

**PERFIL GENÉTICO CRIMINAL: DNA COMO FERRAMENTA FUNDAMENTAL
NA RESOLUÇÃO DE *COLD CASES***
*CRIMINAL GENETIC PROFILE: DNA AS A FUNDAMENTAL METHOD IN COLD CASES
RESOLUTION.*

RAMOS, Maria Gabriela da Silva¹; PINHEIRO, Pollyana Natale Cerimele¹; DA SILVA,
Rafael Ferreira¹, ¹Discente do curso de BIOMEDICINA - Universidade São Francisco;
¹Professor do curso de BIOMEDICINA - Universidade São Francisco

pollyana.cerimele@gmail.com

RESUMO

Os muitos estudos que surgiram ao longo dos anos desde a descoberta do DNA levaram a ciência forense a outro patamar, possibilitando a identificação criminal com base nos fluidos encontrados nas cenas dos crimes. Através de diversas metodologias é possível fazer a identificação de indivíduos mesmo em amostras degradadas, misturadas ou contendo pouco material genético. Estes estudos trouxeram a possibilidade de abrir casos que por falta de provas haviam sido arquivados, os *cold cases*. No Brasil o decreto nº 7950/2013 possibilitou a implementação da Rede Integrada de Perfis Genéticos e do Banco Nacional de Perfis Genéticos, tendo contribuído muito para a coleta de amostras e contínuo cruzamento de informações. Após a aprovação da Lei 13.964/2019, houve um grande crescimento no número de amostras coletadas nos presídios do Brasil, o que levou ao encerramento do caso de R.M.L.O.G, estuprada e assassinada em Curitiba, no ano de 2008, aos 9 anos de idade. O crime foi solucionado 11 anos depois, em consequência do cruzamento de informações entre os laboratórios de genética forense espalhados pelo Brasil. O uso do DNA para identificação criminal se torna muito relevante, uma vez que, pela sua característica singular, difere todos os seres humanos. Pode-se concluir que a sua implementação é de extrema importância no auxílio à justiça, e a credibilidade dos resultados são indiscutíveis.

Palavras-chave: identificação criminal; DNA; *cold cases*; banco nacional de perfil genético.

ABSTRACT.

The many studies that have emerged over the years since the discovery of DNA have taken forensic science to the next level, allowing criminal identification based on fluids found at crime scenes. Through several methodologies it is possible to identify samples, even containing degraded samples or little genetic material. These studies brought the possibility of opening cases that had been shelved for lack of evidence, the cold cases. In Brazil, Decree No. 7950/2013 made it possible to implement the Integrated Network of Genetic Profiles and the National Bank of Genetic Profiles, having contributed greatly to the collection of samples and continuous cross-referencing of information. After the approval of Law 13.964/2019, there was a large increase in the number of samples collected in prisons in Brazil, which led to the closing of the case of R.M.L.O.G, raped and murdered in Curitiba in 2008, aged 9. The crime was solved 11 years later, after information was crossed between forensic genetics laboratories around Brazil. The use of DNA for criminal identification becomes very relevant, since, by its unique characteristic, it differs from all human beings. It can be noted that its implementation is of utmost importance in the outcome to justice, and the credibility of the are indisputable.

Keywords: criminal identification; DNA; *cold cases*; national genetic profile bank.

INTRODUÇÃO

Nos últimos 150 anos a ciência forense deu um grande salto através de métodos de investigação cada vez mais eficazes. O encontro da ciência forense com a justiça criminal possibilitou ao longo dos anos diferentes metodologias para a investigação e elucidação de crimes (PARKER; VRONSKY, 2015).

Quando se fala em identificação criminal o DNA se apresenta como ferramenta relevante e tem mostrado resultados positivos desde a sua implementação no sistema judicial internacional no fim do século passado, países como a Inglaterra e Estados Unidos que iniciaram a coleta de material genético em meados dos anos 90, possuem um banco de perfis genéticos muito eficientes com altas taxas de resolução criminal (QUEIROZ, 2020). No Brasil a identificação criminal através do perfil genético se deu a partir de 2012 através da promulgação da Lei 12.654/2012, e segundo dados do XV Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (2021), o Brasil possui 136.369 perfis genéticos cadastrados, sendo 104.076 perfis de condenados criminalmente (CG-RIBPG, 2021).

Em 2019, o então Ministro da Justiça, Sérgio Moro apresentou um projeto de lei que previa endurecer as leis penais e o processo penal, a Lei 13.964/2019, que mais tarde passou a ser conhecida como “pacote anti crime”. Dentre as modificações estava a obrigatoriedade dos condenados por crimes dolosos praticados com violência grave, em fornecer o seu material genético, tornando a negativa destes, uma falta grave (BRASIL, 2012). Isso contribuiu para o crescente aumento dos perfis genéticos criminais no país nos últimos três anos, expandindo cada vez mais a hipótese de solucionar tanto casos que estão sob investigação, quanto casos que por falta de evidências foram arquivados (CG-RIBPG, 2021).

Através do banco de perfil genético é possível armazenar material genético dos vestígios das cenas dos crimes e posteriormente confrontá-los com o perfil genético dos suspeitos ou dos condenados, sendo possível mesmo após muitos anos encontrar o autor do crime através do cruzamento de informações (RIBPG, 2020). Por esse motivo, a análise do DNA se torna peça fundamental para solucionar os *cold cases* (PARKER; VRONSKY, 2015). Como exemplo, podemos citar o caso de R.M.L.O.G, estuprada e assassinada aos 9 anos de idade em 2008, na cidade de Curitiba/PR. O caso foi solucionado 11 anos após o crime, depois do cruzamento de informações entre os estados do Paraná e São Paulo e o Distrito Federal (R7, 2015).

Segundo o princípio de Locard (1932) “todo contato deixa vestígios” onde inevitavelmente o autor do crime traz algo para a cena do crime e leva algo consigo. A molécula de DNA se apresenta em todas as células do nosso corpo, sendo facilmente encontrada no ambiente e nos objetos em que tocamos, portanto, um vestígio criminal fácil de ser encontrado (PARKER; VRONSKY, 2015). Uma única molécula de DNA é responsável por carregar todas as informações de um indivíduo, não havendo a possibilidade de dois indivíduos terem 100% de compatibilidade no seu material genético, com exceção de gêmeos monozigóticos, entretanto, neste último caso a análise de polimorfismos de nucleotídeo único tem se mostrado eficiente na diferenciação de gêmeos monozigóticos, já sendo possível diferenciar um irmão gêmeo do outro (ANTONIO et al., 2017). Sendo assim, o DNA se torna uma assinatura única capaz de isolar os mais de 7 bilhões de pessoas no mundo, se tornando uma prova incontestável (SOUZA et al., 2020).

METODOLOGIA

Para a realização deste trabalho foram adotadas referências bibliográficas. Entre livros, artigos, leis e notícias sobre o tema, foram pesquisados em Pubmed, Google Acadêmico, Scielo e Google, utilizando “cold cases”, “perfil genético criminal”, “DNA criminal” e “banco nacional de perfil genético” como palavras chaves na busca. A seleção dos títulos foi do período de 1985 até o presente ano de 2022. Os textos escolhidos foram nos idiomas português e inglês. Após a seleção dos textos incluídos na pesquisa, eles foram lidos, traduzidos e resumidos, selecionando os artigos que mais se relacionavam com o assunto, excluindo os demais sem relevância. Dessa forma, após o levantamento da revisão bibliográfica procedeu a análise e estudo para a realização do presente trabalho.

DNA: CONCEITO E ESTRUTURA

No século XX, quando foi dado início às pesquisas sobre o DNA, cientistas ficaram intrigados em como a molécula copiava e transmitia informações para as células sem sofrer alterações (SOUZA et al.,2020). As informações contidas nele são responsáveis por definir nossas características, como a cor da pele, olhos, cabelo, altura, tipo sanguíneo e outras diversas características, tudo sendo possível pela sua estrutura (CASTAN, 2016).

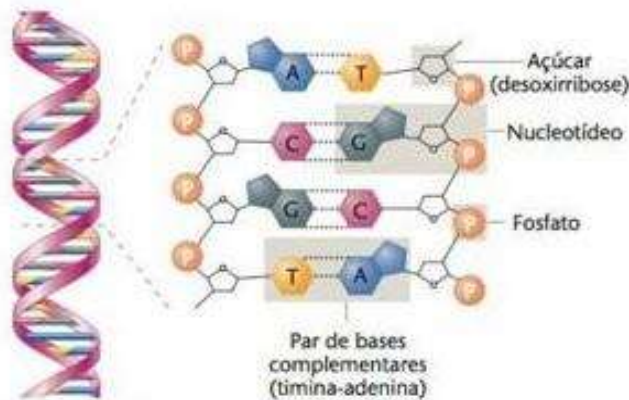
Os cientistas James D. Watson e Francis H. Crick fizeram a decifração da estrutura desse ácido e observaram que molécula é composta por duas cadeias de nucleotídeos que formam uma dupla hélice, pois são cadeias opostas e antiparalelas, sendo uma no sentido 5´-3´ e a outra 3´-5´ (SOUZA et al.,2020).

As quatro bases nitrogenadas ao longo da molécula do DNA, são conhecidas como Adenina, Timina, Citosina e Guanina, sendo elas: ATCG, essas letras codificam toda informação genética, sendo A ligadas a T e C ligadas a G (SOUZA et al.,2020).

No ácido nucléico existem dois tipos de bases nitrogenadas, as pirimidinas que contém um único anel e a purina que contém dois anéis. São as pirimidinas diferentes, timina e citosina, e duas purinas diferentes, guanina e adenina, sendo que uma pirimidina em uma cadeia é sempre pareada com uma purina na outra cadeia (SOUZA et al.,2020).

A molécula de DNA é responsável por levar a informação através dos cromossomos, cada ser humano possui 46 pares de cromossomos, sendo 23 do pai e 23 da mãe (QUEIROZ, 2020). O genoma é único e contém toda informação genética que está presente em um conjunto de cromossomos humanos, estes são responsáveis pela transmissão e expressão dessa informação (SOUZA et al.,2020).

A vida depende do funcionamento dessas informações genéticas e transmissões para nos manter vivos. Somos capazes de carregar em nosso DNA informações que serão passadas aos nossos descendentes, geração após geração (SOUZA et al.,2020).



Fonte: Klug, et al. (2010).

FIGURA 1. Estruturas do DNA. Dupla fita em hélice (à esquerda) e os seus componentes químicos que compõem cada fita (à direita).

PRINCIPAIS TÉCNICAS PARA IDENTIFICAÇÃO UTILIZADAS EM GENÉTICA FORENSE

A genética forense foi se desenvolvendo aos poucos, e após a descoberta do sistema ABO sanguíneo feita por Landsteiner em 1900, a realização da identificação humana passou a ter uma base mais sólida (DIAS FILHO; MENEZES; FRANCEZ, 2020). Mas foi Lattes, que em 1915 realizou o primeiro teste anti-ABO, que acabou se tornando o principal método para identificação criminal da época (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018). Edmond Locard em 1910, propôs a teoria da troca de Locard “todo contato deixa vestígios”, abrindo portas para a ciência moderna. Já em 1926, Thomas Hunt Morgan propôs a teoria cromossômica da herança, indicando as estruturas celulares que são responsáveis por carregar os genes, e consequentemente a herança genética. Com a descoberta da dupla hélice do DNA em 1953, os estudos passaram para o campo da biologia molecular, que foi se aprimorando década após década até os dias de hoje (DIAS FILHO; MENEZES; FRANCEZ, 2020).

DNA MITOCONDRIAL (mtDNA)

O DNA mitocondrial (mtDNA) é encontrado dentro das organelas celulares, nas mitocôndrias, estas são localizadas no citoplasma, onde produzem a energia necessária para as funções metabólicas. Embora a maior parte do DNA possa ser encontrado no núcleo da célula, as mitocôndrias abrangem uma pequena parte de DNA, cerca de 16.500 pb, sendo uma herança exclusivamente materna (MENCK, 2017).

A análise de mtDNA é altamente eficaz em amostras degradadas, e por esse motivo tem vantagens sobre outros métodos de análise de DNA. Ele pode ser obtido a partir de fios de cabelo, bem como em depósitos de cálcio: dentes e ossos envelhecidos (PARKER; VRONSKY, 2015). A análise de mtDNA é eficaz para investigação de cold cases, onde em razão do tempo decorrido, as amostras tenham sofrido alguma degradação. Embora a PCR ainda permita a replicação em

amostras degradadas, amostras como sangue e semên não resistem muito a ação do tempo, principalmente se o arquivamento das mesmas não tiver sido realizado de maneira adequada. Fios de cabelo, ossos e dentes resistem por mais tempo, e utilizando a técnica de mtDNA podem ser a chave para resolução de crimes. É importante destacar que parentes maternos (mães, avós) possuem mtDNA idênticos, permitindo assim a contínua análise e comparação de amostras, auxiliando também em investigações de desaparecidos e não identificados (U.S. DEPARTMENT OF JUSTICE, 2002).

CROMOSSOMO Y

Marcadores do cromossomo Y são herança exclusiva paterna, transmitidos pelo pai somente aos descendentes do sexo masculino (PARKER; VRONSKY, 2015). O cromossomo Y possui 3 regiões, destas, 2 muito semelhantes ao cromossomo X e passíveis de recombinação. A terceira região do cromossomo Y é exclusiva e não sofre recombinação com o cromossomo X, sendo passada de geração em geração sem grandes chances de alteração. Portanto, homens de uma mesma família apresentam o mesmo padrão de herança genética na região do cromossomo Y (KOCH; ANDRADE, 2008).

Vários marcadores foram observados no cromossomo Y, sendo a sua análise um método muito eficiente para identificar amostras de DNA masculino misturadas (U.S. DEPARTMENT OF JUSTICE, 2002). A maior parte desses marcadores não sofrem recombinação, os diferentes STRs (microsatélites) são passados em blocos inalterados para a próxima geração, sem que haja alguma mutação (KOCH; ANDRADE, 2008).

Em 2013, após quase 50 anos do crime, a polícia de Boston anunciou o encerramento de um caso que teria acontecido em 1964, a vítima, uma mulher de 19 anos que teria sido estuprada e estrangulada pelo assassino A.D.S, conhecido como “estrangulador de Boston”. Como o assassino havia morrido em 1973, um exame recente de DNA feito com amostra do sobrinho de A.D.S coincidiu com a amostra encontrada no corpo da vítima, reafirmando a culpa de A.D.S., elucidando o caso (BBC NEWS BRASIL, 2013).

POLIMORFISMOS GENÉTICOS: SNP, RFPL, VNTR, STR

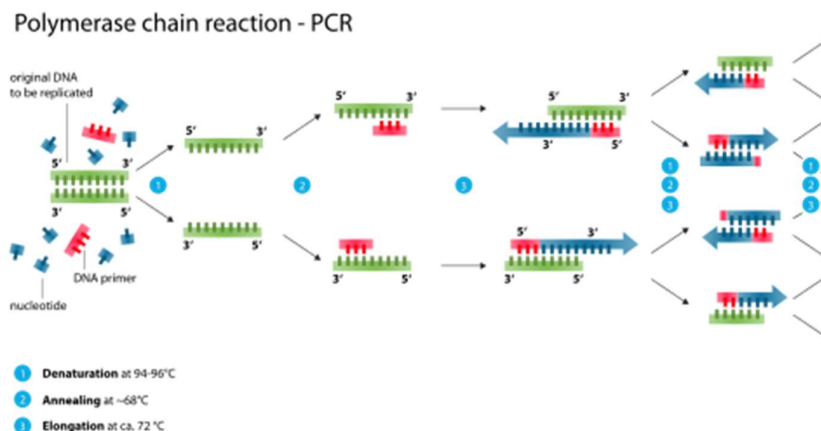
O DNA permite com que os seres humanos sejam únicos, de modo que ninguém no mundo compartilhe do mesmo genoma. Cerca de 0,01 % do DNA dos indivíduos apresentam diferenças, pode parecer insignificante, mas isso quer dizer que existam cerca de 3 milhões de diferenças entre o genoma de um indivíduo e de outro. Essas diferenças dão origem a variabilidade genética e está diretamente relacionada aos polimorfismos (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018). Entende-se por polimorfismos toda variabilidade genética que ultrapassa 1% da população, a sua frequência é maior e não são prejudiciais, ou são prejudiciais mas não o suficiente para afetar o desenvolvimento normal. Os polimorfismos são uma fonte muito rica de variabilidade genética, e é esse tipo de variabilidade que nos faz geneticamente diferentes uns dos outros (ZAVALHIA; MARSON; RANGEL, 2018).

POLIMORFISMO DE NUCLEOTÍDEO ÚNICO (SNP)

Milhões de células novas são produzidas todos os dias no nosso corpo, isso acontece porque as células vão morrendo e precisam ser repostas. Durante esse processo alguns erros podem acontecer, algum nucleotídeo é deixado para trás, adicionado ou substituído, essas variações podem gerar mudanças físicas e serão passadas de geração em geração. Substituições de nucleotídeos únicos dão origem aos SNPs (ZAVALLIA; MARSON; RANGEL, 2018). Os SNPs, são polimorfismos de nucleotídeo único, pequenas variações de apenas um nucleotídeo que podem ocorrer no DNA, geralmente são encontrados a cada 300 nucleotídeos (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018). Os polimorfismos ocorrem, muitas vezes, em regiões codificadoras e são responsáveis pelas características fenotípicas do indivíduo. Essa técnica tem se mostrado eficiente na identificação de vítimas e identificações criminais, pois pode ser utilizada para mapeamento genético (FORENSE, Equipe, 2013).

A técnica mais utilizada para identificação de SNPs é a PCR-RFLP seguida pela leitura em eletroforese. Na PCR-RFLP o gene de interesse no qual existe o polimorfismo é ampliado, replicando o gene em milhares de cópias iguais das quais se originou, em seguida é cortada por uma enzima de restrição que reconhece o DNA bem no ponto em que ocorre a SNP, gerando fragmentos de DNA de tamanhos diferentes. Através dos tamanhos dos fragmentos é possível observar se existem, ou não, polimorfismos por meio da eletroforese. Este marcador pode ser utilizado para identificação de genes. A PCR-RFLP já foi muito utilizada, porém nos dias atuais a PCR em tempo real para genotipagem de SNPs vem sendo substituída, onde o gene-alvo é replicado através de primers específicos (ZAVALLIA; MARSON; RANGEL, 2018).

Em 1983, Kary Mullis inventou a técnica de PCR (*Polymerase Chain Reaction*), (FIGURA 2) que revolucionou os estudos com o DNA, ela permite com que uma pequena quantidade de material genético se amplifique em milhares de cópias idênticas das que se originou, e também permite a análise de cópias idênticas de sequências específicas de DNA. Os primers iniciadores cercam a região de interesse, onde o DNA já foi desnaturado se tornando 2 fitas simples, e através da enzima polimerase faz cópias dos genomas das células permitindo com que ela se multiplique milhares de vezes (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018).

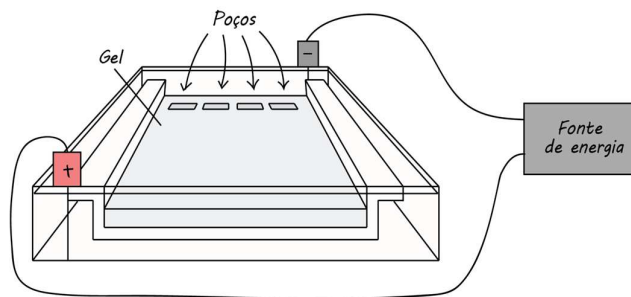


Fonte: bccbio.commonsgc.cuny.edu

Figura 2. Reação em cadeia da polimerase. Desnaturação do DNA (à esquerda) logo em seguida o anelamento do primer sinalizando onde deve iniciar o processo de replicação, seguido do processo de alongamento e complementação da fita de DNA (à direita).

POLIMORFISMO DE COMPRIMENTO DE FRAGMENTO DE RESTRIÇÃO (RFLP)

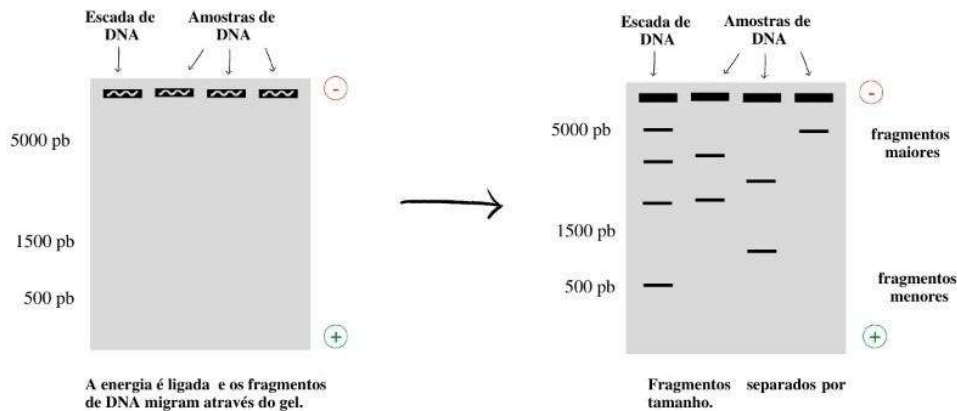
A RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) foi utilizada por peritos na Inglaterra, sendo responsável por elucidar o primeiro crime utilizando marcadores moleculares (FORENSE, Equipe, 2013). Através da técnica que Jeffrey nomeou como “tesoura de DNA”, no RFLP são utilizadas enzimas de restrição que cortam o DNA em regiões específicas, contornando os VNTRs (BUTLER, 2005). Em seguida, a leitura é feita por eletroforese em gel (FIGURA 3), onde é possível observar diferentes tamanhos de bandas de DNA de acordo com a repetição de alelos do material genético (Figura 4) (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018). A técnica de RFLP foi muito utilizada, porém era uma técnica trabalhosa e ineficiente em amostras degradadas (BUTLER, 2005). Além de dependerem de uma grande quantidade de DNA, a sua interpretação era bastante difícil (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018).



Fonte: bccbio.commonsgc.cuny.edu

FIGURA 3. Imagem representativa da eletroforese em gel . O material genético é inserido nos poços, abaixo dele o gel, onde será possível visualizar a migração do DNA, logo abaixo a solução tampão, em cada extremidade há um pólo, onde ocorre a migração do DNA do polo negativo para o positivo.

A eletroforese é uma técnica indispensável para os estudos da biologia molecular, ela separa as moléculas de uma mistura, migrando as estruturas de um campo para outro sob influência de um campo elétrico. O fragmento de DNA a ser analisado é colocado sob o gel e posteriormente colocado sob uma mistura que é capaz de conduzir a energia, se houver similaridade na sua massa e carga, a que tiver maior carga líquida migrará para o lado oposto mais rapidamente. As moléculas de tamanho menor são capazes de correr mais rápido pelo gel, enquanto as moléculas de tamanho maior correm mais devagar. Quando terminado o processo de eletroforese é possível fazer a leitura por auto radiografia ou por um corante fluorescente que se liga aos ácidos nucleicos (KLUG, et.al. 2010).



Fonte: Adaptado de www.khanacademy.org

FIGURA 4. Leitura de uma eletroforese. A escada de DNA indica quantos pares de bases tem o fragmento, seguido das amostras nos poços seguintes (à esquerda). Na imagem à direita os fragmentos de DNA correram sobre o gel, sendo separados por tamanho.

REPETIÇÃO TANDEM DE NÚMERO VARIÁVEL (VNTR)

Jeffreys et al, em 1985, desenvolveram testes de DNA para identificação humana, que ficaram conhecidas como VNTR (*variable number tandem repeats*), o estudo se baseava em regiões do DNA que continham sequências de 8 a 80 repetições consecutivas de nucleotídeos, podendo esses números de repetições variar de um indivíduo para o outro, sendo possível diferenciá-los (JEFFREYS et al., 1985). Esses polimorfismos presentes no genoma, geram perfis de DNA únicos, conhecidos como *DNA fingerprinting* (impressão digital de DNA), e na grande maioria das vezes, são encontrados em regiões não codificantes do DNA (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018).

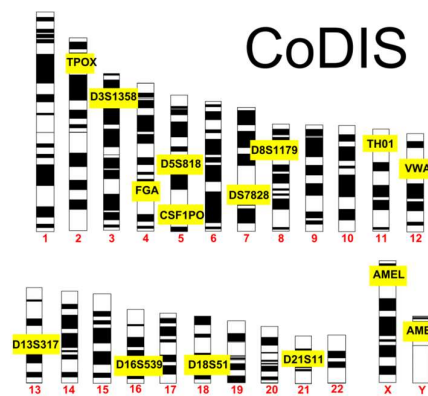
A análise de VNTRs, ou minissatélites, como também são conhecidas, corta em pequenos fragmentos o material genético coletado através de enzimas de restrição. Uma vez realizado esse processo, milhares de fragmentos de tamanhos diferentes serão obtidos, de acordo com as diferenças entre as várias sequências de genes presentes no indivíduo. Através da eletroforese é possível separar os fragmentos por tamanho, e em seguida, esses fragmentos são colocados em um filtro (nitrocelulose ou nylon). Sondas garantem que somente os fragmentos de DNA únicos fiquem no filtro, pois eles se ligam à molécula da sonda, que posteriormente é examinado por raio-X. O mesmo procedimento é feito com outra amostra e em seguida os resultados são comparados (PARKER; VRONSKY, 2015). As sondas de DNA foram desenvolvidas em 1980 e permitiram a marcação de regiões específicas do DNA (lôcus) originando o processo de *DNA fingerprinting* (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018).

Em 1986, no Reino Unido, o método de VNTR, desenvolvido por Alec Jeffreys, foi utilizado para condenar o assassino de duas jovens inglesas, foi a primeira vez que um método baseado no DNA era utilizado para esse fim (KLUG, et al. 2010). Por ser um método que requer muito esforço, e exige uma grande quantidade de DNA, a técnica de VNTR é pouco utilizada nos dias atuais (PARKER; VRONSKY, 2015).

REPETIÇÕES CURTAS EM TANDEM (STR)

Em 1998, nos Estados Unidos, foi criado o sistema CODIS (Combined DNA Index System), um conjunto de 15 marcadores do tipo *Short Tandem Repeats* (STR) microssatélites, sendo 13 marcadores padrão e 2 marcadores auxiliares, indicados para identificação humana (FORENSE, Equipe.2013). As STRs, podem ser encontradas em diversas partes do DNA e variam de 4 a 40 pares de bases em diferentes indivíduos (GIRARDI; SUBTIL; RANGEL, 2018). Estes marcadores são responsáveis por decifrar partes específicas do DNA, verificando a quantidade de vezes em uma sequência de nucleotídeos se repetem. Em conjunto, esses 13 marcadores indicam a singularidade de cada indivíduo, sendo exclusivo de cada um, exceto em casos de gêmeos monozigóticos (FORENSE, Equipe.2013). Após determinar as 13 sequências de marcadores CODIS, é possível fazer a identificação através do DNA, que ao cruzar com amostras coletadas no local do crime, havendo coincidências, se torna uma prova difícil de ser contestada (FORENSE, Equipe, 2013).

Estes marcadores estão presentes em regiões não codificantes do DNA, ou seja, eles não identificam características fenotípicas (da expressão do gene como: morfologia, desenvolvimento, comportamento, entre outras) e/ou doenças, mas são responsáveis por tornar a identificação criminal por meio do DNA possível e matematicamente exata. Os principais marcadores STR utilizados pelo CODIS são: TPOX (cromossomo 2), D3S1358 (cromossomo 3), FGA (cromossomo 4), D5S818 e CSF1PO (cromossomo 5), D7S820 (cromossomo 7), D8S1179 (cromossomo 8), TH01 (cromossomo 11), VWA (cromossomo 12), D13S317 (cromossomo 13), D16S539 (cromossomo 16), D18S51 (cromossomo 18), D21S11 (cromossomo 21), AMEL (cromossomo X) e AMEL (cromossomo Y) (FORENSE, Equipe, 2013).



Fonte: bccbio.commonsgc.cuny.edu

FIGURA 5. Principais marcadores STRs utilizados pelo FBI para identificação.

Os EUA foi o segundo país a aderir ao banco de perfil genético, que hoje conta com mais de 12 milhões de perfis genéticos de indivíduos condenados, tendo auxiliado em mais de 300 mil investigações (QUEIROZ, 2020).

IDENTIFICAÇÃO GENÉTICA EM GÊMEOS MONOZIGÓTICOS (MZ)

Os gêmeos monozigóticos (MZ), ou idênticos, como também são conhecidos, são a consequência da fertilização de um mesmo óvulo. Estima-se que, de cada 1.000 nascimentos, 3 nascem gêmeos MZ, por esse motivo é de extrema importância para a ciência forense que esses indivíduos possam ser geneticamente diferenciados. Os gêmeos MZ não são identificados pela técnica de STRs (*short tandem repeats*), normalmente utilizados como teste padrão, este apenas é capaz de confirmar a monosigosidade desses indivíduos. Por esse motivo foram desenvolvidas técnicas de identificação baseado em SNPs (*single nucleotide polymorphism*). A análise de SNPs nucleares, do perfil de metilação do DNA e genotipagem do DNA mitocondrial, tem mostrado resultados satisfatórios na diferenciação de gêmeos MZ. Para tais resultados, foram utilizados o sequenciamento de nova geração (ANTONIO; PEREIRA; FERRAZ, 2017). O sequenciamento de nova geração permite com que o DNA seja sequenciado em larga escala, sendo possível analisar milhões de fragmentos simultaneamente (MENCK, 2017).

Para que a mutação seja capaz de diferenciar os gêmeos MZ, estas mutações devem ter ocorrido após a divisão da mórula, e antes da separação da mesma (ANTONIO; PEREIRA; FERRAZ, 2017). A divisão da mórula ocorre no início da fertilização, durante o processo de clivagem, quando as células se juntam formando uma “bola” sólida de células (GARCIA; FERNANDÉZ, 2012). Quando a mutação está presente nas células germinativas, mais tarde será possível ser observada em um dos irmãos. Fatores internos e externos contribuem para que essas modificações sejam acentuadas a longo prazo, tais como hábitos de atividade física, dieta, fumo, entre outras (ANTONIO; PEREIRA; FERRAZ, 2017).

Uma pesquisa realizada por Weber-Lehmann et al.(2014) utilizando o método de sequenciamento de nova geração, reuniu gêmeos MZ, o filho de um deles e a mãe da criança. Foram reportados 12 SNPs específicos, do gêmeo pai e seu filho, sendo 5 desses considerados potenciais. Estas mutações não foram herdadas da mãe e o perfil não mutado do gêmeo tio confirmam que essas diferenças foram geradas logo após a divisão do zigoto, permitindo assim a diferenciação dos gêmeos MZ. Três das cinco mutações encontradas estavam presentes na mucosa bucal e sêmem, mas não no sangue, indicando que essas mutações foram cometidas durante o processo de gastrulação, mas antes da separação das células da mucosa oral e esperma (ANTONIO; PEREIRA; FERRAZ, 2017). Durante a etapa de gastrulação ocorre uma importante fase no desenvolvimento embrionário: a diferenciação das células para a formação dos folhetos germinativos (ectoderma, mesoderma e endoderma) e serão eles os responsáveis por dar origem aos órgãos e tecidos (GARCIA; FERNANDÉZ, 2012). Portanto, como a maioria das mutações potenciais são de mucosa oral e esperma, é eticamente recomendado que a análise se inicie pela coleta de material oral, tornando possível a diferenciação de gêmeos MZ (ANTONIO; PEREIRA; FERRAZ, 2017).

REDE DE BANCOS DE DADOS DE PERFIL GENÉTICO:

A Rede Integrada De Banco de Perfil Genético (RIBPG), bem como o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) é instituída pelo decreto nº 7950/2013. A RIBPG tem como finalidade manter, armazenar e comparar perfis genéticos sob a sua responsabilidade, para fins criminais ou processuais. Esses perfis frequentemente são confrontados, buscando encontrar coincidências que permitam relacionar o suspeito com o local do crime, ou vários locais mutuamente. Periodicamente esses perfis são enviados para o BNPG onde são comparadas a

nível interestadual com os outros 22 laboratórios de genética forense espalhados pelo Brasil que integra a RIBPG, sendo também compartilhados com a Interpol (CG-RIBPG,2021).

Em 2019, o então Ministro da Justiça, Sérgio Moro apresentou um projeto lei que previa o endurecimento de algumas leis penais, que mais tarde ficou conhecido como pacote anti-crime, a Lei 13.964/2019, entre as mudanças estava a obrigatoriedade do condenado por “crime doloso praticado com violência grave contra a pessoa, bem como por crime contra a vida, contra a liberdade sexual ou por crime sexual contra vulnerável”, em fornecer seu material genético (ANP, 2021). O BNPG é inteiramente ligado ao pacote anti crime, onde fica intensificado o processo penal, visando inocentar ou contribuir para a acusação, interligando casos e círculos onde fazem parte da rede (GOV, 2019).

GRÁFICO 1. Evolução de perfis genéticos de natureza criminal. No período de novembro de 2014 a maio de 2021, separados em 2 categorias: perfis de condenados (em verde) e perfis de vestígios criminais (em amarelo).



Fonte: Comitê Gestor, 2021.

Em casos de pessoas desaparecidas, a RIBPG também é utilizada para a identificação e comparação do material genético. Quando são encontrados restos mortais de identidade desconhecida, é possível a comparação do material genético da família ou com algum objeto direto do desaparecido que ainda possa existir, sendo uma ação voluntária e exclusiva da família (CG-RIBPG,2021).

A lei 12654/2012 determina que as informações contidas nos bancos de dados de perfis genéticos, não podem trazer características fenotípicas do indivíduo, ou revelar questões de saúde, já que o perfil genético é realizado a partir de regiões não codificantes do DNA, apenas usadas para fins de identificação e revelação de gênero, sendo unicamente utilizadas para individualização (CG-RIBPG,2021).

Todos os dados são sigilosos, sendo de acesso restrito e controlado pelos administradores da RIBPG, portanto se esses dados forem utilizados para fins diversos sem serem previstos na legislação, os administradores podem responder civil, penal e administrativamente (CG-RIBPG,2021).

A Diretoria Técnico Científico da Polícia Federal (DITEC/PF) em conjunto com o Ministério da Justiça e Segurança Pública (MJSP) entregou em 2020 a primeira versão do Sistema Integrado de DNA (SInDNA), cujo objetivo é promover os bancos de perfis genéticos pelo Brasil. A versão 1.0 vai oferecer ao usuário ferramentas de cadastro e registro de coletas de DNA de indivíduos, para fins criminais e para busca de pessoas desaparecidas, bem como relatórios documentais e dados estatísticos. Desde a sua implementação o sistema já conta com

diversos peritos cadastrados e 35 mil registros de coletas de DNA se preparam para ser disponibilizados aos usuários cadastrados. Há ainda um módulo 2 do SInDNA sendo desenvolvido, este para processamento de amostras de DNA em laboratório (CG-RIBPG,2021).

COLETA E ARMAZENAMENTO DOS PRINCIPAIS MATERIAIS BIOLÓGICOS ENCONTRADOS EM CENAS CRIMINAIS

O DNA pode ser extraído de diversas fontes biológicas: sangue, ossos, saliva, fios de cabelo, suor, urina, células epiteliais da mucosa oral, entre outras (KOCH; ANDRADE, 2008). É importante realizar a coleta de maneira correta, seguindo padrões de armazenamento e transporte para cada tipo de material (DIAS FILHO; FRANCEZ, 2016). Para tanto, é fundamental que o local do crime seja preservado, até que a polícia científica possa recolher as evidências (INTERPOL, 2009).

O sangue é bastante comum em cenas de crimes envolvendo homicídios e suicídios. Ele pode estar presente de maneira líquida, úmida, coagulada ou seca, onde a extração das amostras vai depender da forma como elas se apresentam. No caso de amostras secas a coleta é feita com swab umedecido em água destilada e é recomendado secá-las antes do armazenamento, a fim de evitar a proliferação de microorganismos que, após a secagem poderá ser guardadas em envelope de papel, sacos plásticos ou frascos de vidro. Em amostras líquidas é utilizado seringas ou pipetas, armazenando o material coletado em tubos contendo substâncias anticoagulantes. Quando úmidas, geralmente encontradas em manchas de roupas, deverão ser recolhidas, embaladas em sacos plásticos separadamente para evitar contaminação, e enviadas ao laboratório onde será submetida a secagem natural e posteriormente guardadas em envelopes ou caixas (JOBIM; 2003).

Outro vestígio bastante comum encontrado em cenas criminais é o semên, considerado de suma importância em crimes sexuais. O DNA a ser extraído é retirado dos espermatozoides, onde é recomendado o teste com a reação de brentamina que irá identificar a atividade da fosfatase ácida. O aparecimento da cor púrpura positiva o teste, indicando a presença de espermatozoides e a amostra pode ser utilizada para a extração do DNA (BEZERRA; 2004). Quando encontrados na forma seca, em roupas íntimas ou roupas de cama, a recomendação é coletar a peça inteira e colocar em sacos de papel ou plástico, mantendo sob refrigeração até que possa ser encaminhado ao laboratório. Quando coletado na forma líquida, em preservativos, é feito um nó para evitar que se perca a amostra, além de envolver o preservativo em saco plástico, manter sob refrigeração até que se possa encaminhar ao laboratório (FDLE, 2009). Se a amostra for encontrada no corpo da vítima, a mesma deverá ser encaminhada ao médico legista que será responsável pela coleta de evidências de crime sexual (BEZERRA, 2004).

Cabelos e pêlos são materiais comumente encontrados em cenas de crimes, constituídos de queratina e alguns metais, eles podem ser encontrados com raiz (bulbo), podendo ser extraído o DNA nuclear, ou sem a raiz, onde pode ser extraído DNA mitocondrial, neste último, é menos certo dos resultados serem conclusivos, pois alguns fatores podem prejudicar a extração de qualidade desse tipo de material (BEZERRA,2004). O material coletado deverá ser colocado em uma folha de papel com auxílio de uma pinça, a folha deverá ser dobrada e guardada em envelope devidamente identificado. Se houver mais de um vestígio dessa natureza, deverá ser coletado em outro envelope (JOBIM; 2003).

É muito importante que se tenha em mente que dificilmente tudo que se encontra em uma cena de crime possa ser utilizado como evidência, pois não se pode saber com certeza a quantidade de pessoas que passou por aquele local e conseqüentemente tenha contaminado a

cena, onde nenhuma pegada ou digital poderá ser identificada, sendo o corpo e as vestes a prova mais valiosa, onde deverá ser concentrado todo o esforço em obtenção de evidências. Todavia, existem muitos materiais que podem ser utilizados como evidência de onde pode ser extraído DNA (INTERPOL, 2009).

TABELA 1. Principais evidências encontradas nas cenas dos crimes, seguida do possível local para a coleta e a amostra a ser coletada.

Evidência	Possível local para coleta de DNA	Fonte de DNA
Marca de mordida	Pele ou roupas da pessoa	saliva, ou células da mucosa oral
Cobertor, travesseiro, lençol.	Área de contato	Sangue, caspa, cabelo, saliva, sêmen, suor, urina e/ou fluido vaginal
Garrafa, lata, vidro	Laterais, bocal	Impressão digital, saliva e/ou suor
Roupa suja	Área de contato	Sangue, caspa, cabelo, sêmen e/ou suor
Maçanetas das portas	Área de contato	Impressões digitais, pele e/ou suor
Óculos	Haste, apoio de nariz e lente	Pele e/ou suor
Papel higiênico, cotonete	Área de contato	Sangue, secreções nasais ou auriculares, sêmen e/ou suor
Unha da mão	Embaixo das unhas	Sangue, carne e/ou suor
Chapéu, bandana, máscara	Lado de dentro	Caspa, cabelo e/ou suor
Carimbo de envelope	Área lambida	Saliva
Fita ou ligadura	Superfície interna/externa	Impressões digitais, pele e/ou suor
Bala recuperada	Superfície externa	Sangue e/ou carne
Palito de dente	Pontas	Saliva
Cigarro usado	Ponta do cigarro	Saliva
Camisinha usada	Superfície interna/externa	Fezes, células retais, sêmen e/ou fluido vaginal
Arma, como um taco de beisebol, faca, etc	Área de contato	Sangue, impressões digitais, carne

Fonte: Interpol, 2009.

No Brasil, a RIBPG implantou um Projeto de Coleta de Amostras em Condenados, a fim de atender a legislação brasileira vigente, que estabelece que os condenados pelos crimes dispostos no Art. 9º-A da Lei nº 7.210/1984, devem fornecer o seu material biológico, obrigatoriamente, com a finalidade de identificação criminal. Para tanto, o Comitê Gestor da RIBPG desenvolveu protocolos para padronização do processo de coleta em todo o Brasil. Como resposta, atualmente o banco de dados de perfis criminais conta com mais de 100 amostras de condenados cadastradas (CG-RIBPG, 2021). A extração deve ocorrer com técnica adequada e indolor, como determina o Art. 9º-A, da lei 12654, de 28 de maio de 2012 (BRASIL, 2012).

A qualidade e segurança do material coletado e armazenado na RIBPG, é de nível internacional, sendo responsabilidade dos laboratórios de genética forense o cumprimento das

normas e recomendações que visam assegurar o material coletado para compor o banco de dados. Os materiais biológicos coletados e armazenados são separados em diferentes grupos e identificados com as devidas nomenclaturas (JACQUES, 2013).

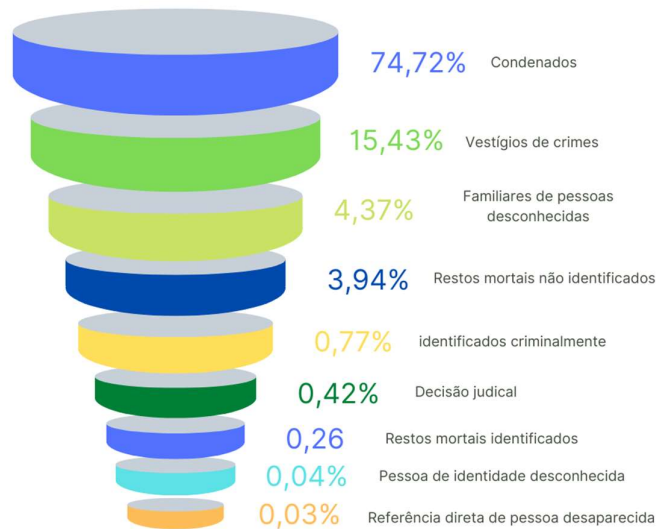
TABELA 2. Nomenclatura utilizada para identificação de materiais biológicos RIBPG.

Categoria (<i>Spencimen Category</i>)	Índice (<i>Index</i>)
Vestígio (<i>Forensic, Unknown</i>)	Vestígio (<i>Forensic</i>)
Vestígio com mistura (<i>Forensic Mixture</i>)	Vestígio com mistura (<i>Forensic Mixture</i>)
Condenado (<i>Convicted Offernder</i>)	Condenado (<i>Offender</i>)
Identificado Criminalmente (<i>Suspect, Known</i>)	Identificado Criminalmente (<i>Suspect</i>)
Decisão Judicial (<i>Legal</i>)	Decisão Judicial (<i>Legal</i>)
Restos Mortais Não Identificados (<i>Restos Mortais Não Identificados</i>)	Restos Mortais Não Identificados (<i>Restos Mortais Não Identificados</i>)
Referência Direta de Pessoa Desaparecida (<i>Missing Person</i>)	Referência Direta de Pessoa Desaparecida (<i>Missing Person</i>)
Pessoa de Identidade Desconhecida (<i>Unidentified Person</i>)	Pessoa de Identidade Desconhecida (<i>Unidentified Human (Remains)</i>)
Filho Biológico (<i>Biological Child</i>); Irmão Biológico (<i>Biooical Sibling</i>); Mãe Biológica (<i>Biological Mother</i>); Pai Biológico (<i>Biological Father</i>); Parente Materno (<i>Maternal Relative</i>); Parente Paterno (<i>Paternal Relative</i>)	Familiars de Pessoas Desaparecidas (<i>Relatives of Missing Person</i>)
Cônjuge (<i>Spouse</i>)	Cônjuge (<i>Spouse</i>)

Fonte: Adaptado de Manual RIBPG, 2013.

Em sua grande maioria, os números de perfis genéticos coletados no BNPG se destacam entre os condenados, seguido de vestígios de crimes, familiares de pessoas desaparecidas, restos mortais não identificados, decisão judicial e referência direta de pessoas desaparecidas (CG-RIBPG,2021).

GRÁFICO 2. Categorias que compõem o BNPG.



Fonte: Adaptado de RIBPG, 2021.

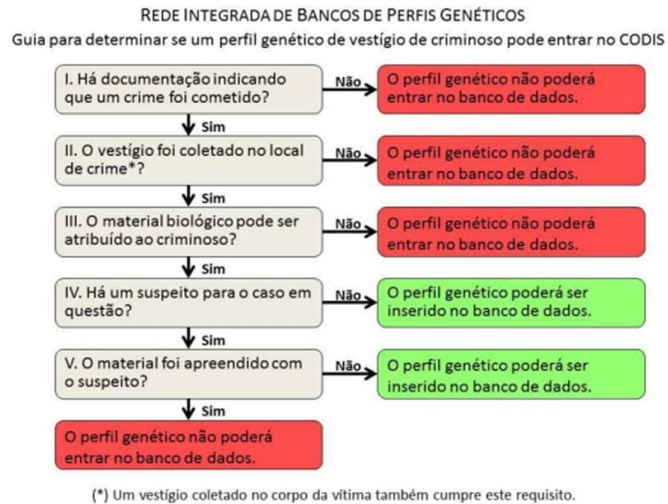
EXTRAÇÃO DE DNA

A extração do DNA compreende dois princípios básicos como, a lise das células presentes na amostra e a purificação do DNA (PINHEIRO, 2004). Existem muitos métodos para extração de DNA. A extração com fenol tamponado é um método mais utilizado para purificação de DNA, pois promove de maneira eficiente a desnaturação das proteínas. O clorofórmio também pode ser utilizado. Ao misturar fenol com o clorofórmio se obtém uma mistura eficiente desnaturante de proteínas, a sua ação se baseia na hidrofobia das proteínas que apresentam afinidade aos solventes orgânicos. A essa mistura de fenol com clorofórmio se adiciona álcool isoamílico, que irá prevenir a formação de espuma quando a amostra for agitada. A proteína que for desnaturada pela ação do fenol e clorofórmio se separa do DNA, que se mantém na fase aquosa (OLIVEIRA, et al., 2007).

COMPARAÇÃO E LIBERAÇÃO DE RESULTADOS

Quando há um “match” na comparação de material genético, essas coincidências devem ser devidamente conferidas, analisadas e revisadas para a liberação de resultados. Se mais laboratórios estiverem na mesma situação de comparação, é feita uma reunião entre os mesmos para um processo de revisão conjunta. Após realizada a revisão e confirmada a comparação do material, o responsável pelo processo, investigação ou identificação, deve ser comunicado através de um laudo pericial (JACQUES, 2013).

Na RIBPG há uma guia para inserção de um perfil genético de vestígio criminal, onde se determina a implantação no CODIS (JACQUES, 2013).



Fonte: Manual RIBPG, 2013.

FIGURA 6. Guia de inserção no CODIS.

CONTRIBUIÇÃO DA REDE INTEGRADA DE PERFIL GENÉTICO: COINCIDÊNCIAS CONFIRMADAS E INVESTIGAÇÕES AUXILIADAS

A RIBPG aplica alguns parâmetros para medir o impacto do seu trabalho, para isto, é calculado o número de coincidências confirmadas e investigações auxiliadas. Estima-se que até novembro de 2021, a RIBPG apresentou 4.238 coincidências confirmadas, sendo 3.226 entre vestígios e 1.012 entre vestígio de crime e perfil de cadastrado criminalmente, tendo auxiliado em um total de 3.427 investigações, um aumento de 22% número de investigações auxiliadas no último semestre de 2021. No que diz respeito a coincidências entre vestígios, houve um crescimento de 13%, e coincidências entre vestígios e indivíduo cadastrado criminalmente, houve um crescimento de 23% (CG-RIBPG, 2021).

Os vestígios de crimes são cadastrados de acordo com a sua natureza, os mais observados são: crime sexual, contra o patrimônio e contra a vida. Entre coincidências envolvendo vestígios, o crime sexual atinge 66%. Quando comparado coincidência com perfil de cadastrados criminalmente o índice é de 58% (CG-RIBPG, 2021).

COLD CASES: DNA COMO FERRAMENTA FUNDAMENTAL NA IDENTIFICAÇÃO CRIMINAL

Alguns crimes, por apresentarem características singulares (local, hora, a falta de testemunhas) não deixam qualquer pista, ou não deixam pistas suficientes para que a investigação leve a algum suspeito, e por esse motivo o crime acaba sendo arquivado, se tornando um *cold case* (CORAZZA, 2015).

À medida que os avanços no campo da ciência forense foram se desenvolvendo, novas metodologias se aprimoraram. Na busca por um método confiável de identificação, já contamos com as impressões digitais, exames antropométricos e estudos envolvendo marcadores genéticos e bioquímicos (FORENSE, EQUIPE, 2013). Porém, de todos os ramos da ciência forense que surgiram no século XX, sem dúvida o DNA foi o mais inovador. A impressão

digital de DNA (*DNA fingerprinting*) se tornou um sucesso no meio das análises forenses, tornando-se de extrema importância como método de identificação criminal (PARKER; VRONSKY, 2015). A precisão do DNA encontrado na cena do crime, cruzada com DNA de um suspeito, faz com que seja a melhor maneira de se criar um perfil e chegar ao verdadeiro culpado. Com esse avanço da tecnologia na área das análises forenses, foi possível a resolução de muitos *cold cases* (PARKER; VRONSKY, 2015).

Através de uma plataforma chamada GEDMatch, usuários enviam testes de DNA para criar uma árvore genealógica, permitindo saber a origem das suas famílias. Essa plataforma foi criada por dois geneticistas amadores em 2010, que durante alguns anos foi crescendo sem muito alarde, até que em 2018 a polícia de Sacramento, na Califórnia, ao utilizar essa plataforma conseguiu identificar o suspeito de ser o “Golden State Killer”, J.J.D.A., estuprador e assassino que aterrorizou a Califórnia entre os anos 70 e 80. O suspeito, J.J.D.A., ex policial, confessou o assassinato de 13 vítimas e foi condenado a prisão perpétua sem liberdade condicional, elucidando o caso 50 anos depois. Desde que J.J.D.A foi preso, mais de 150 suspeitos foram identificados através da genealogia genética (SHAPIRO, 2020).

Entre os anos de 2013 a 2020, houve um mutirão de coleta de DNA nos presídios do Brasil, e foi possível identificar o responsável pelo crime de R.M.L.O.G, estuprada e assassinada em Curitiba, no ano de 2008, aos 9 anos de idade. A identificação foi possível após o cruzamento de informações entre os estados do Paraná e São Paulo e o Distrito Federal, que ao associar o material genético que foi encontrado no corpo da vítima, com o material coletado do condenado houve 100% de compatibilidade, elucidando o crime 11 anos depois (R7, 2020).

A elucidação dos *cold cases* é iniciada por um oficial ou por alguma unidade especializada em conjunto com os investigadores, laboratórios e a perícia jurídica. Os casos sem solução são revisados cautelosamente para a comparação do possível DNA. Um teste de DNA bem sucedido auxilia a identificar e condenar o suspeito (U.S. DEPARTMENT OF JUSTICE, 2002).

A importância do levantamento de casos arquivados, leva a família da vítima a esperança de que o caso seja elucidado e encerrado. Com o sucesso do banco de dados de DNA, os casos que anteriormente pareciam não ter solução passam a ser considerados solucionáveis através das tecnologias de identificação por meio do DNA. Assim como a identificação através do material genético, a balística aprimorada e o banco de digitais, podem auxiliar nas investigações (U.S. DEPARTMENT OF JUSTICE, 2002).

Para que seja possível a abertura dos *cold cases* as provas devem estar conservadas, por esse motivo é de extrema importância que a identificação e armazenamento tenha sido realizado de maneira correta (U.S. DEPARTMENT OF JUSTICE, 2002). Muitas vezes não é possível reabrir os casos, seja pela degradação das amostras ou pelo falecimento de testemunhas, sendo fundamental nesse caso, dar suporte psicológico para a vítima e sua família (NATIONAL CENTER FOR VICTIMS OF CRIME, 2007).

CONCLUSÃO

Este trabalho permitiu compreender a importância dos diversos estudos, desde a descoberta do DNA, e os avanços por eles trazidos para a área da ciência forense. Os muitos métodos de identificação que surgiram e foram aprimorados ao longo dos anos, auxiliaram a justiça não somente em identificar os culpados, mas também em libertar inocentes. A precisão que o teste com DNA pode oferecer, desde que realizado de maneira correta, pode fornecer a

resposta pela qual se procura, sem que haja qualquer dúvida. Isso porque o nosso material genético não mente, e as informações contidas nele não são passíveis de manipulação. Através dos métodos aqui descritos é possível diferenciar um indivíduo do outro, até mesmo em casos onde as amostras estão degradadas, misturadas ou contendo pouco material genético, também é possível diferenciar gêmeos monozigóticos, evidenciando o DNA como ferramenta fundamental para identificação criminal.

Através de revisão literária foi possível identificar muitos casos em que somente após a realização de testes utilizando o DNA, foi capaz de solucioná-los. Muitos desses casos já haviam sido arquivados há décadas, comprovando a importância das amostras coletadas nas cenas dos crimes serem devidamente identificadas e armazenadas. Mesmo que nos dias atuais não seja possível identificar o autor, outras tecnologias e métodos podem surgir ao longo dos anos e serem úteis para identificação dessas amostras.

A implementação da RIBPG e o BNPG não são novidade, uma vez que o seu funcionamento já tem mais de 10 anos, porém é pouco conhecido pela população geral. Este trabalho teve como objetivo, também, a apresentação dessas instituições, bem como o seu funcionamento. Através da RIBPG e BNPG é possível observar alguns avanços no que diz respeito a auxílio de investigações e até mesmo em apontar a autoria do infrator. As amostras até aqui coletadas tendem a crescer constantemente, e consequentemente as chances de aumentar o índice de resolução criminal, tornando o Brasil um país criminalmente mais eficiente.

Para que o esforço e investimento até aqui realizados sejam acentuados, o poder público deve continuamente fornecer ferramentas que garantam a qualidade dos serviços prestados por essas instituições, bem como o constante treinamento dos profissionais que integram a equipe de cada laboratório, desde a coleta até a comparação de amostras.

Por fim, o uso do DNA no auxílio à justiça se tornou indispensável, por ser uma ferramenta que tem o poder de individualizar, tornando único cada ser. A mudança na Lei 13.964/2019 foi fundamental para o crescimento das amostras do Banco Nacional de Perfil Genético, quando tornou obrigatório o fornecimento de DNA. Ao utilizar da prática de DNA para identificação criminal espera-se uma redução da impunidade e consequentemente a penalização dos verdadeiros culpados.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos a todos os professores que nesses 4 anos de curso nos auxiliaram para chegar até aqui no processo de formação profissional, e em especial aos nossos professores orientadores Rafael Ferreira da Silva e Victor Franca que se dedicaram em nos auxiliar na evolução do trabalho apresentado. Aos nossos familiares, amigos e namorados Júnior Martins e Fábio Trujillo, pelo apoio e incentivo para chegarmos até aqui e a todos que direta ou indiretamente fizeram parte da nossa formação.

REFERÊNCIAS

ANP, Academia Nacional de Polícia. **Curso Básico sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada**. 2021.

ANTONIO, Laís Ubaldo; INADA PEREIRA, Margaret Mitiko; LOPES FERRAZ, Joyce Aparecida. Diferenciação Genética de Gêmeos Monozigóticos: Uma Importante Evidência para Área Forense. **Diferenciação Genética de Gêmeos Monozigóticos: Uma Importante Evidência para Área Forense**, São Paulo, p. 1-15, 1 abr. 2017. Disponível em: <https://www.bjfs.org/bjfs/index.php/bjfs/article/view/654/2480>. Acesso em: 12 set. 2022.

BEZERRA, C.C. Exame de DNA: coleta de amostras biológicas em local de crime. **Perícia Federal: DNA forense - técnicas de coleta em locais de crimes**, n. 18, p. 6-14, 2004.

BRASIL. **Lei nº 13.964, de 24 de dezembro de 2019**. Aperfeiçoa a legislação penal e processual penal. [S. l.], 24 dez. 2019. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2019-2022/2019/lei/L13964.htm. Acesso em: 18 set. 2022.

BRASIL. **Lei nº LEI Nº 12.654, de 28 de maio de 2012**. Altera as Leis nºs 12.037, de 1º de outubro de 2009, e 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. [S. l.], 28 maio 2012. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2012/lei/l12654.htm. Acesso em: 18 set. 2022.

BSB (DF). Ministério da Justiça. Banco Nacional de Perfis Genéticos: uma ferramenta eficiente para elucidação de crimes: Um dos pontos do Pacote Anticrime e importante ferramenta de investigação e prova, fortalecimento da rede integrada de perfis genéticos é uma das prioridades do MJSP. **Banco Nacional de Perfis Genéticos: uma ferramenta eficiente para elucidação de crimes**, Brasília, p. 1-3, 25 abr. 2019. Disponível em: <https://www.justica.gov.br/news/collective-nitf-content-1556212211.45>. Acesso em: 2 set. 2022.

BUTLER, J.M. **Forensic DNA Typing**. 2. ed. Academic Press, 2005.

CAGLIA, A.; STEFANONI, P.; ROSA, A. La. Cold cases: New technologies for DNA analysis allow the reopening and solution of unsolved cases. **Forensic Science International: Genetics Supplement Series**, Italia, p. 1-2, 29 ago. 2011. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1875176811001168> Acesso em: 6 set. 2022.

CASTAN, Eduardo. CSI e análises de DNA na prática. **CSI e análises de DNA na prática**, [S. l.], p. 1, 27 jan. 2016. Disponível em: <https://www.labnetwork.com.br/noticias/instrumentacao-analitica/csi-e-analises-de-dna-na-pratica-05-do-seu-material-genetico-e-o-que-lhe-torna-unico/>. Acesso em: 10 set. 2022.

CORAZZA, Thais Aline Mazetto. **Novas tendências punitivas e o Direito à intimidade: castração química, monitoramento eletrônico e bancos de perfis genéticos criminais**. Birigüi: Boreal, 2015.

DC (Washington). National Institute of Justice. Using DNA to Solve Cold Case. **Using DNA to Solve Cold Case**, Washington, p. 1-32, 15 jul. 2002. Disponível em: <https://www.ojp.gov/pdffiles1/nij/194197.pdf>. Acesso em: 1 nov. 2022.



<http://ensaios.usf.edu.br>

DIAS FILHO, C. R.; MENDES MENEZES, M. A.; COSTA FRANCEZ, P. A. História da Genética Forense. **História da Genética Forense**, [S. l.], p. 1-10, 5 set. 2022. Disponível em: <https://docplayer.com.br/207726550-Historia-da-genetica-forense.html>. Acesso em: 14 set. 2022.

DIAS FILHO, C. R.; FRANCEZ, P. A. C. Introdução à Biologia Forense. 1. ed. São Paulo: Millennium Editora, 2016.

DNA pode esclarecer crime atribuído a serial killer após quase 50 anos. BBC NEWS BRASIL [on line] São Paulo 12 de jul. de 2013. Internacional. Disponível em: <https://www.bbc.com/portuguese/noticias/2013/07/130712_estrangulador_boston_dna_fn> Acesso em: 2 de nov. de 2022.

FDLE - FLORIDA DEPARTMENT OF LAW ENFORCEMENT. **Crime laboratory evidence submission manual**, Florida, 2009.

FORENSE, Equipe. **Revista Forense - Vol. 417** .2013. E-book. ISBN 0000012141417. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/0000012141417/>. Acesso em: 02 out. 2022.

GIRARDI, Carolina S.; SUBTIL, Fernanda T.; RANGEL, Juliana O. Biologia molecular . [Digite o Local da Editora]: Grupo A, 2018. E-book. ISBN 9788595026995. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788595026995/>. p. 131. Acesso em: 15 out. 2022.

GOVERNO FEDERAL. Reincidência Criminal no Brasil: Relatório de Pesquisa. *In*: INSTITUTO DE PESQUISA ECONÔMICA APLICADA. **Reincidência Criminal no Brasil: Relatório de Pesquisa**. [S. l.]: Ipea, 2015. Disponível em: <https://bibliotecadigital.cnj.jus.br/jspui/bitstream/123456789/121/1/Reincid%20Criminal%20no%20Brasil%20-%20Relat%20de%20Pesquisa%20-%20Ipea.pdf>. Acesso em: 20 out. 2022.

INTERPOL. INTERPOL HANDBOOK ON DNA DATA EXCHANGE AND PRACTICE: RECOMMENDATIONS FROM THE INTERPOL DNA MONITORING EXPERT GROUP. **In: INTERPOL HANDBOOK ON DNA DATA EXCHANGE AND PRACTICE**. 2. ed. [S.l.], 2009. Disponível em: file:///C:/Users/Usuario/Downloads/interpol-dna-handbook-second-edition-2009_tcm127-477447_tcm37-209503.pdf. Acesso em: 25 out. 2022.

JACQUES, Guilherme Silveira. Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos: Manual de Procedimentos Operacionais. *In: Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos: Manual de Procedimentos Operacionais*. [S. l.], 21 nov. 2013. Disponível em: <https://dspace.mj.gov.br/bitstream/1/2345/1/10manual-ribpg-v1-0-versao-final-2013.pdf>Acesso em: 17 out. 2022.

JEFFREYS, AJ, et al. **Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA**. Nature. 1985;314(6006):67-73. DOI: 10.1038/314067a0. PMID: 3856104

JOBIM, L.F. Identificação humana pelo DNA. In: FIGINI, A.R.L. et al. **Identificação humana**. Campinas-SP, 2003. p. 241-322.

KLUG, William S.; CUMMINGS, Michael R.; SPENCER, Charlotte A.; et al. **Conceitos de Genética**, 2010. E-book. ISBN 9788536322148. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788536322148/>. Acesso em: 02 out. 2022. Pág 298

KOCH, Ana Lara; ANDRADE, Fabiana Michelsen. **A utilização de técnicas de biologia molecular na genética forense: uma revisão**. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, Rio de Janeiro, v. 40, n. 1, p. 19-22, 2008.

Lei n. 12.654/12, de 28 de maio de 2012. obrigatoriedade na extração de DNA, utilizando técnicas adequadas e de maneira indolor. - Lei de Execução Penal, coleta de perfil genético como forma de identificação criminal. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2011-2014/2012/Lei/L12654.htm#art3. Acesso em: 01 de nov, 2022.

MENCK, Carlos F, M. *Genética Molecular Básica*. Grupo GEN, 2017. E-book. ISBN 9788527732208. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788527732208/>. p 216. Acesso em: 20 out. 2022.

NATIONAL Center for Victims of Crime. Profiles in DN: Sarah Chaikin. Disponível em: > <https://victimsofcrime.org/profiles/sarah-chaikin/><. Acesso em: 2 de nov. de 2022.

OLIVEIRA, M.C de S; et. al. **Fundamentos Teóricos Práticos e Protocolos de Extração e Amplificação de DNA Por Meio da Técnica da Reação em Cadeia da Polimerase**. Embrapa, 2007. Disponível em: > <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/48295/fundamentos-teoricos-praticos-e-protocolos-de-extracao-e-de-amplificacao-de-dna-por-meio-da-tecnica-de-reacao-em-cadeia-de-polimerase> < Acesso em 31 de out. 2022.

PINHEIRO, M. **Genética e biologia forense e criminalística**. In: Rangel, R.; Magalhães, T. *Noções gerais sobre outras ciências forenses*. Porto, 2004. Disponível em: <<http://medicina.med.up.pt/legal/NocoasGeraisCF.pdf>>. Acesso em: 1 de nov. de 2022.

QUEIROZ, Edson Rodrigues. Coleta de Perfil Genético como Forma de Identificação Criminal. **Coleta de Perfil Genético como Forma de Identificação Criminal**, São Paulo, p. 1, 11 ago. 2020. Disponível em: <https://facchiny.jusbrasil.com.br/artigos/1150785096/coleta-de-perfil-genetico-como-forma-de-identificacao-criminal>. Acesso em: 2 set. 2022.

REDE de perfil genético ajuda a elucidar mais de 1,4 mil crimes: Um dos casos foi o de Rachel Genofre, estuprada e assassinada em Curitiba, em 2008, que, após mutirão de coleta de DNA, foi solucionado. **Rede de perfil genético ajuda a elucidar mais de 1,4 mil crimes**, [S. l.], p. 1, 31 jul. 2020. Disponível em: <https://noticias.r7.com/brasil/rede-de-perfil-genetico-ajuda-a-elucidar-mais-de-14-mil-crimes-23082021>. Acesso em: 2 set. 2022.

RIBEIRO, Diego; ROCHA, Marcelo; HISING, Ederson. Suspeito de matar Rachel Genofre é identificado quase 11 anos depois do crime: Homem já estava preso em Sorocaba (SP), de acordo com a Secretaria de Segurança Pública do Paraná (Sesp-PR); corpo da menina foi encontrado dentro de uma mala na Rodoferroviária de Curitiba, em 2008.. **Suspeito de matar Rachel Genofre é identificado quase 11 anos depois do crime**, Paraná, p. 1-5, 19 set. 2019. Disponível em: <https://g1.globo.com/pr/parana/noticia/2019/09/19/suspeito-de-matar-rachel-onofre-e-identificado-quase-11-anos-depois-do-crime.ghtml>. Acesso em: 7 set. 2022.

RJ, Parker. **Forensic Analysis and DNA in Criminal Investigations: including Cold Cases Solved**. United States: [s. n.], out 2015. 401 p. ISBN 978-1514348369.

SENA OLIVEIRA, Marcia Cristina *et al.* Fundamentos teóricos-práticos e protocolos de extração e de amplificação de DNA por meio da técnica de reação em cadeia de polimerase. **Fundamentos teóricos-práticos e protocolos de extração e de amplificação de DNA por meio da técnica de reação em cadeia de polimerase**, São Carlos, p. 1-43, 28 ago. 2007. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/32770/1/LivroProtMolecular.pdf>. Acesso em: 24 out. 2022.

SHAPIRO, Emilly. O ‘Golden State Killer’: por dentro da linha do tempo dos crimes. **ABC News**. [on line] 30 de out. de 2020. Disponível em: < <https://abcnews.go.com/US/inside-timeline-crimes-golden-state-killer/story?id=54744307> > Acesso em 02 de nov. 2022.

SOUZA, B. T.; FIORENTIN, F. ; ALEIXO, V. ; SILVA, C. B. CRIAÇÃO DE BANCO DE DADOS GENÉTICOS PREVISTA NA LEI 12.654/12: uma revisão sobre o histórico e sua utilização. **CRIAÇÃO DE BANCO DE DADOS GENÉTICOS PREVISTA NA LEI 12.654/12: uma revisão sobre o histórico e sua utilização**, [S. l.], p. 1-16, 18 set. 2022. Disponível em: http://www.ricardocairesperito.com.br/uploads/artigos/genetica/1_artigo_genetica.pdf. Acesso em: 2 set. 2022.

ZAVALHIA, Lisiane S.; MARSON, Isabele Cristiana I.; RANGEL, Juliana O. Biotecnologia. Grupo A, 2018. E-book. ISBN 9788595026698. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788595026698/>. p 127. Acesso em: 18 out. 2022.

XV RELATÓRIO DA REDE INTEGRADA DE BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS (RIBPG). **XV RELATÓRIO DA REDE INTEGRADA DE BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS (RIBPG)**, Brasília, p. 1-74, 27 dez. 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/mj/pt-br/assuntos/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/relatorio/xv-relatorio-da-rede-integrada-de-bancos-de-perfis-geneticos-novembro-2021>. Acesso em: 2 set. 2022.