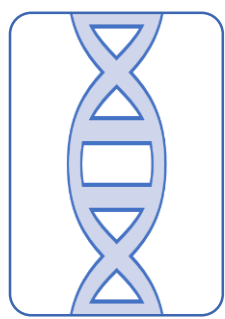
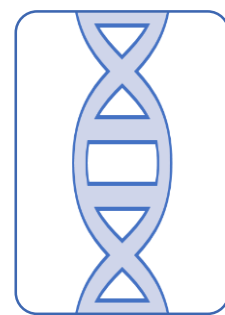


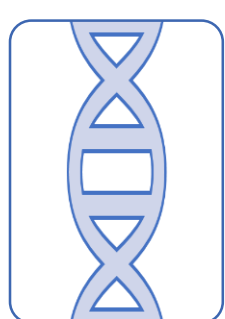
INTRODUÇÃO



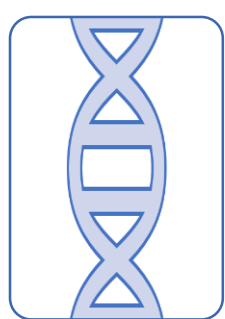
Os Kits comerciais de amplificação de STRs autossômicos para aplicação forense permitem obter informação genética com grande poder de discriminação. Atualmente os kits mais recentes permitem obter poderes de discriminação que variam entre 1 x 10E18 (para 15 STRs autossômicos) e 1 x 10E26 (para 21 STRs autossômicos). Um número crescente de *loci*, contribui para que esse poder de discriminação aumente exponencialmente.



Os desenvolvimentos ao nível da bioquímica têm resultado na deteção de concentrações muito baixas de ADN, tipicamente descritas como amostras com baixa concentração, e posterior obtenção de perfis genéticos em vestígios biológicos, onde há pouco tempo atrás era quase impossível obter esses resultados.



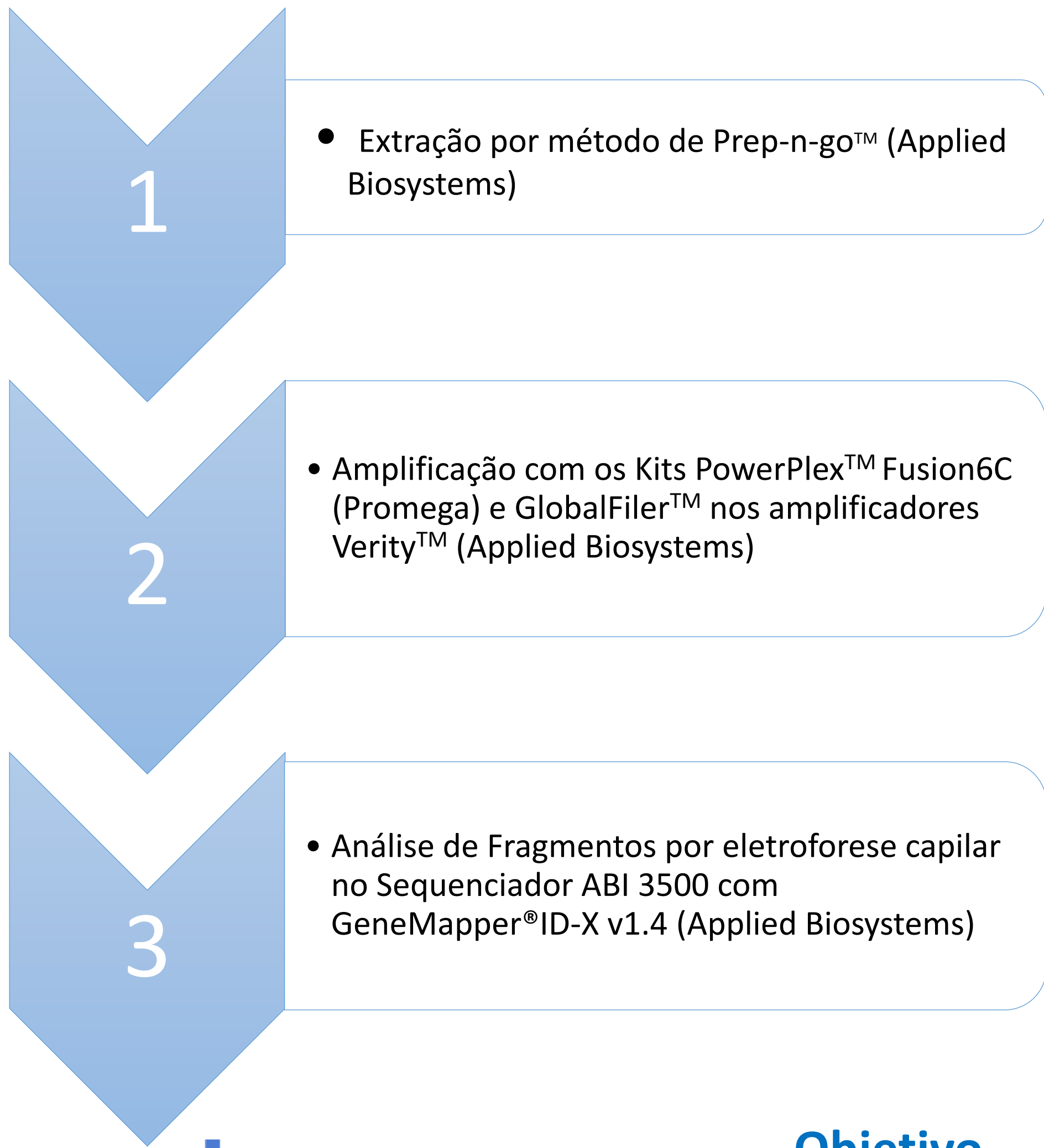
Existem alguns softwares estatísticos disponíveis, entre os quais o “Euroformix-Casesolver” e o LRMix, com modelos de cálculo distintos com aplicação na avaliação estatística dos casos criminais. A principal vantagem do “Euroformix-casesolver”, comparativamente aos softwares disponíveis, consiste na utilização da informação relativamente à intensidade de sinal do produto amplificado (altura em RFUs) e deste modo permite introduzir no cálculo a informação desta variável, avaliada até à presente data, de forma qualitativa.



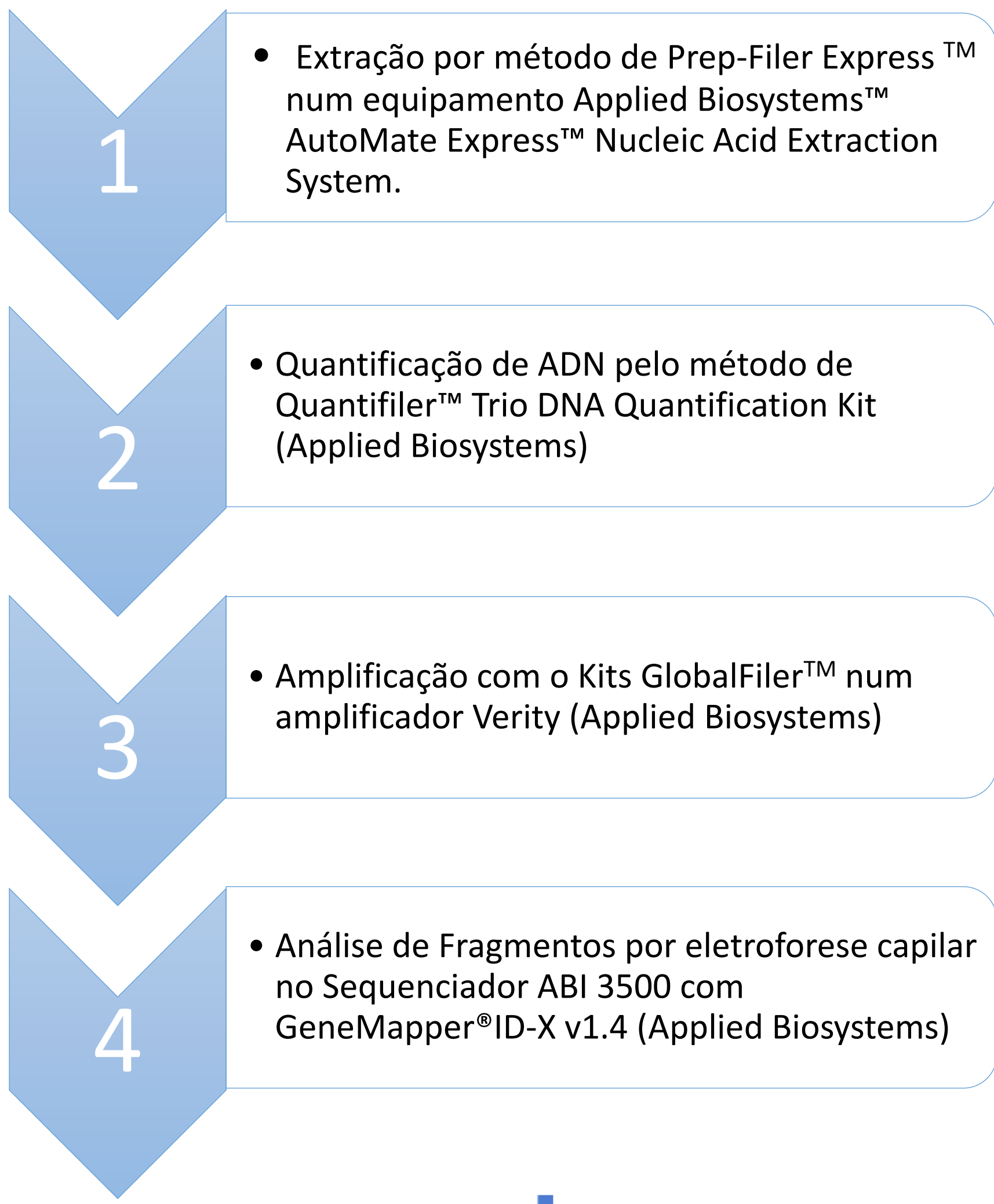
Este trabalho tem como objetivo a comparação de resultados de valorização da prova em casos forenses complexos com os Euroformix / Casesolver e LRMIX Studio. Pretende-se efetivamente demonstrar que o “Euroformix-Casesolver” é uma ferramenta de cálculo muito eficaz e adequada para aplicação nos casos criminais forenses, sobretudo nos casos de misturas complexas em particular os que envolvem familiares

MATERIAL E MÉTODOS

WorkFlow Amostras Referencia



WorkFlow Amostras Problema



Objetivo

- Comparação dos perfis genéticos das amostras problema com o perfil genético das amostras de referência;
- Avaliação Estatística dos casos, com o cálculo de LR (Razão de Verosimilhança) com os softwares LRMix e CaseSolver/Euroformix- comparação de ambos.

Tabela 1-Caso 1- perfil genético de mistura em vestígio recolhido à vítima e comparação com um suspeito

	Vítima	Zaragatoa vaginal (evidência)	Suspeito
Amelogenina	X,X	X,Y	X, Y
D3S1358	14,19	14,15,16,19	15,16
vWA	17,18	17,18,19	17,19
D16S539	11	9,11,13	9,13
CSF1PO	11	8,11,12,	8,12
TPOX	8	8,11	8,11
D8S1179	13,14	12,13,14	12,14
D21S11	29	29,33.2	29,33.2
D18S51	14,15	14,15,16,18	16,18
D2S441	14,	10,14	10,14
D19S433	13,14	13,14,15.2	13,15.2
TH01	6,9.3	6,7,8,9.3	7,8
FGA	23,26	21,23,26	21,26
D22S1045	15	11,15	11,15
D5S818	13	11,12,13	11,12
D13S317	12,13	12,13	12
D7S820	9,10	9,10,11	11
SE33	18,27.2	18,27.2,30.2	18,30.2
D10S1248	14,15	14,15	14
D1S1656	14,15	14,15	14
D12S391	16,21	16,19,21	19,21
D2S1338	17	17,22,25	22,25

Tabela 2- caso 2- zaragatoa da mama direita recolhida a vítima feminina e comparação com o perfil genético de dois suspeitos

	Vítima	Zaragatoa limpeza da mama (evidência)	Suspeito 1	Suspeito 2
Amelogenina	XX	XY	XY	XY
D3S1358	15, 16	15, 16, 17, 18	16, 18	16, 17
vWA	18, 19	16, 18, 19	16, 18	16, 18
D16S539	11, 13	10, 11, 12, 13	11, 12	10, 11
CSF1PO	12, 13	11, 12, 13	12, 13	11, 12
TPOX	8, 11	8, 9, 11	11	9, 11
D8S1179	13	12, 13, 14, 15	14, 15	12, 14
D21S11	31, 31.2	29, 30, 31, 31.2	30	29, 31.2
D18S51	16, 17	16, 17, 18	17, 18	16, 17
D2S441	11	11, 12, 13, 14	14	12, 13
D19S433	13, 14	13, 14	14	13, 14
TH01	7, 9.3	6, 7, 9.3	6, 9.3	7
FGA	20, 23	20, 21, 22, 23, 24	22, 24	21
D22S1045	15, 16	11, 15, 16	11, 16	16
D5S818	11	11, 12	11, 12	12
D13S317	10, 12	10, 11, 12, 13	11, 13	11
D7S820	11, 12	8, 11, 12	8, 11	11, 12
SE33	21.2, 29.2	17, 19, 21.2, 22, 28.2, 29.2	17, 19	22, 28.2
D10S1248	13	13, 16, 17	16, 17	13, 16
D1S1656	13, 14	11, 13, 14, 16.3, 17, 17.3	16.3, 17.3	11, 17
D12S391	21, 22	18, 21, 22	18, 22	18, 21
D2S1338	24	17, 19, 20, 24	19	17, 20

Tabela 3- caso 3-perfil genético de uma faca encontrada num local abandonada. Possivelmente usada num crime e comparação com os intervenientes

	Perfil do Suspeito 1	Perfil faca abandonada (evidência)	Perfil do Suspeito 2	Perfil do Suspeito 3
Amelogenina	X, Y	X, Y	X, Y	X,X
D3S1358	17	14, 15, 18, 19	14, 19	18
vWA	15, 18	16, 17, 18, 20	16	17, 20
D16S539	12, 13	11, 12, 13, 14	12	11, 13
CSF1PO	9, 12	7, 11, 12	7, 12	11
TPOX	8, 9	8, 9, 11	9, 11	8, 11
D8S1179	14	11, 13, 14, 15	13, 14	13, 14
D21S11	29, 31.2	29, 32.2, 33.2	29, 33.2	29, 32.2
D18S51	12, 15	12, 15, 16, 20, 22	15, 16	12, 22
D2S441	13, 14	10, 11, 11.3, 13, 14	10, 14	11, 11.3
D19S433	13, 14	13, 14.2, 16.2	14.2, 16.2	13
TH01	7	6, 7, 8, 9.3	7, 8	6, 7
FGA	22, 24	20, 22, 23, 26	23, 26	20
D22S1045	15, 16	15	15	15
D5S818	8, 13	10, 11	11	10
D13S317	12, 14	10, 11, 12	10, 12	11
D7S820	12	8, 9, 11	8	9, 11
SE33	13.2, 15	17, 18, 23.2, 30.2	17, 23.2	18, 30.2
D10S1248	13	13, 14, 15, 16	13, 16	13, 14
D1S1656	15, 17.3	13, 14, 15, 17.3	15, 17.3	13
D12S391	17, 18	17, 19, 20	17, 20	17, 19
D2S1338	16, 19	19, 22, 23, 24, 25	19, 23	24, 25

Nota: Suspeito 1 foi excluído como contribuinte da mistura.

Hipóteses a considerar nos diferentes casos:

Evidência –perfis genéticos determinados
Hipótese 1 – o perfil genético da evidência provém da VÍTIMA e do SUSPEITO
Hipótese 2 – o perfil genético da evidência provém da Vítima e de outro indivíduo ao acaso da população, não relacionado geneticamente com SUSPEITO

Evidência – perfis genéticos determinados
Hipótese 1 – o perfil genético da evidência provém da VÍTIMA, do SUSPEITO 1 e do SUSPEITO 2.
Hipótese 2 – o perfil genético da evidência provém da VÍTIMA de outros indivíduos ao acaso da população, não relacionado geneticamente com o SUSPEITO 1 e com o SUSPEITO 2

Evidência – perfis genéticos determinados
Hipótese 1 – o perfil genético da evidência provém do SUSPEITO 2 do SUSPEITO 3 e de outro indivíduo.
Hipótese 2 – o perfil genético provém de outros 3 indivíduos ao acaso da população, não relacionados geneticamente com SUSPEITO 2 e do SUSPEITO 3.

$$LR = \frac{\text{Probabilidade (Evidência / Hipótese 1)}}{\text{Probabilidade (Evidência / Hipótese 1)}}$$

RESULTADOS

Tabela 4: Valores de LR obtidos no software LRMIX Studio e no Euroformix/Casesolver

Caso	software LRMix	software Euroformix/Casesolver
Caso 1	1,63315 x 10 ²⁹	1.56301 x 10 ³¹
Caso 2	1,06874 x 10 ³⁴	1.45528 x 10 ³⁴
Caso 3	2,91675 x 10 ²⁵	1.04103 x 10 ³⁵

Nota: Foram consideradas as condições de probabilidade de dropout=0,1 em ambos os softwares, considerando as mesmas hipóteses, tal como expostas.

- No caso 2, os valores de LR obtidos são muito semelhantes e da mesma ordem de grandeza.
- No caso 1, existe alguma diferença entre os valores obtidos
- No caso 3 os resultados obtidos são bastantes diferentes.

CONCLUSÕES:

O software Euroformix, apresenta vantagens relativamente ao LRMIX studio:

- Permite definir as relações de parentesco entre os diferentes contribuintes para um determinado perfil genético (extremamente importante em casos criminais com indivíduos relacionados);
- Permite a realização dos cálculos com a informação das alturas dos picos (RFUs) (modelo quantitativo, ainda não testado neste trabalho);
- Tal como referido foram observadas algumas diferenças entre ambos os softwares, que em nada interferem com as conclusões da perícia;
- Até à presente data desconhecemos qual a influência dos diferentes algoritmos e variáveis nos resultados obtidos;
- A aplicação deste software requer formação adequada de forma a maximizar a sua utilização.

Referências:

- 1-Ø. Bleka, M. Eduardoff, C. Santos, C. Phillips, W. Parson, P. Gill; Open source software EuroForMix can be used to analyse complex SNP mixtures.;Forensic Sci Int Genet.,31:105-110 2017;
- 2-http://www.euroformix.com/