



CENTRO UNIVERSITÁRIO DE BRASÍLIA
FACULDADE DE CIÊNCIAS DA EDUCAÇÃO E SAÚDE
GRADUAÇÃO EM BIOMEDICINA

SAMANTHA KALIL DE ARAUJO

**ESTUDO DAS APLICAÇÕES FORENSES DO DNA NA OBTENÇÃO
DA IDENTIFICAÇÃO HUMANA**

Trabalho de conclusão de curso em forma de artigo científico elaborado como requisito à conclusão do curso de Biomedicina da Faculdade de Ciências da Educação e Saúde, sob a orientação do professor Dr. Paulo Roberto Martins Queiroz.

BRASÍLIA

2017

Agradecimentos:

Em primeiro lugar gostaria de agradecer à Deus que sempre me acompanhou por toda minha vida e capacitou para finalizar este trabalho mesmo com todas as crises de ansiedade, a dificuldade de encontrar um objetivo que me possibilitasse falar sobre o que gosto e a encontrar todos os artigos/livros que utilizei de base.

Aos meus pais que sempre estão torcendo por mim e me incentivando a não desistir de nada .

Ao meu orientador por ter tido paciência comigo, me cobrado nas horas em que eu fugia dele, por ser sempre brincalhão me deixando confortável para perguntar minhas dúvidas e por me aconselhar tão sabiamente.

À minha tia Giselda Kalil que sempre foi uma inspiração e me ajudou muito neste trabalho.

À minha psicóloga Paula Mdsen Arruda que me ajudou a enfrentar meus medos e a controlar minha ansiedade.

Aos meus amigos (em especial ao Tadeu, a Beatriz, a Mayuri, Arthur, Nathalia e Bruna) que sempre me apoiaram nos momentos de alegria e de tristeza desse período.

Á todos que oraram e torceram para que eu conseguisse vencer esta etapa na faculdade.

Um agradecimento especial a Dra. Elita, Dra. Saluana e o laboratório de virologia do CENARGEN que me ensinaram muito, me mostrando o mundo da biologia molecular na prática de laboratório.

E à todos que não tiveram grande participação neste trabalho, mas que sempre se preocuparam comigo, não estando por ventura com o nome aqui citado.

Estudo das aplicações do DNA na obtenção da identificação humana.

Samantha Kalil de Araújo¹
Paulo Roberto Martins Queiroz²

Resumo

A identificação humana é um dos processos mais antigos da sociedade, mas identificar é diferente de reconhecer. Este trabalho teve como objetivo descrever as aplicações forenses do DNA e sua importância na identificação humana, por meio de uma revisão bibliográfica no formato narrativo analisando materiais bibliográficos especializados no assunto dentro do período de 2007 a 2017. Ao individualizar uma pessoa a partir de informações civis, ou seja, seu registro oficial caracteriza-se identificar. Ao descrever de modo comparativo por meio de características peculiares qualifica-se como reconhecimento de algo ou alguém. Uma pessoa pode ser identificada, além de seu registro civil, por biometria digital e antígenos do tipo ABO ou do tipo HLA. Também existe a possibilidade de separar um indivíduo pela análise de DNA (ácido desoxirribonucléico) mais conhecida por ser usado nos testes de paternidade. Recentemente, dentro da perícia criminal brasileira, houve uma espécie de revolução no uso da diferenciação humana por DNA coletado em materiais biológicos obtidos das cenas de crimes. Devido à modificação da Lei 12.654/2012, incluindo o seu uso na investigação criminal, permitiu-se a criação de um banco nacional de perfis genéticos (BNPG) de criminosos possibilitando a comparação entre o material genético do suspeito com o coletado no local do crime. Essa comparação é feita utilizando-se marcadores moleculares conhecidos para identificar o DNA amostral analisado e, uma vez detectado o suspeito, poder aferir sua participação no crime. Uma vez confirmada sua atuação no delito criminal, o juiz possui argumentos suficientes para deliberar uma condenação. Por ser uma técnica altamente sensível e precisa é essencial investir-se em profissionais da área, equipamentos necessários para análise e na manutenção do BNPG.

Palavras Chave: DNA; genética forense; microssatélite; PCR; Identificação humana.

Research on DNA applicability in the achievement of human identification

Abstract

Human identification is one of the oldest process in the society, but identify is different of recognize. The purpose of this research was to describe the applicability of DNA and his relevance in human identification. Through a literature review in narrative format, analyzing bibliographic materials specialized in the subject within the period of 2007 to 2017. To individualize a person from civil information (or official record) is characterized as identifying. To describe comparative mode by means of peculiar characteristics qualifies as recognition of something or someone. A person can be identified, besides her civil record, by digital biometrics and antigens ABO type or HLA type. There is also the possibility of DNA analysis (deoxyribonucleic acid) known to be used in parenthood tests. Recently there has been a makeover in the Brazilian's forensic department's way of distinguishing someone by the DNA found in a crime scene. A change in the Law 12.654 from 2012 included DNA in a criminal investigation process. It allowed the creation of a National Bank of Genetic Profiles (BNPG) of inmates samples, thus enabling the comparison between the suspect's genetic materials with the samples obtained in the crime scene. This comparison is made using known molecular markers to identify the analyzed DNA sample and check the suspect's participation in the crime. Once confirmed his acting in the criminal offence, the judge has enough arguments to deliberate a conviction. For being a precisely and sensitive technique, it is essential to invest more in specialists, equipment needed for analysis and maintenance of BNPG.

Keywords: DNA; Forensic Genetic; Microsatellite; PCR; Human identification.

¹ Estudante de Biomedicina do UniCEUB

² Professor do Curso de Biomedicina do UniCEUB

1. INTRODUÇÃO

A identificação é um dos processos mais antigos da sociedade utilizada para se obter a identidade de pessoas e objetos. É essencial que não se confunda identificar com reconhecer, uma vez que, o reconhecimento é atribuído ao ato de comparar algo ou alguém idêntico ou semelhante ao que foi descrito por uma vítima ou testemunha (ARAÚJO; PASQUALI, 2006). Identificar é separar uma pessoa do restante da população, sendo no âmbito civil por meio do nome registrado ou, características físicas. Enquanto no âmbito criminal seria pelo registro de transgressão cometida ou excluindo uma possível dualidade em uma infração penal (NUCCI, 2015).

Uma pessoa pode ser individualizada a partir de informações civis como, por exemplo, características físicas, carteira de identidade, certidão de nascimento, impressão digital, dentre outros. Esses dados do cidadão são de registro obrigatório no Brasil (GARRIDO, 2009). Com o desenvolvimento das tecnologias, houve uma grande mudança nas técnicas de caracterização. Atualmente estão disponíveis métodos como a biometria digital - incluindo a leitura de retina, mão e impressões digitais - códigos digitais, análise de características peculiares do indivíduo como, assinaturas ou voz padronizadas e material genético (CASTRO, 2008).

Em meados do século XX, a identificação humana para fins forenses era feita, sobretudo, por meio de antígenos sanguíneos do tipo ABO, uma vez que, cada indivíduo expressa proteínas que são encontradas nas superfícies eritrocitárias resultantes da combinação dos alelos herdados dos progenitores. Os epitopos sanguíneos utilizados na diferenciação humana também podem ser encontrados - dependendo do indivíduo - na saliva e no sêmen (BATISSOCO; NOVARETTI, 2003; QUEIROZ, 2012).

Existiam paralelamente outros estudos, menos utilizados na época, a respeito de outras moléculas nas superfícies celulares como os antígenos leucocitários humanos (HLA) cuja probabilidade de encontrar dois indivíduos compatíveis é mínima (LEWIS, 2004).

Alguns anos depois houve uma revolução na diferenciação humana feita por meio da análise de DNA (ácido desoxirribonucleico) obtido em materiais biológicos encontrados na cena de crime, os quais tem sido de grande utilidade na solução de crimes de homicídio e violência sexual (BONACCORSO, 2005). O reconhecimento do

código genético tem progredido bastante nos últimos anos como meio de individualização, devido à modificação da Lei 12.654/2012, incluindo o seu uso na investigação criminal, permitindo a criação de um banco de dados genéticos de criminosos (BRASIL, 2012).

A perícia criminal, dentro da polícia, é a área responsável pela parte jurídica que envolve a análise feita por exames com o material obtido na cena de crime, servindo de base para a condenação ou soltura de um suspeito. Esta possui uma abordagem independente da parte de interpretação do crime que cabe a investigação policial apesar de ser fundamental a associação entre essas duas áreas (OLIVEIRA, 2013).

Dentre o processo de análise de um crime pela ciência forense, destaca-se a Genética Forense que estuda as características hereditárias usadas na identificação humana por meio da análise do DNA. E além de individualizar humanos, também pode caracterizar animais, plantas e microrganismos. Essa área pode ser aplicada em testes de paternidade (uma das aplicações mais comuns) e auxiliar a justiça (AGOSTINHO, 2012).

Os resultados obtidos na perícia feita para a identificação humana só são possíveis pela obtenção de amostras biológicas encontradas na cena de crime. A coleta desse material nem sempre é feita em condições ideais. Foi comprovado que um local de crime minimamente preservado permite o uso de vestígios detectados como prova. Caso este indício possua qualquer tipo de relação com o delito, pode servir para comprovar o envolvimento do suspeito nos fatos ocorridos (SOUZA; QUEIROZ, 2012).

O DNA genômico encontrado em materiais biológicos em cena de crime permite identificar a constituição genética de cada indivíduo a partir da análise de regiões que apresentam variações entre os indivíduos na população, ou seja, a parte do genoma que possui caráter polimórfico. Este é constituído por marcadores de polimorfismo de comprimento de sequência única (SSLP) que incluem as repetições consecutivas de número variável (VNTR) ou minissatélites, mais as repetições consecutivas curtas (STR) ou microsatélites, comportando-se como uma impressão digital de cada pessoa. Os microsatélites são os mais utilizados no momento e quanto maior for seu tamanho menor a taxa de mutação e melhor a diferenciação e determinação da heterozigose dos indivíduos analisados (LEITE, 2013).

Este trabalho teve como objetivo descrever as aplicações forenses do DNA e sua importância na identificação humana, destacando a utilização de marcadores moleculares na análise de DNA obtido de fluidos corporais em cenas de crime com intuito de identificar cada indivíduo envolvido no delito.

2. METODOLOGIA

Este trabalho é uma revisão bibliográfica de literatura no formato narrativo cuja finalidade é discutir e desenvolver novas concepções para enriquecimento teórico de um assunto específico (VOSGERAU; ROMANOWSKI, 2014). No caso deste trabalho, relaciona-se com a identificação humana dentro da genética forense.

Na base teórica foram utilizados artigos e livros especializados no assunto e teses acadêmicas a respeito da importância e as aplicações do DNA em estudos genéticos, com enfoque na obtenção da identificação do suspeito e/ou da vítima. Toda a bibliografia de teses e artigos foi encontrada nas bases de dados Scielo, PubMed, NCBI, repositório de universidades, e Google acadêmico, nos idiomas inglês e português, publicados nos anos de 2007 a 2017. Também foram utilizados materiais bibliográficos publicados anteriormente a esse período, por se tratarem de trabalhos importantes para a fundamentação do tema em questão. Para a busca foram utilizadas as palavras-chave DNA; genética forense; microssatélite; PCR; Identificação humana.

3. DESENVOLVIMENTO

3.1. Histórico do DNA forense

Após anos estudando a reprodução de ervilhas, Gregor Mendel pode concluir os princípios da hereditariedade em 1865. Esses princípios deram suporte para o entendimento de expressão de elementos, que podem ser traduzidos como genes, ao longo das gerações. Os trabalhos realizados por Mendel, embora não tivessem ainda elucidados os conceitos do ácido desoxirribonucléico (DNA) são utilizados até os dias atuais para explicar a base das manifestações hereditárias (MIKO, 2008).

Somente oitenta anos depois dos estudos mendelianos, Watson e Crick descobriram a estrutura do DNA esclarecendo todas as lacunas que existiam a respeito das heranças genéticas. No final dos anos 90, foi constatado que para obter-se uma identificação melhor da relação genotípica entre indivíduos seria por meio da análise sorológica, viável somente em células sanguíneas. Sendo que esse material pode ser encontrado de modo eficiente em diversos tecidos e/ou outros líquidos corporais. Esses conceitos foram aplicados na prática pela ciência forense, inicialmente em testes de paternidade. Nesse contexto, um líquido corporal importante nas ciências forenses é o sangue, uma das amostras biológicas mais encontradas em cenas de crime, que teve a sua utilização ampliada também para identificação de suspeitos (BONACCORSO, 2005).

Sabendo-se que todos os fluídos corporais, marcas, traços, entre outras evidências que não possam oferecer conclusões sólidas a respeito de um determinado evento, mas que possam ser ou não utilizadas futuramente como prova jurídica são classificados como vestígios. Enquanto toda situação associada a fatos relacionados com um crime, comprovando a ocorrência dos dados novos ou conhecidos, é classificada como indício (DEL-CAMPO, 2009).

O exame de DNA é capaz de identificar indivíduos em relação aos demais em uma população por meio da análise da sua sequência de nucleotídeos, mesmo que parcial (PANNEERCHELVAM; NORAZMI, 2003). Quando comparado com outros vestígios, no âmbito judicial, a molécula de DNA pode ser considerada mais precisa quanto ao potencial de identificação, podendo ser utilizada tanto para incriminar quanto para inocentar um suspeito. Existem diversas vantagens de se utilizar o DNA como, por exemplo, diferentes fontes biológicas para sua obtenção, não sendo necessária a abundância na quantidade de material encontrado; sua grande capacidade discriminativa; alta sensibilidade analítica; resistência a condições ambientais e a diferenciação genética de células sexuais e autossômicas (BONACCORSO, 2005).

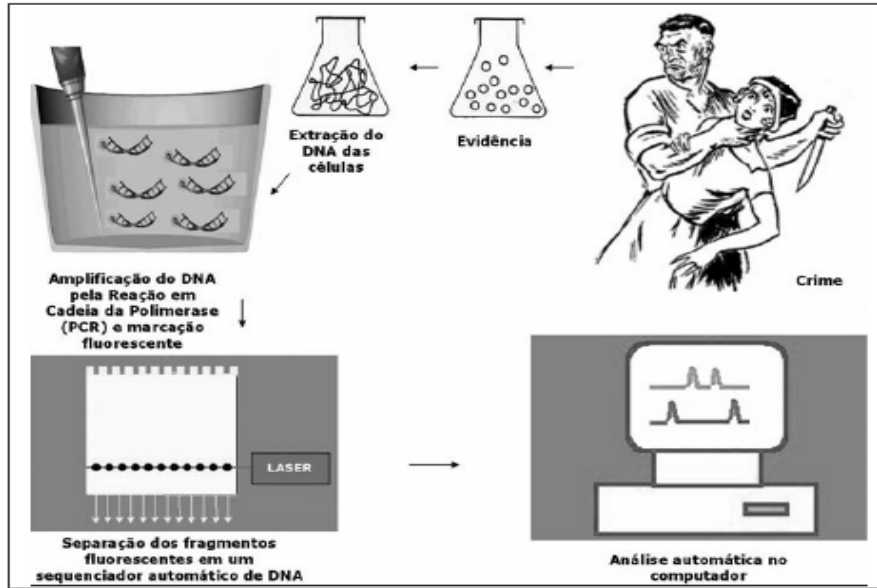
Quando armazenado corretamente é possível garantir-se resultados confiáveis. Entretanto, como sua análise é feita por humanos há sempre a possibilidade de falhas, assim como, as demais atividades que necessitem de interpretação humana (PARADELA, 2012). Existem também outras desvantagens que podem interferir como a exposição ao meio ambiente (luz, temperaturas elevadas,

reagentes químicos, umidade, contaminação bacteriana e/ou fúngica) que pode causar rompimentos e adulterações tanto na estrutura molecular do DNA quanto na análise. Razão para qual, todos os envolvidos no processo de sua coleta até sua interpretação utilizem materiais livres de contaminantes, assim como, o uso de equipamentos de proteção individual - luvas descartáveis, tocas cirúrgicas e máscaras (LEITE, 2013).

Esse tipo de teste não é feito somente para provar a responsabilidade criminal, ele irá determinar a ligação inquestionável entre a pessoa e o local do crime (LYNCH, 2003; WALSH, 2004). O material genético pode ser retirado de manchas de sangue, saliva, sêmen, peças corporais em deterioração, impressões digitais, dentre outros vestígios; encontrados em cenas de crime (SOUZA; QUEIROZ, 2012).

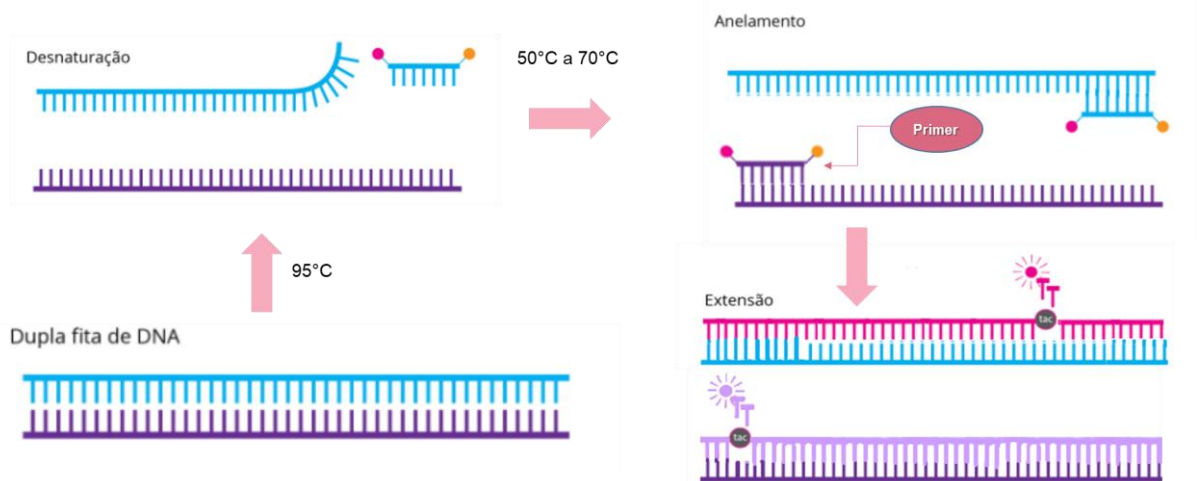
Para chegar-se a um suspeito (representado na figura 1), o material genético coletado é primeiramente submetido às técnicas de extração, purificação e quantificação pela técnica multiplex da reação em cadeia de polimerase (PCR), onde a dupla fita do DNA será desnaturada aproximadamente na temperatura de 95 °C, em seguida irá sofrer o processo de anelamento a 50 °C ou até 70 °C e por final o processo de extensão do material copiado (processo representado na figura 2). Na fase de hibridização haverá a ligação dos fluorocromos na fita, logo a análise do produto, além de quantificar ainda irá detectar os fragmentos amplificados marcados com fluóforos. Em seguida faz-se a observação, caracterização e o exame dos *loci* obtidos para comparar-se o material coletado com os registrados no sistema de índice de perfis de DNA (LEITE, 2013). A técnica de PCR convencional segue o mesmo princípio sem a utilização de fluorocromos. Por se basear em estatística de genética populacional é um tipo de prova de maior credibilidade do que um testemunho ocular, logo nos últimos anos tem-se tornado “padrão ouro” dos testes forenses (FRUMKIN *et al.*, 2010).

Figura 1. Passos do processo de identificação genética das amostras de DNA encontradas em uma investigação criminal



Fonte: PENA (2005).

Figura 2: Processo de reação em cadeia de polimerase (PCR)



Fonte: Adaptado pela autora a partir da internet.

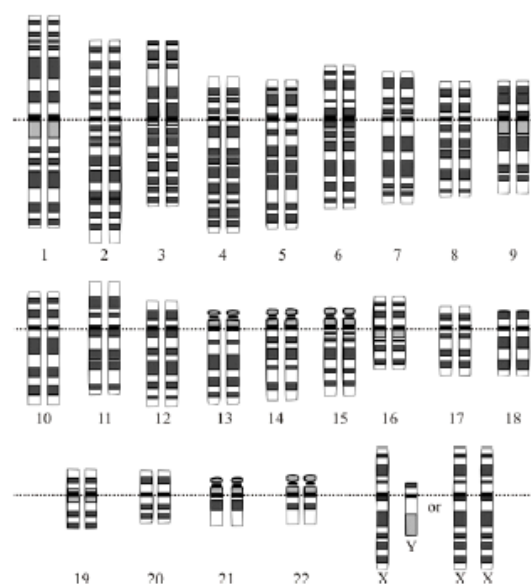
Existe uma ordem no processo de identificação humana, seguindo as metodologias conhecidas, deve-se usar de artifícios que sejam no mínimo dados imutáveis, práticos, únicos, classificáveis para fins de comparação. No Brasil, a identificação genética pode ser exigida pelo magistrado nas investigações policiais, incluída na Lei 12.037/09 através da edição da Lei 12.654/12 pelos artigos 5º, 5º-A, 7º-

A, 7º-B e também acrescentada na lei de execução penal 7.210/84 pelo artigo 9º-A (MARTINS, 2013).

A oficialização dessas alterações ocorreu com o decreto presidencial nº 7950/2013 criando assim o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) e a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG) (BRASIL, 2016). A perícia genética será realizada apenas quando não exista nenhum outro meio de identificar o autor do delito, de outro modo, faz-se apenas para fins de identificação e não como elemento de prova criminal (CORAZZA; CARVALHO, 2014).

A primeira vez em que o DNA genômico humano (apresentado na figura 3) foi utilizado com fim forense foi em 1985 por Alec J. Jeffreys, por meio da técnica de polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição (RFLP, em inglês *Restriction Fragment Length Polymorphism*) que analisa as regiões de repetição consecutivas na sequência de DNA clivadas por endonucleases em fragmentos grandes de tamanho variável. O DNA genômico é constituído por marcadores de polimorfismo de comprimento de sequência única (SSLP), incluindo as repetições consecutivas de número variável (VNTRs, em inglês *Variable Number of Tandem Repeats*) ou minissatélites e as repetições consecutivas curtas (STR) ou microssatélites. Deste modo, foram descobertos os primeiros marcadores polimórficos que faziam parte da região conhecida como não codificante do DNA (DE ANDRADE et al., 2012).

Figura 3: Representação esquemática do DNA genômico humano.



Fonte: LEITE (2013).

3.2. Marcadores moleculares polimórficos

Uma sequência polimórfica deve existir em mais de 1% da população para possibilitar a identificação humana. Logo têm-se utilizado com frequência marcadores polimórficos por além de destacar o material alvo dentro da diversidade polimórfica, garantir o anonimato civil dos perfis analisados impossibilitando a observação de outras características genéticas como doenças, progênie, dentre outros e servindo de material completar no processo penal. Essas sequências possuem alelos com diversos tipos e quantidades de mutações possibilitando a detecção de um padrão único (DECANINE, 2016).

O polimorfismo genético contribui essencialmente na identificação humana evitando uma possível confusão em casos de desconexão alélica entre os perfis analisados. Como no Brasil sabe-se a existência de uma grande miscigenação na população é necessária a determinação das frequências dos marcadores padrões em todos os estados. De modo que o BNPG possa ser preenchido corretamente. Deve-se levar em consideração que em cada região existem influências de etnias colonizadoras, etnias que já existiam antes das colônias, além de diferenças genéticas dentro de um estado e uma pequena porcentagem de mutações de uma região para a outra (RODENBUSCH, 2008). Desde então, o emprego da análise dos satélites de DNA tem ajudado no esclarecimento de diversos crimes (DE ANDRADE et al., 2012).

Após a descoberta da técnica RFLP que ficou conhecida como DNA fingerprint, os marcadores utilizados eram os VNTRs que são formados por 9 a 100 pares de bases repetidas em sequência. Por sua grande variabilidade (polimorfismo) tornam mínimas as chances de dois humanos que não sejam monozigóticos tenham a mesma expressão de *loci* cromossômicos. No entanto, exigem um DNA íntegro e grande quantidade (cerca de 500 a 1000 ng) para realizar a tipagem de alelos. Por impossibilitar sua amplificação em casos de amostras degradadas ou encontradas em porções pequenas, encontra-se em desuso no presente momento (GÓES, 2002).

Alguns anos após a década de 80, a análise genética forense sofreu grandes avanços. Principalmente com a descoberta dos microssatélites, que são altamente polimórficos, com comprimentos variados. Possibilitando uma melhor distinção entre

indivíduos e suas linhagens genéticas, com auxílio da técnica de PCR (GARRIDO, 2009).

Os microssatélites são extensões do DNA formando unidades de repetições curtas in tandem encontradas no genoma de eucariotos. Os STR são constituídos de 2 a 7 pares de bases sendo diferenciados pela quantidade e tipos de repetições criando-se um padrão de perfil único. Por possuir um comprimento reduzido, são examinados preferencialmente após seus fragmentos serem amplificados pela PCR (processo descrito nas figuras 1 e 2) (HILL et al., 2008).

Tabela 1: Principais diferenças entre os principais marcadores descritos acima

Marcadores	Composição	Vantagens	Desvantagens
VNTR	9 a 100 pb	<ul style="list-style-type: none"> Comportam-se como uma impressão digital de uma pessoa; Podem ser analisadas em gel de agarose 	Exigem um DNA íntegro com cerca de 500 a 1000 ng para serem analisadas
STR	2 a 7 pb	<ul style="list-style-type: none"> Tamanho de fragmentos reduzidos (≤ 350 pb); Alto grau de degradação; Analisa melhor em PCR multiplex; 	<ul style="list-style-type: none"> São lidas após amplificação; Alto custo

Fonte: Elaborada pela autora adaptado de: GARRIDO (2009); HILL et al., (2008).

3.3. Microssatélites

As sequências repetidas por serem curtas são hipervariáveis e seguem o padrão mendeliano de segregação de codominância (CHISTIAKOV, 2005). Os *loci* microssatélites também podem ser denominados como sequências genômicas simples repetidas (SSRs) (HAMEED et al., 2014). Estes encontram-se dispersos de certo modo padronizado, em 3% do total do genoma humano (BUTLER, 2006). Segundo Ellegren (2000), os STRs são encontrados preponderantemente nas regiões não codificantes e apenas em 8% das regiões codificantes.

A variação da estrutura do STR pode ser categorizada por suas propriedades da unidade de repetição, seu tamanho ou por sua posição no genoma. Em relação ao

número de nucleotídeos por cada unidade repetida são classificados como repetições mononucleotídeo $(A)_n$, dinucleotídeo $(CA)_n$, trinucleotídeo $(CGT)_n$, tetranucleotídeo $(CAGA)_n$, pentanucleotídeo $(AAATT)_n$ ou hexanucleotídeo $(CTTTAA)_n$ (n = número de variáveis). Ainda de acordo com a disposição dos nucleotídeos dentro do desenho da repetição, eles podem ser apontados como perfeitos $(CA)_n$, imperfeitos $(AAC)_nACT(AAC)_{n+1}$, compostos perfeitos $(CA)_n(GA)_n$ ou compostos imperfeitos $(CCA)_nTT(GGA)_{n+1}$. As repetições perfeitas são agrupamentos em sequências de uma estrutura única de repetição; por outro lado repetições imperfeitas seriam basicamente perfeitas, porém intercaladas por sequências não repetidas. Já os microssatélites compostos podem se apresentar de modo perfeito, quando há mais de um tipo de estrutura de repetição em paralelo, ou de modo imperfeito, no qual pelo menos uma das repetições intercala com um alelo diferente (MIAH, 2013).

O tamanho reduzido dos STRs permite que amostras encontradas em menores quantidades de DNA (geralmente menos que 350 pares de base), ou apresentando alto grau de degradação, possam ser classificadas de modo a identificar se pertence à vítima ou a um possível suspeito. Todavia, a análise individual de um STR não é tão comparativa quanto a análise múltipla deles. Logo desenvolveu-se um sistema multiplex constituído de vários iniciadores possibilitando várias reações de amplificação simultânea em uma única reação de PCR otimizando a análise da amostra disponível (AGOSTINHO, 2012). Logo, esta metodologia foi selecionada como marcador molecular para todos os tipos de vestígios biológicos levados para análise forense (HILL et al., 2008).

Os padrões de nomenclatura dos microssatélites estipulados pela Sociedade Internacional de Genética Forense (ISFG) correspondem como a seguinte exemplificação: D18S51, sendo o “D” oriundo de DNA, o “18” é o cromossomo em que se encontra, o “S” representa o STR e o “51” denota sua identificação exclusiva. No entanto, existem outros tipos como os que estão posicionados em íntrons ou genes, para isso utiliza-se a terminologia de suas respectivas regiões codificantes, como vWA (íntron 40 do gene fator de coagulação von Willebrand), TPOX (íntron 10 do gene humano da tireóide peroxidase), TH01 (íntron 10 do gene humano da tirosina hidroxilase). Além dos STR autossômicos são utilizados também os sexuais, principalmente o Y-STR (microssatélites o cromossomo Y) com o fim de distinção genética, como em amostras de DNA misturados com alta contribuição de material

genético feminino (BALLANTYNE, 2011). Essa distinção é possível devido a maior parte do cromossomo Y se encontrar no estado haplóide e seu material não sofrer muitas recombinações, tornando este um marcador único transmitido pelas gerações masculinas da mesma família. Logo, uma pequena quantidade amostral desse DNA polimórfico de cromossomos Y pode identificar com ótima precisão se um indivíduo pertence a determinada linhagem ou a outra, mas não separa individualmente. Podem ser utilizados também em estudos evolucionários e em teste de exclusão de paternidade (SANTOS et al. 1999).

As orientações para nomenclatura do marcador STR são as mesmas para os demais, porém se diferenciam em casos com dois *loci* amplificados pelo mesmo par de iniciadores ou em casos de duplicações de Y-STR devido a alguma mutação. Nestas situações tratam-se, como *loci* DYS385 11-14; do mesmo modo que genótipos e alelos separados por um hífen. Ainda pode acontecer de dois marcadores distintos estarem presentes com espaço suficiente entre os mesmos, devendo ser analisados com iniciadores adicionais que os diferenciem e nomeados conforme o número total de repetições incluídas na estrutura genômica que se diferencia entre as pessoas, sendo por exemplo o 5' YSTR denominado "DYS#.1" e o segundo "DYS#.2". (FERNANDES, 2015).

A propósito de distinguir pessoas desaparecidas e suportar a apuração criminal, no final dos anos 90 nos Estados Unidos da América, o Gabinete Federal de Investigação (*Federal Bureau of Investigation* - FBI) selecionou 13 marcadores genéticos do DNA que constituem o sistema índice do seu laboratório, conhecido como CODIS (Sistema de índice de DNA combinado). A comparação é feita entre os perfis genéticos questionados e os STR autossômicos registrados no sistema índice nacional de DNA: CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51 e D21S11 (BUTLER, 2006).

Há pouco tempo o FBI anunciou uma expansão de 7 marcadores (D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433 e D22S1045) requisitados ao grupo de trabalho dos CODIS core loci até janeiro de 2017. Agora além do primeiro conjunto, podem ser identificados vinte regiões de STR simultaneamente utilizando-se *kits* comerciais. Esses avanços são essenciais na identificação de desaparecidos, no reconhecimento de terroristas e vítimas de desastres em massa (MORETTI, 2016).

Seguindo o mesmo princípio o Conselho da União Européia categorizou, em 1999, inicialmente 7 *loci* estabelecidos pelo Norma padrão europeia (European Standart Set -ESS) como o grupo de marcadores ideais para identificação humana. Todavia em 2009, o ESS decidiu aumentar este número para 12 *loci* (BUTLER, 2012). Fazem parte deste conjunto os seguintes STR autossômicos: THO1, vWA, FGA, D21S11, D3S1358, D8S1179, D18S51, D10S124, D22S1045, D2S441, D12S391, D1S1656 (EMMEROVA, 2015).

O Brasil apesar de já possuir registros durante investigações criminais da coleta e análise do DNA obtido em vestígios deixados nos locais de crime não registrava esses elementos genéticos em nenhum banco de dados por ausência de regulamentação legislativa a respeito do tema (MAGALHÃES, 2014). Isso mudou com a Lei 12.654/2012 no artigo 9º inseriu a lei de execução penal, tornando obrigatória a coleta de DNA dos condenados por crimes dolosos ou hediondos. Por se encaixar no processo de identificação criminal do sentenciado previsto no código penal pela Lei 7.210/84, não fere o princípio da não autoincriminação (MARTIN, 2015).

Segundo o Ministério da Justiça e Segurança Pública até maio de 2017 existiam dezoito estados mantendo bancos de DNA, além da Polícia Federal, são eles: Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Ceará, Bahia, Paraíba, Pernambuco, Goiás, Distrito Federal, Amapá, Amazonas, Pará, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul (BRASIL, 2017).

Desde o início da aplicação da lei 12.654/2012, criou-se uma discussão nos tribunais brasileiros a respeito da constitucionalidade na obtenção do material genético sem ferir o princípio da não obrigatoriedade de produção de prova do suspeito contra si, previsto na constituição. Sugerindo assim que este método não deveria conferir utilidade como prova no processo penal (MARTINS, 2013).

Por isso em maio deste ano de 2017 entre os dias 25 e 26, ocorreu uma audiência pública no supremo tribunal federal (STF) a respeito da coleta de material genético de condenados por crimes violentos ou hediondos para manutenção do BNPG contando com a presença da presidente do STF a ministra Carmem Lúcia, relator do processo ministro Gilmar Mendes e do procurador geral de justiça do estado de Minas Gerais, Odim Brandão. Além de estudiosos e profissionais da área genética

e forense internacionais e nacionais, contando também com a presença da ativistas e membros da comunidade jurídica (STF NOTÍCIAS, 2017).

Foi discutido nessa audiência o tema presente no Recurso Extraordinário (RE) 973837, cuja a defesa de um condenado alegou que a diligência quebra o princípio constitucional da não autoincriminação e o artigo 5º, inciso II, da Constituição Federal. O ministro relator concluiu o segundo dia de julgamento destacando a importância da discussão com o seguinte discurso: “As informações aqui trazidas foram extremamente importantes. É uma decisão que terá efeito sobre outros casos em tramitação no Brasil. E certamente todas as contribuições serão de muito valor para a avaliação que o tribunal fará criteriosamente sobre a questão em julgamento” (STF, 2017).

Mesmo sem ter sido finalizado o julgamento citado acima, com base em estudos realizados por Martin (2015), pode-se inferir que o registro civil deveria acrescentar ao processo de registro, a identificação genética, além da foto e impressão digital que são feitos atualmente. Não conjugando uma inconstitucionalidade e nem ferindo o princípio contra a autoincriminação, uma vez que, é realizada antes do crime e sem obrigação. De modo que a polícia apenas precisaria coletar o material ali constante e submetê-lo a prova genética.

Um exemplo da aplicabilidade da coleta de perfis genéticos é o caso que fomentou a criação do CODIS nos EUA. No ano de 1989, a americana Debbie Smith foi raptada de sua casa e estuprada no bosque atrás de sua casa. A polícia deteve um suspeito e os testes sorológicos convencionais excluíram ele. No entanto, evidências físicas da vítima foram preservadas. Em 1994 diversas agressões sexuais e estupros estavam sendo relatadas na mesma vizinhança onde Debbie Smith morava. A polícia apreendeu um suspeito e usou tecnologia genética para investigar o crime. O perfil de DNA das evidências físicas recuperadas das vítimas, assim como, as de Debbie foram comparadas com o perfil do suspeito. O suspeito, entretanto, foi excluído. Embora a polícia tivesse começado a preservar rotineiramente e documentar perfis de casos não solucionados, além de registrar os dados genéticos de criminosos envolvidos em crimes violentos no sistema, não se encontrava o suspeito do crime. Periodicamente começaram a realizar buscas no sistema dos perfis genéticos de casos não resolvidos comparando com os perfis de condenados. Logo, o estuprador de Debbie Smith foi identificado por meio de uma combinação do material confrontado

com o registrado no CODIS. O criminoso Norman Jimmerman, já se encontrava na prisão por rapto e assalto e já estava cumprindo uma sentença de 161 anos (PANNEERCHELVAM; NORAZMI, 2003).

Esse caso ocorreu há vinte e oito anos atrás e somente neste ano de 2017 pela primeira vez no Brasil, o instituto criminal em São Paulo (SP) identificou um criminoso desconhecido por comparação de perfil genético conhecido no banco de dados. Em 2013, o material do suspeito foi coletado após um assalto a um carro forte na cidade de Suzano (SP). Nessa época armazenou-se os dados sem uma identificação. Quatro anos depois, em abril de 2017 houve um assalto milionário na Ciudad del Este – Paraguai. Após uma comparação da descrição física do suspeito dos dois crimes, identificou-se o indivíduo como sendo Alcides Pereira da Silva Junior. Logo após sua localização no Paraná, um dia após o segundo crime, a polícia federal coletou saliva dele e comparou o seu perfil genético no sistema que apontou uma combinação com um dos 1.750 perfis já armazenados no BNPG, logo concluiu-se que os dois crimes tiveram a participação do mesmo suspeito em questão. Além do teste de DNA a polícia comparou as armas do crime de Suzano com um terceiro crime, ocorrido no interior de São Paulo em abril de 2013, a primeira explosão à carros fortes no Brasil, na qual o suspeito de comandar esta ação era o Alcides. (GALVÃO, 2017).

Existem também outros casos repercutidos na mídia cuja solução foi possível graças à comparação na RIBPG. Como exemplo recente pode-se citar o caso Yusllayne Teixeira Reis de 18 anos, ocorrido no dia 18 de março de 2012, na cidade Estrutural localizada no Distrito Federal (DF). Durante cinco anos a polícia não conseguiu encontrar o suspeito até comparar o material coletado encontrado na vítima morta à facadas e estupro com a RIBPG. O resultado encontrado indicou como autor do estupro Walker Fernandes Faraes, 24 anos, já condenado por outros quatro estupros, sendo um em Paracatu (MG) no ano de 2011 e os outros três em Unaí (MG), no ano de 2013. O mesmo foi acusado de cometer um homicídio no ano de 2011 em Unaí e procurou refúgio no Distrito Federal de janeiro a março de 2012. Faraes foi transferido para o DF, mas já se encontrava preso em Belo Horizonte cumprindo 19 anos e nove meses. Se somadas as penas, o criminoso ficará mais de 30 anos em custódia, por homicídio qualificado e estupro (AMADOR, 2017).

Esses exemplos mostram que apesar da burocracia e a demora na comunicação entre os bancos de dados de cada estado brasileiro, o uso desse

processo de análise é de grande utilidade, uma vez que vestígios como o sangue, são frequentes nas cenas de crime (BONACCORSO, 2005).

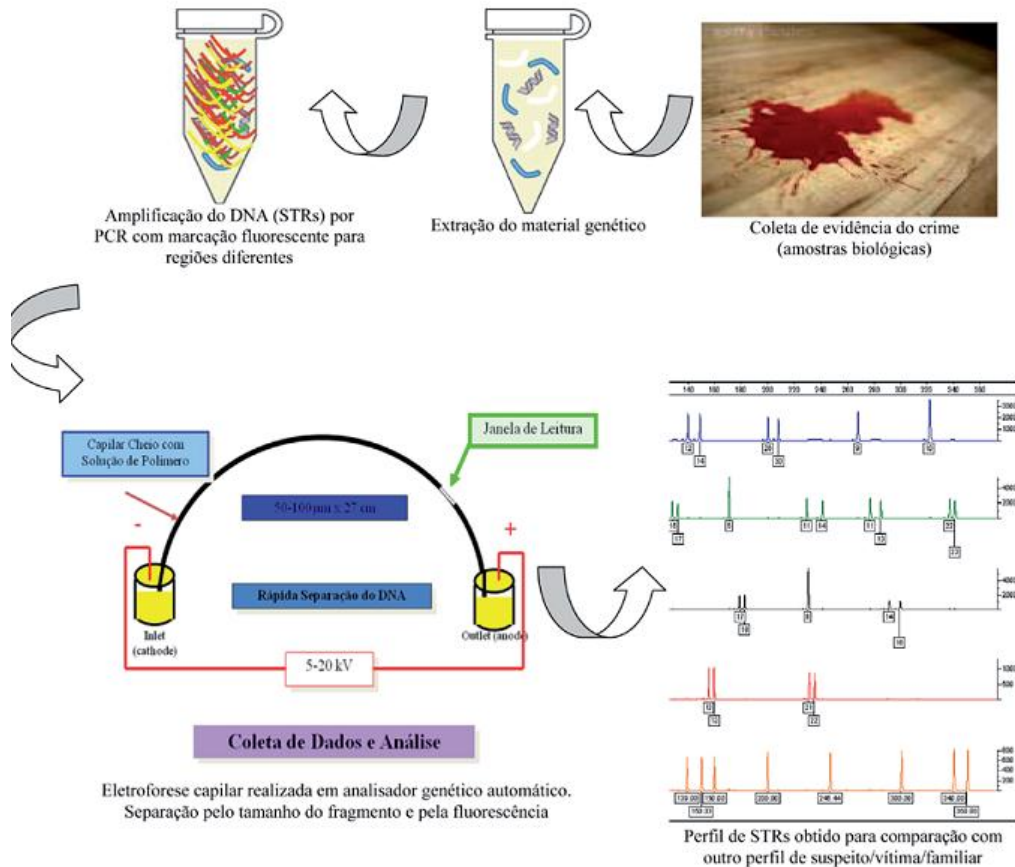
3.4. Técnica de análise dos microssatélites

Por conta de sua composição, os microssatélites podem ser amplificados principalmente pela técnica da reação em cadeia em polimerase (PCR). Essa reação se baseia na criação de cópias de *locus* utilizando-se iniciadores complementares as sequências que conduzem o fragmento de DNA a amplificar nos terminais 3' permitindo a ação da enzima *Taq* DNA polimerase na produção da cadeia complementar usando de molde cada uma das cadeias simples do DNA a ser amplificado (CAMPOS, 2015).

Antes era realizado somente o estudo em uma única região de VNTR e em casos de amostras escassas amplificava-se a sequência com apenas um iniciador complementar (Singleplex) na reação de PCR, sendo um exame eficiente para identificar uma pessoa, porém para comparação dentro do BNPG não era tão eficiente quanto seria com o VNTR. Atualmente, para a realização de uma análise associada de várias regiões STRs em uma única reação de PCR, foram desenvolvidos sistemas multiplex, no qual vários pares de iniciadores guiam paralelamente reações de amplificação, gerando produtos de múltiplos *loci*. Logo, além de otimizar o tempo da análise, reduz-se os custos (GÓES, 2002).

Para otimizar mais a interpretação dessas regiões foram desenvolvidos processos automatizados, como os sequenciadores utilizados na eletroforese capilar que separam os alelos amplificados por PCR multiplex (Representado na figura 4). Através de cálculos populacionais baseados na hereditariedade, viabilizando a vinculação genética como por exemplo, paternidade ou maternidade. Ao isolar os alelos obtidos pode-se confrontar com as amostras coletadas em locais de crime ou em vítimas de abuso sexual (GARRIDO, 2009).

Figura 4: Processamento da amostra biológica coletada para confrontação do perfil genético entre suspeito, vítima e familiar.



Fonte: GARRIDO (2009).

3.5. Microssatélites do cromossomo Y

O cromossomo Y é exclusivo de indivíduos do sexo masculino, constituído por volta de 60 milhões de pares de base. Sendo apenas uma pequena porção de seus *loci* passíveis de recombinação com o cromossomo X. Este cromossomo dispõe de duas regiões homólogas ao X, chamadas respectivamente, região pseudoautossômica 1 (PAR1) e região pseudoautossômica 2 (PAR2) encontradas em regiões distais dos braços curto e longo de ambos os cromossomos. Estas regiões representam somente 5% da sequência genômica, os outros 95% são consideradas como região não recombinante do cromossomo Y (NRY) (CRUZ et al., 2010).

Devido à baixa incidência de translocações em seu material genético, acaba funcionando como um fator único transmitido de pai para filho, facilitando a

reconstituição genética antepassada (SCHWENGBER, 2008). Os genes haplótipos herdados, podem servir de marcador quando detectado em microssatélites, sendo chamados de repetições curtas *in tandem* do cromossomo Y de (Y-STR). Estes apresentam diferentes tipos de polimorfismos acumulados, permitindo seu uso para análise evolutiva de indivíduos e outros tipos de estudos genéticos. Sendo a maioria dos polimorfismos localizados no braço longo do cromossomo (CHIANCA, 2013).

Esses marcadores moleculares ganharam recentemente um grande destaque, por ajudar não somente no estudo da linhagem parental masculina humana, mas também na diferenciação quando há uma amostra biológica misturada de fonte feminina e masculina (HAMEED et al., 2014).

Principalmente em casos de agressão sexual, a presença do material celular feminino da vítima é notavelmente maior do que o material do suspeito. Quando a mistura biológica indica mais de um tipo de marcador pode apontar mais de um colaborador do sexo masculino. Entretanto, em casos de parentesco, a detecção não é tão eficiente por não separar pessoas com a mesma linhagem paterna. A análise realizada é qualitativa, identificando as semelhanças entre o material coletado na vítima com o suspeito. Caso não haja compatibilidade total pode aferir a exclusão de um determinado indivíduo, mas não existe uma conformidade na utilização do material em corte (SILVA, 2011).

Os marcadores inicialmente utilizados para análise das características cromossômicas de um indivíduo Y foram determinados pela Y-STR Haplotype Reference Database (YHDR) são conhecidos como haplótipos mínimos, são eles: DYS19, DYS385a, DYS385b, DYS389 I, DYS389 II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393. Mais tarde a Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM) solicitou o acréscimo de mais dois microssatélites (DYS438, DYS439) a esse conjunto tornado-se deste modo os haplótipos estendidos. Além deles também se estudou o STR DYS437 (GÓIS, 2006).

Posteriormente para aumentar o poder discriminativo e estudo de linhagem genética a Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM) recomendou acrescentar-se a lista dos citados acima os seguintes marcadores: DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 e GATAH4. Atualmente existem outros laboratórios estudando novos marcadores, no entanto os kits mais utilizados na rotina

forense mundial e brasileira são o Powerplex® Y System (Promega Corporation) e AmpFISTR®Y Filer® PCR amplification kit (Applied Biosystems™, Foster City California) (SILVA, 2011).

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Analisando os temas discutidos neste trabalho, pode-se inferir que o DNA possui diversas aplicações na identificação humana, principalmente em casos de degradação ou escassez das amostras coletadas e em casos de estupros. Da mesma forma, entendo que existem diversas vantagens de se utilizar o DNA, em razão de sua alta sensibilidade capacidade discriminativa, a existência de diferentes fontes biológicas para sua obtenção, uma vez que não se faz necessário a abundância na quantidade de material encontrado. Além da capacidade analítica, ainda é resistente às condições ambientais.

Todavia, a perícia no Brasil está associada diretamente à polícia, e nem sempre há disponibilidade de peritos na hora da ocorrência, o que torna ainda mais difícil a coleta íntegra da amostra. O fato de ser considerada uma amostra altamente precisa no seu potencial de identificação no âmbito judicial, comparando-se aos demais vestígios, não faz desta a primeira opção na resolução de crimes. Isso ocorre devido ao alto custo de sua análise, pela dificuldade de translocação dos peritos criminais de um estado para o outro e a falta de garantia de não contaminação da amostra. Deste modo, torna-se essencial salientar que, apesar dos obstáculos, para um futuro melhor e mais seguro da população é de suma importância investir-se em condições ideais para realizar-se exames genéticos, na melhoria da preservação das amostras biológicas da cena de delito e no banco de dados nacional de perfis genéticos que é de grande ajuda tanto na resolução de delitos graves quanto em casos de indivíduos desaparecidos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMADOR, J.G. **Polícia Civil usa banco de DNA e desvenda estupro e morte de jovem.** Jornal Metrôpoles, Brasília- DF. Portal Metrôpoles Distrito Federal Segurança, mar.2017. Disponível em: <https://www.metropoles.com/distrito-federal/seguranca-df/policia-civil-usa-banco-de-dna-e-desvenda-estupro-e-morte-de-jovem>. Acessado em: 12 nov.2017.

AGOSTINHO, L.A. et al. Construção de sistema Multiplex utilizando cinco marcadores genéticos do tipo mini-STR (short-amplicons) para identificação humana por análise de DNA. **Revista Científica da Faminas**, Muriaé, v. 7, n. 3, p. 11-41, set./dez. 2012

ARAÚJO, M.E.C.; PASQUALI, L. **Histórico dos processos de identificação.** 2.ed. Instituto de identificação do Paraná, 2006. Disponível em: <http://www.institutodeidentificacao.pr.gov.br/arquivos/File/forum/historico_processos.pdf>. Acesso em: 13 jun. 2016.

BALLANTYNE, K.N. et al. A new future of forensic Y-chromosome analysis: Rapidly mutating Y-STRs for differentiating male relatives and paternal lineages. **Forensic Science International Genetics**, Amsterdam, v. 6, n. 2, p. 208-218, mar. 2012.

BASSO, M.A. **A identificação criminal por meio da coleta de material genético: benefícios e constitucionalidade da Lei nº 12.654/12.** 2014. 80f. Dissertação de monografia de conclusão de curso da faculdade de Direito da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), 2014.

BATISSOCO, A.C.; NOVARETTI, M.C.Z. Aspectos moleculares do Sistema Sanguíneo ABO. **Revista Brasileira Hematologia e Hemoterapia.**, São Paulo, v. 25, n.1, p. 47-58, jan./mar. 2003

BONACCORSO, N.S. **Aplicação do exame de DNA na elucidação de crimes. 2005.** 156f. Dissertação de Mestrado da Faculdade de Direito. Universidade de São Paulo, 2005.

BUTLER, J.M. **Forensic DNA Typing.** Biology, Technology, and Genetics of STR Markers. Burlington: Elsevier Academic Press, 2005.

BUTLER, J.M. **Genetics and Genomics of Core Short Tandem Repeat Loci Used in Human Identity testing.** BioTechniques.p.43: n.4. 2006.

BUTLER, J.M. Short Tandem Repeat (STR) Loci and Kits, in *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology (2ªedição)*, pp. 99-139. **Elsevier.** Maryland, Estados Unidos América.2012.

BRASIL, Lei nº 12.654. **Diário Oficial da União.** Maio, 2012. Disponível em: <<https://www.jusbrasil.com.br/diarios/DOU/2012/05/29>>. Acessado em: 18 de nov. 2017.

BRASIL, Ministério da Justiça e Cidadania. **V Relatório da rede integrada de bancos de perfis genéticos (RIBPG)**. Nov.2016. Disponível em: <<http://www.justica.gov.br/sua-seguranca/ribpg/relatorio/v-relatorio-da-rede-integrada-de-bancos-de-perfis-geneticos-novembro-2016/view>>. Acessado em: 16 de fev.2017.

BRASIL, Ministério da Justiça e Cidadania. **VII Relatório da rede integrada de bancos de perfis genéticos (RIBPG)**. Maio. 2017. Disponível em: <<http://www.justica.gov.br/sua-seguranca/ribpg/relatorio/vi-relatorio-da-rede-integrada-de-bancos-de-perfis-geneticos-versao-final.pdf>> Acessado em: 17 de abr.2017.

CASTRO, T.S. **Identificação de impressões digitais baseada na extração de minúcias**. XIX, 99f. Mestrado em Engenharia Elétrica. Dissertação - Universidade Federal de Juiz de Fora ((UFJF). Juiz de Fora, 2008.

CAMPOS, J.O. **A utilização de marcadores moleculares aplicados na identificação humana**. 2015.25f. Tese de conclusão de curso de bacharelado em Biomedicina do Centro Universitário de Brasília –UniCEUB. Brasília. 2015.

CHIANCA, C.F. **Diversidade haplotípica de 23 y-strs em uma amostra da população do distrito federal (brasil) - um território que surgiu do nada a realidade**. Tese de Mestrado da Universidade de Brasília. Brasília. Dez. 2013.

CHISTIAKOV, D. A., B. HELLEMANS and F. A. M. VOLCKAERT. **Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: a review with special reference to fish genetics**. *Aquaculture* **255**: 1–29. 2005.

CORAZZA, T.A.M.; CARVALHO, G.M. A Identificação Genética dos Civilmente Identificáveis como Meio de Prova de Autoria. **Revista Jurídica Cesumar** - Mestrado, v. 14, n. 2, p. 413-434, jul. /dez. 2014.

CRUZ, A.S.P et al. Análise de Marcadores Microssatélites Localizados no Cromossomo Y (Y-STR) de Indivíduos Expostos ao Césio-137. **Estudos**. Portal de Revistas Eletrônicas da PUC Goiás. Goiânia v. 37, n. 6, nov. /dez. 2010.

DECANINE, Daniele. O papel de marcadores moleculares na genética forense. **Revista Brasileira de Criminalística**, [S.l.], v. 5, n. 2, p. 18-27, jul. 2016. ISSN 2237-9223. Disponível em: <<http://rbc.org.br/ojs/index.php/rbc/article/view/123>>. Acesso em: 23 out. 2017.

DE ANDRADE A.L.; PARADELA, E. R.; PAIVA, C. L. A.; FIGUEIREDO, A. L. **Construção de sistema Multiplex utilizando cinco marcadores genéticos do tipo mini-STR (short-amplicons) para identificação humana por análise de DNA**. *Revista científica da faminas*, v. 7, n. 3, 2012

DEL-CAMPO, E.R.A. **Exame e levantamento técnico pericial de locais de interesse à justiça criminal: abordagem descritiva e crítica**. 2009. 276F. Dissertação de Mestrado em Direito Penal - Faculdade de Direito, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2009.

DOREA, L.E.C.; STUMVOLL, V.P.; QUINTELA, V. **Criminalística**. 4ed. Campinas: Millennium, 2010.

D'URSO, L.F.B. O Brasil e a criação do banco de dados genéticos. **Revista Jurídica Consulex**. Ano XVII, v. 12, n. 389, p. 30-31, abr. 2013.

EMMEROVA, B.; EHLER, E.; VANEK, D. **Missing population studies on the new European Standard set loci (ESS) and its impact on population statistics**. Praga. Nov.2015.

FERNANDES, I.L. **Estimativa da taxa de mutação de marcadores STRs do cromossomo Y em uma amostra da população brasileira e sua importância no processo de identificação humana**. 67 f.PUC-Goiás. Goiânia, 2015.

FRASCIONE N., THOROGATE R., DANIEL B., JICKELLS S. **Detection and identification of body fluid stains using antibody-nanoparticle Conjugates**. *Analyst*. 137: 508–512, 2012.

FRUMKIN, D.; WASSERSTROM A, DAVIDSON A, GRAFIT A. Authentication of forensic DNA samples. **Forensic Science International: Genetics**, Amsterdam, V. 4, Issue 2, pages 95 – 103. 2010.

GALVÃO, C. **Polícia de SP identifica bandido a partir de comparação de DNA pela primeira vez**. Tv Globo, São Paulo. Portal do G1 Notícias, jun. 2017. Disponível em: <<http://g1.globo.com/sao-paulo/noticia/policia-de-sp-identifica-bandido-a-partir-de-comparacao-de-dna-pela-primeira-vez.ghtml>>. Acesso em: 15 jun. 2017.

GARRIDO R.G. **Evolução dos Processos de Identificação Humana: das Características antropométricas ao DNA**. *Genética na Escola*. 05(02): 38-40 (2009). www.sbg.org.br

GÓES, A. C. S. **Análise de regiões polimórficas do DNA com o objetivo de estabelecer vínculos genéticos, identificar restos mortais ou realizar perícias criminais**. *Revista do Biomédico*, v. 65, 2002. Disponível em: <http://www.crbrm1.com.br/bio65/artigocien_65.asp>.

GÓIS, C.C. **Estudo de frequências alélicas de 12 microssatélites do cromossomo Y na população brasileira de Araraquara e da região da grande São Paulo**. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo. 2006.

HAMEED, I. H., JEBOR, M. A., OMMER, A. J., YOKE, C., ZADIAN, H. K., AL-SAAD, A. H., & ABDULAZEEZ, M. A. Genetic variation and DNA markers in forensic analysis. **African Journal of Biotechnology**, 13(31), 2014.

HANCOCK, J.M. **Microsatellites and other simple sequences: Genomic context and mutational mechanisms**. In: GOLDSTEIN, D.B. and SCHLÖTTERER, C. (eds) *Microsatellites: Evolution and Applications*. Oxford University Press, New York, pp 1-9. 1999.

HILL, C. R. et al. Characterization of 26 miniSTR loci for improved analysis of degraded DNA samples. **Journal Forensic Science**, v. 53, n. 1, p. 73-80, jan. 2008.

JOBLING M.A., TYLER-SMITH C. **The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age**. *Nat Rev Genet*. 4: 598-612, 2003.

JUUSOLA J., BALLANTYNE J. Multiplex mRNA profiling for the identification of body fluids. **Journal Forensic Science**. Int. 152: 1-12, 2005.

LEITE, V.S. *et al.* **Uso das técnicas de biologia molecular na genética forense**. 2013. Dissertação de Mestrado em Perícias Forenses na Faculdade de Odontologia da Universidade de Pernambuco (FOP-UPE). Camaragibe (PE): 2013.

LEWIS, R. **Genética Humana : conceitos e aplicações**. 5ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2004.

LYNCH, M. **God's signature: DNA profiling, the new gold standard in forensic science**. Endeavour, v. 27, n. 2, p. 93-7, jun. 2003.

MAGALHÃES, N.A. **A instalação de bancos de dados genéticos para fins criminais no Brasil: instrumento de redução criminal ou controle social na sociedade do risco?** 138 f. Dissertação. (Mestrado em Direito) – Escola de Direito, Universidade Vale do Rio Sinos. São. Leopoldo. 2014.

MALLMITH, D.M. **Local de crime**. Apostila da Rede nacional de educação à distância disponibilizada pela Secretaria Nacional de Segurança Nacional Pública (Rede EAD-SENASP) – 66f. Porto Alegre, 2007.

MARIUZZO, P. **Institutos de perícia usam biologia molecular na investigação policial**. Cienc. Cult, São Paulo, v. 59, 2007.

MARTIN, M.A. Análise da Lei 12.654/12: Uma abordagem a favor da identificação genética do réu. **Jusbrasil**. 22p. out. 2015. Disponível em: <https://miguelmartin.jusbrasil.com.br/artigos/173947664/analise-da-lei-12654-12-uma-abordagem-a-favor-da-identificacao-genetica-do-reu> . Acessado em 14 de out.2017.

MARTINS, C.R. **A lei 12.654/2012 em face da Constituição da República de 1988**. 2013. Tese de Monografia do curso de bacharelado em Direito pela Faculdade de Ciências Jurídicas e Sociais/FAJS do Centro Universitário de Brasília – UNICEUB. Brasília, 2013.

MIAH, G.; Rafii, M.Y.; Ismail, M.R.; Puteh, A.B.; Rahim, H.A.; Islam, Kh N.; Latif, M.A. **A Review of Microsatellite Markers and Their Applications in Rice Breeding Programs to Improve Blast Disease Resistance**. Int J Mol Sci. Nov 14;14(11):22499-528. 2013.

MIKO, I. Gregor Mendel and the principles of inheritance. **Nature Education** 1(1):134. (2008). Disponível em : <https://www.nature.com/scitable/topicpage/gregor-mendel-and-the-principles-of-inheritance-593> Acessado em 22 de jun de 2017.

MORETTI T.R., Moreno L.I., Smerick J.B., Pignone M.L., Hizon R., Buckleton J.S., Bright J.-A., Onorato A.J. Population data on the expanded CODIS core STR loci for eleven populations of significance for forensic DNA analyses in the United States. **Forensic Science International: Genetics**, 25, pp. 175-181. 2016.

NUCCI, G.S. **Provas no processo penal**. 4a. ed. Rio de Janeiro: Editora Forense, 2015. v. 1. 310p .

OLIVEIRA, J. L. M. **Perícia e investigação criminal: uma proposta de melhoria do modelo organizacional visando a otimização de resultados.** Rio de Janeiro: 2013.158f.

PANNEERCHELVAM, S; NORAZMI, MN. Forensic DNA profiling and database. **Malaysian Journal of Medical Sciences.** 10: 20-26 Medline. 2003.

PARADELA E.R.; FIGUEIREDO, A.L.S.; SMARRA, A.L.S. REAVALIAÇÃO DE EVIDÊNCIAS BASEADAS EM ANÁLISES DE DNA. **Revista de Criminologia e Ciências Penitenciárias**, [S.l.], v. 2, n. 2, jun. 2012. ISSN 2238-1678. Disponível em: <<http://sospsiquiatria.com/newsite/index.php/COPEN/article/view/110>>. Acesso em: 12 jun. 2017.

PENA, S.D.J. **Segurança Pública: Determinação De Identidade Genética Pelo Dna. Parcerias estratégicas** 20: 447- 460p. Seminários temáticos para a 3ª Conferência Nacional de C,T&I. Junho, 2005.

QUEIROZ, P. R. M. **Conceitos de DNA forense aplicados à identificação humana.** 1 ed. Curitiba: Appris, 2012.

ROEWER L., NOTHNAGEL M., GUSMÃO L., et al. Continent-Wide Decoupling of Y-Chromosomal Genetic Variation from Language and Geography in Native South Americans. **Plos Genetics.** United States of America 9 (4): 1-16, 2013.

RODENBUSCH, R. **Freqüências e distribuição haplotípica de STRs do cromossomo Y em indivíduos do Rio Grande do Sul.** 2008. 80f. Dissertação de mestrado da Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Programa de Pós-Graduação em Medicina: Ciências Médicas. Rio Grande do Sul.

SANTOS F.R., CARVALHO-SILVA D.R., PENA S.D.J. (1999). **PCR-based DNA Profiling of Human Y Chromosomes.** In: Epplen J.T., Lubjuhn T. (eds) DNA Profiling and DNA Fingerprinting. Methods and Tools in Biosciences and Medicine. Birkhäuser, Basel. Belo Horizonte, Brasil: 1999.

SILVA, C.I.V. **Métodos Estatísticos para análise de Y-STRs em Genética Forense.** Tese de mestrado em bioestatística da Universidade de Lisboa. Portugal, Lisboa. 2011.

SOUZA, J.M.; QUEIROZ, P.R.M. Coleta e preservação de vestígios biológicos para análises criminais por DNA. **Ensaio e Ciência - Ciências Biológicas, Agrárias e da Saúde**, v. 16, n. 3, 2012.

SUPREMO TRIBUNAL FEDERAL, STF. Notícias STF. **Presidente do STF e ministro Gilmar abrem audiência pública sobre coleta de DNA.** Maio.2017. Disponível em: <<http://www.stf.jus.br/portal/cms/verNoticiaDetalhe.asp?idConteudo=344396>>. Acessado em: 05 nov. 2017.

SUPREMO TRIBUNAL FEDERAL, STF. **905 - Constitucionalidade da inclusão e manutenção de perfil genético de condenados por crimes violentos ou por crimes hediondos em banco de dados estatal.** Maio-nov.2017. Disponível em: <<http://www.stf.jus.br/portal/jurisprudenciaRepercussao/verAndamentoProcesso.asp>>

?incidente=4991018&numeroProcesso=973837&classeProcesso=RE&numeroTema=905 >. Acesso em: 10 nov.2017.

SCHWENGBER, S.P. **utilização de marcadores de cromossomo y como ferramenta visando a elucidação de casos de crimes sexuais na genética forense**. Tese de pós-graduação da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. Porto Alegre.2008.

VIRKLER, K. LEDNEVI, K. Analysis of body fluids for forensic purposes: From laboratory testing to non-destructive rapid confirmatory identification at a crime scene. **Forensic Science International**. 188: 1–17, 2009.

VOSGERAU, R.D.S.; ROMANOWSKI, J.P. Estudos de revisão: implicações conceituais e metodológicas. **Revista Diálogo Educacional**, v. 14, n. 41, 2014.

WALSH, S. J. Recent advances in forensic genetics. **Expert Rev Mol Diagn**, v. 4, n. 1, p. 31-40, jan. 2004.