

CRIME E TERRITÓRIO:

ESTUDOS E EXPERIÊNCIAS
EM POLÍTICAS DE
SEGURANÇA PÚBLICA

ORGANIZADORES

SILAS NOGUEIRA MELO
YATA ANDERSON GONZAGA MASULLO
DIONATAN SILVA CARVALHO



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DO
MARANHÃO

IMESC SEPE



Instituto Maranhense de Estudos Socioeconômicos Cartográficos-IMESC

Crime e território: estudos e experiências em políticas de segurança pública e análise criminal. Silas Nogueira Melo, Yata Anderson Gonzaga Masullo, Dionatan Silva Carvalho (organizadores). São Luís: IMESC, 2021.

256 p.

ISBN 978-65-87226-10-1

1. Segurança pública. 2. Criminalidade 3. Território. I. Título

CDU: 343.232

Catálogo na fonte elaborada pela bibliotecária
Dyana Paula Pereira Rodrigues - CRB 13-861

SUMÁRIO

APRESENTAÇÃO

(i) Crime e Território

ROUBOS E QUALIDADE DE VIDA: uma análise a partir da realidade de Belo Horizonte

Alexandre M A Diniz
Rafael Augusto Reis da Mata

VIOÊNCIA DOMÉSTICA DURANTE A PANDEMIA DE COVID-19 EM JUIZ DE FORA – MG

Wagner Batella
Marcelo Aleixo Mascarenhas
Rafael de Castro Catão

A COCAÍNA COMO MERCADORIA-DINHEIRO: notas sobre uma geografia econômica do tráfico de drogas

Roberto Magno Reis Netto
Clay Anderson Nunes Chagas

A VIOLÊNCIA NO CAMPO DA AMAZÔNIA: análise de dados sobre assassinatos, ameaças e perfis dos assassinados

José Sobreiro Filho
Ronaldo Barros Sodré

DINÂMICA ESPACIAL DOS ASSALTOS A COLETIVOS EM SÃO LUÍS, MARANHÃO

Yata Anderson Gonzaga Masullo
Janderson Rocha Silva
Hyllon Fernando de Souza da Silva

A INFLUÊNCIA DE CARACTERÍSTICAS FÍSICO-ESPACIAIS NA OCORRÊNCIA DE CRIMES E NA PERCEPÇÃO DE SEGURANÇA EM ÁREAS VERDES: o caso da Praça Coronel Pedro Osório em Pelotas/RS

Cintia Helenice Löper Aires
Erika Collischonn

(ii) Políticas de Segurança Pública

CIDADES INTELIGENTES E SEGURANÇA PÚBLICA: uma análise do cerco inteligente de segurança no município de Vitória entre os anos 2018 e 2019

Bruno Medeiros Loureiro
Pablo Lira

EDUCAÇÃO FORMAL COMO POLÍTICA DE REDUÇÃO DA CRIMINALIDADE

Telesforo Rodrigues Martins Filho
Silas Nogueira de Melo

POLÍTICAS PENITENCIÁRIAS PARA SUPERAÇÃO DE CRISES: A reestruturação e reinvenção do Sistema Penitenciário Maranhense como condição para o sucesso das ações ressocializadoras

Murilo Andrade de Oliveira

INFLUÊNCIA DO PROGRAMA PACTO PELA PAZ SOBRE A LONGEVIDADE DAS PESSOAS DO SEXO MASCULINO RESIDENTES NO ESTADO DO MARANHÃO, ENTRE OS ANOS 2014 E 2018

Dionatan Silva Carvalho
Talita de Sousa Nascimento Carvalho
Leonardo Vinícius Cruz Moraes
José Cláudio Almada Lima Cabral Marques

CAMINHOS TRILHADOS NO COMBATE À VIOLÊNCIA DE GÊNERO E A CONSTRUÇÃO DAS POLÍTICAS PÚBLICAS EM SÃO LUÍS-MA

Amanda Ribeiro Bezerra
Zulimar Márita Ribeiro Rodrigues
Wenney Jorban N. do Nascimento

(iii) Técnicas de análise criminal

CRIMES COMO REDES: as contribuições da Análise de Redes Sociais para a compreensão e o combate da criminalidade violenta

Gabriel Patriarca
Cleber da Silva Lopes
Anderson Alexandre Ferreira

AMOSTRAS BIOLÓGICAS EM INVESTIGAÇÕES FORENSES: evolução dos métodos de análise

Jennifer Fadoni
Mariana Cunha
Laura Cainé

ANÁLISE DE AGRUPAMENTO DE CRIMES AMBIENTAIS NO ESTADO DE SÃO PAULO

Saulo de Oliveira Folharini

AUTORES



TÉCNICAS DE ANÁLISE CRIMINAL

AMOSTRAS BIOLÓGICAS EM INVESTIGAÇÕES FORENSES: evolução dos métodos de análise

Jennifer Fadoni

Mariana Cunha

Laura Cainé

A primeira metodologia empregada na diferenciação de indivíduos em âmbito bioquímico foi desenvolvida a partir do estudo dos grupos sanguíneos ABO, no qual o sangue humano pode ser categorizado em 4 diferentes tipos: A, B, AB e O. Esta análise permitia a exclusão de indivíduos como doadores das amostras sanguíneas em questão, e as probabilidades estatísticas consideravam apenas a frequência dos 4 grupos sanguíneos naquela população. Por exemplo, se a amostra de sangue recolhida na cena do crime fosse classificada como sendo do tipo A, só era possível afirmar que a amostra não proveio de um indivíduo dos grupos sanguíneo B, AB ou O e que o sangue poderia ser proveniente de qualquer indivíduo da população, pertencente ao tipo A o que pode representar mais de 40% dos indivíduos de acordo com a população em estudo.

Outros métodos de classificação sanguínea foram desenvolvidos e, na primeira metade do século XX, 16 polimorfismos de antígenos presentes nas membranas dos glóbulos vermelhos haviam sido descobertos, o que possibilitou a execução de análises mais específicas quando da comparação entre uma amostra forense e uma amostra fornecida por um suspeito. Na década de 1960, a descoberta da variabilidade interindividual nas sequências de aminoácidos de algumas isoenzimas (diferentes formas de uma enzima) solúveis levou ao surgimento de mais um tipo de marcador serológico. Apesar de cada isoenzima possuir poucos alelos, em muitos casos apenas dois ou três, uma análise de um elevado número desses marcadores permitia alcançar um poder de discriminação mais alto.

Na mesma década, foram publicados diversos estudos acerca do sistema Human Leukocyte Antigen (HLA), um conjunto de genes responsáveis por codificar glicoproteínas que auxiliam o sistema imune a distinguir entre as proteínas do próprio organismo e proteínas produzidas por ou pertencentes a organismos invasores, como bactérias e vírus. Devido à grande diversidade destas glicoproteínas, o sistema HLA foi tido como uma ferramenta promissora nos processos de identificação humana, o que não ocorreu, devido ao fato de não ter desenvolvido uma técnica eficaz e confiável para este tipo de análise em amostras de manchas de sangue, assim, a aplicação

destes marcadores ficou limitada a casos de investigação de parentesco e transplante de órgãos e, durante as décadas de 1970 e 1980, a análise do perfil proteico permaneceu como o método mais utilizado no contexto forense (BELL, 2008).

As análises serológicas e bioquímicas representaram um grande avanço como métodos de identificação humana. No entanto, com o estudo desses polimorfismos, não é possível obter um poder de discriminação confiável e essas análises revelaram-se metodologias laboriosas e sem possibilidade de se tornarem automatizadas. Na década de 1980, a investigação criminal foi alterada graças à descoberta da aplicabilidade de uma molécula nunca antes analisada no contexto forense: o DNA.

O DNA como ferramenta de identificação individual

O Deoxyribonucleic Acid (DNA) é a molécula que possui as instruções genéticas que coordenam o desenvolvimento e funcionamento dos seres vivos e de alguns vírus. Em 1985, ao estudar doenças de transmissão hereditária, o geneticista inglês Alec Jeffreys observou que certas regiões da molécula de DNA apresentavam padrões de sequências repetitivas e, além disso, constatou que o número dessas repetições variava entre os indivíduos. Jeffreys aplicou uma técnica denominada Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) para analisar a variação no comprimento dessas sequências repetitivas, desenvolvendo assim, a aplicabilidade do DNA como ferramenta de identificação individual (JEFFREYS; WILSON; THEIN, 1985).

Polimorfismos minissatélite

Os polimorfismos genéticos correspondem às diferentes sequências de DNA observadas em um determinado locus entre indivíduos da mesma espécie e está presente em pelo menos 1% da população. Os polimorfismos minissatélite, também chamados de Variable Number Tandem Repeats (VNTR), são regiões polimórficas do DNA compostas por unidades repetitivas de 9 a 100 pares de base (pb), na sua maior parte concentradas nas regiões teloméricas dos cromossomos.

As regiões VNTR podem ser analisadas através da técnica RFLP, que consiste na utilização de enzimas de restrição, que atuam como “tesouras” cortando a molécula em regiões específicas, gerando fragmentos de DNA. Esses fragmentos são ligados a marcadores fluorescentes, como brometo de etídio ou radioisótopos e em uma matriz de separação, usualmente composta por gel de agarose ou poliacrilamida, são separados por tamanho e a determinação dos seus respectivos comprimentos é feita por meio da comparação com fragmentos de peso molecular conhecido.

Esse método ficou conhecido como “DNA fingerprinting”, em tradução livre, “impressão digital de DNA”, devido à sua capacidade de individualizar um sujeito, com base em um padrão de bandas, correspondentes aos locais de hibridização entre o DNA e os marcadores fluorescentes. Apesar de possuir um alto poder de discriminação, a técnica de RFLP possui limitações quanto à aplicabilidade forense pois esse tipo de análise é morosa, requer grandes quantidades de DNA (>50 ng), além de que as moléculas devem se apresentar conservadas. Essa metodologia apresenta também como desvantagem o fato de possuir etapas manuais como a eletroforese, o que impede a automatização do processamento das amostras (BUTLER, 2009).

A reação em cadeia de polimerase

Na década de 1980, o bioquímico Kary Mullis apresentou um método que revolucionou as análises genéticas: a técnica de reação em cadeia de polimerase ou Polymerase Chain Reaction (PCR). Essa metodologia possibilita a amplificação (síntese de cópias) de fragmentos de DNA de interesse por meio de uma exígua quantidade de amostra biológica (por exemplo sangue, saliva ou sêmen). Para amplificar um segmento do DNA utilizando a técnica de PCR, o DNA é extraído e, em seguida, desnaturado por meio do aumento da temperatura. São adicionados primers, que são fragmentos de DNA contendo cerca de 20 nucleotídeos, complementares às regiões adjacentes à sequência de interesse. Esses primers fornecem um ponto de partida para a ação da enzima Taq polimerase, que sintetiza duas novas cadeias de DNA por meio da molécula original. Cada uma das duas cadeias complementares é utilizada como molde para a criação de uma nova cópia e assim sucessivamente, sendo um processo de amplificação exponencial. Essa técnica possibilitou pela primeira vez a obtenção de perfis genéticos a partir de amostras biológicas com poucas quantidades de DNA, graças à amplificação de sequências minissatélites de menor comprimento (MULLIS, 1986).

Polimorfismos microssatélite

Os polimorfismos microssatélite, também conhecidos como Simple Sequence Repeats ou mais popularmente Short Tandem Repeats (SSR e STR, respectivamente), são polimorfismos de comprimento que possuem entre 100 a 400 pb em que a unidade de repetição (core) possui entre 2 e 7 pb. Os STR são marcadores genéticos abundantes, correspondendo a aproximadamente 3% do genoma humano e nos estudos de identificação individual, são analisados STR localizados em regiões não codificantes dos cromossomos autossômicos.

Esses marcadores genéticos são facilmente amplificados por PCR e

o número de repetições (alelos) é muito variável entre indivíduos, o que lhes confere um elevado poder de discriminação individual. Atualmente, são os marcadores mais utilizados em estudos de identificação humana, permitindo uma análise automatizada, o processamento de um grande número de amostras em simultâneo e um elevado poder de discriminação: cerca de 1 em 1 bilhão com a análise de 8 a 13 loci.

No processo de amplificação por PCR, são utilizados primers ligados a marcadores fluorescentes e, a seguir, durante a eletroforese capilar, são utilizados fragmentos de tamanhos conhecidos, chamados de ladders, ligados a diferentes marcadores fluorescentes. Os ladders e os fragmentos amplificados são injetados em capilares e o DNA, que possui uma carga elétrica negativa, desloca-se em direção ao ânodo localizado no trajeto final destes capilares. Durante esse percurso, os ladders que servirão como padrões de comparação e os fragmentos do DNA a ser analisado passam através de um laser que induz a fluorescência dos marcadores e esta, por sua vez, é libertada em diferentes comprimentos de onda. A intensidade da fluorescência é digitalizada, interpretada em cores e representada graficamente em um diagrama denominado eletroferograma. Dessa forma, a metodologia mais comumente empregada na análise dos polimorfismos STR analisa os diferentes alelos de acordo com os seus respectivos tamanhos.

Conforme o número de nucleotídeos que compõem o core, os loci STR podem ser classificados como dinucleotídicos, trinucleotídicos, tetracletídicos, pentacletídicos, hexacletídicos ou heptanucleotídicos, possuindo respectivamente dois, três, quatro, cinco, seis ou sete nucleotídeos. Esses núcleos repetitivos variam não só em número, mas também em relação ao padrão de composição dos nucleotídeos. São consideradas repetições simples quando compostas por unidades de repetição com o mesmo número e a mesma sequência de nucleotídeos, como o locus TH01, cujo motivo repetitivo é o AATG.

As repetições compostas são formadas por duas ou mais repetições simples em sequência e as repetições complexas podem compreender muitos blocos de repetição variáveis. Para designar os alelos, nas repetições simples, é considerado o número de unidades repetitivas observadas. Por exemplo, se em uma amostra o locus TH01 for composto por cinco repetições AATG, [AATG] (GETTINGS, 2015), o alelo presente é designado como alelo 5. No entanto, podem ocasionalmente ocorrer repetições não consensuais, quando há deleção de um ou mais pares de base de um motivo repetitivo e, nesses casos, os alelos variantes são designados através da contagem no número de repetições completas, acrescido de um ponto, seguido pelo número de nucleotídeos da repetição incompleta, como o caso do alelo 9.3 do locus TH01. Em repetições compostas, os alelos são designados pela contagem do número de repetições completas e em repetições complexas, a abordagem mais comum baseia-se no estabelecimento de uma relação

matemática entre o comprimento da sequência observada e um alelo consensual (National Institute of Standards and Technology, 2005).

Polimorfismos microssatélite com aplicação forense

Em 1997, o Federal Bureau of Investigation (FBI) anunciou a seleção do Combined DNA Index System (CODIS), um conjunto de 13 loci STR que formariam o núcleo da base de dados genética nacional: D3S1358, vWA, FGA, TH01, D21S11, D8S1179, D18S51, TPOX, CSF1PO, D16S317, D5S818, D7S820, e o marcador sexual amelogenina. Essa iniciativa padronizou os principais loci STR que deveriam ser alvo de análises, o que permitia a comparação entre os perfis genéticos obtidos através de amostras processadas por diferentes laboratórios. Em 2017, essa base foi expandida para 20 loci, tendo sido acrescentados: D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433, D22S1045 (SCHNEIDER, 2009).

Na Europa, em 1999, a European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI), após analisar dados experimentais de exercícios colaborativos, os kits comerciais disponíveis no mercado e as recomendações da International Criminal Police Organization (Interpol), estabeleceu o European Standard Set (ESS), composto por 7 loci STR: TH01, vWA, FGA, D21S11, D3S1358, D8S1179 e D18S51. Em 2005, o ESS foi expandido com a adição de 5 loci com fragmentos de amplificação de no máximo 150 pb (D1S1656, D2S441, D10S1248, D12S391 e D22S1045), selecionados após a consideração de que em muitas das amostras forenses o DNA encontra-se em concentrações mínimas ou está em elevado grau de degradação devido à exposição ambiental. Atualmente, o ESS possui 5 loci adicionais (D2S1338, D16S539, D19S433, SE33 e amelogenina), que pertencem aos kits comerciais europeus (GILL, 2001).

Kits comerciais

No mercado, encontram-se disponíveis diversos kits produzidos por diferentes empresas comerciais, que permitem a amplificação de STR autossômicos e STR localizados nos cromossomos sexuais. Esses kits possuem os reagentes necessários para a análise de combinações padronizadas de conjuntos de loci STR, que variam entre 16 e 27 loci consoante o kit, e possibilitam um processamento rápido das amostras, que podem ser provenientes de diferentes tecidos e com pouco material genético (0,5 ng de DNA são geralmente, suficientes para uma análise). Os referidos kits permitem a obtenção de resultados padronizados, o que é essencial para a comparação de diferentes amostras e de dados obtidos em diferentes laboratórios.

Polimorfismos de um nucleotídeo – SNP

Os Single Nucleotide Polimorphism (SNP) são polimorfismos de sequência, nos quais, em locais específicos do genoma, os indivíduos possuem uma variação de apenas uma base. No genoma humano, foram identificados milhões de SNP e a estimativa é de que exista um SNP a cada 1kb, a maioria bialélicos. Esses marcadores genéticos vêm ganhando destaque e, no futuro cenário das investigações criminais, poderão alcançar a mesma importância dos polimorfismos STR. Os Individually Identifying SNP (iiSNP) possuem uma taxa de mutação muito baixa (1 a cada 10^8 nucleotídeos) em comparação aos polimorfismos STR (1 a cada 10^3 nucleotídeos), o que é vantajoso para análises genéticas e estudos de ancestralidade. Podem também ser analisados em fragmentos de DNA mais curtos, aumentando a possibilidade de se obter um perfil genético a partir de amostras degradadas.

Existem ainda os phenotype informative SNP (piSNP), que permitem a predição de características físicas, como por exemplo as cores naturais dos cabelos e os Ancestry Informative Markers (AIM SNP), que podem ser utilizadas na estimativa da ancestralidade de um indivíduo a partir de uma amostra biológica. Em relação ao poder de discriminação, considerando SNP com frequências próximas a 0,5 para cada um dos seus alelos, estima-se que 5 SNP equivalem a 1 STR e, assim sendo, um total de 50 a 75 SNP equivalem aos conjuntos de STR utilizados atualmente em análises forenses (MCCOMBIE; MCPHERSON; MARDIS, 2019).

Existem vários métodos de análise que podem ser aplicados aos SNP, dentre eles, o minissequenciamento em multiplex, também conhecido como SNaPshot, baseado na capacidade de extensão da enzima DNA polimerase. Esse método utiliza primers desenhados para se ligarem à zona imediatamente adjacente à região de interesse. A sequência é então alvo da DNA polimerase, que incorpora nucleotídeos complementares à região polimórfica. Os dideoxinucleotídeos (ddNTPs) utilizados na reação de extensão podem ser ligados a um marcador fluorescente e aos primers da região 5' podem ser incorporadas "caudas" de tamanhos variáveis, o que permite a separação dos produtos de amplificação por eletroforese capilar em um sequenciador de DNA automático.

Sequenciamento de Nova Geração

O termo Sequenciamento de Nova Geração, Next-generation Sequencing (NGS) ou sequenciamento paralelo massivo – Massively Parallel Sequencing (MPS) – são sinônimos para descrever uma tecnologia revolucionária de análise de sequências de DNA. Há várias plataformas de sequenciamento NGS e cada uma delas utiliza diferentes abordagens, no entanto todas possuem pontos em comum: a necessidade de fragmentação das sequências de DNA

ou RNA a serem analisadas; a preparação de bibliotecas de DNA, onde adaptadores sintéticos, que são sequências de DNA conhecidas e específicas de cada plataforma, são ligadas às duas extremidades dos fragmentos de DNA a serem analisados; o sequenciamento dos fragmentos sobre uma superfície na qual os adaptadores se ligam à sequências complementares; e por último e mais importante, a possibilidade de sequenciar milhões de fragmentos de DNA em simultâneo (TERMOFISHER, 2018).

Apesar das tecnologias NGS permitirem o sequenciamento do genoma completo em pouco tempo e a baixo custo, na Genética Forense, o sequenciamento de nova geração é aplicado a marcadores genéticos com o objetivo de direcionar a análise para a obtenção de informações relevantes no contexto forense. Essa abordagem produz uma quantidade de dados que pode ser rapidamente analisada e interpretada e diminui a possibilidade de se criar problemas éticos, como por exemplo a correlação entre determinados loci e associação a doenças e informações clínicas.

Quando aplicado à análise de marcadores forenses clássicos, o NGS permite a análise de um maior número de loci STR e o fato de que os STR são sequenciados e não separados apenas de acordo com os seus respectivos tamanhos resulta em uma maior diversidade alélica. Por exemplo, o loci D3S1358, pertencente ao CODIS, pode apresentar 9 alelos ao ser analisado pela técnica de eletroforese capilar e 21 alelos ao ser sequenciado por NGS. Além do estudo dos marcadores STR, as metodologias NGS permitem a análise em simultâneo de polimorfismos SNP, o que resulta em uma análise com maior poder de discriminação.

Painéis NGS

A tecnologia NGS na análise de marcadores genéticos vem sendo aplicada nas investigações forenses desde o início da década de 2010. Atualmente, estão disponíveis no mercado diversos kits comerciais para análises de polimorfismos através de sequenciamento de nova geração, todos contendo os loci pertencentes ao CODIS e ao ESS e ainda alguns loci adicionais.

Há painéis NGS que permitem a análise de 32 loci STR e 3 marcadores sexuais (amelogenina, SRY e rs2032678) ¹⁰; outros que possibilitam a análise em simultâneo de 230 marcadores genéticos: 27 STR autossômicos, 24 Y-STRs, 7 X-STRs, 94 polimorfismos SNPs de identidade, 22 SNPs fenotípicas e 56 SNPs de ancestralidade biogeográfica (ILLUMINA, 2020); e ainda painéis que combinam 22 STRs autossômicos, 23 Y-STR, 10 sub-regiões que analisam toda a região controle do DNA mitocondrial e o marcador sexual amelogenina (FAITH e SCHEIBLE, 2016).

Os kits NGS garantem um maior poder de resolução e acurácia, mesmo em amostras degradadas pois além dos marcadores genéticos tradicionais, incluem marcadores STR com amplicons de tamanho reduzido (>125 pb) e polimorfismos SNP, com variação de apenas uma base. Também possibilitam a análise em amostras com pouca quantidade de material genético, tornando possível a análise em amostras que contêm pelo menos 125 pg de DNA, o equivalente ao conteúdo de DNA nuclear de cerca de 25 células.

Para se obter um perfil genético a partir de amostras muito degradadas ou com pouca quantidade de DNA, com a utilização dos kits comerciais clássicos para a análise de polimorfismos STR, comumente torna-se necessária a utilização de dois ou mais kits. Esse problema pode ser eliminado através da análise com os painéis ampliados oferecidos pelos kits NGS. Os kits de STR clássicos, quando provenientes de diferentes companhias comerciais, podem utilizar diferentes primers para amplificação de um mesmo locus, o que se pode traduzir em diferentes resultados devido à detecção de distintos alelos por diferentes kits, ou ausência de detecção de alelos (alelos nulos), esses problemas também podem ser eliminados através da sequenciação integral dos loci em análise realizada pelas tecnologias NGS. Outra vantagem advinda da utilização do sequenciamento de nova geração e da sua maior sensibilidade de análise é a possibilidade de obtenção de perfis genéticos a partir de perfis de mistura, análises que, por vezes, podem ser inconclusivas quando realizadas através de eletroforese capilar (WEI et al., 2018).

Os painéis que incluem polimorfismos SNP fenotípicos têm grande aplicação em perícias criminais com ausência de suspeitos pois estes marcadores podem fornecer informações acerca das suas características físicas, assim como os AIM SNP, que fornecem informações acerca da ancestralidade biogeográfica do doador da amostra analisada.

Bases de dados de perfis genéticos

As bases de dados de perfis genéticos (BDPG) são compostas por perfis individuais representados por códigos numéricos que correspondem aos alelos cuja nomenclatura é baseada no número de repetições dos núcleos repetitivos dos polimorfismos STR, não contendo informações acerca de regiões codificantes. O principal objetivo da criação dessas BDPG é auxiliar nas investigações criminais através da conexão entre perfis genéticos e assim, os perfis obtidos a partir de amostras encontradas em cenas de crime são comparados com os perfis genéticos obtidos a partir de indivíduos cuja identidade é conhecida. As comparações também podem ser feitas entre os perfis genéticos obtidos a partir de duas amostras cujo doador é

desconhecido, para assim verificar se ambos os crimes foram cometidos pelo mesmo indivíduo.

A primeira base de dados criminal de DNA foi estabelecida pela Inglaterra e pelo País de Gales em 1995 e, desde então, foram também adotadas por diversos países, mostrando-se como importantes ferramentas nos mecanismos de controle criminal. Quanto aos critérios de inclusão e manutenção de perfis genéticos em suas BDPG nacionais, diferentes países possuem diferentes legislações (GILL, 2014).

Na Europa, os Estados-Membros devem assegurar a partilha de informações contidas nas suas BDPG, e esses perfis genéticos devem ser constituídos por pelo menos seis dos sete marcadores previstos pelo ESS. Uma vez que a partilha transnacional de perfis de DNA para uso forense e policial é uma ferramenta importante para combater a criminalidade, o Tratado de Prüm (Council Decision 2008/615/JHA) impõe aos Estados-Membros, desde 2008, a formação de condições de pesquisa e comparação de perfis de DNA de forma recíproca e automática, com o propósito de intensificar a cooperação entre fronteiras, particularmente no combate ao terrorismo, à imigração ilegal e à criminalidade transnacional.

Em Portugal, em 12 de fevereiro de 2008 foi aprovada a Lei nº 5/2008 (Diário da República), que define os termos e as condições para a criação e manutenção da base de dados nacional de perfis genéticos, e as alterações mais recentes a essa legislação datam de 2017. À exceção dos voluntários e profissionais envolvidos nas análises, apenas é permitida a inserção de perfis de condenados por crimes dolosos com pena de prisão efetiva igual ou superior a 3 anos e é necessário o despacho de um juiz ordenando a recolha e inserção do perfil genético na BDPG. A responsabilidade de tratamento e manutenção dos dados foi delegada ao Instituto Nacional de Medicina Legal e Ciências Forenses (INMLCF) e o CODIS, software informático utilizado pelo FBI e também por diversos países Europeus devido à sua comprovada segurança, foi adaptado à legislação portuguesa, permitindo e facilitando a cooperação da investigação criminal em Portugal com investigações de outros países. Os perfis genéticos começaram a ser inseridos na BDPG portuguesa em 12 de fevereiro de 2010, e até 31 de dezembro de 2019, esta continha 12.980 perfis (0.12% da população portuguesa), sendo esses pertencentes a condenados, casos de identificação civil, problemas de investigação criminal, voluntários e profissionais (CORTE-REAL e VIEIRA, 2015; Conselho de Fiscalização da Base de Dados de Perfis de ADN, 2008).

No Brasil, podem ser enviados ao Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) os perfis genéticos de indivíduos condenados por crimes hediondos (artigo 1º da Lei nº 8.072/1990) ou por crime doloso e violento contra a pessoa, ou ainda por meio de determinação judicial, seja de ofício ou mediante solicitação da autoridade policial ou do ministério público (artigo

5º da Lei nº 12.037/2009). De novembro de 2014 a 28 de maio de 2020, foram cadastrados à BNPG 82.138 perfis genéticos (0,04% da população brasileira), sendo esses provenientes de condenados, suspeitos, amostras de cena de crime, restos mortais, familiares de pessoas desaparecidas, pessoas de identidade desconhecida e referências diretas de pessoas desaparecidas. O BNPG permite comparações dos perfis genéticos armazenados com os perfis oriundos de outros países e encaminhados pela INTERPOL. Em 2019, o BNPG teve a sua primeira coincidência internacional, entre o perfil genético de um indivíduo cadastrado criminalmente no Pará, e a amostra de local de crime obtida na Guiana Francesa (Ministério da Justiça e Segurança Pública, 2020).

Atualmente, a maior BDPG é a chinesa, composta por mais de 80 milhões de perfis e que cresce rapidamente devido a um programa governamental que pretende construir um banco de dados nacional de DNA contendo perfis de cerca de 5 a 10% da população masculina (dados estimados pelo Australian Strategic Policy Institute). Os Estados Unidos possuem uma BDPG nacional com perfis genéticos de 14.240.876 indivíduos, o que corresponde a 4,3% da sua população (Federal Bureau of Investigation, 2020), enquanto Inglaterra e País de Gales, em conjunto, possuem os perfis genéticos de 5.118.115, o correspondente a 8,7% de seus habitantes (United Kingdom Government, 2020).

É comum no cenário político de diferentes países ser levantada a questão acerca da criação de uma base de dados de perfis genéticos de todos os habitantes, pois tal BDPG acarretaria numa resolução de um maior número de crimes e identificação de vestígios biológicos humanos. Em 2015 o Kuwait foi o primeiro país a aprovar uma lei que impunha que todos os cidadãos e visitantes do país fornecessem uma amostra biológica para a obtenção e armazenamento de seus respectivos perfis genéticos em uma BDPG nacional. Entretanto em 2017, essa lei foi revogada por ser considerada como uma violação dos direitos de liberdade pessoal garantidos pela Constituição do referido país. Na Europa, a criação de uma base de dados semelhante é improvável, pois constituiria uma violação do art. 8 da Convenção Europeia de Direitos Humanos (European Convention on Human Rights). No Reino Unido, cerca de 1,7 milhões de perfis genéticos foram removidos da base de dados nacional, devido a um veredito da Corte Europeia de Direitos Humanos, que encontrou conflitos entre o armazenamento destes perfis genéticos e o enquadramento no artigo supramencionado (TOOM, 2018).

Para uma correta utilização, é essencial que as BDPG respeitem os direitos fundamentais nos termos constitucionais e legais, pois o uso da informação obtida através do DNA pode colidir com direitos fundamentais, como da intimidade da vida privada, autodeterminação, violação da integridade física e sigilo. Assim, para garantir um funcionamento ético, as

bases de dados de perfis genéticos têm de estar em conformidade com os direitos dos indivíduos e com os princípios utilizados nas investigações criminais.

Conclusões

No âmbito da Genética Forense, a definição de um perfil genético individual é realizada através de marcadores genéticos de regiões microsatélite cujos alelos se caracterizam pelo número de repetições que apresentam. Apesar do número de marcadores genéticos utilizados para esta definição variar a nível internacional, é indubitável que quanto maior o número de marcadores estudados, maior será a possibilidade de dois indivíduos não relacionados geneticamente possuírem diferentes genótipos e, em alternativa, quanto maior o número de coincidências, maior será a possibilidade de que duas amostras analisadas sejam provenientes do mesmo indivíduo.

Na análise de amostras biológicas de interesse forense, a utilização das tecnologias de Sequenciamento de Nova Geração apresenta vantagens consideráveis, como a possibilidade de análise em simultâneo de um elevado número de marcadores genéticos. No entanto, a implementação de novas metodologias é, normalmente, acompanhada de obstáculos e, no caso do NGS, alguns desafios ainda têm de ser ultrapassados como a inexistências de dados populacionais que suportem análises estatísticas, a incompatibilidade com a infraestrutura das bases de dados atuais e ainda seria necessária a padronização da nomenclatura das diferentes variantes. Quanto aos fatores monetários, o valor por marcador genético analisado através de NGS é menor quando comparado com a eletroforese capilar. No entanto, a transição para essas metodologias requer a aquisição de novos equipamentos e reagentes pelos laboratórios de Genética Forense.

Relativamente à interpretação e ao armazenamento de informações genéticas, os parâmetros éticos precisam ser constantemente atualizados e respeitados, de forma a manter o respeito e credibilidade conquistados ao longo dos anos pela ciência e principalmente pelo DNA como ferramenta de identificação individual e sua utilização como prova pericial.

REFERÊNCIAS

- BELL, S. Encyclopedia of forensic science. Rev. New York, NY: Facts On File, 2008. xvi, 402 p. ISBN 9780816067992.
- BUTLER, J. M. Fundamentals of forensic DNA typing. Academic press, 2009. ISBN 0080961762.
- Diário da República n.º 30/2008, Série I de 2008-02-12, Portugal. 2008. Disponível em: <<https://data.dre.pt/eli/lei/5/2008/02/12/p/dre/pt/htm>>.
- CORTE-REAL, F.; VIEIRA, D. N. Princípios de genética forense. Imprensa da Universidade de Coimbra/Coimbra University Press, 2015. ISBN 9892609565.
- Conselho de Fiscalização da Base de Dados de Perfis de ADN, Portugal. Número de perfis inseridos nos ficheiros (art. 15 da Lei n.º 5/2008) que integram a base de dados de perfis de ADN desde o início do seu funcionamento até 31 de dezembro de 2019. Disponível em: <<https://www.cfbdadosadn.pt/pt/bdpadn/sobreabd/Paginas/ConteudoFicheiros.aspx>>. Acesso em: 10/07/2020.
- Lei nº 8.072, de 25 de julho de 1990, Brasil. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/l8072.htm>.
- Lei nº 12.037, de 1º de outubro de 2009, Brasil. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2007-2010/2009/lei/l12037.htm>.
- FAITH, S.; SCHEIBLE, M. Analyzing Data from Next Generation Sequencers Using the PowerSeq® Auto/Mito/Y System: Promega Corporation website. <http://www.promega.co.uk> 2016.
- Federal Bureau of Investigation, USA. CODIS - NDIS Statistics as of May 2020. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>>. Acesso em: 10/07/2020.
- GETTINGS, K. B. et al. STR allele sequence variation: Current knowledge and future issues. Forensic Sci Int Genet, v. 18, p. 118-30, Sep 2015. ISSN 1878-0326 (Electronic) 1872-4973.
- GILL, P. An assessment of the utility of single nucleotide polymorphisms (SNPs) for forensic purposes. International journal of legal medicine, v. 114, n. 4-5, p. 204-210, 2001. ISSN 0937-9827.
- GILL, P. National DNA Databases, Strength of Evidence and Error Rates. In: GILL, P. (Ed.). Misleading DNA Evidence. San Diego: Academic Press, 2014. cap. 4, p.81-129. ISBN 978-0-12-417214-2.
- ILLUMINA. ForenSeq™ DNA Signature Prep Reference Guide. Disponível em: <https://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/forenseq/forenseq-dna-signature-prep-guide-15049528-01.pdf>.
- JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; THEIN, S. L. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. Nature, v. 314, n. 6006, p. 67-73, 1985. ISSN 1476-4687.

Ministério da Justiça e Segurança Pública - Governo Federal, Brasil. XII Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (Maio de 2020). Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/news/collective-nitf-content-1556212211.45>>. Acesso em: 07/07/2020.

MCCOMBIE, W. R.; MCPHERSON, J. D.; MARDIS, E. R. Next-generation sequencing technologies. Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine, v. 9, n. 11, p. a036798, 2019. ISSN 2157-1422.

MULLIS, K. et al. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1986. 263-273 p.

National Institute of Standards and Technology, USA. Core STR Loci Used in Human Identity Testing. Disponível em: <<https://strbase.nist.gov/coreSTRs.htm>>. Acesso em: 07/07/2020.

TERMOFISHER. Precision ID GlobalFiler™ NGS STR Panel v2 with the HID Ion S5™ /HID Ion GeneStudio™ S5 System. Disponível em: <https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/MAN0016129_PrecisionIDSTRlonS5_UG.pdf>.

WEI, J. C. M. et al. NGS-based likelihood ratio for identifying contributors in two-and three-person DNA mixtures. Computational biology and chemistry, v. 74, p. 428-433, 2018. ISSN 1476-9271.

United Kingdom Government. National DNA Database - Statistics of 31st March 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/statistics/national-dna-database-statistics>>. Acesso em: 10/07/2020.

European Convention on Human Rights. Disponível em: <https://www.echr.coe.int/Documents/Convention_ENG.pdf>.

TOOM, V. Cross-border exchange and comparison of forensic DNA data in the context of the Prüm Decision. Civil liberties, justice and home affairs, 2018.



IMESC
INSTITUTO MARANHENSE DE ESTUDOS
SOCIOECONÔMICOS E CIDADÃNOS

SEPE
SECRETARIA DE ESTADO DE
DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO



WWW.IMESC.MA.GOV.BR