



PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA

POTENCIAL DE ELUCIDAÇÃO DE CRIMES SEXUAIS SEM
SUSPEITO POR MEIO DO USO DE BANCOS DE PERFIS
GENÉTICOS

GOIÂNIA

2019

NÍGELA RODRIGUES CARVALHO

**POTENCIAL DE ELUCIDAÇÃO DE CRIMES SEXUAIS SEM
SUSPEITO POR MEIO DO USO DE BANCOS DE PERFIS
GENÉTICOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação Mestrado em Genética – MGene da Pontifícia Universidade Católica de Goiás, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Genética.

Orientadora: Prof. Dra. Thaís Cidália Vieira

Co-orientadora: Dra. Mariana Flavia da Mota

GOIÂNIA
2019

C331p Carvalho, Nígela Rodrigues
Potencial de elucidação de crimes sexuais sem suspeito
por meio do uso de bancos de perfis genéticos / Nígela
Rodrigues Carvalho.-- 2019.
128 f.: il.

Texto em português, com resumo em inglês
Dissertação (mestrado) - Pontifícia Universidade Católica
de Goiás, Goiânia, 2019
Inclui referências: f. 105-114

1. Banco de dados de DNA - Goiás (Estado). 2. Crime
sexual. 3. Genética legal. I.Vieira, Thaís Cidália.
II.Mota, Mariana Flavia da. III.Pontifícia Universidade
Católica de Goiás - Programa de Pós-Graduação em Genética
- 2019. IV. Título.

CDU: Ed. 2007 -- 340.64:577.212(043)



PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA

Av. Universitária, 1069 • Setor Universitário
Caixa Postal 86 • CEP 74605-010
Goiânia • Goiás • Brasil
Fone: (62) 3946.1070 • Fax: (62) 3946.1070
www.pucgoias.edu.br • prope@pucgoias.edu.br

PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
COORDENAÇÃO DE PÓS-GRADUAÇÃO STRICTO SENSU
PROGRAMA DE MESTRADO EM GENÉTICA

ATA DA SESSÃO DE APRESENTAÇÃO E DEFESA PÚBLICA DE DISSERTAÇÃO DE
CONCLUSÃO DE CURSO DE MESTRADO

1 No dia 20 de fevereiro de 2019, reuniu-se a 145ª Banca Examinadora de Dissertação de Mestrado,
2 composta pelos membros: Profa. Dra. Thais Cidália Vieira Gigonzac/PUC Goiás (Presidente); Prof. Dr
3 Marc Alexandre Duarte Gigonzac /PUC Goiás; Profa Dra Flávia Melo Rodrigues/ PUC Goias; Prof. Dr.
4 Rodrigo da Silva Santos/UFG, para avaliação da dissertação intitulada “**Banco de perfis genéticos**
5 **como ferramenta na elucidação de crimes sexuais sem suspeito ocorridos no Estado de Goiás.**”, da
6 candidata **Nígela Rodrigues Carvalho**, aluna do Mestrado em Genética (MGene) da Pontifícia
7 Universidade Católica de Goiás. A sessão iniciou-se às 9h4min., sob a presidência do Profa. Dra.
8 Thais Cidália Vieira Gigonzac, que concedeu 30 minutos à candidata para expor sinteticamente o estudo.
9 A seguir, a arguição procedeu-se de forma interativa. Ao final da defesa, a sessão foi suspensa e a
10 Comissão se reuniu em separado para avaliação e atribuição de nota. Discutido o trabalho e o
11 desempenho da mestranda, a Banca Examinadora considerou-a aprovada com a
12 nota 4,0 (4,0) equivalente ao conceito “A”. Portanto, a discente
13 foi declarada **Mestre em Genética pela Pontifícia Universidade Católica de Goiás**, pelo Presidente da
14 Banca Examinadora, que encerrou a sessão às 10h30min. Não havendo nada mais a tratar, a
15 presente ata foi lavrada e assinada pelos membros da Banca Examinadora.

16 Profa. Dra. Thais Cidália Vieira Gigonzac/PUC Goiás (Presidente); Thais

17 Prof. Dr Marc Alexandre Duarte Gigonzac /PUC Goiás; Marc

18 Profa Dra Flávia Melo Rodrigues/ PUC Goias; Flavia

19 Prof. Dr. Rodrigo da Silva Santos/UFG RdSantos

20 Esta ata contém 20 linhas contínuas, sem rasuras, emendas ou retificação.

ATA COMPLEMENTAR Nº 145/2019

MESTRADO EM GENÉTICA DA PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS

DISCENTE: NÍGELA RODRIGUES CARVALHO

DEFENDIDA EM 20 DE FEVEREIRO DE 2019 e Aprovada COM CONCEITO...A

O título foi alterado () não (X) sim Potencial de Elucidação de crimes
Sexuais sem Suspeito por meio do uso de Bancos de Perfis
Genéticos

BANCA EXAMINADORA



Profa. Dra. Thais Cidália Vieira Gigonzac
PUC Goiás (Presidente)



Prof. Dr. Marc Alexandre Duarte Gigonzac
PUC Goiás



Profa. Dra. Flávia Melo Rodrigues
PUC Goiás



Prof. Dr. Rodrigo da Silva Santos
UFG

A todas as vítimas de violência sexual. Este trabalho é uma tentativa de auxiliar na cura do trauma sofrido por todas vocês.

Agradecimentos

Em primeiro lugar, agradeço a Deus pela honrosa tarefa de ser Perita Criminal e de desenvolver este trabalho com o objetivo de servir à sociedade.

Ao meu esposo e eterno companheiro Rodrigo Londe Moura, pelo apoio, pela contribuição desde a realização de levantamentos até a revisão do texto da dissertação e pela compreensão de minha ausência em certos momentos.

Aos meus familiares, em especial aos meus pais Ângela Rodrigues de Souza Carvalho e Nivaldo Joaquim de Carvalho, que são meu alicerce e sempre me incentivam a buscar conhecimento; e ao meu amado sobrinho e afilhado Enzo Carvalho Estulano, por propiciar momentos de alegria e descontração entre as árduas atividades do mestrado.

Aos meus amigos, em especial aos “lownerds”, “migles” e amigos do crossfit, por atuarem meus desabafos das dificuldades do mestrado e por sempre terem uma palavra amiga para que eu me mantivesse firme na caminhada.

A minha orientadora Thaís Cidália Vieira Gigonzag, por aceitar o convite de orientar na área de genética forense e por ser tão parceira e amiga. Sua atuação foi de exímia contribuição.

A minha grande amiga e referência profissional Mariana Flavia da Mota, pela total dedicação e empenho para promoção desse projeto, sua orientação foi de pleno engrandecimento.

A minha eterna referência de biomédica pesquisadora, Yanna Andressa Ramos de Lima, pessoa de admirável saber que colaborou imensamente para o desenvolvimento deste trabalho.

Agradeço também à minha eterna e querida professora, Maria de Fátima Costa Alves, por ter plantado em mim a semente da pesquisa científica e que, mesmo sem colaboração direta, com certeza, contribuiu para a realização deste estudo.

A todos os servidores do Laboratório de Biologia e DNA Forense, sempre tão dedicados e engajados em prol de bem servir à sociedade. Para representa-los, cito nossa amada Glorinha, Lázara Glória Silva de Paula, cujo árduo trabalho contribuiu para iniciarmos os levantamentos deste trabalho e a Perita Criminal Grasielly de Oliveira Lázaro e Arão, companheira de jornada no mestrado.

À Superintendência da Polícia Técnico-Científica de Goiás, pela concessão da realização desse trabalho, à Secretaria de Saúde do Estado de Goiás e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás pela colaboração e apoio.

Sumário

Agradecimentos	vii
Sumário	viii
Lista de Tabelas e Figuras.....	x
Lista de Símbolos, Siglas e Abreviaturas.....	xii
Resumo.....	xv
Abstract	xvi
1. Introdução.....	17
2. Referencial teórico	19
2.1 Violência sexual no contexto da segurança pública.....	19
2.2 Perícia criminal	21
2.3 Genética forense.....	24
2.4 <i>Backlog</i> de vestígios de crimes sexuais.....	28
2.5 Bancos de perfis genéticos.....	34
2.5.1 Conceitos e histórico	34
2.5.2 Banco de dados genéticos no Brasil.....	41
2.5.3 Custo-benefício do uso de bancos de dados genéticos.....	45
2.6 Bancos de perfis genéticos na elucidação de crimes sexuais	46
3. Objetivo geral e específicos.....	48
3.1 Objetivo geral.....	48
3.4 Objetivos específicos.....	48
4. Materiais e métodos	50
4.1 Delineamento do estudo e aspectos éticos.....	50
4.2 Grupo amostral.....	50
4.2.1 Critérios de inclusão de casos	50
4.3 Extração de DNA por lise diferencial	50
4.4 Quantificação de DNA	51
4.5 Amplificação de DNA.....	51
4.6 Genotipagem e análise dos fragmentos amplificados	52
4.7 Inserção de perfis genéticos e buscas automatizadas	53
4.7.1 Critérios para inserção de perfis genéticos	53
4.7.2 Inserção de perfis genéticos e buscas automatizadas	54
4.8 Análise de dados	54

5. Resultados e discussão	56
5.1 Dados gerais.....	56
5.1.1 Sexo da vítima.....	56
5.1.2 Vulnerabilidade da vítima	56
5.1.3 Histórico de autoria	58
5.1.4 Associação entre vulnerabilidade da vítima e histórico de autoria.....	59
5.1.5 <i>Backlog</i> de casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino	60
5.2 Dados de seleção de amostras e inserção no BPG-SPTC/GO.....	64
5.3 Casos práticos de elucidação criminal.....	76
5.4 Dados de procedimentos técnicos e qualidade de perfis genéticos.....	84
5.4.1 Análise de taxa de amostras com qualidade para inserção.....	84
5.4.2 Análise de motivos de não inserção	86
5.4.3 Análise da natureza da amostra e tipos de perfis genéticos obtidos	87
5.5 Histórico de autoria e o uso de banco de perfis genéticos.....	92
5.6 Potencialidade de elucidação criminal de crimes sexuais sem suspeito por meio do uso de bancos de perfis genéticos	97
5.7 Limitações do estudo.....	100
6. Conclusão	102
7. Perspectivas	103
7. Referências	105
Apêndices	116
Questionário para coleta dos dados de seleção de amostras e de seus exames	116
Questionário para coleta dos dados das coincidências genéticas	118
Dados de lapso temporal das investigações auxiliadas.....	119
Anexos	120

Lista de Tabelas e Figuras

Tabelas

Tabela 1. Comparação entre bancos de dados de perfis genéticos criminais.....	45
Tabela 2. Componentes e quantidade de reagentes utilizados na PCR.....	52
Tabela 3. Ciclagens utilizadas no termociclador durante a PCR.....	52
Tabela 4. Reagentes e Concentrações utilizados na genotipagem.....	52
Tabela 5. Parâmetros utilizados na configuração do analisador genético para genotipagem das amostras.....	53
Tabela 6. Prevalência e avaliação da distribuição dos casos de violência sexual de acordo o sexo da vítima.....	56
Tabela 7. Prevalência e avaliação da distribuição dos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino de acordo com a vulnerabilidade da vítima.....	57
Tabela 8. Prevalência e avaliação de distribuição dos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino de acordo o histórico de autoria.....	59
Tabela 9. Avaliação de associação entre histórico de autoria e enquadramento de vulnerabilidade da vítima.....	60
Tabela 10. Prevalência de casos submetidos ao Exame de DNA.....	60
Tabela 11. Prevalência de amostras submetidas ao Exame de DNA.....	60
Tabela 12. Prevalência de apresentação de suspeito para confronto para realização de Exame de DNA.....	62
Tabela 13. Prevalência de apresentação de suspeito para confronto em casos de histórico de autoria conhecida.....	62
Tabela 14. Prevalência de coincidências genéticas por total de casos cadastrados.....	67
Tabela 15. Comparação entre estudos: coincidências genéticas por número de amostras analisadas e inseridas.....	68
Tabela 16. Prevalência das coincidências genéticas de acordo com a natureza.....	70
Tabela 17. Comparação de prevalências das coincidências genéticas de acordo com a natureza.....	70
Tabela 18. Comparação de prevalências das coincidências genéticas de acordo com a natureza.....	71
Tabela 19. Prevalência das coincidências genéticas do BPG-SPTC/GO de acordo com âmbito de ocorrência.....	71
Tabela 20. Comparação de prevalência das coincidências genéticas de acordo com âmbito de ocorrência entre o BPG-SPTC/GO e os demais bancos locais integrantes da RIBPG.....	72
Tabela 21. Evolução dos números de perfis genéticos inseridos e de coincidência genéticas obtidas.....	72
Tabela 22. Números de coincidência genéticas obtidas e de perfis genéticos inseridos no contexto nacional.....	74
Tabela 23. Prevalência de inserção de casos no BPG-SPTC/GO.....	84
Tabela 24. Prevalência de inserção de amostras no BPG-SPTC/GO.....	84
Tabela 25. Comparação de taxas de amostras de crimes sexuais com qualidade para inserção.....	85
Tabela 26. Prevalência dos motivos de não inserção no BPG-SPTC/GO.....	86
Tabela 27. Prevalência de tipos de amostras inseridas no BPG-SPTC/GO.....	88
Tabela 28. Tipos de amostras encaminhadas para Exame de DNA dos casos inseridos no BPG-SPTC/GO.....	88
Tabela 29. Prevalência de tipos de amostras analisadas nos casos não inseridos no BPG-SPTC/GO por motivo de mistura sem qualidade.....	88
Tabela 30. Prevalência de tipos de perfis genéticos obtidos nos exames realizados.....	91
Tabela 31. Prevalência de tipos de perfis genéticos utilizados para inserção no BPG-SPTC/GO.....	91
Tabela 32. Avaliação de associação entre histórico de autoria e coincidências genéticas pelo BPG-SPTC/GO.....	94

Tabela 33. Taxas de inserção no BPG-SPTC/GO de acordo com a relação vítima-agressor.	95
Tabela 34. Taxas de inserção de Campbell et al (2016b) de acordo com a relação vítima-agressor.	95
Tabela 35. Comparação entre as taxas de reincidência no BPG-SPTC/GO e de Campbell et al (2016b).	96
Tabela 36. Número de investigações auxiliadas e de coincidências genéticas do BPG-SPTC/GO de acordo com tipo de caso envolvido.	98
Tabela 37. Tabela com dados de lapso temporal das investigações auxiliadas.	99

Figuras

Figura 1. Representação diagramática dos confrontos realizados em um banco de dados de DNA criminal.	35
Figura 2. Representação diagramática do sistema CODIS nos EUA.	38
Figura 3. Representação diagramática da RIBPG.	42
Figura 4. Critérios para inserção de perfis genéticos preconizados pela RIBPG (RIBPG, 2017).	43
Figura 5. Fluxograma de seleção das amostras e de evolução das análises.	66
Figura 6. Correlação entre os números de coincidência genéticas obtidas e de perfis genéticos inseridos.	73
Figura 7. Correlação entre os números de coincidência genéticas obtidas e perfis genéticos inseridos no contexto nacional.	75
Figura 8. Coincidências genéticas tipo <i>forensic hit</i> e de nível nacional relacionando um agressor a seis vítimas.	77
Figura 9. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a duas vítimas.	78
Figura 10. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a três vítimas.	79
Figura 11. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a sete vítimas.	80
Figura 12. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a sete vítimas.	81
Figura 13. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a duas vítimas.	82
Figura 14. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a duas vítimas.	83
Figura 15. Fluxograma dos exames: tipos de perfis genéticos obtidos e sucesso de inserção no BPG-SPTC/GO.	90
Figura 16. Fluxograma dos exames: relação vítima-agressor e sucesso de inserção no BPG-SPTC/GO.	94
Figura 17. Gráfico de distribuição do lapso temporal das investigações auxiliadas.	99

Lista de Símbolos, Siglas e Abreviaturas

AQ- Amostra questionada

AR- Amostra de referência

® - Marca Registrada

°C - Graus Celsius

BNPG - Banco Nacional de Perfis Genéticos

BPG - Banco de Perfis Genéticos

BPG-SPTC/GO - Banco de Perfis Genéticos da Superintendência de Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás

CAAE - Certificado de Apresentação para Apreciação Ética

CNS - Conselho Nacional de Saúde

CODIS – programa CODIS (do inglês *Combined DNA Index System*)

DNA - Ácido desoxirribonucleico

DP- Delegacia de Polícia

SPTZ- Espermatozoides

EUA- Estados Unidos da América

FBI- Agência Federal de Investigações dos Estados Unidos da América (do inglês *Federal Bureau of Investigation*)

FBSP - Fórum Brasileiro de Segurança Pública

FE - Fração espermatozoide

FNE - Fração não espermatozoide

FINDS - Serviço de Banco de Dados de Informações Forenses (do inglês *Forensic Information Database Service*)

IC- Intervalo de confiança

ICLR - Instituto de Criminalística Leonardo Rodrigues

INTERPOL - Organização Internacional de Polícia Criminal (do inglês *International Criminal Police Organization*)

IPEA - Instituto de Pesquisa de Economia Aplicada

ISFG - International Society for Forensics Genetics

JHF - Fundação Coração Alegre (do inglês, *Joyful Heart Foundation*)

kV - Quilowatt

LaGene - Laboratório de Citogenética Humana e Genética Molecular

LBDF-ICLR-SPTC/GO - Laboratório de Biologia e DNA Forense do Instituto de Criminalística Leonardo Rodrigues da Superintendência de Polícia Técnico-Científica de Goiás

LC - Número de registro referente aos indivíduos cadastrados criminalmente

LDIS - Banco de DNA local (do inglês *Local DNA Index System*)

ng/μl - Nanogramas por microlitro

MJ - Ministério da Justiça

MTFR - razão de DNA masculino:feminino

NDIS - Banco de DNA Nacional dos EUA (do inglês *National DNA Index System*)

NDNAD - Banco de DNA do Reino Unido (do inglês, *UK National DNA Database*)

NIJ - Instituto Nacional de Justiça dos Estados Unidos da América

NRPTC - Núcleo Regional de Polícia Técnico-Científica

ONU - Organização das Nações Unidas

OMS - Organização Mundial de Saúde

pb - Pares de base

PCDF - Polícia Civil do Distrito Federal

PCR - Reação em cadeia da polimerase (do inglês, *Polymerase Chain Reaction*)

PSA - Antígeno prostático específico

PUC/GO - Pontifícia Universidade Católica de Goiás

RG - Número de registro geral do Instituto de Criminalística Leonardo Rodrigues

RPFL - Polimorfismo de comprimento de fragmentos de DNA (do inglês, *restriction fragment length polymorphism*)

RIBPG - Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos do Brasil

SAFE-ITR – Programa de Inventário e Rastreamento de vestígios de crimes sexuais (do inglês, *Sexual Assault Forensic Evidence-Inventory, Tracking, and Reporting*)

SAK - conjunto de vestígios de crimes sexuais coletados (do inglês *sexual assault kit*)

SAKI - Iniciativa de *kits* de agressões sexuais (do inglês *Sexual Assault Kit Initiative*)

SINAN - Sistema de Informação de Agravos de Notificação

SENASP - Secretaria Nacional de Segurança Pública

SES/GO - Secretaria de Saúde do Estado de Goiás

SEBIO - Número de registro referente ao Laudo de Pesquisa de Espermatozoides

SDIS - Banco de DNA Estadual (do inglês *State DNA Index System*)

SEDNA- Número de registro referente ao Laudo de Exame de DNA

SPTC/GO - Superintendência de Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás

SPTZ - Espermatozoides

STR - Sequências com repetições curtas em tandem (do inglês, *short tandem repeat*)

VNTR - Sequências com repetições longas em tandem (do inglês, *variable number of tandem repeat*)

Resumo

A taxa de crimes sexuais é alta no Brasil e, conseqüentemente, há um acúmulo de vestígios armazenados sem serem submetidos a exames de DNA. Esses vestígios não são processados por vários motivos, dentre eles o fato de a investigação, na maioria das vezes, não apontar um suspeito para confronto. Entretanto, com o advento dos bancos de perfis genéticos, esses vestígios passam a ser vistos como fontes valiosas de informações para as investigações. No cenário internacional, já há estudos que abordam o sucesso do processamento em larga escala desses vestígios para avaliar a taxa de obtenção de coincidências e de identificação de agressões em série. No Brasil, devido à recentidade de implantação dos bancos de perfis genéticos, estudos são necessários para avaliar seu poder de elucidação criminal. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial do Banco de Perfis Genéticos do Estado de Goiás (BPG-SPTC/GO) na elucidação de crimes sexuais sem suspeito por meio da inserção de perfis genéticos obtidos de vestígios de crimes sexuais sem suspeito ocorridos em Goiás entre os anos de 2004 a 2018. As amostras foram submetidas à extração de DNA por lise diferencial, seguida de amplificação de marcadores autossômicos *STR*, análise por eletroforese capilar no analisador genético ABI 3500 e inserção no BPG-SPTC/GO com uso do *software CODIS 7*. Avaliou-se a taxa de amostras com perfis elegíveis para inserção, taxas de coincidências e de identificação de agressões em série; e para as abordagens estatísticas utilizou-se os programas *Epi Info*™ v.7 e *BioEstat* 5.0. Um total de 275 amostras foram submetidas a exame de DNA, das quais 202 tiveram perfis genéticos elegíveis para inserção (73,45%). Desse total, 176 foram inseridas, sendo geradas 60 coincidências genéticas e 32 investigações criminais auxiliadas, todas referentes a agressões sexuais em série e a agressores desconhecidos. O uso de bancos de perfis genéticos mostrou-se como uma excelente ferramenta para elucidação de crimes sexuais sem suspeito. Além disso, seu uso associado a uma análise em larga escala de vestígios com presença de espermatozoides mostrou-se capaz de gerar maior celeridade de elucidação e ainda sem a perda do potencial elucidativo com o transcorrer do tempo. Além disso, os resultados indicaram maior elucidação de crimes sexuais de agressores desconhecidos e a necessidade de ampliação do número de perfis genéticos cadastrados.

Palavras chave: Banco de dados de DNA. Violência sexual. Vestígios não genotipados. Genética Forense. Elucidação Criminal

Abstract

The sexual crimes rate is high in Brazil and consequently there is an accumulation of stored evidences without being analyzed with DNA tests. These evidences are not processed for several reasons, like the fact that the investigation, in most cases, does not indicate a suspect to confront. However, with the advent of DNA databases, these evidences have been seen as valuable sources of information for the investigations. International studies have already related the success of the large-scale processing of these evidences to evaluate the rate of obtaining coincidences and of identifying serial aggressions using DNA databases. In Brazil, due to the recent implantation of DNA databases, studies are needed to assess their power of criminal elucidation. Thus, the objective of this study was to evaluate the potential of the DNA Databases Goiás State (Brazil) (BPG-SPTC/GO) in the elucidation of sex crimes without suspect through the insertion of genetic profiles obtained from evidences of sex crimes without suspect occurred in Goiás from 2004 to 2018. The samples were submitted to DNA extraction by differential lysis, followed by the amplification of STR autosomal markers, capillary electrophoresis analysis in the ABI 3500 genetic analyzer, and insertion in the BPG-SPTC/GO using the CODIS 7 software. We evaluated the rates of samples with eligible for insertion profiles, of coincidence and of serial aggression identification; and for the statistical approaches the programs Epi Info™ v.7 and BioEstat 5.0 were used. A total of 275 samples were analyzed, of which 202 had eligible genetic profiles for insertion (73,45%). Of this total, 176 were inserted, generating 60 hits, and 32 criminal investigations were aided, all related to sexual assaults in series and to stranger perpetrators. The use of DNA databases proved to be an excellent tool for elucidating sex crimes without suspect. Moreover, their use associated with a large-scale analysis of evidences with presence of spermatozoa showed to be able to generate greater speed of elucidation without the loss of the elucidative potential with the passage of time. In addition, the results indicated greater elucidation of sexual offenses of unknown perpetrators and the need to increase the number of genetic profiles in DNA Databases.

Keywords: DNA Database. Sexual Assault Kit. Forensic Genetics. Untested Evidence. Crime Elucidation

1. Introdução

A violência sexual é uma problemática crônica no cenário de segurança pública brasileiro (FBSP, 2018a; ISP-RJ, 2018; FBSP, 2017; BUCHMULLER, 2016). Nesse contexto, a Criminalística, com a análise de vestígios pelo exame de DNA (ácido desoxirribonucleico) é ferramenta extraordinária para reversão desse cenário, pois, no contexto policial, permite alcançar o primordial de qualquer investigação, a autoria do crime (RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010).

Apesar da alta tecnologia já alcançada na genética forense, há um crescente acúmulo de vestígios oriundos de crimes sexuais armazenados sem serem submetidos a exames de DNA, devido às limitações de insumos, pessoal e à não indicação de suspeitos para confronto (CAMPBELL et al, 2017a; PETERSON J. et al, 2012; STROM; HICKMAN, 2010).

Dessa forma, há poucos anos, o processamento de vestígios oriundos de crimes sexuais sem suspeitos não era considerado de importância, pois não se conseguiria realizar o confronto devido à natureza comparativa do exame. Entretanto, com o advento do banco de perfis genéticos, esses vestígios passam a ser vistos como fontes valiosas de informações para as investigações policiais, pois essa ferramenta permite a comparação entre vestígios para averiguar se são oriundos de um mesmo agressor, além de permitir a identificação de autoria se houver perfis de agressores inseridos (CAMPBELL et al, 2016a; DOLEAC, 2016; FERREIRA et al, 2015; ANSELMO; JACQUES, 2012; INTERPOL, 2009).

No cenário internacional, bancos de perfis genéticos fornecem altos índices de resolução criminal (FBI, 2018a; HO-NPCC, 2018; RCMP, 2018). Devido aos bons resultados já alcançados, eles são altamente defendidos e fomentados (GRAZINOLI; LEAL, 2015). Estudos já até mensuram o quanto seu uso é mais viável economicamente do que outras abordagens de política criminal (WANG; WEIN, 2018; DOLEAC, 2016; SINGER et al, 2016; BUTLER, 2015; DOLEAC, 2011). Entretanto, no Brasil, somente após a lei n.º 12654/2012, essa realidade foi admitida e, apesar de a legislação brasileira ser branda e recente quando comparada com a de outros países, muitos resultados já foram alcançados (RIBPG, 2018c; INTERPOL, 2009). Em seu relatório de maio de 2018, o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) apresentou 511 coincidências confirmadas, auxiliando 561 investigações e já contava com 6805 perfis genéticos de vestígios e 3634 perfis genéticos referentes a indivíduos cadastrados criminalmente (condenados, identificados criminalmente e inseridos por decisão judicial). Dentro deste contexto, o Estado de Goiás contribuiu com 51 coincidências, auxiliando 46 investigações (RIBPG, 2018c).

Na literatura, já há alguns estudos que abordam o processamento de vestígios de violência sexual em larga escala para avaliar a taxa de obtenção de perfis genéticos para inserção em banco de dados, assim como, para avaliar a taxa de obtenção de coincidências e identificação de agressões em série. Esses estudos obtiveram resultados extraordinários com elevados número de coincidências observadas, com taxa de aproximadamente 62% das amostras inseridas, elucidando assim investigações previamente não solucionadas (CAMPBELL et al, 2017a; CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2015a; BASHFORD, 2013; NELSON, 2013; PATTERSON; CAMPBELL, 2012; PETERSON J. et al, 2012). Além disso, observaram que os testes forenses, ao longo do tempo, mantêm sua potencialidade de contribuir para a identificação de crimes adicionais de um mesmo agressor, o que corrobora os benefícios de um processamento rápido dos vestígios de violência sexual e consequentemente auxilia na prevenção da reincidência dos delitos (CAMPBELL et al, 2017a; CAMPBELL et al, 2015a).

No Brasil, ainda não há estudos com essa abordagem, mas, em contrapartida, há uma demanda reprimida enorme de vestígios de crimes sexuais sem suspeitos para ser processada (MARIZ, 2016; FERREIRA et al, 2015). Além disso, devido à recentidade da implantação de bancos de perfis genéticos em nosso país, estudos são necessários para avaliar seu poder de elucidação criminal, de forma a subsidiar as políticas públicas na área de segurança pública e de tornar o Estado de Goiás precursor na elucidação de crimes sexuais sem suspeito (BRASIL, 2012).

2. Referencial teórico

2.1 Violência sexual no contexto da segurança pública

Segundo a Organização Mundial de Saúde (OMS), o Brasil é o nono país mais violento do mundo. De acordo com os dados produzidos de forma independente pela agência da Organização das Nações Unidas (ONU), as mortes no Brasil atingiram, no ano de 2018, 31,1 pessoas a cada 100 mil habitantes, colocando o país como um dos mais violentos do mundo (FRAZÃO, 2018). Dentro deste cenário, a violência sexual, fenômeno tão primitivo quanto à história da humanidade, se apresenta como problema crônico, devido aos seus altos índices de ocorrência e baixos índices de elucidação (BUCHMULLER, 2016; MS et al, 2015).

Existem vários conceitos para violência sexual, mas dentre eles destaca o emitido pelo Instituto de Segurança Pública do Rio de Janeiro (2018), no qual se conceituou: “violência sexual corresponde a qualquer contato de natureza sexual não consentido, tentado ou consumado, ou qualquer ato contra a sexualidade de uma pessoa, por meio de intimidação, ameaça, coação, uso de força ou aproveitamento de uma condição de vulnerabilidade, podendo ser perpetrado por qualquer pessoa em qualquer ambiente”; atitudes estas todas enquadradas como crime, com vista de proteção à dignidade sexual humana (BRASIL, 2009d; BRASIL, 1940).

Conforme o conceito, pode-se notar uma grande diversidade de condutas que são enquadradas como crimes contra a dignidade sexual, como importunação sexual, assédio sexual e satisfação de lascívia. Entretanto, os crimes de estupro, artigos 213 e 217A do Código Penal Brasileiro, representam proporcionalmente a maior parcela dos registros de violência sexual, sendo este tipo penal o mais abordado e mais utilizado como parâmetro estatístico (FBSP, 2018a; ISP-RJ, 2018; FBSP, 2017).

Apesar de os crimes contra a liberdade sexual terem penas consideradas elevadas, suas taxas vêm apresentando tendência de crescimento nos últimos anos (FBSP, 2018a; ISP-RJ, 2018; FBSP, 2017; IPEA, 2017; FBSP, 2016). Em 2017, segundo dados do 11º Anuário Brasileiro de Segurança Pública, no Brasil, foram registrados 60.018 casos de estupro, com um crescimento de 8,4% em relação ao ano de 2016 (FBSP, 2018b). Esses dados revelam que aproximadamente, a cada onze minutos, alguém é violentado sexualmente em nosso país (FBSP, 2017).

No estado de Goiás, no ano de 2017, 2495 pessoas foram vítimas de estupro. Entre os anos de 2014 a 2017, houve um aumento em 28% das notificações de estupro (FBSP, 2018b).

Segundo o Fórum Brasileiro de Segurança Pública (FBSP) (2018b), no estado de Goiás, nota-se uma política pública de segurança pública incerta, com alta flutuação dos índices de violência.

Entretanto, pode-se dizer que esses números não correspondem à real quantidade desse tipo de ocorrência, devido à característica de baixa notificação. Em estudo desenvolvido pelo Instituto de Pesquisa de Economia Aplicada (IPEA) (2014), estima-se que, a cada ano, no mínimo 527 mil pessoas são estupradas no Brasil. Desses casos, apenas 10% chegam ao conhecimento da polícia. Logo, sua verdadeira incidência é desconhecida, já que o julgamento e a exposição moral das vítimas e a ausência de respostas efetivas do estado afetam a decisão das mesmas em denunciar (FBSP, 2017; CERQUEIRA; COELHO, 2014).

Devido à ausência de indicadores que reflitam a realidade, estudos foram desenvolvidos para uma melhor mensuração do acometimento de vítimas de crimes sexuais com enfoque em vítimas do sexo feminino (FBSP; IPEA, 2018). Segundo as estimativas, no nordeste brasileiro, 2,42% das mulheres foram vítimas de violência sexual no último ano (CARVALHO; OLIVEIRA, 2016). A partir disso, supondo ser essa a prevalência de violência sexual no Brasil, cerca de um milhão e meio de mulheres seriam vítimas de violência sexual a cada ano (FBSP; IPEA, 2018).

Com a alteração do Código Penal Brasileiro ocorrida em 2009, o crime de estupro deixou de ser exclusivamente de vítimas do sexo feminino, já que deixou de se ater apenas ao ato de conjunção carnal, englobando também o ato libidinoso e o atentado violento ao pudor. Mesmo assim, as vítimas desse crime, em sua grande maioria, são mulheres, com valores que se encontram entre 85 a 88% dos casos, sendo que os agressores são também, em sua maioria do sexo masculino, em torno de 90% a 98% dos casos (ISP-RJ, 2018; FBSP, 2017; ISP-RJ, 2016; CERQUEIRA; COELHO, 2014; BRASIL, 2009d).

Outro fator importante em relação aos crimes sexuais é a relação autor-vítima, em que na maior parcela dos casos, o agressor de alguma forma faz parte do universo de convivência da vítima (agressor não-estranho ou conhecido). Dados do IPEA, de 2014 (CERQUEIRA; COELHO, 2014), apontam que mais da metade dos estupros sofridos por crianças e adolescentes foram praticados por conhecidos, como pais, padrastos, namorados ou amigos. Entre adultos esse índice se aproxima dos 40%. Dados mais atuais reafirmam essa realidade, com taxas de aproximadamente 40% dos casos cometidos por pessoas próximas às vítimas (companheiros, pais, padrastos, parentes, conhecidos) (ISP-RJ, 2018; IPEA, 2017).

Ainda dentro da questão do vínculo entre vítima e autor, as agressões sexuais são classificadas em violência sexual aguda (episódio único) e violência sexual crônica (episódios

repetitivos). A primeira é caracterizada por acometimento de vítimas com faixa etária mais elevada, por ter uma maior associação de agressão física, pela maior taxa de busca por auxílio, tanto de saúde quanto de medidas policiais investigativas e por se tratarem de agressores que não são de convívio da vítima (agressores estranhos ou desconhecidos). Já a segunda é associada a agressões sexuais de ambiente familiar, com vítimas com faixa etária mais baixa (crianças e adolescentes), sendo de baixa notificação policial e de baixa intervenção ambulatorial (MS et al, 2015; SCHIOCCHET, 2012; CODEPPS, 2009).

Com isso, nota-se que antes de ser um enfrentamento na área de segurança pública, a violência sexual constitui um grave problema de saúde pública, devido à necessidade de interferência médica e por ser apontada como uma das principais causas de morbidade (MS et al, 2015). Esse reconhecimento de também ser uma temática de saúde pública pode ser notado com a inserção de dados de violência sexual no SINAN (Sistema de Informação de Agravos de Notificação) desde o ano de 2009, por casos de violência sexual serem de notificação compulsória no âmbito de saúde pública desde o ano de 2011 e pela própria obrigatoriedade de atendimento de pessoas em situação de violência sexual nas unidades de saúde pública (IPEA, 2017; MS, 2015; MS et al, 2015; BRASIL, 2013a; BRASIL, 2013b; MS, 2011)

Desta maneira, nota-se que há uma interseção entre as atuações de saúde e segurança pública, na qual aquela trabalha com traumas emocionais, lesões físicas e desdobramentos (doenças contagiosas e gravidez) e esta com a materialização do crime e determinação de sua autoria; tanto que políticas de integração entre essas áreas já vêm sendo desenvolvidas, como a própria política de atenção humanizada às pessoas em situações de violência sexual englobando profissionais de saúde e agente policiais (MS et al, 2015).

Nesse contexto, o Estado, que detém o dever de investigar e punir os autores desses delitos, atinge, no Brasil, um índice de condenação de apenas aproximadamente 1% dos casos (BUCHMULLER, 2016). Nota-se que pela característica marcante de reincidência nesses tipos de delitos, é inquestionável que a impunidade é fator preponderante para esse baixo índice (SCHIOCCHET, 2012; ALBUQUERQUE et al, 2008). O mero fortalecimento da legislação repressora e os avanços na área de direitos humanos não são suficientes para dirimir essa problemática. Logo, medidas são necessárias de maneira a aperfeiçoar a identificação e a punição dos autores desses delitos (BUCHMULLER, 2016; MS et al, 2015).

2.2 Perícia criminal

Apesar do princípio da não hierarquia probatória entre os meios de provas dentro do sistema de persuasão racional contemplados no ordenamento jurídico brasileiro, nota-se que a

prova pericial, também denominada prova material, devido à sua natureza técnico-científica e, consequentemente, ao seu caráter imparcial, é a mais utilizada para a fundamentação de decisões judiciais (VELHO J A et al, 2013; TÁVORA; ARAÚJO, 2011).

A prova material é produzida pelas Unidades de Perícia Oficial nas unidades federativas do país no âmbito da justiça comum e pela Polícia Federal no âmbito de justiça federal. Ela é desenvolvida por Peritos Oficiais de carreira, aprovados em concurso público, sendo eles: Peritos Criminais, Peritos Médicos-legistas e Peritos Odontolegistas; e aplicada por meio das ciências de Criminalística e Medicina Legal (VELHO J A et al, 2013; VELHO JESUS ANTONIO et al, 2012; BRASIL, 2009b).

Segundo o renomado Perito Criminal Eraldo Rabello “Criminalística é uma ciência autônoma multidisciplinar, de natureza técnico-científica e de destinação jurídica, tendo por objetivo o estudo dos vestígios materiais extrínsecos à pessoa física, no que tiver de útil à elucidação e à prova das infrações penais e, ainda, à identificação dos autores respectivos”. A Medicina Legal tem a mesma natureza, destinação e objetivo, entretanto faz uso dos conhecimentos médico-biológicos de caráter intrínseco à pessoa física e a sua atuação em conjunto com a Criminalística é o que denominamos de Perícia Criminal (VELHO J A et al, 2013; VELHO JESUS ANTONIO et al, 2012; FRANÇA, 2009).

Os crimes sexuais são altamente elucidados pela perícia criminal, já que geralmente esses crimes são ditos crimes não transeuntes, ou seja, deixam vestígios. No contexto criminalístico, entende-se por vestígios todo elemento material encontrado em uma cena de crime ou que compõem um exame pericial e que podem estar ou não relacionados com o fato apurado. Eles são matéria-prima na produção da prova material. No que tange aos crimes sexuais, o corpo da vítima é considerado como uma extensão da cena do crime, sendo, na maioria das vezes, a maior fonte de vestígios elucidativos (RODRIGUES et al, 2016; VELHO J A et al, 2013; VELHO JESUS ANTONIO et al, 2012).

Assim, em se tratando de crime sexuais, a Perícia Criminal pode ser abordada de duas maneiras e em momentos distintos: a perícia no local onde o crime aconteceu e a perícia no corpo da vítima, sendo aquela denominada Exame Pericial de Local de Prática Sexual Delituosa e esta denominada Exame de Corpo de Delito de Prática Sexual Delituosa (FBSP, 2017; RIBPG, 2017; RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2010).

A perícia de local de crime é realizada por Peritos Criminais com a mesma tríade de objetivos de qualquer análise de cena de crime, em que se busca: evidenciar se o crime ocorreu (materialidade), caracterizar a dinâmica dos fatos e determinar a autoria. Nesse tipo de perícia, são comuns os vestígios biológicos (sêmen, sangue, pelos, células epiteliais, etc.),

geralmente associados a objetos, peças de roupas e preservativos. Apesar disso, esse tipo de perícia ainda é pouco requisitada por parte das autoridades policiais por desconhecimento e pela falta de análise do histórico dos fatos, já que, às vezes, os vestígios de autoria estão na cena do crime e não no corpo da vítima (RODRIGUES et al, 2016; VELHO J A et al, 2013; VELHO JESUS ANTONIO et al, 2012; SAWAYA; ROLIM, 2009)

Já o exame no corpo da vítima é protocolo tradicional e é realizada pelos Peritos Médico-legistas. Neste exame, busca-se avaliar a existência de lesões associadas ao fato ou qualquer forma de violência, além da coleta de vestígios biológicos deixados pelo agressor no corpo da vítima, o que permite de forma inequívoca, definir a autoria. Além disso, é nesse momento, que, pela entrevista da vítima, o Médico-legista colhe as principais informações para subsidiar o desenrolar das investigações como o histórico de relação sexual consentida nos dias que antecederam o fato, se houve uso de preservativo por parte do agressor, se houve higienização do corpo após o fato e antes do exame por parte da vítima, entre outras. Essas informações são de extrema importância para a atribuição do vestígio biológico ao agressor do delito nos casos de vítimas que já apresentam vida sexual ativa, além de subsidiar as investigações genéticas que serão desencadeadas (FBSP, 2017; MS et al, 2015; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010; FRANÇA, 2009; SAWAYA; ROLIM, 2009).

Desse modo, em prosseguimento às perícias realizadas tanto na área de Criminalística como de Medicina Legal, será desencadeada a necessidade de exames periciais complementares para a análise dos vestígios biológicos coletados, em que se buscará o cerne de qualquer investigação criminal, a determinação de autoria (RODRIGUES et al, 2016).

Assim, a resolução de crimes sexuais geralmente envolve a análise de vestígios biológicos coletados do corpo da vítima, de suas vestes e do próprio ambiente em que o delito ocorreu, de forma a identificar a presença de material biológico de um agressor (RODRIGUES et al, 2016). Esse conjunto de vestígios são inicialmente submetidos a exames de triagem para pesquisa de sêmen (CAMPBELL et al, 2015a; PETERSON J. et al, 2012). Na sequência, são submetidos a exame de DNA de modo a determinar o perfil genético do infrator e estabelecer uma relação entre ele e o local de crime e/ou a vítima (RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2012; SAWAYA; ROLIM, 2009).

Os exames preliminares são de extrema importância, pois auxiliam na materialização dos crimes sexuais além de orientar as etapas subsequentes no Exame de DNA. Esses exames são testes confirmatórios para detecção de sêmen por meio da análise laboratorial dos elementos mais comumente pesquisados nos laboratórios forenses: espermatozoides (SPTZ) e antígeno prostático específico (PSA) (BUTLER, 2010,2012; SAWAYA; ROLIM 2009).

A pesquisa do gameta masculino (SPTZ) é o padrão ouro para detecção de sêmen, sendo esta a técnica mais difundida (RODRIGUES et al, 2016; CÂNDIDO et al, 2012). O exame é realizado por microscopia ótica com uso de corantes específicos que otimizam a visualização da célula gamética, como, por exemplo, a coloração *Christmas tree*. Já na pesquisa de PSA, a confirmação da presença de sêmen humano se dá pela detecção da proteína prostática específica, por meio de testes imunocromatográficos sendo indicado para os casos de agressores oligospermicos e azoospermicos, ou seja, mesmo em situações em que se tem pouca ou nenhuma célula gamética, é possível averiguar a presença de sêmen humano (RODRIGUES et al, 2016; SAWAYA; ROLIM, 2009).

Devido às características dessas técnicas, elas são utilizadas de maneira conjunta e complementar. Os resultados entre as técnicas apresentam uma grande convergência de resultados, em aproximadamente 85% dos casos, entretanto, ambas técnicas são indispensáveis (CÂNDIDO et al, 2012).

Além disso, na realização do Exame de DNA, a presença de SPTZ nas amostras contribui para o êxito na obtenção de perfil genético do agressor, devido à maior concentração de material biológico do agressor e porque as técnicas de extração permitem a separação física das células gaméticas das demais células porventura presentes na amostra. Ademais, nas amostras sem SPTZ, além da deposição de células do agressor ser menor, geralmente tem-se uma grande quantidade de DNA da vítima (TIMKEN et al, 2018; KLEIN; BUONCRISTIANI, 2017; RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010).

2.3 Genética forense

A genética é uma ciência de alta aplicabilidade dentro das ciências biológicas, desde o estudo de evolução e biodiversidade dos seres vivos até a medicina clínica. Além disso, seus fundamentos também podem ser aplicados com a finalidade de subsidiar lides penais, o que se denomina de genética forense (GRIFFITHS et al, 2016; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010).

A genética forense pode ser definida como a ciência que utiliza os preceitos relativos à hereditariedade e de técnicas de biologia molecular com intuito de buscar por meio de comparações entre amostras questionadas e conhecidas, as possíveis compatibilidades e os possíveis vínculos de parentesco genético existentes em prol de subsidiar as investigações criminais (GRIFFITHS et al, 2016; BUTLER, 2015). Devido à maior gravidade e também à maior disponibilidade de vestígios biológicos, a genética forense geralmente é mais aplicada a crimes sexuais e homicídios (FBI, 2018b; HO-NPCC, 2018; RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2010; INTERPOL, 2009; ALBUQUERQUE et al, 2008). Entretanto, estudos já

comprovam sua maior eficiência investigativa em relação aos métodos tradicionais em crimes contra o patrimônio (RITTER, 2008).

Desde quando foi introduzida, em meados dos anos de 1980, a tipagem de DNA tem revolucionado as ciências forenses. Ela foi descrita pela primeira vez em 1985 pelo geneticista britânico Alec Jeffreys. Ele descreveu a existência de regiões de repetição na molécula de DNA e também descobriu que o número dessas repetições pode diferir entre as pessoas, o que ficou conhecido como DNA *fingerprint*, já que a morfologia da análise em gel recordava o desenho de código de barras. Essas regiões tornaram-se as regiões denominadas VNTRs (*variable number of tandem repeats*), que são marcadores de polimorfismos com unidades de repetição entre 9 a 38 pares de bases (pb), também denominados de minissatélites (JEFFREYS, 2013; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010).

Como casos históricos, tem-se os das meninas Lynda Mann e Dawn Ashworth, que foram estupradas e mortas, respectivamente, nos anos de 1983 e 1986 na Inglaterra, os quais foram os primeiros eventos elucidados com uso da genética forense e com a atuação de Alec Jeffreys no ano de 1987. Através da análise genética dos vestígios, inicialmente, detectou-se que se tratava de um mesmo autor para ambos delitos e depois de inúmeras comparações com amostras de referência de todos os homens adultos do vilarejo, chegou-se ao autor Colin Pitchfork (JEFFREYS, 2013; BUTLER, 2010).

Apesar do uso recente da genética forense, a molécula de DNA vem sendo estudada bem antes do início de seu uso com a finalidade de investigação criminal. Os ácidos nucléicos foram descobertos no ano de 1869 por Friedrich Miescher, entretanto apenas na década de 50 do século XX que sua completa descrição estrutural e de composição foi apresentada por Watson e Crick (GRIFFITHS et al, 2016).

A molécula de DNA consiste em duas longas cadeias polinucleotídicas compostas por quatro tipos de nucleotídeos. O nucleotídeo é composto por um açúcar (2' desoxi-D-ribose), um grupo fosfato (PO_4^-) e uma base nitrogenada, sendo esta o que gera os quatro tipos diferentes de nucleotídeos, podendo ser adenina, guanina (bases púricas), citosina ou timina (bases pirimídicas) (GRIFFITHS et al, 2016).

Essas duas fitas polinucleotídicas assumem uma forma de dupla-hélice, interagindo entre si por meio de pontes de hidrogênio entre as bases nitrogenadas das diferentes fitas, sendo o pareamento sempre entre uma base pirimídica com uma púrica, adenina com timina e citosina com guanina. Devido a essa conformidade, as fitas são ditas antiparalelas e complementares (GRIFFITHS et al, 2016).

Nos animais, o DNA se encontra no núcleo das células, compondo os cromossomos autossômicos e sexuais, e também nas mitocôndrias; sendo denominado coletivamente como genoma. Os testes de tipagem de DNA para identificação humana são feitos com marcadores autossômicos, entretanto marcadores dos cromossomos sexuais e mitocondriais também podem ser utilizados (BUCKLETON et al, 2016; GRIFFITHS et al, 2016).

Estima-se que 99,7% do genoma humano é idêntico entre as pessoas, ou seja, apenas 0,3% diferencia as pessoas; e é com a análise desta porção que se permite a identificação do contribuinte de uma amostra biológica. É nela que se encontram os denominados polimorfismos, mutações de frequências maiores que 1% na população, e que podem ser de sequência ou de comprimento, sendo estes amplamente utilizados como marcadores genéticos. Como polimorfismo de comprimento temos os minissatélites (VNTR), os microsatélites (STR - *short tandem repeat*) e os polimorfismos de inserção ou deleção (INDEL) (GRIFFITHS et al, 2016; RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010).

Inicialmente, trabalhava-se com técnicas mais laboriosas que são os métodos RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e com uso de marcadores minissatélites (VNTR). Entretanto, essas metodologias foram largamente substituídas pelos métodos baseados em PCR (reação em cadeia da polimerase) com uso de marcadores STR, por serem mais eficientes para lidar com amostras forenses as quais, em regra, apresentam baixa quantidade e qualidade de DNA. Além disso, esses métodos são passíveis de automação e envolvem detecção sensível por fluorescência, o que permite a coleta e interpretação mais rápida dos dados quando comparado às técnicas de RFLP (BUTLER, 2012; BUTLER, 2010; GILL et al, 1985).

Dessa forma, nos laboratórios forenses a metodologia mais empregada é a análise de marcadores STRs através de PCR seguida de eletroforese capilar, sendo que o procedimento envolve várias etapas, sendo elas: 1) extração do DNA dos vestígios; 2) quantificação do DNA extraído dos vestígios; 3) amplificação de marcadores STR; 4) análise de fragmentos por eletroforese capilar. Por conseguinte, as amostras biológicas de referência são submetidas a toda essa sequência de procedimentos para uma final comparação e interpretação dos resultados (DALTON et al, 2013; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010).

Nesse contexto, os vestígios são ditas amostras de origem desconhecida ou amostras questionadas e as amostras sabidamente coletadas de pessoas envolvidas no caso (vítima e/ou suspeitos) são ditas amostras de referência (AR) ou padrão (DALTON et al, 2013; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010). Com a comparação entre os perfis genéticos obtidos das amostras

questionadas e das amostras de referência, um suspeito pode ser excluído ou incluído como contribuinte da amostra questionada, sendo que o resultado de inclusão é mensurado estatisticamente com base na frequência alélica populacional (AGUIAR et al, 2014; AGUIAR et al, 2012).

Inúmeros vestígios oriundos de crimes sexuais são encaminhados para exame de DNA, entretanto nem sempre há amostras de referência de vítimas e suspeitos, o que inviabiliza a realização dos confrontos devido à natureza comparativa do exame (RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2010). Os casos que já apresentam todas as amostras necessárias são ditos casos fechados, ou seja, as investigações já apresentaram suspeitos; já os casos que apresentam apenas os vestígios são ditos casos abertos por não terem suspeitos a serem investigados (RODRIGUES et al, 2016).

Nos crimes sexuais, as amostras questionadas geralmente englobam secreções coletadas do corpo da vítima (vaginal, anal e oral), vestimentas da vítima, preservativos, material subungueal, entre outros. A maioria dessas amostras são coletadas pelo Perito Médico-legista no momento do Exame Pericial de Prática Sexual Delituosa (FFLM, 2018; FBSP, 2017; CAMPBELL et al, 2015a; FRANÇA, 2009).

Não são poucos os obstáculos quando se busca obter o perfil genético do agressor nas amostras questionadas relacionadas a crimes sexuais. O maior deles trata-se da mistura de material biológico da vítima com o agressor, já que a maioria dos vestígios são oriundos do corpo da vítima. Além disso, têm-se as diferentes concentrações entre as frações feminina e masculina, com predomínio da fração feminina, bem como as questões anteriormente mencionadas relativas a contribuintes azoospermicos ou oligospermicos, com baixas concentrações de material masculino, presença de inibidores, degradação, pouca quantidade de DNA, entre outros (TIMKEN et al, 2018; KLEIN; BUONCRISTIANI, 2017; RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010; SAWAYA; ROLIM, 2009).

Apesar desses fatores limitantes, ao se tratar de vestígios com presença de SPTZ, com uso de protocolos de extração diferencial, tem-se muito sucesso na obtenção de perfis genéticos de agressores, tanto autossômicos como de marcadores do cromossomo Y (KAYSER, 2017). Já em vestígios com ausência de SPTZ, apesar de em 43% dos casos ser possível a detecção de DNA do agressor na etapa de quantificação, geralmente são obtidos apenas perfis genéticos de marcadores do cromossomo Y, o qual, devido à sua característica de linhagem patrilinear, auxilia apenas na exclusão de suspeitos, sem a individualização do contribuinte da amostra (KAYSER, 2017; GUSMAO et al, 2006)

Portanto, em se tratando de crimes sexuais, a análise de vestígios pelo exame de DNA é ferramenta extraordinária no contexto policial, por permitir o alcance da autoria. Além disso, devido à sua robustez nos quesitos de confiabilidade e especificidade, e à capacidade de inocentar aqueles erroneamente indicados como suspeitos, o Exame de DNA é hoje um dos meios de provas mais importantes e mais utilizados para subsidiar as investigações criminais (FBSP, 2017; VALENTINE et al, 2016; GRAZINOLI; LEAL, 2015; VELHO J A et al, 2013; VELHO JESUS ANTONIO et al, 2012).

2.4 Backlog de vestígios de crimes sexuais

Apesar da alta tecnologia já alcançada na genética forense, há uma crescente preocupação em relação ao acúmulo de vestígios de crimes sexuais armazenados sem serem submetidos a exames de DNA. Países pioneiros no uso da ferramenta genética, como os Estados Unidos da América (EUA), já desenvolvem projetos e estudos há mais de vinte anos para otimizar o processamento desse passivo (WANG; WEIN, 2018; CAMPBELL et al, 2017a; CAMPBELL et al, 2016a; STROM; HICKMAN, 2016; VALENTINE et al, 2016; WELLS, 2016; CAMPBELL et al, 2015a; CAMPBELL et al, 2015b; DONALD et al, 2012; PATTERSON; CAMPBELL, 2012; PETERSON J. et al, 2012; CAMPBELL; WASCO, 2005).

No ano de 2010, nos EUA, as agências policiais acreditavam que mais de 200.000 vestígios de violência sexual encontravam-se armazenados sem realização de Exame de DNA (STROM; HICKMAN, 2010). Outras estimativas, realizadas no ano de 2015, indicaram que existem de 200.000 a 400.000 SAKs (*sexual assault kit*) nos departamentos policiais dos EUA, os quais correspondem às secreções e amostras coletadas do corpo da vítima (CAMPBELL et al, 2017a; REILLY, 2015).

No Brasil, até o presente momento, não há levantamentos oficiais publicados para mensuração dessa demanda, mas, segundo estimativa do Ministério da Justiça (MJ) apresentada no ano de 2016, há, em nosso país, cerca de 28 mil amostras de crimes sexuais sem processamento. Entretanto, trata-se de uma estimativa sem referenciar realização de levantamentos científicos e, ainda, a maioria dos estados federativos alegaram desconhecer o tamanho real do estoque de vestígios de crimes sexuais (MARIZ, 2016).

No Estado de Goiás, em levantamento realizado em maio do ano 2018, contabilizou-se que aproximadamente 15 mil amostras de crimes sexuais se encontravam armazenadas no LBDF-ICLR-SPTC/GO sem realização de exames de DNA. Dessa forma, a partir do montante observado em uma unidade federativa do Brasil e o próprio volume observado nos

EUA, que é um país precursor e de uso consolidado do exame de DNA, nota-se que a estimativa emitida pelo MJ está bastante subestimada. Com isso, no cenário brasileiro, espera-se um número bem maior, devido à recentidade do uso do exame de DNA e de bancos de perfis genéticos para fins de investigações criminais em nosso país (MARIZ, 2016; BRASIL, 2012).

Em situação ideal e hipotética, todos os vestígios oriundos de crimes sexuais deveriam ser examinados e cadastrados em banco de perfis genéticos. Entretanto, devido às limitações de pessoal, de tempo e de insumos e às inúmeras solicitações de exames para casos fechados, em regra, os laboratórios forenses trabalham preferencialmente com esses casos, ficando os vestígios relacionados a crimes sem suspeitos armazenados indefinidamente nas unidades policiais (CAMPBELL et al, 2017a; STROM; HICKMAN, 2016; LOVRICH et al, 2004).

Com isso, nos últimos anos, essa situação de acúmulo de vestígios de crimes sexuais não tipados vem ficando em evidência no cenário nacional e internacional, já que levam a um atraso do processo judicial (VALENTINE et al, 2016). Assim, faz-se necessário buscas por soluções eficazes (SINGER et al, 2016; SPOHN, 2016; STROM; HICKMAN, 2016).

Com essa ideia, nos EUA, no ano de 2011, com investimentos do Instituto Nacional de Justiça (NIJ), estudos pioneiros de processamento em larga escala de vestígios de crimes sexuais foram desenvolvidos em Detroit, Houston, Cleveland e Los Angeles (WELLS, 2016). Ainda, no ano de 2013, liderado pela Agência Nacional de Investigação (FBI), implantou-se a “Iniciativa de *kits* de agressões sexuais” (SAKI) para que o passivo de vestígios de crimes sexuais fosse processado com o fornecimento de subsídios para as jurisdições (NIJ, 2018b; STROM; HICKMAN, 2016).

Além de fomento para realização de exames, dentro do SAKI, desenvolveu-se o programa SAFE-ITR (*Sexual Assault Forensic Evidence-Inventory, Tracking, and Reporting*), através do qual os estados que tenham interesse podem ser contemplados, anualmente, com subsídios pecuniários para um gerenciamento unificado de evidências relacionadas a crimes sexuais. Esse gerenciamento deve incluir a atualização do inventário, além de contemplar o conhecimento de quais SAKs ainda não foram analisados, de forma a entender a movimentação dos SAKs dentro do sistema de justiça criminal. No ano de 2017, o NIJ investiu aproximadamente 1,9 milhões de dólares neste programa (NIJ, 2018a; NIJ, 2018b). No mesmo ano, no Reino Unido, foram investidos aproximadamente 1,22 milhões de euros para aprimoramento e expansão de seu banco de perfis genéticos (HO-NPCC, 2018).

Segundo os estudos internacionais, além da escassez crônica de insumos, da falta servidores e da baixa indicação de suspeitos, outros motivos são apontados como causa da não

realização de análise genética de todos os vestígios de crimes sexuais: os agentes policiais ainda não enxergam o exame de DNA como necessário às investigações criminais e as evidências de DNA são geralmente solicitadas apenas como checagem nos processos judiciais e não como um recurso de investigação inicial (CAMPBELL et al, 2017a). No Brasil, ainda não há estudos desta natureza.

Em pesquisas nacionais dos EUA, Lovrich et al (2004); Strom; Hickman (2010), as forças policiais afirmaram não fazer o exame genético se:

- O suspeito já foi julgado ou já está para ser julgado (14% em 2004 e 24% em 2010);
- Não se tem a certeza da utilidade das evidências (6% em 2004; 17% em 2010);
- Não houver pedido específico dos promotores/juízes para testar os vestígios (9% em 2004; 15% em 2010);
- Não houver dúvida da autoria do fato (10% em 2004; 12% em 2010).

Outra questão pertinente e escassamente discutida é o tempo necessário para se realizar o Exame de DNA em amostras forenses e a própria logística de encaminhamento dos vestígios para os laboratórios. O fluxo temporal desse processo não consegue acompanhar a necessidade da rápida elucidação do fato para que os culpados sejam presos, corroborando assim para um acúmulo de vestígios de crimes sexuais sem processamento. Com essa situação, na maioria dos casos, as prisões de suspeitos ocorrem antes da realização da análise genética dos vestígios, sendo até o exame de DNA mais associado à identificação de agressões em série por meio do uso de bancos de perfis genéticos do que pelo confronto com suspeito na fase de investigação (CROSS et al, 2017).

Assim, dentro desse contexto, a escassez crônica de insumos, a não indicação de suspeitos e o desconhecimento acerca da potencialidade de uso do exame de DNA e de bancos de perfis genéticos são apontadas com os motivos mais impactantes para a não realização da análise laboratorial de vestígios de crimes sexuais (SHAW et al, 2016; WELLS, 2016; CAMPBELL et al, 2015a; PETERSON J. et al, 2012).

Ademais, esquecido entremeio a essa problemática de acúmulo de vestígios de crimes sexuais não tipados, deve-se sempre retomar o quanto o exame médico pericial que a vítima se dispõe a fazer é extremamente invasivo e traumatizante, sendo essa ação reflexo da sua esperança para que as provas sejam usadas para responsabilizar os culpados (KAYSER, 2017; CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2015a).

Os sistemas de investigações tendem a ser menos preocupados com os interesses e necessidades das vítimas (STROM; HICKMAN, 2016). Como exemplo disso, temos as histórias de destaque internacional das vítimas Debbie Smith e Natasha Simone Alexenco, as quais foram vítimas de estupro e por vivenciarem a problemática de seus SAKs terem demorado para serem analisados, criaram fundações de apoio às vítimas de violência sexual, além de incentivarem políticas para que todos os vestígios sexuais armazenados sejam processados e inseridos no banco de perfis genéticos dos EUA (HEART, 2013; NJP, 2011).

O caso Debbie Smith foi tão marcante que deu nome à lei norte-americana (2004 – *Debbie Smith Act – Justice for All*), a qual fornece subsídios aos estados de forma a fomentar que os vestígios armazenados sejam analisados para inserção no banco de perfis genéticos, assim como a coleta e análise de amostras de referência de criminosos (TELSAVAARA; ARRIGO, 2006), sendo que, no ano de 2015, diversas jurisdições receberam mais de 80 milhões de dólares para esta finalidade (WELLS, 2016).

Ambos os casos foram elucidados pelo banco de perfis genéticos americano. Entretanto, houve um grande lapso temporal entre as datas dos fatos e suas respectivas resoluções, devido ao armazenamento dos SAKs sem a realização do exame. O caso de Debbie Smith foi elucidado somente depois de seis anos e meio e o de Natasha Simone Alexenco, quatorze anos após a data do fato (REILLY, 2015; TELSAVAARA; ARRIGO, 2006).

Assim, com essa enorme demanda de vestígios armazenados sem a realização de exame genético e com a necessidade de retorno às vítimas, os agentes públicos devem definir como essas amostras devem ser processadas, sendo que estudos científicos que comprovem a eficiência na obtenção de resultados são de extrema importância para fomentar essas práticas (WANG; WEIN, 2018; SPOHN; TELLIS, 2014; ROMAN et al, 2009).

Nos EUA, desde o ano de 2010, o congresso aprovou aproximadamente \$131 milhões de dólares para subsidiar o processamento de SAKs, assim como para uma reforma multidisciplinar acerca do assunto, incluindo até a capacitação de profissionais, tudo dentro do programa intitulado de *Sexual Assault Kit Initiative* (SAKI). Para o orçamento de 2019 está previsto um adicional de \$ 45 milhões de dólares para todo o país. Todas essas conquistas de fomento foram em consequência da ação integrada da *Fundação Joyful Heart* (JHF) com o desenvolvimento de trabalhos científicos que demonstraram a necessidade e a eficiência de se processar todos os SAKs armazenados (JHF, 2018; NIJ, 2017).

Assim, na literatura, com destaque dos EUA, já há estudos que abordam o processamento de vestígios de violência sexual em larga escala para avaliar a taxa de obtenção de perfis genéticos para inserção em banco de dados, assim como, para avaliar a taxa de obtenção de coincidências genéticas e a identificação de agressões em série (CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2015b; BASHFORD, 2013; NELSON, 2013; PATTERSON; CAMPBELL, 2012; PETERSON J. et al, 2012). Esses estudos obtiveram resultados extraordinários com elevados número de coincidências observadas, aproximadamente 62% das amostras inseridas, elucidando assim investigações previamente não solucionadas (CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2015b; CAMPBELL et al, 2015c). Além disso, observaram que os testes forenses, ao longo do tempo, mantêm sua potencialidade de contribuir para a identificação de crimes adicionais de um mesmo agressor, o que corrobora os benefícios de um processamento rápido dos vestígios de violência sexual e consequentemente auxilia na prevenção da reincidência dos delitos (LOVELL et al, 2017; DOLEAC et al, 2016; ROMAN et al, 2009).

Nos EUA, apesar dos estudos já desenvolvidos e dos fomentos de políticas públicas, nota-se que ainda pouco se sabe acerca da não análise genética de SAKs com seu consequente *backlog*. Para melhor análise dessa casuística, segundo Campbell et al (2015a), estudos são necessários em três áreas chaves: primeiramente, é essencial avaliar o conhecimento dos responsáveis pela aplicação da lei acerca do exame de DNA no contexto de investigações de crimes sexuais; em segundo lugar, deve-se entender o processo de tomada de decisões para que um SAK seja analisado ou não e; finalmente, pesquisas futuras precisam considerar como fatores afetam as práticas de envio dos SAKs para os laboratórios forenses.

No Brasil, ainda não há estudos com essa abordagem, mas, em contrapartida, há uma demanda reprimida enorme de vestígios de crimes sexuais sem suspeitos armazenados para ser processada (MARIZ, 2016).

Além disso, associado à essa problemática de acúmulo de vestígios de crimes sexuais não tipados, surgem outras discussões acerca de como isso será resolvido, trazendo à tona a questão de priorização, já que, talvez, não haja recurso para processar todos os vestígios, os recentes e os armazenados. Nesse quadro, os órgãos periciais deverão definir como começar o processamento em larga escala dos vestígios mais antigos e decidir se certos casos serão priorizados de acordo com critérios pré-estabelecidos (STROM; HICKMAN, 2016; WELLS, 2016). Com isso, há uma grande necessidade de estudos que avaliem diferentes estratégias,

protocolos e planos de notificação das vítimas em relação aos vestígios de crimes sexuais não tipados (CAMPBELL et al, 2017b; CAMPBELL et al, 2015a).

Analisando as abordagens de enfrentamento à questão de *backlog* de vestígios de crimes sexuais dos estudos desenvolvidos nos EUA (CAMPBELL et al, 2016a; WELLS et al, 2016; CAMPBELL et al, 2015a; PETERSON J.L. et al, 2013; PETERSON J. et al, 2012) nota-se que, embora os resultados sejam unânimes acerca da eficiência do uso de banco de perfis genéticos, há diferença entre as conclusões obtidas acerca de qual seria a melhor estratégia a ser adotada. Alguns estudos, recomendam que todos os vestígios de crimes sexuais devam ser testados (CAMPBELL et al, 2016a). Já outros indicam priorizar o processamento de vestígios de crimes sexuais relacionados à histórico de agressor desconhecido, já que esses apresentaram maior obtenção de coincidências genéticas e, conseqüentemente, elucidação criminal (DONALD et al, 2012; PETERSON J. et al, 2012).

A diferença de conclusão dos estudos é atribuída à metodologia utilizada para mensuração. No estudo desenvolvido em Detroit (CAMPBELL et al, 2016b; CAMPBELL et al, 2015b), as análises foram baseadas na definição liberal de que SAKs de agressores estranhos e conhecidos têm a mesma probabilidade de gerarem equivalências genéticas (*hits*). Já no estudo de Los Angeles (PETERSON J. et al, 2012), a mensuração foi baseada nas apreensões, condenações e cobrança dos casos. Logo, nota-se que a escolha na forma de analisar os dados pode levar a conclusões distintas (WANG; WEIN, 2018).

Wang; Wein (2018) avaliaram, por meio de modelos matemáticos, as diferentes estratégias de enfrentamento de acúmulo de passivo de SAKs e observaram que a priorização de processamento de SAKs relacionados a casos em que o agressor é estranho à vítima, desconhecido, levou a uma pequena melhoria no desempenho de obtenção de *matches* (coincidências genéticas). Entretanto, mantendo uma base conservadora de cálculos, recomendaram que todos os SAKs sejam testados, mas que, de acordo com as limitações de recursos, políticas de priorização podem ser utilizadas, como antepor o processamento de SAKs de agressores estranhos, com histórico de uso de armas, sem suspeito identificado e que, no geral, podem ser analisados mais facilmente, situação essa que se encaixa os SAKs de vestígios com presença de esperma (WANG; WEIN, 2018; WELLS, 2016).

Entretanto, para que a aplicação de sistemas de priorização seja viável, basicamente três fatores devem ser considerados: a necessidade de acesso a informações, a conscientização de que se terá um real aumento de demanda de trabalho e a consideração de que todo processo é um sistema de resposta amplo, ou seja, que não envolve apenas as análises laboratoriais. A

questão de busca e acesso a informações está diretamente relacionado ao aumento da demanda de trabalho, já que a reanálise documental do caso com categorização (idade da vítima, histórico do caso, relação vítima-agressor, entre outros) é laboriosa e nem sempre disponível, podendo requerer até a reconvocação da vítima (WELLS, 2016; NIJ, 2015).

Apesar de todas essas análises acerca das causas do acúmulo de vestígios sexuais não tipados e de estratégias de solução, os estudos demonstram que essa problemática não é de responsabilidade exclusiva dos laboratórios forenses, mas é sim um problema multifacetado que requer a atuação integrada entre policiais, agentes judiciários e profissionais de saúde, devendo as parcerias colaborativas serem reforçadas e sistematizadas (WELLS, 2016). Nos EUA, o programa *sexual assault nurse examiner* (SANE) é um exemplo dessa sistematização, em que enfermeiras do serviço de saúde são capacitadas para atender casos de violência sexual. A criação desse programa está sendo essencial para minimizar a problemática de SAKs, sendo que estudos já avaliaram e evidenciaram que esse programa já aumentou a taxa de investigação de crimes sexuais (NIELSON et al, 2015; PATTERSON; CAMPBELL, 2012).

Considerando a atuação da perícia criminal dentro deste cenário, o uso de banco de perfis genéticos surge como uma excelente ferramenta para contornar a situação, pois, além de elucidar casos sem suspeitos, é um método investigativo altamente econômico e eficiente ao decorrer do tempo (WANG; WEIN, 2018; DOLEAC, 2016; DOLEAC et al, 2016; SINGER et al, 2016; DOLEAC, 2011).

Além disso, os crimes sexuais apresentam uma característica marcante que vai ao encontro da capacidade dos bancos de perfis genéticos em realizar cruzamento de dados: a reincidência; já que os agressores costumam cometer o mesmo crime ou similar contra múltiplas vítimas (ALBUQUERQUE et al, 2008), sendo assim também os casos mais frequentemente citados para demonstrar a utilidade e eficácia dos bancos de perfis genéticos (SCHIOCCHET, 2012). Com isso, nota-se que o uso de banco de dados de perfis genéticos tornou-se uma das ferramentas mais eficiente dentro das políticas de enfrentamento de crimes sexuais (NIJ, 2018a; RIBPG, 2018c; WANG; WEIN, 2018; SCHIOCCHET, 2012).

2.5 Bancos de perfis genéticos

2.5.1 Conceitos e histórico

O uso de bancos de dados genéticos vem dando destaque à perícia criminal dentro do cenário jurídico (MOTA; FINOTTI, 2018; GRAZINOLI; LEAL, 2015). No âmbito

internacional, há cerca de vinte anos bancos de perfis genéticos já são utilizados para persecução penal, atualmente por mais de sessenta países, sendo que os países pioneiros foram o Reino Unido e EUA (GRAZINOLI; LEAL, 2015; INTERPOL, 2009).

Os bancos de dados de DNA judiciais podem ser subclassificados em criminal e civil. Os criminais têm como propósito a elucidação de delitos e o civil a identificação de pessoas desaparecidas ou de restos mortais não identificados. Em alguns países, esses bancos são utilizados de forma totalmente independente (como na Espanha) e em outros países eles são autônomos, mas interligados, como nos EUA e no Brasil e, mais recentemente, no Canadá (RCMP, 2018; BRASIL, 2013a; BRASIL, 2012; INTERPOL, 2009).

No geral, os bancos de dados de DNA criminal armazenam tanto perfis genéticos obtidos de vestígios coletados da cena do crime, quanto de pessoas (condenados, suspeitos, etc.), segundo os critérios determinados pela legislação de cada país (BUCKLETON et al, 2016; RODRIGUES et al, 2016; CASABONA, 2002). Com o confronto entre esses perfis é possível relacionar suspeitos a cenas de crimes, sendo então os bancos de perfis genéticos criminais um meio eficaz para identificar crimes em série e criminosos reincidentes, o que é muito comum nos crimes sexuais (RODRIGUES et al, 2016).

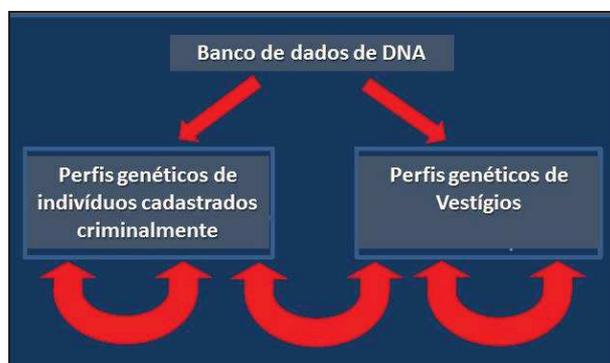


Figura 1. Representação diagramática dos confrontos realizados em um banco de dados de DNA criminal. Adaptada de <https://www.interpol.int/INTERPOL-expertise/Forensics/DNA>. Acesso em: 15/10/2018

Dessa forma, o objetivo primordial da utilização de um banco de perfis genéticos com finalidade criminal é justamente elucidar crimes sem suspeitos, pois ele permite a comparação entre vestígios para averiguar se são provenientes de um mesmo agressor, além de permitir a identificação de autoria se houver perfis de agressores inseridos, permitindo, assim, a detecção de similaridade genética entre as amostras, fato este denominado de coincidência genética, *match* ou *hit* (ANSELMO; JACQUES, 2012).

A coincidência entre vestígios é denominada *forensic hit* e a coincidência entre vestígios e indivíduos cadastrados criminalmente é denominada *offender hit*. A coincidência

do tipo *offender hit* permite a identificação de autoria de forma direta. Já a coincidência do tipo *forensic hit* permite tanto a identificação de agressão em série como também a identificação de autoria indireta. Esta ocorre quando um dos vestígios envolvidos na coincidência deu inclusão de suspeito antes de sua inserção no banco de perfis genéticos. Com base nessas associações genéticas identificadas, as delegacias locais ou interestaduais podem coordenar suas investigações (RIBPG, 2017; MAPES et al, 2015).

Assim, por sua habilidade de identificar reincidências e por armazenar perfis genéticos de delituosos, o uso de banco de dados de DNA tem sido denominado como instrumento de “policiamento genético”, pois tem a capacidade de prevenir a ocorrência de novos crimes. Segundo estudiosos do Direito, essa atuação não fere os direitos fundamentais dos indivíduos cadastrados criminalmente, já que se trata de identificação por DNA em consequência das infrações por eles já cometidas (DOLEAC et al, 2016; PESSOA; GARRIDO, 2012).

No banco de dados criminal do Reino Unido, além dessa pesquisa direta de confronto entre os perfis genéticos de criminosos e de vestígios, também é adotada, desde 2002, a pesquisa familiar. Ela é utilizada quando não se obteve uma coincidência completa, buscando-se assim possível vínculo biológico com as pessoas que já se encontram cadastradas no banco. Essa pesquisa pode produzir uma lista de possíveis parentes do infrator, sendo que diligências e investigações, por conseguinte, sempre serão necessárias (HO-NPCC, 2018; WALLACE, 2006).

Para a busca familiar, a polícia usa outras informações, como idade e geografia, para refinar a lista. Devido ao custo e à equipe necessária para realizar os desdobramentos de diligências, esse tipo de busca vem sendo utilizado apenas para os crimes mais graves, sendo necessário a prévia autorização do conselho estratégico do Serviço de Banco de Dados de Informações Forenses (*Forensic Information Database Service – FINDS*). Como reflexo desse recurso ser utilizado de forma pontual, no ano de 2016/2017, foram realizadas apenas 22 buscas familiares no banco de dados criminal do Reino Unido. Esse tipo de busca ainda é vetada em nível federal nos EUA, mas já é utilizada em alguns de seus estados, devido à autonomia legislativa. No Brasil, essa busca também não é permitida (RIBPG, 2017; BRASIL, 2012; WALLACE, 2006).

A primeira legislação que autorizou o armazenamento de perfis genéticos de condenados foi no ano de 1989, na Virgínia. Nos primeiros anos, os bancos de perfis genéticos eram compostos por tipagem de marcadores VNTR e usados de forma *ad hoc*. Devido às limitações de uso desses marcadores, no início da década de 90, os pilotos de bancos de perfis genéticos já começaram a trabalhar com a tecnologia de STR, a qual é

amplamente utilizada até os dias atuais (RIBPG, 2017; BUCKLETON et al, 2016; AGUIAR et al, 2014; AGUIAR et al, 2012; BUTLER, 2010). Esses tipos de marcadores genéticos são recomendados pela Comissão Internacional de Genética Forense (ISFG) para identificação humana em casos criminais, testes de paternidade, mapeamento de genes e estudos populacionais, devido às suas características de heterozigose elevada, abundância de *loci* no genoma humano e neutralidade seletiva (PARSON et al, 2016; BUTLER, 2010).

No ano de 1992, o Instituto de Patologia das Forças Armadas dos EUA constituiu um banco de perfis genéticos para auxiliar na identificação de soldados perdidos em ações, o qual mostrou grande eficiência nas buscas consequentes da operação Tempestade no Deserto (1991). Devido à essa experiência, eles contribuíram bastante para o desenvolvimento de bancos de dados forenses (SIEGEL et al, 2013; SCHIOCCHET, 2012).

No Reino Unido, o banco de perfis genéticos foi criado no ano de 1994, sendo denominado de *UK National DNA Database* (NDNAD) (WALLACE, 2006). No mesmo ano, nos EUA, o FBI estabeleceu o *National DNA Index System* (NDIS) e em 1998 lançou o programa CODIS (*Combined DNA Index System*) que funciona como uma plataforma para comparação de perfis genéticos (BUTLER, 2010).

O *software* CODIS, apesar de ser desenvolvido para uso no EUA, já é utilizado por mais de 60 países, dentre eles o Brasil. Entretanto, outros países possuem suas próprias tecnologias de programação para o gerenciamento de perfis genéticos como, por exemplo, o programa *CrimTrac*, utilizado pela Austrália (MOTA; FINOTTI, 2018; GRAZINOLI; LEAL, 2015; BONACCORSO, 2010). Apesar da diferença dos tipos de plataformas utilizadas, no geral, todos os *softwares* trabalham com bases de dados de marcadores STR, autossômicos e sexuais e de perfis de DNA mitocondrial (RODRIGUES et al, 2016).

Apesar do Reino Unido ter sido o primeiro país a utilizar banco de dados de DNA com a finalidade criminal, são os EUA que se apresentam como destaque internacional (FBI, 2018a; BONACCORSO, 2010). O banco nacional de dados de perfis genéticos dos EUA, o NDIS, interliga todos os perfis genéticos cadastrados no CODIS pelos laboratórios em nível local (*Local DNA Index System* – LDIS), estadual (*State DNA Index System* – SDIS) e nacional (NDIS). O FBI também é responsável pelo processamento de amostras do sistema penal federal com cadastramento de perfis genéticos, logo eles atuam tanto como um SDIS como gerenciador do NDIS (Figura 2).

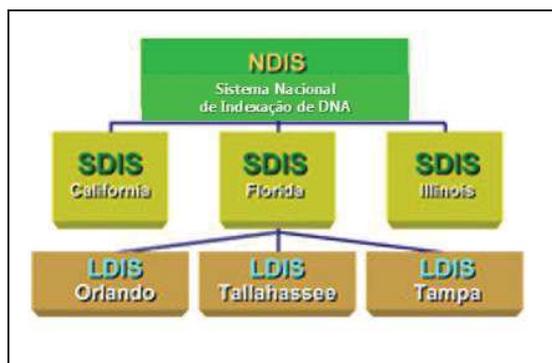


Figura 2. Representação diagramática do sistema CODIS nos EUA.
Adaptada de: <https://projects.nfstc.org/otc/module9/9.1.003.htm>. Acesso em 15/10/2018

Nos EUA, cada estado é responsável pelas suas normas de cadastramento de perfis genéticos, havendo diferenças entre as mesmas. Entretanto, para submissão ao NDIS, deve-se seguir as normas expedidas pelo próprio NDIS por meio de seu Conselho de Administração, logo, alguns perfis genéticos ficam cadastrados unicamente nos LDIS e SDIS (RODRIGUES et al, 2016; BONACCORSO, 2010).

Essas discrepâncias estão principalmente relacionadas à inserção de perfis genéticos de suspeitos, sendo que cada estado adota um nível de rigor e exigência, uns mais rigorosos e outros bem flexíveis. Em alguns estados, qualquer condenado ou suspeito preso por uma ofensa qualificada é submetido à coleta de AR para inserção no banco de dados, enquanto que, em outros estados, apenas com a condenação que se realiza a coleta (SCHIOCCHET, 2012). Em relação à coleta de amostras de suspeitos, a legislação do Reino Unido é ainda mais flexível, já que qualquer pessoa suspeita de participação em algum crime pode ser submetida ao processo de identificação por DNA (HO-NPCC, 2018).

Desde suas criações, o NDIS e o NDNAD já passaram por vários processos de expansões em consequências de mudanças legais como, por exemplo, o fomento de coleta, de processamento de amostras de referência de condenados e o processamento de *backlogs* de vestígios, sendo os de crimes sexuais geralmente os primeiros a serem abordados (WELLS, 2016; TELSVAARA; ARRIGO, 2006; WALLACE, 2006; HO-NPCC, 2005)

Entre os anos de 2005 a 2017, ou seja, em doze anos, o banco nacional de perfis genéticos dos EUA (NDIS) foi alimentado com mais de 376.000 perfis genéticos de vestígios e mais de 2,95 milhões de criminosos cadastrados, tendo obtido mais de 192.000 *hits* (NIJ, 2018a). Até setembro de 2018, o NDIS continha mais de dezesseis milhões de indivíduos cadastrados criminalmente (16.809.115) e mais de oitocentos mil (887.807) perfis genéticos

de vestígios, sendo que mais de quatrocentos mil investigações (424.268) foram auxiliadas através de 435.887 *hits* (FBI, 2018b).

Já o banco nacional de perfis genéticos do Reino Unido (NDNAD), em seu último relatório anual (2016/2017), relatou 32.236 *matches*, incluindo a elucidação de 636 homicídios e 753 estupros, sendo que de todos os perfis genéticos de vestígios inseridos, 66% deles resultaram em associações genéticas (*matches* ou *hits*) (HO-NPCC, 2018). Ainda, demonstrando uma visão mais ampla com maior lapso temporal, segundo o NPCC (2018), entre abril de 2001 e março de 2017, foram obtidos 643.149 *hits* para elucidação de crimes.

Até o final de março de 2017, o banco nacional de perfis genéticos do Reino Unido (NDNAD) possuía mais de seis milhões de perfis genéticos de indivíduos cadastrados criminalmente (6.024.032) e aproximadamente seiscentos mil perfis genéticos de vestígios coletados de cenas de crime (555.362). O NDNAD é tão amplo que aproximadamente 12,7% dos perfis genéticos de indivíduos estão duplicados por terem sido presos mais de uma vez. Com isso, estima-se que 5.258.600 indivíduos realmente estejam cadastrados (HO-NPCC, 2018).

Os bancos de perfis genéticos dos EUA e do Reino Unido já se mostram bem consolidados, devido ao tempo de existência (mais de 20 anos) e devido à grande magnitude de perfis genéticos já cadastrados, tanto de criminosos quanto de vestígios (FBI, 2018b; HO-NPCC, 2018). O NDNAD é a maior base criminal de DNA do mundo, sendo que, em meados de 2005, já continha aproximadamente 10% da população do Reino Unido, enquanto o NDIS continha 0,5% da população dos EUA (HO-NPCC, 2005). Entretanto, nesses bancos, nota-se uma superioridade de cadastro de perfis genéticos de criminosos em relação a vestígios, sendo nesses países a problemática de *backlogs* ainda persistente (FBI, 2018b; FBI, 2018a; HO-NPCC, 2018; NIJ, 2018a; WALLACE, 2006).

Ao mesmo tempo, em concordância com esse estágio avanço de consolidação, esses bancos são atualmente mais alimentados com vestígios de menor potencial ofensivo geralmente associado a roubos, furtos e danos sem ocorrência de morte, com uma taxa de aproximadamente 66%, enquanto os crimes mais graves (como homicídio e estupros) foram, primeiramente, os mais contemplados com a elucidação por meio do uso dos bancos de dados (HO-NPCC, 2018; RCMP, 2018; SCHIOCCHET, 2012). E como nesses países se tem uma real punição dos crimes cometidos, os autores são detidos e inibidos de cair em reincidência (DOLEAC et al, 2016).

Dessa forma, onde se tem uma legislação penal rigorosa e uma real punição de transgressores, espera-se que com a ferramenta de bancos de perfis genéticos, os meliantes

sejam capturados no início de sua carreira delituosa, evitando que cometam transgressões mais graves (RCMP, 2018; DOLEAC et al, 2016), tanto que, no último relatório do banco nacional de perfis genéticos do Reino Unido (NDNAD), aproximadamente 65% (20.304 de 31.743) dos *matches* obtidos estavam relacionados a roubo, roubo de veículo e dano criminoso (HO-NPCC, 2018).

Outro exemplo de banco de dados de DNA criminal no contexto internacional é o do Canadá, o *National DNA Data Bank* (NDDDB), o qual também utiliza como plataforma o *software* CODIS. Ele foi criado no ano de 2000 e desde sua implantação já auxiliou 55.275 investigações e apresentava, até março de 2018, 365.565 perfis genéticos de indivíduos cadastrados criminalmente e 143.963 perfis genéticos de vestígios. Inicialmente o NDDDB dispunha apenas de dois índices: CSI (*Crime Scene Index*) e COI (*Convicted Offenders Index*). Em março de 2018, criou-se o índice para investigação de pessoas desaparecidas (*National Missing Persons DNA Program*) e também os índices de vítimas e de voluntários (RCMP, 2018).

No Canadá, em relação à coleta de amostra referência de criminosos, inicialmente aplicava-se apenas aos condenados de delitos primários e secundários conforme categorização da legislação canadense, sendo que, ambas as classes englobavam ofensas com violência, apesar de os primários serem mais graves. Em 2008, o sistema jurídico canadense autorizou a coleta em condenados por crimes menos graves, expandindo a lista de crimes designados como delitos secundários, como crimes relacionados a drogas ilícitas, ameaça, roubo, etc. Com essa expansão, eles observaram um aumento significativo na elucidação de crimes sexuais e homicídios (RCMP, 2018).

Com a grande expansão do uso de bancos de dados de perfis genéticos por diversos países, a Organização Internacional de Polícia Criminal (Interpol), desde o ano de 2002, dispõe a possibilidade de interligação entre essas diferentes plataformas com a realização de três tipos de buscas: entre amostras de referência, entre vestígios e entre vestígios e amostras de referência (INTERPOL, 2017; RODRIGUES et al, 2016). Para buscas nessa rede internacional, o país deve ser um estado membro da Interpol com assinatura de termo de cooperação, sendo que, em dezembro de 2017, mais de 84 países já são estados membros, dentre eles o Brasil (INTERPOL, 2017). As buscas internacionais são realizadas através de requerimento com posterior retorno da pesquisa a todos os estados membros envolvidos nas coincidências genéticas identificadas (RIBPG, 2018c; INTERPOL, 2017).

2.5.2 Banco de dados genéticos no Brasil

No Brasil, o uso de banco de perfis genéticos com a finalidade criminal é recente quando comparado ao contexto internacional. Somente no ano de 2012, após muitos anos de discussão, que se tornou realidade (GRAZINOLI; LEAL, 2015; BRASIL, 2012; BUTLER, 2010; BRASIL, 2009e).

Acompanhando as tendências internacionais e baseado nas estatísticas de resolução de crimes em países como Inglaterra e EUA, o governo brasileiro promulgou a Lei n.º 12.654/2012, a qual faculta a identificação de criminosos por meio de tipagem genética, inclusive de forma não consentida (RIBPG, 2018b; BRASIL, 2012; PESSOA; GARRIDO, 2012).

O primeiro laboratório de DNA forense do Brasil foi inaugurado no ano de 1995, em Brasília. Em seguida, mais laboratórios foram implantados, sendo que, desde o ano de 2004, com a atuação fomentadora da Secretaria Nacional de Segurança Pública (SENASP), houve um importante incremento no número de laboratórios de genética forense vinculados à perícia oficial (RODRIGUES et al, 2016).

Em maio de 2009, o FBI e a Polícia Federal brasileira firmaram a “*Letter of Agreement*”, um convênio gratuito de compartilhamento do software CODIS como plataforma de dados genéticos para o Brasil. Além disso, os estados também assinaram acordos de cooperação técnica com responsabilidades partilhadas entre os governos estaduais e federal para viabilizar o compartilhamento de dados. Entretanto, devido à ausência de normativa legal, entre os anos de 2010 e 2012, só era possível alimentar o banco com perfis genéticos obtidos de amostras questionadas, principalmente aquelas relacionadas a casos de crimes sexuais e de identificação humana (MOTA; FINOTTI, 2018; RODRIGUES et al, 2016; ANSELMO; JACQUES, 2012; BRASIL, 2009e).

Entretanto, com a promulgação da lei n.º 12.654/2012, a inserção de perfis genéticos de amostras de referência de criminosos foi admitida. Isso porque, além de dar realidade à existência de banco de perfis genéticos para fins de persecução penal, ela alterou dispositivos das leis de identificação criminal e de execuções penais. Ela prevê que, obrigatoriamente, sejam submetidos à identificação de perfil genético, mediante extração de DNA, por meio de técnica adequada e indolor, todos aqueles condenados por crime praticado, dolosamente, com violência de natureza grave contra pessoa, ou por qualquer dos crimes denominados hediondos, dentre os quais está elencado o crime de estupro (BRASIL, 2012; BRASIL, 2009a; BRASIL, 1990). A lei ainda salienta que as informações armazenadas nos bancos de

dados são sigilosas e sem revelação de traços somáticos ou comportamentais das pessoas, exceto a determinação genética de sexo (BRASIL 2012).

Embora tenha sido promulgada no ano de 2012, a lei n.º 12.654 foi regulamentada apenas em 2013, pelo decreto n.º 7.950, o qual instituiu o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG), a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG) e o Comitê Gestor da RIBPG (BRASIL, 2013a).

O BNPG encontra-se no âmbito do Ministério da Justiça sob administração de Perito Criminal Federal habilitado e com experiência na área de genética, por designação do Ministro da Justiça. O BNPG constitui o elo entre todos os laboratórios que constituem a RIBPG e seu administrador acumula a função de coordenação do Comitê Gestor, colegiado este responsável pela normatização e padronização da operacionalidade dos bancos de perfis genéticos integrantes da rede através de resoluções no que tange os procedimentos técnicos, requisitos para auditorias e medidas de segurança para garantir a sigilidade dos dados (BRASIL, 2013a).

Até maio de 2018, a RIBPG era composta por dezoito laboratórios estaduais, dentre os quais encontra-se o Estado de Goiás, um laboratório distrital e um da Polícia Federal (RIBPG, 2018c) (Figura 3).

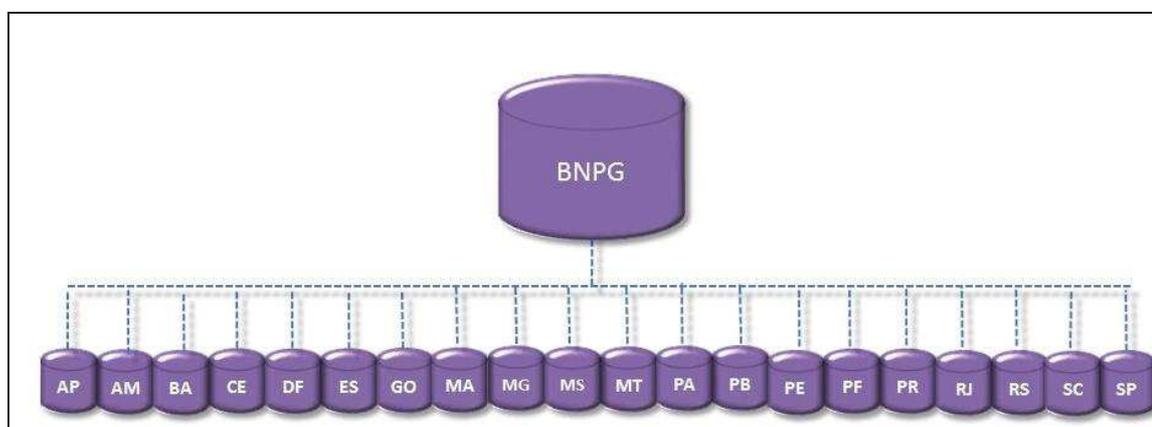


Figura 3. Representação diagramática da RIBPG.

Adaptada. Fonte: Figura obtida de uma palestra apresentada sobre a Implantação do CODIS no Brasil, ministrada por Paulo Roberto Fagundes, Perito Criminal da Polícia Federal, no Instituto Nacional de Criminalística, Brasília/DF, em maio de 2010.

Ela tem como objetivo propiciar o intercâmbio de perfis genéticos de interesse da justiça obtidos nos laboratórios de perícia oficial brasileiros e destina-se a subsidiar a apuração criminal e a identificação de pessoas desaparecidas (BRASIL, 2013a; BRASIL, 2012).

Os bancos de perfis genéticos da RIBPG englobam diversas categorias de amostras biológicas relacionadas a casos criminais: vestígios (*Forensic unknow*, *forensic partial* e *forensic mixture*), condenados (*Convicted Offender*), identificados criminalmente (*Suspect*, *Known*) e decisão judicial (*Legal*) (RIBPG, 2017).

Segundo as definições do Comitê Gestor abordadas na versão 3 do Manual de Procedimentos Operacionais da RIBPG, vestígios (*Forensic unknow*, *forensic partial* e *forensic mixture*) são amostras biológicas coletadas de locais de crime ou de corpos de vítimas que contém material genético atribuível ao autor do delito (RIBPG, 2017). Para cadastramento no banco, avalia-se se os perfis genéticos obtidos a partir desses vestígios são elegíveis, devendo atender padrões de qualidade e garantias de que um crime de fato foi cometido (Figura 4) (RIBPG, 2017; GRAZINOLI; LEAL, 2015).

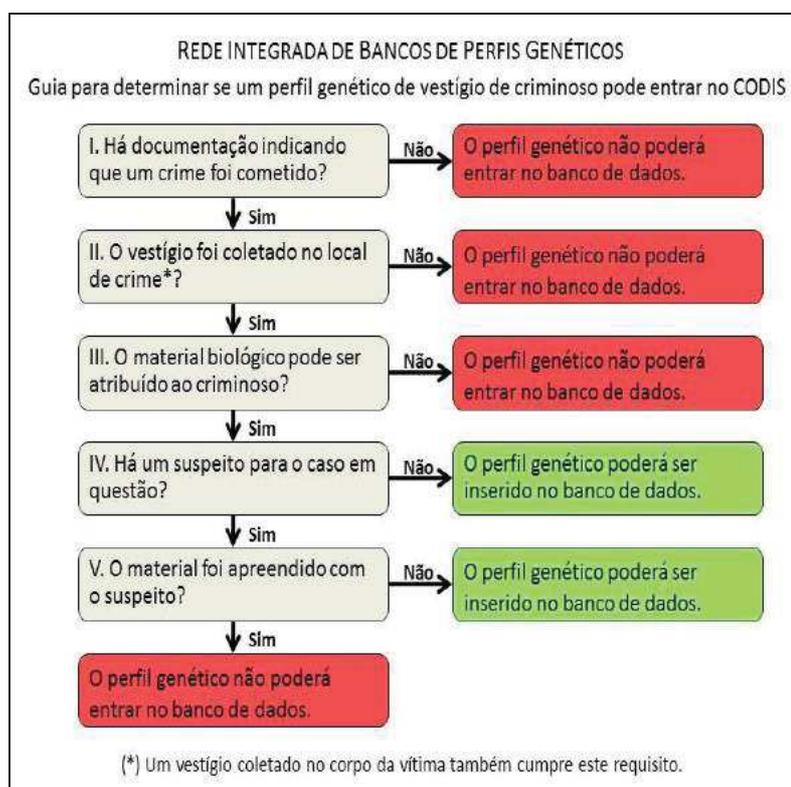


Figura 4. Critérios para inserção de perfis genéticos preconizados pela RIBPG (RIBPG, 2017).

Condenados (*Convicted Offender*) são as amostras biológicas coletadas de indivíduos condenados pelos crimes previstos na Lei n.º 12.654/2012, sendo eles os crimes hediondos (lei 8.072/ 1990), dentre os quais se encontram o crime de estupro e estupro de vulnerável, e crimes dolosos com violência de natureza grave contra a pessoa (RIBPG, 2017; BRASIL, 2012; BRASIL, 1990).

Já identificados criminalmente (*Suspect, Known*) são amostras biológicas coletadas de indivíduos não condenados, por ocasião da realização de identificação criminal por meio de tipagem genética. Conforme a lei n. 12.037/2009 (Lei de Identificação Criminal), a identificação criminal por meio de exame de DNA pode ser realizada nas situações em que se julgar essencial às investigações criminais, podendo ser determinada de ofício pela autoridade judiciária competente ou mediante representação da autoridade policial, do ministério público ou da defesa (RIBPG, 2017; BRASIL, 2012; BRASIL, 2009a).

E por fim, decisão judicial (*Legal*) refere-se a amostras biológicas coletadas por ordem judicial em situações nas quais a pessoa relacionada não se enquadra nas categorias de condenados nem de identificados criminalmente (RIBPG, 2017). Geralmente, envolvem os casos de condenados por crimes não previstos na lei n.º 12654/2012 e situações em que a autoridade policial, federal ou estadual, pode requerer ao juiz competente, no caso de inquérito instaurado, o acesso ao banco de dados de identificação de perfil genético (BRASIL, 2012; BRASIL, 2009a).

As categorias de condenados (*Convicted Offender*), identificados criminalmente (*Suspect, Known*) e decisão judicial (*Legal*), apesar de suas diferenças jurídicas de motivação para a identificação por DNA, são todas realizadas sem consentimento do indivíduo e podem ser aglutinadas conceitualmente como indivíduos cadastrados criminalmente (RIBPG, 2018c; RIBPG, 2017; BRASIL, 2012).

A inserção dos dados relativos aos perfis genéticos é feita no *software* CODIS (Washington, EUA) com o uso de marcadores genéticos polimórficos do tipo STR (RIBPG, 2017; AGUIAR et al, 2014; AGUIAR et al, 2012). Em concordância com as recomendações internacionais, para que as buscas forneçam resultados conclusivos, a RIBPG exige para vestígios a genotipagem de um número mínimo de nove entre os treze marcadores CODIS (CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51 e D21S11), sendo os marcadores CODIS classificados como requeridos. Entretanto, outros marcadores também podem ser utilizados, sendo denominados de marcadores genéticos aceitos (D2S1338, D19S433, Penta D, Penta E, D10S1248, D22S1045, D1S1656, D12S391, D2S441 e marcadores do cromossomo Y) Já para amostras de referência de indivíduos cadastrados criminalmente, mesmo com a tipagem de marcadores genéticos aceitos, é exigida a genotipagem de todos marcadores CODIS (RIBPG, 2017; RIBPG, 2014).

Devido à diferença de tempo de vigência do uso de banco de perfis genéticos e ao desnivelamento da legislação em relação a outros países, o banco de perfis genéticos criminal brasileiro (BNPG) apresenta baixa magnitude em relação ao número de perfis genéticos

cadastrados e, conseqüentemente, baixa magnitude na obtenção de elucidação criminal por meio de coincidências genéticas identificadas (MOTA; FINOTTI, 2018) (Tabela 1).

Apesar da legislação brasileira ser branda quando comparada com a dos EUA e do Reino Unido e por ter apenas seis anos de vigência, bons resultados já foram alcançados (RIBPG, 2018c; BRASIL, 2012). Em seu relatório de maio de 2018 (RIBPG, 2018), o BNPG apresentou 511 coincidências confirmadas, auxiliando 561 investigações e já contava com 6805 perfis genéticos de vestígios e 3634 perfis genéticos referentes a indivíduos cadastrados criminalmente (Tabela 1). Dentro deste contexto, o Estado de Goiás contribuiu com 51 coincidências, auxiliando 46 investigações (RIBPG, 2018c).

Tabela 1. Comparação entre bancos de dados de perfis genéticos criminais.

País	N.º total perfis genéticos cadastrados	N.º perfis genéticos de criminosos cadastrados	N.º perfis genéticos de vestígios cadastrados	N.º total matches	N.º investigações auxiliadas
Brasil (BNPG)	10.439	3.634	6.805	511	561
Reino Unido (NDNAD)	6.579.394	6.024.032	555.362	643.149	-----
EUA (NDIS)	17.233.383	16.809.115	887.807	435.887	424.268
Canadá (NDDDB)	509.528	365.565	143.963	69.738	55.275

Tabela confeccionada com bases nos relatórios emitidos pelos respectivos bancos de dados (FBI, 2018b; HO-NPCC, 2018; RCMP, 2018; RIBPG, 2018c).

Assim, uma grande caminhada está por vir para se otimizar o uso desta ferramenta no Brasil, sendo imprescindível ampliar o cadastro de perfis genéticos. Logo, para ser útil na elucidação criminal, a RIBPG depende da inserção de perfis genéticos dos vestígios deixadas pelos infratores nos locais de crime, assim como de indivíduos cadastrados criminalmente (MSP, 2018a; RIBPG, 2017; BRASIL, 2012).

2.5.3 Custo-benefício do uso de bancos de dados genéticos

Por fornecer informações técnicas que podem orientar as investigações policiais, os bancos de dados de DNA são vistos como uma ferramenta de inteligência, podendo então serem utilizados como estratégias de policiamento, tanto retroativo, penalizando culpados de crimes cometidos, assim como proativo, por evitar que novos delitos ocorram. Essa atuação de proatividade é o novo papel da genética forense, que antes era utilizada apenas para confirmar ou eliminar indícios de autoria (BUTLER, 2015). Logo, os bancos de perfis genéticos são uma ferramenta importante e efetiva para a elucidação de crimes e para a

redução da criminalidade, já que possibilitam que o criminoso seja detido antes que faça novas vítimas (MOTA et al, 2016).

Assim, devido aos bons resultados já alcançados, o uso de banco de perfis genéticos é altamente defendido e fomentado (GRAZINOLI; LEAL, 2015). Estudos já até mensuram o quanto seu uso é mais viável economicamente do que outras abordagens de política criminal (WANG; WEIN, 2018; DOLEAC, 2016; DOLEAC et al, 2016; SINGER et al, 2016; DOLEAC, 2011; RITTER, 2008). A economista Jeniffer Doleac, da Universidade da Virgínia (EUA), em publicação recente, mostrou que o custo estimado para se evitar um crime grave utilizando a estratégia de uso de bancos de perfis genéticos é de 555 dólares, enquanto que, para atingir o mesmo fim por meio de contratação de policiais e aumento da pena, esse valor é de aproximadamente 62 mil e 7,6 mil dólares, respectivamente (DOLEAC, 2016).

Além disso, com o uso de bancos de perfis genéticos, os dados demonstram que os infratores cadastrados tendem a reduzir sua taxa de criminalidade, mostrando a atuação de prevenção de crimes, ou seja, o cadastramento de um indivíduo em bancos de perfis genéticos reflete positivamente em seu comportamento delitivo (DOLEAC, 2016; DOLEAC et al, 2016; SINGER et al, 2016; DOLEAC, 2011).

Com o enfoque de uso para investigações de crimes sexuais, estimativas bem conservadoras mostram que custos futuros podem ser evitados com uso de banco de perfis genéticos (WANG; WEIN, 2018; SINGER et al, 2016). Um exemplo do vantajoso custo-benefício dessa ferramenta foi observado no condado de Cuyahoga, Ohio, onde as autoridades testaram mais de 4.000 SAKs, o que permitiu que criminosos em série fossem retirados das ruas, futuros crimes foram evitados, economizando ao condado aproximadamente 38 milhões de dólares (JHF, 2018).

2.6 Bancos de perfis genéticos na elucidação de crimes sexuais

O processamento de vestígios de crimes sexuais com tipagem genética associado ao uso de bancos de perfis genéticos pode ser extraordinariamente útil para a justiça (CAMPBELL et al, 2016a; WELLS et al, 2016). Campbell et al (2015a) resumem as aplicabilidades dessa estratégia em quatro vertentes primárias: identificação de infratores em crimes anteriormente não resolvidos, confirmação da identidade de um criminoso conhecido, descoberta de criminosos sexuais em série e exoneração daqueles injustamente acusados.

Dessa forma, quando os vestígios de crimes sexuais não são analisados, agressores sexuais deixam de ser identificados e, conseqüentemente deixam de ser apreendidos, problemática esta grave para a segurança pública, tanto que autores nomeiam essa questão de

acúmulo de vestígios de crimes sexuais não tipados de “justiça negada” (*justice denied*), sendo o uso de banco de perfis genéticos uma excelente ferramenta para reverter essa situação (VALENTINE et al, 2016; PATTERSON; CAMPBELL, 2012).

Entretanto, para a realização da análise de vestígios de crimes sexuais em larga escala, fomentos de políticas públicas são necessários, mas não são simples de serem obtidos, pois para isso é essencial que estudos avaliem a real eficiência do processamento em larga escala de vestígios de crimes sexuais associado ao uso de bancos de perfis genéticos, antes dessa tomada de decisão (SPOHN; TELLIS, 2014).

Nesse contexto, os países pioneiros no uso de bancos de perfis genéticos, já desenvolveram e ainda desenvolvem diversos estudos acerca dessa temática (WANG; WEIN, 2018; CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2016b; SPOHN, 2016; VALENTINE et al, 2016; WELLS et al, 2016). E devido à característica marcante de reincidência, os crimes sexuais geralmente são os primeiros a serem desbravados pelo uso de banco de perfis genéticos (MOTA; FINOTTI, 2018; SCHIOCCHET, 2012; ALBUQUERQUE et al, 2008).

Esses estudos obtiveram altas taxas de obtenção de coincidências genéticas e de identificação de agressões em série, elucidando investigações previamente não solucionadas (CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2015b; BASHFORD, 2013; NELSON, 2013; PATTERSON; CAMPBELL, 2012; PETERSON J. et al, 2012).

Além disso, estudos apontam que o processamento de *backlog* de vestígios sexuais é rentável (SINGER et al, 2016). Estimativas bem conservadoras realizadas por esses estudiosos mostram que gastar 1641 dólares para testar um SAK evita, em média, o gasto de 133.484 dólares em custos futuros relacionados à crimes sexuais (WANG; WEIN, 2018; SINGER et al, 2016).

No Brasil, estudos com essas abordagens de processamento de casos antigos armazenados (*cold cases*) são extremamente incipientes, além da inexistência de estudos que avaliam os motivos da não realização do Exame de DNA para estes casos (MARION, 2017; FERREIRA et al, 2015). Todavia e em contrapartida, tem-se uma enorme demanda reprimida de vestígios de crimes sexuais armazenados (MARIZ, 2016). Além disso, devido à recentidade da implantação da RIBPG em nosso país, estudos são necessários para avaliar seu poder de elucidação criminal, de forma a subsidiar as políticas públicas na área de segurança pública em matéria de combate aos crimes sexuais (BRASIL, 2012).

3. Objetivo geral e específicos

3.1 Objetivo geral

Avaliar o potencial do Banco de Perfis Genéticos da Superintendência de Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás (BPG-SPTC/GO) na elucidação de crimes sexuais por meio da inserção de perfis genéticos obtidos de vestígios oriundos de crimes sexuais sem suspeito ocorridos no Estado de Goiás nos anos de 2004 a 2018.

3.4 Objetivos específicos

- Calcular e avaliar a prevalência de distribuição dos casos de violência sexual com vestígios com presença de esperma de acordo com o sexo da vítima;
- Calcular e avaliar as prevalências dos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino com vestígios com presença de esperma de acordo com a vulnerabilidade da vítima e de acordo com o histórico de autoria do fato (autor ser ou não conhecido pela vítima);
 - Avaliar a associação entre o histórico de autoria dos casos de estupro de vítimas do sexo feminino com seu enquadramento de vulnerabilidade;
 - Mensurar a quantidade de casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino no LBDF-ICLR-SPTC/GO que apresentam vestígios com esperma sem a realização de exame de DNA;
 - Calcular e avaliar a prevalência de apresentação de suspeitos para confronto nos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino do Estado de Goiás que apresentavam vestígios com esperma;
 - Calcular a média de tempo de armazenamento dos vestígios com esperma de crimes sexuais de vítimas do sexo feminino no LBDF-ICLR-SPTC/GO para a realização de exame de DNA e comparar com a média dos exames realizados em consequência deste trabalho, de forma a avaliar a eficiência da estratégia de processamento em larga escala de casos de crimes sexuais sem suspeito;
 - Levantar as possíveis principais causas da não realização de Exame de DNA para casos de crimes sexuais;
 - Calcular a taxa de coincidências (*matches*) observadas no BPG-SPTC-GO envolvendo os perfis genéticos dos vestígios de violência sexual de vítimas do sexo feminino sem suspeito relacionado à investigação de forma a avaliar a eficiência da estratégia de processamento de casos de crimes sexuais sem suspeito;

- Calcular e avaliar a prevalência das coincidências observadas envolvendo os perfis genéticos de vestígios de violência sexual de vítimas sem suspeito do sexo feminino no BPG-SPTC-GO de acordo com sua natureza e seu âmbito de ocorrência (estadual ou nacional);
- Correlacionar o aumento do número de perfis genéticos de vestígios de violência sexual no BPG-SPTC-GO, em decorrência das atividades deste trabalho, com o aumento do número de coincidências identificadas;
- Identificar o índice de reincidência de crimes sexuais (agressões em série) envolvendo os perfis genéticos inseridos no BPG-SPTC-GO oriundos de vestígios de violência sexual de vítimas do sexo feminino sem suspeito;
- Calcular a prevalência dos tipos de amostras de casos de violência sexual do sexo feminino sem suspeito que tiveram seus perfis genéticos inseridos no BPG-SPTC-GO e correlacionar com os tipos de amostras que foram encaminhadas para exame, de forma a avaliar qual tipo de amostra seria melhor para se obter perfis com qualidade para inserção;
- Calcular e avaliar a prevalência dos motivos de não inserção de perfis genéticos no BPG-SPTC-GO;
- Calcular e avaliar a prevalência dos tipos de perfis genéticos inseridos no BPG-SPTC;
- Apresentar casos práticos de elucidações criminais de violência sexual obtidas com o desenvolvimento deste trabalho;
- Avaliar a associação entre o histórico de autoria dos casos de estupro de vítimas do sexo feminino com a taxa de obtenção de coincidências genéticas pelo BPG-SPTC-GO;
- Mensurar a quantidade de investigações criminais auxiliadas com a realização deste trabalho, compará-la com a quantidade previamente alcançada de forma a avaliar a eficiência da estratégia de processamento de casos de crimes sexuais sem suspeito;
- Calcular e avaliar o lapso temporal médio entre as datas de coincidências observadas pelo BPG-SPTC-GO e as datas das ocorrências dos crimes sexuais envolvidos, de forma a avaliar o tempo transcorrido entre a ocorrência do delito e sua elucidação e o potencial de elucidação criminal por meio do uso de bancos de perfis genéticos.

4. Materiais e métodos

4.1 Delineamento do estudo e aspectos éticos

O presente trabalho foi desenvolvido de acordo com as normas estabelecidas na resolução n.º 466/2012 do Conselho Nacional de Saúde (CNS). O estudo foi realizado no LBDF-ICLR-SPTC/GO com colaboração do Laboratório LaGene da Secretaria de Estado de Saúde do Estado de Goiás (SES/GO). O presente trabalho foi aprovado pelos Comitês de Ética em Pesquisa da Pontifícia Universidade Católica de Goiás (PUC/GO) e do Hospital de Doenças Tropicais Dr. Anuar Auad por meio da Plataforma Brasil com os Certificados de Apresentação para apreciação ética (CAAE) 70090317.9.3002.0034 e 70090317.9.0000.0037, respectivamente (Anexos).

4.2 Grupo amostral

As amostras do estudo foram selecionadas a partir dos vestígios de crimes sexuais ocorridos no Estado de Goiás entre o mês de janeiro de 2004 até o mês de julho de 2018.

4.2.1 Critérios de inclusão de casos

Os critérios para seleção dos casos a serem processados foram baseados nos requisitos do Manual de Procedimentos Operacionais emitido pelo Comitê Gestor da RIBPG (RIBPG, 2017) e na experiência de resultados do LBDF-ICLR-SPTC/GO e nos objetivos deste trabalho, sendo eles:

- Estar relacionado a vítimas do sexo feminino;
- Apresentar resultado positivo para espermatozoide humano;
- Vestígio ser atribuível ao autor do delito (histórico negativo de relação consentida nos últimos três dias antecedentes à data do fato, vulnerabilidade ou histórico condizente);
- Ausência de suspeito relacionado à investigação;
- Presença de amostra biológica de referência da vítima.

4.3 Extração de DNA por lise diferencial

As amostras biológicas oriundas dos vestígios de violência sexual foram submetidas a extração de DNA por lise diferencial com uso do *kit* comercial *PrepFiler Express™ Forensic DNA Extraction* no equipamento *AutoMate Express* (*Applied Biosystems®*, Califórnia, EUA), conforme as recomendações do fabricante, conforme as normas gerais emitidas pela

SENASP (DALTON et al, 2013) e com adaptações de publicação interna do LBDF-ICLR-SPTC/GO (GOIAS, 2018).

4.4 Quantificação de DNA

As amostras foram submetidas a quantificação de DNA pela técnica de PCR em Tempo Real com a tecnologia de sonda do tipo *TaqMan* com uso do kit *Quantifiler® Trio DNA Quantification* e do equipamento *7500 Real-Time PCR System (Applied Biosystems®*, Califórnia, EUA), conforme as recomendações do fabricante. A análise dos dados foi feita no software *HID Real-Time PCR Analysis Software Version 1.1*.

Essa metodologia utilizada permite identificar a concentração de DNA na amostra em nanogramas por microlitro (ng/μL). Além disso, ela fornece outras informações de extrema relevância para o prosseguimento dos exames forenses como a detecção de inibidores na amostra pela amplificação de um DNA sintético de controle da reação (*Internal PCR Control*) e o índice de degradação do DNA presente na amostra através da razão de amplificação dos dois alvos autossômicos humanos amplificados durante a reação, os quais apresentam comprimento em pares de bases diferentes (*large autosomal* – 214pb; e *small autosomal* – 80pb) (*Applied Biosystems®*, Califórnia, EUA) (BUTLER, 2012).

Além disso, outro parâmetro de extrema importância para análises de vestígios de crimes sexuais é fornecido, a razão de DNA masculino:feminino (MTFR). Essa razão é fornecida com base na amplificação do alvo masculino localizado no cromossomo Y (75pb) e ajuda a determinar o grau de mistura de DNA masculino e feminino na amostra. À medida que a razão aumenta, a possibilidade de detectar o componente masculino pode ficar limitada ao se usar apenas a análise de marcadores genéticos autossômicos (*Applied Biosystems®*, Califórnia, EUA).

4.5 Amplificação de DNA

Ambas as frações não espermatozoide e espermatozoide (FNE e FE) obtidas das amostras foram submetidas à amplificação múltipla de vinte e um marcadores genéticos autossômicos do tipo STR com uso do kit *GlobalFiler™ PCR Amplification (Applied Biosystems®*, Califórnia, EUA) sendo eles: D3S1358, vWA, D16S539, CSF1PO, TPOX, D8S1179, D21S11, D18S51, D2S441, D19S433, TH01, FGA, D22S1045, D5S818, D13S317, D7S820, SE33, D10S1248, D1S1656, D12S391 e D2S1338. As proporções de reagentes utilizados na PCR estão descritas na Tabela 2, conforme as normas do fabricante

(*Applied Biosystems*®, Califórnia, EUA) e tendo 0,5ng como quantidade de DNA *template* para cada reação:

Tabela 2. Componentes e quantidade de reagentes utilizados na PCR.

Componentes	Volume (µL)
<i>Master Mix</i>	7,5
<i>Primer Set</i>	2,5
DNA	5 a 15
Volume Total	25 µL

Fonte: Adaptado do Manual do *kit Globalfiler*.

A reação foi executada como recomendado pelo fabricante, no termociclador *Veriti*® *Termo Cycler* (*Applied Biosystems*®, Califórnia, EUA), sendo a ciclagem conforme discriminado na Tabela 3.

Tabela 3. Ciclagens utilizadas no termociclador durante a PCR.

Temperatura (°C)	Tempo (segundos)	Número de ciclos
95	60	-
94	10	29
59	90	-
60	600	-
4	∞	-

Fonte: Adaptado do Manual do *kit Globalfiler*.

4.6 Genotipagem e análise dos fragmentos amplificados

Os produtos de PCR foram detectados por eletroforese capilar no analisador genético *ABI 3500*® (*Applied Biosystems*®, Califórnia, EUA). As concentrações e reagentes utilizados no preparo da reação estão descritos na Tabela 3 e os parâmetros e configurações para eletroforese capilar na Tabela 4.

Tabela 4. Reagentes e Concentrações utilizados na genotipagem.

Reagente	Volume (µL)
<i>Formamida Hi-Di</i>	9,6
<i>Size Standard (GeneScan™ 600 LIZ™)</i>	0,4
Produto de PCR (<i>Amplicon</i>)	1,0
Volume Total	11 µL

Fonte: Adaptado Manual do *kit Globalfiler*.

Tabela 5. Parâmetros utilizados na configuração do analisador genético para genotipagem das amostras.

Parâmetros	ConFiguração
Tipo de aplicação	HID
Tamanho do capilar (centímetros)	36
Polímero	POP4
Conjunto de fluorescência	Dye Set J6
Módulo da corrida	HID36_POP4
Nome do protocolo	Globalfiler
Temperatura do forno (°C)	60
Voltagem da corrida (kV)	13
Voltagem da injeção (kV)	1.2
Tempo de corrida (segundos)	1550
Tempo de injeção (segundos)	15

Fonte: Adaptado Manual do *kit Globalfiler*.

Os perfis genéticos obtidos foram analisados com o auxílio dos programas *ABI 3500 Series Data Collection Software 3* e *GeneMapper® ID-X*, após revelação por fluorescência (*Applied Biosystems®*, Califórnia, EUA).

4.7 Inserção de perfis genéticos e buscas automatizadas

4.7.1 Critérios para inserção de perfis genéticos

Para a inserção de perfis genéticos oriundos de vestígios para submissão ao BNPG, foram utilizados os critérios de admissibilidade normatizados pelo Manual de Procedimentos Operacionais da RIBPG (2017), que englobam aspectos de qualidade e características técnicas dos perfis genéticos obtidos. Assim, foram inseridos os perfis genéticos que dispunham de no mínimo nove marcadores CODIS tipados, podendo ser originários de fonte única ou totalmente deduzíveis a partir de uma mistura.

Em caso de mistura, foram inseridos apenas quando: a desproporção na mistura permite um discernimento acurado de contribuintes majoritário e minoritário (misturas desbalanceadas); ou o perfil genético de uma pessoa que, com certeza, está presente na mistura, pode ser excluído sem obscuridade (misturas balanceadas), como por exemplo o perfil genético da vítima em sua própria secreção vaginal.

4.7.2 Inserção de perfis genéticos e buscas automatizadas

Os perfis genéticos obtidos das amostras analisadas neste trabalho que contemplaram todas as exigências supracitadas foram inseridos no BPG-SPTC/GO com uso do programa *CODIS 7* (Washington, EUA).

As buscas por coincidências (*match* ou *hit*) foram feitas semanalmente de acordo com o que estabelece a legislação, na qual os perfis genéticos obtidos dos vestígios de crimes sexuais foram confrontados entre si e com os perfis genéticos de indivíduos cadastrados criminalmente, sendo essa busca de nível estadual e nacional (RIBPG, 2017).

Os resultados das coincidências foram automaticamente enviados ao LBDF-ICLR-SPTC/GO, sendo que, quando houve a participação de outros laboratórios (coincidências nacionais), estes também foram notificados.

Por fim, todo evento de coincidência foi revisado e confirmado através do estudo e conferência dos documentos e resultados de todos os casos envolvidos, conforme normativa da RIBPG (2017). Com a confirmação da coincidência, todos os responsáveis pelas investigações foram comunicados por meio da emissão de Laudo Pericial.

4.8 Análise de dados

Tendo em vista os objetivos do estudo, computou-se os dados por meio da estatística descritiva. Além disso, foram utilizados os testes Qui-Quadrado, Exato de Fisher, Cálculo de Risco Relativo e testes de correlação de Pearson e Spearman e Teste T, todos com nível de significância de 5% e após avaliação de normalidade pelo teste Kolmogorov-Smirnov.

Para este estudo, foi considerada como coincidência, a ocorrência de similaridade genética entre duas amostras (vestígio x vestígio - *forensic hit*; vestígio x indivíduos cadastrados criminalmente - *offender hit*) por unidade de tempo. Isso porque o banco de perfis genéticos, mediante alimentação contínua, pode apresentar novas coincidências envolvendo amostras que já apresentaram previamente a ocorrência de similaridade genética.

A avaliação do índice de reincidência de crimes sexuais (agressões em série) foi baseada na análise das coincidências observadas. Se uma coincidência do tipo *forensic hit* for relacionada a outro crime sexual, ela foi subclassificada como uma coincidência sexual em série. Na coincidência do tipo *offender hit*, se o transgressor já tiver sido qualificado por crime sexual, ela foi subclassificada como uma coincidência sexual em série. Essa subclassificação foi necessária, pelo fato de as coincidências poderem ocorrer com vestígios e transgressores relacionados a outros tipos de crimes.

Além disso, as situações em que, não foi possível a obtenção de informações, foram desconsideradas nas análises estatísticas.

Por fim, para auxiliar na análise desses dados, todas as abordagens estatísticas foram realizadas com o programa *Epi Info*™ v.7 (Atlanta, EUA) e com auxílio do programa *BioEstat 5.0* (Pará, Brasil) para as avaliações de normalidade e para os testes de correlação.

5. Resultados e discussão

Inicialmente serão apresentados e discutidos os resultados gerais que englobam todos os casos de violência sexual que apresentaram vestígios com resultado positivo para espermatozoides e com enfoque em vítimas do sexo feminino.

Entre janeiro de 2004 e julho de 2018, o Estado de Goiás apresentou 2165 casos de violência sexual que apresentaram vestígios com presença de espermatozoides, totalizando 2545 amostras.

5.1 Dados gerais

5.1.1 Sexo da vítima

Analisando a distribuição desses casos de acordo com o sexo da vítima, notou-se uma diferença significativa ($p < 0,0001$) no acometimento de vítimas do sexo feminino, correspondendo a 96,59% dos casos (Tabela 6). Essa desproporção observada reafirma o que já é conhecido no âmbito da segurança pública mundial, reiterando a necessidade de mais estudos e políticas públicas voltadas para mulheres ao se tratar de violência sexual (ISP-RJ, 2018; REILLY, 2015; NJP, 2011).

Tabela 6. Prevalência e avaliação da distribuição dos casos de violência sexual de acordo o sexo da vítima.

Sexo da vítima	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)	p^1
Feminino	2010 (96,59%)	94,27% a 96,09%	<0,0001
Masculino	71 (3,41%)	2,68% a 4,22%	
Não identificável ²	29(1,37%)	0,96% a 1,97%	
Total	2165 (100%)		

¹ Qui-quadrado com correção de Yates.

² Desconsiderado na análise de Qui-quadrado.

5.1.2 Vulnerabilidade da vítima

Ao analisarmos os casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino com vestígios com presença de esperma de acordo com a vulnerabilidade da vítima, foi observado uma maior proporção de vítimas não vulneráveis (55,62%; $p < 0,0001$), que são aquelas maiores de quatorze anos ou que não apresentam nenhuma debilidade mental (Tabela 7) (BRASIL, 2009c).

Tabela 7. Prevalência e avaliação da distribuição dos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino de acordo com a vulnerabilidade da vítima.

Vulnerabilidade da vítima	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)	<i>p</i> ¹
Vulnerável	281 (13,98%)	12,53% a 15,56%	<0,0001
Não vulnerável	1118 (55,62%)	53,44% a 57,78%	
Não identificável ²	611 (30,40%)	28,43% a 32,44%	
Total	2010 (100%)		

¹ Qui-quadrado com correção de Yates.

² Desconsiderado na análise de Qui-quadrado.

A maioria dos estudos observados na literatura avaliam o enquadramento da vítima por faixa etária de formas diversas e não por enquadramento de vulnerabilidade (FBSP, 2018a; FBSP; IPEA, 2018; ISP-RJ, 2018; IPEA, 2017; CERQUEIRA; COELHO, 2014). Além disso, os estudos englobavam dados administrativos do âmbito de saúde pública, sem distinção de sexo e sem a seleção dos casos que desencadearam investigações policiais. Essas diferenças dificultaram a comparação dos dados, além da falta da informação da idade da vítima (30,40% dos casos – Tabela 7). A escolha pela categorização da vítima por enquadramento de vulnerabilidade e não por faixa etária foi utilizada por ser uma melhor forma de análise do ponto de vista jurídico de tipificação criminal, que é alicerce para o uso de bancos de perfis genéticos (RIBPG, 2017; BRASIL, 2009c).

Mesmo com essas limitações, comparando os dados deste trabalho com os dados do Atlas da Violência do ano de 2018 (FBSP; IPEA, 2018), notou-se diferença na forma de distribuição, já que nestes observou-se uma certa equidade entre vítimas vulneráveis (< 14 anos) e vítimas não vulneráveis (14 a 17 anos e maiores de 18 anos), respectivamente, com 50,9% e 49,1% dos casos. Entretanto, diferente deste trabalho, os dados do atlas apenas consideraram o aspecto biológico de idade, sem a análise de debilidade mental e tinham a disponibilidade da informação para todos os casos.

No estado do Rio de Janeiro, no ano de 2017, notou-se uma maior proporção de registros de estupro de vítimas vulneráveis, aproximadamente 59,9% (ISP-RJ, 2018). Essa discrepância com os resultados deste trabalho pode ser atribuída ao campo amostral utilizado, já que os dados da literatura englobam os crimes sexuais em sua totalidade, enquanto este trabalho, com o enfoque de alimentação de banco de perfis genéticos, trabalhou apenas com os casos de estupro que apresentavam vestígios com presença de espermatozoides. A partir disso, surge uma hipótese a ser testada, em que estupros de vítimas vulneráveis podem estar mais associados a agressões sem a ocorrência de ejaculação do agressor, envolver outras ações como toque e contato oral, devido até à incompatibilidade anatômica de possível cópula entre agressor e vítima.

5.1.3 Histórico de autoria

De acordo com o histórico de autoria do fato (autor ser ou não conhecido pela vítima) dos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino com vestígios com presença de esperma, notou-se uma maior proporção de o autor ser desconhecido, com percentual de 34,73%, e com diferença significativa quando comparado com o percentual de o autor ser conhecido ($p < 0,0001$) (Tabela 8).

Essa maior proporção de autoria desconhecida não corresponde com os relatados da literatura. Em geral, os estudos apontam uma maior proporção de autoria conhecida (FBSP; IPEA, 2018; ISP-RJ, 2018; VALENTINE et al, 2016). Como por exemplo no estado do Rio de Janeiro, em que, aproximadamente, 40% dos casos de estupro de vítimas do sexo feminino são cometidos por pessoas não absolutamente desconhecidas pela vítima, ou seja, de alguma forma o agressor faz parte do universo de convivência da vítima (ISP-RJ, 2018). Esse quadro também é observado no estudo do IPEA (2017) em que foi analisado todos os casos de estupros registrados no sistema SINAN entre os anos de 2011 a 2014.

Entretanto, para avaliação da prevalência do histórico de autoria deste trabalho, vários fatores devem ser considerados. Alguns dos fatores influenciadores foram o não acesso ao conteúdo dos procedimentos policiais instaurados (10,10%), a ausência de procedimento policial (22,34%) e à não possibilidade de obtenção da informação a partir dos dados que foram levantados pela investigação cartorária (6,52%). Juntos, estes fatores totalizam aproximadamente 39% dos casos, proporção esta maior que as observadas nas demais categorias (conhecido – 26,32%; desconhecido – 34,73%) (Tabela 8).

Além desses fatores, essa dissemelhança pode ser em consequência da diferença dos campos amostrais analisados e pode ser até interpretada como esperada. Os trabalhos da literatura geralmente englobam campos amostrais de saúde pública, os quais nem sempre desencadeiam exames periciais (FBSP; IPEA, 2018; ISP-RJ, 2018; IPEA, 2017). Já, neste trabalho, englobou-se apenas os casos de estupro de vítimas do sexo feminino que apresentaram presença de espermatozoides e que dispunham da informação de histórico de autoria, os quais, no âmbito geral, correspondem a uma porcentagem pequena dos crimes sexuais cometidos.

Estudos acerca de prevalência quanto ao resultado da pesquisa de espermatozoides em amostras forenses são escassos e com campos amostrais pequenos e não representativos (GINO et al, 2017; MCDONALD et al, 2015). Segundo os levantamentos deste trabalho, no estado de Goiás, entre janeiro de 2014 a julho de 2018, foram realizados 9055 Exames Periciais de Pesquisa de Espermatozoides, dos quais 2165 apresentaram resultado positivo, ou

seja, aproximadamente 24% (23,04% a 24,80% - IC 95%). Logo, a avaliação da prevalência de histórico de autoria deste trabalho se baseia em aproximadamente um quarto da demanda, ou seja, logo não pode corresponder a todo âmbito de crimes sexuais.

Apesar da prevalência de histórico de autoria deste trabalho não poder ser um dado representativo para todo o universo de crimes sexuais, ele é um dado valioso para a avaliação da eficiência do uso de banco de perfis genéticos na elucidação de crimes sexuais sem suspeito, já que esse dado de prevalência corresponde aos casos de violência sexual que mais são inseridos em bancos de perfis genéticos, devido à presença de espermatozoides nos vestígios e desmistifica a questão da não necessidade de realização de exame de DNA em casos de crimes sexuais pelo fato de a vítima já conhecer o agressor.

Tabela 8. Prevalência e avaliação de distribuição dos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino de acordo o histórico de autoria.

Histórico de autoria	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)	<i>p</i> ¹
Conhecido	529 (26,32%)	24,44% a 28,29%	<0,0001
Desconhecido	698 (34,73%)	32,68% a 36,84%	
Não identificável ²	131 (6,52%)	5,52% a 7,68%	
Sem acesso ao histórico de autoria ²	203 (10,10%)	8,86% a 11,49%	
Ausência de procedimento policial ²	449 (22,34%)	20,57% a 24,21%	
Total	2010 (100%)		

¹Qui-quadrado com correção de Yates.

² Desconsiderado na análise de Qui-quadrado.

5.1.4 Associação entre vulnerabilidade da vítima e histórico de autoria

Na literatura, é relatado associação entre o enquadramento de vulnerabilidade da vítima e o histórico de autoria. Encontra-se que as vítimas vulneráveis geralmente são violentadas por autores de seu convívio. Já os estupros envolvendo vítimas adultas, segundo estudos recentes do FBSP, do IPEA e do Instituto de Segurança Pública do Rio De Janeiro (ISP-RJ), geralmente ocorrem por autores que não são de convívio da vítima, ou seja, autoria desconhecida (53,52%) (FBSP; IPEA, 2018; ISP-RJ, 2018; IPEA, 2017).

Essa associação é até utilizada na categorização da violência sexual nas subpopulações de agressões agudas e crônicas, sendo que aquela envolve vítimas de faixa etária mais elevada com agressores desconhecidos e com uso de grande violência; e esta envolve vítimas mais jovens com agressores conhecidos (MS et al, 2015; SCHIOCCHET, 2012; CODEPPS, 2009).

Essa associação também foi observada neste trabalho, sendo o risco de um autor conhecido agredir sexualmente uma vítima vulnerável quatro vezes maior do que as demais possibilidades (Tabela 9).

Tabela 9. Avaliação de associação entre histórico de autoria e enquadramento de vulnerabilidade da vítima.

Histórico de autoria	Vulnerabilidade da vítima		TOTAL	Razão de Risco Intervalo de Confiança (95%)	<i>p</i> ¹
	Vulnerável	Não vulnerável			
Conhecido	144	296	440	4,077 (2,997 a 5,546)	<0,0001
Desconhecido	46	527	573		
Total	190	823	1013		

¹Qui-quadrado com correção de Yates.

5.1.5 *Backlog* de casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino

Entre janeiro de 2004 e julho de 2018, o Estado de Goiás apresentou 2010 casos de violência sexual relacionados a vítimas do sexo feminino (Tabela 10) e que apresentavam vestígios com presença de SPTZ, totalizando 2410 amostras (Tabela 11), pois, em um caso, mais de uma amostra pode ser coletada.

Deste total, ainda se encontram armazenados no LBDF-ICLR-SPTC/GO, sem a realização de exame de DNA, um total de 1630 casos (Tabelas 10) com 1899 amostras com presença de espermatozoides, o que corresponde a aproximadamente 80% dos casos e das amostras (Tabela 11).

Tabela 10. Prevalência de casos submetidos ao Exame de DNA.

Caso submetido ao Exame de DNA	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Sim	380 (18,91%)	17,25% a 20,68%
Não	1630 (81,09%)	79,32% a 82,75%
Total	2010 (100%)	

Tabela 11. Prevalência de amostras submetidas ao Exame de DNA.

Amostra analisada	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Sim	511 (21,20%)	19,62% a 22,88%
Não	1899 (78,80%)	77,12% a 80,38%
Total	2410 (100%)	

Esse montante é uma pequena fração do passivo total de vestígios sexuais armazenados no LBDF-SPTC/GO, aproximadamente 11%; já que o *backlog* também engloba todas as demais naturezas de vestígios como material subungueal, amostras com ausência de esperma, entre outras.

Avaliando a amplitude desse passivo, podemos confirmar que a estimativa divulgada pelo Ministério da Justiça no ano de 2016 está realmente subestimada (MARIZ, 2016). Além disso, esse acúmulo é reflexo dos principais motivos já abordados na literatura: a escassez crônica de insumos, quadro de servidores limitado e a não apresentação de suspeitos para confronto. Com isso, acabam sendo analisados, prioritariamente, os casos que já dispõe de suspeito (casos fechados) (CAMPBELL et al, 2017a; STROM; HICKMAN, 2016; LOVRICH et al, 2004). E ainda, os agentes policiais não enxergam o exame de DNA como necessário às investigações criminais e as evidências de DNA são geralmente solicitadas apenas como checagem nos processos judiciais e não como um recurso de investigação inicial (CAMPBELL et al, 2017a).

Para dirimir essa tríade de motivos, além da necessidade de investimentos, Campbell et al (2017) sugerem capacitações para os agentes policiais e do poder judiciário sobre a utilidade de provas forenses em investigações de agressão sexual. Nos treinamentos, deve estar claro que o raciocínio da necessidade de suspeito para que haja uma acusação não se aplica para a análise das amostras de vestígios de crimes sexuais, já que o processamento isolado das mesmas com uso de bancos de perfis genéticos pode oferecer informações sobre a identidade do suspeito (CAMPBELL et al, 2015a; PATTERSON; CAMPBELL, 2012). Além disso, os estudos sugerem que políticas públicas de fomento de insumos sejam fornecidas a todos os laboratórios forenses e que o uso de banco de perfis genéticos também seja de acesso a todos laboratórios (CAMPBELL et al, 2017a).

No Brasil, nenhum estudo com o enfoque do reconhecimento da potencialidade de uso do exame de DNA e de bancos de perfis genéticos por parte dos servidores judiciários e de segurança ainda foi realizado. Entretanto, se em países pioneiros no uso da genética forense nota-se o desconhecimento parte dos agentes policiais e do poder judiciário acerca da potencialidade do exame de DNA, espera-se, quase que sabidamente, um quadro pior no nosso país (RODRIGUES et al, 2016; BRASIL, 2012). O estado de Goiás por meio da SPTC, deu início, no ano de 2017, a este trabalho. Assim, espera-se que este processo tenha continuidade e, conseqüentemente, efetividade.

Com isso, faz-se necessário o desenvolvimento de projetos de processamento de *backlogs* no cenário brasileiro, que é a ideia central deste trabalho, para que seus resultados sejam norteadores tanto para políticas públicas como para que os agentes de justiça percebam o quanto o exame de DNA é de extrema importância nos casos de crimes sexuais, mesmo na ausência de suspeito.

Em relação à não apresentação de suspeitos para confronto genético, entre janeiro de 2004 a julho de 2018, aproximadamente 90% dos casos de violência sexual de vítimas do sexo feminino do Estado de Goiás que apresentavam vestígios com espermatozoides não tiveram suspeito apontados (Tabela 12). Por se tratar de vestígios com triagem positiva para sêmen, esperava-se uma maior apresentação de suspeitos, no entanto, nota-se que os agentes policiais e judiciários ainda não enxergam o teste de DNA como um componente necessário para as investigações criminais. Nos EUA, índices mais baixos são encontrados, com valores de até 44% (CAMPBELL et al, 2017a; CAMPBELL et al, 2015c), entretanto, mesmo assim, são taxas entristecedoras ao se tratar de sistemas investigativos que dispõem de tecnologias e ferramentas genéticas eficazes para elucidação de crimes sexuais.

Tabela 12. Prevalência de apresentação de suspeito para confronto para realização de Exame de DNA.

Apresentação de suspeito para confronto	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Sim	197 (9,8%)	8,58% a 11,18%
Não	1813 (90,20%)	88,82% a 91,42%
Total	2010 (100%)	

Apesar das dificuldades investigativas para se apresentar suspeitos nos casos de autoria desconhecida, espera-se que, nos casos de autoria conhecida, naturalmente, o suspeito seja apresentado para confronto genético. Entretanto, do total de 529 casos de autoria conhecida, apenas 25 casos tiveram suspeito apresentado para realização de Exame de DNA, ou seja, aproximadamente 95% dos casos de autoria conhecida, o suspeito não foi submetido ao Exame de DNA (Tabela 13).

Tabela 13. Prevalência de apresentação de suspeito para confronto em casos de histórico de autoria conhecida.

Apresentação de suspeito para confronto	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Sim	25 (4,73%)	3,22% a 6,88%
Não	504 (95,27%)	93,12% a 96,78%
Total	529 (100%)	

Assim, nota-se um alto índice de não apresentação de suspeito para confronto mesmo quando o autor é conhecido, fato este que reflete a cultura dos sistemas de justiça serem céticos quanto à não necessidade de realização de Exame de DNA como prova no processo penal. Esse julgamento é improcedente devido à possibilidade de inocência do acusado, já que, apesar de incomum, falsos relatos de agressões sexuais e reconhecimentos errados do agressor por parte da vítima ocorrem entre 2 a 8% dos casos, o que leva à aplicação da lei erroneamente (CAMPBELL et al, 2015a).

E ainda, com o uso de bancos de perfis genéticos, casos elucidados na fase de investigação (inclusão do suspeito) podem fornecer autoria indireta para casos ainda não solucionados. Em consonância com essa ideia, em estudo desenvolvido em Ohio, observou-se que 25% dos agressores sexuais em série agrediram tanto vítimas de seu convívio como vítimas estranhas (LOVELL et al, 2017). Essa avaliação do histórico de autoria com o uso de bancos de perfis genéticos será melhor exposta e discutida no subitem 5.5.

Dentre os 380 Exames de DNA de violência sexual realizados pelo LBDF-ICLR-SPTC/GO, referentes a vestígios com presença de SPTZ (Tabela 10), 211 foram realizados na rotina convencional (desde a inauguração do Laboratório no ano de 2010) e 169 em consequência deste projeto. Logo, em dois anos de execução, este trabalho colaborou com a realização de aproximadamente 45% dos casos de crimes sexuais de vítimas do sexo feminino com triagem positiva para espermatozoides.

Considerando a rotina convencional do LBDF-ICLR-SPTC/GO, a média de tempo de armazenamento desses vestígios para a realização de exame de DNA é de aproximadamente 768 dias. Já os realizados dentro deste trabalho, apresentaram o tempo médio de armazenamento de aproximadamente 635 dias. Comparando essas médias, observou-se diferença significativa ($p = 0,0304$, Teste T). Dessa forma, nota-se a importância de fomentar projetos que visam o processamento de vestígios em grande escala, já que essa ação otimiza na celeridade de obtenção de resultados para subsidiar as investigações criminais. Além do mais, essa diferença pode ter sido subestimada, já que devido à limitação de insumos, não foi possível processar todos os casos selecionados para o trabalho.

Nos EUA, estima-se que as análises genéticas de DNA relacionadas a crimes sexuais são realizadas em média oito anos (2920 dias) após a ocorrência do fato (CAMPBELL et al, 2016a). Se analisarmos pontualmente os dados, o estado de Goiás estaria em situação melhor, o que não corresponde à realidade. Isso porque, os dados do estado de Goiás englobam apenas aqueles exames que já foram realizados, os quais correspondem a um pequeno percentual do volume total da demanda existente, sendo, então, relevantes apenas para mostrar o quanto a análise de passivos colabora para a diminuição do tempo de armazenamento. Já nos EUA, tem-se uma maior taxa de processamento de vestígios, ou seja, há um avanço na análise de *backlogs*, e conseqüentemente sua estimativa de média de armazenamento é mais factível.

Dessa forma, por nos EUA ser mais trivial a realização do exame de DNA, assim como por terem um banco de perfis genéticos melhor consolidado, não é prudente comparar o tempo médio de armazenamento de vestígios americano com o brasileiro. No Brasil, o uso de banco de perfis genéticos é muito recente, assim como a ideia de processamento de passivos.

Estudos locais seriam ideais para comparações destes dados, entretanto este trabalho é pioneiro ao se tratar dessas análises.

Analisando em conjunto esses dados de montante de *backlog*, prevalência de apresentação de suspeitos para realização de confronto e a própria média de tempo de armazenamento dos vestígios, é possível inferir que as causas de não realização de Exame de DNA para casos de crimes sexuais no âmbito nacional são congruentes com as abordadas nos estudos internacionais, como a falta de insumos e a não apresentação de suspeitos para confronto.

5.2 Dados de seleção de amostras e inserção no BPG-SPTC/GO

Entre janeiro de 2004 e julho de 2018, o Estado de Goiás apresentou 2165 casos de violência sexual que apresentaram vestígios com presença de SPTZ, totalizando 2545 amostras. Deste total, 342 casos encaixavam-se nos os critérios de inclusão estabelecidos para este trabalho, o que corresponde a 15,79% dos casos (14,32% a 17,39% – IC 95%) (Figura 5).

Os critérios de seleção de amostras deste projeto foram baseados nos requisitos estabelecidos pela RIBPG, na experiência do LBDF-ICLR-SPTC/GO e nos objetivos deste trabalho, conforme descrito no item 4.2.1. Comparando com as condições estabelecidas pela RIBPG, os critérios de inclusão de amostras deste projeto englobaram mais requisitos, além de tratar apenas de crimes sem suspeito. Dessa forma, diversos casos que não foram contemplados nesse projeto serão analisados posteriormente pelo LBDF-ICLR-SPTC/GO, pois podem ser elucidados com uso da ferramenta do banco de perfis genéticos, além de poderem permitir a elucidação de outros eventos delituosos. Apesar disso, dada à escassez de estudos sobre o tema de *backlog* de vestígios sexuais no cenário brasileiro e a falta de investimentos específicos para o processamento desse passivo, como automação e insumos, a amostragem intencional parecia ser mais apropriada para este estudo.

Dentre os 342 casos de violência sexual que atenderam os critérios de inclusão, aproximadamente 62% (57,33% a 67,54% – IC 95%) foram submetidos a Exame de DNA, o que equivale a um total de 214 casos com 275 amostras analisadas. Limitações na disponibilidade de insumos durante o período de desenvolvimento do trabalho foi fator determinante para o não processamento de todos os casos selecionados (Figura 5).

Apesar desse volume de exames realizados, nem todos foram inseridos no BPG-SPTC-GO, já que nem sempre é possível a obtenção de perfis genéticos de qualidade. Do total de 275 amostras analisadas, 202 (73,45% – 67,94% a 78,32% – IC 95%) apresentaram perfil genético de qualidade para inserção, amostras essas que correspondiam a 176 casos de crimes

sexuais, ou seja, 73,45% das amostras apresentaram qualidade para cadastro no BPG-SPTC-GO (Figura 5).

Nos 38 casos em que não se teve êxito para inserção no BPG-SPTC/GO, observou-se como motivo mais comum a obtenção de perfis genéticos de mistura sem qualidade para inserção (55,26% – 38,30% a 71,38% – IC 95%), nos quais não foi possível atribuir o genótipo do agressor. Ou seja, pelos critérios adotados pela RIBPG, esses perfis não puderam ser inseridos, o que não inviabiliza de que sejam comparados com perfis de referência de suspeitos, quando apresentados.

Os tópicos taxa de inserção, qualidade de perfis genéticos e motivos de não inserção e serão melhor expostos e discutido no subitem 5.4.

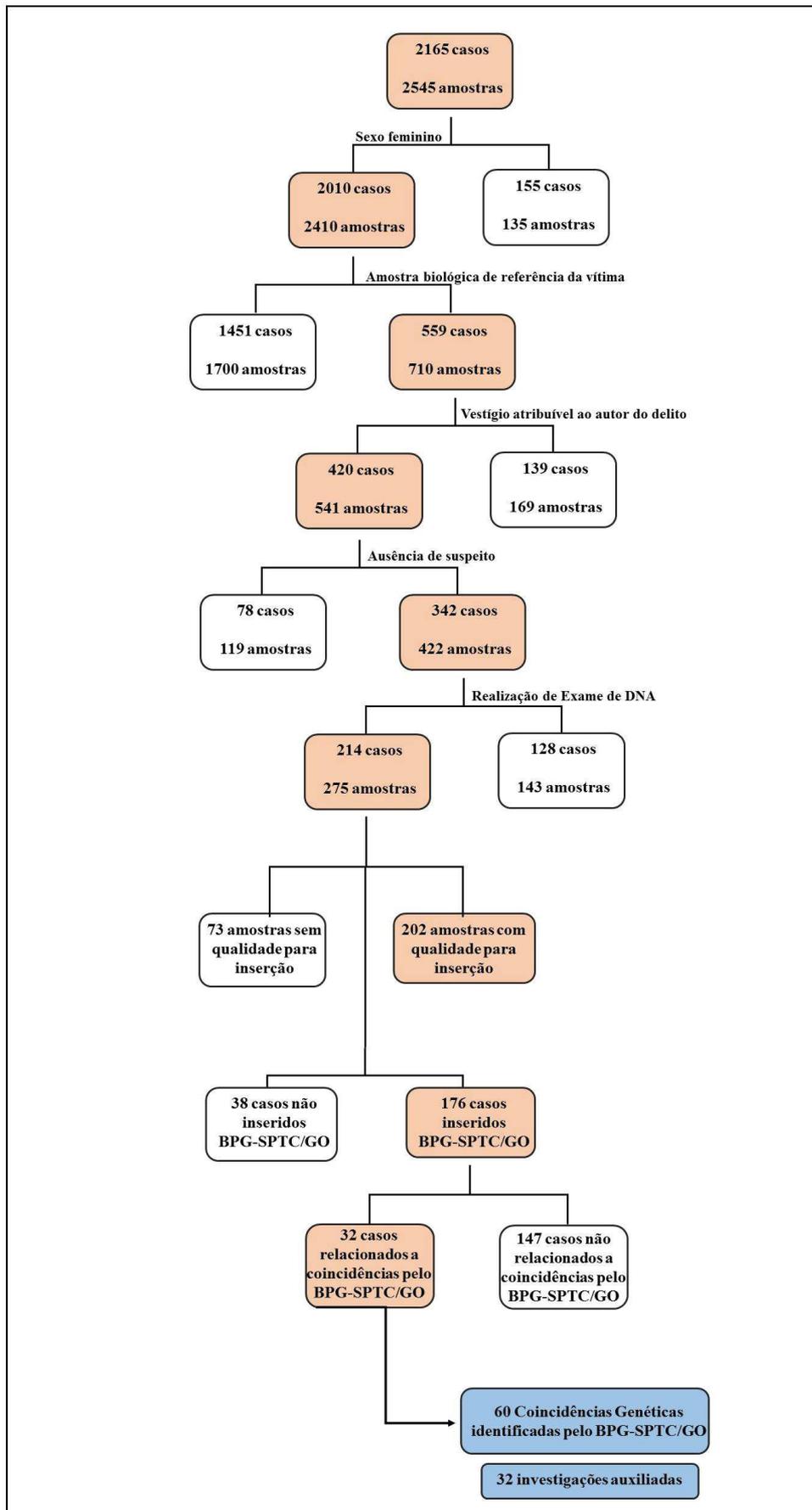


Figura 5. Fluxograma de seleção das amostras e de evolução das análises.

Segundo o relatório da RIBPG de maio de 2018 (RIBPG, 2018c), 7,50% do total de perfis genéticos cadastrados no BNPG resultaram *matches*. Nas pesquisas de Campbell et al (2016a), Campbell et al (2015c) e Peterson et al (2012), não foi possível identificar essa taxa, já que só foram relatadas as quantidades de amostras inseridas e de associações genéticas obtidas, sem especificar a quantidade de amostras inseridas que tiveram *matches*. Mas estudos que envolvem análise geral de vestígios de crimes contra a pessoa nos EUA, revelam que entre 40% a 50% dos perfis genéticos inseridos produzem *hits* (CAMPBELL et al, 2016c).

Neste trabalho, dos 176 casos inseridos no BPG-SPTC/GO, 32 casos apresentaram coincidências genéticas, com um total de 60 coincidências identificadas e 32 investigações criminais auxiliadas (Tabela 14). Ou seja, aproximadamente 20% (32/176 – 18,18%: 12,78% a 24,69% – IC 95%) dos perfis genéticos cadastrados no BPG-SPTC/GO em consequência deste projeto apresentaram *hits*.

Comparando a taxa observada neste trabalho com a média nacional, notou-se que um valor significativamente maior ($p < 0,0001$) (Tabela 14). Apesar de a taxa observada neste trabalho ser maior que a média nacional (20% x 7,5%), quando comparada com o valor relatado para análise geral de vestígios de crimes contra a pessoa dos EUA (40% a 50%) (CAMPBELL et al, 2016c), está bem menor. Entretanto, deve-se considerar a diferença de tempo de uso da ferramenta entre nosso país e os EUA e a consequente diferença de volume de perfis genéticos de seus bancos, além de esses estudos envolverem análise de vestígios não só relacionados a crimes sexuais (CAMPBELL et al, 2016c).

Tabela 14. Prevalência de coincidências genéticas por total de casos cadastrados.

	Nº de casos com coincidências genéticas		Total de perfis genéticos	p^2
	Sim	Não		
Projeto – BPG-SPTC/GO	32	144	176	
Demais bancos locais integrantes da RIBPG e BNPG ¹	991	12206	13197	<0,0001

¹Dados obtidos do VIII Relatório da RIBPG (taxa de 7,51% – 991/13197) (RIBPG, 2018c).

²Qui-quadrado com correção de Yates.

Por outro lado, ao comparar a taxa de coincidências genéticas obtidas em relação ao total de amostras inseridas com os trabalhos de Peterson, et al (2012) e Campbell et al (2016), notou-se valores significativamente menor ($p = 0,0255$ e $0,0005$), diferenças essas já esperadas (Tabela 15). Isso porque o Brasil se encontra em etapa muito principiante quando comparada com a realidade norte-americana ao se tratar de banco de perfis genéticos, além da

grande diferença legislativa no que se refere à inserção de perfis genéticos de criminosos (FBI, 2018b; RIBPG, 2018b; BRASIL, 2012).

Tabela 15. Comparação entre estudos: coincidências genéticas por número de amostras analisadas e inseridas.

Estudo	Número de amostras analisadas	Número de amostras inseridas	Número de coincidências genéticas obtidas	Taxa de coincidências por amostras inseridas	p^2
Projeto BPG-SPTC/GO	275	176 ¹	60	34,09	-----
Peterson et al (2012)	1320	699	347	49,64	0,0255
Campbell et al (2016)	894	419	259	61,81	0,0005

¹ Número de casos inseridos referentes ao volume de 202 amostras que apresentaram qualidade para inserção.

² Qui-quadrado com correção de Yates: comparação entre a taxa de coincidência do Projeto BPG-SPTC/GO com outros estudos.

Com mais de vinte anos de uso, o banco de perfis genéticos dos EUA (NDIS) dispõe de mais de dezessete milhões de perfis, enquanto o Brasil ainda nem atingiu a casa dos milhares (Tabela 1). E os estudos indicam que, quanto maior o volume de perfis genéticos cadastrados, maior a probabilidade de ocorrência de *matches* (MAPES et al, 2015; JOH, 2014; INTERPOL, 2009).

Outro exemplo dessa diferença de consolidação do banco de perfis genéticos brasileiro (BNPG) em relação aos bancos de outros países, é o banco de perfis genéticos do Reino Unido (NDNAD). Desde o ano de 2007, o NDNAD possui uma porcentagem acima de 50% em relação às amostras inseridas que resultam em *matches*, sendo que no último relatório, referente a 2016/2017, a taxa foi de 66% (HO-NPCC, 2018).

Com isso, seria mais prudente comparar os dados deste trabalho com estudos desenvolvidos no Brasil relacionados à RIBPG, entretanto estudos com essa abordagem ainda não existem. Com linha de pesquisa similar, a Polícia Civil do Distrito Federal (PCDF) publicou, no ano de 2015, um trabalho envolvendo o processamento em larga escala de amostras de crimes sexuais com alimentação de banco de perfis genéticos de vestígios da própria PCDF, sem vínculo à RIBPG. Com esta pesquisa, foram identificados 78 estupradores em série que atacaram 223 mulheres, sendo que, até a data da publicação, o banco *in house* de

vestígios da PCDF dispunha de 650 perfis autossômicos masculinos cadastrados (FERREIRA et al, 2015).

Dessa forma, dentro do contexto nacional, que é o ambiente mais indicado para compararmos os resultados obtidos, constatou-se que o processamento em larga escala de casos abertos de violência sexual com vestígios com presença de espermatozoides apresentou taxa de coincidências genéticas significativamente maiores (Tabela 14).

É importante ressaltar que a quantidade de coincidências genéticas obtidas pode ter sido subestimada. Primeiramente, não foi possível o processamento de todos os casos selecionados; ainda, devido aos critérios de inclusão estabelecidos, muitos casos com potencial de gerar *matches* não foram contemplados na seleção; e aproximadamente 24% dos casos analisados (19,04% a 30,47 – IC 95%) eram relacionados a vítimas menores de 14 anos (estupro de vulnerável) com autoria conhecida e associados a relações sexuais consentidas, ou seja, casos com baixa capacidade de resultar em *matches*. Além disso, os casos de homicídios associados a crimes de estupro não foram contemplados neste projeto por requerem uma análise pericial mais robusta em relação à atribuição do vestígio de esperma ao agressor do delito e não a um possível parceiro consentido da vítima.

De acordo com a natureza das coincidências genéticas obtidas, a prevalência de coincidências entre vestígios foi de aproximadamente 82% e a de coincidências de identificação direta de autoria foi de 18%, sendo notado diferença estatística entre as categorias ($p < 0,0001$) (Tabela 16). Esse dado é concordante com o observado no cenário nacional ($p = 0,8496$) (Tabela 17) e reflete o quadro de recentidade da efetivação e uso do banco de perfis genéticos brasileiro, situação em que, naturalmente, se espera um maior número de coincidências entre vestígios, pois diversos fatores dificultam a inserção de perfis genéticos de indivíduos cadastrados criminalmente. E também, a rotina convencional dos laboratórios forenses favorece a inserção de perfis genéticos provenientes de vestígios, já que atuam principalmente com a realização de confronto genético entre vestígios e suspeitos.

Dentre os principais motivos de ainda se ter um pequeno número de perfis genéticos de indivíduos cadastrados criminalmente nos bancos dos estados federativos do Brasil e, conseqüentemente, no BNPG, tem-se: a recentidade da lei federal n.º 12654/2012 e seu questionamento de constitucionalidade (STF, 2017b; BRASIL, 2012), a dificuldade de integralização das ações entre as unidades de perícia oficial, que gerenciam os bancos de perfis genéticos, a administração penitenciária e o poder judiciário; a baixa punição criminal, limitações de insumos e de quadro pessoal (CAMPBELL et al, 2017a).

Entretanto, políticas de fomento da SENASP nesta área já estão sendo desenvolvidas, otimizando o elo entre os agentes públicos envolvidos e promovendo o fornecimento de insumos e tecnologias para os laboratórios forenses (MSP, 2018a). Além disso, o entendimento pela constitucionalidade da lei n.º 12654/2012, a ser definida pelo Supremo Tribunal Federal, é defendido e aceito pelas forças de segurança pública bem como pelo poder judiciário (STF, 2017a; MORO, 2013; MORO, 2006). Assim, com essas atuações, espera-se, como desdobramento, um aumento no número de obtenção de autoria direta (*offender hit*) com o uso de bancos de perfis genéticos no cenário brasileiro e local.

Tabela 16. Prevalência das coincidências genéticas de acordo com a natureza.

Natureza do <i>match</i>	Frequência no BPG-SPTC/GO	Intervalo de Confiança (95%)	p^1
<i>Forensic hit</i>	49 (81,67%)	69,56% a 90,48%	<0,0001
<i>Offender hit</i>	11 (18,33%)	9,52% a 30,44%	
Total	60 (100%)		

¹Qui-quadrado com correção de Yates.

Tabela 17. Comparação de prevalências das coincidências genéticas de acordo com a natureza.

Natureza da coincidência genética	Frequência		p^2
	BPG-SPTC/GO	Demais bancos locais integrantes da RIBPG e BNP ¹	
<i>Forensic hit</i>	49 (81,67%)	427 (83,56%)	0,8496
<i>Offender hit</i>	11 (18,33%)	84 (16,44%)	
Total	60 (100%)	511 (100%)	

¹Dados obtidos VIII relatório da RIBPG (RIBPG, 2018c).

²Qui-quadrado com correção de Yates.

E, mais uma vez, ao se comparar essa distribuição das coincidências com estudos de outros países, o Brasil desempenha papel de noviço, no que se diz respeito a uso de bancos de perfis genéticos. Nos países já em estado avançado de proveito dessa ferramenta, nota-se uma predominância de associações genéticas de autoria direta (*offender hit*), situação essa antagônica à da conjuntura brasileira (RCMP, 2018; CAMPBELL et al, 2016a; PETERSON J. et al, 2012), com diferença perceptível pela própria magnitude da diferença dos intervalos de confiança (Tabela 18).

Tabela 18. Comparação de prevalências das coincidências genéticas de acordo com a natureza.

Estudo	Número de coincidências genéticas obtidas	Natureza das coincidências genéticas	Intervalo de Confiança
Projeto BPG-SPTC/GO	60	49 <i>forensic hit</i> (81,67%) 11 <i>offender hit</i> (18,33%)	70,08% a 89,96% 10,56% a 29,92%
Peterson et al (2012)	347	347 <i>offender hit</i> (100,00%)	98,91% a 100%
Campbell et al (2016)	259	244 <i>offender hit</i> (94,00%) 15 <i>forensic hit</i> (6,00%)	90,67% a 96,46% 3,54% a 9,33%

Isso também é observado nos relatórios oficiais dos bancos de perfis genéticos de outros países (FBI, 2018b; HO-NPCC, 2018; RCMP, 2018). Como exemplo, no Canadá, no último ano, aproximadamente 90% das associações genéticas foram *offender hit* (RCMP, 2018).

Seguindo para a avaliação das coincidências genéticas obtidas de acordo com o âmbito de ocorrência, observou-se uma maior concentração de *hits* dentro do âmbito estadual e com diferença estatística significativa (aproximadamente 72%; $p < 0,0001$) (Tabela 19). E contrapondo essa prevalência do BPG-SPTC/GO com a os demais bancos estaduais integrantes da RIBPG, nota-se congruência ($p=0,3595$), ou seja, os demais estados federativos do Brasil também apresentam maior incidência de coincidências genéticas dentro de seu âmbito, apesar de terem *matches* de nível nacional.

Entretanto, a ocorrência de *matches* nacionais vai ao encontro da própria análise criminal geográfica do Estado de Goiás, pois, por ter posicionamento central no território brasileiro, é, naturalmente, uma de via de passagem para circulação de pessoas entre os demais estados federativos do país (BOBA, 2005; DANTAS; SOUZA, 2004) (Tabela 20). Dessa forma, o deslocamento interestadual de delituosos ocorre, situações estas que, sem a atuação de bancos de perfis genéticos, talvez nunca seriam solucionadas.

Tabela 19. Prevalência das coincidências genéticas do BPG-SPTC/GO de acordo com âmbito de ocorrência.

Âmbito de ocorrência	Frequência no BPG-SPTC/GO	Intervalo de Confiança (95%)	P ¹
Estadual	43 (71,67%)	58,56% a 82,55%	<0,0001
Nacional	17 (28,33%)	17,45% a 41,44%	
Total	60 (100%)		

¹Qui-quadrado com correção de Yates.

Tabela 20. Comparação de prevalência das coincidências genéticas de acordo com âmbito de ocorrência entre o BPG-SPTC/GO e os demais bancos locais integrantes da RIBPG.

Banco de Perfis Genéticos	Âmbito de ocorrência		Total	p^3
	Estadual	Nacional		
Projeto – BPG-SPTC/GO	43 (71,67%)	17 (28,33%)	60 (100%)	0,3595
Demais bancos locais integrantes da RIBPG ¹ (BNPG)	320 (62,62%)	174 ² (37,38%)	494 (100%)	

¹ Dados obtidos do VIII Relatório da RIBPG (RIBPG, 2018c).

² São consideradas coincidências nacionais as obtidas pelo BPG da Polícia Federal e pelo BNPG.

³ Qui-quadrado com correção de Yates.

A habitualidade da reincidência de crimes sexuais já reconhecida pela literatura (IPEA, 2017; STROM; HICKMAN, 2016; CERQUEIRA; COELHO, 2014) também foi diagnosticada neste trabalho. Todas as 60 coincidências genéticas obtidas foram subclassificadas em coincidências sexuais em série (94,04% a 100,000% – IC 95%), ou seja, todas as compatibilidades do tipo *forensic hit* relacionavam ocorrências de crime sexuais e todas do tipo *offender hit* o transgressor envolvido já era qualificado por crime sexual. A recidiva no cometimento de crimes sexuais por parte dos agressores, reafirma ainda mais a importância do uso dos bancos de perfis genéticos e reflete a não aplicação de pena aos delituosos, os quais, estando em livramento, seguem incorrendo em crime.

Apesar da possível subestimação do número de coincidências deste projeto, foi observado uma associação linear positiva muito forte ($r = 0,9542$) e com diferença significativa ($p < 0,05$) entre o aumento do número de perfis genéticos cadastrados e o número de coincidências genéticas (Tabela 21 e Figura 6).

Tabela 21. Evolução dos números de perfis genéticos inseridos e de coincidência genéticas obtidas.

	Número de perfis genéticos relacionados a crimes sexuais	Número de coincidências genéticas de crimes sexuais identificadas	r^1	p^1
Maio de 2017	160	35	0,9542	0,0458
Novembro de 2017	260	36		
Maio de 2018	374	64		
Setembro de 2018	487	96		
Total				

¹ Correlação de Pearson, variáveis seguem distribuição normal.

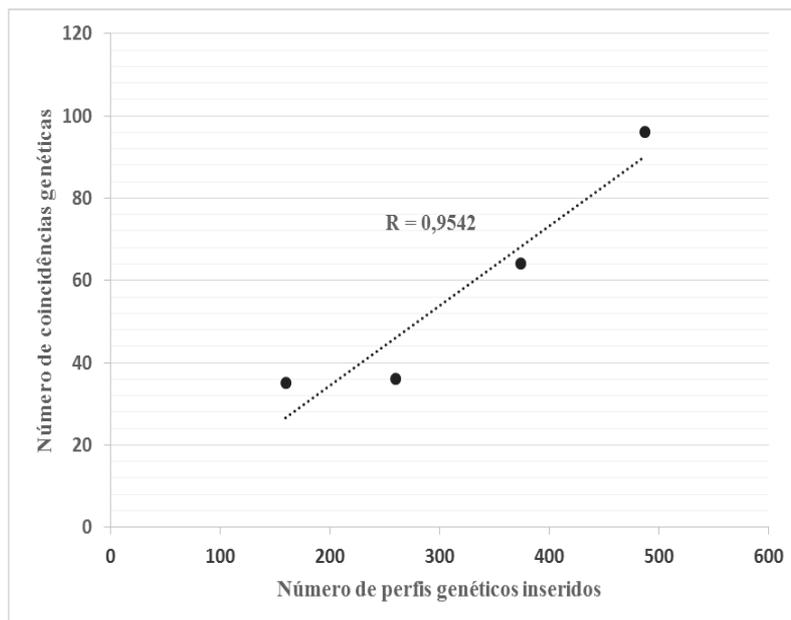


Figura 6. Correlação entre os números de coincidência genéticas obtidas e de perfis genéticos inseridos.

Para correlacionar o aumento de perfis genéticos provenientes de vestígios de crimes sexuais no BPG-SPTC-GO com o aumento de coincidências identificadas, o ideal seria que o banco sofresse alterações na quantidade de perfis genéticos apenas em consequência dos casos selecionados e processados neste trabalho. Entretanto, essa situação não foi viável já que se trata de uma ferramenta de necessário uso contínuo para as investigações criminais. Ou seja, não foi possível isolar outras variáveis que também possam ter colaborado com o aumento no número de coincidências genéticas como as inserções de perfis genéticos de vestígios relacionados a outros tipos penais e de indivíduos cadastrado criminalmente.

Além disso, ao se tratar da avaliação do uso de bancos de perfis genéticos como ferramenta de elucidação criminal, deve-se considerar todas as variáveis interferentes na quantidade e na natureza dos perfis genéticos inseridos como também o cenário do sistema de segurança pública. Aquelas podem ser mensuradas e analisadas estatisticamente, já a eficácia do sistema de segurança pública envolve aspectos políticos e jurídicos (GRAZINOLI; LEAL, 2015).

Apesar disso, podemos afirmar que os resultados deste trabalho, pelo menos não sofreram interferências das variações de quantidade de perfis genéticos relacionados a outros tipos de crime e relacionados a indivíduos cadastrados criminalmente que ocorreram concomitantemente com as variações geradas pelo desenvolvimento do projeto. Isso porque, todas as coincidências observadas ou envolviam apenas os casos processados em decorrência do projeto ou envolviam casos processados em decorrência do projeto com casos já inseridos no banco previamente, ou seja, antes do desenvolvimento do trabalho.

Ainda dentro da questão de quantidade de perfis genéticos cadastrados, segundo estudos, a probabilidade de se obter coincidências genéticas ao se cadastrar um perfil genético de vestígio relacionados a crimes ainda não solucionados é diretamente proporcional à quantidade de perfis de criminosos e de vestígios já inseridos no banco, ou seja, quanto maior a quantidade de perfis genéticos cadastrados, maior será a possibilidade de ocorrência de novos *matches* (MAPES et al, 2015; JOH, 2014; INTERPOL, 2009). Dessa forma, deve-se sempre fomentar o aumento do número de perfis genéticos cadastrados nos bancos, para este crescimento gerar reflexos positivos no volume de *hits*.

No entanto, apesar de o número de perfis genéticos cadastrados nos bancos gerar efeitos positivos no reconhecimento de *matches*, outros aspectos devem ser considerados. Um banco de perfis genéticos que apresenta apenas perfis das categorias de indivíduos cadastrados criminalmente não terá coincidências genéticas e, conseqüentemente, não oferecerá auxílio às investigações criminais. Da mesma forma, um banco de perfis genéticos que apresenta preponderância de perfis oriundos das categorias de vestígios, apresentará *matches* que permitem a percepção de agressão em série, informação esta valiosa para as investigações, entretanto ainda sem identificação de autoria.

Essas condições interferentes podem ser observadas no próprio cenário brasileiro, no qual, estados que, apesar de não terem um número expressivo de perfis genéticos cadastrados, encontram-se em destaque em relação ao número de coincidências genéticas identificadas e investigações auxiliadas, como o caso do Estado de Goiás, que se encontram em sétimo lugar em número de perfis genéticos cadastrados e terceiro no *ranking* de coincidências genéticas e investigações auxiliadas (Tabela 22) (RIBPG, 2018c). Tanto que, no contexto nacional, apesar de ser observado uma correlação linear positiva entre a quantidade de perfis genéticos com o número de coincidências genéticas identificadas, essa correlação é moderada ($r = 0,4805$ e $p < 0,05$) (Tabela 22 e Figura 7).

Tabela 22. Números de coincidência genéticas obtidas e de perfis genéticos inseridos no contexto nacional.

Bancos de perfis genéticos	Número de coincidências genéticas identificadas ¹	Número de perfis genéticos cadastrados ¹	r^2	p^2
São Paulo	133	2428		
Polícia Federal	128	1837		
Goiás	51	635		
Paraná	37	679		
Paraíba	23	366		
Rio Grande do Sul	16	1178		
Minas Gerais	16	1141		
Amazonas	12	131	0,4805	0,0319
Mato Grosso do Sul	10	335		
Mato Grosso	6	148		

Bancos de perfis genéticos	Número de coincidências genéticas identificadas ¹	Número de perfis genéticos cadastrados ¹	r^2	p^2
Bahia	4	222		
Pará	4	748		
Distrito Federal	3	509		
Amapá	2	131		
Santa Catarina	2	275		
Pernambuco	1	366		
Rio de Janeiro	0	510		
Maranhão	0	477		
Ceará	0	451		
Espírito Santo	0	237		

¹ Dados obtidos do VIII Relatório da RIPBG (RIBPG, 2018c).

² Correlação de Spearman, variáveis não seguem distribuição normal.

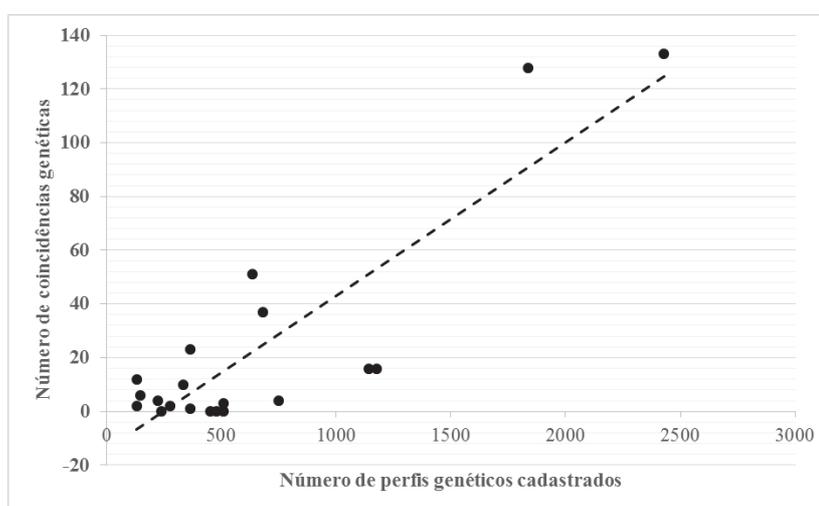


Figura 7. Correlação entre os números de coincidência genéticas obtidas e perfis genéticos inseridos no contexto nacional.

Dessa forma, nota-se que para otimizar o número de obtenção de coincidências genéticas e, conseqüentemente, os subsídios às investigações policiais, deve-se fomentar o aumento de cadastro de perfis nos bancos, entretanto esse aumento deve estar atrelado a uma maior variabilidade de perfis genéticos inseridos, ou seja, sem primazia de categorias.

Ao encontro dessas análises, a SENASP já está desenvolvendo ações de incentivo, sendo que já se encontram em andamento dois grupos de trabalho voltados para potencializar a inserção de perfis genéticos relacionados a indivíduos cadastrados criminalmente e de vestígios sexuais que ainda não foram submetidos a Exame de DNA (MSP, 2018a; MSP, 2018b; RIBPG, 2018a).

5.3 Casos práticos de elucidação criminal

Com o desenvolvimento deste trabalho, 32 investigações foram auxiliadas por meio de 60 coincidências genéticas identificadas. Abaixo seguem exemplos de coincidências genéticas obtidas em consequência do desenvolvimento deste trabalho.

As coincidências do tipo *forensic hit* ainda sem autoria definida, ou seja, com as quais foi possível apenas identificar a agressão em série por um mesmo agressor, não foram apresentadas em esquemas de forma a preservar a evolução das investigações criminais. Com essas coincidências foi possível identificar a existência de três agressores relacionados a nove vítimas.

Na Figura n.º 8, é possível observar coincidências genéticas do tipo *forensic hit* e de nível nacional, relacionando um agressor a seis vítimas, das quais duas eram do Estado de Goiás. A elucidação dos casos das vítimas do estado de Goiás ocorreu aproximadamente seis anos após a ocorrência do delito.

Na Figura n.º 9, é possível observar coincidências genéticas do tipo *offender hit* e de nível estadual, relacionando um agressor a duas vítimas. A elucidação de um dos casos ocorreu aproximadamente dois anos após a ocorrência dos delitos.

Na Figura n.º 10, é possível observar coincidências genéticas do tipo *offender hit* e de nível estadual, relacionando um agressor a três vítimas. A elucidação dos casos ocorreu aproximadamente quatro anos após a ocorrência dos delitos.

Nas Figuras n.ºs 11 e 12, é possível observar coincidências genéticas tipo *forensic hit* e de nível estadual, relacionando um agressor a sete vítimas. A elucidação dos casos das seis vítimas sem suspeito ocorreu aproximadamente dois anos após a ocorrência dos delitos.

Na Figura n.º 13, é possível observar coincidências genéticas tipo *forensic hit* e de nível estadual, relacionando um agressor a duas vítimas. A elucidação de um dos casos ocorreu aproximadamente dois anos após a ocorrência dos delitos.

Na Figura n.º 14, é possível observar coincidências genéticas tipo *forensic hit* e de nível estadual, relacionando um agressor a duas vítimas. A elucidação de um dos casos ocorreu aproximadamente dois anos após a ocorrência dos delitos.

Com esses casos práticos, nota-se a potencialidade atemporal do uso de bancos de perfis genético para a resolução de crimes sexuais sem suspeito. Essa potencialidade elucidativa será melhor exposta e discutida no subitem 5.6.

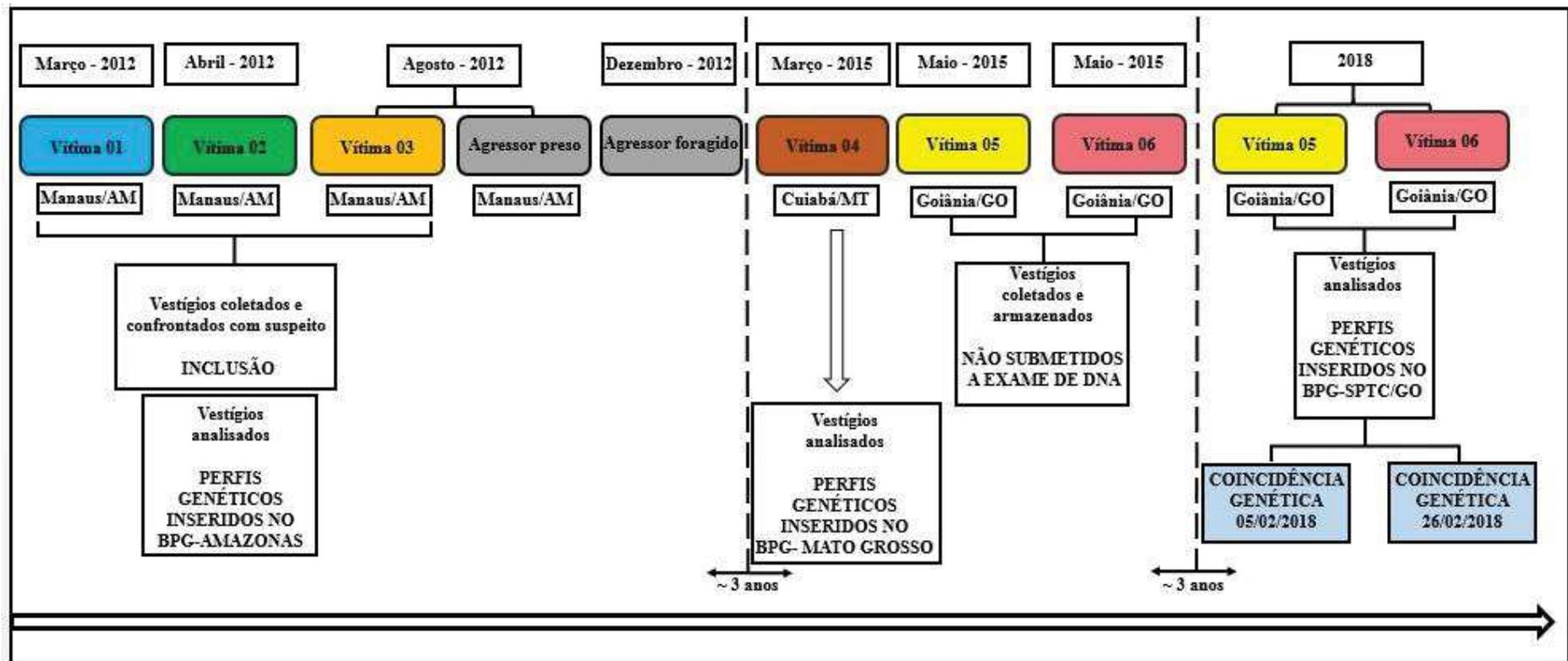


Figura 8. Coincidências genéticas tipo *forensic hit* e de nível nacional relacionando um agressor a seis vítimas.

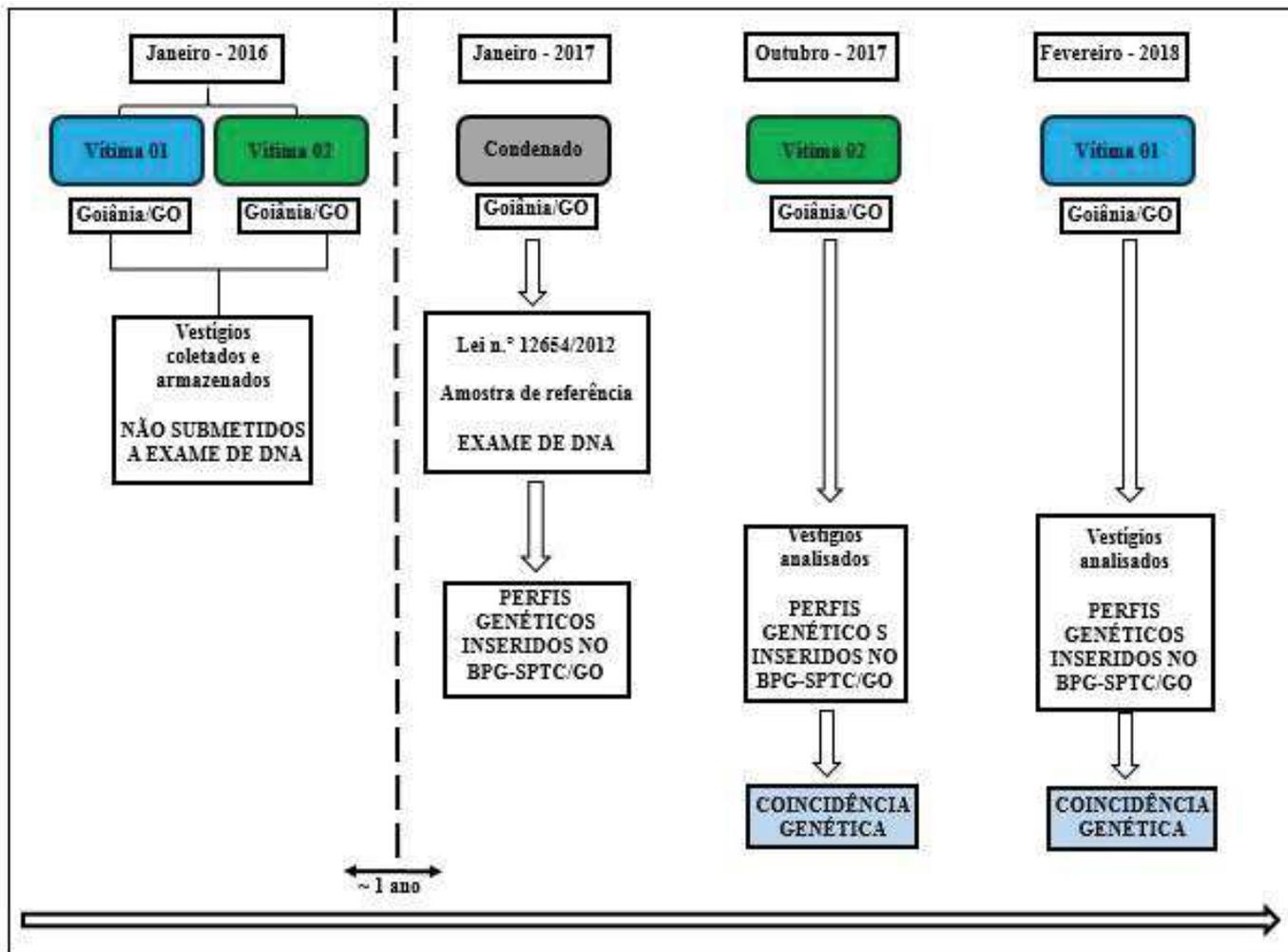


Figura 9. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a duas vítimas.

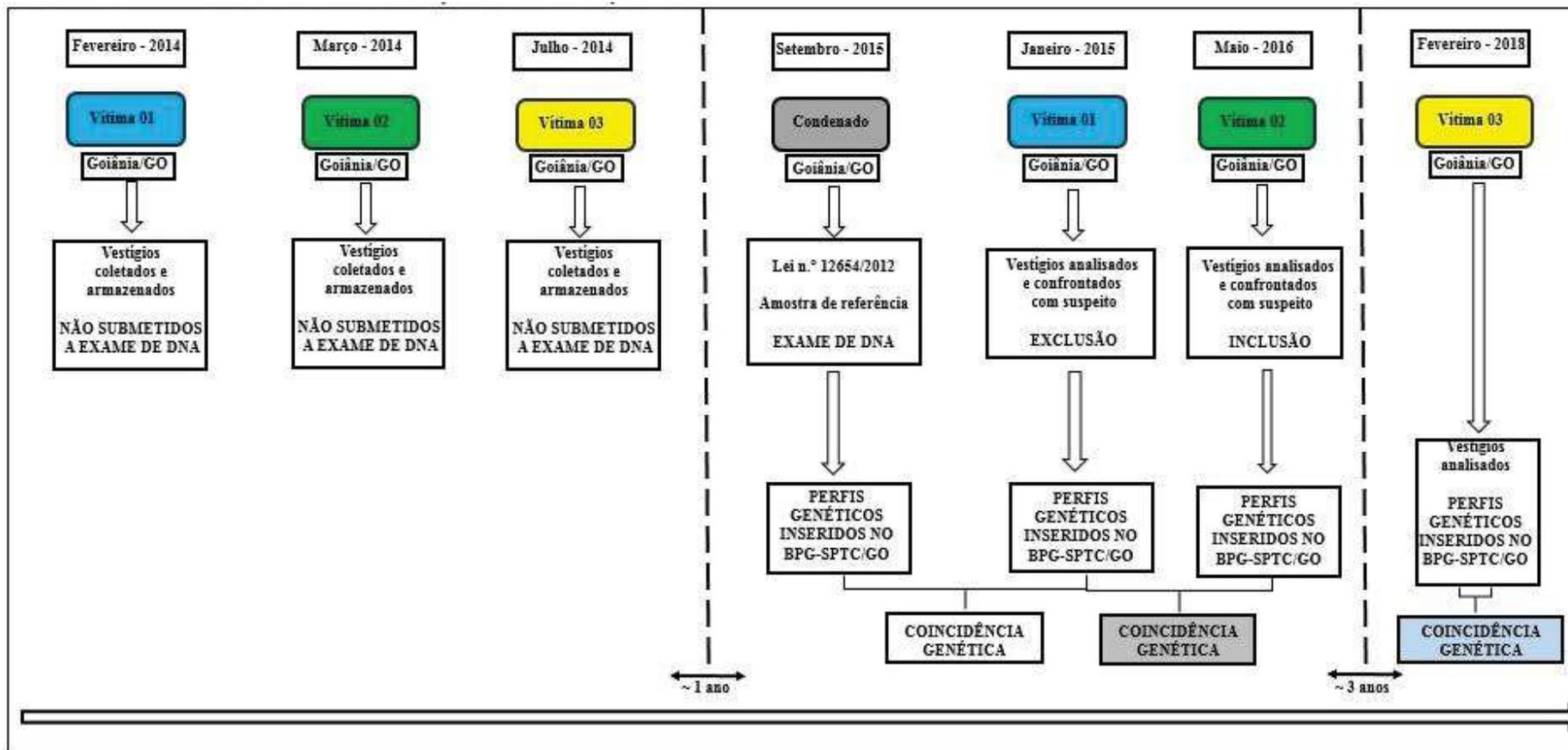


Figura 10. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a três vítimas.

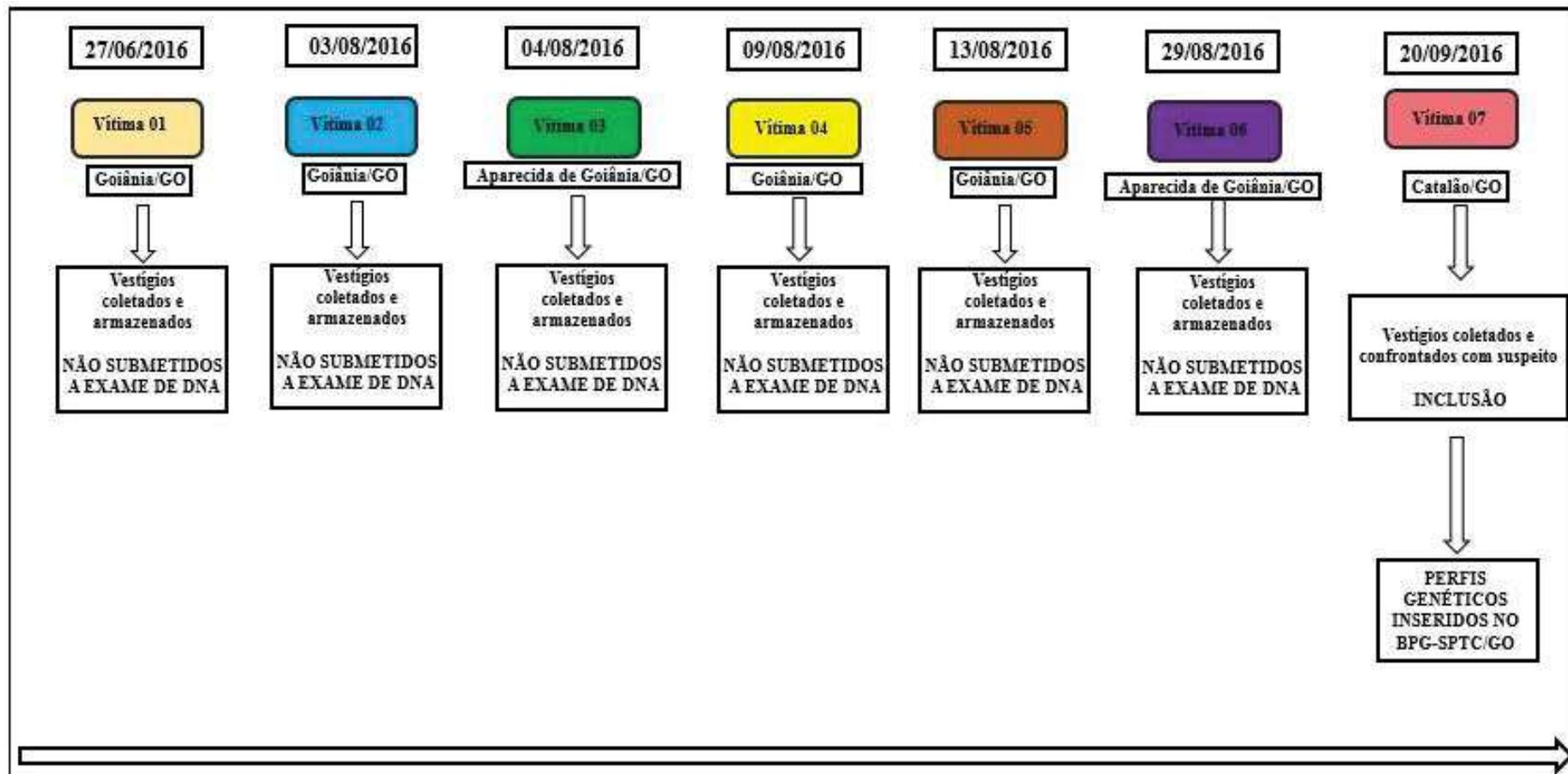


Figura 11. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a sete vítimas.

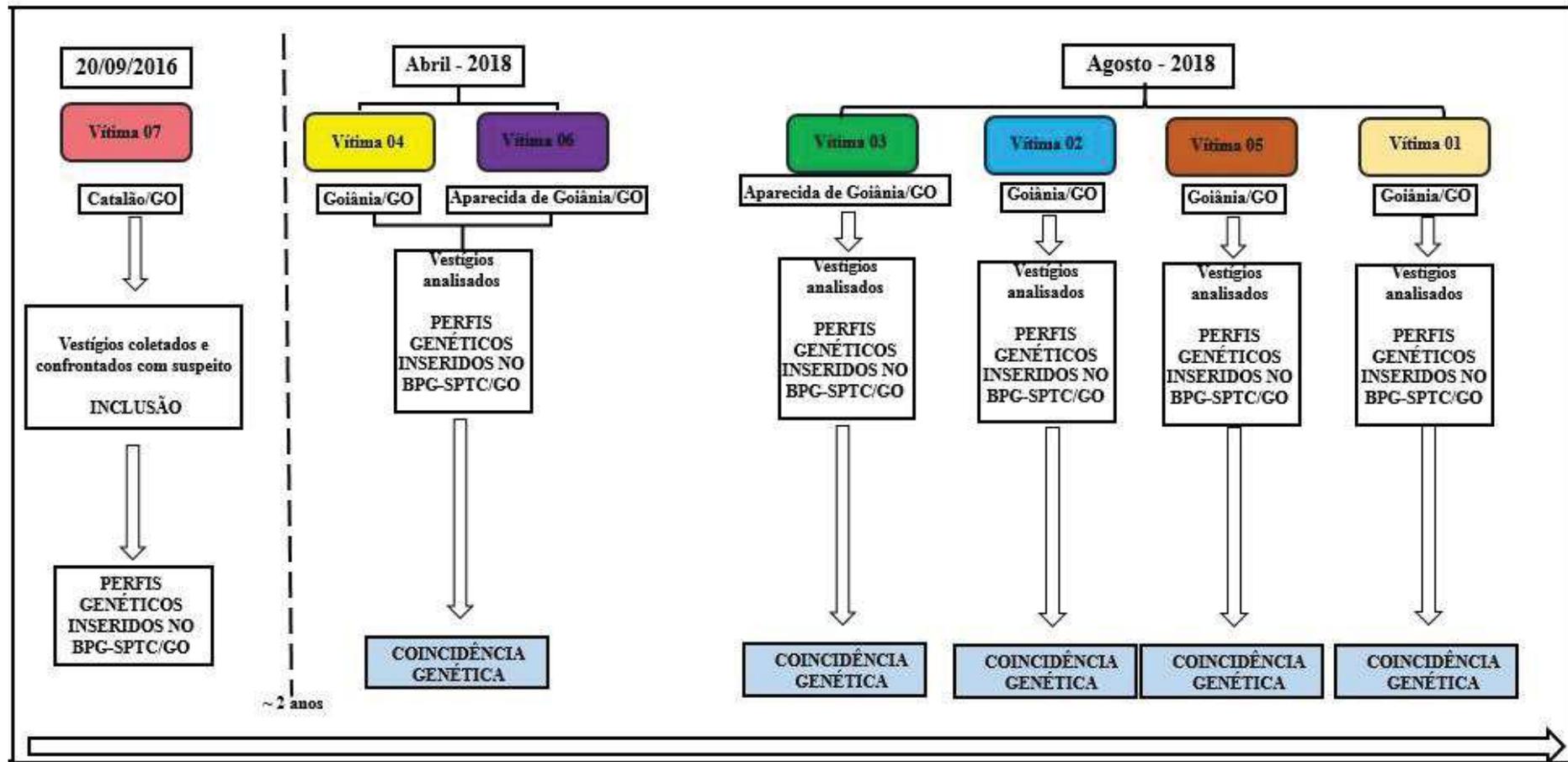


Figura 12. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a sete vítimas.

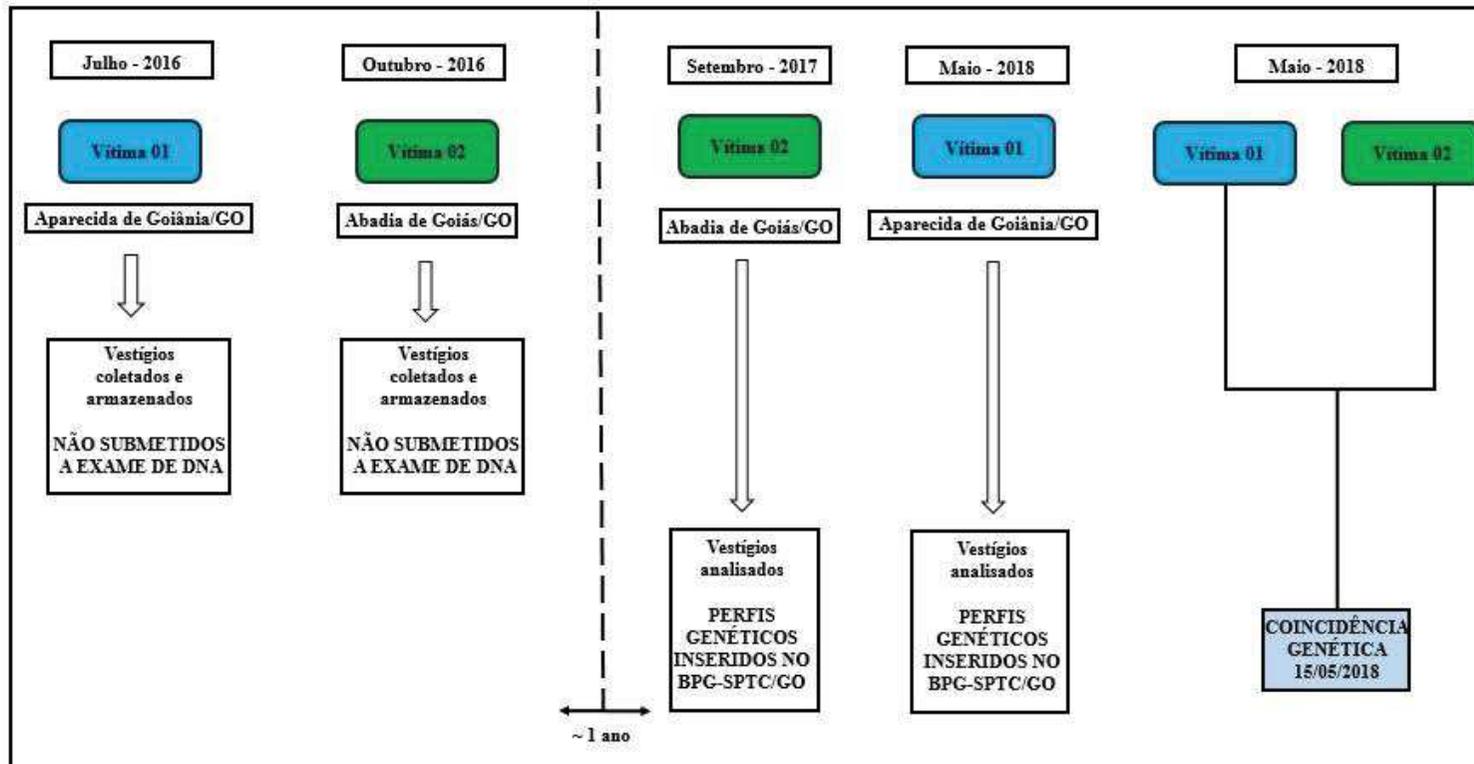


Figura 13. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a duas vítimas.

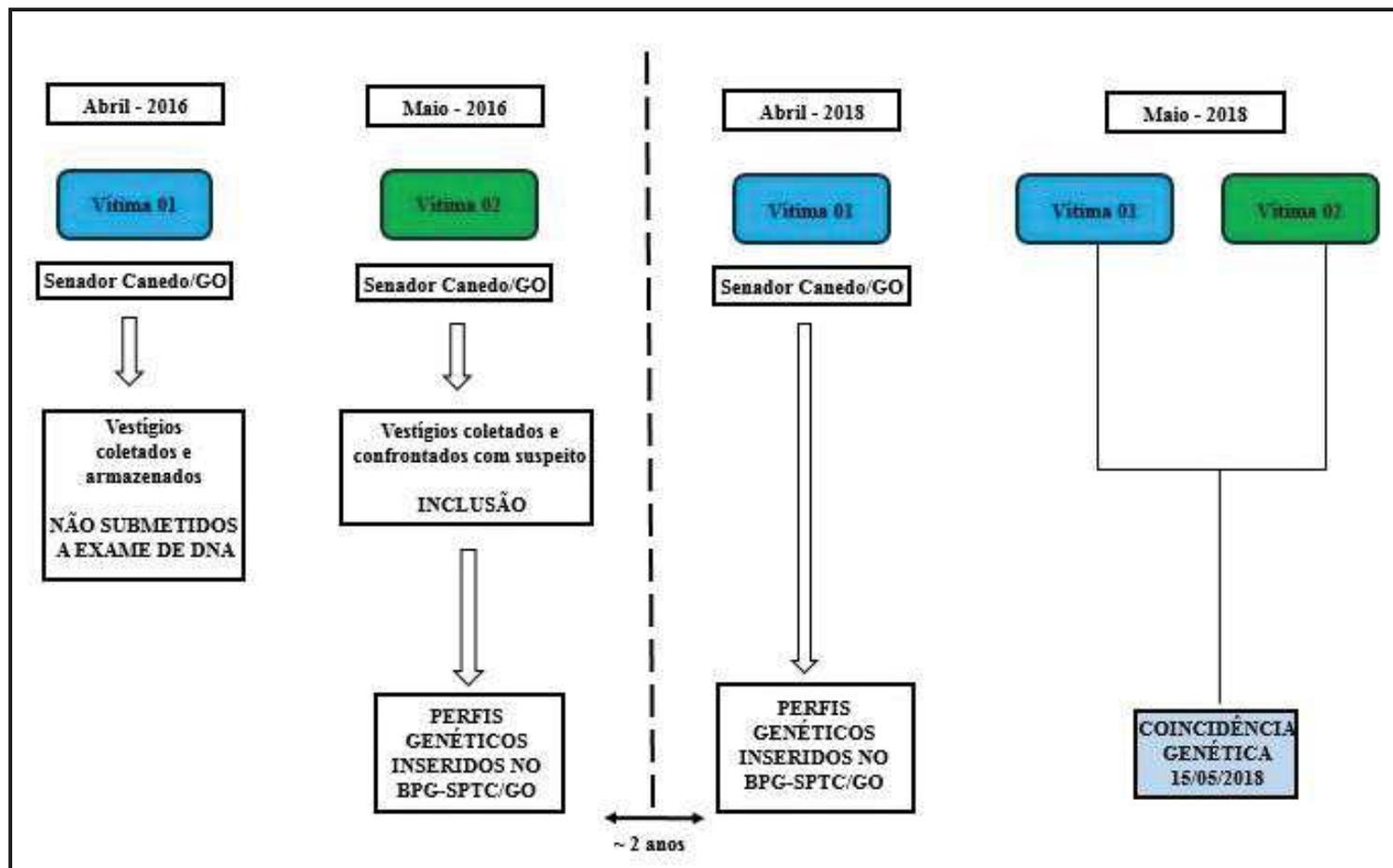


Figura 14. Coincidências genéticas de nível estadual relacionando um agressor a duas vítimas.

5.4 Dados de procedimentos técnicos e qualidade de perfis genéticos

O alcance de perfis genéticos de qualidade é um ponto desafiador quando se trata de amostras forenses, pois a escassez de DNA e a degradação são características inerentes das amostras oriundas de cenas de crime (RODRIGUES et al, 2016; VELHO J A et al, 2013). E, ao se tratar de vestígios de crimes sexuais, ainda se tem mais obstáculos, como a mistura de material biológico entre vítima e agressores e a possibilidade de pequena quantidade de DNA do autor, podendo esta ser causada pela não ocorrência de ejaculação, pelo uso de preservativos, pelo lapso temporal entre a ocorrência do fato e a coleta das amostras e pela própria higienização que a vítima faz logo após ter sofrido a violência (TIMKEN et al, 2018; KLEIN; BUONCRISTIANI, 2017; PURPS et al, 2015; BUTLER, 2012; BUTLER, 2010).

Na literatura, ainda não há estudos que avaliam a obtenção ou não de perfis genéticos de qualidade, visando inserção em bancos de perfis genéticos, sendo este trabalho pioneiro nessa temática.

5.4.1 Análise de taxa de amostras com qualidade para inserção

Neste trabalho, do total de 275 amostras analisadas, 202 (73,45 %: 67,94% a 78,32% – IC 95%) apresentaram perfis genéticos de qualidade para inserção. Contabilizando em número de casos, dos 214 casos examinados, 176 (82,24%) foram inseridos no BPG-SPTC/GO (Figura 5) (Tabelas 23 e 24). Dessa forma, notou-se uma alta taxa de cadastramento de perfis genéticos a partir de amostras de triagem positiva para espermatozoides.

Tabela 23. Prevalência de inserção de casos no BPG-SPTC/GO.

Inserção no BPG-SPTC/GO	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Sim	176 (82,24%)	76,45% a 87,12%
Não	38 (17,76%)	12,88% a 23,55%
Total	214 (100%)	

Tabela 24. Prevalência de inserção de amostras no BPG-SPTC/GO.

Inserção no BPG-SPTC/GO	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Sim	202 (73,45%)	67,94% a 78,32%
Não	73 (26,55%)	23,70% a 34,34%
Total	275 (100%)	

Apesar de na literatura internacional ter vários trabalhos com a mesma abordagem, não foi possível realizar a comparação dos resultados obtidos com todos eles, devido às diferenças na maneira de plotar os resultados e ainda porque, em alguns trabalhos, certos dados importantes não foram reportados como o número de amostras analisadas e número de casos

com perfis genéticos elegíveis para *upload* em banco de perfis genéticos (NELSON, 2013; JOHNSON et al, 2012).

Nos EUA, os estudos que envolvem análise de vestígios de crimes contra a pessoa, crimes esses de diferentes propriedades, revelam que cerca da metade dos casos analisados apresentam perfis genéticos elegíveis para inserção (CAMPBELL et al, 2016c). Os estudos, no geral, apresentam essa taxa de qualidade de inserção apenas para volume de amostra e não por número de casos de violência sexual (CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2015b; PETERSON J. et al, 2012).

Em estudos semelhantes a este, Campbell et al (2016a), testaram 894 vestígios de crimes sexuais, dos quais 419 tiveram qualidade para *upload* no banco de perfis genéticos do EUA, ou seja, 47% das amostras, valor este baixo quando comparada com o desenvolvido neste trabalho. Peterson et al (2012) também realizou estudo em Los Angeles, em que foram analisadas 1320 amostras, das quais 699 tiveram perfis inseridos no banco, logo com taxa de inserção de 53%. Com isso, nota-se diferença significativa, sendo maior a taxa de amostras com qualidade para inserção deste trabalho ($p < 0,0001$ e $p = 0,0018$). Essa diferença também é evidente quando se compara à rotina tradicional do LBDF-SPTC-GO/GO ($p < 0,0001$) (Tabela 25).

Tabela 25. Comparação de taxas de amostras de crimes sexuais com qualidade para inserção.

Estudo	Número de amostras analisadas	Número de amostras com qualidade para inserção	Taxa	$p^{1,2}$
Projeto – BPG-SPTC/GO	275	202	73,45%	-----
Rotina – LBDF-ICLR-SPTC/GO	993	413	41,59%	< 0,0001
Campbell et al (2016)	894	419	47,00%	< 0,0001
Peterson et al (2012)	1320	699	53,00%	0,0018

¹ Qui-quadrado com correção de Yates: comparação entre a taxa do Projeto BPG-SPTC/GO com outros estudos.

Essa discrepância do sucesso de amostras com qualidade para cadastro em bancos de perfis genéticos entre os trabalhos internacionais e este trabalho pode ser atribuída à diferença nos critérios de inclusão estabelecidos, já que, naqueles foram contemplados todos os casos de crimes sexuais que ainda não haviam sido submetidos a exame de DNA e que a investigação ainda se encontrava aberta, ou seja, sem deixar claro se houve priorização de análise de amostras com triagem positiva para espermatozoides. Além disso, nos trabalhos não foi apresentado em detalhes os critérios de qualidade de perfis genéticos para inserção. Já a

disparidade com a rotina do LBDF-ICLR-SPTC/GO pode ser designada apenas à análise genética sem eleger prioridade de processamento por amostras que contém esperma, já que os exames são realizados conforme ordem cronológica e as prioridades regulamentadas (GOIAS, 2016).

Outro fator de sucesso de inserções neste trabalho deve-se às adaptações na metodologia de extração diferencial de DNA, que proporcionaram uma melhor separação entre as frações FE e FNE, possibilitando, assim, uma maior quantidade de perfis únicos masculinos na FE ou de misturas com possibilidade de atribuição do perfil genético ao agressor.

5.4.2 Análise de motivos de não inserção

Dentre as 73 amostras que não apresentaram êxito para inserção no BPG-SPTC/GO, que correspondiam a 38 casos de crimes sexuais (Figuras 5), observou-se como principal motivo a obtenção de perfis genéticos de mistura sem qualidade para inserção, nos quais não foi possível atribuir o genótipo do agressor, sendo sua predominância significativa reconhecida pela própria não sobreposição dos intervalos de confiança das frequências dos motivos evidenciados (Tabela 26). É importante ressaltar que foram realizados reexames desde a extração de todas as amostras que, inicialmente, não apresentaram perfis genéticos de qualidade. Em alguns casos, após a repetição dos exames, logrou-se sucesso com a obtenção de perfis genéticos de qualidade, entretanto dados relacionados às repetições de exames não foram coletados para análise.

Tabela 26. Prevalência dos motivos de não inserção no BPG-SPTC/GO.

Tipo de motivo	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Mistura sem qualidade	21 (55,26%)	38,30% a 71,38%
Número insuficiente de marcadores requeridos	3 (7,89%)	1,66% a 21,38%
Insuficiência de DNA masculino	4 (10,53%)	2,94% a 24,80%
Outro ¹	10 (26,32%)	13,40% a 43,10%
Total	38 (100%)	

¹ relacionados a histórico dos fatos e origem de coleta dos vestígios.

Apesar de as características inerentes dos vestígios de crimes sexuais dificultarem a obtenção de perfis genéticos de qualidade para inserção em bancos de dados (TIMKEN et al, 2018; BUTLER, 2010), em relação à questão de motivos de não inserção, na literatura atual, não foram encontrados estudos que contemplassem essa temática. Os trabalhos sempre mantêm o enfoque nas taxas e proporções referentes aos casos inseridos nos bancos de perfis genéticos. Entretanto, julgamos ser uma variável de importante análise, pois os critérios para

inserção normatizados podem ser alterados ao longo do tempo e também esses dados podem subsidiar as tomadas de decisões em relação à revisão desses preceitos e na escolha de tipos de amostras que devem ser priorizadas com o intuito de se potencializar o aumento de perfis genéticos cadastrados nos bancos.

Ainda, dentro dessa questão de perfis genéticos de mistura, tem-se a problemática dos perfis genéticos de mistura balanceada em que não é possível atribuir o genótipo do agressor, os quais não podem ser submetidos ao BNPG. Logo, pode ser que, em situações de crimes sexuais interestaduais, alguns casos não sejam elucidados, já que essas situações ficam cadastradas apenas nos bancos de perfis genéticos estaduais (RIBPG, 2017). Porém, para este trabalho, foram inseridos no BPG-SPTC-GO apenas os perfis que puderam ser encaminhados ao BNPG. Novas perspectivas tecnológicas para análise de deconvolução de misturas por sequenciamento genético de nova geração podem dirimir essa problemática, sendo, nessas situações, a análise da amostra biológica de referência da vítima indispensável (WILLIAMSON et al, 2018; STROM; HICKMAN, 2010).

Por fim, discussões acerca da possibilidade de diminuição do número de marcadores genéticos requeridos para inserção poderão ser levantadas, para que assim, mais casos possam ser agregados. Entretanto, ao se tratar de amostras de crimes sexuais com presença de espermatozoides, nota-se que a não obtenção do número mínimo de marcadores requeridos foi o menor percentual de motivo de não inserção (Tabela 26).

Mesmo com essas evidências, para um diagnóstico mais amplo, estudos que englobem todas as naturezas de vestígios de crimes sexuais são necessários.

5.4.3 Análise da natureza da amostra e tipos de perfis genéticos obtidos

Sob o ponto de vista da natureza da amostra, notou-se uma maior prevalência de inserção de perfis genéticos obtidos a partir de secreções vaginais (83,52%), já que dos 176 casos inseridos, 147 foram registrados com perfis genéticos obtidos de secreções vaginais (Tabela 27). Seria então secreção vaginal o melhor tipo de amostra para se obter perfis genéticos de qualidade para inserção no BPG-SPTC/GO ao se tratar de crimes sexuais com vestígios com presença de SPTZ? Trata-se de uma avaliação de elevada complexidade.

Essa proporção elevada não deve ser atribuída exclusivamente à natureza da amostra, pois há interferência de diversos fatores. Um deles é que secreção vaginal é o tipo de amostra mais comumente encaminhada para realização de exames periciais complementares (Tabela 28) (FFLM, 2018). Tanto que, analisando a magnitude dos intervalos de confiança das frequências de inserção e de encaminhamento de amostras do tipo secreções vaginais, nota-se

uma diferença altamente significativa com as demais categorias de amostras (Tabelas 27 e 28). Outro fator é que, por se tratar de um canal interno do corpo da vítima, há uma menor exposição do material e, conseqüentemente, sua melhor conservação (BUTLER, 2015; BUTLER, 2012).

Tabela 27. Prevalência de tipos de amostras inseridas no BPG-SPTC/GO.

Tipo de amostra	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Secreção vaginal	147 (83,52%)	77,20% a 88,68%
Secreção anal	7 (3,98%)	1,61% a 8,02%
Vestimenta	9 (5,11%)	2,36% a 9,49%
Preservativo	2 (1,14%)	0,14% a 4,04%
Objetos	1 (0,57%)	0,01% a 3,12%
Outros	10 (5,68%)	1,96% a 12,92%
Total	176 (100%)	

Tabela 28. Tipos de amostras encaminhadas para Exame de DNA dos casos inseridos no BPG-SPTC/GO.

Tipo de amostra	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Secreção vaginal	106 (60,23%)	52,59% a 67,51%
Secreção anal	1 (0,57%)	0,01% a 3,12%
Secreções vaginal e anal	15 (8,52%)	4,85% a 13,67%
Vestimenta	6 (3,41%)	1,26 a 7,27%
Preservativo ¹	---	----
Objetos	1 (0,57%)	0,01% a 3,12%
Vários tipos de amostras	43 (24,43%)	18,28% a 31,47%
Outros	6 (2,27%)	0,28% a 8,08%
Total	(100%)	

¹Amostras do tipo preservativo não foram encaminhadas isoladamente.

Ao mesmo tempo, deve-se considerar que secreção vaginal foi a categoria de amostra mais relacionada aos casos que não foram inseridos no BPG-SPTC/GO devido à obtenção de perfis genéticos de mistura sem qualidade para inserção (66,67%), já que por ser oriunda de cavidade interna do corpo da vítima, espera-se, naturalmente que seja coletada uma quantidade considerável de material biológico da mesma juntamente com o vestígio de sêmen (Tabela 29).

Tabela 29. Prevalência de tipos de amostras analisadas nos casos não inseridos no BPG-SPTC/GO por motivo de mistura sem qualidade.

Tipo de amostra	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Secreção vaginal	14 (66,67%)	43,03% a 85,41%
Secreção anal	3 (14,29%)	3,05% a 36,34%
Vestimenta	1 (4,76%)	0,12% a 23,82%
Vários tipos de amostras	2 (9,52%)	1,17% a 30,38%
Secreções não identificadas	1 (4,76%)	0,12% a 23,82%
Total	21 (100%)	

Dessa forma, baseando-se nos dados de prevalência de tipos de amostras inseridas, confrontados com os de prevalência das amostras encaminhadas para exame e com demais

aspectos intrínsecos da natureza da amostra, não podemos afirmar que secreção vaginal é a melhor classe de vestígio para se obter perfis genéticos de qualidade para inserção no BPG-SPTC/GO ao se tratar de crimes sexuais com vestígios que apresentam positividade para espermatozoides.

Perscrutando ainda mais nesse campo de qualidade de perfis genéticos, com o uso da metodologia de extração diferencial, espera-se a separação completa do material genético entre as frações FNE e FE, com o objetivo principal de se obter um perfil interpretável do doador da fração espermatozoide (BUTLER 2012). De todos exames realizados nesta pesquisa (214), em aproximadamente 60% dos casos não foi possível uma separação completa entre as fases (Tabela 30 e Figura 15), sendo esse índice semelhante à prevalência do uso de perfis genéticos de mistura para inserção no BPG-SPTC/GO (57,39%) e maior quando comparado com a inserção por meio de perfis genéticos únicos ($p=0,0076$) (Figura 15) (Tabela 31).

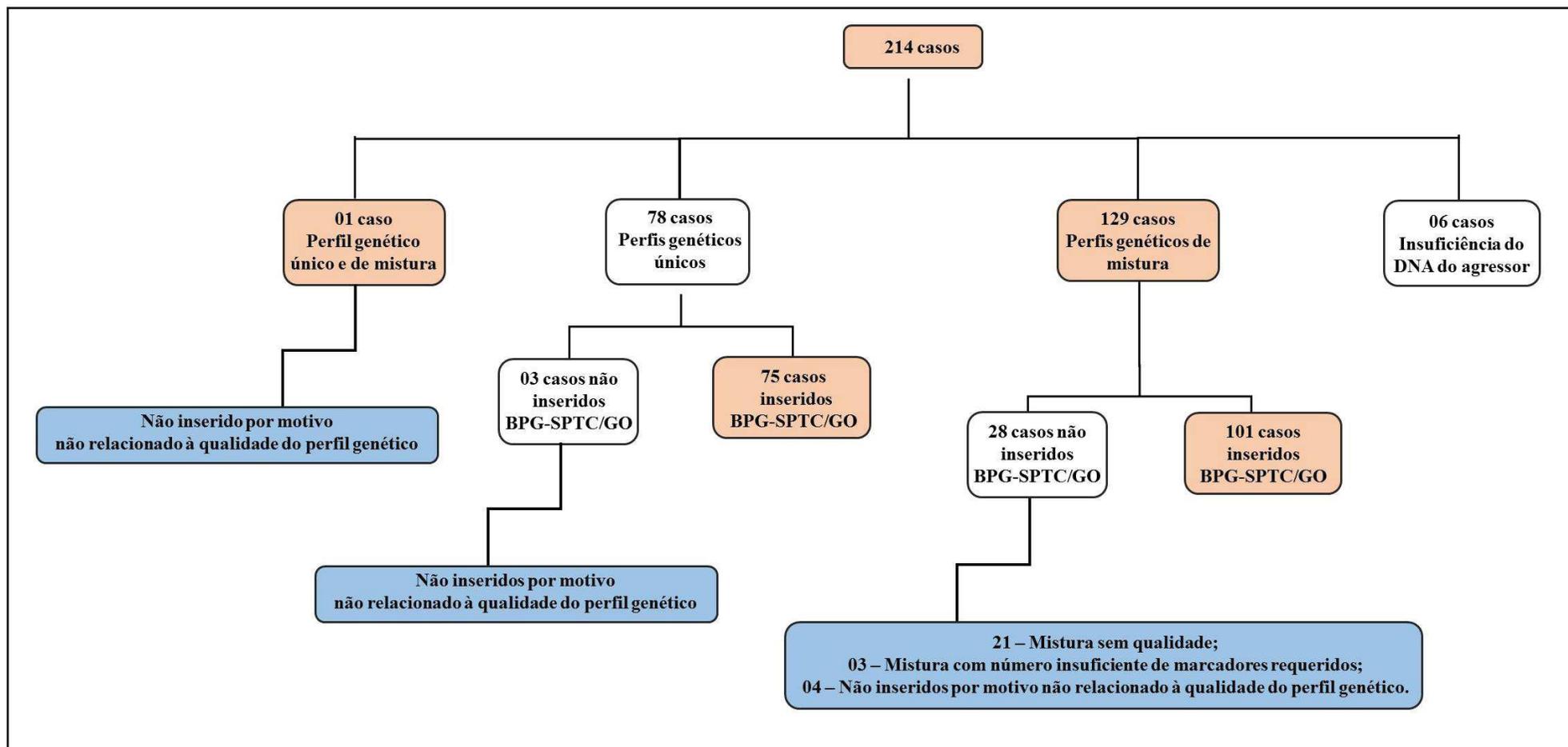


Figura 15. Fluxograma dos exames: tipos de perfis genéticos obtidos e sucesso de inserção no BPG-SPTC/GO.

Tabela 30. Prevalência de tipos de perfis genéticos obtidos nos exames realizados.

Tipo de perfil genético	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)
Perfil único	78 (36,45%)	30,00% a 43,28%
Perfil de mistura	129 (60,28%)	53,39% a 66,89%
Insuficiência de DNA do agressor	6 (2,80%)	1,04% a 6,00%
Outro	1 (0,47%)	0,01% a 2,58%
Total	214 (100%)	

Tabela 31. Prevalência de tipos de perfis genéticos utilizados para inserção no BPG-SPTC/GO.

Tipo de perfil genético	Frequência	Intervalo de Confiança (95%)	p^1
Perfil único	75 (42,61%)	35,20% a 50,28%	0,0076
Perfil de mistura	101 (57,39%)	49,72% a 64,80%	
Total	176 (100%)		

¹ Qui-quadrado com correção de Yates.

Apesar de na literatura internacional ter vários trabalhos com a temática de processamento em larga escala de vestígios de crimes sexuais associados ao uso de bancos de perfis genéticos, nenhum desses trabalhos abordaram a questão de tipo de perfis genéticos obtidos e suas prevalências em relação à inserção em bancos de dados, impossibilitando assim a comparação dos dados (CAMPBELL et al, 2016a; VALENTINE et al, 2016; NELSON, 2013; DONALD et al, 2012; PETERSON J. et al, 2012; STROM; HICKMAN, 2010). Com isso, estudos voltados para essa temática são oportunos para agregar conhecimento na discussão acerca da possibilidade de priorização de naturezas de amostras e também na otimização de protocolos de extração diferencial com vistas ao aumento de cadastro de perfis genéticos em bancos de dados.

Entretanto, apesar da obtenção de perfis genéticos de mistura na maioria dos casos e embora esse seja o motivo de não inserção mais prevalente, dentro os exames que resultaram em mistura, foi obtido sucesso de inserção de aproximadamente 80% (101/129 – 70,18% a 85,07% – IC 95%) (Figura 15). Isso porque, foi possível um discernimento acurado do genótipo do agressor, ou pela desproporção dos contribuintes da amostra (misturas desbalanceadas) ou pela exclusão do perfil genético da vítima sabidamente presente na amostra (misturas balanceadas); tarefa, essa, árdua ao se tratar de casos abertos, já que não se dispõe de amostras referências de suspeitos para confronto.

Esse alto índice de perfis genéticos de mistura com qualidade para inserção pode ser atribuído ao tipo de amostra trabalhada, já que, devido à presença de esperma, espera-se uma melhor detecção do DNA do agressor (TIMKEN et al, 2018; KLEIN; BUONCRISTIANI, 2017). Tanto que, em apenas seis casos (2,80%), não foi possível a genotipagem autossômica, sendo então possível apenas a amplificação de marcadores do cromossomo Y. Outra possível

contribuição é a metodologia de extração diferencial utilizada, procedimento técnico aprimorado e validado pela própria equipe do LBDF-ICLR-SPTC/GO, tendo como base as recomendações do fabricante (APPLIED BIOSYSTEMS 2008) e as normas gerais emitidas pela SENASP (DALTON et al 2013). Entretanto, esse protocolo ainda não foi publicado em meio científico, sendo ainda apenas de uso interno do LBDF-ICLR-SPTC/GO (GOIÁS, 2018).

Esses resultados relacionados aos tipos de perfis genético obtidos e à prevalência do tipo de perfil genético utilizado para inserção reafirmam o encadeamento entre vestígios de crimes sexuais e análise de misturas (RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2012). Com isso, deve-se sempre buscar o aprimoramento científico para interpretação de misturas e, ao mesmo tempo, buscar medidas que otimizem a obtenção de perfis genéticos únicos. Dentre essas condutas, podemos citar: buscas de melhorias nos protocolos de extração diferencial; diversificar, quando possível, a natureza de amostras forenses coletadas, já que certos tipos de vestígios estão mais associados à obtenção de perfis genéticos de mistura; e priorizar o processamento de amostras que, sabidamente, minimizam a ocorrência de perfis de mistura, como amostras com triagem positiva para sêmen e aquelas em que se espera uma menor quantidade de material biológico da vítima.

5.5 Histórico de autoria e o uso de banco de perfis genéticos

Devido aos trabalhos da literatura abordarem que a maioria dos casos de violência sexual são cometidos por agressores de convívio da vítima, ou seja, são de autoria conhecida, alguns autores, juízes e estudiosos do Direito Penal afirmam que a realização de Exame de DNA e o uso de bancos de perfis genéticos para investigação de crimes sexuais não são necessários e nem eficazes, alegando ser dispensável a análise dos vestígios (ISP-RJ, 2018; IPEA, 2017; SPOHN; TELLIS, 2014; STROM; HICKMAN, 2010).

Para os especialistas em Genética Forense, esse posicionamento, primeiramente desrespeita o Código de Processo Penal Brasileiro, já que a análise de vestígios é indispensável, mesmo com a confissão do acusado. Além disso, argumentam que uma pessoa ser agressor sexual dentro de seu círculo de convivência em nada impede a reprodução de violência fora deste ambiente (CAMPBELL et al, 2016b; ALBUQUERQUE et al, 2008; BRASIL, 1940).

Assim, em busca de avaliar a eficiência do uso de bancos de perfis genéticos para elucidação de crimes sexuais, neste trabalho avaliou-se a associação entre o histórico de

autoria com a obtenção de coincidências genéticas pelo BPG-SPTC/GO. Para essa análise, avaliou-se todos os casos que foram inseridos no BPG-SPTC/GO que dispunham da informação de histórico de autoria. Dessa forma, esta análise foi a única deste trabalho que englobou todos os casos de vestígios com presença de espermatozoides, independentemente do sexo da vítima e englobando tanto casos sem suspeitos como casos com suspeitos apresentados para confronto.

Com isso, dos 2165 casos de violência sexual que apresentaram vestígios com presença de SPTZ, 286 casos dispunham da informação da relação vítima-suspeito e foram submetidos ao exame de DNA. Desse total, 192 casos foram inseridos no BPG-SPTC/GO, dos quais 71 eram de agressor conhecido e 121 de agressor desconhecido (Figura 16).

Na Tabela e na Figura abaixo, podemos notar que nenhum caso de autoria conhecida apresentou coincidência genética no BPG-SPTC/GO. Logo, todas as coincidências genéticas foram relacionadas a casos com histórico de autoria desconhecida (100%: 91,41% a 100% - IC 95%) (Tabela 32 e Figura 16). Esses resultados refutam a ideia da não necessidade do uso de banco de perfis genéticos para investigação de crimes sexuais.

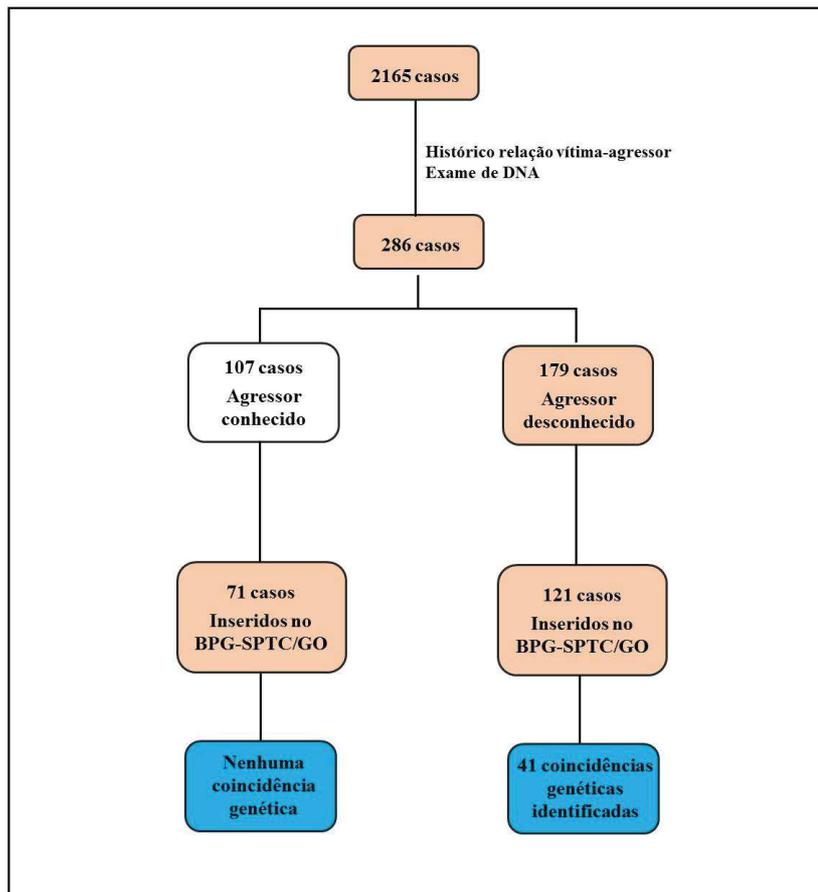


Figura 16. Fluxograma dos exames: relação vítima-agressor e sucesso de inserção no BPG-SPTC/GO.

Tabela 32. Avaliação de associação entre histórico de autoria e coincidências genéticas pelo BPG-SPTC/GO.

Histórico de autoria	Coincidência genética BPG-SPTC/GO		Total	p^1
	Sim	Não		
Desconhecido	41	80	121	<0,0001
Conhecido	0	71	71	
Total	41	151	192	

¹ Exato de Fisher.

Campbell et al (2016b) desenvolveram o primeiro trabalho da literatura com enfoque na comparação da análise genética entre casos de agressores estranhos e não-estranhos associada ao uso de bancos de perfis genéticos. Nele, os autores observaram que as ocorrências de *matches* eram mais prováveis para os casos de agressores estranhos do que para casos de autores conhecidos, com taxa de 35,1% e 22,9%, respectivamente.

Assim, evidenciaram que um caso de agressor estranho tem 1.53 vezes mais chances de gerar um sucesso de *hit* do que um caso de agressor não-estranho; reproduzindo estes dados de forma diferente, espera-se 2,89 *matches* a cada 8,25 casos de agressores desconhecidos e 1,89 *matches* quando testada a mesma quantidade de casos de agressores não

desconhecidos. Apesar dessas diferenças com predomínio de resultados com casos de agressores estranhos, a magnitude dessa diferença não ficou clara para os autores (CAMPBELL et al, 2016a; CAMPBELL et al, 2016b; WELLS, 2016).

Mesmo com a diferença observada, Campbell et al (2016a) concluíram que a probabilidade de obtenção de perfis genéticos com qualidade, de sucesso de cadastramento em bancos de perfis genéticos e de obtenção de *matches* são praticamente equivalentes entre SAKs de agressores estranhos e não-estranhos. Entretanto, outros estudos observaram maior probabilidade em casos de SAKs de agressores estranhos e até recomendam a priorização de processamento dos mesmos (DONALD et al, 2012; PETERSON J. et al, 2012).

Assim, os resultados obtidos neste trabalho destoam das conclusões apresentadas por Campbell et al (2016b), já que se observou predominância absoluta de *matches* em casos de agressores desconhecidos ($p < 0,0001$) (Tabela 32 e Figura 16), sendo que não foi possível a análise de risco, devido à ausência de coincidências genéticas relacionadas a casos de agressores conhecidos.

Essa diferença de resultados não pode ser em consequência da diferença do tamanho amostral entre os trabalhos, já que neste estudo as taxas de inserção entre casos de histórico de autoria conhecida e desconhecida foram próximas, sem diferença significativa (Tabela 33). Diferente disto, o trabalho de Campbell et al (2016) apresentou uma maior taxa de inserção de casos de agressor desconhecido, sendo talvez este um dos motivos dos autores indicarem a não superioridade de resultados em bancos de perfis genéticos com casos de autoria desconhecida, apesar de seus resultados indicarem que sim (Tabela 34).

Tabela 33. Taxas de inserção no BPG-SPTC/GO de acordo com a relação vítima-agressor.

Relação vítima-autor	Tamanho amostral: exame de DNA	Tamanho amostral: inserção no BPG-SPTC/GO	Taxa de inserção no BPG-SPTC/GO	p^1
Conhecido	107	71	66,35%	0,9977
Desconhecido	179	121	67,59%	

¹Qui-quadrado com correção de Yates.

Tabela 34. Taxas de inserção de Campbell et al (2016b) de acordo com a relação vítima-agressor.

Relação vítima-autor	Tamanho amostral: exame de DNA	Tamanho amostral: inserção	Taxa de inserção	p^1
Conhecido	449	180	40,44%	0,0141
Desconhecido	445	239	53,70%	

¹Qui-quadrado com correção de Yates.

Entretanto, deve-se considerar que a população de estudo de Campbell et al (2016), Detroit (EUA), pode apresentar características sociodemográficas e dados de violência não semelhantes ao Estado de Goiás. E que, apesar da não congruência com as recomendações de Campbell et al (2016b) no que se refere a taxas de *hits*, observou-se congruência em relação à taxa de *hits* de agressões em série, que foi maior significativamente em ambos os estudos nos casos de agressores desconhecidos (Tabela 35).

Tabela 35. Comparação entre as taxas de reincidência no BPG-SPTC/GO e de Campbell et al (2016b).

Estudo	Quantidade de <i>matches</i>		Taxa de reincidência		p^1
	Conhecido	Desconhecido	Conhecido	Desconhecido	
Projeto BPG-SPTC/GO	0	41	---	41 (100%)	---
Campbell et al (2016b)	103	156	18 (17,47%)	51 (32,69%)	<0,0001

¹Exato de Fisher: comparação entre as taxas de reincidência nos grupos de agressores conhecidos e desconhecidos.

Apesar disso, no geral, os estudos dão destaque para o uso de bancos de perfis genéticos em relação a agressores desconhecidos, mas também mostram que sua eficiência não pode ser descartada ao se tratar de agressores conhecidos (WANG; WEIN, 2018; CAMPBELL et al, 2016b). Como exemplo disso, tem-se os cálculos matemáticos realizados por Wang; Wein (2018), segundo os quais, um agressor estranho comete, em média, quase três vezes mais crimes adicionais do que um criminoso não-estranho; logo, para um infrator desconhecido, a probabilidade de seus crimes estarem armazenados em *backlog* é muito maior do que para um criminoso não-estranho. Eles ainda mensuraram a probabilidade de se identificar um novo crime sexual por análise de DNA com uso de bancos de perfis genéticos, sendo ela para casos de ofensores estranhos de 0,398 e de 0,145 para infratores não-estranhos.

Entretanto, pode-se dizer que existe um corpo limitado de pesquisas disponíveis para entender essa análise de agressões sexuais por agressores desconhecidos e conhecidos, com as possíveis decisões de priorização de processamento para otimizar a capacidade de se obter *hits* com resultados bem-sucedidos de investigação e repressão (WANG; WEIN, 2018; CAMPBELL et al, 2016b; STROM; HICKMAN, 2016)

E ainda, nos casos de agressão sexual por autores não-desconhecidos, o Exame de DNA com o uso de bancos de perfis genéticos não deixa de ser importante porque permite a confirmação de contato sexual entre a vítima e o agressor, já que, muitas vezes, a defesa alega

que o agressor não teve contato com a mesma. Além disso, o exame confirma a identidade do indivíduo apontado como autor pela vítima, impedindo que alguém seja processado indevidamente (CAMPBELL et al, 2016b).

Ademais, estudos apontam que muitos perpetradores de estupro de autoria conhecida atacam várias vítimas desconhecidas por eles (SWARTOUT et al, 2015; ABBEY et al, 2012). Assim, não há o que se falar na possibilidade da não realização de Exame de DNA e inserção em bancos de perfis genéticos para casos de autoria conhecida. Esses casos são ferramentas muito importantes, pois podem levar à identificação de autoria de forma indireta para os casos ainda não elucidados (SHAW et al, 2016). Em consonância com essa ideia, em estudo desenvolvido em Ohio, observou-se que 25% dos agressores sexuais em série agrediram tanto vítimas de seu convívio como vítimas estranhas (LOVELL et al, 2017). E como referido por Campbell et al (2016b) "o amigo de uma pessoa é estranho a outra pessoa".

5.6 Potencialidade de elucidação criminal de crimes sexuais sem suspeito por meio do uso de bancos de perfis genéticos

A potencialidade de elucidação criminal de uma ferramenta investigativa pode ser avaliada de diversas formas. Dentre elas, tem-se a capacidade de desvendar crimes sem suspeito e em série, a capacidade de solucionar crimes antigos, bem como o conjunto dessas habilidades com um melhor custo-benefício (INTERPOL, 2017; DOLEAC, 2016; RODRIGUES et al, 2016; FERREIRA et al, 2015; NIJ, 2015).

Analisando o uso de banco de perfis genéticos, todos os artigos sempre apontam a elucidação de crimes sem suspeitos como seu maior potencial (MARION, 2017; RODRIGUES et al, 2016; BUTLER, 2015; NIJ, 2015; BASHFORD, 2013; PESSOA; GARRIDO, 2012; SCHIOCCHET, 2012; INTERPOL, 2009; ALBUQUERQUE et al, 2008). Além disso, esse seu potencial é altamente associado à elucidação de crimes sexuais, devido à característica marcante de reincidência nesses tipos de delitos (IPEA, 2017; NIJ, 2015).

Os resultados deste trabalho também dignificam essa maestria dos bancos de perfis genéticos em desvendar casos sem suspeitos. Do total de investigações de crimes sexuais já auxiliadas pelo uso do BPG-SPTC/GO até setembro de 2018 (45), aproximadamente 70% delas (32) foram elucidadas em consequência do processamento e inserção de amostras de crimes sexuais sem suspeito, sendo a diferença estatística possível de ser detectada até pela magnitude dos intervalos de confiança (Tabela 36). Além de ser uma destreza, a capacidade de elucidar crimes sem indicação de suspeitos ameniza a dificuldade que a polícia judiciária tem de apresentá-los para confronto genético.

Tabela 36. Número de investigações auxiliadas e de coincidências genéticas do BPG-SPTC/GO de acordo com tipo de caso envolvido.

Tipo de casos envolvidos nas coincidências genéticas	Número de investigações auxiliadas	Intervalo de Confiança (95%)	p^1
Casos com suspeito	13 (28,88%)	17,73% a 43,37%	0,0001
Casos sem suspeito	32 (71,11%)	56,63% a 82,27%	
Total	45 (100,00%)		

¹ Qui-quadrado com correção de Yates

Entretanto, a busca por suspeitos para comparação genética é de extrema importância e deve sempre ser fomentada, pois muitos casos de vestígios que deram inclusão de suspeito antes de sua inserção em bancos de perfis genéticos permitem a determinação de autoria de casos sem suspeito de forma indireta, tanto que aproximadamente 30% das investigações de crimes sexuais já auxiliadas pelo BPG-SPTC/GO (13) estão associadas a coincidências genéticas que envolviam casos com inclusão de suspeito (Tabela 36). Além disso, devido à baixa condenação de agressores sexuais (BUCHMULLER, 2016), ao questionamento de constitucionalidade da lei federal n.º 12654/2012 (STF, 2017b) e à dificuldade de integralização das ações entre as unidades de perícia oficial, administração penitenciária e poder judiciário; o cadastramento dos mesmos nos bancos de perfis genéticos estaduais brasileiros ainda é prejudicado.

Além de comprovar a potencialidade de elucidação de crimes sem suspeito pelo uso de bancos de perfis genéticos, este trabalho também avaliou a capacidade elucidativa de bancos de perfis genéticos com o transcorrer do tempo. Para isso, calculou-se o lapso temporal entre a data de ocorrência dos crimes sexuais e a data de identificação de sua coincidência genética no BPG-SPTC/GO, sendo considerados apenas as que forneceram auxílio às investigações.

Das 32 investigações auxiliadas, dispusemos da informação da data de ocorrência do delito em 31 casos. Conforme Tabela e Figura abaixo, podemos observar que, mesmo com uma média de aproximadamente 1177 dias, há uma dispersão acentuadamente isométrica em relação ao intervalo de tempo entre a ocorrência dos fatos delituosos e suas elucidações, com desvio padrão em torno de 757,7 dias (Tabela 37, Figura 17 e Apêndices).

Apesar do pequeno tamanho da amostra para esta análise (31 casos), com esses dados, podemos notar a capacidade atemporal que o BPG-SPTC/GO apresentou para solucionar crimes sexuais, ou seja, crimes antigos não caem em esquecimento com o passar do tempo, sendo que, na maioria das vezes, eles se encontram arquivados sem propositura da ação penal por falta de prova material de autoria. Isso ocorre porque, depois de inserido em um banco, o

perfil genético com informação elucidativa sempre terá essa informação a ser repassada a outros casos que posteriormente forem cadastrados.

Dessa forma, nem sempre a análise genética associada ao uso de bancos de perfis genéticos fornecerá informações imediatas às investigações. Entretanto, ao longo do tempo, se um ofensor cometer crimes adicionais, a autoria de casos pode ser obtida. Assim, a potencialidade não necessariamente diminui com a passagem do tempo.

Assim, é o tempo de encaminhamento e armazenamento dos vestígios sem serem submetidos ao exame de DNA que interfere diretamente nessa variação do período entre a ocorrência do fato e sua resolução, pois a partir do momento que perfis genéticos são inseridos em bancos de perfis genéticos, o confronto é automatizado, sendo o retorno de informações quase que instantâneo, ou seja, com uma alta velocidade elucidativa.

Tabela 37. Tabela com dados relacionados ao lapso temporal das investigações auxiliadas.

Número de investigações auxiliadas	Média do lapso temporal (dias)	Desvio padrão do lapso temporal (dias)
32	X = 1176,8	s = 757,7

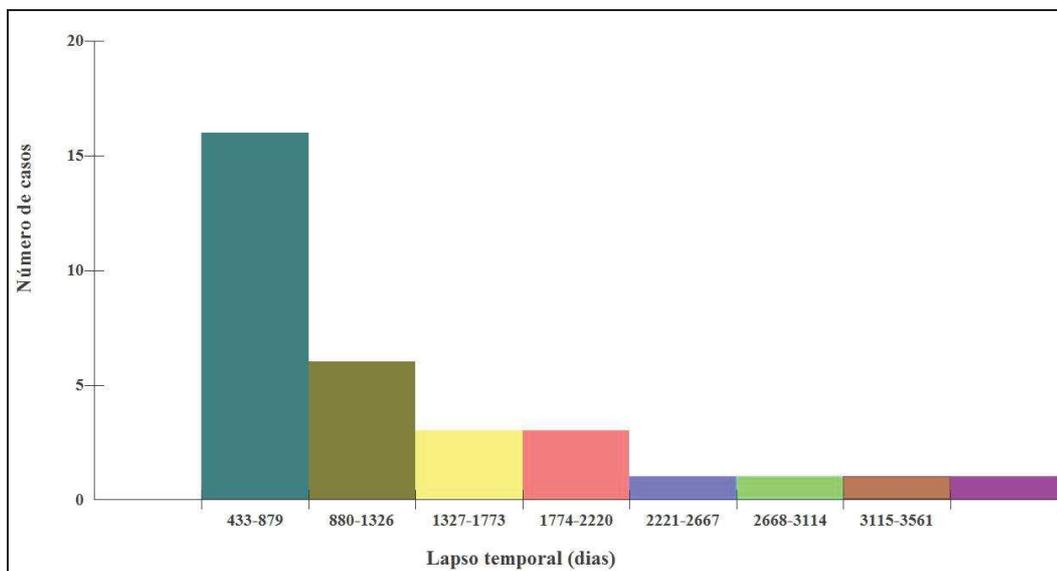


Figura 17. Gráfico de distribuição do lapso temporal das investigações auxiliadas.

Logo, o que determina a rapidez com que um crime será elucidado não é banco de perfis genéticos propriamente dito e sim o rápido encaminhamento, processamento e inserção das amostras que possuem informações elucidativas, quer sejam amostras referências de indivíduos cadastrados criminalmente, quer sejam vestígios com autoria conhecida ou não.

Dessa forma, nota-se a importância de fomentar projetos que visam o processamento de *backlog* de vestígios, já que essa ação otimiza na celeridade de obtenção de resultados para

subsidiar as investigações criminais. E como já apresentado e discutido previamente, deve-se priorizar o processamento de amostras que apresentam maior taxa de inserção, sendo os vestígios com presença de esperma uma excelente alternativa.

Outra maneira de averiguar a importância desse processamento em larga escala de vestígios associado à utilização de bancos de perfis genéticos é que, em menos de dois anos, em 16 meses das atividades práticas deste projeto, foi que a maior parte das investigações já auxiliadas pelo BPG-SPTC/GO foram contempladas (32 de 45 – 71,11%: 56,63% a 82,27%– IC 95%) (Tabela 36), sendo notada a diferença estatística pela própria magnitude do intervalo de confiança. Caso uma maior quantidade de casos pudesse ter sido processada, talvez essa disparidade fosse mais evidente. Por outro lado, essa evidência vai ao encontro da atemporalidade do potencial de uso de bancos de perfis genéticos, já que diversos casos inseridos que ainda não tiveram coincidências identificadas, podem gerar *matches* que ocorrerão em consequência de futuras inserções.

5.7 Limitações do estudo

Embora os resultados alcançados terem sido bastante reluzentes e engrandecedores acerca da temática da elucidação de crimes sexuais através da utilização de bancos de perfis genéticos, algumas circunstâncias podem ser apontadas como fatores limitantes para que visões mais holísticas e mais concretas fossem obtidas, como:

- Apesar de a amostragem desenhada ter parecido ser mais apropriada para este estudo, os critérios de inclusão impossibilitaram que muitos casos fossem analisados. Além disso, nem todos os casos selecionados foram processados devido à limitação de insumos. Outro fator limitante para o número de amostras processadas foi a ausência de automação laboratorial;
- O trabalho avaliou o potencial da análise genética de vestígios de crimes sexuais associada ao uso de bancos de perfis genéticos e não sua real utilização pelo poder judiciário. Os estudos evidenciados na literatura, assim como este, são estritamente de iniciativa dos órgãos de perícia criminal. Pesquisas mais amplas e holísticas devem ser desenvolvidas englobando todos atores que têm papéis importantes para lidar com a problemática de crimes sexuais, sendo eles a perícia criminal oficial, o sistema judiciário e os investigadores cartorários. Ou seja, são necessários estudos que demonstrem o impacto, em todo o sistema, das políticas de processamento em larga escala de vestígios de crimes sexuais associado ao uso de bancos de perfis genéticos;

- Ao se tratar da avaliação do uso de bancos de perfis genéticos como ferramenta de elucidação criminal, deve-se considerar todas as variáveis interferentes na quantidade e na natureza dos perfis genéticos inseridos, bem como o cenário do sistema de segurança pública. Aquelas podem ser mensuradas e analisadas estatisticamente, já a eficácia do sistema de segurança pública envolve aspectos políticos e jurídicos.

6. Conclusão

Os resultados deste trabalho evidenciaram o grande potencial de elucidação de crimes sexuais sem suspeitos ocorridos no Estado de Goiás por meio do uso do BPG-SPTC/GO. Assim, conclui-se que o uso de bancos de perfis genéticos é uma excelente ferramenta para elucidação de crimes sexuais sem suspeito. Além disso, o uso dessa ferramenta associado a um processamento em larga escala de vestígios é capaz de gerar uma maior celeridade de elucidação e ainda sem a perda do potencial elucidativo com o transcorrer do tempo.

Ademais, este estudo foi pioneiro em relação à análise de tipos de perfis genéticos associados ao processamento de vestígios com presença de espermatozoides e à inserção em bancos de dados. Assim, outras conclusões foram destaques neste trabalho, como:

- O maior acometimento de vítimas do sexo feminino e a característica notável de reincidência dessa natureza de delito foram reafirmados;
- Em relação ao enquadramento de vulnerabilidade, observou-se uma maior incidência de acometimento de vítimas não vulneráveis;
- Em relação ao histórico de autoria (relação vítima-agressor), observou-se maior incidência de agressor desconhecido e foi observada uma associação positiva com alto risco de autores conhecidos agredirem sexualmente vítimas vulneráveis;
- Os resultados indicaram a existência de um grande *backlog* de vestígios de crimes sexuais com presença de esperma sem a realização de exame de DNA no Estado de Goiás e uma alta prevalência de não apresentação de suspeitos para confronto genético, tanto para casos de autoria conhecida quanto desconhecida ($\geq 90\%$);
- Pelos resultados obtidos, foi possível inferir que as principais causas de não realização de Exame de DNA para casos de crimes sexuais no âmbito nacional são: falta de insumos e a não apresentação de suspeitos para confronto;
- A priorização da análise de vestígios com presença de espermatozoides mostrou-se como uma boa indicação de estratégia na ordem de processamento de *backlog* de vestígios de crimes sexuais, devido à sua maior taxa de inserção;
- De acordo com a natureza e âmbito de ocorrência dos *matches*, observou-se maior prevalência de coincidências do tipo *forensic hit* e de nível estadual, respectivamente;
- De acordo com o contexto de comparação, os resultados indicam a notoriedade dos resultados de *matches* do BPG-SPTC/GO no contexto nacional, assim como o diagnóstico de recentidade de uso de bancos de perfis genéticos no Brasil no âmbito internacional;

- A análise genética de vestígios com presença de espermatozoides associado ao uso do BPG-SPTC/GO reafirmou a relevância da questão geográfica para a análise criminal, indicando o Estado de Goiás como uma via comum de passagem e circulação de infratores. Além disso, essas evidências ratificam a capacidade de elucidação de crimes interestaduais pelo uso de bancos de perfis genéticos;

- O aumento da inserção de perfis genéticos em bancos de dados revelou uma associação positiva com a obtenção de *matches*;

- O aumento da inserção de perfis genéticos em bancos de dados atrelado a uma maior variabilidade dos tipos de perfis inseridos, ou seja, com inserção tanto de perfis oriundos de vestígios quanto de criminosos, otimiza a obtenção de *matches*;

- Notou-se uma maior prevalência de inserção de perfis genéticos obtidos a partir de secreções vaginais. Entretanto, essa natureza de amostra foi a mais encaminhada para exame e também foi a categoria mais relacionada aos casos nos quais não foram obtidos perfis genéticos de qualidade para inserção;

- Não foi possível indicar qual seria o melhor tipo de amostra em busca de se obter perfis com qualidade para inserção;

- Perfis genéticos de mistura foram os mais utilizados para inserção de casos no BPG-SPTC/GO;

- Apesar da obtenção de perfis genéticos de mistura ocorrer na maioria dos casos e embora esse seja o motivo de não inserção mais prevalente, dentro os exames que resultaram em mistura, foi obtido sucesso de inserção de aproximadamente 80%;

- Os resultados indicaram maior elucidação de crimes sexuais de agressores desconhecidos. Mesmo assim, entende-se que essa ferramenta não pode ser descartada para crimes de agressores conhecidos;

- A ideia da não necessidade do uso de bancos de perfis genéticos para investigação de crimes sexuais foi totalmente refutada.

7. Perspectivas

- Apesar de os vestígios de crimes sexuais serem fontes reluzentes de autoria, em sua maioria impactante ($\geq 90\%$), tanto para casos de autoria desconhecida e conhecida, não foram apresentados suspeitos para realização de confronto, o que corrobora com a cultura errônea da não necessidade de realização de Exame de DNA por parte dos sistemas de justiça e de agentes policiais cartorários, com a dificuldade de indicação de suspeitos e com o

desconhecimento acerca da potencialidade do uso de bancos de perfis genéticos. Assim, recomenda-se a realização de capacitação desses agentes e que haja investimentos de insumos e tecnologias para o processamento de passivos de vestígios de crimes sexuais;

- Apesar dos resultados deste trabalho levantar as possíveis principais causas da não realização de Exame de DNA para casos de crimes sexuais, recomenda-se que estudos mais amplos com a entrevista dos entes públicos envolvidos nas investigações criminais sejam realizados de forma a dar uma visão mais holística deste cenário;

- Apesar de não ter sido possível indicar qual seria o melhor tipo de amostra em busca de se obter perfis com qualidade para inserção, com os resultados, sugere-se que seja priorizado o processamento de amostras que, sabidamente, minimizam a ocorrência de perfis de mistura, como amostras com triagem positiva para espermatozoides e aquelas em que se espera uma menor quantidade de material biológico da vítima;

- Apesar de perfis genéticos de mistura sem qualidade ter sido o motivo mais prevalente como causa da não inserção no BPG-SPTC/GO neste trabalho, para um diagnóstico amplo em relação a motivos de não inserção relacionados a crimes sexuais, estudos que englobem as demais naturezas de vestígios (amostras com ausência de esperma, material subungueal, entre outros) gerariam dados de relevada importância para o contexto forense;

- Não foi possível avaliar as reações das vítimas acerca do não processamento de seus vestígios e o quanto isso afeta no processo de recuperação do trauma da violência sofrida, sendo assim uma importante pesquisa a ser desenvolvida de forma a avaliar as reações das vítimas que tiveram seus casos elucidados por conta do desenvolvimento deste trabalho;

- Este estudo foi pioneiro no levantamento de parâmetros estatísticos para avaliação da ferramenta de bancos de perfis genéticos na elucidação de crimes sexuais sem suspeito no Brasil. Assim, fomenta-se que estudos similares no âmbito nacional sejam desenvolvidos para a avaliação dos resultados obtidos.

7. Referências

- ABBEY, A.; WEGNER, R.; PIERCE, J.; et al. 2012. **Patterns of sexual aggression in a community sample of young men: risk factors associated with persistence, desistance, and initiation over a one year interval.** *Psychol Violence*, v.2, n.1, p.1-15.
- AGUIAR, V. R.; DE CASTRO, A. M.; ALMEIDA, V. C.; et al. 2014. **New CODIS core loci allele frequencies for 96,400 brazilian individuals.** *Forensic Sci Int Genet*, v.13, p.6-12.
- AGUIAR, V. R.; WOLFGRAMM EDE, V.; MALTA, F. S.; et al. 2012. **Updated brazilian STR allele frequency data using over 100,000 individuals: an analysis of CSF1PO, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, FGA, Penta D, Penta E, TH01, TPOX and vWA loci.** *Forensic Sci Int Genet*, v.6, n.4, p.504-509.
- ALBUQUERQUE, T. K.; AULER, B. E.; LIMA, M. J. M.; et al. 2008. **Bancos de dados de perfis genéticos no combate aos crimes sexuais.** *Perícia Federal*, v.26, p.13-16.
- ANSELMO, M. A.; JACQUES, G. S. 2012. **Banco de perfil genético deve se tornar realidade no país.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.conjur.com.br/2012-jun-02/bancos-perfis-geneticos-geral-polemica-juridicabrazil>. Acessado em: 27 de Fevereiro de 2017.
- BASHFORD, M. 2013. **How New York city tackled its backlog.** [online]. Disponível em: <http://victimsofcrime.org/docs/DNA%20Trainings/brashford-slides.pdf?sfvrsn=0>. Acessado em: 03 de Novembro de 2018.
- BOBA, Rachel. **Crime analysis and Crime Mapping.** California: Ed. Sage Publications, 2005.
- BONACCORSO, N. S. 2010. **Aspectos técnicos, éticos e jurídicos relacionados com a criação de bancos de dados criminais de DNA no Brasil.** [online]. Disponível em: <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/2/2136/tde-04102010-141930/fr.php>. Acessado em: 14 de Setembro de 2018.
- BRASIL. 1940. **Decreto-lei n.º 2.848 de 7 de dezembro de 1940.** Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/decreto-lei/De12848compilado.htm. Acessado em: 02 de Agosto de 2018.
- BRASIL 1990. **Lei n.º 8.072 de 25 de julho.** Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/LEIS/L8072.htm. Acessado em: 22 de outubro de 2018.
- BRASIL 2009a. **Lei 12.037 de 1º de outubro.** Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2007-2010/2009/Lei/L12037.htm. Acessado em: 22 de Setembro de 2018.
- BRASIL 2009b. **Lei n.º 12.030 de 17 de setembro.** Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2007-2010/2009/lei/112030.htm. Acessado em: 17 de Agosto de 2017.

BRASIL 2009c. **Lei n.º 12.015**. Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2007-2010/2009/Lei/L12015.htm#art3. Acessado em: 08 de Novembro de 2018.

BRASIL 2009d. **Lei n.º 12.015 de 7 de agosto**. Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2007-2010/2009/Lei/L12015.htm. Acessado em: 17 de Agosto de 2018.

BRASIL 2009e. **Projeto de lei n.º 93/2011: Rede Integrada de Banco de Perfis Genéticos e a implantação do CODIS (Combined DNA Index System) no Brasil**. [online]. Disponível em: <https://legis.senado.leg.br/sdleg-getter/documento?dm=4105271&disposition=inline>. Acessado em: 11 de Abril de 2018.

BRASIL. 2012. **Lei 12.654 de 28 de maio de 2012**. Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2011-2014/2012/Lei/L12654.htm. Acessado em: 30 de Março de 2017.

BRASIL. 2013a. **Decreto n.º 7.958 de 13 de março**. Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2011-2014/2013/Decreto/D7958.htm. Acessado em: 16 de Agosto de 2018.

BRASIL 2013b. **Lei n.º 12.845 de 1º de agosto**. Brasília. [online]. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2013/lei/112845.htm. Acessado em: 11 de junho de 2018.

BUCHMULLER, H. 2016. **Crimes sexuais: a impunidade gerada por um Estado omissor**. Brasília. [online]. Disponível em: <http://congressoemfoco.uol.com.br/noticias/crimes-sexuais-a-impunidade-gerada-por-um-estado-omisso>. Acessado em: 26 de Fevereiro de 2017.

BUCKLETON, John. S.; BRIGHT, Jo-Anne; TAYLOR, Duncan. **Forensic DNA evidence interpretation**. 2ª Edição. New York: Ed. CRC Press, 2016.

BUTLER, John. M. **Fundamentals of forensic DNA typing**. Boston: Ed. Academic Press, 2010.

BUTLER, John. M. **Advanced topics in forensic DNA typing: Methodology**. Waltham: Ed. Elsevier, 2012.

BUTLER, J. M. 2015. **The future of forensic DNA analysis**. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, v.370, p.1-10.

CAMPBELL, R.; FEENEY, H.; FEHLER-CABRAL, G.; et al. 2015a. **The national problem of untested sexual assault kits (saks): scope, causes, and future directions for research, policy, and practice**. *Trauma Violence Abuse*, v.18, n.4, p.363-376.

CAMPBELL, R.; FEENEY, H.; PIERCE, S. J.; et al 2016a. **Tested at last: how dna evidence in untested rape kits can identify offenders and serial sexual assaults**. *J Interpers Violence*, v.1, p.1-23.

CAMPBELL, R.; FEHLER-CABRAL, G.; BYBEE, D.; et al 2017a. **Forgotten evidence: a mixed methods study of why sexual assault kits (SAKs) are not submitted for DNA forensic testing.** *Law Hum Behav*, v.41, n.5, p.454-467.

CAMPBELL, R.; FEHLER-CABRAL, G.; HORSFORD, S. 2017b. **Creating a victim notification protocol for untested sexual assault kits: an empirically supported planning framework.** *J Forensic Nurs*, v.13, n.1, p.3-13.

CAMPBELL, R.; FEHLER-CABRAL, G.; PIERCE, S. J.; et al. 2015b. **The Detroit sexual assault kit (SAK) action research project (ARP), final report.** Washington. [online]. Disponível em: www.ncjrs.gov. Acessado em: 12 de Agosto de 2017.

CAMPBELL, R.; PIERCE, S.; SHARMA, D.; et al. 2016b. **Should rape kit testing be prioritized by victim-offender relationship?** *Criminology & Public Policy*, v.15, n.2, p.555-583.

CAMPBELL, R.; PIERCE, S. J.; SHARMA, D. B.; et al 2016c. **Developing empirically informed policies for sexual assault kit DNA testing: is it too late to test kits beyond the statute of limitations.** *Criminal Justice Policy Review*, v.4, p.1-25.

CAMPBELL, R.; SHAW, J.; FEHLER-CABRAL, G. 2015c. **Shelving justice: the discovery of thousands of untested rape kits in detroit.** *City and Community*, v.14, n.2, p.151-166.

CAMPBELL, R.; WASCO, S. M. 2005. **Understanding rape and sexual assault: 20 years of progress and future directions.** *J Interpers Violence*, v.20, n.1, p.127-131.

CÂNDIDO, I. M.; SOUZA, L. F.; ALVES, F. D. C. R.; et al 2012. **Uso da análise qualitativa do antígeno prostático específico (PSA) como ferramenta na prática forense** *NewsLab*, v.113, p.1-9.

CARVALHO, J. R.; OLIVEIRA, V. H. 2016. **Pesquisa de condições socioeconômicas e violência doméstica e familiar contra a mulher.** Fortaleza. [online]. Disponível em: http://www.onumulheres.org.br/wp-content/uploads/2017/11/violencia_domestica_trabalho_ago_17.pdf. Acessado em: 15 de Setembro de 2018.

CASABONA, Carlos. Maria. Romeo. **Bases de datos de perfiles de ADN y criminaliad.** Comares: Ed. Bilbao-Granada, 2002.

CERQUEIRA, D.; COELHO, D. D. S. C. 2014. **Estupro no Brasil: uma radiografia segundo os dados da Saúde.** Instituto de Pesquisa de Economia Aplicada (IPEA). Brasília. [online]. Disponível em: https://www.ipea.gov.br/portal/images/stories/PDFs/nota_tecnica/140327_notatecnicadiest11.pdf. Acessado em: 26 de Fevereiro de 2017.

CODEPPS - COORDENAÇÃO DE DESENVOLVIMENTO DE PROGRAMAS E POLÍTICAS DE SAÚDE. 2009. **Violência doméstica e sexual contra crianças e adolescentes.** São Paulo. [online]. Disponível em: <https://www.prefeitura.sp.gov.br/cidade/secretarias/upload/saude/arquivos/crianca/Adolescent e.pdf>. Acessado em: 15 de Março de 2017.

CROSS, T. P.; ALDERDEN, M.; WAGNER, A.; et al 2017. **Biological evidence in adult and adolescent sexual assault cases: timing and relationship to arrest.** *Journal of Interpersonal Violence*, v.16, p.1-12.

DALTON, Gustavo de Carvalho; JACQUES, Guilherme Silveira; FREITAS, Jorge Marcelo; et al. **Genética Forense.** In: SENASP - Secretaria Nacional de Segurança Pública. **Procedimento Operacional Padrão Perícia Criminal.** Brasília: 2013. p.81-86.

DANTAS, G. F. L.; SOUZA, N. G. 2004. **As bases introdutórias da análise criminal na inteligência policial.** [online]. Disponível em: <https://www.ibccrim.org.br/>. Acessado em: 12 de Setembro de 2018.

DOLEAC, J. L. 2011. **The effects of DNA databases on crime.** Stanford. [online]. Disponível em: <http://jenniferdoleac.com/>. Acessado em: 22 de Outubro de 2018.

DOLEAC, J. L. 2016. **The effects of DNA databases on crime.** Charlottesville. [online]. Disponível em: <http://jenniferdoleac.com/>. Acessado em: 15 de Julho de 2017.

DOLEAC, J. L.; LANDERSO, R.; ANKER, A. S. T. 2016. **The effects of DNA databases on the deterrence and detection of offenders.** Charlottesville. [online]. Disponível em: <http://jenniferdoleac.com/>. Acessado em: 24 de Agosto de 2017.

DONALD, J.; PETERSON, J.; SOMMERS, I.; et al. 2012. **Use of forensic science in investigating crimes of sexual violence: Contrasting its theoretical potential with empirical realities.** *Violence Against Women*, v.18, p.193–222.

FBI - FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. 2018a. **CODIS - NDIS statistics (september 2018).** Washington. [online]. Disponível em: <https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>. Acessado em: 22 de Outubro de 2018.

FBI - FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION: CODIS NDIS Statistics. 2018b. **CODIS - NDIS Statistics as of September 2018.** [online]. Disponível em: <https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>. Acessado em: 07 de Novembro de 2018.

FBSP - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. 2016. **10º anuário brasileiro de segurança pública.** São Paulo. [online]. Disponível em: <http://www.forumseguranca.org.br>. Acessado em: 14 de Março de 2018.

FBSP - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. 2017. **11º anuário de segurança pública.** São Paulo. [online]. Disponível em: <http://www.forumseguranca.org.br/>. Acessado em: 05 de Agosto de 2018.

FBSP - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. 2018a. **Anuário brasileiro de segurança pública 2014 -2017.** São Paulo. [online]. Disponível em: <http://www.forumseguranca.org.br/>. Acessado em: 22 de Agosto de 2018.

FBSP - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. 2018b. **Segurança em números - Anuário Brasileiro de Segurança Pública 2018**. São Paulo. [online]. Disponível em: <http://www.forumseguranca.org.br>. Acessado em: 12 de Agosto de 2018.

FBSP; IPEA - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA E INSTITUTO DE PESQUISA DE ECONOMIA APLICADA. 2018. **Atlas da violência**. Rio de Janeiro. [online]. Disponível em: <http://www.ipea.gov.br>. Acessado em: 22 de Outubro de 2018.

FERREIRA, S. T.; PAULA, K. A.; MAIA, F. A.; et al. 2015. **The use of DNA database of biological evidence from sexual assaults in criminal investigations: Aa successful experience in Brasília, Brazil**. *Forensic Science International*, [online]. Disponível em: Acessado em: n.5, p.595-597.

FFLM - FACULTY OF FORENSIC & LEGAL MEDICINE. 2018. **Recommendations for collection of forensic specimens for complainants and suspects**. [online]. Disponível em: <http://www.fflm.ac.uk/>. Acessado em: 26 de Outubro de 2018.

FRANÇA, Genival Veloso. **Medicina Legal**. 9ª Edição. Rio de Janeiro: Ed. Guanabara Koogan, 2009. FRAZÃO, F. 2018. **Brasil é o 9º país mais violento do mundo, segundo a OMS** [online]. Disponível em: <https://noticias.r7.com/cidades/brasil>. Acessado em: 15 de Agosto de 2018.

GILL, P.; JEFFREYS, A. J.; WERRETT, D. J. 1985. **Forensic application of DNA 'fingerprints'**. *Nature*, v.318, n.6046, p.577-579.

GINO, S.; CANAVESE, A.; PATTARINO, B.; et al. 2017. **58 cases of sexual violence bearing forensic interest: congruence between the victim's report and the data from laboratory analyses**. *Int J Legal Med*, v.131, n.5, p.1449-1453.

GOIAS - SUPERINTENDÊNCIA DE POLÍCIA TÉCNICO-CIENTÍFICA DE GOIÁS. 2016. **Portaria n.º 006/2016 da Superintendência de Polícia Técnico-Científica de Goiás**. [online]. Disponível em: www.policiacientifica.go.gov.br/portarias. Acessado em: 15 de Setembro de 2018.

GOIAS. Extração de DNA com lise diferencial utilizando o kit PrepFiler Express™ Forensic DNA Extraction Kit (Applied Biosystems®). In: Divisão de Gestão da Qualidade do Instituto de Criminalística Leonardo Rodrigues (DGQ-ICLR). **Procedimentos Operacionais Padrões**. Goiânia: Superintendência de Polícia Técnico-Científica (SPTC), 2018.

GRAZINOLI, R. G.; LEAL, E. R. 2015. **O banco de perfis genéticos brasileiro três anos após de sua lei 12654**. *Revista de Bioética y Derecho*, v.35, 94-107.

GRIFFITHS, Anthony. J. F.; WESSLER, Susan. R.; CARROLL, Sean., B.; et al. **Introdução à Genética**. 11ª Edição. Rio de Janeiro: Ed. Guanabara Koogan, 2016.

GUSMAO, L.; BUTLER, J. M.; CARRACEDO, A.; et al. 2006. **DNA commission of the international society of forensic genetics (ISFG): an update of the recommendations on the use of Y-STRs in forensic analysis**. *Forensic Sci Int*, v.157, n.2, p.187-197.

HEART - Hope exits after rape trauma. 2013. **Debbie Smith Act**. Williamsburg. [online]. Disponível em: <https://h-e-a-r-t.org/debbie-smith-act/>. Acessado em:

HO-NPCC - HOME OFFICE: NATIONAL POLICE CHIEFS' COUNCIL. 2005. **DNA expansion programme 2000–2005: reporting achievement**. [online]. Disponível em: <http://www.statewatch.org/news/2006/jan/uk-DNA-database.pdf>. Acessado em: 11 de Agosto de 2018.

HO-NPCC - HOME OFFICE: NATIONAL POLICE CHIEFS' COUNCIL. 2018. **National DNA database strategy board annual report (2016/2017)**. United Kingdom. [online]. Disponível em: <https://www.gov.uk/government/publications>. Acessado em: 22 de Outubro de 2018.

INTERPOL - INTERNATIONAL CRIMINAL POLICE ORGANIZATION. 2009. **Interpol handbook on DNA data exchange and practice**. [online]. Disponível em: <https://www.interpol.int/>. Acessado em: 11 de Agosto de 2017.

INTERPOL - INTERNATIONAL CRIMINAL POLICE ORGANIZATION. 2017. **DNA Profiling**. [online]. Disponível em: www.interpol.int/es/Especialidades/Bases-de-datos. Acessado em: 15 de Outubro de 2018.

IPEA - INSTITUTO DE PESQUISA DE ECONOMIA APLICADA. 2017. **Estupro no Brasil: vítimas, autores, fatores situacionais e evolução das notificações no Sistema de Saúde entre 2011 e 2014**. Rio de Janeiro. [online]. Disponível em: <http://www.ipea.gov.br>. Acessado em: 12 de Agosto de 2018.

ISP-RJ - INSTITUTO DE SEGURANÇA PÚBLICA DO RIO DE JANEIRO. 2016. **Dossiê mulher**. Rio de Janeiro. [online]. Disponível em: <http://www.isp.rj.gov.br/>. Acessado em: 15 de Setembro de 2018.

ISP-RJ - INSTITUTO DE SEGURANÇA PÚBLICA DO RIO DE JANEIRO. 2018. **Dossiê mulher**. Rio de Janeiro. [online]. Disponível em: <http://www.isp.rj.gov.br/>. Acessado em: 22 de Agosto de 2018.

JEFFREYS, A. J. 2013. **The man behind the DNA fingerprints: an interview with Professor Sir Alec Jeffreys**. *Investig Genet*, v.4, n.1, p.21-27.

JHF - JOYFUL HEART FOUNDATION. 2018. **Federal Funding for Reform**. [online]. Disponível em: <http://www.endthebacklog.org>. Acessado em: 03 de Novembro de 2018.

JOH, E. E. 2014. **Should arrestee DNA databases extend to misdemeanors?** *Recent Adv DNA Gene Seq*, v.8, p.59-64.

JOHNSON, D.; PETERSON, J.; SOMMERS, I.; et al. 2012. **Use of forensic science in investigating crimes of sexual violence**. *Violence Against Women*, v.18, p.193-222.

KAYSER, M. 2017. **Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview**. *Hum Genet*, v.136, n.5, p.621-635.

- KLEIN, S. B.; BUONCRISTIANI, M. R. 2017. **Evaluating the efficacy of DNA differential extraction methods for sexual assault evidence.** *Forensic Sci Int Genet*, v.29, p.109-117.
- LOVELL, R.; LUMINAIS, M.; FLANNERY, D. J.; et al. 2017. **Offending patterns for serial sex offenders identified via the DNA testing of previously unsubmitted sexual assault kits.** *J Crim Justice*, v.52, p.68-78.
- LOVRICH, N. P.; PRATT, T. C.; GAFFNEY, M. J.; et al. 2004. **National forensic DNA study report.** Washington. [online]. Disponível em: <https://www.ncjrs.gov/pdffiles1/nij/grants/203970.pdf>. Acessado em: 13 de Julho de 2018.
- MAPES, A. A.; KLOOSTERMAN, A. D.; POOT, C. J. 2015. **DNA in the Criminal Justice System: The DNA Success Story in Perspective.** *J Forensic Sci*, v.60, n.4, p.851-856.
- MARION, D. 2017. **Banco de dados de perfis genéticos e sua aplicabilidade na produção da prova nos crimes dolosos contra a vida e contra a dignidade sexual: uma forma de evitar a reincidência e solucionar “cold cases”.** [online]. Disponível em: <https://repositorio.unisc.br/jspui/bitstream/11624/1843/1/Dgiulia%20Marion.pdf>. Acessado em: 11 de Setembro de 2018.
- MARIZ, R. 2016. **País tem 28 mil amostras de crimes sexuais fora do banco de DNA.** São Paulo. [online]. Disponível em: <http://extra.globo.com/noticias/brasil/pais-tem-28-mil-amostras-de-crimes-sexuais-fora-do-banco-de-DNA-20049567.html>. Acessado em: 25 de Fevereiro de 2017.
- MCDONALD, A.; JONES, E.; LEWIS, J.; et al. 2015. **Y-STR analysis of digital and/or penile penetration cases with no detected spermatozoa.** *Forensic Sci Int Genet*, v.15, p.84-89.
- MORO, S. F. 2006. **Colheita compulsória de material biológico para exame genético em casos criminais.** *Revista dos Tribunais*, v.95, n. 853, p. 429-441.
- MORO, S. F. 2013. **DNA de criminosos.** *Folha de São Paulo*, n.30945, p.3.
- MOTA, M. F.; CARVALHO, N. R.; GODINHO, N. M. O.; et al Anais do VI Seminário Nacional de Laboratórios Forense. 2016. **Importância dos bancos de dados de perfis genéticos na elucidação de crimes.** [online]. Disponível em: <http://curitibaforense.com.br/>. Acessado em: 11 de março de 2017.
- MOTA, M. F.; FINOTTI, N. C. P. 2018. **Contribuição do Banco de Perfis Genéticos da Superintendência de Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás com a elucidação de crimes após três anos de funcionamento.** *Rev. Bras. Crimin*, v. 7, n. 1, p.26-31.
- MS - MINISTÉRIO DA SAÚDE. 2011. **Portaria nº 104, de 25 de janeiro.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://bvsmms.saude.gov.br/>. Acessado em: 15 de Setembro de 2018.
- MS - MINISTÉRIO DA SAÚDE. 2015. **Instrutivo notificação de violência interpessoal e autoprovocada.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://u.saude.gov.br/images/pdf/2016/fevereiro/16/instrutivo-ficha-sinan-5-1--vers--o-final-15-01-2016.pdf>. Acessado em: 12 de junho de 2018.

MS; MJ; SPM - GOVERNO FEDERAL DO BRASIL: MINISTÉRIO DA SAÚDE, MINISTÉRIO DA JUSTIÇA E SECRETARIA DE POLÍTICAS PARA MULHERES. 2015. **Norma técnica: atenção humanizada às pessoas em situação de violência sexual com registro de informações e coleta de vestígios.** Brasília. [online]. Disponível em: http://www.hc.ufpr.br/arquivos/07566_norma_atendimento_vs_2015.pdf. Acessado em: 05 de Março de 2017.

MSP - MINISTÉRIO DA SEGURANÇA PÚBLICA. 2018a. **Portaria RIBPG n.º 4 - Instituição de Grupo de Trabalho de coleta de amostra de condenados (lei 12.654/2012).** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg>. Acessado em: 16 de Outubro de 2018.

MSP - MINISTÉRIO DA SEGURANÇA PÚBLICA. 2018b. **Portaria RIBPG n.º 9 - Instituição de Grupo de Trabalho com a finalidade de subsidiar a formulação de medidas para o processamento de vestígios biológicos de crimes sexuais.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg>. Acessado em: 23 de Novembro de 2018.

NELSON, M. S. 2013. **Analysis of untested sexual assault kits in New Orleans.** [online]. Disponível em: <https://www.ncjrs.gov>. Acessado em: 20 de Setembro de 2017.

NIELSON, M. H.; STRONG, L.; STEWART, J. G. 2015. **Does sexual assault nurse examiner (sane) training affect attitudes of emergency department nurses toward sexual assault survivors?** *J Forensic Nurs*, v.11, n.3, p.137-143.

NIJ - NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE. 2015. **Sexual Assault Kits: Using Science to Find Solutions.** Washington. [online]. Disponível em: www.nij.gov/unsubmitted-kits/Pages/default.aspx. Acessado em: 29 de Outubro de 2018.

NIJ - NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE. 2017. **National best practices for sexual assault kits: a multidisciplinary approach.** [online]. Disponível em: <https://www.nij.gov>. Acessado em: 03 de Novembro de 2018.

NIJ - NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE. 2018a. **Report Forensic science: fiscal year 2017 funding for dna analysis, capacity enhancement, and other forensic activities.** Washington. [online]. Disponível em: <https://www.ncjrs.gov/pdffiles1/nij/251445.pdf>. Acessado em: 27 de Outubro de 2018.

NIJ - NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE. 2018b. **Sexual Assault Forensic Evidence-Inventory, Tracking, and Reporting Program Grant Program.** [online]. Disponível em: <https://www.nij.gov/topics/forensics/lab-operations/Pages/safe-itr.aspx>. Acessado em: 05 de Novembro de 2018.

NJP -NATASHA'S JUSTICE PROJECT. 2011. **Natasha's history.** West Sayville. [online]. Disponível em: <https://natashasjusticeproject.org>. Acessado em: 15 de julho de 2018.

PARSON, W.; BALLARD, D.; BUDOWLE, B.; et al. 2016. **Massively parallel sequencing of forensic STRs: considerations of the DNA commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on minimal nomenclature requirements.** *Forensic Sci Int Genet*, v.22, p.54-63.

PATTERSON, D.; CAMPBELL, R. 2012. **The problem of untested sexual assault kits: why are some kits never submitted to a crime laboratory?** *J Interpers Violence*, v.27, n.11, p.2259-2275.

PESSOA, C.; GARRIDO, G. R. 2012. **Policiamento genético: o DNA publicizado em nome da segurança pública.** *Revista de Ciências Sociais*, n.37, p. 103-114.

PETERSON, J.; JOHNSON, D.; HERZ, D.; et al. 2012. **Sexual assault kit backlog study.** [online]. Disponível em: <https://www.ncjrs.gov/pdffiles1/nij/grants/238500.pdf>. Acessado em: 22 de Agosto de 2017.

PETERSON, J. L.; HICKMAN, M. J.; STROM, K. J.; et al. 2013. **Effect of forensic evidence on criminal justice case processing.** *J Forensic Sci*, v.58, p.578-590.

PURPS, J.; GEPPERT, M.; NAGY, M.; et al. 2015. **Validation of a combined autosomal/Y-chromosomal STR approach for analyzing typical biological stains in sexual-assault cases.** *Forensic Sci Int Genet*, v.19, p.238-242.

RCMP - ROYAL CANADIAN MOUNTED POLICE. 2018. **The national DNA data bank o Canada: annual report (2017/2018).** [online]. Disponível em: <http://www.rcmp-grc.gc.ca/pubs/nddb-bndg/index-eng.htm>. Acessado em: 05 de Novembro de 2018.

REILLY, S. 2015. **Tens of thousands of rape kits go untested across USA.** [online]. Disponível em: www.usatoday.com. Acessado em: 22 de Julho de 2018.

RIBPG - REDE INTEGRADA DE BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS DO BRASIL. 2014. **Resolução n.º 04.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg/resolucoes>. Acessado em: 05 de Março de 2017.

RIBPG - REDE INTEGRADA DE BANCO DE PERFIS GENÉTICOS DO BRASIL. 2017. **Resolução n.º 08 - Manual de Procedimentos.** 3ª Versão. Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg/resolucoes>. Acessado em: 17 de julho de 2018.

RIBPG - REDE INTEGRADA DE BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS. 2018a. **IX Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg>. Acessado em: 02 de Dezembro de 2018.

RIBPG - REDE INTEGRADA DE BANCO DE PERFIS GENÉTICOS DO BRASIL. 2018b. **Resolução n.º 9 - Padronização de procedimentos relativos à coleta compulsória de material biológico.** 2ª Versão. Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg>. Acessado em: 13 de Junho de 2018.

RIBPG - REDE INTEGRADA DE BANCO DE PERFIS GENÉTICOS DO BRASIL. 2018c. **VIII Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg>. Acessado em: 02 de Junho de 2018.

RITTER, N. 2008. **DNA solves property crimes, but are we ready for that?** *NIJ Journal*, [online]. Disponível em: Acessado em: n. 261, p. 2-12.

RODRIGUES, Eduardo Leal; FRANCEZ, Pablo Abdon da Costa; GARRIDO, Rodrigo Grazioli. *Genética Forense*. In: *Genética Forense*. Campinas: Ed. Millennium, 2016. p.235-313.

ROMAN, J. K.; REID, S. E.; CHALFIN, A. J.; et al. 2009. **The DNA field experiment: a randomized trial of the cost-effectiveness of using DNA to solve property crimes**. *J Exp Criminol*, v.5, p.345–369.

SAWAYA, Maria Cristina Toledo; ROLIM, Maria Regina Sawaya. **Manual prático de Medicina legal no laboratório**. 2ª Edição. Curitiba: Ed. Juruá, 2009.

SCHIOCCHET, T. 2012. **Banco de perfis genéticos para fins de persecução criminal**. Brasília. [online]. Disponível em: http://www.academia.edu/11468325/Bancos_de_Perfis_Gen%C3%A9ticos_para_fins_de_persecu%C3%A7%C3%A3o_criminal. Acessado em: 11 de Abril de 2017.

SHAW, J.; CAMPBELL, R.; CAIN, D. 2016. **The view from inside the system: how police explain their response to sexual assault**. *Am J Community Psychol*, v.58, n.3-4, p.446-462.
SIEGEL, J. A.; SAUKKO, P. J.; HOUCK, M. M. **Encyclopedia of forensic sciences**. 2ª Edição. London: Ed. Academic Press, 2013.

SINGER, M.; LOVELL, R.; FLANNERY, D. 2016. **Cost savings and cost effectiveness of the Cuyahoga County sexual assault kit task force**. Cleveland. [online]. Disponível em: <http://begun.case.edu/wp-content/uploads/2016/06/Cost-Savings-and-Cost-Effectiveness-Brief-1.pdf>. Acessado em: 11 de Outubro de 2018.

SPOHN, C. 2016. **Untested sexual assault kits: a national dilemma**. *Criminol PublicPolicy*, v.15, p.551-554.

SPOHN, C.; TELLIS, K. **Policing and prosecuting sexual assault: Inside the criminal justice system**. Boulder: Ed. Lynne Rienner, 2014.

STF - SUPREMO TRIBUNAL FEDERAL. 2017a. **Banco de dados genéticos para fins criminais bibliografia e legislação temática**. Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.stf.jus.br/arquivo/cms/bibliotecaConsultaProdutoBibliotecaBibliografia/anexo/Bibliografiabancosperfis2.pdf>. Acessado em: 12 de Novembro de 2018.

STF - SUPREMO TRIBUNAL FEDERAL. 2017b. **Presidente do STF e ministro Gilmar abrem audiência pública sobre coleta de DNA**. Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.stf.jus.br/portal/cms/verNoticiaDetalhe.asp?idConteudo=344396>. Acessado em: 22 de Setembro de 2018.

STROM, K. J.; HICKMAN, M. J. 2010. **Unanalyzed evidence in law-enforcement agencies: A national examination of forensic processing in police departments**. *Criminology & Public Policy*, 9, 381-404.

STROM, K. J.; HICKMAN, M. J. 2016. **Untested sexual assault kits: searching for an empirical foundation to guide forensic case processing decisions**. *Criminol Public Policy*, v.15, p.593-601.

SWARTOUT, K. M.; KOSS, M. P.; WHITE, J. W.; et al. 2015. **Trajectory analysis of the campus serial rapist assumption.** *Jama Pediatrics*, v.169, n.12, p.1148-1154.

TÁVORA, Nestor; ARAÚJO, Fábio Roque. **Código de Processo Penal para concursos.** 2ª Edição. Salvador: Ed. Juspodivm, 2011.

TELSAVAARA, T. V. T.; ARRIGO, B. A. 2006. **DNA evidence in rape cases and the Debbie Smith Act.** *International Journal of Offender Therapy and Comparative Criminology*, v.50, n.5, p.487-505.

TIMKEN, M. D.; KLEIN, S. B.; BUONCRISTIANI, M. R. 2018. **Improving the efficacy of the standard DNA differential extraction method for sexual assault evidence.** *Forensic Sci Int Genet*, 34, 170-177.

VALENTINE, J. L.; SEKULA, L. K.; COOK, L. J.; et al. 2016. **Justice denied: low submission rates of sexual assault kits and the predicting variables.** [online]. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29294625>. Acessado em: 05 de Outubro de 2018.

VELHO, Jesus Antônio; COSTA, K. A.; DAMASCENO, Clayton Tadeu Mota. **Locais de Crime, dos vestígios à dinâmica criminosa.** Campinas: Ed. Millennium, 2013.

VELHO, Jesus Antônio; GEISER, Gustavo Caminoto; ESPINDULA, Alberi. **Ciências forenses: uma introdução às principais áreas da criminalística moderna.** Campinas: Ed. Millennium, 2012.

WALLACE, H. 2006. **The UK National DNA Database: balancing crime detection, human rights and privacy.** *EMBO Rep*, [online]. Disponível em: Acessado em: n.7, p.26-30.

WANG, C.; WEIN, L. M. 2018. **Analyzing approaches to the backlog of untested sexual assault kits in the U.S.A.** *J Forensic Sci*, v.63, n.4, p.1110-1121.

WELLS, W. 2016. **Some considerations when making decisions about prioritizing sexual assault kits for forensic testing.** *Criminol Public Policy*, v.15, p.585-592.

WELLS, W.; CAMPBELL, B.; FRANKLIN, C. 2016. **Unsubmitted sexual assault kits in Houston, TX: case characteristics, forensic testing results, and the investigation of CODIS hits, final report.** [online]. Disponível em: www.ncjrs.gov. Acessado em: 13 de Agosto de 2017.

WILLIAMSON, V. R.; LARIS, T. M.; ROMANO, R.; et al. 2018. **Enhanced DNA mixture deconvolution of sexual offense samples using the DEPAarray system.** *Forensic Sci Int Genet*, v.34, p.265-276.

Questionário para coleta dos dados de seleção de amostras e de seus exames

Número SEBIO:	Ano: 20	RG:	Data entrada: / /20	SEBIO; ANOSEBIO; RGSEBIO; DATA1
Sexo vítima: 1 – () Feminino 2 – () Masculino 3 – () Não identificável				SEXO
Vítima cadáver: 1 – () Sim 2 – () não				CADAVER
Regional relacionada/requisitante (Goiânia/NRPTCs): 1 – () 1ºNRPTC 9 – () 09ºNRPTC 2 – () 2ºNRPTC 10 – () 10ºNRPTC 3 – () 3ºNRPTC 11 – () 11ºNRPTC 4 – () 4ºNRPTC 12 – () 12ºNRPTC 5 – () 5ºNRPTC 13 – () 13ºNRPTC 6 – () 6ºNRPTC 14 – () 14ºNRPTC 7 – () 7ºNRPTC 15 – () Regional de Goiânia/GO 8 – () 8ºNRPTC				REGIONAL
Tipo de amostras questionadas: 1 – () secreção vaginal 6 – () objetos 2 – () secreção anal 7 – () outros 3 – () secreções vaginal e anal 8 – () secreções sem identificação 4 – () vestimentas 9 – () mais de um tipo: 5 – () preservativo				AMOSTRAQUEST
Nº tipos de AQs: _____		Nº de AQs SPTZ (+): _____		NUMEROAMOSTRA AMOSTRASPTZ
Tem amostra biológica de referência da vítima? 1 – () Sim 2 – () Não 3 – () Obtida após levantamentos 4 – () Não obtida após levantamentos 5 – () Solicitada				ARV
Origem de coleta/encaminhamento dos vestígios? 1 – () Perícia Oficial 2 – () Delegacia/outros 3 – () Perícia Oficial e Delegacia/outros				PERITO
Nome da vítima:				NOME
Unidade de investigação e nº de procedimento: (NRPTC ou DP):				UNIDADE PROCEDIMENTO
Vítima vulnerável? 1 – () < 14 anos ou > 14 anos doente mental 2 – () Não 3 – () Não-identificável 5 – () > 14 anos em momento de vulnerabilidade (álcool/drogas)				VULNERAVEL
Houve relação sexual consentida nos últimos 3 dias? 1 – () Sim 2 – () Não 3 – () Não relatado 4 – () Sim – Obtido após levantamentos 5 – () Não - Obtido após levantamentos 6 – () Não sabe – Obtido após levantamentos 7 – () Solicitado				RELACAO
Histórico sobre autoria:				HISTORICOA

Questionário para coleta dos dados das coincidências genéticas

Número do match :	NUMEROM
Data de entrada da amostra 01 (vestígio): ____/____/____ N.º SEDNA: _____ Ano: 20____ RG: _____ Iniciais: Vítima: _____ Suspeito: _____	ADATA1 SEDNA1; ANO1; RG1 VITIMA; SUSPEITO
Data de entrada da amostra 02 (vestígio/LC): ____/____/____ N.º SEDNA: _____ Ano: 20____ RG: _____ Iniciais: Vítima: _____ Suspeito: _____	ADATA2 SEDNA2; ANO2; RG2 VITIMA2; SUSPEITO2
Data de identificação da coincidência: ____/____/____	DATA
Data de inserção da amostra 1 (SEDNA – vestígio): ____/____/____	DATA1
Data de inserção da amostra 2 (SEDNA – vestígio/LC): ____/____/____	DATA2
Tipo de coincidência: () <i>forensic hit</i> () <i>offender hit</i>	TIPO
É coincidência serial? 1 – () Sim 2 – () Não	SERIAL
Número de investigações auxiliadas: 0–() 1–() 2–()	INVESTIGACAO
Unidade 1 envolvida no <i>match</i> (SEDNA - vestígio): 1 – () 1ºNRPTC 10 – () 10ºNRPTC 2 – () 2ºNRPTC 11 – () 11ºNRPTC 3 – () 3ºNRPTC 12 – () 12ºNRPTC 4 – () 4ºNRPTC 13 – () 13ºNRPTC 5 – () 5ºNRPTC 14 – () 14ºNRPTC 6 – () 6ºNRPTC 15 – () Regional de Goiânia 7 – () 7ºNRPTC 16 – () outra Unidade Federativa 8 – () 8ºNRPTC 9 – () 9ºNRPTC	UNIDADE1
Unidade 2 envolvida no <i>match</i> (SEDNA - vestígio ou LC - condenado/identificado criminalmente/legal): 1 – () 1ºNRPTC 10 – () 10ºNRPTC 2 – () 2ºNRPTC 11 – () 11ºNRPTC 3 – () 3ºNRPTC 12 – () 12ºNRPTC 4 – () 4ºNRPTC 13 – () 13ºNRPTC 5 – () 5ºNRPTC 14 – () 14ºNRPTC 6 – () 6ºNRPTC 15 – () Regional de Goiânia 7 – () 7ºNRPTC 16 – () outra Unidade Federativa 8 – () 8ºNRPTC Qual: _____ 9 – () 9ºNRPTC	UNIDADE2
Nível do match: 1– () Estadual 2– () Nacional	NIVEL

Dados de lapso temporal das investigações auxiliadas

Investigações auxiliadas	Lapso temporal (dias)	Medidas de centralidade e dispersão
1	433	<p>X = 1176,8 Mediana = 876 s = 757,7 Mínimo = 433 Máximo = 3561 Amplitude = 3128</p>
2	496	
3	585	
4	595	
5	624	
6	642	
7	643	
8	654	
9	704	
10	749	
11	754	
12	757	
13	760	
14	775	
15	822	
16	876	
17	966	
18	983	
19	990	
20	997	
21	1029	
22	1104	
23	1327	
24	1471	
25	1757	
26	1997	
27	2001	
28	2178	
29	2312	
30	2939	
31	3561	
32	-----	-----

Parecer Consubstanciado do CEP – PUC – Goiás



PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP

DADOS DA EMENDA

Título da Pesquisa: CARACTERIZAÇÃO DO PERFIL DE MARCADORES STRS NA POPULAÇÃO DO BRASIL CENTRAL: DIVERSIDADE GENÉTICA, TAXAS DE MUTAÇÃO DE NOVO E SUAS IMPLICAÇÕES EM CIÊNCIAS FORENSES

Pesquisador: Thaís Cidália Vieira

Área Temática: Genética Humana:

(Trata-se de pesquisa envolvendo Genética Humana que não necessita de análise ética por parte da CONEP;);

Versão: 4

CAAE: 70090317.9.0000.0037

Instituição Proponente: Pontifícia Universidade Católica de Goiás - PUC/Goiás

Patrocinador Principal: Financiamento Próprio

DADOS DO PARECER

Número do Parecer: 2.380.631

Apresentação do Projeto:

Trata-se de uma proposta de dissertação de mestrado baseada em análises estatísticas de dados moleculares populacionais. Será realizado um estudo descritivo, genético populacional, onde serão analisados os resultados de exames de perfis moleculares de 400 casos já realizados pelo LaGene/LACEN (Secretaria de Estado da Saúde de Goiás) e pelo Laboratório de Biologia e DNA Forense do Instituto de Criminalística da Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás. Serão analisados três sistemas multiplex para identificação humana, sendo um com 22 STRs autossômicos, um com 23 Y-STRs e outro com 12 STRs do cromossomo X, totalizando 57 regiões polimórficas. Baseado nestes dados, se espera construir um banco de dados de frequências alélicas e genotípicas, permitindo dados mais confiáveis em futuras análises genéticas, além de possibilitar melhor compreensão da estrutura genética da população do Estado de Goiás.

Objetivo da Pesquisa:

Objetivo Primário:

Estimar, em uma amostra populacional do Estado de Goiás, frequências alélicas e genotípicas, taxas e tipos de mutações de novo observadas em marcadores STRs de cromossomos autossômicos e sexuais para a consolidação de um banco de dados populacional.

Endereço: Av. Universitária, N.º 1.069

Bairro: Setor Universitário

CEP: 74.605-010

UF: GO

Município: GOIANIA

Telefone: (62)3946-1512

Fax: (62)3946-1070

E-mail: cep@pucgoias.edu.br

Objetivo Secundário:

- Determinar as frequências alélicas e genotípicas de 57 marcadores STRs, sendo 22 autossômicos, 23 do cromossomo Y e 12 do cromossomo X;
- Calcular parâmetros estatísticos (heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e), o conteúdo de informação polimórfica (PIC), o poder de discriminação (PD) e o poder de exclusão (PE));
- Calcular as variações genéticas, tais como, diversidade haplotípica/gênica e poder de discriminação dos 23 marcadores do cromossomo Y;
- Comparar os dados dos marcadores STRs na população de Goiás com os de outras populações do Brasil para se inferir a diferenciação genética (F_{st}) entre as mesmas;
- Estimar as taxas de mutações encontradas para cada marcador;
- Identificar o tipo de mutação de novo mais frequente em cada marcador na população estudada;
- Estimar, na população estudada, a eficiência de cada marcador para identificação humana.

Avaliação dos Riscos e Benefícios:

Os riscos e os benefícios estão adequados.

Comentários e Considerações sobre a Pesquisa:

A pesquisa tem relevância científica.

Considerações sobre os Termos de apresentação obrigatória:

Termos de apresentação obrigatória estão de acordo com o recomendado pelo CEP.

Currículos:

- (1) Thaís Cidália Vieira (Ok)
- (2) Grasielly de Oliveira Lázaro e Arão (Ok)
- (3) Nígela Rodrigues Carvalho (Ok)

Cartas de ciência/autorização:

- (1) Folha de rosto (Ok)
- (2) Declaração de Instituição Coparticipante (LACEN/LaGene) (Ok)
- (3) Declaração de Instituição Coparticipante (SPTC) (Ok)

Recomendações:

Não há recomendações.

Conclusões ou Pendências e Lista de Inadequações:

Não há pendências e/ou lista de inadequações.

Considerações Finais a critério do CEP:

INFORMAÇÕES AO PESQUISADOR REFERENTE À APROVAÇÃO DO REFERIDO PROTOCOLO:

1. A aprovação deste, conferida pelo CEP PUC Goiás, não isenta o Pesquisador de prestar satisfação sobre sua pesquisa em casos de alterações metodológicas, principalmente no que se refere à população de estudo ou centros participantes/coparticipantes.
2. O pesquisador responsável deverá encaminhar ao CEP PUC Goiás, via Plataforma Brasil, relatórios semestrais do andamento do protocolo aprovado, quando do encerramento, as conclusões e publicações. O não cumprimento deste poderá acarretar em suspensão do estudo.
3. O CEP PUC Goiás poderá realizar escolha aleatória de protocolo de pesquisa aprovado para verificação do cumprimento das resoluções pertinentes.
4. Cabe ao pesquisador cumprir com o preconizado pelas Resoluções pertinentes à proposta de pesquisa aprovada, garantindo seguimento fiel ao protocolo.

Este parecer foi elaborado baseado nos documentos abaixo relacionados:

Tipo Documento	Arquivo	Postagem	Autor	Situação
Informações Básicas do Projeto	PB_INFORMAÇÕES_BÁSICAS_1023850_E1.pdf	31/10/2017 10:16:29		Aceito
Outros	coparticipanteTHAISCIDALIA.pdf	31/10/2017 10:11:43	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	RESPOSTAAPENDENCIA2.docx	22/09/2017 16:42:33	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	RespostasasPendencias.docx	22/08/2017 19:38:02	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Declaração de Instituição e Infraestrutura	coparticipante1.pdf	22/08/2017 19:32:38	Thaís Cidália Vieira	Aceito
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	Solicitacaodedispensadetcle.pdf	22/06/2017 10:57:49	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Folha de Rosto	folhaderosto.pdf	07/06/2017 18:30:46	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Projeto Detalhado / Brochura Investigador	ProjetoSTRsdados.docx	31/05/2017 22:36:04	Thaís Cidália Vieira	Aceito

Endereço: Av. Universitária, N.º 1.069
Bairro: Setor Universitário **CEP:** 74.605-010
UF: GO **Município:** GOIANIA
Telefone: (62)3946-1512 **Fax:** (62)3946-1070 **E-mail:** cep@pucgoias.edu.br



**PUC
GOIÁS**

PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE
CATÓLICA DE GOIÁS -
PUC/GOIÁS



Continuação do Parecer: 2.380.631

Outros	Coparticipante2.pdf	31/05/2017 22:29:32	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	LattesNigela.pdf	31/05/2017 22:27:37	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	LattesGrasielly.pdf	31/05/2017 22:26:39	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	LattesThais.pdf	31/05/2017 22:26:13	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	Instrumentodecoleta.xlsx	31/05/2017 16:40:54	Thaís Cidália Vieira	Aceito

Situação do Parecer:

Aprovado

Necessita Apreciação da CONEP:

Não

GOIANIA, 14 de Novembro de 2017

Assinado por:

Cejane Oliveira Martins Prudente
(Coordenador)

Endereço: Av. Universitária, N.º 1.069

Bairro: Setor Universitário

CEP: 74.605-010

UF: GO

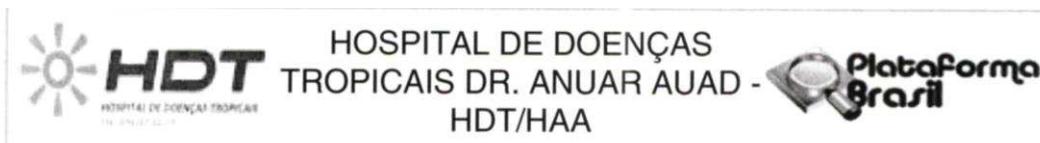
Município: GOIANIA

Telefone: (62)3946-1512

Fax: (62)3946-1070

E-mail: cep@pucgoias.edu.br

Parecer Consubstanciado do CEP – SES – Goiás



PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP

Elaborado pela Instituição Coparticipante

DADOS DO PROJETO DE PESQUISA

Título da Pesquisa: CARACTERIZAÇÃO DO PERFIL DE MARCADORES STRS NA POPULAÇÃO DO BRASIL CENTRAL: DIVERSIDADE GENÉTICA, TAXAS DE MUTAÇÃO DE NOVO E SUAS IMPLICAÇÕES EM CIÊNCIAS FORENSES

Pesquisador: Thaís Cidália Vieira

Área Temática: Genética Humana:

(Trata-se de pesquisa envolvendo Genética Humana que não necessita de análise ética por parte da CONEP;);

Versão: 1

CAAE: 70090317.9.3002.0034

Instituição Proponente: Laboratório Central de Saúde Pública de Goiania Dr Giovanni Cysneiros

Patrocinador Principal: Financiamento Próprio

DADOS DO PARECER

Número do Parecer: 2.413.063

Apresentação do Projeto:

Trata-se de uma proposta de dissertação de mestrado baseada em análises estatísticas de dados moleculares populacionais. Será realizado um estudo descritivo, genético populacional, onde serão analisados os resultados de exames de perfis moleculares de 400 casos já realizados pelo LaGene/LACEN (Secretaria de Estado da Saúde de Goiás) e pelo Laboratório de Biologia e DNA Forense do Instituto de Criminalística da Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás. Serão analisados três sistemas multiplex para identificação humana, sendo um com 22 STRs autossômicos, um com 23 Y-STRs e outro com 12 STRs do cromossomo X, totalizando 57 regiões polimórficas. Baseado nestes dados, se espera construir um banco de dados de frequências alélicas e genotípicas, permitindo dados mais confiáveis em futuras análises genéticas, além de possibilitar melhor compreensão da estrutura genética da população do Estado de Goiás.

Objetivo da Pesquisa:

Objetivo Primário:

Estimar, em uma amostra populacional do Estado de Goiás, frequências alélicas e genotípicas, taxas e tipos de mutações de novo observadas em marcadores STRs de cromossomos

Endereço: Av. Contorno 3556

Bairro: Jardim Bela Vista

CEP: 74.853-120

UF: GO

Município: GOIANIA

Telefone: (62)3201-3621

Fax: (62)3201-3620

E-mail: cep.hdt@isgsaude.org



Continuação do Parecer: 2.413.063

autossômicos e sexuais para a consolidação de um banco de dados populacional.

Objetivo Secundário:

- Determinar as frequências alélicas e genotípicas de 57 marcadores STRs, sendo 22 autossômicos, 23 do cromossomo Y e 12 do cromossomo X;
- Calcular parâmetros estatísticos (heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e), o conteúdo de informação polimórfica (PIC), o poder de discriminação (PD) e o poder de exclusão (PE));
- Calcular as variações genéticas, tais como, diversidade haplotípica/gênica e poder de discriminação dos 23 marcadores do cromossomo Y;
- Comparar os dados dos marcadores STRs na população de Goiás com os de outras populações do Brasil para se inferir a diferenciação genética (F_{st}) entre as mesmas;
- Estimar as taxas de mutações encontradas para cada marcador;
- Identificar o tipo de mutação de novo mais frequente em cada marcador na população estudada;
- Estimar, na população estudada, a eficiência de cada marcador para identificação humana.

Avaliação dos Riscos e Benefícios:

RISCOS

Os riscos inerentes ao estudo, não estão detalhados no projeto, somente no Termo de Solicitação de Dispensa de TCLE. No entanto, a pesquisadora não menciona diretamente nenhuma forma de minimizar uma possível quebra de sigilo e confidencialidade dos dados utilizados na pesquisa. No Instrumento de Coleta de Dados não há nenhuma forma de identificação dos dados do participante.

BENEFÍCIOS

- Consolidação de um Banco de dados genético-molecular de 57 marcadores STRs, incluindo regiões autossômicas e dos cromossomos sexuais da população de Goiás, que poderá servir de referência para análises de identificação humana em testes de paternidade e em casos criminais, garantindo resultados mais fidedignos, uma vez que o mesmo refletirá o polimorfismo da população de Goiás.
- Os parâmetros estatísticos obtidos fornecerão informações sobre a composição genética da população de Goiás e desta forma permitirá identificar os marcadores mais informativos na casuística forense do nosso estado.
- Será possível comparar as frequências encontradas na população estudada com frequências já

Endereço: Av. Contorno 3556

Bairro: Jardim Bela Vista

CEP: 74.853-120

UF: GO

Município: GOIANIA

Telefone: (62)3201-3621

Fax: (62)3201-3620

E-mail: cep.hdt@isgsaude.org

Continuação do Parecer: 2.413.063

estabelecidas em outras populações, e desta forma, inferir a diversidade genética e a miscigenação populacional em Goiás, além de estimar a distância genética e referenciá-la segundo a etno-história da população goiana.

- Geração e consolidação do conhecimento na área de genética forense e suas aplicações para profissionais, estudantes de graduação e pós graduação.
- Publicação de artigos científicos e de apresentação de trabalhos em eventos nacionais e internacionais da área para divulgação e discussão dos dados obtidos.

Comentários e Considerações sobre a Pesquisa:

A pesquisa tem relevância científica.

Considerações sobre os Termos de apresentação obrigatória:

Termos de apresentação obrigatória estão de acordo com o recomendado pelo CEP-HDT/HAA.

Currículos:

- Thaís Cidália Vieira
- Grasielly de Oliveira Lázaro e Arão
- Nígela Rodrigues Carvalho

Cartas de ciência/autorização:

- Folha de rosto (Ok)
- Declaração Institucional Coparticipante (LACEN/LaGene)
- Declaração de Instituição Coparticipante (SPTC) - instituição sem CEP
- Termo de Dispensa de TCLE

Recomendações:

Não há recomendações.

Conclusões ou Pendências e Lista de Inadequações:

Projeto sem inadequações ou pendências.

Considerações Finais a critério do CEP:

Após avaliação do protocolo acima descrito, o presente comitê não encontrou óbices quanto ao desenvolvimento do estudo em nossa Instituição e poderá ser iniciado a partir da data deste parecer.

Obs.: 1 - O pesquisador responsável deve encaminhar à este CEP, Relatórios de Andamento dos

Endereço: Av. Contorno 3556
Bairro: Jardim Bela Vista **CEP:** 74.853-120
UF: GO **Município:** GOIANIA
Telefone: (62)3201-3621 **Fax:** (62)3201-3620 **E-mail:** cep.hdt@isgsaude.org



Continuação do Parecer: 2.413.063

Projetos desenvolvidos no HDT/HAA. Relatórios Parciais (pesquisas com duração superior à 6 meses), Relatórios Finais (ao término da pesquisa) e os Resultados Obtidos (cópia da publicação).

2 - Para o início do projeto de pesquisa, o investigador deverá apresentar a chefia do serviço (onde será realizada a pesquisa), o Parecer Consubstanciado de aprovação do protocolo pelo Comitê de Ética local.

Este parecer foi elaborado baseado nos documentos abaixo relacionados:

Tipo Documento	Arquivo	Postagem	Autor	Situação
Outros	coparticipanteTHAISCIDALIA.pdf	31/10/2017 10:11:43	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	RESPOSTAAPENDENCIA2.docx	22/09/2017 16:42:33	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	RespostasasPendencias.docx	22/08/2017 19:38:02	Thaís Cidália Vieira	Aceito
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	Solicitacaodedispensadetcle.pdf	22/06/2017 10:57:49	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Projeto Detalhado / Brochura Investigador	ProjetoSTRsdados.docx	31/05/2017 22:36:04	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	Coparticipante2.pdf	31/05/2017 22:29:32	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	LattesNigela.pdf	31/05/2017 22:27:37	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	LattesGrasielly.pdf	31/05/2017 22:26:39	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	LattesThais.pdf	31/05/2017 22:26:13	Thaís Cidália Vieira	Aceito
Outros	Instrumentodecoleta.xlsx	31/05/2017 16:40:54	Thaís Cidália Vieira	Aceito

Situação do Parecer:

Aprovado

Necessita Apreciação da CONEP:

Não

Endereço: Av. Contorno 3556

Bairro: Jardim Bela Vista

CEP: 74.853-120

UF: GO

Município: GOIANIA

Telefone: (62)3201-3621

Fax: (62)3201-3620

E-mail: cep.hdt@isgsaude.org

Continuação do Parecer: 2.413.063

GOIANIA, 04 de Dezembro de 2017

Assinado por:
Patricia Moreira de Araújo Lisbôa
(Coordenador)

Endereço: Av. Contorno 3556
Bairro: Jardim Bela Vista **CEP:** 74.853-120
UF: GO **Município:** GOIANIA
Telefone: (62)3201-3621 **Fax:** (62)3201-3620 **E-mail:** cep.hdt@isgsaude.org