminho para permitir a identificação de indivíduos em casos da impossibilidade de uso da metodologia tradicional através do perfil STR. Este foi um momento impactante, e ao mesmo tempo de reflexão de como fazer para que as novas descobertas científicas pudessem vir a ser “entendidas”, e ao menos idealisticamente incorporadas para o aprimoramento da função policial investigativa.

O professor Kayser e seus colaboradores, em uma de suas linhas de pesquisa, referida como *Forensic DNA Phenotyping* (FDP), indica a tendência para onde se move o estado da arte da genética forense (KAYSER; SCHNEIDER, 2009) com descoberta de novas ferramentas que possibilitam obter nas cenas de crime indicações que conduzirão a novos modelos de informação. Trata-se de como prever a aparência física de um indivíduo, por exame molecular de amostras biológicas encontradas em local de crime, obtendo seu perfil

fenotípico, com informações relativas à cor dos olhos, tonalidade da pele e conhecimento da ascendência. (WALSH et. al.; 2011; WALSH, KAYSER, 2011).

De todo o exposto examinado na revisão bibliográfica, utilização dos perfis genéticos para finalidade forense nos nossos dias tem seu valor, independentemente dos marcadores utilizados, apenas para identificar indivíduos já conhecidos das autoridades por suas características genotípicas. Estas novas pesquisas sobre a aparência externa EVCs, permitirão a concentração das investigações (KAYSER, KNIJFF, 2011), no sentido de reduzir o espectro de suspeitos potenciais, orientando o trabalho policial para o encontro de indivíduos desconhecidos.

É realmente uma nova era de *DNA Intelligence*, que começa a chegar à biologia forense, com a habilidade de prever características visíveis externas, encontradas em quantidades mínimas de material biológico em locais de crime (WALSH, 2013), indicando que as estas pesquisas que atualíssimas buscam a obtenção de perfis fenotípicos, que podem ser entendidos como a habilidade de conferir características a um organismo baseando-se em parâmetros mensuráveis (WALSH, 2013).

Enfim o que pretendem com este trabalho por Manfred Kayser e colaboradores, por meio de sensíveis ensaios laboratoriais combinados com modelos estatísticos, que já se encontravam validados, é a introdução de uma nova abordagem no exame das amostras biológicas encontradas nas cenas de crime.

Faz parte integrante do desenho e do seu processo de invenção do sistema desenvolvido, denominado de IrisPlex e HIrisPlex, a capacidade de respectivamente prever cor de olhos e cor de cabelos.

Alguns laboratórios forenses tiveram oportunidade de utilizar os *kits*, IrisPlex e HIrisPlex, antes e depois do processo de validação, com resultados positivos demonstradores de sua eficiência; segundo WALSH (2013) a porcentagem de exatidão é da ordem de mais de 94 % para coloração de olhos e média de 74% para as cores de cabelo, sempre com resultados que independem da ancestralidade. Demonstrando haver um longo caminho a percorrer para o atingimento de resultados incontestáveis, todavia deve-se levar em conta ser uma linha de trabalho que se inicia objetivando o fornecimento de pistas onde anteriormente nada havia.

Na mesma linha, um dos projetos em andamento no OCME NY, no Departamento de Biologia Forense, tem o objetivo de desenhar e validar exame que possa prever cor de olhos, cabelo e pele para auxiliar na investigação de pessoas desaparecidas e despojos humanos (SPICHENOK et al., 2011).

É o caso de pesquisas em andamento, realizadas por um consórcio de cientistas, o *International Visible Trait Genetics Consortium –VISIGEN*, liderado pelo professor Manfred Kayser, e gerenciado pelo *Erasmus Medical Center*, contando com pelo menos vinte instituições ao redor do mundo, que relacionaram cinco *loci* que influenciam a morfologia facial em europeus (LIU, F. et al., 2012).

Estas pesquisas nos remetem a reflexões relacionadas ao pragmatismo do universo policial, buscando respostas rápidas para problemas que se renovam e acumulam, de forma contínua e infinita.

Esse diuturno trabalho evidencia, principalmente no caso do Brasil, não estarmos preparados para sofisticação desse nível, quase que apenas limitada ao mundo acadêmico.

Talvez a maior limitação esteja na obrigatoriedade, nem sempre cumprida a tempo e hora, de atender à crescente demanda por resultados, e tentar equacionar o dilema entre tecnologia de ponta, e extenuante rotina que revela uma alarmante muito baixa porcentagem de elucidação de delitos. No que se refere a homicídios há uma constante nacional em que a identificação do criminoso apenas acontece por prisão em flagrante delito, ou investigação de delegacias especializadas (SILVA, 2008).

A busca é por soluções rápidas, de curto prazo, simples para atender uma demanda com dados alarmantes, de 53.646 mortes violentas em 2013, incluindo vítimas de homicídios dolosos e ocorrências de latrocínios e lesões corporais seguidas de morte, segundo dados de 2014, divulgadas pelo Fórum Brasileiro de Segurança Pública.

Lamentavelmente acompanhada de muito baixa porcentagem de elucidação de delitos, em 13 de janeiro de 2013, lia-se no jornal O Globo: "No Brasil, só 5% dos homicídios são elucidados. No Reino Unido, taxa é de 85% e nos EUA, de 65%; 85 mil inquéritos abertos em 2007 ainda estão inconclusos".³⁴

Embora haja um aparente descompasso entre a realidade e os avanços tecnológicos, é de toda relevância que os operadores do direito que militam na área, estejam cientes das novas descobertas para que a demanda, e conseqüente exigência de um salto de qualidade possa se incorporar à genética forense em nosso país.

³⁴ Disponível em: <<http://oglobo.globo.com/brasil/no-brasil-so-5-dos-homicidios-sao-elucidados-7279090>>. Acesso em 11 dez. 2014

5.3.1. Base dados para casos arquivados *cold cases*

A prioridade total como afirmamos anteriormente é para os casos recentes, com mais probabilidade de sucesso, abandonando-se, em grande quantidade, os chamados *cold cases*, todos aqueles que não tiveram solução na identificação de autoria e foram arquivados, de acordo com o informado, em 2012, no Relatório Nacional de Execução da Meta 2: Diagnóstico da investigação de homicídios no país, que faz parte da Estratégia Nacional de Justiça e Segurança Pública.

A maior argumentação do sucesso da utilização da Genética Forense, especialmente nos países com ampla base de dados de perfis genéticos, está justamente nos *cold cases*, que para nossas instituições seriam aqueles casos arquivados por não identificação de autoria, aguardando “eventuais” novas evidências.

A literatura especializada apresenta uma enorme quantidade de exemplos relacionados com todos os tipos de delitos, independentemente do passar dos anos, as vezes décadas, com identificação e prisão dos autores.

Porém, de forma incontestável além da incriminação de indivíduos relacionados principalmente a homicídios e estupros, alguns que se perdiam no tempo e restavam impunes; há o reverso, a desoneração, libertando pessoas que foram inocentadas de delitos a que haviam sido condenadas. Assuntos esses, que ainda estão muito distantes de se materializarem em nosso país, ainda que não nos falte, nem conhecimento nem tecnologia para tanto.

5.3.2. DNA para Inocentar

Reexames de DNA pela sua força probatória, ou novos exames apoiaram revisões que revelaram erros e repararam injustiças, dando origem a uma ação sistemática. Um subproduto interessante dessa prática que consiste na revisão de penas antigas, com exoneração de pessoas condenadas por erro judiciário, foi denominado “projeto inocência”. Criado em 1992 por dois advogados (MYSTER e CROMETT, 2005) como parte da Faculdade de Direito da Universidade Yeshiva de Nova Iorque; em 2003 tornou-se uma ONG independente sem perder os laços com a universidade (figura 16).

O *Innocence Project* foi diretamente responsável por 173 casos de condenados erroneamente, de um total de 321 casos até 2014, incluindo 18 que estavam aguardando

execução. A média do tempo de pena cumprido pelos inocentes foi de 13.6 anos, certamente ajudando a impulsionar o projeto, e mesmo em alguns Estados influenciar o estabelecimento de uma espécie de moratória nos casos de condenados a morte.

FIGURA 16 – Exonerações por Ano nos EUA.

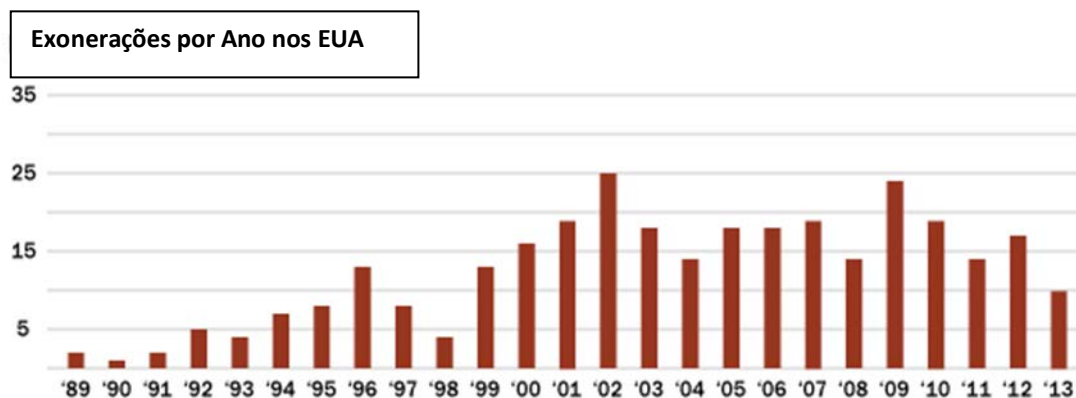


FIGURA 16 – Exonerações por Ano nos EUA. No gráfico do *Innocence Project* apresentado pela Faculdade de Direito Benjamin N. Cardozo, de Nova Iorque, são demonstrados os casos, ano a ano, de condenados que foram inocentados após terem sido erroneamente sentenciados.

Fonte: Faculdade de Direito Benjamin N. Cardozo da Yeshiva University (NY)

5.3.3. Questões Técnicas Banco de Dados DNA

O alicerce de toda edificação relacionada à genética forense está lastreada em legislação que permita sejam organizadas os bancos de dados de DNA, a partir da obtenção de perfis genéticos, que serão devidamente arquivados com elementos necessários para sua utilização, basicamente de forma comparativa.

Desde o ano de 2012, por decreto presidencial, o Brasil integra a comunidade de países aptos para promover intercâmbio e comparação de provas forenses provenientes de DNA, sintonia com as tendências globais das bases de dados de DNA. Por imposição legal tornou-se obrigatório que condenados por crimes específicos devem oferecer amostra de DNA. Embora a referida legislação brasileira, esteja em plena vigência há uma celeuma instalada a respeito, que será objeto de discussão e análise futura.

A consolidação da técnica de obtenção de perfis genéticos, conforme analisamos remonta aos anos 90, quando as rotinas de utilização dos STRs foram adotadas pelos laboratórios forenses devido às vantagens já realçadas. A evolução da análise dos STRs chegou a um grande número de marcadores combinados em um único teste, produzido comercialmente, com diversas composições de sítios examinados e variados poderes discriminatórios, conforme tabela 2.

Em última análise tudo se resume a determinar os tipos de marcadores a serem utilizados em locais múltiplos, onde se produzem as possíveis variações; comparar as amostras para verificar origem, e finalmente, estabelecer-se a probabilidade de haver uma coincidência aleatória entre as amostras de diferentes pessoas.

Mas, a comunidade científica do DNA forense, de há muito persiste com estudos e discussões relacionados à quantidade de locais a serem pesquisados.

Trata-se de assunto de vanguarda por implicar diretamente em modificações dos exames que se servem de STRs, como é o caso da imensa maioria dos laboratórios forenses, e de seus perfis armazenados em Bancos de Dados, com consequência imediata na compatibilização, e no compartilhamento de informações. (GE et al., 2012)

Como parte integrante da pesquisa diz respeito a mais bem conhecer a posição de cientistas e das instituições que norteiam os caminhos do DNA Forense, a avaliação das tendências e do encaminhamento futuro, buscamos na Universidade de Kent, na Inglaterra, o Diretor da Faculdade de Ciências Forenses, professor Robert Green (2014) reconhecido por sua importante contribuição no campo de DNA, desde as fases iniciais da criação do banco nacional de dados do Reino Unido, junto ao Home Office, que lhe rendeu a Ordem do Império Britânico- OBE por seus relevantes serviços prestados. Em setembro de 2013, em entrevista realizada no campus de Canterbury, o professor nos detalhou estratégia, e o porquê da necessidade de criar o DNA 17, como será chamado o novo teste. O professor Green lembra a evolução iniciada em 1995 com os testes *multiplex*, o SGM e seus seis *loci*, passando pelo SGM Plus em 1999 com 10 *loci*, pela adição de novos sítios, mas sem perder a base inicial de forma a manter a compatibilidade com o SGM, motivada pela necessidade de aumentar o poder discriminatório, na medida em que a base de dados crescia. Este foi um dos motivos da nova alteração com o denominado de DNA 17, uma clara referência aos 17 *loci*. Naquela oportunidade, encontrava-se em fase de implementação, com previsão de operacionalidade na Inglaterra e no País de Gales em julho de 2014.

Aproveitando-se da mudança, alguns requisitos adicionais foram solicitados para os fabricantes ao desenvolver seus sistemas, entre neles a capacidade de obter melhores resultados, com amostras mais escassas e degradadas.

Quando perguntado sobre compatibilidade do novo DNA 17 com os perfis existentes na Base Nacional de Dados, o que aconteceria a partir do mês de julho de 2014, ficou claro que os perfis produzidos pelos testes antigos multiplex SGM e SGM Plus, serão superpostos e complementados para continuar a trabalhar os casos não esclarecidos *cold cases*, sem implicações negativas.

Outra vantagem agregada será o efeito imediato na melhoria dos resultados na interoperação com foco internacional, permitindo maior abrangência na comparação com outros bancos de dados.

Novas tecnologias, a exemplo do Sequenciamento de Nova Geração, conhecido como *Next Generation Sequencing*, e pela sua sigla NGS, que traz a garantia de expansão da base examinada de forma eficiente, rápida deveriam estar por sua vez na ordem do dia. Não apenas para acelerar a alimentação dos bancos de dados, atendendo o dispositivo legal que determina ter perfis arquivados de todos condenados, mas pelo descortinar da utilização dos SNPs, que deixam de ser uma promessa, para ocupar com efetividade futuro papel relevante.

Talvez seja necessário melhor divulgar na comunidade científica forense, especialmente junto àqueles que operam o dia-a-dia do sistema as vantagens auferidas e certamente, atender ao proposto por Bob Green, entrevistado na Universidade de Kent, quando se referia a “austeridade econômica”.

E mesmo porque, costumes arraigados podem conduzir a interpretações equivocadas como a encontrada em artigo na *Forensic Science International*, onde se afirma que elevadas taxas de erro estão dificultando que as tecnologias do NGS, sejam usadas na rotina forense (Bandelt e Salas, 2012), demonstrando a resistência em mudar, para inovar. Está muito bem provado que, tecnologias competentes e *softwares* adequados, já tornaram esse assunto ultrapassado conferindo a fidelidade esperada aos exames. Assunto discutido e analisado por Warshauer et al., em 2013.

5.3.4. Diferenças Operacionais e Legais entre países e seus sistemas

Numa segunda oportunidade, agendada para quando professor Green apresentaria em 2013, na 7ª. Conferência para usuários de DNA, na sede da Interpol seu trabalho *Forensics in the age of austerity and the economics of DNA databases*, nosso foco se voltou para explorar diferenças entre os sistemas de nossos países.

Uma dessas imensas diferenças refere-se à terceirização, pela eliminação do que seriam os laboratórios de polícia técnica-científica no Brasil, e pela total transferência dos serviços laboratoriais oficiais de DNA, mediante contratos de prestação de serviços para a iniciativa privada.

Já havíamos observado este tipo abordagem, quando de nossa entrevista conduzida nos EUA, com a *BODE Technologies*, que demonstrava estar em colaboração estreita com diversos departamentos de polícia, para efetuar trabalho forense laboratorial, em clara atividade de terceirização de serviços periciais. No caso dos Estados Unidos dá-se uma coexistência de sistemas, admitindo-se a participação da iniciativa privada em vários estados e níveis de integração.

No Reino Unido, quando o fechamento do FSS, foi anunciado em dezembro de 2010 aproximadamente 60% do trabalho forense da Inglaterra e País de Gales eram de sua responsabilidade, sua atuação foi encerrada em março de 2012, com total transferência de suas atividades para iniciativa privada.

O encerramento das atividades de uma agência governamental teve como justificativa perdas mensais de dois milhões de libras, que as autoridades consideraram insustentáveis. O FSS estava em atividade desde os primórdios do lançamento da primeira base de dados de DNA, em 1995, sempre numa liderança espelhada pelas atividades científicas de excelência de seu pessoal. Essa decisão gerou críticas da comunidade científica forense internacional, de ativistas pró-vítimas, pelo dano potencial que os cortes orçamentários pudessem vir a causar para o sistema de justiça criminal do Reino Unido.

Em janeiro de 2013, na Comissão de Ciência e Tecnologia do Parlamento Britânico, houve questionamento dos trabalhos realizados por empresas, e o impacto causado pela terceirização, inclusive no que se refere à perda de capacitação técnica e científica. O rol de

serviços executados, em função de contrato com apenas uma empresa, previa o atendimento de 75% das forças policiais da Inglaterra e do País de Gales. Os serviços contratados englobam desde o atendimento ao local de crime, da recuperação em laboratório da prova, aos trabalhos analíticos, e à apresentação dos resultados inclusive com interpretação de perito nos tribunais.

Mais uma vez, em contato com novas abordagens relacionadas às atividades periciais para produção de provas, em total conflito com o previsto na legislação brasileira, nos colocamos na condição de observadores isentos aguardando desdobramentos futuros e encorajando mais pesquisas para melhor compreensão do assunto.

5.3.5. DNA rápido

Aliás, esse é o mesmo quadro que se apresenta no caso do *RAPID DNA* (TAN et al, 2013) que está na ordem do dia nos Estados Unidos, movimentando a comunidade forense internacional, foi objeto de apresentação e discussão, na reunião de especialistas na Interpol, em novembro de 2013.

O tempo sempre foi considerado como fator primordial nas investigações policiais, e sua drástica redução, no caso para obtenção de perfil DNA, já é possível graças a uma quantidade de equipamentos comerciais em várias fases, desde testes em unidades policiais, e até mesmo já validados. São os de DNA Rápido, sem intervenção manual, lembrados como “*swab in – profile out.*”

Os fabricantes se referem a instrumentos com capacidade de produzir um perfil de DNA compatível com base de dados em menos de duas horas (HARRAN, et al, 2014)

Estes equipamentos projetados para serem operados por pessoal de campo sem formação técnica são totalmente automatizados. Na reunião da Interpol, observamos haver apenas a necessidade da introdução de *swabs*, em um cassete, e o resultado será a geração de perfil automatizado de STR em 84 minutos de tempo total. Para ter outras vantagens operacionais, relacionadas ao uso do instrumento em condições adversas, o mesmo foi projetado para operar em padrões militares, com resistência a vibrações, quedas e choques.

Como inúmeras vezes acontecem, e esta é mais uma, há um descompasso entre os avanços tecnológicos e as disposições legais. Toda vantagem que poderia ser usufruída do DNA Rápido, fica anulada pela imperativa necessidade de haver um perito oficial realizando os procedimentos e garantindo sua idoneidade. Será ao menos no Brasil, se vier a ser utilizado equipamento desta natureza, apenas um auxiliar para os policiais na condução de suas investigações sem qualquer outro valor probante.

5.3.6. Questões Legais

A constitucionalidade do processo de investigação e persecução criminal, utilizando-se DNA, de acordo com a legislação vigente no Brasil, pela posição crítica já demonstrada, acaba por ficar em segundo plano, desde que a lei está em pleno vigor.

A mais recente notícia da aplicação da Lei nº 12.654/2012, que como vimos trata da identificação criminal através do perfil genético no Brasil, vem da Paraíba, que iniciou em novembro de 2014, a coleta de material para banco de dados de perfis genéticos, em condenados por crimes hediondos cumprindo pena em penitenciária estadual. Serão inicialmente 90 presidiários, para alcançar total de aproximadamente 3000, segundo o Laboratório de DNA do Instituto de Polícia Científica³⁵.

Importa entender qual será o futuro, pois mesmo nos países onde o sistema está consolidado, há ainda muita lacuna sendo preenchida.

Uma decisão da suprema corte americana, no caso *Maryland v. Alonzo Jay King, Jr.*, estabeleceu que “quando policiais realizam uma prisão baseada em possibilidade de indiciamento por um delito grave e conduzem o suspeito em custódia, para uma unidade policial, obter um *swab* e analisar o DNA do detido é como tirar suas impressões digitais, ou fotografia, é portanto um procedimento legítimo de identificação policial.” Esta postura, em última análise, tem o significado de que não importa a detenção em si, seja ela certa ou errada, o exame do DNA é rotina incorporada à identificação na polícia. Como consequência, desde

³⁵ Secretaria Comunicação Paraíba disponível em: <<http://www.pbagora.com.br/conteudo.php?id=20141107193058&cat=policial&keys=ipc-inicia-coleta-dados-identificacao-genetica-condenados-crimes-hediondos>>. Acesso em: 13 dez. 2014

2013, o governo federal e vinte e oito estados americanos, fazem o perfil genético dos detidos com objetivo de comparação no banco de dados CODIS, para obter identificação, e possíveis ligações com casos não solucionados.

Na Alemanha, por exemplo, a coleta de DNA é regulamentada pelo código de processo penal, e seu uso apenas para fins de identificação não é permitido (ROEWER, 2013).

Estas duas posições antagônicas, de países que estão muito longe de serem suspeitos por ferir garantias individuais e desrespeitar direitos humanos, são exemplo patente de como nos encontramos muito distantes de um mínimo consenso, em termos de qualquer sistema global de política criminal referente a DNA.

Todavia, resultados positivos são somados todos os dias, identificando criminosos, que jamais teriam sido colocados no local do crime baseando-se apenas na investigação destacada da genética forense. Em São Paulo, no Laboratório de DNA, perfil genético resultante de vestígios coletados em local do delito de roubo, resultou em identificação positiva quando confrontado com outro constante da Base Nacional de Dados, oriundo do Estado de Pernambuco. A base de dados mantida pela Polícia Civil de São Paulo, como relatado pela responsável do Núcleo de Biologia da SPTC, Dra. Cristina Lekich, vem permitindo identificação positiva por meio da análise de vestígios biológicos de crimes praticados no âmbito do Estado.

Resta a indagação de quando em termos nacionais, como Política de Estado, serão de forma ordenada e permanente, não só trabalhados vestígios, mas efetivamente coletados materiais de criminosos na forma da lei, para compor uma base de perfis genéticos verdadeira, com a seriedade que se espera.

5.3.7. Integridade e indagações éticas

Em termos de operacionalidade do Banco de Dados de Perfis Genéticos no Brasil, embora ainda incipiente, cabe o questionamento de como se procederão às pesquisas, a quem compete autorizar sejam os dados armazenados acessados, e tantas outras perguntas que de verão ser respondidas à luz da proteção dos direitos individuais. Do que se depreende, nas palavras de Garrido e Pessoa (2012), deverá ser instalado expediente policial-judiciário, que

passará a contar com novas demandas, no caso de interesse de acesso ao banco por autoridade policial, uma vez que esta deve requerê-lo ao juiz competente (BRASIL, 2012).

Essas observações, sobre bancos de dados de DNA, e exposição da pessoa à lei nº 12.654/2012, colocam em discussão uma questão extremamente relevante, que nunca foi levantada, nem abordada por nenhum dos entrevistados ou mesmo cogitada em nossas visitas de observação a diversos países.

Trata-se de problema relacionado a comportamento ético institucional, eis que a percepção social brasileira avaliada pelo Sistema de Indicadores do Instituto de Pesquisa Econômica (IPEA, 2012) sobre a atividade policial mostra que no contexto da segurança pública, mais de 50% da população confia pouco ou não confia na instituição Polícia Civil e cerca de 46%, tem a mesma impressão sobre a Polícia Federal (GARRIDO e PESSOA, 2012).

A afirmação é textual “[...] juristas e cientistas consideram as restrições à polícia necessárias, pois há uma desconfiança generalizada nas práticas policiais[...]”!

Motivo pelo qual se atrela ao judiciário qualquer movimentação relacionada ao assunto, que passa a ter o mesmo tratamento de informações fiscais, sigilo bancário etc... no contexto de uma investigação policial.

Retrocedendo, para justificar a quantidade de detalhes que cerca a obtenção de um perfil genético íntegro, em todos os seus aspectos deve-se considerar o que pode parecer mais simples. E é justamente na rotina, na atividade aparentemente sem relevância, que quando descontrolada pode por tudo a perder.

Na visita ao OCME em Nova Iorque, certos procedimentos, também observados na empresa BODE TECHNOLOGIES, foram adotados da mesma forma, o que indica um padrão a ser seguido. A área de laboratórios é fechada, com divisórias de vidro, e toda a circulação se faz externamente de forma periférica. O acesso à área restrita implica no uso de vestimenta especial, luvas, com proteção para calçados, garantindo operação sem contaminação. O cuidado com a cadeia de custódia é extremo, a chegada do material a ser periciado é feita por acesso especial em uma área de estacionamento coberto no subsolo, onde se realizam a entrega e os procedimentos de recebimento, sem nenhum acesso à parte interna. Todo material recebido, depois de catalogado e devidamente registrado é guardado dependendo de sua natureza, de forma isolada e trancado em uma espécie de armário móvel individual. Requisitado determinado material, para ser periciado, o armário é colocado em elevador tipo

monta-carga, e seu acesso se dará diretamente pelo interessado, no interior da área laboratorial. Toda e qualquer movimentação ou atividade que envolve o material, seu destino e pessoas relacionadas, é objeto de anotação obrigatória durante todo o tempo que o material permanecer custodiado.

Quanto ao manejo das amostras biológicas, no Brasil, embora cercado de normas nacionais e internacionais, além de cuidados específicos, a julgar pelo relatório SENASP – Secretaria Nacional de Segurança Pública, do Ministério da Justiça, de 2012, já apresentado pela tabela 5, não só demonstra que há um longo caminho a percorrer, para atingir níveis de excelência exigidos pelas circunstâncias, como também impõe imediatas medidas, que em muito antecedem a “desconfiança generalizada nas práticas policiais”.

Finalmente em um contexto de economia de mercado e marketing, com constante lançamento de novos produtos para uso forense, o setor de DNA apresenta uma série de vantagens ao englobar empresas produtoras de máquinas, de reagentes e de *software*, formando um “pacote” necessário para aplicar a tecnologia.

É nesse sentido que se manifestam entidades como ONG britânica *Genewatch*, referindo-se ao *lobby* americano para vender o Codis e produtos de laboratório mais máquinas e equipamentos da *Life Technologies* (FONSECA, 2013).

A necessidade de se criar demanda, e a fidelização de seus clientes, são as metas da empresa de biociências aplicadas, em parceria com FBI no desenvolvimento do CODIS, que por meio da contratada *Gordon Thomas Honeywell*, organiza a comunidade para as práticas e discursos que garantem com eficiente serviço de relações públicas a “venda de bancos de dados” em diferentes países do mundo (WALLACE, 2008).

6. REFERÊNCIAS

- AGUIAR, S. M. et al. Rede Integrada de Bancos de Perfís Genéticos e a implantação do CODIS no Brasil In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA FORENSE II JORNADA LATINOAMERICANA DE GENÉTICA FORENSE, 3, 2011, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: PUCRS, 2011. p.42
- ALBERTS, B. et al. **Molecular biology of the cell**. 4. ed. New York: Garland Science, 2002.
- ALLEN, M. et al. NGS for simultaneous analysis of 10 STRs, 386 SNPs and the complete mtDNA genome. In: CONGRESS OF THE INTERNATIONAL SOCIETY FOR FORENSIC GENETICS, 25, 2013. Melbourne. **Anais...** Melbourne, 2013.
- ANUÁRIO Brasileiro de Segurança. São Paulo: Fórum Brasileiro de Segurança Pública, 2014 (ano 8).
- APPLIED TECHNOLOGIES. Disponível em: <<http://www.lifetechnologies.com/>>. Acesso em 13 dez. 2104
- ARAUJO, C. **Papiloscopia**. SENASP/MJ, 2009. Disponível em:<http://ead.senasp.gov.br/modulos/educacional/conteudo/01017/paginas/Papiloscopia1_completo>. Acesso em: Abr.1994
- ARAUJO, M.E.C. **Dactiloscopia**. Imprensa: Brasília, L. Pasquali, 2006. Disponível em:<<http://www.lexml.gov.br/urn/urn:lex:br:redede.virtual.bibliotecas:livro:2006;000941234>>Dactiloscopia. Acesso em mar. 2014
- ARAUJO, M.E.C.; PASQUALI, L. **Histórico dos processos de identificação**. Disponível em: <http://www.institutodeidentificacao.pr.gov.br/arquivos/File/forum/historico_processos.pdf> Acesso em: fev.2014.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE NORMAS TÉCNICAS. **NBR ISO/IEC 17025:2005: Requisitos gerais para a competência de laboratórios de ensaio e calibração**. 2005. 37p.
- AVERY, O.; MACLEOD, C.O.; MCCARTY, M.: Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. **The Journal of Experimental Medicine**, New York, v. 79, n. 2, p.137-158, fev. 1944.
- BACKES, B.L. Building a solid foundation for sexual violence research: applying lessons learned to inform research priorities. **Violence against women**, Thousand Oaks, v.19, n. 6, p.737-755, 2013.
- BANCO DE DADOS FEDERAL. Disponível: <http://www.fbi.gov/about-us/lab/biometric-analysis/federal-dna-database>>. Acesso em: mar. 2014

BANDELT, H. J.; SALAS, A. Current next generation sequencing technology may not meet forensic standards. **Forensic science international. Genetics**, Amsterdam, n.6, p.143-145, 2012.

BEEK, C. P van der. **Forensic DNA profiles crossing borders in Europe** (Implementation of the Treaty of Prüm). 2011. Disponível em: <http://www.promega.com.br/resources/profiles-in-dna/2011/forensic-dna-profiles-crossing-borders-in-europe/>. Acesso em: set.. 2014.

BELLAMY-ROYDS, A.; NORRIS, S. **New frontiers in forensic DNA Analysis:** implications for Canada's National DNA data bank. Parliament of Canada, 2009. Disponível em: <<http://www.parl.gc.ca/content/lop/researchpublications/prb0829-e.htm#fn>>. Acesso em: 14 nov. 2014

BEROLDIGEN, C.H et al. Applications of PCR to the Analysis of Biological Evidence. In: ERLICH, H. A (ed). **PCR Technology: Principles and Applications for DNA Amplification**. New York: Oxford University Press, 1992, p.209-220.

BONACCORSO, N.S. **Análise Forense de DNA**. 2004. 24p. Tese (Monografia apresentada em Concurso) – Academia de Polícia de São Paulo. São Paulo, 2004. Disponível em: <<http://www.peritocriminal.com.br/dnaforense.htm>>. Acesso em: Fev.2014

BONACCORSO, N.S. **Aplicação do DNA na Elucidação de Crimes**. São Paulo: Edições APMP, 2008.

BONACCORSO, N.S. **Aspectos jurídicos do exame de DNA**. Disponível em: <<http://www.peritocriminal.com.br/juriddna.htm>>. Acesso em: 11 jul. 2013.

BONACCORSO, N.S. **Aspectos técnicos, éticos e jurídicos relacionados com a criação de bancos de dados criminais de DNA no Brasil**. 2010. 276 f. Tese (Doutorado em Direito Penal) - Faculdade de Direito, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2010.

BRASIL. Presidência da República. Casa Civil. Decreto n.º 7.950, de 12 de março de 2013. Institui o Banco Nacional de Perfis Genéticos e a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 13 mar, 2013.

BRASIL. Presidência da República. Casa Civil. Lei n.º 12.654, de 28 de maio de 2012. Altera as leis n.º 12.037, de 1.º de outubro de 2009, e n.º 7.210, de 11 de julho de 1984 -Lei de Execução Penal, para prever a coleta de perfil genético como forma de identificação criminal, e dá outras providências. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 29 mai., 2012.

BRENNER, H.; WEIRB, B.S. Issues and strategies in the DNA identification of World Trade Center victims. **Theoretical Population Biology**, New York, n. 63, p.173– 178, 2003

BUDOWLE, B., MORETTI, T. R., BAUMSTARK, A. L., DEFENBAUGH, D. A., KEYS, K. M., Population Data on the Thirteen CODIS Core Short Tandem Repeat Loci in African Americans, U.S. Caucasians, Hispanics, Bahamians, Jamaicans, and Trinidadians. **Journal of Forensic Sciences**, Chicago, 1999, 44, 1277–1286.

BUDOWLE, B.; BIEBER, F.R.; EISENBERG, A.J., Forensic aspects of mass disasters: strategic considerations for DNA-based human identification. **Legal Medicine**, Philadelphia, v.7, n. 4, p.230 – 243, Jul. 2005.

BUTLER J.M. **Forensic DNA typing – biology, technology, and genetics of STR markers**. Burlington: Elsevier Academic Press, 2005.

BUTLER, J. M. et al. Forensic DNA typing by capillary electrophoresis using the ABI Prism 310 and 3100 genetic analyzers for STR analysis. **Electrophoresis**, Weinheim, 2004, n. 25, p.1397–1412, 2004.

BUTLER, J. M. Review Genetics and genomics of core short tandem repeat loci used in human identity testing. **Journal of forensic sciences**, Chicago, v.51, n. 2, p. 253-265, mar. 2006

BUTLER, J. M. Short tandem repeat analysis for human identity testing. **Current Protocols in Human Genetics**, [s.l.], u.14.8, p. 4 - 22, 2005. Disponível em: http://www.cstl.nist.gov/strbase/pub_pres/Butler2003g.PDF>. Acesso em 13 maio 2014

Clasificación de la lofoscopia. Disponível em <<http://www.criminalistica.com.mx/areas-forenses/dactiloscopia/330-la-lofoscopia>>. Acesso em: jun 2014.

COLD SPRING HARBOR LABORATORY. DNA Learning Center. **DNA and proteins are key molecules of the cell nucleus**. Disponível em: <<http://www.dnafb.org/15/bio.html>>. Acesso em 13 dez. 2014

COMBINED DNA index system (CODIS). Disponível em: <http://www.fbi.gov/about-us/lab/codis/>>. Acesso em: Abr. 2014.

COMMITTEE ON DNA FORENSIC SCIENCE. **The evaluation of forensic DNA evidence**. Washington: National Academy Press, 1996.

CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA. Comitê sobre tecnologia do DNA na ciência forense (NCR). Conselho de Biologia. Comissão sobre Ciências da Vida. **A Tecnologia do DNA na Ciência Forense**. Ribeirão Preto: FUNPEC-RP, 1999. p. 8-18

CONSELHO NACIONAL DO MINISTÉRIO PÚBLICO. Estratégia Nacional de Justiça e Segurança Pública. **Relatório Nacional da Execução da Meta 2: Diagnóstico da investigação de homicídios no país**. Brasília, DF: Gráfica e Editora Movimento. 2012. 84 p.

COTTON, E.A. et al. Validation of the AMPFISTR® SGM Plus™ system for use in forensic casework. **Forensic Science International**, Limerick, v.112, n. 2-3, p. 151–161, Ago. 2000.

CRIMINALISTICA.MX. Clasificación de la lofoscopia. [s.d.]. Disponível em: <<http://www.criminalistica.com.mx/areas-forenses/dactiloscopia/330-la-lofoscopia>>. Acesso em: jun. 2014

CUNHA, R. S.; GOMES, L. F. **Lei 12.654/12 (identificação genética): nova inconstitucionalidade(?)**. 04 jun. 2010. Disponível em: <<http://atualidadesdodireito.com.br/rogeriosanches/2012/06/04/lei-12-65412-identificacao-genetica-nova-inconstitucionalidade/>>. Acesso em: 10 set. 2012.

ĆURIC, G. et al. Genetic parameters of five new European Standard Set STR loci (D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391) in the population of eastern Croatia. **Croatian Medical Journal**, Zagreb, v.53, p.409-415, 2012.

DEPARTMENT OF GENETICS UNIVERSITY OF LEICESTER. **The history of genetic fingerprinting**. Disponível em: <<http://www.le.ac.uk>>. Acesso em: mar. 2014.

EGELAND, T et al. Beyond traditional paternity and identification cases: selecting the most probable pedigree. **Forensic Science International**, Limerick, v.110, n.1, 2000.

ELLEGREN, H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. **Nature reviews. Genetics**, London, v.5, n. 6, p. 435-445, 2004.

ERASMUS MC FORENSIC MOLECULAR BIOLOGY DEPARTMENT. **IrisPlex and HirisPlex eye and hair colour DNA phenotyping webtool: user manual**. Disponível em: <http://www.erasmusmc.nl/fmb/resources/Irisplex_HirisPlex/?lang=en>. Acesso em: 14 nov. 2014

ERASMUS UNIVERSITY. Medical Center. (Rotterdam). Manfred Heinz Kayser, Fan Liu, Albert Hofman. **Method for prediction of human iris color**. 20110312534, 04, mar. 2011, 22 dez. 2011.

EUROPEAN NETWORK OF FORENSIC SCIENCE INSTITUTE. Disponível em: <http://www.enfsi.eu/sites/default/files/documents/enfsi_2014_document_on_dna-database_management_0.pdf>. Acesso em: 14 ago. 2014

EUROPEAN NETWORK OF FORENSIC SCIENCE INSTITUTE. Disponível em: <<http://www.enfsi.eu>>. Acesso em: 14 nov. 2014

FARAH, S.B. **DNA - segredos e mistérios**. São Paulo: SARVIER, 1997.

FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. **Combined DNA index system**. [s.d.]. Disponível em: <<http://www.fbi.gov/about-us/lab/biometric-analysis/codis>>. Acesso em: 19 ago. 2014.

FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. **DNA - Federal DNA Database Unit (FDDU)**. Disponível em: <<http://www.fbi.gov/about-us/lab/biometric-analysis/federal-dna-database>>. Acesso em: mar. 2014

FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. **Handbook of forensic services: evidence examinations – DNA general**. [s.d.]. Disponível em:<<http://www.fbi.gov/hq/lab/handbook/examsdna.htm>>. Acesso em: mar. 2014

FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. Quality assurance standards for forensic DNA testing laboratories and Quality assurance standards for convicted offender DNA databasing laboratories. **Forensic Science Communications**, Washington, v.2, n.3. 28p, jul.2000.

FERREIRA, R. **Watson & Crick**: a história da descoberta da estrutura do DNA. São Paulo: Odysseus Editora, 2003.

FERREIRA, S.T.G. et al. A study of the first DNA database of biological evidence from sexual assaults and rapes in Brazil. **Forensic Science International: Genetics Supplement Series**, Amsterdam, v.4, n. 1, p368-369, 2013.

FIGINI, A.R.L. et al. Identificação Humana. 2.ed. Campinas: Millenium editora. 2003.

FIGUEIREDO, A. L. dos S.; PARADELA, E. R. Bancos de dados de DNA: uma ferramenta investigativa útil. **Âmbito Jurídico**, Rio Grande, v.9, n.32, ago. 2006. Disponível em: <http://www.ambito-juridico.com.br/site/index.php?n_link=revista_artigos_leitura&artigo_id=1235>. Acesso em: out. 2014

FONSECA, C. Mediações, tipos e figurações: reflexões em torno do uso da tecnologia DNA para identificação criminal. **Anuário Antropológico [Online]**, Brasília, n. 1, 2013. Disponível em: <<http://aa.revues.org/363>>. Acesso em: jul. 2014.

FORENSIC genetics policy initiative. Disponível em: <<http://dnapolicyinitiative.org/>>. Acesso em: 14 nov. 2014

FRANÇA, G.V. **Medicina Legal**. 6. ed. Editora Guanabara Koogan, 2001. p.32.

GARRIDO, R.; PESSOA, C. **Genética e Prevenção ao Crime** Revista do Laboratório de Estudos da Violência da UNESP, Marília, n.10, p. 26, dez. 2012.

GARRIDO, R.G.; GIOVANELLI, A. Criminalística - origem, evolução e descaminhos. **Revista do Núcleo de Estudos e Pesquisas em Ciências Sociais**

(**NEPAAD**), Cadernos de Ciências Sociais Aplicadas, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Ano 4, n. 5/6, jan./dez. 2006.

GARRIDO, R; ARAUJO, K. Sistemas de gestão da qualidade em laboratório de genética forense. **Espacios**, [s.l.], v. 35, n.5, 2014.

GE, J.; EISENBERG, A.; BUDOWLE, B. Developing criteria and data to determine best options for expanding the core CODIS loci. **Investigative genetics**, London, n.3, p.1, jan. 2012.

GENEPRINT®. PowerPlex™ 16 System. Disponível em:
<<http://www.cstl.nist.gov/strbase/images/powerplex16.pdf>>. Acesso em: out 2014.

GILL, P. An assessment of the utility of single nucleotide polymorphisms (SNPs) for forensic purposes. **International Academy of Legal Medicine**, Heidelberg, n.114, p. 204-210, 2001.

GILL, P. et al. Report of the European DNA profiling group (EDNAP) — towards standardization of short tandem repeat (STR) loci. **Forensic Science International**, Limerick, v. 65, n. 1, p. 51- 59, 1994.

GILL, P. Role of short tandem repeat DNA in forensic casework in the UK--past, present, and future perspectives. **BioTechniques**, London, v.32, n.2, p. 366-372, 2002.

GILL, P. The evolution of DNA Databases: recommendations for the new European STR loci. **Forensic Science International**, Limerick, n. 156, p.242-244, 2006.

GILL, P.; JEFFREYS, A.; WERRETT, F.D.J., Forensic Application of DNA 'Fingerprints'. **Nature**, London, v. 318, n. 6046, p. 577 – 579, dez. 1985

GOMES, E. C. Perícias genéticas, paternidade e responsabilidade pela procriação. In: MARTINS-COSTA, J.; MÖLLER, L. L. (Org.) **Bioética e Responsabilidade**. [s.l.]: Forense, 2009, p. 361-390.

GOMES, L. F. **Princípio da não auto-incriminação**: significado, conteúdo, base jurídica e âmbito de incidência. Jan. 2010. Disponível em
<http://www.lfg.com.br/public_html/article.php?story=20100126104817603>. Acesso em: 02 jul. 2012

GREEN, R. CPS issues legal guidance on DNA 17 profiling and Expert Evidence. **The Expert Witness Journal**, Falmouth, ago. 2014. Disponível em:
<http://www.expertwitness.co.uk/News_OlderNews.asp?IDNum=1838>. Acesso em: 15 nov. 2014

HARES, D.R. Expanding CODIS core loci in the United States **Forensic science international. Genetics**, Amsteden, v.6, p.52-54, 2012.

- HARRAN, F. et al., Deploying a rapid DNA laboratory to solve local high-volume crimes. **Evidence Technology Magazine**, [s.l.], p. 14-18, mar./abr. 2014
- HAYDEN, M. J. et al. Multiplex-ready PCR: a new method for multiplexed SSR and SNP genotyping. **BMC Genomics**, London, v. 9, p. 80, 2008. Acesso em: abr. 2014
- HILL, C. R. et al. Characterization of 26miniSTR loci for improved analysis of degraded DNA samples. **Journal of Forensic Sciences**, Malden, v. 53, n. 1, p. 73-80, 2008.
- HOLT, C.L. et al. TWGDAM Validation of AmpFSTR™ PCR amplification kits for forensic DNA casework. **Journal of Forensic Sciences**, Malden, n. 47. p.3, 2002.
- IMPLICATIONS of the UK freedom bill. In: INTERNATIONAL DNA USERS' CONFERENCE FOR INVESTIGATIVE OFFICERS., 7, 2013. Lyon, **Anais...**Lyon: INTERPOL – DNA Unit, 2013.
- INSTITUTO DE IDENTIFICAÇÃO DO PARANÁ. Disponível: <<http://www.institutodeidentificacao.pr.gov.br/>>. Acesso em: fev. 2014
- INSTITUTO NACIONAL DE METROLOGIA, QUALIDADE E TECNOLOGIA. **Acreditação de Laboratórios (ABNT NBR ISO/IEC) 17025: 2005**. Disponível em: <http://www.inmetro.gov.br/credenciamento/acre_lab.asp>. Acesso em: abr. 2014
- INSTITUTO NACIONAL DE METROLOGIA, QUALIDADE E TECNOLOGIA. Disponível em: <<http://www2.inmetro.gov.br/>>. Acesso em: maio 2014
- INTERNATIONAL CRIMINAL POLICE ORGANIZATION. **Forensics**. [s.d.]. Disponível em: <<http://www.interpol.int/INTERPOL-expertise/Forensics/DNA>>. Acesso em: 15 nov. 2014
- INTERNATIONAL CRIMINAL POLICE ORGANIZATION. **Handbook on DNA data exchange and practice**. Disponível em: <<http://www.interpol.int/Public/Forensic/HandbookPublic.pdf>>. Acesso em: 14 nov. 2014
- IWAMURA, E. S.M; MUÑOZ, D.R. Análise de DNA em medicina legal, banco de dados e controle de qualidade. **Saúde, Ética & Justiça**, São Paulo, v. 8, n. 1/2, nov. 2012. Disponível em: <<http://www.revistas.usp.br/sej/article/view/42219>>. Acesso em: 25 Out. 2013. doi: <http://dx.doi.org/10.11606/issn.2317-2770.v8i1/2p>.
- JARDIM, I.C.; QUEIROZ, S.C. Eletroforese Capilar. **Chemkeys**, 2001. Disponível em: <<http://www.chemkeys.com>>. Acesso em 14 nov. 2014
- JASANOFF, S. Just evidence: the limits of science in the legal process. **The Journal of Law, Medicine and Ethics**, [s.l.], v.34, n.2, p.328-341, 2006.

JEFFREYS, A. J.; BROOKFIELD, J. F.; SEMEONOFF, R. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. **Nature**, v. 317, n.6040, p. 818-9, out/nov 1985.

JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; THEIN, S. L. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. **Nature**, London, v. 314, n. 6006, p. 67-73, mar. 1985

JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; THEIN, S. L. Individual-specific fingerprints of human DNA. **Nature**, London, n.316, p.76-79, 1985.

JOBIM, L. F.; JOBIM M. R.; BRENNER, C. R. Identificação humana pelo DNA: Investigação de paternidade e análise de casos forenses. In: TOCHETTO, D. (Coord.) **Identificação Humana**. Porto Alegre: Sagra-Luzzatto, 1999. p. 3 – 100, Parte IV

JOHNSON, E. From the inkpad to the mousepad: IAFIS and fingerprint technology at the dawn of the 21st century. **Technical Bulletin. U.S. Department of Justice**, n. 2, 1998. Disponível em: <<http://www.search.org/files/pdf/IAFIS%20TECH%20BULL.pdf>>. Acesso em: mar. 2014)

KAYSER, M.; KNIJFF, P. Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. **Nature Reviews Genetics**, London, v.12, p. 179–192, 2011.

KAYSER, M.; SCHNEIDER, P.M. DNA-based prediction of human externally visible characteristics in forensics: motivations, scientific challenges, and ethical considerations. **Forensic Science International: Genetics**, Amsterdam, v. 3, p. 154–161, 2009.

LANDSTEINER, K.; WIENER, A. S. An agglutinable factor in human blood recognized by immune sera for rhesus blood. **Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine**, Malden, n.43, p. 223 – 224, 1940.

LANDSTEINER, K.; WIENER, A.S. **The Rh Factor**: enhancing the safety of blood transfusion and setting the stage for preventing hemolytic disease of the newborn. ROCKEFELLER UNIVERSITY HOSPITAL, Hospital Centennial, nov. 2010. Disponível em: <<http://www.centennial.rucare.org>>. Acesso em: mar. 2014

LEE H.C.; GAENSLEEN, R.E (eds.) **Advances in Forensic Sciences**. Chicago, IL: Year Book Medical Publishers, 1990, p. 278 (Volume 3. DNA and Other Polymorphisms)

LEE, H. C.; LADD, C. Preservation and collection of biological evidence. **Croatian Medical Journal**, Zagreb, v. 42, n. 3, p. 225 – 228, 2001.

LEITE, M. **O DNA**. São Paulo: Publifolha, 2003. 95p.

LIFE Technologies. Disponível em: <<http://www.lifetechnologies.com/>>. Acesso em 14 nov. 2014

LOPES JR., A. Lei 12.654/2012: é o fim do direito de não produzir prova contra si mesmo (nemo tenetur se detegere?) **Boletim IBCCRIM**, São Paulo, n. 236, jul. 2012.

Disponível em:

<http://www.ibccrim.org.br/site/boletim/exibir_artigos.php?id=4649>. Acesso em: 11 set. 2012.

LUFTIG, M. A.; RICHEY, S. DNA and forensic science. **Law Review**, New England, v. 35, n. 3, 2001.

MACHADO, A. A. **Identificação criminal pelo DNA**, 20 jun. 2012. Disponível em:

<<http://blogs.lemos.net/machado/2012/06/20/identificacao-criminalpelo-dna/>>.

Acesso em: 12 set. 2012

MIKLOS, D.; FREYER, G.A.; CROTTY DAVID, A. **A Ciência do DNA**. Porto Alegre: Artmed, 2005.

MINISTÉRIO DA JUSTIÇA. Comitê Gestor da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos. Resolução nº 3, de 26 de março de 2014. Dispõe sobre a padronização de procedimentos relativos à coleta compulsória de material biológico para fins de inclusão, armazenamento e manutenção dos perfis genéticos nos bancos de dados que compõem a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos. **Diário Oficial da União**, 14 maio 2014. n 90, Seção 1, p. 40

MINISTÉRIO DA JUSTIÇA. **Padronização de Exames de DNA em Perícias Criminais**. 2013. Disponível em:

<<http://portal.mj.gov.br/main.asp?ViewID=%7B3F6F0588-07C1-4ABF-B307-9DC46DD0B7F6%7D¶ms=itemID=%7B4784422F-2991-4B3B-B84E-E085F6AA9537%7D;&UIPartUID=%7B2868BA3C-1C72-4347-BE11-A26F70F4CAB26%7D>> Acesso em: 27 set. 2013

MINISTÉRIO DE JUSTIÇA. Secretaria Nacional de Segurança Pública. **Diagnóstico da perícia criminal no Brasil**. Brasília: Ministério de Justiça/ Secretaria Nacional de Segurança Pública, 2012.

MONAGHAN, F.; CORCOS, A. On the origins of the Mendelian laws. **Oxford Journals: Journal of Heredity**, New York, v. 75, n. 1, p. 67-9, 1984. Disponível em: <<http://jhered.oxfordjournals.org/content/75/1/67>>. Acesso em: mar. 2014

MORO, S. F. **DNA de criminosos**. SINDEPOL. Disponível em:

<<http://sindepol.com.br/site/artigos/dna-de-criminosos.html>>. Acesso em: 13 dez. 2014.

MULLIS, K. The unusual origin of the polymerase chain reaction. **Scientific American**, New York, p.56-65, abr. 1990.

MULLIS, K.B et al. Specific Enzymatic Amplification of DNA In Vitro: the polymerase chain reaction. **Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology**, Woodbury, v. 51, p. 263-273, 1986.

MYSTER, S. M.; CROMETT, M. F. The work of an innocence Project. **Forensic Magazine**, [s.l.], out. 2005. Disponível em <http://www.forensicmag.com/articles/2005/01/work-innocence-project> Acesso em 1 novembro de 2014

NATIONAL FORENSIC SCIENCE TECHNOLOGY CENTER. **Crime scene investigation: a guide for law enforcement**. Largo: NFSTC, 2012. Disponível em: <http://www.nfstc.org/>. Acesso em 14 nov. 2104

NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE. **The future of forensic DNA Testing: predictions of the Research and Development Working Group of the National Commission on the Future of DNA Evidence**. Washington, D.C., 2000. Disponível em: <http://www.ojp.usdoj.gov/nij/pubs-sum/183697.htm>. Acesso em: abr. 2014

NATIONAL INSTITUTE OF STANDARDS AND TECHNOLOGY. **The biological evidence preservation handbook: best practices for evidence handlers**, 2003. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.6028/NIST.IR.7928> Acesso em: mar. 2014

NETO, J. B. de A. Banco de dados genéticos para fins criminais: implicações de um debate hodierno. **Boletim do IBCCRIM**, São Paulo, n 23, ago. 2010.

PARLAMENTO EUROPEU. Comissão das Liberdades Cívicas, da Justiça e dos Assuntos Internos. **Documento de trabalho sobre o projecto de decisão do Conselho relativa ao aprofundamento da cooperação transfronteiras, em particular no domínio da luta contra o terrorismo e da criminalidade transfronteiras**. Disponível em: http://www.europarl.europa.eu/meetdocs/2004_2009/documents/dt/660/660824/660824pt.pdf. Acesso em: jul. 2014

PARLAMENTO EUROPEU. **Tratado de Prüm**. Disponível em: http://www.europarl.europa.eu/meetdocs/2004_2009/documents/dt/660/660824/660824pt.pdf. Acesso em: jul. 2014

PESSOA, C.; GARRIDO, R. G. Policiamento genético: o DNA publicizado em nome da segurança pública. **Política e trabalho**, [s.l.], n.37, p.103-114, 2012.

PLOS Genetics, San Francisco, v.8, n.9. Disponível em: <http://journals.plos.org/plosgenetics/>. Acesso em set 2012.

PROMEGA. **Solving a crime using DNA analysis and chemistry (basic forensics): instructor's manual**. Disponível em: <http://www.promega.com/>. Acesso em: mar. 2014

RILEY, D. E. **DNA testing**: an introduction for non-scientists an illustrated explanation. Disponível em:

<<http://www.scientific.org/tutorials/articles/riley/riley.html>>. Acesso em 13 dez. 2014

ROCHA, C.S.A. **O princípio da não auto-incriminação diante da lei nº 12.654**: uma discussão a respeito da implementação do sistema do banco de dados genético brasileiro. 2013. 63 p. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Direito) - Faculdade de Ciência Jurídicas e Sociais, Centro Universitário de Brasília, Brasília, 2013.

ROEWER, L. DNA fingerprinting in forensics: past, present, future. **Investigative Genetics**, London, n.4, p. 22, 2013.

ROSA, C. T. A. de. Perícia criminal: a última fronteira de elitização da justiça. **Carta Capital**, [s.l.], 22. abr. 2013

RUMJANEK, F. D. **DNA, identidade e paternidade**. Rio de Janeiro: Editora Espaço Jurídico, 1997.

SAIKI, R. K. et al. Enzymatic amplification of β -globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. **Science**, [s.l.], n.230, p. 1350-1354, 1985

SALZANO, F. Genômica: para onde caminha a humanidade. In: MIR, L. (Org.). **Genômica**. Introdução p. Xiii São Paulo: Atheneu, 2004. SÃO PAULO (Estado).

SECRETARIA SEGURANÇA PÚBLICA. Resolução 129, cria Banco de Perfis Genéticos da Superintendência da Polícia Técnico-Científica do Estado de São Paulo. **Diário Oficial do Estado**, São Paulo, 30 ago 2010.

SCHELLBERG, T. **International Forensic DNA Community**. Disponível em: <www.gth-gov.com>. Acesso em: 15 nov. 2014

SCHELLBERG, T.; OLDROYD, N.; SCHADE, L. Maximizing the power of forensic DNA databases with next generation STR technology. **Forensic Magazine**, [s.l.], n.10, 2012.

SCHIOCCHET, T. Bancos de perfis genéticos: ‘uma forma mais sofisticada de biopoder’. **Instituto Humanitas Unisinos**, São Leopoldo, 31 mar 2012.

SCHUMM, J. et al. A 27 Locus STR assay to meet all United States and European law enforcement agencies. **Journal Forensic Sciences**, [s.l.], 2013

SIEGEL, J.; KNUPFER, G.; SUUKKO, P. (Eds). Encyclopedia of forensic sciences. Amsterdam: Academic Press, 2000. (v. 1-3)

SILVA, E. C. et al. Estratégias para identificação humana: do geral ao genoma. **Revista Brasileira de Educação e Saúde**, Pombal, v.3, n.3, p.46 – 52, 2013.

SILVA, J. da. Ed. **Criminologia crítica: segurança e polícia**. 2.ed. Rio: Forense, 2008. 667p.

SILVA, L. A.; PASSOS, N. S. **DNA Forense: coleta de amostras biológicas em locais de crime para estudo de DNA**. Maceió: Edufal, 2006.

SILVA, R.S. et al. Mapeamento dos sistemas de grupos sanguíneos ABO e RH dos doadores de sangue em Primavera do Leste – MT. **Biodiversidade**, Rondonópolis, v.10, n. 1, 2011. Disponível em: <<http://www.periodicoscientificos.ufmt.br>>. Acesso em: 15 nov. 2014

SPICHENOK, O et al. Prediction of eye and skin color in diverse populations using seven SNPs." **Forensic Science International: Genetics**, Amsterdam, v.5, n.5, p. 472-478, 2011.

SYMPOSIUM ON FORENSIC GENETICS TECHNOLOGY AND APPLICATION, 14., 2013, Pequim. **Anais...** Pequim: Ministério de Segurança Pública, 2013.

TAN, E et al. Fully Integrated, fully automated generation of short tandem repeat profiles, **Investigative Genetics**, London, n.4, p.16, 2013.

THE UK POLICE NATIONAL DNA DATABASE. Disponível em: <<http://www.genewatch.org/sub-539478>>. Acesso em: 14 nov. 2014

TISELIUS, A. Study of the electrophoresis of proteins by the moving boundary method. **Nova Acta Regiae Societatis Scientiarum Upsaliensis**, [s.l.], n. 7, p. 1-107, 1930.

TOMPKINS, A. The US Supreme Court's ruling in Maryland v King: Where to from here? In: INTERNATIONAL DNA USERS' CONFERENCE FOR INVESTIGATIVE OFFICERS., 7, 2013. Lyon, **Anais...**Lyon: INTERPOL – DNA Unit, 2013.

TURNPENNY, P.D. **Genética Médica**. Rio de Janeiro: Elsevier, 2009. p. 2 - 4

TURNPENNY, P.D.; ELLARD, S.S. **Emery's elements of medical genetics**. 12. ed. Elsevier: London, 2005.

UK PARLIAMENT HOUSE OF COMMONS SCIENCE AND TECHNOLOGY COMMITTEE. Forensic Science Service. **Written evidence from Cellmark Forensic Services**. Disponível em: <<http://www.publications.parliament.uk/pa/cm201314/cmselect/cmsctech/610/610vw10.htm>>. Acesso em 13 dez. 2014.

UNITED NATIONS EDUCATIONAL, SCIENTIFIC AND CULTURAL ORGANIZATION. **Declaração internacional sobre dados genéticos humanos**.

Paris: UNESCO, 2003. Disponível em: http://portal.unesco.org/shs/en/files/9193/11387255151DECLARATION_PORTUGAL.pdf/DECLARATION%2BPORTUGAL.pdf>. Acesso em: 13 dez. 2014

UNIVERSITY OF CALIFORNIA SAN FRANCISCO. School of Medicine. Department of Neurology. **Raymond L. White, Ph.D.** Disponível em: <http://neurology2.ucsf.edu/brain/faculty/bios/white.aspx>>. Acesso em: 14 nov. 2014

UNIVERSITY OF LEICESTER. Department of Genetics. **The history of genetic fingerprinting.** Disponível em <http://www.le.ac.uk>>. Acesso em: mar. 2014.

UNIVERSITY OF LEICESTER. **East Midlands Forensic Pathology Unit.** Disponível em: <http://www2.le.ac.uk/departments/emfpu/>>. Acesso em: Abr. 2014

VAN DER BEEK, C.P. **Forensic DNA profiles crossing borders in Europe** (Implementation of the Treaty of Prüm). Promega Corporation Web site. Disponível em: <http://www.promega.com.br/resources/profiles-in-dna/2011/forensic-dna-profiles-crossing-borders-in-europe/>>. Acesso em: ago. 2014

VOITCH, G. No Brasil, só 5% dos homicídios são elucidados, 12 jan. 2013. **O Globo.** Disponível em: <http://oglobo.globo.com/brasil/no-brasil-so-5-dos-homicidios-sao-elucidados-7279090>>. Acesso em 13 dez 2014.

WALLACE, H. A nova base de dados de DNA brasileira: solução de crimes ou erosão de direitos humanos?. **Revista Politics**, set. 2012. Disponível em <http://www.politics.org.br/>>. Acesso em: 13 dez. 2014.

WALSH, S. **DNA phenotyping:** The prediction of human pigmentation traits from genetic data. 2013. 360 p. Tese (PhD) – Departamento de Biologia Molecular Forense Erasmus University Rotterdam, Rotterdam, 2013.

WALSH, S. et al. Developmental validation of the IrisPlex system: determination of blue and brown iris colour for forensic intelligence. **Forensic Science International: Genetics**, Amsterdam, v. 5, n. 5, p. 464–471, nov 2011.

WALSH, S. et al. IrisPlex: a sensitive DNA tool for accurate prediction of blue and brown eye color in the absence of ancestry information. **Forensic Science International: Genetics**, Amsterdam, v. 5, n. 5, p.170–180, nov 2011.

WATSON, J. **DNA:** o segredo da vida. São Paulo: Companhia das Letras, 2007.

WILLIAMS R.; JOHNSON P. **Genetic policing:** the DNA use in criminal investigations. Devon, UK: Willan Publishing, 2008. p.38.

WYMAN, A. R.; WHITE, R. A highly polymorphic locus in human DNA. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, n.77, p. 6754-6758, 1980.

WYMAN, A.R.; WHITE, R. A highly polymorphic locus in human DNA.
Proceedings of the National Academy of Sciences, Washington, v.77, n. 11, p.
6754 -6758, nov. 1980. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/9638>>. Acesso
em: 14 nov. 2014