



PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS
ESCOLA DE CIÊNCIAS MÉDICAS E DA VIDA – ECMV
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS BACHARELADO

MARIA JULIA MOREIRA DE BORBA

GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR NO AUXÍLIO À JUSTIÇA

GOIÂNIA
2021

MARIA JULIA MOREIRA DE BORBA

GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR NO AUXÍLIO À JUSTIÇA

Monografia apresentada à Escola de Ciências Médicas e da Vida da Pontifícia Universidade Católica de Goiás – PUC Goiás, como parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Bacharel em Ciências Biológicas.

Orientadora: Dra. Flávia Melo Rodrigues

GOIÂNIA
2021

**PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS BACHARELADO**

BANCA EXAMINADORA DA MONOGRAFIA

Aluno: MARIA JULIA MOREIRA DE BORBA

Orientadora: Profa. Dra. Flávia Melo Rodrigues

Membros:

1. Dra. Lysa Bernades Minasi

2. Elza Maria Gonçalves Santos Uchoa, MSc

AGRADECIMENTOS

À Deus, primeiramente, por ter me permitido concluir esta etapa de minha vida.

Aos meus pais, Luciana e Rofman, por terem me proporcionado a oportunidade de estudar em uma ótima instituição de ensino como a PUC Goiás e assim iniciar minha carreira.

À toda minha família, tias, tios, avós, primas, por me apoiarem nessa jornada e sempre me incentivarem.

Ao meu namorado, Maximiliano, que sempre me ajudou, tanto na escrita do trabalho, como me incentivou e apoiou até o final.

Às minhas amigas, universitárias assim como eu, por toda a força, que direta ou indiretamente participaram da minha formação

À minha orientadora, Prof. Flávia Melo Rodrigues, em especial, por ter me auxiliado tanto em todos os momentos, e por ter construído junto comigo esse trabalho, sem ela esse TCC não seria o mesmo e não teria a mesma qualidade.

À Pontifícia Universidade Católica de Goiás, por me proporcionar a oportunidade de possuir um ensino superior e a expansão de meus horizontes.

RESUMO

A genética e a biologia molecular são áreas do conhecimento, que se tornaram importantes e diretas no auxílio às ciências médicas e biológicas. A partir dos avanços e desenvolvimento de técnicas moleculares, em meados da década de 80, a descoberta de marcadores moleculares baseados em polimorfismos genéticos, por exemplo, VNTR e STR, revolucionou os métodos de identificação humana pela análise de material genético, ou seja, de DNA. Através de técnicas, como RFLP, Southern Blotting e PCR, a genética e a biologia molecular auxiliaram a perícia criminal e consequentemente a Justiça, no que concerne a identificação de suspeitos por crimes, de autores dos atos delitivos e suas posteriores condenações, possibilitando até mesmo a criação de um banco de perfis genéticos. Este trabalho tem por objetivo analisar, por meio de uma revisão narrativa, a importância da biologia molecular e da genética no âmbito pericial, e de que forma são aplicadas à essa área. A revisão narrativa e o estado da arte foram conduzidos por meio de uma pesquisa bibliográfica, descritiva, teórica e quantitativa. Constatou-se que a genética molecular é essencial não só para a biologia como um todo, mas também para a área criminal, auxiliando em análises, interpretações, condenações e até mesmo inocentando pessoas.

Palavras-chave: banco de dados genéticos; biologia molecular; DNA forense; genética forense.

ABSTRACT

Since their creation, genetics and molecular biology have always helped the medical and biological sciences. From the advances and development of molecular techniques, in the mid-1980s, the discovery of molecular markers based on genetic polymorphisms, for example RFLP, VNTR, STR and PCR, revolutionized the methods of human identification through the analysis of genetic material, that is, of DNA. Through these techniques, genetics and molecular biology helped the criminal expertise and consequently the Justice, about the identification of suspects for crimes, perpetrators of criminal acts and their subsequent convictions, even enabling the creation of a database of genetic profiles. This work aims to analyze, through a narrative review, the importance of molecular biology and genetics in the field of expertise, and how they are applied to this area. The narrative review and the state of the art were conducted through a bibliographical, descriptive, theoretical, and quantitative research. It was found that molecular genetics is essential not only for biology, but also for the criminal area, assisting in analyses, interpretations, convictions and even acquitting people.

Keywords: Forensic DNA; Forensic genetics; Genetic database; Molecular biology.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	7
2. OBJETIVOS.....	9
2.1 Objetivos gerais.....	9
2.2 Objetivos específicos.....	9
3. METODOLOGIA.....	10
4. REVISÃO DA LITERATURA.....	12
4.1. Importância da Genética e da Biologia Molecular na Perícia Criminal.....	12
4.2 Algumas técnicas moleculares utilizadas na análise forense.....	13
4.3 Da genética a Genética Forense: Linha do tempo.....	21
4.4 Alguns exemplos aplicados do uso da biologia na resolução de crimes.....	23
4.4.1 Primeiro assassinato resolvido com o uso da genética. “Caso Leicester”	23
4.4.2 Os primeiros casos solucionados na América do Norte utilizando DNA.....	24
4.4.3. Exemplo da utilização do banco de dados genéticos.....	25
4.5 Banco Nacional de Perfis Genéticos.....	25
4.6 Estado da arte sobre genética forense.....	28
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	33
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	34
ANEXO I.....	38

1 INTRODUÇÃO

Em 1953, Francis Crick, James Watson e Maurice Wilkins apresentaram ao mundo científico na publicação da Nature de 1951, a estrutura tridimensional (dupla hélice) da molécula de ácido desoxirribonucleico (DNA) enquanto trabalhavam em Cambridge, no Reino Unido. Essa descoberta, além de lhes conferir o prêmio Nobel em 1962, também deu início a uma nova era na ciência de modo geral (IBCCRIM, 2020). Em meados dos anos 80, os avanços nas técnicas de análise de DNA proporcionaram um impacto significativo na área da ciência forense, e foi a partir das técnicas de identificação que se determinou que o DNA era uma poderosa ferramenta para a identificação humana e para investigações criminais (ANDRADE; KOCH, 2008).

A genética, nos últimos anos, acolheu notáveis avanços, sobretudo devido ao surgimento e integração dos métodos da biologia molecular. Aliás, nenhuma outra ciência terá experimentado tais avanços nas últimas décadas como as ciências que integram os conhecimentos e utilizam os métodos da biologia molecular. Certamente que a genética forense é um exemplo extraordinário e muito bem-sucedido dessa constatação (AMORIM, 2015).

Objetivando a identificação genética precisa de indivíduos, muitas técnicas moleculares foram desenvolvidas (BRETTELL; BUTLER.; SAFERSTEIN, 2005), dentre elas a RFLP (Polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição), Southern Blotting, e PCR (Reação em Cadeia da Polimerase), para detecção de marcadores genéticos como VNTR (Repetições em Tandem de Número Variável), e STR (Repetições Curtas em Tandem), que apresentam como princípio o estudo de diferentes polimorfismos de DNA (ANDRADE; KOCH, 2008).

Ao longo dos anos, a ciência forense tem sido aliada das agências de aplicação da lei e, dados os avanços da ciência e da tecnologia, essa relação, para o desmembramento de inúmeros casos criminais, tornou-se essencial (FISHER, 2004). A Genética Forense define-se como a área do conhecimento que trata da utilização dos conhecimentos e das técnicas de genética e de biologia molecular no auxílio à justiça (DOS SANTOS, 2018). À genética forense cabe, em sua maioria, o estudo de amostras biológicas visando a obtenção de perfis genéticos. Será, além do estudo, a análise comparativa dos perfis genéticos que serão obtidos, que permitirá essa área do conhecimento apoiar os tribunais (AMORIM, 2015).

A justiça brasileira, desde 28 de maio de 2012, quando foi sancionada a Lei nº 12.654/2012, que alterou importantes leis do ordenamento jurídico brasileiro, entre elas a Lei de Execução Penal (Lei 7.210/1984) e a Lei de Identificação Criminal do civilmente identificado (Lei 12.037/2009), passou a utilizar a coleta de material biológico na investigação

de crimes. Então, a partir desse momento, estava previsto no ordenamento jurídico nacional, a coleta de material biológico de indivíduos que foram condenados ou que são suspeitos de crimes, dentro de estabelecidas regras, bem como a inserção do respectivo material genético destes em bancos de dados de perfis genéticos. Tal realização criou caminhos para a investigação criminal no Brasil e ampliou a possibilidade de solucionar crimes essencialmente no que concerne à identificação do autor do ato delitivo (ANP, 2021).

Em fevereiro de 2019, o ministro da Justiça Sérgio Moro apresentou um projeto de lei de sua própria autoria, que pretendia modificar 14 leis. Após sua devida aprovação, o referido se tornou a Lei 13.964/2019, também conhecida como Pacote Anticrime, e trouxe consigo modificações para o cadastramento e funcionamento do Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) (IBCCRIM, 2020). Ao introduzir o §8º no art. 9ºA da Lei de Execução Penal (LEP), o Pacote Anticrime transformou a negativa do apenado em fornecer material genético em falta grave, ou seja, a negação do condenado em fornecer material genético passou a ser uma falta grave no âmbito penal. Ao determinar a aplicação de sanção administrativa, que gera efeitos graves na execução de pena, a Lei 13.964/2019 desvelou por completo o caráter coercitivo da coleta de DNA (IBCCRIM, 2020), segundo o texto da lei: ‘Art. 9º-A. “O 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, será submetido, obrigatoriamente, à identificação do perfil genético, mediante extração de DNA (ácido desoxirribonucleico), por técnica adequada e indolor, por ocasião do ingresso no estabelecimento prisional.” (BRASIL, 2019).

Diante do exposto percebe-se a aplicabilidade e relevância das técnicas moleculares da genética em análises forenses, portanto este estudo visa revisar de modo narrativo alguns tópicos acerca do tema.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Realizar uma revisão narrativa sobre a utilização e a importância da genética e a biologia molecular aplicada à análise forense no âmbito de investigações e elucidações de crimes.

2.2 Objetivos específicos

- Definir o alcance e a importância da genética e da biologia molecular dentro da área judicial no que se relaciona à perícia criminal;
- Descrever os marcadores moleculares e as técnicas moleculares utilizadas na análise forense;
- Demonstrar com exemplos como a biologia ajuda na resolução de crimes;
- Construir linha do tempo sobre a genética forense;
- Apresentar o Banco Nacional de Perfis Genéticos e;
- Realizar uma análise preliminar do estado da arte sobre genética forense.

3 METODOLOGIA

O presente trabalho consiste em uma pesquisa bibliográfica do tipo revisão narrativa, desenvolvida a partir de artigos científicos, monografias e estudos acerca do uso e aplicação da genética e da biologia molecular no auxílio à justiça. Para tal foi utilizado as seguintes bases de dados: SciELO, Google Acadêmico, Periódicos CAPES, e Science.Gov. A busca dos estudos foi realizada por meio do uso das seguintes palavras chaves, tanto em português como em inglês, combinadas e separadas: “Genética forense”, “DNA Forense”, “Técnicas moleculares”, “Biologia Molecular” e “Banco de Dados Genéticos”.

Para construir a revisão narrativa o período de busca dos dados considerados nessa pesquisa foi de 2000 até o presente ano de 2021. Os textos incluídos foram apenas nos idiomas português e inglês. Para a descrição da revisão narrativa os textos foram lidos na íntegra e aqueles que não se adequarem ao tema abordado da pesquisa foram excluídos. Após a seleção dos textos incluídos na pesquisa, eles foram lidos, resumidos e, portanto, construído a revisão deste estudo. (Figura 1)

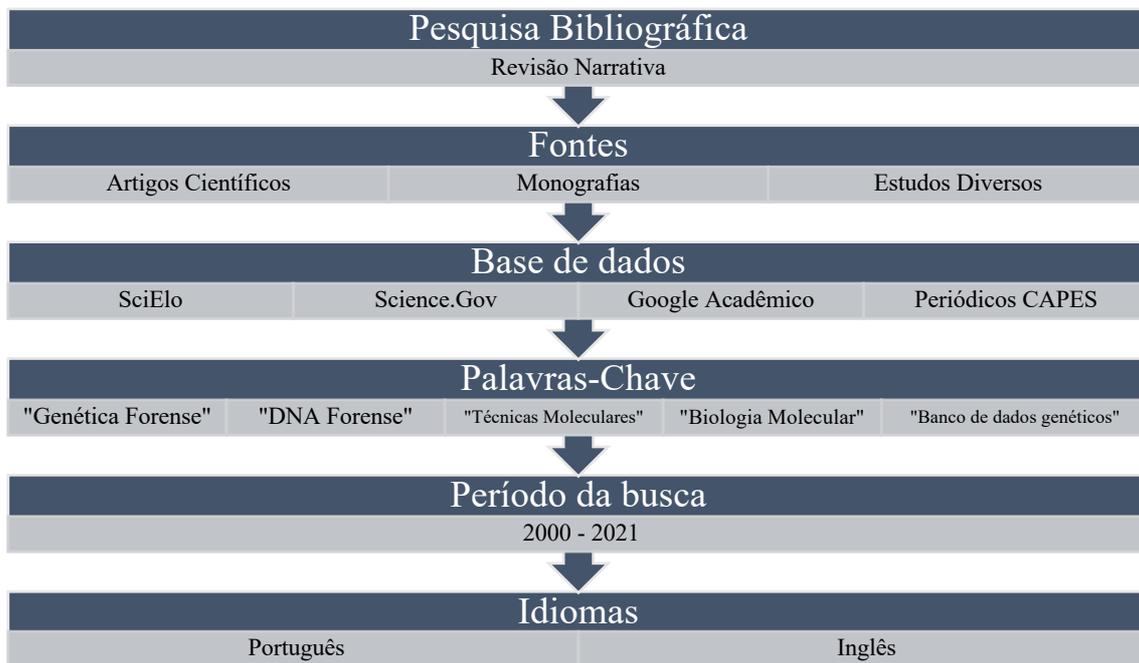


Figura 1. Fluxograma da metodologia da pesquisa da revisão narrativa.

A fim de realizar uma análise preliminar do estado da arte sobre genética forense foi utilizado as seguintes bases de dados: Scopus, Web of Science, PubMed e Scielo. O termo escolhido para a busca dos estudos foi "forensic genetics" no título, resumos e palavras-chave

dos artigos. Não foi delimitado um período das pesquisas, portanto foi considerado resultados de todos os anos até 2022. O número de publicações por ano, o país e as palavras-chave foram obtidos apenas dos dados da base Scopus. Após a tabulação dos dados eles foram analisados por meio de estatística descritiva (n e %).

4 REVISÃO DA LITERATURA

4.1 Importância da Genética e da Biologia Molecular na Perícia Criminal

No que se diz respeito às investigações criminais, as evidências físicas tornaram-se cada vez mais importantes e essenciais, questionando, na maioria das vezes, os relatos de testemunhas oculares que estão constantemente susceptíveis a erros. As evidências físicas, independentemente e objetivamente, podem estabelecer uma relação de um suspeito/vítima à cena de um crime, indicando inocência ou culpa, possuem também o poder de contestar um álibi, e até mesmo fazer com que a investigação se direcione para outro sentido. Contudo, as fases iniciais do trabalho da perícia, como a análise do local de crime e a correta coleta dos vestígios, são fundamentais para o sucesso da resolução de investigações criminais (DECANINE, 2016).

O advento e desenvolvimento tecnológico da biologia molecular ao longo dos anos assim como das propriedades intrínsecas da molécula de DNA, como por exemplo a estabilidade química em variados ambientes e situações, tem proporcionado um expoente crescimento da utilização dessa molécula. Dentre as aplicações da análise do DNA, em particular das sequências não codificantes (DECANINE, 2016), destaca-se o seu uso na identificação humana, de forma individual, e conseqüentemente, o seu uso na esfera da criminalística, como ferramenta essencial (NUNES, 2012).

A aplicação da Biologia Molecular e do DNA Forense, tem como foco os marcadores não fenotípicos de um único nucleotídeo, para a identificação de um indivíduo. A escolha desses marcadores para utilização forense foi ocasionada, em especial, por sua diversidade polimórfica, ou seja, por nenhum indivíduo compartilhar das mesmas regiões polimórficas, o que garante o anonimato civil daqueles indivíduos colocados em análise, não sendo possível determinar, por exemplo, características físicas (DECANINE, 2016).

Anteriormente, se eram usadas somente impressões digitais e outros vestígios para solucionar crimes, atualmente, as possibilidades de extrair material genético são inúmeras, já que é possível obter DNA de qualquer tecido ou fluido biológico, por exemplo, urina (a partir de células da bexiga), sêmen, lágrimas, saliva, suor, e vários outros (SILVA, 2006). Entretanto, o sucesso do uso das evidências que contêm DNA, depende, por exemplo, do tamanho da amostra disponível, do nível de degradação e da pureza. O DNA preserva-se por grande período quando é extraído e armazenado de forma correta (LUBAALE, 2015).

Judicialmente, se a evidência que contém ou que pode conter material genético, não for documentada, coletada, embalada e preservada com cautela, ela poderá não preencher os requisitos legais e científicos para serem reconhecidos num tribunal, mediante o que está previsto no Código de Processo Penal, Decreto da Lei nº 3.689/41, art.158-A, que diz que:

“Considera-se cadeia de custódia o conjunto de todos os procedimentos utilizados para manter e documentar a história cronológica do vestígio coletado em locais ou em vítimas de crimes, para rastrear sua posse e manuseio a partir de seu reconhecimento até o descarte. (Incluído pela Lei nº 13.964, de 2019) (Vigência)” (BRASIL, 1941).

Quando não há o cumprimento desse texto da legislação, a possibilidade de contaminação do vestígio aumentará, podendo levar a uma probabilidade de discordância nos resultados da análise do vestígio que contém material genético. É essencial que medidas estritas de cuidados com contaminação sejam seguidas, para que haja uma confiabilidade nos resultados dos métodos aplicados (LEE e LAAD, 2001).

A cada dia cresce o número de tribunais que têm aceitado evidências baseadas no DNA, o que nos leva a crer que, em um futuro não muito distante, todo o Sistema Legal poderá contar com essa tecnologia (ANDRADE; KOCH, 2008). Logo, objetivando a identificação genética precisa de indivíduos, nas últimas décadas, muitas técnicas foram desenvolvidas, dentre elas, as mais utilizadas são RFLP e PCR (ALBUQUERQUE, 2004), em que a mais significativa é a técnica de PCR devido sua alta sensibilidade, fácil realização e pelo baixo custo (CARDOSO, 2021).

4.2 Algumas técnicas moleculares utilizadas na análise forense

Cromossomos possuem uma única e longa molécula de DNA, além das proteínas que empacotam esta molécula. Os avanços das tecnologias de análise molecular do DNA permitem determinar pontos de referência nos cromossomos, os denominados “marcadores moleculares” (FERREIRA; GRATAPAGLIA, 1998). Os marcadores moleculares definem-se como um segmento específico de DNA que representa diferenças em nível genômico que permitem fazer inferências diretas sobre a diversidade genética e inter-relações entre os organismos ao nível do DNA (ZOLET *et al.*, 2017).

Com o avanço das técnicas de biologia molecular, a manipulação e análise do DNA em laboratório tornou-se uma técnica recorrente e atualmente, diversas técnicas estão disponíveis para a identificação de variabilidade genética no que se diz respeito a sequência de DNA, ou seja, para a detecção de polimorfismos genéticos. Os polimorfismos de DNA são resultados de

uma mutação, ou seja, uma variação, e são, na maioria das vezes, referidos pelo tipo de mutação que os criou. E os avanços no desenvolvimento e uso dos marcadores moleculares para a detecção desses polimorfismos revolucionou a genética molecular (ZOLET *et al.*, 2017).

O perfil de DNA baseia-se no fato de que os únicos indivíduos que possuem identidades genéticas iguais são os gêmeos univitelinos, contudo, em indivíduos diferentes, existem muitos polimorfismos, que se definem como regiões em que a sequência de nucleotídeos difere em cada ser humano. Para que seja um polimorfismo, o alelo raro de um locus determinado, deve estar presente em mais de 1% dos indivíduos da população. Sendo assim, com essa grande variação numérica e no tipo de variações, é possível identificar uma pessoa com base no seu padrão de polimorfismos (BROWN, 2001).

A partir dos anos 1980, a utilização dos marcadores moleculares integrou a análise do DNA, trazendo maiores possibilidades para a biologia molecular. Os marcadores são divididos em: marcadores baseados em hibridização, os baseados em amplificação de DNA e os baseados em sequenciamento. Assim como também podem ser classificados em codominantes e dominantes, de acordo com o tipo de herança alélica. O primeiro possibilita a diferenciação entre indivíduos homocigotos e heterocigotos, e o segundo, é utilizado apenas para identificar a presença ou ausência de determinado alelo (ZOLET *et al.*, 2017).

Os marcadores genéticos baseados na técnica de hibridização são baseados no pareamento de bases complementares, o que permitiu o desenvolvimento de técnicas e métodos que utilizam pequenos fragmentos de DNA como sondas que revelam polimorfismos nas sequências homólogas à esta sonda. Uma das técnicas que permite a visualização desses marcadores genéticos é a técnica de RFLP (ZOLET *et al.*, 2017).

A técnica conhecida como RFLP, ou, Polimorfismo de Tamanho de Restrição, é relativamente simples e consiste na amplificação de uma região de DNA-alvo e seu subsequente corte. Ao utilizar um par de primers complementares a sítios específicos do DNA, amplia-se a região específica do DNA, que posteriormente serão digeridas por enzimas de restrição, que são extraídas de bactérias denominadas endonucleases de restrição. Essas enzimas reconhecem e recortam de 4 a 6 pb, dos sítios específicos da região, e geram fragmentos que podem ser separados por tamanho após a realização de uma eletroforese em gel (PAVAN; MONTEIRO, 2014) (Figura 1).

A tipagem de RFLP foi a primeira tecnologia usada em testes de DNA forense, sendo adotada para uso em diversos países. Devido à necessidade de uma grande quantidade de DNA não-degradado, a tecnologia RFLP não é mais o protocolo de escolha dos laboratórios que realizam testes de DNA forense. O método de PCR tem uma significativa vantagem sobre a técnica anterior de RFLP, baseada em Southern, pois necessita de uma quantidade bem menor de DNA para análise e, além disso, é um teste

muito mais rápido, podendo utilizar amostras muito degradadas, tendo a certeza de resultados satisfatórios (KOCH; ANDRADE, 2008, p.21).

O polimorfismo deste marcador RFLP, baseia-se nos diferentes tamanhos de fragmentos que são gerados por enzimas de restrição, e por ser classificado como codominante e identificar um locus específico, esse marcador possui caráter informativo e é capaz de discriminar genótipos individuais. Além desses atributos, essa técnica possibilitou também a identificação e isolamento de regiões repetitivas, por exemplo, os minissatélites e microssatélites (ZOLET *et al.*, 2017).

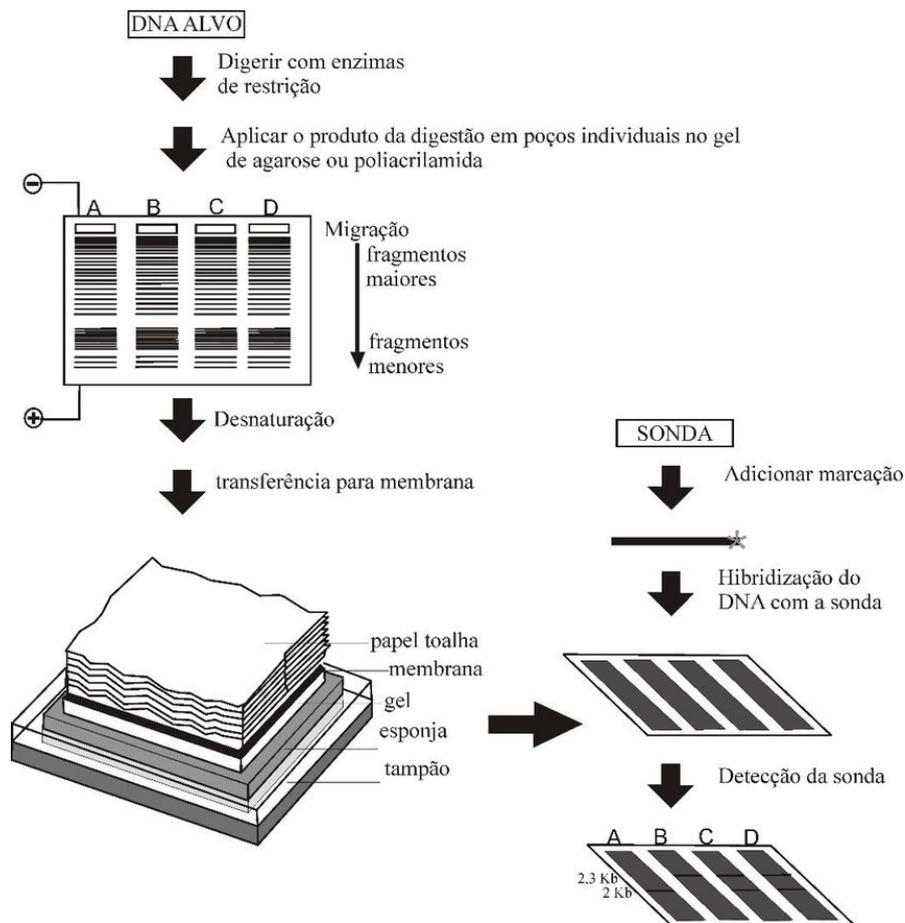


Figura 1- Esquema representativo da técnica de RFLP. (SEGATTO, 2018)

Para detectar os marcadores RFLP, os fragmentos que são separados no gel de agarose pela eletroforese são transportados para uma membrana de nitrocelulose por capilaridade através do processo denominado *Southern Blot* (*Southern Blotting*). Então os fragmentos são fixados na membrana através de alta temperatura ou de luz ultravioleta, o que permite que a membrana seja utilizada mais vezes. Logo, a identificação e visualização dos fragmentos polimórficos é realizada através da hibridização de pequenos fragmentos que são clonados do

DNA, chamados “sondas” com sequências homólogas do DNA imobilizado na membrana (Figura 1) (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Southern Blotting é o procedimento que se utiliza da capacidade da nitrocelulose se ligar a fita de DNA simples, porém não à fita dupla. A técnica se inicia através da realização de uma eletroforese com o DNA genômico, geralmente posterior a clivagem com uma ou mais enzimas de restrição. Após o término da eletroforese, o gel é embebido em NaOH (Hidróxido de Sódio) para a conversão do DNA em sua forma de fita simples. O gel então é recoberto por uma folha de nitrocelulose, e as moléculas são forçadas a deslocarem-se pelo gel por capilaridade que retirará o líquido usando uma pilha de papel absorvente pelo outro lado da nitrocelulose (ANDRADE; KOCH, 2008).

Logo, a fita simples de DNA se liga à membrana de nitrocelulose onde estava o gel anteriormente. Então, depois da secagem a 80°C, utilizada para fixar permanentemente o DNA, a membrana de nitrocelulose é umedecida com apenas uma quantidade mínima de uma solução que contém uma sonda de DNA de fita simples. Essa sonda constitui-se de uma sequência de DNA que é conhecida e que pode conter parte de um gene de interesse para a análise, ou simplesmente, uma região polimórfica, quando a análise visa a individualização. A nitrocelulose umedecida é mantida em temperatura adequada por um período para que aconteça a renaturação, ou seja, a hibridização da sonda à sequência alvo (ANDRADE; KOCH, 2008).

A remoção da sonda radioativa não-ligada ocorre após a lavagem da membrana, é feito então uma autorradiografia por exposição de raio x, e as posições das moléculas que complementam a sonda radioativa são indicadas pelo aparecimento de machas escuras no filme de raio x revelado (ANDRADE; KOCH, 2008).

A técnica de Southern Blotting pode ser utilizada na identificação de polimorfismos que determinam a alteração do padrão de clivagem (devido a mutações pontuais em sítios de restrição) obtido a partir de uma determinada região do DNA (Restriction fragment length polymorphism – RFLP). Esses diferentes padrões são detectados utilizando-se a própria região potencialmente polimórfica como sonda. Padrões de RFLP obtidos com uma determinada sonda (usualmente de uma região de DNA repetitivo) podem ser utilizados no estabelecimento de uma “impressão digital” de DNA, que permite a diferenciação entre dois indivíduos quaisquer (ANDRADE; KOCH, 2008, p.20).

Durante 30 anos de existência, a genética forense tem utilizado uma variedade de marcadores genéticos, e o primeiro deles foram os minissatélites. Em 1985, em uma edição da revista *Nature* (ZOLET *et al.*, 2017) o método desenvolvido por Jeffreys e colaboradores, que analisou regiões hipervariáveis humanas, demonstrou a presença de regiões altamente variáveis no DNA. Eles analisaram números variáveis de sequências repetidas (VNTR), sequências de

minissatélites, utilizando a técnica de RFLP, e conseguiram obter uma impressão digital genética individual única, o DNA *fingerprinting* (KOWALCZYK *et al*, 2018).

Os minissatélites são constituídos de um número variável de sequências idênticas repetidas, sequências que possuem de 15 a 100 pares de base, repetidas até 50 vezes no locus hipervariável. Esses marcadores estão distribuídos por todo o genoma, constituindo vários loci em diferentes cromossomos, numa proporção detectável, obedecendo um princípio de obtenção e detecção idêntico ao do RFLP, em que são analisados, clivados por enzimas de restrição, separados por eletroforese, imobilizados em membrana e detectados através de sondas (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Contudo, surgiu a necessidade de encontrar novos marcadores que aumentassem a confiabilidade das análises e tornasse possível o teste de materiais genéticos degradados. Esses novos marcadores foram os STRs (*Short Tandem Repeat*), repetições consecutivas curtas ou microssatélites também chamados de SSR (*Simple Sequence Repeats*) (KOWALCZYK *et al*, 2018) (Figura 2).

Avanços nas técnicas de DNA *fingerprinting* deram origem a métodos que utilizam regiões SSRs ou STR, os microssatélites. Esses representam aproximadamente 3% do genoma humano, em que o maior número desse tipo de sequência encontra-se no cromossomo 19. Compreendem repetições de 3 a 6 nucleotídeos de 500 a 1000 pb e repetições de 2, 4 e 6 nucleotídeos de 2000 a 3000 pb. São marcadores altamente polimórficos devido a alta variedade no número de repetições, e podem ser facilmente detectados por PCR (Figura 2) (ZOLET *et al*, 2017). Devido a abundância desses locos no genoma humano, e por possuir grande número de alelos diferentes, até mesmo maior que os encontrados nos VNTRs, os marcadores STRs predominam nas análises de identificação humana (DECANINE, 2016).

Além das regiões mais comuns, o estudo de análises para identificação humana tem se direcionado também para o uso de SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único), que podem atuar como coadjuvantes para fornecimento de informações genéticas decisivamente, seja em favor, a favor ou contra o alvo da análise (DECANINE, 2016) (Figura 2).

Os SNPs, mesmo possuindo poder de discriminação menor que os marcadores STRs, são uma boa solução em casos de material genético degradado. Para aumentar o poder de discriminação e reduzir o tempo de análises, os SNPs multiplex foram desenvolvidos para serem capazes de analisar simultaneamente mais de 100 loci de polimorfismos (KOWALCZYK *et al.*, 2018).

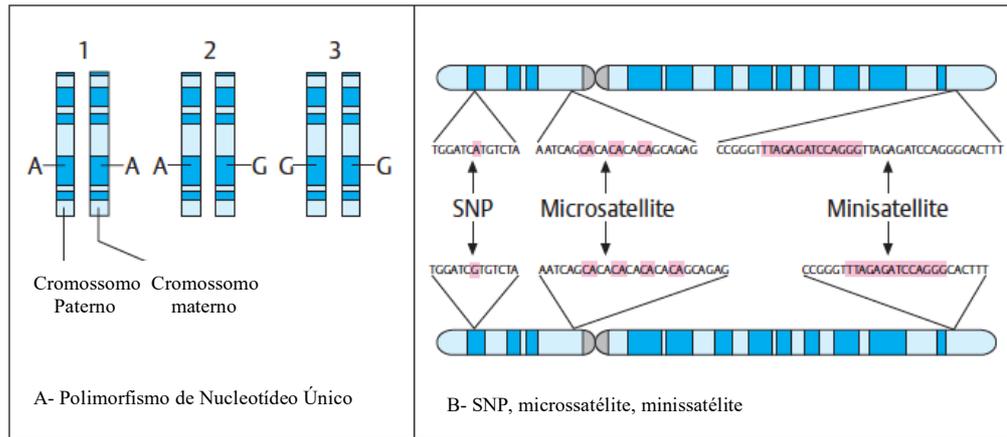


Figura 2 - Esquema representativo dos marcadores SNP, microssatélites e minissatélites. (modificado de PASSARGE, 2007)

Em 1983, Karry Mullis, um bioquímico norte americano, desenvolveu uma técnica que possibilitava a multiplicação de moléculas de DNA em laboratório, e deu nome de Reação em Cadeia da Polimerase, PCR, baseando-se no processo de duplicação do DNA. Essa técnica é considerada umas das maiores invenções da Ciência e da Biologia Molecular em si, sendo ela, um dos métodos mais utilizados nos laboratórios de análises de DNA (HEPP; NONOHAY, 2016).

A PCR consiste na habilidade de desnaturar de forma alternada, moléculas de DNA de fita dupla, enquanto hibridiza fitas simples complementares de maneira controlada. A PCR típica, comum, inicia-se com a desnaturação de uma amostra de DNA colhida para o estudo, em fitas simples, utilizando calor de 95°C. Depois, dois oligonucleotídeos sintéticos complementares à extremidade 3' do segmento de DNA-alvo são adicionados em excesso ao DNA que foi anteriormente desnaturado, e então a temperatura do processo é reduzida para 50 a 60°C. Os específicos oligonucleotídeos, que se encontram em alta concentração, hibridizarão com suas respectivas sequências complementares na amostra de DNA, enquanto as fitas longas irão permanecer separadas devido sua baixa concentração (LODISH, 2014) (Figura 3).

Então, os oligonucleotídeos que foram hibridizados, servem como iniciadores da síntese de DNA na presença de desoxinucleotídeos (dNTPs) e uma DNA polimerase que é termorresistente, obtida da bactéria *Thermus aquaticus* (uma bactéria que vive em águas termais). Essa enzima, denominada Taq-polimerase, tem a capacidade de permanecer ativa mesmo depois que é aquecida a uma temperatura de 95°C e estender os iniciadores a temperaturas de até 72°C. Quando a síntese termina, toda a mistura é aquecida novamente a 95°C para desnaturar o DNA que foi recém-formado (LODISH, 2014) (Figura 3).

Depois, a temperatura é reduzida novamente, outra síntese se inicia, pois o excesso de iniciadores ainda se fazem presentes na mistura. Ciclos de desnaturação (aquecimento) e hibridização e síntese (resfriamento) ocorrem repetidas vezes e amplificam rapidamente a sequência de interesse, do DNA estudado. Ao final de cada ciclo, o número de cópias da sequência entre os sítios dos iniciadores é duplicado, logo, a sequência que interessa à análise, aumenta excepcionalmente, em até um milhão de vezes após 20 ciclos, enquanto as sequências do DNA original, permanecem intactas (LODISH, 2014).

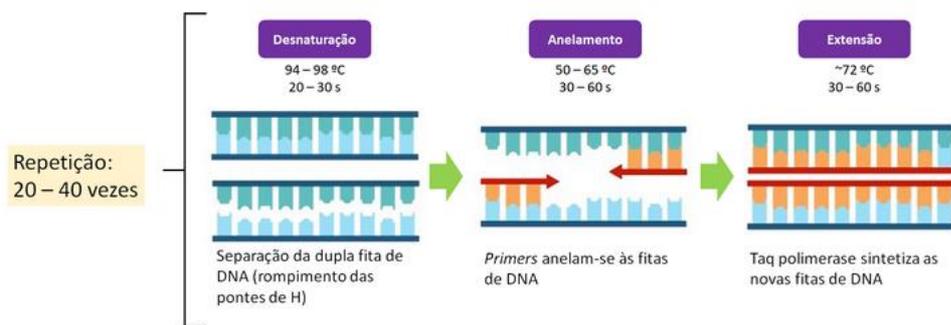


Figura 3- Passo a passo da Reação em Cadeia da Polimerase. (Fonte: Luperini; Santos, 2021)

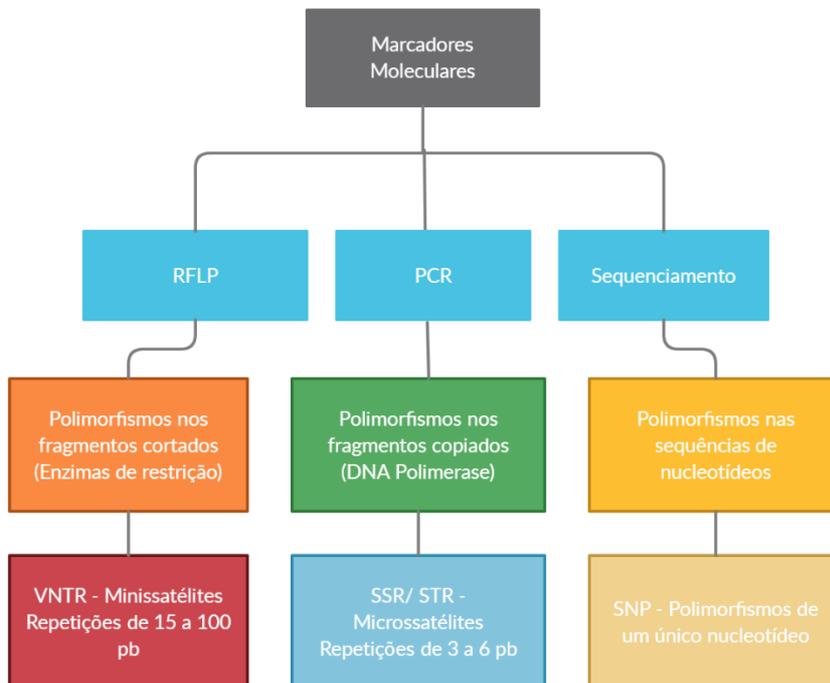


Figura 4 – Esquema dos marcadores moleculares

Os produtos obtidos tanto por PCR quanto por RFLP podem ser visualizados por eletroforese. A técnica de eletroforese consiste no método de separação de macromoléculas, como o DNA, por aplicação de uma corrente elétrica. As moléculas de DNA que apresentam carga negativa, devido a presença do grupo fosfato, quando submetidas a um campo elétrico, vão em direção ao polo positivo. Quanto menor a quantidade de nucleotídeos, ou seja, quanto menor o tamanho da molécula de DNA, mais rápido será a distância que percorrerá. Já as moléculas que possuem um mesmo tamanho migrarão por uma mesma distância e se concentrarão em uma região do gel determinada de banda (HEPP; NONOHAY, 2016) (Figura 4).

O DNA pode ser visualizado na presença de compostos intercalantes, sendo que o mais utilizado é o brometo de etídio. Em presença desse composto, o DNA emite fluorescência por exposição à luz ultra violeta e, assim, moléculas de um mesmo tamanho são visualizadas em um mesmo ponto do gel, formando uma faixa fluorescente. Basicamente, duas matrizes sólidas são utilizadas atualmente para eletroforese: géis de agarose e géis de acrilamida. A escolha do tipo de gel depende do tamanho do fragmento e da diferença de tamanho de diferentes fragmentos de DNA que se quer visualizar. As duas substâncias formam tramas de poros de tamanhos variáveis, possibilitando a separação dos fragmentos, que terá sua eficiência dependente da concentração do polímero e da intensidade da voltagem e amperagem aplicadas. Em qualquer um dos casos, estas substâncias são dissolvidas numa solução-tampão eletrolítica, obrigatoriamente a mesma que recobrirá o gel na cuba de eletroforese e possibilitará a passagem de corrente elétrica (Tampão de Corrida) (ANDRADE; KOCH, 2008, p.19).

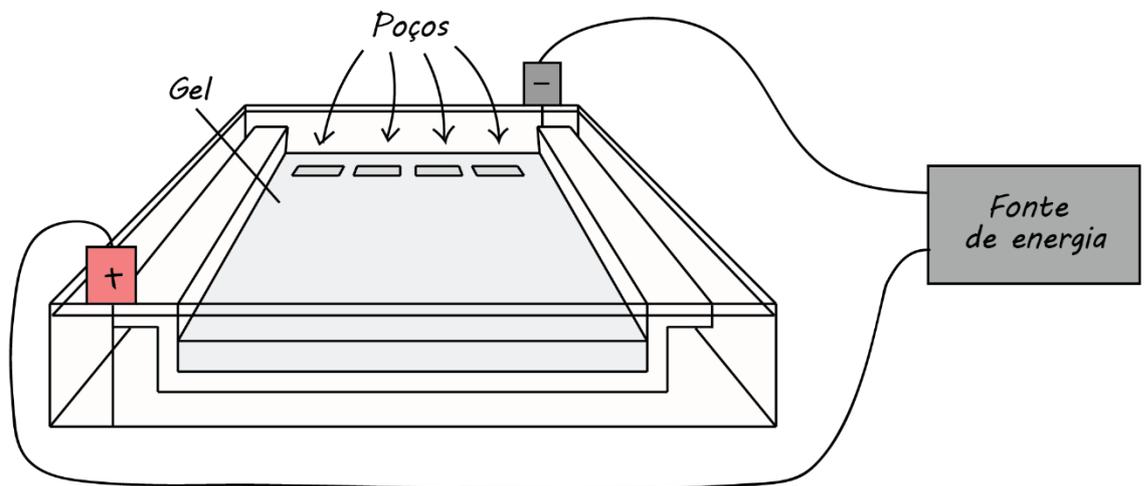


Figura 5- Esquema representativo dos marcadores da técnica de eletroforese. (CONNIE, et al., 2016)

4.3 Da genética a Genética Forense: Linha do tempo

Assim como diversas áreas, a genética forense se desenvolveu de forma gradual ao longo do tempo. Um dos marcos iniciais da genética forense foi em 1900 quando foram descobertos os tipos sanguíneos ABO, por Karl Landsteiner em que eram usados os tipos sanguíneos para identificação humana. Em contraste com essa descoberta em 1908 foi criado o primeiro instituto de polícia científica na universidade de Lausanne na França (GARRIDO; GIOVANELLI, 2012). Já em 1910, Edmond Locard, um criminologista francês, propôs a teoria de Locard em que diz que “Todo contato deixa vestígios”, e assim estabeleceu as bases modernas para a ciência forense e para criminalística (DIAS et al, 2021) (Figura 5).

No ano de 1953, Francis Crick e James Watson constataram a estrutura helicoidal da dupla hélice do DNA o que permitiu o início da pesquisa genética em nível molecular. Logo em 1973, o biólogo e bioquímico, Edwin Southern desenvolve a técnica de Southern Blot, que posteriormente seria utilizada na técnica de RFLP (DIAS et al, 2021) (Figura 5).

A partir dos anos 1980, a utilização dos marcadores moleculares integrou a análise do DNA, trazendo maiores possibilidades para a biologia molecular (ZOLET et al, 2017). Em 1983, o bioquímico Karry Mullis desenvolve o que seria a técnica mais importante para análise de DNA, a PCR. Em 1984, Alec Jeffreys descobre o marcador RFLP, um ano depois são descritos os minissatélites VNTR, o que contribui para que Jeffreys solucionasse um caso de violência sexual na Inglaterra. Os marcadores STR foram utilizados na ciência forense pela primeira vez em 1994 (WYNER *et al*, 2020). No Brasil, em 1995 foi inaugurado o laboratório de DNA criminal da Polícia Civil do Distrito Federal, visando a genética forense como uma ferramenta para solucionar casos criminais dentro do Sistema de Segurança Pública (DIAS et al, 2021) (Figura 5).

A inauguração desse laboratório foi um marco importante, pois foi ele que realizou os primeiros treinamentos de Peritos Oficiais de vários estados brasileiros, e a partir dele, surgiram os laboratórios de Genética Forense, ligados a Segurança Pública, nos estados do RS, MG, PR, MS, SP e PB. Em abril de 2003, o projeto genoma foi finalizado, criando novas caminhos para a genética (GOÊS; OLIVEIRA, 2014). E em 2004, a Secretaria Nacional de Segurança Pública (SENASP) financiou a implementação e adequação de laboratórios forenses no Brasil. Em 2012 criou-se a Lei 12.654/12 que permitiu a inserção de material genético de condenados e identificados criminalmente em Banco de Dados de Perfis Genéticos brasileiros. Sua regulamentação se deu por meio do Decreto 7.950/2013 que inseriu também o BNPG (Banco

Nacional de Perfis Genéticos) e a RIBPG (Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos) no ordenamento jurídico brasileiro. E em 2017 foi lançado um Plano Nacional de Segurança Pública pelo Ministério da Justiça, pautando a expansão da RIBPG, e desde então, a cada dia vem sendo modernizado e fortalecido os laboratórios forenses no Brasil (DIAS et al, 2021) (Figura 5).



Figura 6 – Linha do tempo da Genética Forense.

4.4 Alguns exemplos aplicados do uso da biologia na resolução de crimes

4.4.1 Primeiro assassinato resolvido com o uso da genética. “Caso Leicester”

O primeiro caso solucionado com uso de exame de DNA, ocorreu em 1983, no vilarejo de Narborough, Inglaterra, envolvendo os assassinatos de Lynda Mann e Dawn Ashcroft. Em 1983, foi encontrado o corpo de uma menina de 15 anos, Lynda Mann, em que a polícia determinou que havia ocorrido o estupro seguido de homicídio, e colheu então, do corpo da vítima, amostras de sêmen do autor do crime (CARDOSO, 2021).

Já em 1986, a polícia encontrou outro corpo, também de uma menina de 15 anos, Dawn Ashcroft, nos arredores do vilarejo chamado Enderby, que se localizava próximo a Narborough, onde havia acontecido o outro assassinado. Constatou-se mais uma vez o estupro seguido de assassinato, como havia ocorrido com Lynda, a 3 anos atrás, e então, novamente a polícia recolheu amostras de sêmen deixadas no corpo da vítima, pelo então suspeito do crime, Richard Buckland, que confessou os dois delitos (BARBOSA; ROMANO, 2018).

No condado onde se passaram os crimes, vivia o médico e geneticista Alec Jeffreys, então professor na Universidade de Leicester. Um ano antes do crime, em 1985, Jeffreys publicou um artigo na Revista Nature, em que comentava sobre regiões específicas do DNA, denominadas minissatélites, que através delas seria possível identificar pessoas com quase 100% de precisão. Essas regiões foram chamadas também de DNA Fingerprint, “impressões digitais de DNA” (CARDOSO, 2021).

A polícia então entrou em contato com Alec, para que ele realizasse testes de DNA com os sêmens que foram encontrados no corpo das vítimas, para que pudessem comparar com o DNA de Richard Buckland. Descobriu-se então que os materiais genéticos não combinavam, ou seja, o DNA encontrado não pertencia a Richard (BARBOSA; ROMANO, 2018).

Após essa descoberta, a polícia incentivou uma campanha de doação de sangue no distrito de Leicestershire para encontrar o criminoso, que ainda estava solto. Alec pôde analisar o material genético de 3600 homens, ainda assim, não foi possível encontrar o autor do ato criminoso. Já em 1988, uma mulher disse à polícia que escutou um relato de que um funcionário de uma padaria de Narborough, chamado Ian Kelly, na época da campanha de doação de sangue, entrou na fila dizendo ser Colin Pitchfork, um colega de serviço (BARBOSA; ROMANO, 2018).

Ou seja, a polícia tinha em sua posse o DNA de Ian Kelly, marcado como Colin. A polícia logo iniciou as buscas por Pitchfork, e quando foi encontrado, ele teve que doar uma amostra de seu sangue, assim que os resultados foram liberados, logo soube-se que ele era o

autor dos crimes. Colin então confessou os crimes e entrou para a história como a primeira pessoa a ser condenada através de um exame de DNA (BARBOSA; ROMANO, 2018).

4.4.2 Os primeiros casos solucionados na América do Norte utilizando DNA

Em 1987, Tommie Lee Andrews se tornou um dos primeiros norte americano a ser condenado em um caso em que foi utilizado evidência de DNA. Em 21 de fevereiro de 1987, um estranho arrombou a casa de uma mulher na Flórida no meio da noite, assaltou a casa e estuprou a mulher. Amostras de DNA recuperadas do sêmen encontrado na cena de crime combinaram com o sangue colhido de Andrews, um estupro em série. Naquela época, nenhum Estado tinha um banco de dados DNA. Entretanto, depois de testemunhar o poder da evidência de DNA, tribunais estaduais e legislaturas estaduais logo lutariam com a questão de que se as evidências de DNA deveriam ser admitidas em julgamentos como prova de identidade e se o estabelecimento de banco de dados de DNA estaduais seria viável e importante para a aplicação da Lei (HIBBERT, 1999).

Timothy Spencer, conhecido como “South Side Strangler,” (O estrangulador do Sul) foi condenado por um brutal estupro e homicídio de Susan Tucker, uma residente de Fairlington, de 44 anos de idade. Ele, eventualmente, acumularia mais três sentenças de morte por assassinatos similares ao redor de Richmond. De 1983 para 1984, investigadores acreditavam que Spencer havia cometido uma série de crimes, incluindo 8 estupros. Esses crimes culminaram no primeiro homicídio de Spencer, Carolyn Hamm, uma advogada. Em Janeiro, os ataques pararam abruptamente, e só retornaram a acontecer em Setembro de 1987 com o estupro e o homicídio de Debbie Davis, uma mulher de 35 anos, residente de Richmond (HIBBERT, 1999).

Um detetive de Arlington, Joe Horgas, percebeu que esse período se alinhou a uma passagem prisional de Spencer, que foi preso por roubo em Alexandria, em Janeiro de 1984, e foi liberado para uma casa de recuperação em Richmond, em Setembro de 1987. Quando o detetive Horgas visitou essa instituição, ele descobriu outra coisa. Spencer tinha sido liberado da casa quando cada crime ocorreu, e ele teve uma licença para visitar sua mãe em Arlington, quando Susan Tucker foi assassinada. Detetives de Arlington prenderam Spencer em Richmond em 20 de Janeiro de 1988, com acusações do júri por roubo, estupro e homicídio. Spencer nunca foi julgado pelos crimes de 1983-84 ou pelo assassinato de Hamm (HIBBERT, 1999).

O DNA que ele abandonou na cena de crime do assassinato de Hamm, havia se degradado e tornado inútil, mas ele recebeu pena de morte também por outros homicídios, pois nos outros crimes sexuais, a polícia conseguiu coletar amostras de sêmen do agressor. A implicação do caso de Spencer levou o Governador de Virginia, Gerald Baliles a perdoar David Vasquez, que havia sido sentenciado a 35 anos de prisão pelos assassinatos de Carolyn Hamm, após submeter um apelo, não admitindo a culpa, mas concedendo aquelas que seriam evidências suficientes para condená-lo. “O fato é que não existia outra evidência diretamente ligada a Spencer aos seus casos, a não ser seu DNA” Disse Richard Foster, um escritor. Ou seja, nesse caso, o DNA serviu para incriminar uma pessoa e inocentar outra (PINCUS, MELANIE. 2018).

4.4.3. Exemplo da utilização do banco de dados genéticos

Os estudos sobre a contribuição do banco de dados para a resolução de crimes sexuais, por Carvalho et al, levou em conta o Banco de Perfis Genéticos de Goiás, da Polícia Técnico Científica do Estado de Goiás, alcançando a conclusão de que até Setembro de 2018, o banco de dados possuía um total de 765 perfis, sendo 510 de evidências e 255 de crimes. Constatou-se também que entre Janeiro de 2004 e Julho de 2018, foram registrados um total de 2165 casos de crimes sexuais em Goiás. De um total de 176 perfis inseridos no banco de dados, 32 geraram 60 combinações, o que levou a resolução de 32 investigações (CARVALHO et al, 2020).

4.5 Banco Nacional de Perfis Genéticos

Os avanços da Biologia Molecular, associados ao crescente desenvolvimento da informática, tornaram possível a criação de bancos de dados de DNA objetivando a identificação humana individual. Esses bancos têm se mostrado eficazes em todos os países em que são utilizados e auxiliam no combate à criminalidade (NUNES, 2012).

Em 1989, a Divisão de Ciência Forense de Virginia foi o primeiro laboratório estadual a proporcionar análises de DNA às agências de aplicação da lei, além de também ter sido os primeiros a criar um banco de dados de DNA proveniente de criminosos sexuais previamente condenados. No final de 1997, em novembro, 48 Estados haviam estabelecido bancos de dados forenses de material genético colhido de criminosos condenados, em especial os condenados por crimes sexuais e criminosos violentos. Os dois Estados que não possuíam esses bancos de dados, Vermont e Rhode Island já estavam planejando uma legislação para implementá-lo. Além disso, o FBI (*Federal Bureau of Investigation*), também já explorava maneiras para criar um banco de dados de DNA para o Distrito de Columbia (EISEMEN; HAGA, 1999).

A Lei de Identificação de DNA, uma lei federal dos Estados Unidos, criada em 1994, autorizou o FBI a estabelecer um sistema combinado de DNA, o CODIS, para propósitos de aplicação da lei. O CODIS é uma rede nacional de computadores contendo perfis de DNA de criminosos condenados, suspeitos e amostras populacionais, que permite às agências de aplicação da lei, comparar perfis de DNA, tanto na esfera federal como estadual. Esse banco de dados fornece uma estrutura para armazenar, manter, rastrear e pesquisar informações sobre amostras de material genético (EISEMEN; HAGA, 1999).

A INTERPOL disponibiliza dados com informação de que sessenta e três países possuem um banco de dados de perfis genéticos. Entretanto, existem divergências na legislação de cada um acerca da inserção dos perfis e das comparações feitas utilizando o banco de dados. Em alguns países, criminosos condenados são imediatamente incluídos no banco de dados, já em outros, não exatamente todos os condenados são incluídos, mas somente aqueles que cometeram crimes específicos (GARRIDO; RODRIGUES, 2015).

Mesmo que os bancos de dados de perfis genéticos tenham sido estabelecidos há mais de 20 anos nos EUA e no Reino Unido, para auxílio na persecução penal, no Brasil, somente após a criação da Lei 12.654/2012 é que foi possível admitir tal realidade, em que é perceptível a contribuição dessa ferramenta para resolução de crimes (GARRIDO; RODRIGUES, 2015).

Art. 1º O art. 5º da Lei nº 12.037, de 1º de outubro de 2009, passa a vigorar acrescido do seguinte parágrafo único:

“Art. 5º

Parágrafo único. Na hipótese do inciso IV do art. 3º, a identificação criminal poderá incluir a coleta de material biológico para a obtenção do perfil genético.” (NR)

Art. 2º A Lei nº 12.037, de 1º de outubro de 2009, passa a vigorar acrescida dos seguintes artigos:

“Art. 5º-A. Os dados relacionados à coleta do perfil genético deverão ser armazenados em banco de dados de perfis genéticos, gerenciado por unidade oficial de perícia criminal.

§ 1º As informações genéticas contidas nos bancos de dados de perfis genéticos não poderão revelar traços somáticos ou comportamentais das pessoas, exceto determinação genética de gênero, consoante as normas constitucionais e internacionais sobre direitos humanos, genoma humano e dados genéticos.

§ 2º Os dados constantes dos bancos de dados de perfis genéticos terão caráter sigiloso, respondendo civil, penal e administrativamente aquele que permitir ou promover sua utilização para fins diversos dos previstos nesta Lei ou em decisão judicial (BRASIL, 2012)

Em 12 de Março de 2013, o Decreto nº7.950, instituiu o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) e a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (GARRIDO; RODRIGUES, 2015). Essa criação só foi possível devido ao acordo firmado entre Brasil e Estados Unidos, no qual o FBI permitiu à Polícia Federal o acesso ao software CODIS, o banco de dados de dados de perfis genéticos americano (WOYCIEKOSKI, 2021).

O Decreto nº 7.950, de 12 de março de 2013, instituiu, formalmente, o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) e a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG). Consoante, o disposto no art. 1º, caput, desse decreto, tanto o BNPG, quanto a RIBPG, são de competência do Ministério da Justiça e Segurança Pública (BRASIL, 2013). O objetivo do Banco Nacional de Perfis Genéticos está expresso no art. 1º, §1º, do referido decreto, e consiste em “[...] armazenar dados de perfis genéticos coletados para subsidiar ações destinadas à apuração de crimes”. Já a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos possui como objetivo “[...] permitir o compartilhamento e a comparação de perfis genéticos constantes dos bancos de perfis genéticos da União, dos Estados e do Distrito Federal”, conforme o disposto no parágrafo 2º do mesmo dispositivo legal (WOYCIEKOSKI, 2021).

A partir dos esforços de expansão e modernização da RIBPG desde 2017 (DIAS et al, 2021), atualmente, a rede é formada por 22 laboratórios de genética forense vinculados a unidades de perícia estaduais, distrital e federal. O estado com maior contribuição absoluta de perfis genéticos no BNPG é São Paulo (18.546), seguido por Pernambuco (14.382), Minas Gerais (9.369) e Goiás (9.202) (BRASIL, 2021).



Figura 7- Mapa do Brasil apontando as unidades da federação participantes da RIBPG (verde). (BRASIL, 2017).

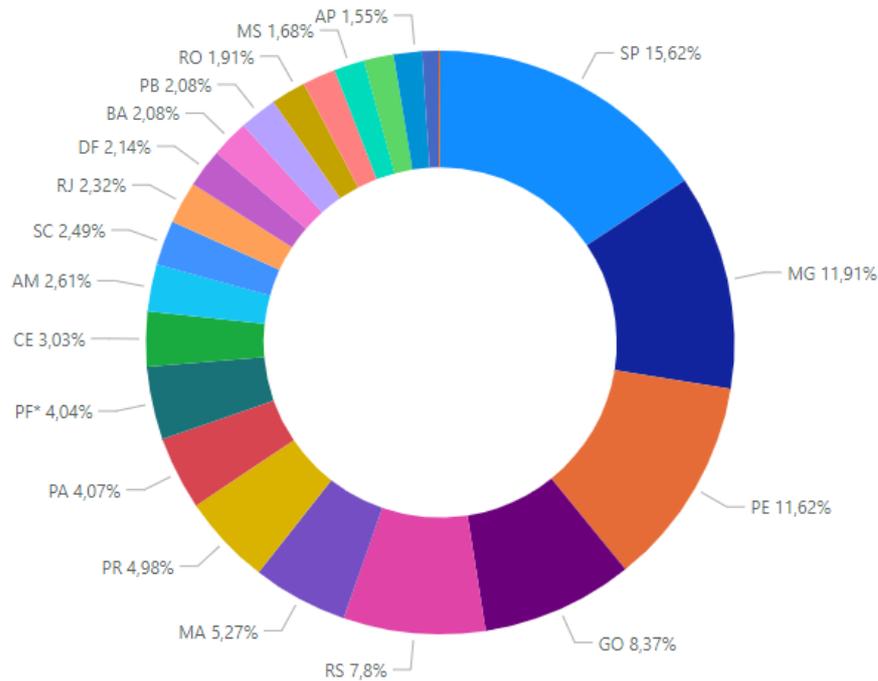


Figura 8 - Quantidade de banco de dados por Estados. *PF incluem perícias oficiais dos estados do AC, PI, RR, SE, RN e TO (BRASIL, 2021).

Em 2014, na cidade de Aparecida de Goiânia, em Goiás, foi registrado um crime de assalto seguido de estupro. Amostras de sêmen do criminoso foram encontradas no banheiro da casa da vítima, colhidas e inseridas no Banco de Perfis Genéticos da Superintendência da Polícia Técnico-Científica do estado de Goiás (SPTC – GO). Já em 2016, em Ponte Alta do Bom Jesus, Tocantins, ocorreu um sequestro, e no local do crime a polícia encontrou uma guimba de cigarro, esse vestígio foi coletado e as amostras de DNA que nele havia, combinaram com um material genético que já existia no BNPG (Banco Nacional de Perfis Genéticos), e a partir de estudos e análises, foi possível detectar que o DNA pertencia ao mesmo criminoso do caso ocorrido em Goiás. Logo, a utilização do BNPG, auxiliou na elucidação dos casos, essencialmente no caso de sequestro, no Tocantins, que ainda não havia suspeitos (SILVA; FRANGIOSA, 2018).

4.6 Estado da arte sobre genética forense

Entre as maiores bases de dados bibliográficas multidisciplinares do mundo (Scopus e Web of Science), da área da saúde (PubMed) e uma brasileira (SciELO), a Scopus se destaca com maior número de publicações sobre genética forense (n = 4517). Foi encontrado quase seis

vezes menos publicações na Scielo (n = 797), cerca de duas vezes menos na Web of Science (n = 2148) e a PubMed também se destacou ficando em segundo lugar no número de publicações (n = 3760) (Figura 8).

A base de dados Scopus é multidisciplinar, produzida pela editora Elsevier em 2004, abrangendo trabalhos desde 1960. Contém cerca de 27 milhões de artigos, referências e índices da literatura científica. As áreas do conhecimento presentes nessa base são química, física, ciências da saúde, ciências ambientais, e outras (MESQUITA et al, 2006).

A Web of Science foi fundada em 1958, por Eugene Garfield (FREITAS; FREIRE, 2003), e é referência em citações científicas, nas áreas de ciências, ciências sociais, artes e humanidades, incluindo mais de 20.000 revistas acadêmicas publicadas em todo o mundo. O acesso a essa base é possível através do Portal de Periódicos da CAPES (BCE, 2018).

Já a PubMed, desenvolvida pela *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) da *National Library of Medicine* (NLM), é uma base de dados científica que abrange áreas da Ciências Biológicas e da Saúde, e possui mais de 24 milhões de citações e resumos (SEIB, 2016). E por fim, a Scielo, uma biblioteca virtual, desenvolvida inicialmente em 1997, pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e o Centro Latino-Americano e do Caribe de Informação em Ciências da Saúde (BIREME), com o objetivo de disponibilizar publicações científicas do Brasil e da América Latina (HAYASHI, 2008).

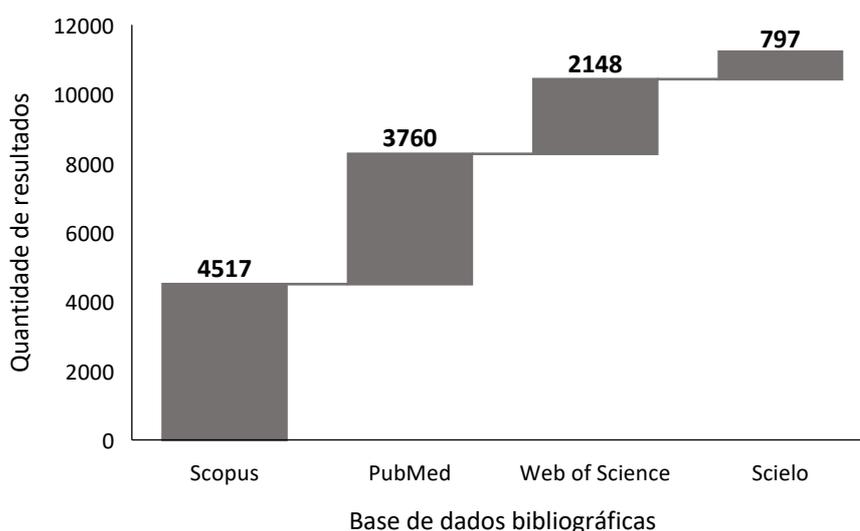


Figura 9- Quantidade de estudos sobre genética forense em diferentes bases de dados bibliográficas.

Conforme esperado, as duas palavras-chave mais citadas nos estudos sobre genética forense disponíveis na Scopus são “Forensic Genetics” e “Human”. Entre os marcadores

moleculares utilizados nos estudos e, portanto, mais citados foram encontrados os seguintes: “DNA fingerprinting”, “Polymerase Chain Reaction”, “Short Tandem Repeat”, “Microsatellite Repeats”, “Microsatellite DNA” e “Single Nucleotide Polymorphism”(Figura 9). Considerando que “Short Tandem Repeat”, “Microsatellite Repeats” e “Microsatellite DNA” são sinônimos, constata-se que a maioria dos estudos utilizam os marcadores microssatélites em suas pesquisas.

Os microssatélites, também chamados de STR (do inglês *short tandem repeats* ou “repetições curtas em tandem”) são polimorfismos que diferem dos minissatélites VNTR devido seu tamanho e no comprimento das unidades de repetição em sequência, que variam entre 2 a 7 nucleotídeos. São bastante abundantes no genoma humana e essenciais para a identificação e individualização humana (ANDRADE; KOCH, 2008).

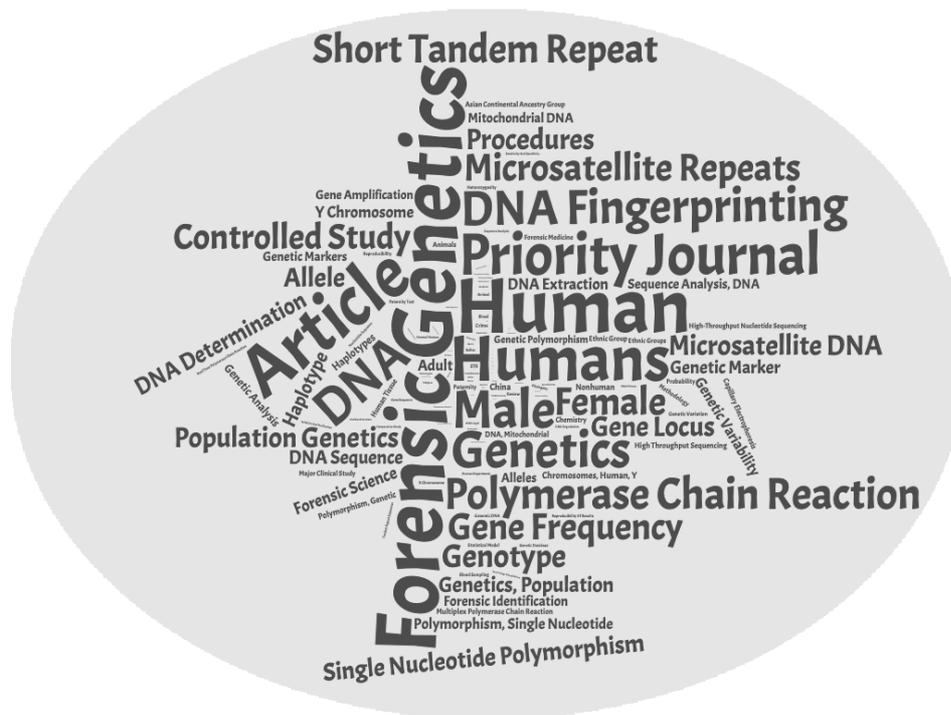


Figura 10- Nuvem de palavras-chave encontradas nos estudos sobre genética forense disponíveis na base de dados Scopus.

Quando analisado o número de publicações por ano sobre genética forense pode ser observado um intervalo de estudos entre 1972 e 2022, sendo que, o ano com maior número de publicações foi 2015 (n = 381), seguido de 2019 (n = 360), 2011 (n = 340) e 2020 (n = 336) (Figura 10). Fica claro que foi a partir dos anos 2000 que a quantidade de estudos sobre genética

forense começa a crescer, uma vez que, apenas em 2007 temos mais de uma centena de estudos publicados por ano ($n = 155$) (Figura 10). No século XX, a identificação humana forense, era realizada a partir de estudos sobre antígenos sanguíneos do sistema ABO. Alguns anos depois, a identificação humana através de DNA revolucionou a genética forense, o que consequentemente provocou mais estudos sobre o tema, aumentando o número de publicações científicas (ARAUJO, 2017). O projeto genoma, finalizado em 2003, foi um dos projetos que abriu novos caminhos para a genética, pois grande parte do genoma era ainda desconhecido e ele teve como objetivo o sequenciamento dos 3,1 bilhões de bases nitrogenadas do genoma humano, fator que pode explicar por que a partir dos anos 2000 houve a crescente de publicações sobre genética forense (GOÉS; OLIVEIRA, 2014).



Figura 11- Quantidade de publicações por ano, sobre genética forense, disponível na base de dados Scopus.

De acordo com os resultados obtidos na base de dados Scopus, entre os 10 países que mais publicaram sobre genética forense temos como destaque a China ($n = 909$) e Estados Unidos ($n = 857$), cuja produção foi duas vezes maior que o terceiro lugar (Espanha = 404) (Figura 11). Vale ressaltar que o Brasil aparece nesta lista em 10º lugar no ranking com 197 estudos (Figura 11). Em 2019, uma investigação brasileira, auxiliada pelo BNPG, atingiu o terceiro lugar como um dos casos mais emblemáticos do mundo, em um importante concurso internacional. O caso em questão foi o primeiro no Brasil em que um suspeito de crimes sexuais

em série foi identificado, através da análise do seu perfil de DNA, com o auxílio do banco de dados brasileiro (BRASIL, 2019).

Em 2019, o Governo brasileiro investiu R\$35 milhões no melhoramento e desenvolvimento do banco de perfis genéticos e dos laboratórios de genética forense, já no ano de 2020, o Ministério da Justiça investiu mais de R\$80 milhões, juntamente com a Secretaria Nacional de Segurança Pública (SENASP), a Polícia Federal e as secretarias estaduais de segurança pública. Atualmente, o BNPG ultrapassou a marca de 100 mil perfis genéticos cadastrados, maior parte de suspeitos por crimes violentos e de abuso sexual (BRASIL, 2021).

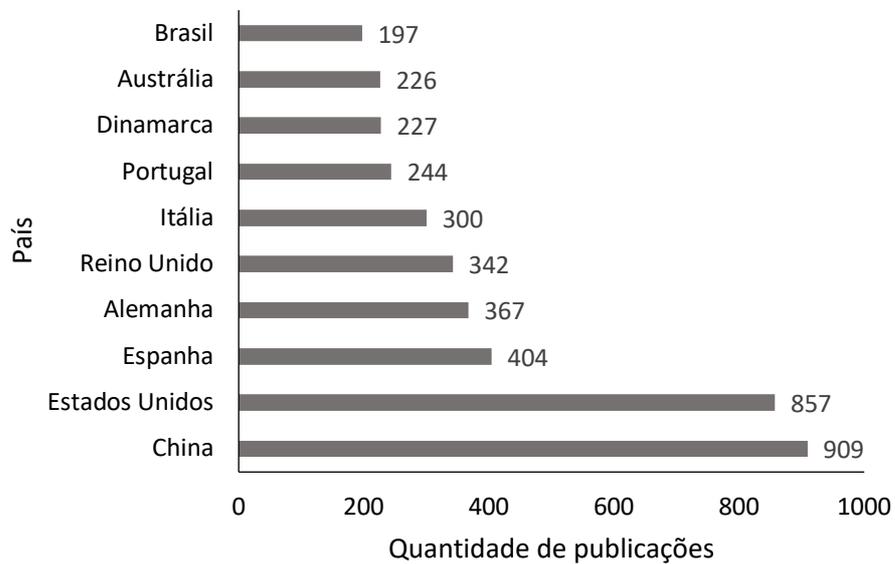


Figura 12- Quantidade de publicações por país, sobre genética forense, disponível na base de dados Scopus.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho teve a finalidade de expor, por meio da literatura científica, a importância da genética e da biologia molecular no auxílio as perícias criminais e a justiça, utilizando a identificação de material genético. Constatou-se que o desenvolvimento de técnicas moleculares baseadas em polimorfismos genéticos, agem de forma decisiva no cenário criminal auxiliando as análises e interpretações de vestígios encontrados em locais de crimes.

As provas testemunhais deixaram de ter papel único e exclusivo em âmbito judicial, para dar espaço as análises de vestígios biológicos, que levam à individualização de um suspeito por um crime, por meio da identificação genética. O que possibilitou também a criação de bancos de dados de perfis genéticos para o armazenamento de material genético de suspeitos e de condenados.

A relevância social do trabalho está na demonstração da aplicabilidade das ciências biológicas no âmbito forense, em que a perícia criminal e seus resultados representam a última voz da vítima de um crime.

Logo, conclui-se que a genética e a biologia molecular foram e são essenciais não só para a biologia como um todo, mas também para a área criminal, auxiliando em análises, interpretações, condenações e até mesmo inocentando pessoas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, T. K. Identificação humana através de marcadores moleculares. **Caderno La Salle XI**, Canoas, v. 2, n. 1, p. 265 - 270, 2004.
- AMORIM, A. Genética forense. **Nat Genet**, v. 6, n. 2, p. 130-5, 2015.
- ANP, Academia Nacional de Polícia. **Curso Básico sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada**. 2021.
- ARAÚJO, S. K. de. **Estudo das aplicações forenses do DNA na obtenção da identificação humana**. 2017.
- BARBOSA, R.P; ROMANO, L.H. História e importância da genética na área forense. **Revista Saúde em Foco** – Edição nº 10. 2018. Disponível em: https://portal.unisepe.com.br/unifia/wpcontent/uploads/sites/10001/2018/06/041_Hist%C3%B3ria_e_Import%C3%A2ncia_da_Genetica_Forense.pdf. Acesso em: 15 nov. 2021.
- BCE UNB – Biblioteca Central da Universidade de Brasília. **Conheça a Web of Science**, 2018. Disponível em: <https://bce.unb.br/2018/06/conheca-a-web-of-science/> Acesso em: 19 nov. 2021.
- BRASIL. **Decreto nº 7.950, de 12 de março de 2013**. BRASIL.
- BRASIL. **Lei de execução Penal. Lei nº 7210 de 11 de julho de 1984**. BRASIL.
- BRASIL. **Lei nº 12.654, de 28 de maio de 2012**. BRASIL.
- BRASIL. **Banco Nacional de Perfis Genéticos atinge a marca de 100 mil perfis cadastrados**, 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/pt-br/noticias/justica-e-seguranca/2021/04/banco-nacional-de-perfis-geneticos-atinge-a-marca-de-100-mil-perfis-castrados>. Acesso em: 19 nov. 2021.
- BRASIL, Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Investimento em tecnologia e inovação para auxiliar no combate à criminalidade**, 2019. Disponível em: <https://www.gov.br/mj/pt-br/assuntos/noticias/investimento-em-tecnologia-e-inovacao-para-auxiliar-no-combate-a-criminalidade>. Acesso em: 19 nov. 2021.
- BRETTELL, T. A.; BUTLER, J. M.; SAFERSTEIN, R. Forensic science. **Analytical chemistry**, v. 77, n. 12, p. 3839-3860, 2005.
- BROWN, T.A. **Clonagem Gênica e Análise de DNA: Uma introdução**. 4.ed. Porto Alegre: **Artmed**. 376p. 2001.

CARDOSO, A. P. M. **Técnicas de genética forense**: uma revisão sobre as principais técnicas utilizadas para a obtenção de perfil de DNA na resolução de crimes e sua importância no âmbito jurídico. 2021.

CARVALHO, N. R. *et al.* The contribution of DNA databases for stored sexual crimes evidences in the central of Brazil. **Forensic science international: genetics**, v. 46, p. 102235, 2020.

CONNIE, *et al.* Biology. Houston: **Texas OpenStax**, 2016

DECANINE, D. O papel de marcadores moleculares na genética forense. **Rev. Bras. Crimin**, v. 5, n. 2, p. 18-27, 2016.

DIAS FILHO, C. R. *et al.* **História da Genética Forense**. Acesso em: 18 nov. 2021

DOS SANTOS, A. E. As principais linhas da biologia forense e como auxiliam na resolução de crimes. **Revista Brasileira de Criminalística**, v. 7, n. 3, p. 12-20, 2018.

EISEMEN, E.; HAGA, S. B. **Handbook of human tissue sources**. A National Resource of Human Tissue Samples. 1999.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3ªed. Brasília: **EMBRAPA-CENARGEM**, 1998. pp.220.

FISHER, B. A. J. **Techniques Of crime scene investigation**. (7). Flórida:CRC, 2004.

FREITAS, FH de A.; FREIRE JR, O. Sobre o uso da Web of Science como fonte para a história da ciência. **Revista da SBHC**, v. 1, n. 2, p. 129-147, 2003.

GARRIDO, R. G.; RODRIGUES, E. L. O banco de perfis genéticos brasileiro três anos após a Lei nº 12.654. **Revista de bioética y derecho**, n. 35, p. 94-107, 2015.

GARRIDO, R. G.; GIOVANELLI, A. Criminalística: origens, evolução e descaminhos. **Cadernos de ciências sociais aplicadas**, 2012.

GÓES, A. C. de S.; OLIVEIRA, B. V. X. de. Projeto Genoma Humano: um retrato da construção do conhecimento científico sob a ótica da revista Ciência Hoje. **Ciência & Educação** (Bauru), v. 20, p. 561-577, 2014.

HAYASHI, M. C. P. I. *et al.* História da educação brasileira: a produção científica na biblioteca eletrônica SCIELO. **Educação & Sociedade**, v. 29, p. 181-211, 2008.

HEPP, D.; NONOHAY, J. S. de. **Técnicas e análises de biologia molecular**. v. 3 n. 2. 2016.

HIBBERT, M. DNA databanks: law enforcement's greatest surveillance tool. **Wake Forest L. Rev.**, v. 34, p. 767, 1999.

IBCCRIM. Instituto Brasileiro de Ciências Criminais. **Os impactos do pacote anticrime no Banco Nacional de Perfis Genéticos**. São Paulo, 2020.

KOWALCZYK, M. *et al.* Molecular markers used in forensic genetics. **Medicine, Science and the Law**, v. 58, n. 4, p. 201-209, 2018.

KOCH, A.; ANDRADE, F.A. A utilização de técnicas de biologia molecular na genética forense: uma revisão; **RBAC**, 40 (1), 17-23, 2008.

LEE, H.C.; LADD, C. Preservation and Collection of Biological Evidence. **Croatian Medical Journal**, v. 42, n. 3, p. 225 - 228, 2001.

LODISH, H. *et al.* Biologia celular e molecular. 7. ed. Porto Alegre: **Artmed**, 2014.

LUBAALE, E. C. Bokolo v S 2014 (1) sacr 66 (sca): The practicality of challenging dna evidence in court. **South African Crime Quarterly**, v. 52, p. 39-47, 2015.

LUPERINI R.S.; SANTOS R. A. C. **O que são essas siglas e quais as diferenças entre as várias técnicas de PCR? E o que elas têm a ver com a COVID-19?** Disponível em: <https://ilhadoconhecimento.com.br/pcr-qpcr-rt-qpcr-sopa-de-letrinhas-cientifica/> Acesso em: 12 nov. 2021.

MESQUITA, R. *et al.* Elaboração e aplicação de instrumentos para avaliação da base de dados Scopus. **Perspectivas em ciência da informação**, v. 11, p. 187-205, 2006.

NUNES, R. F. **Bancos de dados genéticos para fins criminais: aspectos bioéticos e biopolíticos**. 2012.

PASSARGE, E. **Color Atlas of genetics**. 3 ed. Thieme Stuttgart: New York, 2007.

PAVAN, M. G.; MONTEIRO, F. A. Técnicas moleculares aplicadas à sistemática e ao controle vetorial. GALVÃO, C. Vetores da doença de chagas no Brasil. Curitiba: **Sociedade Brasileira de Zoologia**, p. 241-260, 2014.

PINCUS, M. 30 Years Ago in Arlington: Serial Killer Convicted With DNA Evidence. **ARLnow**, Ballston, July 2018. Disponível em: <https://www.arlnow.com/2018/07/19/30-years-ago-in-arlington-serial-killer-convicted-with-dna-evidence/> Acesso em: 25 out. 2021.

SEGATTO, A. L. **Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações**, 2018.

SILVA, T. A.; FRANGIOSA, P. C. A aplicação de técnicas moleculares de DNA na investigação forense. **Revista Científica UMC**, v. 3, n. 2, 2018.

SEIB - Sistema Einstein Integrado de Bibliotecas. **PubMed, tutorial de utilização**, 2016. Disponível em: <https://www.einstein.br/ensino/Documentos%20Biblioteca/pubmed-medline.pdf>. Acesso em: 19 nov. 2021.

SILVA, L. A. F.; PASSOS, N. S. DNA forense – **coleta de amostras biológicas em locais de crimes para estudo do DNA**. Maceió: UFAL, 84p, 2006.

WYNER, N.; BARASH, M.; MCNEVIN, D. Forensic Autosomal Short Tandem Repeats and Their Potential Association With Phenotype. **Frontiers in genetics**, v. 11, p. 884, 2020.

WOYCIEKOSKI, L. **O Banco Nacional de Perfis Genéticos no sistema penal brasileiro**. 2021.

ZOLET, A. C. T. *et al.* **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. 2017.



PRÓ-REITORIA DE GRADUAÇÃO
 Av. Universitária,
 1069 | Setor
 Universitário
 Caixa Postal 86 |
 CEP 74605-010
 Goiânia | Goiás | Brasil
 Fone: (62) 3946.1020 ou 1021 | 0
 www.pucgoias.edu.br |
 prograd@pucgoias.edu.br

RESOLUÇÃO n° 038/2020 – CEPE

ANEXO I

APÊNDICE ao TCC

Termo de autorização de publicação de produção acadêmica

A estudante **MARIA JULIA MOREIRA DE BORBA**, do Curso de Ciências Biológicas **BACHARELADO**, matrícula **20181005000787** telefone: **(62) 998398868** e-mail **mariajulia1d@outlook.com**, na qualidade de titular dos direitos autorais, em consonância com a Lei nº 9.610/98 (Lei dos Direitos do autor), autoriza a Pontifícia Universidade Católica de Goiás (PUC Goiás) a disponibilizar o Trabalho de Conclusão de Curso intitulado **GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR NO AUXÍLIO À JUSTIÇA**, gratuitamente, sem ressarcimento dos direitos autorais, por 5 (cinco) anos, conforme permissões do documento, em meio eletrônico, na rede mundial de computadores, no formato especificado (Texto (PDF); Imagem (GIF ou JPEG); Som (WAVE, MPEG, AIFF, SND); Vídeo (MPEG, MWV, AVI, QT); outros, específicos da área; para fins de leitura e/ou impressão pela internet, a título de divulgação da produção científica gerada nos cursos de graduação da PUC Goiás.

Goiânia, 10 de dezembro de 2021.

Assinatura da autora: Maria Julia Moreira de Borba

Nome completo da autora: MARIA JULIA MOREIRA DE BORBA

Assinatura da professora orientadora: Flávia Melo Rodrigues

Nome completo da professora orientadora: FLÁVIA MELO RODRIGUES