



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

**BANCO DE DADOS DE PERFIS GENÉTICOS Y-  
ESPECÍFICOS COMO FERRAMENTA NA INVESTIGAÇÃO  
DE CRIMES SEXUAIS**

Goiânia

2019

**GRASIELLY DE OLIVEIRA LÁZARO E ARÃO**

**BANCO DE DADOS DE PERFIS GENÉTICOS Y-  
ESPECÍFICOS COMO FERRAMENTA NA INVESTIGAÇÃO  
DE CRIMES SEXUAIS**

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

Orientadora: Prof. Dra. Thaís Cidália Vieira

Co-orientadora: Dra. Neide Maria de Oliveira Godinho

Goiânia

2019

*Dedico à minha família:  
meu bem maior!*

A662b Arão, Grasielly de Oliveira Lázaro e  
Banco de dados de perfis genéticos y-específicos como  
ferramenta na investigação de crimes sexuais / Grasielly  
de Oliveira Lázaro e Arão.-- 2019.  
110 f.: il.

Texto em português, com resumo em inglês  
Dissertação (mestrado) - Pontifícia Universidade Católica  
de Goiás, Goiânia, 2019




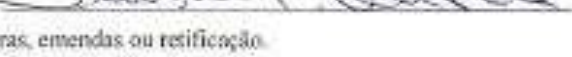
Inclui referências: f. 88-99

1. Genética legal. 2. Crime sexual. 3. Investigação  
criminal. 4. Cromossomo Y. I.Vieira, Thaís Cidália.  
II.Godinho, Neide Maria de Oliveira. III.Pontifícia  
Universidade Católica de Goiás - Programa de Pós-Graduação  
em Genética - 2019. IV. Título.

CDU: Ed. 2007 -- 575(043)  
343.983.2(043)

**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 11 de março de 2019, reuniu-se a 148ª 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. Rejane da Silva Sena Barcelos/ PUC Goiás;  
4 Profa. Dra. Silviene Fabiana de Oliveira/UnB, para avaliação da dissertação intitulada "Utilização de  
5 marcadores STR-Y como estratégia na investigação de crimes sexuais no Estado de Goiás", da  
6 candidata Grasielly de Oliveira Lázaru Arko, aluna do Mestrado em Genética (MGene) da Pontifícia  
7 Universidade Católica de Goiás. A sessão iniciou-se às 09h15min., sob a presidência do Profa. Dra.  
8 Thais Cidália Vieira Gigonzac, que concedeu 30 minutos à candidata para expor sinteticamente o estado.  
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 10, ( dez.....) 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 11h30min. 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:   
17 Prof. Dr. Marc Alexandre Duarte Gigonzac /PUC Goiás:   
18 Profa. Dra. Rejane da Silva Sena Barcelos/ PUC Goiás:   
19 Profa. Dra. Silviene Fabiana de Oliveira/UnB: 
- 20 Esta ata contém 20 linhas contínuas, sem rasuras, emendas ou retificação.



**PUC  
GOIÁS**

PONTIFÍCA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS  
PRO-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA

R. Uvaíssa, 1800 - São Universitário  
Cidade Postal 62 - CEP 74005-900  
Goiás - Goiás - Brasil  
Fone: (62) 3245 1072 - Fax: (62) 3244 1078  
www.pucgoias.edu.br - propp@pucgoias.edu.br

**ATA COMPLEMENTAR N° 148/2019**


**MESTRADO EM GENÉTICA DA PONTIFÍCA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS**


**DISCENTE: GRASIELLY DE OLIVEIRA LÁZARO LEÃO**

**DEFENDIDA EM 11 DE MARÇO DE 2019 e aprovada COM CONCEITO A**


O título foi alterado ( ) não (X) sim Bases de Dados de Perfis Genéticos  
Y-Específicos como Ferramenta na Investigação de  
Crimes Sexuais

**BANCA EXAMINADORA**

  
Prof. Dra. Tereza Cidália Vieira Gigonzac  
PUC Goiás (Presidente)

  
Prof. Dr. Marc Alexandre Duarte Gigonzac  
PUC Goiás (Co-Orientador)

  
Prof. Dra. Rejane da Silva Sena Barcelos  
PUC Goiás

  
Prof. Dra. Silviene Fabiana de Oliveira  
UnB

"A ciência humana de maneira nenhuma nega a existência de Deus. Quando considero quantas e quão maravilhosas coisas o homem compreende, pesquisa e consegue realizar, então reconheço claramente que o espírito humano é obra de Deus, e a mais notável."

(Galileu Galilei)

## AGRADECIMENTOS

“... Até aqui nos ajudou o Senhor.” (1 Samuel 7:12). A Deus, o meu primeiro e maior agradecimento por conduzir a minha vida e por me guiar na busca dos meus sonhos e projetos.

Ao meu amor, meu esposo Erik, por ser sempre o meu incentivador, por valorizar o que tenho de bom e por tornar insignificante as minhas fraquezas.

Ao meu pequeno Daniel, que tornou os meus dias muito mais alegres e trouxe leveza aos dias de tensão.

Às vovós, Joanita e Sonita, que cuidaram com muito zelo e amor do meu filho e me deram tranquilidade para seguir na jornada do mestrado.

Aos meus pais e irmã, que sempre foram o meu alicerce na busca de voos mais altos, e pelo amor de uma vida inteira.

À minha orientadora Dra. Thaís Cidália Vieira, que prontamente aceitou conduzir-me no meio acadêmico, pelos ensinamentos, pela amizade e atenção dispensada.

À minha co-orientadora Neide, que se doou pelo êxito do trabalho, pela ajuda na escolha do tema, pelos dias dedicados à revisão e ao incentivo para que eu fizesse sempre o melhor.

A minha gratidão à equipe do Laboratório de Biologia e DNA Forense, que sempre pude contar com o apoio. Em especial, à Perita Criminal Nígela pelos momentos compartilhados durante estes dois anos de mestrado, pela troca de ideias na construção do projeto e pelo esforço dedicado ao cumprimento dos objetivos do trabalho.

Ao professor Marc, por toda a contribuição ofertada e participação no trabalho.

Aos professores do Mgene, pela transferência do saber.

À direção da Polícia Técnico-Científica de Goiás, pela confiança no trabalho proposto e pelos recursos dispensados.

Aos avaliadores, por prontamente aceitar o convite para participação da banca examinadora e se dispuseram a contribuir com o trabalho.

Aos demais amigos e familiares, que mesmo distante torceram por mim.

Ao apoio da FAPEG-GO (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás), da SPTC-GO (Superintendência da Polícia Técnico-Científica de Goiás), do Núcleo de Pesquisas Replicon da Pontifícia Universidade Católica de Goiás e do Laboratório de Citogenética Humana-Genética Molecular da Secretaria de Estado da Saúde (LaGene/Lacen/SES-GO).



## SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS .....	x
LISTA DE TABELAS .....	xi
LISTA DE QUADRO E GRÁFICOS .....	xii
LISTA DE SÍMBOLOS, SIGLAS E ABREVIATURAS .....	xiii
RESUMO .....	xv
ABSTRACT .....	xvii
1 INTRODUÇÃO.....	19
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	21
2.1 Polimorfismo genético .....	21
2.2 Marcadores STR ou microssatélites .....	24
2.3 Marcadores Y- STR.....	27
2.4 Importância do banco de dados de perfis genéticos Y-STR.....	32
2.5 Marcadores Y-STR no auxílio de investigações de crimes sexuais .....	35
3 OBJETIVOS.....	39
3.1 Objetivo geral .....	39
3.2 Objetivos específicos.....	39
4 MATERIAIS E MÉTODOS.....	40
4.1 Delineamento do estudo e aspectos éticos.....	40
4.2 Grupo amostral .....	40
4.2.1 Critérios de inclusão e exclusão de amostras .....	41
4.2.2 Seleção das amostras .....	42
4.3 Análise molecular.....	42
4.3.1 Extração de DNA .....	42
4.3.1.1 Extração de DNA pelo método orgânico com lise diferencial e purificação em Amicon®Ultra .....	42
4.3.1.2 Extração de DNA com lise diferencial utilizando PrepFiler Express™ Forensic DNA Extraction Kit (Thermo Fisher Scientific) modificado .....	43
4.3.2 Quantificação de DNA .....	44
4.3.3 Amplificação de DNA.....	45
4.3.4 Genotipagem e Análise dos Fragmentos Amplificados .....	46
4.4 Banco <i>in house</i> de Vestígios de Perfis Genéticos para os marcadores do cromossomo Y (BVPG-YSTR) .....	47

4.5 Análise dos dados .....	51
5 RESULTADOS .....	53
5.1 Análise documental dos casos de violência sexual .....	53
5.2 Aplicabilidade do BVPG-YSTR na identificação de crimes em série .....	57
5.3 Capacidade do BVPG-YSTR no auxílio das investigações de crimes sexuais .....	59
5.4 Falsos <i>matches</i> e capacidade de discriminação entre haplótipos de 17, 23 e 27 marcadores do cromossomo Y .....	67
6 DISCUSSÃO .....	69
6.1 Análise documental dos casos de violência sexual .....	69
6.2 Aplicabilidade do BVPG-YSTR na identificação de crimes em série .....	74
6.3 Capacidade do BVPG-YSTR no auxílio das investigações de crimes sexuais .....	77
6.4 Novas perspectivas para o BVPG-YSTR .....	80
6.5 Falsos <i>matches</i> e capacidade de discriminação dos conjuntos de haplótipos com 17, 23 e 27 marcadores do cromossomo Y .....	82
7 CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	85
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	88
APÊNDICE A – Questionário 1 .....	100
APÊNDICE B – Questionário 2 .....	101
ANEXO A – Parecer consubstanciado do CEP – SES/GOIÁS .....	102
ANEXO B - Parecer consubstanciado do CEP – PUC/GOIÁS .....	107

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Polimorfismos no DNA genômico.....	22
<b>Figura 2.</b> Esquema de marcadores minissatélite (VNTR) microssatélite (STR).....	23
<b>Figura 3.</b> Esquema de possíveis combinações de alelos.....	25
<b>Figura 4.</b> Estrutura do cromossomo Y.....	27
<b>Figura 5.</b> Classes de sequência na região Y-específica masculina (MSY).....	28
<b>Figura 6.</b> Distribuição dos municípios do estado de Goiás de acordo com a abrangência dos Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica (NRPTC).....	41
<b>Figura 7.</b> Tela inicial do programa BVPG-YSTR.....	47
<b>Figura 8.</b> Gerenciador de marcadores do BVPG-YSTR .....	48
<b>Figura 9.</b> Exemplo de resultado de <i>match</i> entre oito casos de violência sexual reportado pelo BVPG YSTR.....	50
<b>Figura 10.</b> Resultados intermediários e final da pesquisa .....	53
<b>Figura 11.</b> Crimes de violência sexual contra vítimas vulneráveis .....	57
<b>Figura 12.</b> Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “G” .....	63
<b>Figura 13.</b> Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “H” .....	64
<b>Figura 14.</b> Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “L” .....	64
<b>Figura 15.</b> Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “M” .....	65
<b>Figura 16.</b> Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “N” .....	65
<b>Figura 17.</b> Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “O” .....	66
<b>Figura 18.</b> Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “Q” .....	67

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Conjunto de marcadores Y-STR .....	31
<b>Tabela 2.</b> Proporções dos componentes da PCR utilizadas nos ensaios para Yfiler™ Plus.....	45
<b>Tabela 3.</b> Volume das amostras utilizadas nos ensaios para Yfiler™ Plus .....	45
<b>Tabela 4.</b> Condições de termociclagem aplicadas na PCR para amplificação para Yfiler™ Plus.....	46
<b>Tabela 5.</b> Proporções dos reagentes da reação da eletroforese para Yfiler™ Plus.....	46
<b>Tabela 6.</b> Distribuição dos municípios do Estado de Goiás de acordo com a abrangência dos Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica (NRPTC).....	53
<b>Tabela 7.</b> Número de casos de estupro por área circunscricional.....	55
<b>Tabela 8.</b> Categorização dos casos de violência sexual quanto à origem da amostra coletada .....	56
<b>Tabela 9.</b> <i>Matches</i> obtidos pelo BVPG-YSTR .....	57
<b>Tabela 10.</b> <i>Matches</i> reportados pelo BVPG-YSTR .....	60
<b>Tabela 11.</b> Falsos <i>matches</i> observados quando tipados com conjunto de 17 marcadores YSTR.....	68

## LISTA DE QUADRO E GRÁFICOS

<b>Quadro 1.</b> Conjunto de marcadores moleculares Y-STR .....	51
<b>Gráfico 1.</b> Número de delitos de estupro registrados no LBDF/IC/SPTC-GO por ano .....	55
<b>Gráfico 2.</b> Análise da autoria de crime sexual .....	56
<b>Gráfico 3.</b> Reincidência de crime sexual .....	58

## LISTA DE SÍMBOLOS, SIGLAS E ABREVIATURAS

® - Marca Registrada

°C - Graus Celsius.

μ L - Microlitros

BNPG - Banco Nacional de Perfis Genéticos

BVPG-YSTR - Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos para os marcadores STR do Cromossomo Y

CNJ – Conselho Nacional de Justiça

CNS - Conselho Nacional de Saúde

CODIS - Sistema Combinado de Índices de DNA (do inglês, *Combined DNA Index System*)

DNA - Ácido Desoxirribonucleico (do inglês, *Deoxyribonucleic Acid*)

EDTA - ácido etilenodiamino tetra-acético (do inglês, *Ethylenediamine tetraacetic acid*)

FBI - *Federal Bureau of Investigations*

FE – Fração Espermatozoide

FNE – Fração não Espermatozoide

HIV – Vírus da Imunodeficiência Humana (do inglês, *Human Immunodeficiency Virus*)

ICLR – Instituto de Criminalística Leonardo Rodrigues

INDEL – Polimorfismo de Inserção e Deleção (do inglês, *Insertion/Deletion Polymorphism*)

FBI (*Federal Bureau of Investigations*)

IPEA - Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada

LBDF – Laboratório de Biologia e DNA Forense

MSY – Região Específica Masculina (do inglês, *Male-Specific Region of the Y*)

NDNAD - *National DNA Database*

NDIS - *National DNA Index*

NRPTC - Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica

PAR1 - Região Pseudoautossômica 1 (do inglês, *Pseudoautosomal Region 1*)

PAR2 - Região Pseudoautossômica 2 (do inglês, *Pseudoautosomal Region 2*)

PIB – Produto Interno Bruto

PCR – Reação em Cadeia da Polimerase (do inglês, *Polymerase Chain Reaction*)

RIBPG - Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos

RFLP - Polimorfismo de Fragmentos de Restrição (do inglês, *Restriction Fragment Length Polymorphisms*)

RM Y-STR – Marcadores de Mutação Rápida Y-STR (do inglês, *Rapidly Mutating Y-STR*)

RPM – Rotações por minuto

SDS - Dodecil sulfato de sódio ou lauril sulfato de sódio (do inglês, *Sodium Lauryl Sulfate*)

SENASP/MJ - Secretaria Nacional de Segurança Pública do Ministério da Justiça

SES – Secretaria Estadual de Saúde

SINAN/MS - Sistema de Informação de Agravos de Notificação do Ministério da Saúde

SNP - Polimorfismo de Nucleotídeo Único (do inglês, *Single Nucleotide Polymorphism*)

SPTC-GO – Superintendência da Polícia Técnico-Científica de Goiás

SRY – Região determinante do sexo do cromossomo Y (do inglês, *Sex-determining Region of the Y*)

STR – Sequências com repetições curtas em tandem (do inglês, *Short Tandem Repeat*)

VNTR - Sequência em número variável de repetições em tandem (do inglês, *Variable Number of Tandem Repeats*)

YHRD – Banco de Dados de Haplótipos do Cromossomo Y (do inglês, *Y-Chromosome Haplotype Reference Database*)

Y-STR - Sequências com repetições curtas em tandem presentes no cromossomo Y.

## RESUMO

Considerando que a grande maioria dos casos de crimes sexuais envolvem homens como perpetradores do crime, os marcadores moleculares Y-STR tem se mostrado valiosos no processo de investigação criminal. O cromossomo Y tem sido promissor quando o objetivo é a identificação da fonte masculina de DNA da amostra analisada, especialmente quando esta apresenta-se com ínfima quantidade ou em mistura com material genético de origem feminina, exemplos típicos de esfregaços vaginais provenientes de estupro. Sabendo ainda que crimes de violência sexual têm como característica a reincidência, constituindo crimes em série, o presente trabalho propôs a criação de um Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos para os marcadores STR do cromossomo Y (BVPG-YSTR), com aplicação na elucidação de crimes sexuais ocorridos no estado de Goiás. No estudo foi feita a análise documental de 2.109 casos de violência sexual com resultado positivo para a pesquisa citológica de espermatozoide, registrados na Superintendência da Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás, compreendendo o período de 2004 a julho de 2018. Submeteu-se a exames de DNA amostras relacionados a 271 casos. A extração de DNA foi dada com lise diferencial por método orgânico ou com o uso de *PrepFiler Express*<sup>TM</sup> (Applied Biosystems<sup>®</sup>), a quantificação de DNA foi realizada por PCR em Tempo Real e a amplificação com kits comerciais multiplex AmpFI STR<sup>®</sup> Yfiler<sup>TM</sup> (Applied Biosystems<sup>®</sup>) ou PowerPlex<sup>®</sup> Y23 (Promega) ou Yfiler<sup>TM</sup> Plus (Applied Biosystems<sup>®</sup>). Os produtos da amplificação foram separados por eletroforese capilar no analisador genético ABI 3500<sup>®</sup> (Applied Biosystems<sup>®</sup>). Do total de 2109 casos analisados, 54,7% foram perpetrados na área circunscricional da regional de Goiânia. O maior número de registros ocorreu no ano de 2009. E em 55,7% dos casos, as amostras coletadas foram oriundas do canal vaginal da vítima. Considerando os resultados dos exames de DNA, em 252 casos obteve-se perfil haplotípico do agressor, e 168 eram provenientes de ocorrências em que não havia suspeitos. A inserção de 252 perfis haplotípicos no BVPG-YSTR retornou com 85 *matches* entre vestígios de crimes de violência sexual, envolvendo 17 agressores e 55 vítimas, perfazendo uma taxa de coincidência de 33,7%. Em 18,1% dos casos, as coincidências foram reportadas exclusivamente pelo BVPG-YSTR. Dentre os crimes em série identificados pelo BVPG-YSTR, na maioria dos casos o autor cometeu duas vezes o delito de estupro. A distância temporal entre casos reincidentes variou entre 0 e 2151 dias. A análise da distribuição geográfica dos crimes em série mostrou que, em regra geral, não há deslocamento



intermunicipal do autor. Na análise dos 252 casos de agressão sexual, 82 foram perpetradas contra vítimas vulneráveis. A capacidade de discriminação (CD) do conjunto de 17 marcadores Y-STR para a população do estado de Goiás foi 0,9819. Os painéis com 23 e 27 marcadores Y-STR apresentaram CD igual a 1. Observou-se 5 falsos *matches* em um total de 277 amostras tipadas com 17 marcadores Y-STR. Dessa forma, o estudo demonstrou que o uso do BVPG-YSTR mostrou promissor no auxílio das investigações criminais.

**Palavras chave:** Cromossomo Y. Crime Sexual. Banco de Perfis Y-STR. Investigação Criminal. Genética Forense.

## ABSTRACT

Given that the vast majority of sex crimes involve men as crime perpetrators, molecular markers Y-STR can be valuable in the criminal investigation process. The Y chromosome has been promising when the objective is to identify the male DNA source in the analyzed sample, especially when it is presented in small quantities or mixed with genetic material from female origin, which are rather typical in samples of vaginal smears from rape. In addition to the fact that sexual assaults have a recurrent pattern, constituting serial crimes, the present work proposes the creation of an in-house Database of Genetic Profiles Trace for Y-STR markers (BVPG-YSTR), in order to elucidate sex crimes occurred in the state of Goiás (Central Brazil). The study documented 2,109 cases of sexual violence with a positive result for cytological spermatozoa research, registered in the Scientific Police of Goiás State, comprising the period of 2004 to July 2018. DNA extraction was given with differential lysis by organic method or with the use of PrepFiler Express™ (Applied Biosystems®), DNA quantification was performed by Real-time PCR and amplification with AmpFISTR®Yfiler™ multiplex kits (Applied Biosystems®) or PowerPlex® Y23 (Promega) or Yfiler™ Plus (Applied Biosystems®). The amplification products were separated by capillary electrophoresis in the ABI 3500® Genetic Analyzer (Applied Biosystems®). Of the total of 2,109 analyzed cases, 54.7% were perpetrated in the circumscribed surroundings of Goiânia. The highest number of records occurred in 2009. And in 55.7% of the cases, the samples collected came from the victim's vaginal duct. Samples related to 271 cases were submitted to DNA exams. Considering the results of the DNA tests, in 252 cases of sexual assault were obtained the haplotypic profiles of the rapist, and 168 came from occurrences in which there were no suspects. The insertion of 252 haplotypic profiles in the BVPG-YSTR resulted in 85 matches between traces of crimes of sexual violence, involving 17 aggressors and 55 victims, resulting in a coincidence rate of 33.7%. In 18.1% of the cases, coincidences were reported exclusively by the BVPG-YSTR. Among the serial crimes identified by the BVPG-YSTR, in most cases the perpetrator raped on two different occasions. The temporal distance between intermittent cases ranged from 0 to 2151 days. The analysis of the geographical distribution of serial crimes showed that, as a general rule, there is no displacement of the sex offender. In the analysis of the 252 cases of sexual assault, 82 were perpetrated against vulnerable victims. The discrimination capacity (CD) of the set of 17 Y-STR markers for the population of Goiás was 0.9819. The panels with 23 and 27 Y-STR markers showed CD equal to 1. Five false

matches were observed among in 277 samples which were submitted for analysis using 17 Y-STR markers. Thus, the usage of BVPG-YSTR looked promising as far as aiding criminal investigations is concerned.

Keywords: Chromosome Y. Sex Crime. Profile Bank Y-STR. Criminal investigation. Forensic Genetics.

## 1 INTRODUÇÃO

O estupro é uma das formas mais graves de violência contra a dignidade humana (CERQUEIRA et al. 2017). No Brasil, segundo dados publicados na 12ª edição do Anuário Brasileiro de Segurança Pública, o número de notificações, somente no ano de 2017, foi de 61.032 (FBSP, 2018a). Apesar dos números apresentarem-se alarmantes, essas notificações refletem somente cerca de 10% de casos ocorridos no País (CERQUEIRA; COELHO, 2014). Os estudos conduzidos por Cerqueira et al. (2017) e Oliveira et al. (2005) atribuíram a subnotificação aos órgãos policiais o fato da vítima procurar preferencialmente atendimento nas unidades de saúde pública. Ademais, o descrédito nas investigações e a culpabilização da própria vítima são fatores que implicam na decisão de oferecer a denúncia.

As agressões sexuais contra crianças e vulneráveis também fazem parte deste quadro de subnotificação. A limitada compreensão dos fatos, assim como a difícil verbalização decorrente da pouca idade e do grau de discernimento tornam tais agressões desconhecidas ou tardiamente percebidas pelos responsáveis legais. Ainda, considerando que em muitos casos os sinais de lesão corporal são exíguos e imperceptíveis, os esforços para se obter a materialidade de crime é um desafio para os órgãos policiais (FARIELLO, 2018; PIZA, 2012).

Registros do Ministério da Saúde no ano de 2014 mostraram que 15,8% dos casos de violência sexual envolveram dois ou mais agressores (CERQUEIRA et al. 2017). O ano de 2016 foi emblemático na repercussão de estupros coletivos, principalmente após a divulgação da violência sexual contra uma adolescente de 16 anos abusada por 30 agressores no estado do Rio de Janeiro (MELLO, 2016). Diante da dramática situação, o Projeto de Lei do Senado nº 618 de 2015 (GRAZZIOTIN, 2015) ganhou celeridade e, em 24 de setembro de 2018 foi publicada a Lei 13.718 alterando o Código Penal Brasileiro. De acordo com o inciso IV, alínea “a” do artigo 226, acrescentada pela nova legislação, quando o crime de estupro for praticado mediante o concurso de duas ou mais pessoas, a pena será aumentada de 1/3 (um terço) a 2/3 (dois terços) (BRASIL, 2018).

O estado de Goiás, semelhante ao que ocorre em todo país, também sofre com o aumento dos índices de criminalidade de natureza sexual. Conforme aponta o Anuário Brasileiro de Segurança Pública 2018, entre os anos de 2014 a 2017, o número de notificações em Goiás aumentou 28%. Ainda, ao analisar os registros de delitos, pode-se observar que casos de estupro assumiram a terceira posição de maior incidência criminal do estado, atrás

somente de crimes contra patrimônio e apreensão de arma de fogo (FBSP, 2018b). Consoante a estes dados, a demanda para exames de casos relacionados à violência sexual registrados pela Superintendência da Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás, na Seção de Biologia Forense, (SEBIO/SPTC-GO) também tem se mostrado expressiva, correspondendo a 73% do total de casos recebidos no ano de 2018 (SPTC, 2019).

Considerando que a grande maioria dos casos de violência sexual envolvem homens como perpetradores do crime, o estudo de marcadores moleculares Y-STR têm ganhado notoriedade (FERREIRA-SILVA, 2018). Os marcadores do cromossomo Y têm sido importante na produção de prova material das investigações criminais (ANDERSEN et al. 2018; KAYSER, 2017; GOPINATH et al. 2016; OLOFSSON et al. 2015; SWEEN et al. 2015) devido a capacidade de detectar traços de DNA masculino em amostras que há predomínio do DNA da vítima em relação ao do agressor (ZHOU et al. 2018; DECANINE, 2016; RAPONE et al. 2016; SWEEN et al. 2015), situação comumente encontrada em casos de estupro.

Sabendo ainda que crimes sexuais apresentam natureza recorrente, a presente pesquisa propõe o desenvolvimento de um Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos para os marcadores do cromossomo Y, a fim de detectar e correlacionar crimes em série de violência sexual, auxiliar na elucidação do crime e contribuir para a redução da reincidência criminal no estado de Goiás.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Polimorfismo genético

O genoma humano é composto por 3,1 bilhões de nucleotídeos (DURRETT; LIMIC, 2001). No estudo dos cromossomos homólogos, observa-se considerável similaridade nas sequências de DNA. Entretanto, é possível observar variabilidade nessas sequências, ou seja, a existência de diferentes alelos em determinadas regiões homólogas. Para essa situação, o termo polimorfismo é utilizado quando a região apresenta mais de um alelo por *locus* e a alteração da sequência alcança a frequência genotípica maior que 1% na população (SAKAR et al. 2018; DECANINE, 2016).

As regiões hipervariáveis constituem exímias ferramentas de identificação humana, haja vista o polimorfismo apresentado. Estudos identificaram inúmeros sítios em que há diferenças pontuais na molécula de DNA (MACHADO et al. 2017). Em média, a cada 1.000 pares de bases (pb) de determinados segmentos homólogos do DNA humano, há um único nucleotídeo que os diferenciam (BUTLER, 2010). Além disso, também foram reconhecidas regiões com sequências repetitivas notavelmente presentes no genoma. Estas, distribuem-se em cadeias curtas ou longas, nomeadas como DNA satélites, exibindo mais de 100.000 vezes em todo o material genético, com sequências que variam no tamanho e motivo da unidade de repetição (MACHADO; EHRHARDT, 2018; SILVA, 2016).

Embora a maioria dos segmentos hipervariáveis apresenta-se tipicamente localizados em regiões não codantes e intergênicas, tanto o polimorfismo de um único nucleotídeo quanto o de sequências repetitivas podem ser mapeados em regiões de genes e de reguladores, fato que pode resultar diferentes expressões gênicas e relevantes efeitos sobre a transcrição do RNA (SILVA, 2016; BUTLER, 2010).

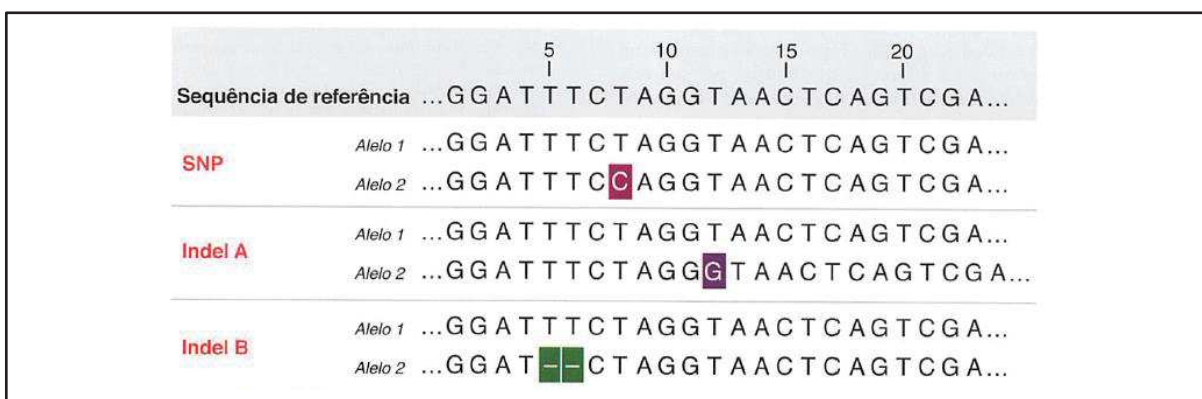
As regiões codificadoras, responsáveis pela produção de proteínas, são praticamente idênticas a todos os indivíduos de uma mesma espécie, entretanto, podem revelar certas diferenças fenotípicas, como por exemplo, a cor dos olhos e o sistema ABO. Tais características físicas não são capazes suficientemente para individualizar pessoas de modo inequívoco (BONACCORSO, 2010). Destarte, as regiões extragênicas, em especial, são os alvos de estudos para a identificação humana (SAKAR et al. 2018; PINHEIRO, 2015).

Marcadores genéticos são sequências de nucleotídeos, polimórficas entre indivíduos, presentes em uma localização conhecida do cromossomo (COLLINS et al. 2015). Os

principais marcadores podem ser agrupados nas classes de polimorfismos de nucleotídeo único, polimorfismos de inserção/deleção e polimorfismos de comprimento (MACHADO, 2017).

O polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) é extensamente distribuído por todo o genoma humano, registra-se em média um SNP para cada 300 a 1.000 pb (MORIN et al. 2004). A variabilidade da sequência é dada, em geral, por mutações pontuais das bases nitrogenadas na molécula de DNA, promovendo alteração de um único par de nucleotídeos em determinado segmento de DNA nos cromossomos homólogos, resultando alelos tipo ancestral e mutante, como apresentado na Figura 1 (MCINNES et al. 2016; KARKI et al. 2015).

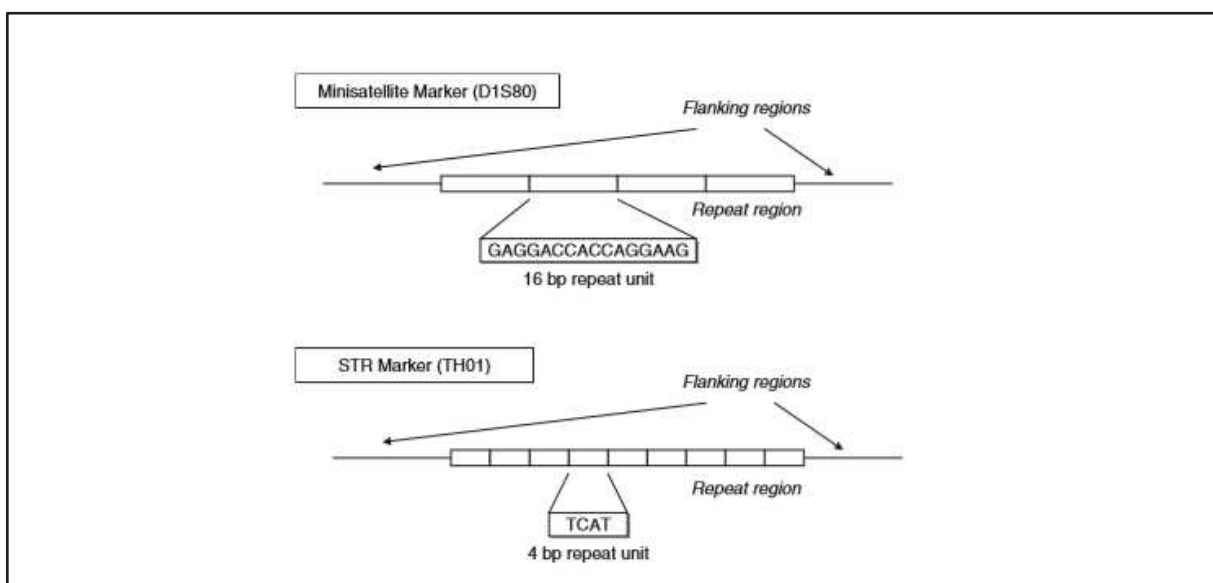
O polimorfismo de inserção e deleção (INDEL) constitui inserções ou deleções em determinada sequência na molécula de DNA, que pode variar de um a centenas de nucleotídeos. Entretanto, a maior parte dos INDELS catalogados, cerca de 70%, possui diferença de comprimento de dois a quatro nucleotídeos (Figura 1) (MACHADO et al. 2017; BUTLER, 2010).



**Figura 1.** Polimorfismos no DNA genômico a partir de um segmento do genoma humano. O polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) na posição 8 possui dois alelos, um com T (correspondente à sequência referência – tipo ancestral) e um com C (mutante). Na indel A, o alelo 2 apresenta uma inserção de um G entre as posições 11 e 12 da sequência referência (alelo 1). Na indel B, o alelo 2 apresenta uma deleção de 2 pb nas posições 5 e 6 da sequência de referência (MCINNES et al. 2016).

O polimorfismo de comprimento compreende regiões de DNA repetitivo, apresentando-se como bandas quando estudados em géis de agarose ou poliacrilamida, denominadas DNA satélite. O polimorfismo é proveniente de mutações que alteram a sequência da molécula de DNA causadas por “deslizamentos” da DNA polimerase durante processo de replicação associados à falha no reparo (ELLEGREN, 2004). São ainda capazes de individualizar o ser humano, visto que cada indivíduo tem um número diferente de cópias em um conjunto de marcadores moleculares analisados (PINHEIRO, 2015).

O termo satélite refere-se ao DNA genômico isolado para o estudo das repetições em *tandem*. As frações para estudo são eleitas em razão do poder de discriminação individual e facilidade de estudo. Estas regiões hipervariáveis do DNA podem ainda ser subclassificadas, em razão do número de nucleotídeos de uma sequência, em marcadores minissatélite e microssatélite (SILVA, 2016; PINHEIRO, 2015; BUTLER, 2010) (Figura 2).



**Figura 2.** Esquema de marcadores minissatélite (VNTR) microssatélite (STR). O número de unidades de repetição em tandem varia entre indivíduos, podendo ser usado como marcadores de identificação humana. (Adaptado BUTLER, 2010).

Os minissatélites, conhecidos como VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats*), são segmentos de DNA que apresentam unidades de repetição entre 8 a 100 pares de bases e se distribuem no genoma em múltiplas cópias (SILVA, 2016). Cada *locus* pode assumir número de repetições consecutivas diferentes, denominados alelos, e por tratarem de regiões altamente variáveis na população, permite a discriminação de pessoas, inclusive gêmeos dizigóticos (DECANINE, 2016).

Os marcadores microssatélites são segmentos de DNA com unidades de repetição sucessivas, observadas diferentemente em número e tipo em cada indivíduo de uma mesma espécie (BUCKLETON et al. 2016). Em razão do número de vezes que determinada sequência se repete em um *locus*, tem-se um alelo, tornando-a polimórfica na população. Os *loci* de microssatélite são também conhecidos como repetições curtas consecutivas ou STR (do inglês, *Short Tandem Repeat*) (BUTLER, 2010).



## 2.2 Marcadores STR ou microssatélites

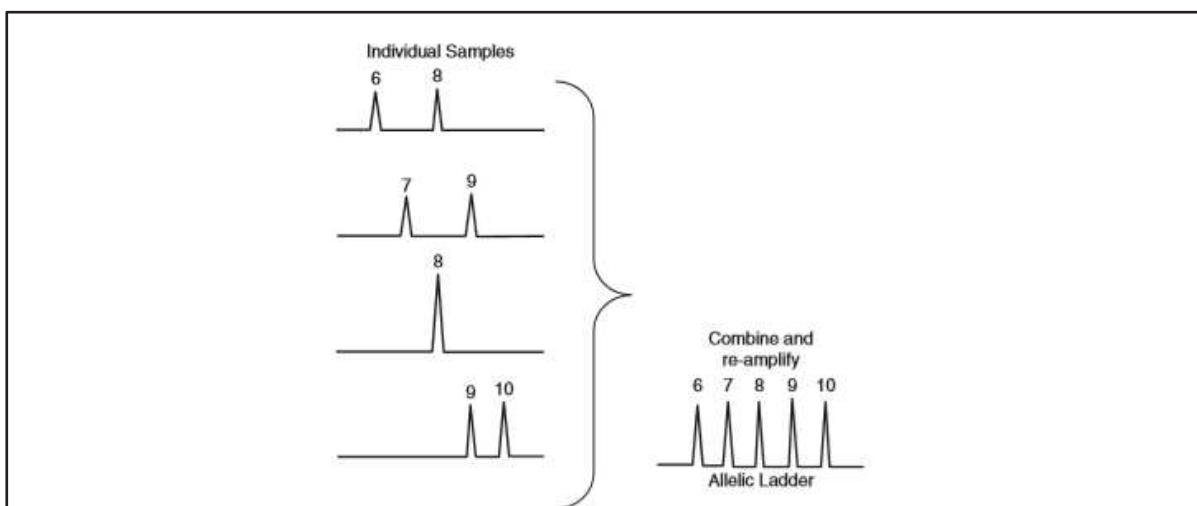
Milhares de microssatélites já foram catalogados no genoma humano, distribuídos extensamente nos cromossomos autossômicos e sexuais, na frequência de 1 STR para cada 10.000 nucleotídeos (SILVA, 2016; BUTLER, 2010). Apresentam-se como pequenas sequências repetitivas da molécula de DNA, entre 2 a 8 pares de bases (BUCKLETON et al. 2016), apesar de não ser uma definição consensual entre pesquisadores (CARLSON, 2015; CARVALHO; FILHO, 2015; BUTLER, 2010). Cada marcador molecular apresenta um padrão de repetição característico, sendo variáveis o tamanho da unidade e o número de repetições, constituindo, por isso, uma ferramenta de padrão ouro para identificação humana (SILVA, 2016; BUTLER, 2010).

Consoante o comprimento da unidade de repetição, os marcadores STRs são nomeados como di-, tri-, tetra-, penta- e hexanucleotídeos, quando o padrão de repetição de um segmento da molécula de DNA é formado respectivamente por 2, 3, 4, 5 e 6 nucleotídeos (BUTLER, 2010). Os di- e trinucleotídeos são os marcadores menos usados na identificação humana, haja vista que durante o processo de amplificação são mais susceptíveis ao deslizamento excessivo da enzima Taq DNA Polimerase e à formação de *stutters* (*amplicons* com uma unidade de repetição a menos do alelo verdadeiro), fato que compromete e dificulta a interpretação do perfil genético. Os marcadores tetranucleotídeos são os mais comuns no uso forense, pois são menos susceptíveis à formação de bandas espúrias e são mais facilmente separados na eletroforese. A distribuição dos penta- e hexanucleotídeos são pouco comuns no genoma humano (MACHADO; EHRHARDT, 2018; BUCKLETON et al. 2016; BUTLER, 2010).

A classificação quanto ao núcleo da unidade de repetição é dada pela complexidade da sequência. Repetições simples consistem em um único padrão de repetição como, por exemplo, (TCAT)<sub>n</sub>. Os marcadores moleculares TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317 e D16S539 representam esse padrão. As Repetições compostas agrupam duas ou mais repetições simples adjacentes, esquematicamente podem ser representadas pela sequência (TCAT)<sub>n</sub>CAT(TCAT)<sub>n</sub>. Os marcadores VWA, FGA, D3S1358 e D8S1179 fazem parte desta classe. As Repetições complexas, que tem como exemplo os marcadores SE33 e D21S11, apresentam arranjo de vários blocos de unidade de comprimento variável. A sequência (ATCT)<sub>n</sub>(GTCT)<sub>n</sub>(ATCT)<sub>n</sub> pode ilustrar esse grupo. Quando as unidades de repetição em uma

sequência não são completas, nomeia-se o alelo como microvariante, têm-se como exemplo o alelo 9.3 do marcador TH01, que compõe uma sequência simples de nove tetranucleotídeos e uma incompleta, com três nucleotídeos (BUCKLETON et al. 2016; BUTLER, 2010).

O número de repetições em *tandem* pode variar entre indivíduos criando um polimorfismo de comprimento. Em cada *locus*, diferentes números de um padrão conservado de uma sequência de DNA implicam na formação de um novo alelo na população, de tal modo que, a vasta possibilidade de combinações multialélicas, em um conjunto de marcadores, garante aos STRs excelente capacidade de discriminação de indivíduos de uma mesma espécie, como ilustrado na Figura 3 (BUTLER, 2010).



**Figura 3.** Esquema de possíveis combinações de alelos. À direita, escada alélica (alelos conhecidos em determinado locus). (Adaptado, BUTLER, 2010).

Entretanto, não são quaisquer regiões repetitivas e polimórficas da molécula de DNA que são úteis aos exames de identificação humana. Faz-se necessário uma seleção de microssatélites que pautam em determinados critérios, tais como: reduzida taxa de mutação, alto grau de heterozigosidade, localização em diferentes cromossomos, alto poder de discriminação, tamanho que varia entre 90 a 500 pares de bases e reprodutibilidade em reações multiplex (BUTLER, 2010; MORETI, 2009).

Quanto maior o número de marcadores analisados, maior a relevância dos resultados obtidos e mais informativos. Os sistemas multiplex, conjunto de marcadores moleculares amplificados simultaneamente em uma única reação de PCR, garante maior poder de discriminação do perfil genético obtido, entre as amostras analisadas, alcançando resultados mais robustos e conclusivos (JANNUZZI et al. 2018; RODOVALHO, 2017; DECANINE, 2016).

Os marcadores STRs também têm se destacado nos casos forenses, em função da apreciável capacidade para análise de DNA de amostras degradadas, exíguas e contaminadas (MACHADO; EHRHARDT, 2018; DECANINE, 2016; BUTLER, 2010). Os microsatélites apresentam tamanho de segmento consideravelmente menor, quando comparados aos VNTRs, compreendendo entre 100 a 400 pares de bases, fato que permite obter perfis genéticos de amostras degradadas. Alelos menores são menos susceptíveis a efeito *dropout*<sup>1</sup> e a processos de degradação (BUCKLETON et al. 2016; BUTLER, 2010).

Além disso, o uso da PCR (do inglês, *Polymerase Chain Reaction*) como método de detecção de marcadores STRs permitiu a análise de amostras com quantidades exíguas de DNA, na casa de 0,5 a 1,0 ng. A técnica baseia-se na capacidade de amplificação exponencial, *in vitro*, de segmentos de interesse da molécula DNA e consiste em três etapas: desnaturação da dupla fita de DNA, ligação do *primer* ao segmento a ser amplificado e polimerização das novas fitas-filha catalisadas pela enzima Taq DNA Polimerase (MACHADO; EHRHARDT, 2018).

Outro desafio para a genética forense trata-se de amostras provenientes de mistura. Em casos de estupro, por exemplo, amostras coletadas do canal vaginal da vítima apresentam mistura do material genético do agressor com o da vítima, tornando complexa a interpretação do perfil genético (WEI et al. 2018). Muitos são os casos que pela má qualidade do perfil autossômico, o analista não consegue separar inequivocamente o genótipo do autor do fato. Nesses casos, o uso de STRs do cromossomo Y tem se mostrado de grande valia. Por serem marcadores moleculares específicos, são capazes de revelar o haplótipo masculino na mistura analisada (FERREIRA-SILVA et al. 2018; ZHOU et al. 2018; ANDERSEN; BALDING, 2017; DECANINE, 2016; BALLANTYNE et al. 2012).

Assim, em função do polimorfismo genético apresentado, da significativa dispersão no genoma humano e dos procedimentos de genotipagem simples, rápidos e de boa reprodutibilidade, os STRs têm sido, nesse momento, os marcadores de escolha para fins de identificação humana e estudos forenses (MACHADO; EHRHARDT, 2018; SILVA, 2016; CARVALHO; FILHO, 2015).

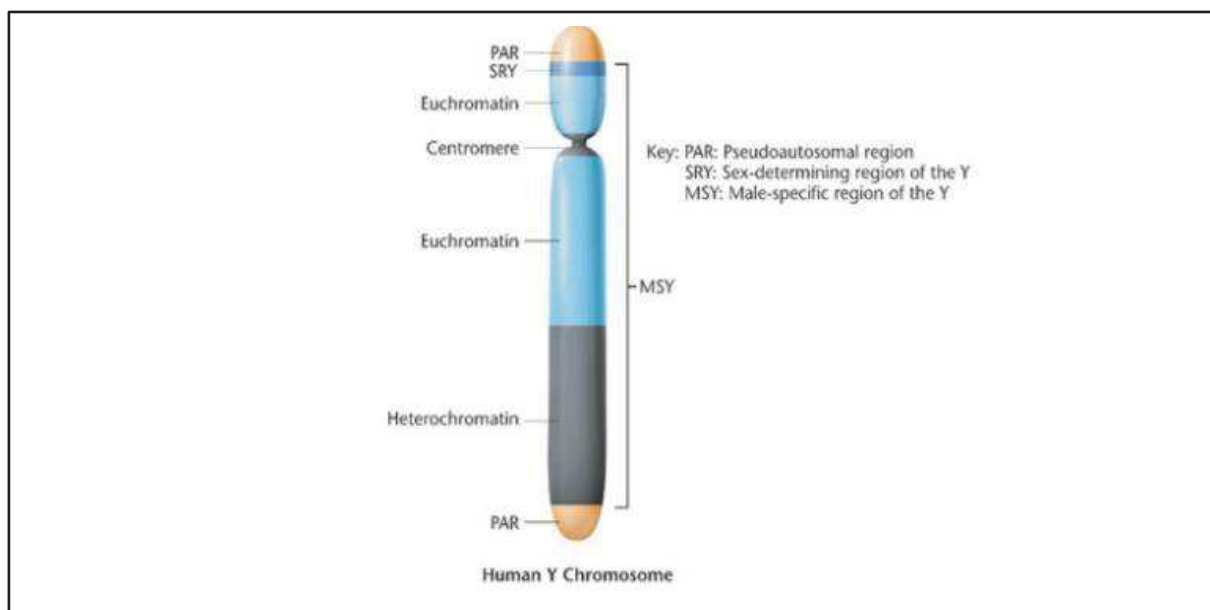
---

<sup>1</sup> Efeito *dropout* é caracterizado pela ausência de alelos no perfil genético devido à insuficiência ou degradação do DNA

### 2.3 Marcadores Y- STR

O cromossomo Y é o menor cromossomo do genoma humano. Apesar de ser pobre em genes funcionais, desempenha essenciais funções biológicas na regulação da espermatogênese e na determinação do sexo gonadal. Estruturalmente, é acrocêntrico, apresentando um braço longo e outro curto, separados pela região centromérica. É constituído por 60 milhões de pares de bases (60 Mb) e subdivido em regiões pseudoautossômicas e não recombinante. As regiões pseudoautossômicas (PAR1 e PAR2) são sequências homólogas de nucleotídeos localizadas nas porções teloméricas e conferem aproximadamente 5% do comprimento total do cromossomo, sendo responsáveis pela recombinação com o cromossomo X durante a meiose (SKALETSKY et al. 2003; BUEHLER, 1980).

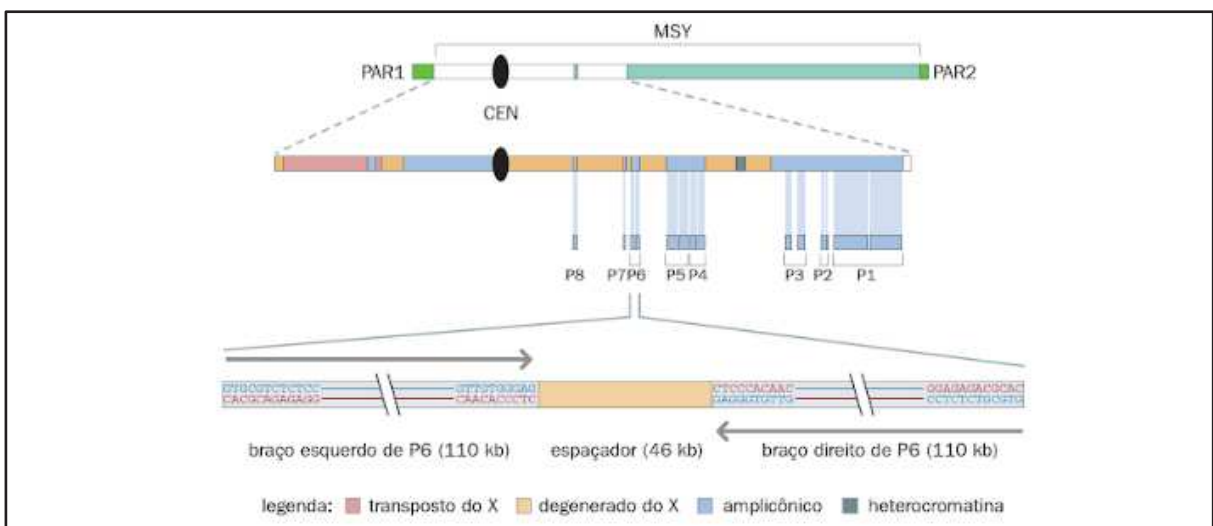
A porção majoritária do cromossomo Y, nomeada como região Y-específica masculina (MSY), por apresentar natureza não recombinante, atribui ao cromossomo Y a especificidade de transmissão de um bloco de genes intactos ao longo de uma linhagem patrilinear, como apresentado na Figura 4 (HASAN et al. 2016; DIEGOLI, 2015; ZHANG et al. 2014; SKALETSKY et al. 2003). Visto que os loci são geneticamente ligados e transferidos verticalmente na descendência patrilinear, a cópia genética do cromossomo Y de um filho é idêntica ao do pai, do tio e do avô (OU et al. 2015; GIGONZAC, 2013; AMORIM, 2008).



**Figura 4.** Estrutura do cromossomo Y (BICHILE et al. 2014).

A região Y-específica masculina é composta por sequências heterocromáticas e eucromáticas. A heterocromatina, porção mais condensada da cromatina e geneticamente inerte, está presente na região centromérica e na porção distal do braço longo do cromossomo Y, apresentando ricas sequências polimórficas de comprimento. A eucromatina da região MSY apresenta cerca de 80 genes codificadores de proteínas. Abrange as porções proximais dos braços curto e longo do cromossomo Y e é subdividida em três tipos de sequência, a saber: transpostas do X, degeneradas do X e sequências amplicônicas, como ilustrado na Figura 5 (SKALETSKY et al. 2003).

As sequências transpostas do X, encontradas na porção distal do braço curto do cromossomo Y, foram adquiridas pelo processo de transposição X-Y, há cerca de 3 a 4 milhões de anos e conferem 99% de identidade com a sequência do Xq21. As sequências degeneradas do X são segmentos ancestrais dos quais os cromossomos sexuais evoluíram. Estas possuem genes codificadores de proteínas e pseudogenes ligados ao X. A amelogenina é um exemplo de gene pertencente a essa classe e muito usada como marcador molecular para a determinação sexual. Os segmentos amplicônicos são constituídos de oito palíndromos, com sequências com 99,9% de identidade com outras regiões MSY. Apresentam 74 unidades de transcrição não codificantes e 60 genes codificadores de proteínas, expressos basicamente nos testículos, apresentando também a maioria dos genes relacionados a espermatogênese (KRAUSZ; CASAMONTI, 2017; TROMBETTA et al. 2017; BICHILE et al. 2014).



**Figura 5.** Classes de sequência na região Y-específica masculina (MSY). Apenas as regiões terminais pseudoautossômicas (PAR 1 e PAR2) do cromossomo Y recombinam; o resto do cromossomo é não recombinante e é descrito como região Y- específica masculina. A região da eucromatina abrange Yp e Yq proximal, consistindo em três classes principais de sequências: sequências transpostas do X; sequências degeneradas do X; e os segmentos amplicônicos. O resto da MSY inclui a heterocromatina (STRACHAN; READ, 2013).

O estudo do cromossomo Y humano expandiu substancialmente nos últimos anos (JANNUZZI et al. 2018; JAVED et al. 2018; ANDERSEN; BALDING, 2017; DECANINE, 2016; SWEEN et al. 2015; ZHANG et al. 2014). Pesquisas utilizando marcadores *Short Tandem Repeat* do cromossomo Y (Y-STR), por exemplo, têm sido valorosas em análises de ancestralidade, de origem geográfica e migração humana, na análise de parentesco, assim como, na ciência forense (AMBERS et al. 2018; GRUGNI et al. 2018; LIU et al. 2018; ZHOU et al. 2018; KAYSER, 2017; ADNAN et al. 2016; RAPONE et al. 2016; BARCELOS, 2006).

Em virtude do polimorfismo apresentado e da característica de haplótipo não recombinante do genoma humano, sistemas multiplex de marcadores Y-STR foram desenvolvidos e são utilizados como estratégia na investigação de crimes, a saber, casos de paternidade criminal e de violência sexual (GOPINATH et al. 2016; ROBINO et al. 2015; ZHANG et al. 2014), sendo recomendados pela *DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics* (GUSMÃO, 2006).

Considerando a não ocorrência de mutações, único mecanismo de variabilidade da porção Y-específica masculina, indivíduos do sexo masculino de uma mesma geração apresentam o mesmo haplótipo Y-STR (LIU et al. 2018; BALANOVSKY, 2017; BUCKLETON et al. 2016; BUTLER, 2010). Conjuntos Y-STR comerciais para análise de linhagem patrilinial apresentam marcadores com taxas de mutação moderadamente baixa, na ordem de  $10^{-3}$  (ADNAN et al. 2016; DECANINE, 2016; HADI, 2016; DIEGOLI et al. 2015; OLOFSSON et al. 2015; BALLANTYNE et al. 2014).

Devido à natureza de herança haplotípica, característica peculiar deste cromossomo e ao polimorfismo dos marcadores Y-STR (WEI et al. 2018; ZHANG et al. 2014), o cromossomo Y tem se somado na produção de prova material das investigações criminais (ANDERSEN et al. 2018; LIU et al. 2018; DECANINE, 2016). A capacidade de detectar traços de DNA masculino, evidenciou o poder desse exame em casos inconclusivos para marcadores autossômicos (PURPS et al. 2015; ROBINO et al. 2015; SWEEN et al. 2015; BALLANTYNE et al. 2012), especialmente, em contextos de violência sexual em que não ocorre ejaculação ou o agressor é vasectomizado, ou quando, na amostra, há um predomínio do DNA da vítima em relação ao do agressor (ZHOU et al. 2018; DECANINE, 2016; RAPONE et al. 2016; SWEEN et al. 2015), ou ainda em casos de múltiplos contribuintes do sexo masculino (KAYSER, 2017).

O número de loci Y-STR pesquisados para identificação humana tem crescido nos últimos anos, em particular o desenvolvimento de multiplex (LIU et al. 2018; ZHOU et al. 2018; ADNAN et al.2016; KAYSER, 2017; THOMPSON et al. 2013). Assim, a fim de possibilitar a comparação interlaboratorial de resultados e compatibilidade para inserção de dados aos bancos de haplótipos, foi recomendada a padronização do uso de conjuntos de Y-STR (DIEGOLI et al. 2015; CHIANCA, 2013).

Em 1998, foi definido o primeiro conjunto de *loci*, constituído de nove marcadores Y-STR, desenvolvido na Europa para fins forenses, designado como “haplótipo mínimo” (KAYSER, 1997). Posteriormente, outros marcadores foram associados com o objetivo de aumentar a capacidade de discriminação de indivíduos (PURPS et al. 2014), criando o “haplótipo estendido”, totalizando 11 marcadores Y-STRs com a inclusão de DYS438 e DYS439 (KRENKE et al. 2005). Atualmente algumas empresas disponibilizam kits comerciais, validados para análises forenses, contendo um rol de marcadores mais amplo, como o kit AmpFlSTR® Yfiler™, da empresa Thermo Fisher Scientific®, que amplifica 17 *loci* Y-STRs em uma única reação (MULERO et al. 2006); o painel com 23 *loci* Y-STRs desenvolvido pela Promega®, denominado PowerPlex® Y23 (THOMPSON et al. 2013); e, o mais recente kit comercial desenvolvido pela empresa Thermo Fisher Scientific®, com 27 marcadores, nomeado como Yfiler™ Plus, contendo sete marcadores de mutação rápida (DYF387S1a/b, DYS449, DYS518, DYS570, DYS576, DYS627) e três altamente polimórficos (DYS460, DYS481 e DYS533), ilustrados na Tabela 1 (GOPINATH et al. 2016).

Os sistemas multiplex Y-STR comercialmente desenvolvidos permitem obter um perfil genético masculino em amostras com quantidade ínfima de DNA, na casa de nanogramas (THOMPSON et al. 2013). Apesar da importância demonstrada, há um fator limitante que é a não individualização da pessoa, pois devido à natureza não recombinante deste cromossomo, em casos de análises envolvendo investigações criminais, homens que pertençam à mesma linhagem patrilinear do suspeito não podem ser excluídos como doadores da amostra (ROBINO et al. 2015, ROEWER, 2009).

Pesquisas realizadas recentemente com um conjunto de treze marcadores de rápida mutação (RM Y-STR) trouxeram avanços promissores para superar as limitações de sistemas multiplex Y-STR convencionais na individualização de homens correlacionados paternalmente, ilustrado na Tabela 1 (JAVED et al. 2018; ROBINO et al, 2014; HADI, 2016; BALLANTYNE et al. 2014; PURPS et al. 2014).

Os marcadores RM Y-STR são potencialmente capazes, quando combinados em sistemas multiplex, de diferenciar parentes paternos próximos, sendo, portanto, atrativo aos estudos da genética forense. Devido à elevada taxa de mutação, na ordem de  $10^{-2}$  por *locus*/geração (ANDERSEN; BALDING, 2017; ADNAN et al, 2016; GOPINATH et al. 2016) há a possibilidade de alcançar a identificação individual do agressor por meio de amostra biológica coletada em uma cena de crime ou no corpo da vítima (JANNUZZI et al. 2018; KAYSER, 2017; SWEEN et al. 2015).

**Tabela 1.** Conjunto de marcadores Y-STR.

	Haplótipo mínimo	Haplótipo estendido	AmpFISTR <sup>®</sup> Yfiler <sup>™</sup>	PowerPlex <sup>®</sup> Y23	Yfiler <sup>™</sup> Plus	Conjunto 13 RM Y-STR
DYS19	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS385a/b	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS389 I	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS389II	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS390	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS391	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS392	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS393	✓	✓	✓	✓	✓	
DYS437		✓	✓	✓	✓	
DYS438		✓	✓	✓	✓	
DYS439		✓	✓	✓	✓	
DYS448			✓	✓	✓	
DYS456			✓	✓	✓	
DYS458			✓	✓	✓	
DYS635			✓	✓	✓	
YGATAH4			✓	✓	✓	
DYS481				✓	✓	
DYS533				✓	✓	
DYS549				✓		
DYS570				✓	✓	✓
DYS576				✓	✓	✓
DYS643				✓		
DYS449				✓	✓	✓
DYS460					✓	
DYS518					✓	✓
DYS627					✓	✓
DYF387S1a/b					✓	✓
DYS526a/b						✓
DYS547						✓
DYS612						✓
DYS626						✓
DYF399S1						✓
DYF403S1a/b						✓
DYF404S1						✓

Fonte: adaptado Kayser (2017).



## 2.4 Importância do banco de dados de perfis genéticos Y-STR

No decorrer dos anos, o exame de DNA tem ganhado notoriedade nas políticas de segurança pública, deixando de ser uma mera prova técnica e convertendo em instrumento para a resolução de crime e prevenção da criminalidade (JAKOVSKI et al. 2017; GODINHO, 2014; WALSH et al. 2010).

Segundo o VIII Relatório Anual da Rede Integrada de Banco de Perfis Genéticos, os bancos de dados de perfis genéticos são construídos com a finalidade de manter uma unidade de concentração de dados computadorizada e permitir a comparação sistemática destes dados entre si em busca de coincidências (RIBPG, 2018a). No campo da criminalística, as comparações entre perfis genéticos podem correlacionar suspeitos às cenas de crime, bem como, resultado de exclusão do suspeito pelo exame de DNA pode afastar uma hipótese levantada e auxiliar no direcionamento da investigação (JAKOVSKI et al. 2017; DECANINE, 2016).

O uso de ferramentas computadorizadas tem auxiliado as instituições policiais e a justiça na elucidação de casos antigos e de alta complexidade (SILVA, 2016; GODINHO, 2014). A saber, os bancos de dados de perfis genéticos com fins de persecução penal fornecem elementos para a investigação de crimes em que não há suspeitos ou que não há nenhuma informação para iniciar a apuração criminal, e ainda dispõe de recursos capazes de estabelecer a conexão de crimes seriais (FBI, 2018a; NPCC, 2018; BUCKLETON et al. 2016; BUTLER, 2010). Portanto, os dados genéticos atuam como coadjuvantes na instrução processual compondo o conjunto de provas (RIBPG, 2018a; SILVA, 2016; GODINHO, 2014).

O aumento da indexação de perfis genéticos garante maior robustez ao banco de dados, e conseqüentemente, maior efetividade na detecção de crimes. A probabilidade de se obter *matches*, isso é coincidências, tornam-se cada vez maiores com o crescimento do banco, fato que garante uma economia aos cofres públicos por constituir uma ferramenta de prevenção de crime (JAKOVSKI et al. 2017; SILVA, 2016; BONACCORSO, 2010; BUTLER, 2010).

Nos Estados Unidos, por exemplo, as estatísticas referentes a crime de violência sexual apontaram ausência de suspeitos em 34% dos casos de estupros, reincidência de 2/3 dos infratores, e, em média, registro de oito agressões sexuais antes da apreensão do autor. Considerando que a taxa de sucesso de encontrar espermatozoide em uma amostra de estupro

e a possibilidade de extrair o DNA permeia quase 50% dos casos, o banco de dados de perfis genéticos americano representou um significativo investimento de política pública para a elucidação de crimes e redução da criminalidade, pois se mostrou mais econômico que outros instrumentos de aplicação da lei (BUTLER, 2010).

No Brasil, a implementação do banco de dados de perfis genéticos iniciou-se em 2004, com recursos da Secretaria Nacional de Segurança Pública do Ministério da Justiça (SENASP/MJ) para a capacitação de peritos oficiais. Em parceria com o governo americano, em 2009, a partir de um termo de compromisso firmado entre o FBI (*Federal Bureau of Investigations*) e o Departamento de Polícia Federal, o Brasil implantou o software CODIS (do inglês, *Combined DNA Index System*) em vários laboratórios forenses do País. O CODIS é uma plataforma para indexação de perfis genéticos oriundas de local de crime, de condenados e de pessoas desaparecidas. Para a admissibilidade de perfis, exige-se a genotipagem de pelo menos nove entre treze marcadores autossômicos CODIS requeridos (CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51 e D21S11). Os marcadores do cromossomo Y, por sua vez, são inseridos, se, e somente se, obter perfis autossômicos de qualidade, visto que a inclusão de apenas perfis haplotípicos no Banco Nacional de Perfis Genéticos não é permitida (RIBPG, 2017).

Diante do exposto, a não inserção dessa informação genética prevê uma perda de um dado valioso para a investigação de violência sexual. O estudo conduzido por Neuhuber et al (2013) demonstrou o potencial de bancos de perfis Y-STR no auxílio de investigações criminais. Em 38 no total de 239 casos de estupro, o perfil genético do agressor foi exclusivamente obtido por marcadores do cromossomo Y. Diante desses resultados, o *Austrian National DNA Database* foi expandido para incluir marcadores Y-STR.

Em outro estudo, Purps et al (2015) analisou 287 casos de crime sexual. Os exames com marcadores autossômicos detectaram, em 9% dos casos, a contribuição de múltiplos doadores masculinos, contrapondo os 26% alcançados com marcadores do cromossomo Y. Em 53% dos casos em que a análise autossômica falhou na detecção de contribuição masculina por meio do marcador amelogenina, foi obtido perfil Y-STR. Desses, aproximadamente 9% foram de fonte única e completos. A análise com Y-STR mostrou-se valiosa para casos que envolvem mais de um agressor e quando a quantidade de DNA masculino é ínfima (FERREIRA-SILVA et al. 2018; WEI, et al. 2018; GOPINATH et al. 2016; PURPS et al. 2015).

O uso do cromossomo Y também permitiu resolver caso de violência sexual seguido de assassinato após 14 anos da data do delito. Em 1999, na Holanda, a jovem Marianne Vaatstra foi estuprada e assassinada. Nas investigações não foi levantada nenhuma testemunha ocular, e o perfil autossômico obtido do sêmen não apresentou coincidência quando confrontado com o Banco de Dados de DNA Nacional de Criminosos. A população suspeitava que o autor pertencesse ao centro de refugiados, a maioria iraquianos, localizado nas proximidades da região que ocorreu o delito. Devido à comoção da população somada às tensões étnicas e xenofóbicas, a promotoria pública solicitou que realizasse a análise do perfil genético Y-STR da amostra de sêmen para inferir sobre a ascendência genealógica do suspeito. Comparado ao Banco de Dados de Referência do Cromossomo Y (YHRD) concluiu que a ancestralidade do doador da amostra provavelmente era originária do noroeste da Europa, fato que direcionou a investigação em busca do autor para a população europeia e holandesa. Em 2003 e em um segundo momento, abril de 2012, estimulado pelo caso Vaatstra, que até então ainda não havia sido solucionado, o parlamento holandês propôs adaptações da legislação nacional a fim de incluir o uso do cromossomo Y para casos forenses, regulamentando o uso de informações de DNA sobre ancestralidade biogeográfica e rastreio em larga escala de DNA, para casos em que o autor do crime não pode ser identificado por nenhum outro meio. Em setembro de 2012, um rastreio em larga escala foi decidido como último recurso para solucionar o caso Vaatstra. Mais de 7.600 homens que viviam nas proximidades do local do fato, com raio de abrangência de 5 km, foram convidados para ceder voluntariamente material biológico, sendo que 87% participaram e teve seu DNA tipado com marcadores Y-STR. A estratégia do uso de marcadores do cromossomo Y foi usada, pois a hipótese do perpetrador não ter contribuído com a ação era considerável. Assim deu-se prosseguimento na investigação em busca da linhagem patrilinear do autor. No primeiro bloco de análise, entre 81 homens analisados foi identificado dois *matches* com o perfil obtido do sêmen. Em pesquisa genealógica de arquivos de registros públicos confirmou que ambos os homens eram oriundos de um ancestral comum. Assim para maximizar o trabalho e reduzir custos de análises, a equipe técnica selecionou somente as amostras de voluntários com mesmo sobrenome para serem analisadas, haja vista ser um indicativo de pertencer à família paterna do autor. A fim de obter melhor poder de discriminação entre as amostras, a análise com Y-STR foi ampliada de 17 para 38 marcadores, sendo 13 de mutação rápida. Foi possível então reduzir o leque de suspeitos. Os resultados da análise do cromossomo Y pôde auxiliar a investigação direcionando-a para a família de Jasper Steringa.

Quando comparado ao perfil autossômico garantiu fortes evidências para a condenação de 18 anos de prisão de Jasper Steringa pelo estupro e assassinato de Marianne Vaatstra (KAYSAR, 2017).

## **2.5 Marcadores Y-STR no auxílio de investigações de crimes sexuais**

A criminalística tem por objetivo elucidar crimes, estabelecer a materialidade dos fatos, determinar a dinâmica e identificar a autoria do crime, mediante o reconhecimento e interpretação de vestígios (OLIVEIRA, 2013; STUMVOLL, 2014).

Os exames de lesão corporal e conjunção carnal realizados pelos Institutos Médico-Legal são de grande valia para materialização da violência sexual. O registro de traumas genital ou anal, bem como a presença de hematomas e escoriações resulta em evidências que fundamentam a interposição de procedimentos policiais para a investigação de estupro. Entretanto, somente o exame de DNA permite a identificação da autoria em delitos cujos agressores deixam vestígios biológicos, ao incluir ou excluir os suspeitos pela prática delituosa (FRANÇA, 2017; COSTA; COSTA, 2015; PIZA, 2012).

O avanço da genética nas ciências forenses nos últimos anos foi marcante e se tornou ferramenta importante para subsidiar as investigações criminais. A genética forense é a área da genética responsável pela análise de exames periciais, com objetivo de obter perfis genéticos e permitir a comparação entre eles para determinar a origem da amostra analisada com vistas a auxiliar a justiça (DECANINE, 2016; AMORIM, 2015).

Nos crimes sexuais é comum a liberação de fluidos biológicos do autor durante a agressão. O exame de DNA desses vestígios expõe o genótipo do indivíduo que produziu a amostra biológica encontrada no corpo da vítima e/ou em local de crime. Cientificamente, a análise do DNA permite inocentar ou vincular o suspeito ao fato mediante confronto do perfil genético da amostra questionada<sup>2</sup> com o da amostra referência<sup>3</sup> apresentada (GODINHO, 2014; DE PAULA, 2012; BUTLER, 2010).

Entretanto, em exames de vestígios de violência sexual, não são poucas as dificuldades encontradas para se obter um perfil genético autossômico com qualidade para individualizar o agressor. As amostras questionadas coletadas durante o exame de corpo de delito na vítima, como secreção vaginal e anal, material subungueal, saliva presente em lesões de mordedura, normalmente, são compostas por mistura de material genético da vítima e agressor. As

---

<sup>2</sup> Amostra de origem desconhecida como, por exemplo, as coletadas em local de crime ou no corpo da vítima.

<sup>3</sup> Amostra de origem conhecida, por exemplo, a do suspeito apresentado pela polícia judiciária.

misturas de perfis genéticos, em especial quando apresentam-se balanceadas, podem dificultar a interpretação do resultado e a segregação indubitável entre os perfis da vítima e do autor (FERREIRA-SILVA, 2018; ANSERSEN; BALDING, 2017; DECANINE, 2016; DIEGOLI et al. 2015; BALLANTYNE et al. 2012).

Considerando outras situações em que as proporções de DNA autossômico feminino/masculino são iguais ou superiores a 50:1, observa-se amplificação preferencial do DNA da vítima, de tal modo que o perfil minoritário do agressor não é detectado (ROEWER, 2009; HOLT et al. 2002). Assim, a determinação da autoria pelo exame de DNA fica prejudicada. Diante da insuficiência de prova material para comprovar a denúncia ou fundamentar a condenação, o acusado é beneficiado pelo princípio jurídico da presunção da inocência, *in dubio pro reo* (DE PAULA, 2012).

Perante o exposto, as pesquisas envolvendo marcadores moleculares do cromossomo Y têm avançado e ganhando notoriedade para subsidiar as investigações de crimes de violência sexual, em especial, nos casos em que o perfil haplotípico é a única evidência disponível que liga o autor ao delito (ANDERSEN et al. 2018; KAYSER, 2017; GOPINATH et al. 2016; RAPONE et al. 2016; VIEIRA et al. 2014).

Em casos de crime de violência sexual cujo autor é azoospérmico, vasectomizado ou ainda devido à prática do coito interrompido, o resultado da pesquisa citológica de espermatozoide é negativo, frustrando assim, a princípio, a hipótese de conjunção carnal (MARTINEZ et al. 2015; MCDONALD et al. 2015; SWEEN et al. 2015). Todavia, a presença de células nucleadas no líquido seminal, a saber, leucócitos, células germinativas imaturas, células epiteliais provenientes da próstata e vesícula seminal permitem a obtenção de perfis haplotípicos do cromossomo Y (MCDONALD et al. 2015).

De fato, o uso de marcadores do cromossomo Y tem-se mostrado vantajoso nas situações em que a análise de marcadores STR autossômicos não trazem conclusões claras (KAYSER, 2017; BALLANTYNE et al. 2012). Essa ferramenta também tem-se mostrado eficiente quando há degradação da amostra, mistura de material biológico de naturezas distintas, ou ainda quando há substâncias inibidoras na amostra analisada (WEI et al. 2018; DIEGOLI, 2015; ROBINO et al. 2015; BUTLER, 2010). Tais características resultam em perfis genéticos autossômicos de má qualidade ou de difícil interpretação, e, portanto, os marcadores Y-STR entram como ferramenta para o auxílio da polícia judiciária (BALLANTYNE et al. 2012; PIZA, 2012).

Ademais, o cromossomo Y tem sido promissor quando o objetivo é a identificação da fonte masculina de DNA da amostra analisada, especialmente quando esta apresenta-se em ínfima quantidade ou em mistura com material genético de origem feminina (FERREIRA-SILVA et al. 2018; WEI et al. 2018; ADNAN et al. 2016; GOPINATH et al. 2016).

Como o cromossomo Y, exclusivo de indivíduos do sexo masculino, é composto por 95% de regiões não-recombinantes (NRY), essa característica garante uma herança haplotípica, pois os loci são geneticamente ligados e transferidos verticalmente na linhagem patrilinear (BUTLER, 2010; SKALETSKY et al. 2003). Não obstante, a evidência do cromossomo Y não pode ser rejeitada, visto que permite obter informações sobre a presença de DNA masculino na amostra biológica analisada, estimar o número de agressores envolvidos em determinado caso de estupro, obter o perfil genético haplotípico do agressor e, até mesmo, pode excluir um inocente da lista de suspeitos da investigação (KAYSER 2017; PURPS et al. 2014).

Outrossim, crimes de natureza sexual têm como característica a reincidência. O estupro comumente não é um evento isolado, o agressor sexual alcança múltiplas vítimas no ínterim entre o fato e a determinação de reclusão pela Justiça (DELUCA et al. 2018; DOLEAC, 2017; IPEA, 2015; ALBUQUERQUE et al. 2008). Neste caso, estudo com marcadores Y-STR podem revelar coincidências entre amostras biológicas coletadas em diferentes vítimas de estupro e levantar a hipótese de crimes em série. Destarte, apesar do cromossomo Y não ter a capacidade de individualizar, pode auxiliar sobremaneira a polícia judiciária ao oferecer elementos para inocentar um suspeito apresentado e auxiliar no direcionamento da investigação (BALLANTYNE et al. 2012).

Cabe ao Estado traçar planos para alcançar maiores resultados na investigação e, conseqüentemente, punir o autor do delito. O Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) e a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG) instituídos pelo Decreto nº 7950, de 12 de março de 2013, são estratégias governamentais com o fim de elucidar crimes em que não há suspeito (BRASIL, 2013). Em seis anos de existência, essa plataforma de comparação de perfis genéticos já apresentou alguns resultados, dentre os quais auxiliou 559 investigações, dado registrado até novembro de 2018 (RIBPG, 2018b).

Os marcadores genéticos do cromossomo Y são classificados pela RIBPG como marcadores aceitos (DYS19, DYS385, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS438, DYS437, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS481, DYS533, DYS549, DYS570, DYS576, DYS635, DYS643, YGATAH4), ou seja, a inclusão de perfis

Y-STR no BNPG só é permitida, se, e somente se, houver concomitantemente a inserção de perfil autossômico (marcadores requeridos). Portanto, quando não se obtêm perfis autossômicos de qualidade, fica prejudicada a inserção de perfil Y-STR (RIBPG, 2017). Assim, há uma perda dessa informação para confronto genético, a qual é valiosa para a investigação de crimes sexuais (NEUHUBER et al. 2013).

Diante do exposto, o uso de banco de perfis genéticos Y-específicos pode atuar como ferramenta auxiliar na elucidação de casos de abuso sexual pela capacidade de identificar crimes em série, de correlacionar diferentes casos e oferecer subsídios para a investigação criminal.

## 3 OBJETIVOS

### 3.1 Objetivo geral

Desenvolver um Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos para os marcadores STR do Cromossomo Y (BVPG-YSTR), para fins de aplicação na elucidação de crimes sexuais ocorridos no estado de Goiás.

### 3.2 Objetivos específicos

- Inserir no BVPG-YSTR os perfis haplotípicos obtidos de vestígios oriundos crimes sexuais ocorridos no estado de Goiás nos anos de 2004 a julho de 2018.
- Avaliar a distribuição geográfica e o número de ocorrências dos crimes sexuais registradas no LBDF/IC/SPTC-GO entre os anos de 2004 a julho de 2018.
- Categorizar as amostras provenientes de crimes de violência sexual quanto à origem de coleta.
- Estimar a porcentagem de casos em que não há suspeito para o delito perpetrado.
- Estimar o número de ocorrências perpetradas contra vítimas vulneráveis e a porcentagem de autoria conhecida.
- Avaliar o índice de reincidência de violência sexual (crimes em série).
- Analisar a distância temporal, a distribuição espacial dos crimes em série e o deslocamento do autor do delito em relação ao município sede da agressão sexual.
- Calcular a porcentagem de casos, que foram submetidos a exame de DNA, em que se obteve o perfil haplotípico do agressor.
- Obter a taxa de coincidência de perfis haplotípicos provenientes de vestígios de violência sexual pelo uso do BVPG-YSTR.
- Avaliar a capacidade do BVPG-YSTR no auxílio das investigações de crimes sexuais.
- Calcular a capacidade de discriminação dos conjuntos de haplótipos com 17, 23 e 27 marcadores e analisar a existência de falsos *matches*.



## **4 MATERIAIS E MÉTODOS**

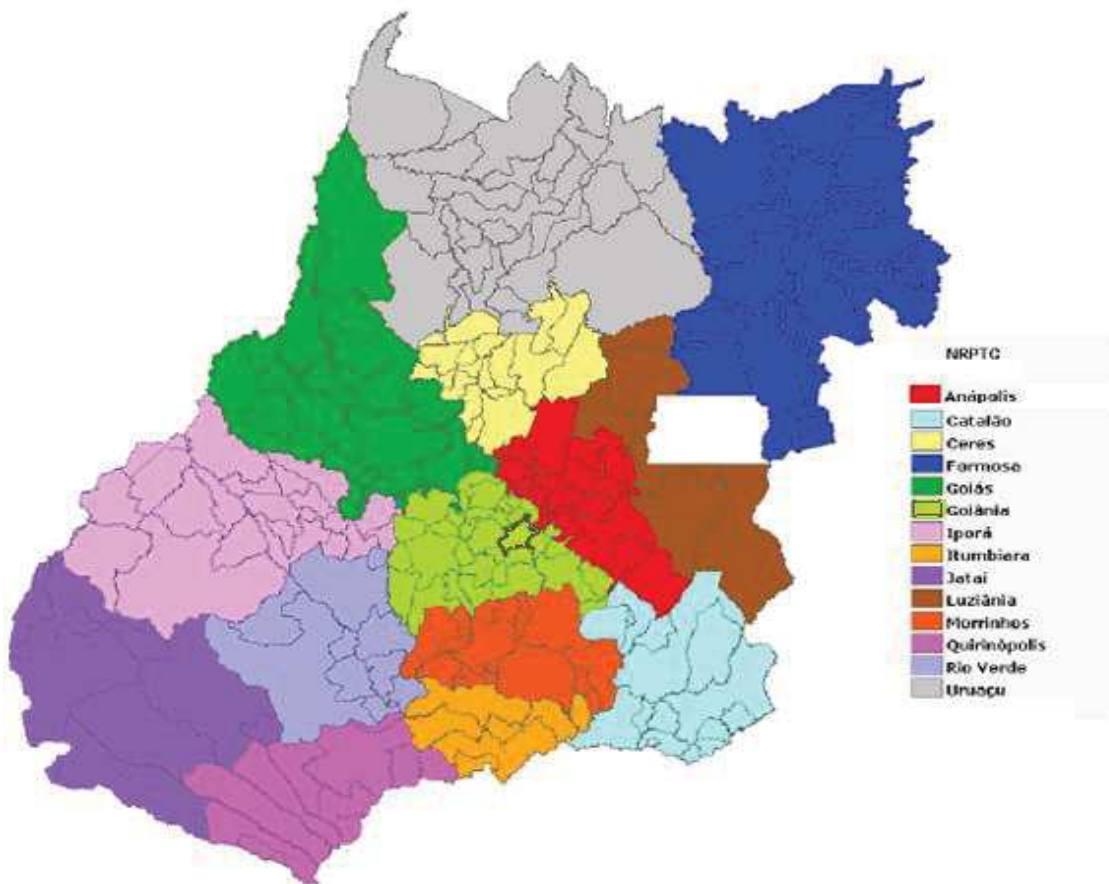
### **4.1 Delineamento do estudo e aspectos éticos**

O estudo foi tratado de acordo com as normas aplicáveis da resolução nº 466/12 do Conselho Nacional de Saúde (CNS) e submetido aos Comitês de Ética em Pesquisa da Pontifícia Universidade Católica de Goiás e da Secretaria Estadual de Saúde do Estado de Goiás, obtendo pareceres consubstanciados favoráveis nº 2.380.631 e 2.413.063, respectivamente (Anexos A e B). O estudo trata-se de uma pesquisa aplicada descritiva quantitativa, conduzido no Laboratório de Biologia e DNA Forense do Instituto de Criminalística Leonardo Rodrigues, da Superintendência da Polícia Técnico-Científica de Goiás (LBDF/ICLR/SPTC-GO).

### **4.2 Grupo amostral**

As amostras do estudo foram selecionadas a partir dos vestígios de crimes sexuais, ocorridos no estado de Goiás entre o período de 2004 a julho 2018. Tratam-se de vestígios relacionados à investigação policial e encontram-se armazenadas no LBDF/ICLR/SPTC-GO.

O estudo analisou amostras provenientes de quatorze Núcleos Regionais da Polícia Técnico Científica do Estado de Goiás (NRPTCs), com sedes em Goiânia, Cidade de Goiás, Formosa, Morrinhos, Rio Verde, Ceres, Uruaçu, Catalão, Iporá, Anápolis, Jataí, Itumbiara, Quirinópolis e Luziânia (Figura 6). Durante o curso da pesquisa, por meio da Portaria nº 336/2017-GAB/SPTC de 28/09/2017, houve alteração da distribuição das áreas circunscricionais dos NRPTCs. Entretanto, para evitar vieses nos cálculos estatísticos, computaram-se os dados ao antigo ordenamento.



**Figura 6.** Distribuição dos municípios do estado de Goiás de acordo com a abrangência dos Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica (NRPTC). Fonte: GOIÁS, 2012.

#### 4.2.1 Critérios de inclusão e exclusão de amostras

Como critério de inclusão, foram selecionados os vestígios provenientes de crimes de violência sexual, relacionados com vítimas do sexo feminino e que apresentaram resultados positivo para o exame de triagem de pesquisa de espermatozoides.

Considerando ainda a confecção do Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos para os marcadores do cromossomo Y (BVPG-YSTR), adotaram-se os requisitos de admissibilidade análogos aos exigidos pelo Manual de Procedimentos Operacionais emitido pelo Comitê Gestor da RIBPG (RIBPG, 2017), ou seja, foram inseridos perfis haplotípicos provenientes de vestígios atribuíveis ao autor do delito, coletados por Perito Oficial, com registro da cadeia de custódia para garantir a rastreabilidade e integridade da amostra. A amostra referência da vítima foi também um requisito de exigibilidade, haja vista a intenção de correlacionar vítima e agressor nas amostras questionadas, tratando-se, portanto, um controle interno para diagnóstico de possível troca de amostra.

Como critério de exclusão, foram apartados do estudo os perfis haplotípicos sem qualidade técnica ou que apresentaram mistura não interpretável de contribuintes.

#### **4.2.2 Seleção das amostras**

Para mecanismo de levantamento de dados, foram desenvolvidos dois questionários com sentenças relacionadas aos critérios de inclusão supracitados (Apêndices A e B). Foram analisadas as documentações de 2.109 casos de violência sexual registrados no laboratório LBDF/ICLR/SPTC-GO, compreendendo o período de 2004 a julho de 2018. Os dados foram inseridos em programa de edição de planilhas Microsoft Office Excel<sup>®</sup>. Em observância dos critérios de inclusão e da qualidade do perfil haplotípico, obteve-se o n amostral de 252 casos aptos para inserção no BVPG-YSTR.

### **4.3 Análise molecular**

#### **4.3.1 Extração de DNA**

As amostras biológicas oriundas dos vestígios de violência sexual foram submetidas a extração de DNA por duas metodologias do LBDF/ICLR/SPTC-GO. A escolha do método foi direcionada pela disponibilidade de insumos, à época da extração.

##### ***4.3.1.1 Extração de DNA pelo método orgânico com lise diferencial e purificação em Amicon<sup>®</sup> Ultra***

Cada amostra analisada foi submergida no Tampão de Extração FNE (400µL de Tris/EDTA/NaCl, 25µL de Sarcosil a 20%, 75µL de água Milli-Q, 10µL de Proteinase K), homogeneizada em *vortex* por 10 segundos e incubada em *thermomixer* à 37 °C por 1 hora a 750 rpm. Após o término da incubação, com o uso de cesta separadora e microcentrifugação por 10 segundos, fez-se a segregação do vestígio com a solução que contém DNA extraído. A solução foi então submetida à centrifugação a 12.000 rpm por 5 minutos, havendo a separação da solução em frações FE (fração espermatozoide) e FNE (fração não espermatozoide). A fração FNE foi, então, transferida para novo microtubo estéril e armazenada à temperatura de 5 a 8 °C.

Na fração FE, foi adicionado 500µL de Tampão de Lavagem de Esperma (10mM Tris-HCl, 10mM EDTA, 50mM NaCl, 2% SDS, a pH 7,5) e procedeu-se a centrifugação a 12.000 rpm por 5 minutos. Após descarte do sobrenadante, este protocolo de lavagem do pellet foi realizado por outras duas vezes. O precipitado foi então submergido em Tampão de Extração FE (150µL de Tris/EDTA/NaCl, 50µL de Sarcosil a 20%, 150µL de água Milli-Q, 7,5µL de Proteinase K, 7 µL de DTT), homogeneizado em *vortex* por 10 segundos, submetido a microcentrifugação por aproximadamente 3 segundos e incubado em *thermomixer* à 56 °C por 1 hora a 750rpm.

Finalizado o período de incubação, nas frações FE e FNE foram adicionados 300µL de solução Clorofane (Fenol:Clorofórmio:Álcool Isoamílico) e, posteriormente, submetidas aos processos de homogeneização em *vortex* por 10 segundos e centrifugação a 12.000 rpm por 5 minutos. Com o uso de pipetas de precisão, transferiu-se as fases aquosas das frações FE e FNE, isoladamente, para microtubos estéreis contendo membranas de purificação Amicon®Ultra. As unidades concentradoras foram centrifugadas a 14.000g por 20 minutos, desprezando-se o filtrado. Em seguida, foram adicionados 300µL de água Milli-Q às unidades concentradoras Amicon®Ultra, com posterior centrifugação a 14.000g por 20 minutos, desprezando-se o filtrado ao final. A lavagem com água Milli-Q foi realizada no total de duas a três vezes até se obter um eluído transparente e incolor.

Para a recuperação de DNA extraído e purificado das frações FE e FNE, foi adicionado 40µL de água Milli-Q às unidades concentradoras Amicon®Ultra e, após, inverteu-se as colunas em novos microtubos estéreis, centrifugando-os a 1.000g por 2 minutos. Finalmente, as colunas foram descartadas e os produtos de eluição foram armazenados em temperatura de 5 a 8 °C até a fase de quantificação.

#### ***4.3.1.2 Extração de DNA com lise diferencial utilizando PrepFiler Express™ Forensic DNA Extraction Kit (Thermo Fisher Scientific) modificado***

Cada amostra analisada foi submergidas em 195µL de Tampão de Lavagem de Esperma (10mM Tris-HCl, 10mM EDTA, 50mM NaCl, 2% SDS, a pH 7,5) e 5µL de Proteinase K e, posteriormente, homogeneizada em *vortex* por 5 segundos, seguida de incubação, em *thermomixer*, à 56 °C com agitação a 750rpm por 1 hora. Após o término da incubação, com o uso de cesta separadora e microcentrifugação por 10 segundos, fez-se a segregação do vestígio com a solução que contém DNA extraído. A solução foi então

submetida à centrifugação a 14.000g por 5 minutos, havendo a separação das frações FE (pellet) e FNE (sobrenadante). A fração FNE foi, então, transferida para novo microtubo estéril e armazenada à temperatura de 5 a 8 °C.

Na fração FE (suspensão que contém as células espermáticas), foram adicionados 500µL de água Milli-Q com posterior a homogeneização em *vortex* e centrifugação a 14.000g por 5 minutos. Após o término da centrifugação, o sobrenadante foi descartado, sendo que esse protocolo de lavagem do *pellet* foi repetido por outras duas vezes. Ao final do desse processo, foi adicionado ao precipitado 500µL de Tampão de Lise *PrepFiler Express*<sup>TM</sup> e 5 µL de DTT a 1M. Após agitação em *vortex*, para a completa dissolução do *pellet*, o volume foi transferido para a coluna de lise *Prepfilier LySep*<sup>®</sup>, previamente inserida em microtubo estéril e incubados em *thermomixer* à 70 °C com agitação a 750rpm por 40 minutos. Ao final do período de incubação, procedeu-se à centrifugação do conjunto coluna/microtubo por 2 minutos a 10.000g. A coluna foi descartada e o eluído da FE foi temporariamente guardado.

Da fração FNE, uma alíquota de 50µL foi transferida para um novo tubo e acrescentado 450µL de Tampão de Lise *PrepFiler Express*<sup>TM</sup>. Ambas as frações FE e FNE foram então colocadas na plataforma Automate<sup>®</sup> Express para o processamento do lisado, extração e purificação de DNA, utilizando como técnica de extração o uso de *beads* magnéticas, conforme recomendações do fabricante (THERMO FISHER SCIENTIFIC, 2017a). Os produtos da extração foram armazenados em temperatura de 5 a 8 °C até a fase de quantificação.

#### 4.3.2 Quantificação de DNA

Os produtos da extração de DNA foram submetidos à quantificação de DNA pela técnica de PCR em Tempo Real no equipamento 7500 *Real-Time PCR System* (Thermo Fisher Scientific), utilizando o Kit *Quantifiler*<sup>®</sup> *Trio DNA Quantification Kit* (Thermo Fisher Scientific), conforme as recomendações do fabricante (THERMO FISHER SCIENTIFIC, 2017). A análise dos dados foi realizada no software *HID Real-Time PCR Analysis Software Version 1.1*.

Os resultados analisados apresentaram a concentração em ng/µL de DNA autossômico e de DNA masculino, o índice de degradação, a diluição sugerida e a razão entre DNA masculino e feminino para as frações FE e FNE de cada amostra estudada.

Para as amostras em que não foi detectado DNA de origem masculina ou que a quantidade apresentada de DNA masculino não foi suficiente para se obter uma amplificação desejável, procedeu-se nova extração e quantificação com o objetivo de afastar erros de procedimentos técnicos.

### 4.3.3 Amplificação de DNA

Considerando os resultados apresentados pela quantificação das amostras, os produtos da extração foram normalizados para *input* de 0,5ng de DNA / reação de PCR, por meio de processos de diluição ou concentração. Entretanto, para as amostras degradadas ou *low copy DNA*, o intervalo da quantidade aceitável de DNA/reação de PCR variou entre 1 a 0,2 ng.

A amplificação foi realizada pelo método da PCR (do inglês, *Polymerase Chain Reaction*) para marcadores moleculares do Cromossomo Y, utilizando kit comercial multiplex Yfiler™ Plus, com 27 marcadores Y-STR.

As reações da PCR foram preparadas para o volume final de 25µL, sendo: 10 µL *Master Mix* (MgCl<sub>2</sub>, dATP, dGTP, dCTP e dTTP, albumina bovina, enzima, azida sódica 0,05% em tampão e sal), 5 µL de *Primer Set* (fluoróforos 6-FAM™ , VIC™ , NED™ , TAZ™ , SID™ e *primers*) e 10 µL de produto de extração de DNA (0,2 a 1 ng de DNA). Para o controle negativo foi adicionado 10 µL de água Milli-Q e, no controle positivo, foi adicionado 0,5ng do *Control DNA 007* (Thermo Fisher Scientific), conforme ilustrado nas Tabelas 2 e 3.

**Tabela 2.** Proporções dos componentes da PCR utilizadas nos ensaios para Yfiler™ Plus.

Componentes da reação	Volume por reação
Master Mix	10,0 µL
Primer Set	5,0 µL
Volume Total	15,0 µL

**Tabela 3.** Volume das amostras utilizadas nos ensaios para Yfiler™ Plus.

Componentes da reação	Volume por reação
Controle negativo	10,0 µL
Controle positivo (0,5ng/µL)	1,0 µL
Amostra (produto da extração de DNA)	até 10,0 µL

As ampliações foram executadas em termocicladores *Veriti<sup>®</sup> Thermo Cyclers* (*Thermo Fisher Scientific*), com seleção para corrida *9600 Emulation Mode*, tendo como condições de termociclagem: pré-incubação de 1 minuto a 95 °C, 30 ciclos com desnaturação de 4 segundos a 94 °C, anelamento de 1 minuto a 61,5 °C, e, após os 30 ciclos, extensão final de 22 minutos a 60 °C (Tabela 4).

**Tabela 4.** Condições de termociclagem aplicadas na PCR para amplificação para Yfiler™ Plus.

Pré-incubação	30 ciclos		Extensão final	Final
	Desnaturação	Anelamento		
95 °C	94 °C	61,5 °C	60 °C	4 °C
1 minuto	4 segundos	1 minuto	22 minutos	∞

#### 4.3.4 Genotipagem e Análise dos Fragmentos Amplificados

As reações da eletroforese foram preparadas com 0,4 µL de GeneScan™ 600 LIZ™ Size Standard (*Thermo Fisher Scientific*), 9,6 µL de Formamida Hi-Di™ (*Thermo Fisher Scientific*), e 1µL do produto da PCR (Tabela 5).

**Tabela 5.** Proporções dos reagentes da reação da eletroforese para Yfiler™ Plus.

Reagente	Volume por reação
GeneScan™ 600 LIZ™ Size Standard v2.0	0,4 µL
Hi-Di™ Formamide	9,6 µL
Amostra (produto da PCR)	1,0 µL

Os produtos da amplificação foram separados por eletroforese capilar no analisador genético ABI 3500<sup>®</sup> (*Thermo Fisher Scientific* <sup>®</sup>), utilizando o capilar de 36 cm (*Thermo Fisher Scientific* <sup>®</sup>) e o polímero POP 4™ (*Thermo Fisher Scientific* <sup>®</sup>), seguindo as condições de eletroforese: 13 KV para voltagem de corrida, 1.2 KV para voltagem de injeção, 16 segundos de tempo de injeção e tempo de execução de 25 minutos a 60 °C.

Os perfis genéticos obtidos foram analisados com o auxílio dos programas *ABI 3500 Run Data Collection*<sup>®</sup> e *Gene Mapper ID v3.2*<sup>®</sup>, após revelação por fluorescência. Para identificação dos picos Y-STR foi estabelecido um limite de detecção de 150 RFU, conforme orientação do fabricante.

Apesar de não estar elencado ao objetivo do estudo, em todas as amostras realizou-se

também a amplificação e genotipagem de DNA autossômico.

#### 4.4 Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos para os marcadores do cromossomo Y (BVPG-YSTR)

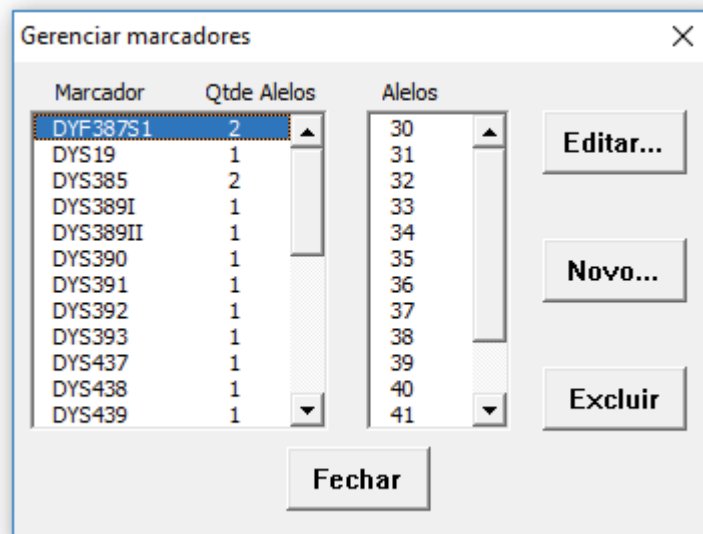
A versão primária do software do banco de vestígios foi cedida pelo Laboratório de DNA Forense do estado de Minas Gerais. O programa conta com os botões Marcadores (para a inclusão de marcadores genéticos Y-STR), Perfis (para a inserção ou edição de perfis genéticos) e Pesquisar (para a pesquisa de perfis coincidentes) (Figura 7). O Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos Y-STR foi customizado utilizando os *softwares* Excel<sup>®</sup> e Access<sup>®</sup> pela Seção de Informática Forense ICLR/SPTC-GO para atender às necessidades internas do LBDF.



**Figura 7.** Tela inicial do programa BVPG-YSTR.

A construção do painel de marcadores YSTR foi realizada com a inclusão de todos os alelos possível para os *loci* presentes no kit comercial com 27 marcadores Yfiler<sup>TM</sup>Plus da empresa Thermo Fisher Scientific (Figura 8).





**Figura 8.** Gerenciador de marcadores do BVPG-YSTR.

No BVPG-YSTR, foram inseridos perfis haplotípicos oriundos exclusivamente de vestígios relacionados a crime sexual contra pessoa do sexo feminino e que apresentaram perfil genético de qualidade.

As amostras de referência (perfil haplotípico de origem conhecida, por exemplo, de suspeitos, condenados e/ou de parceiros consentidos) não foram inseridas no BVPG-YSTR, com exceção dos servidores do LBDF/ICLR/SPTC-GO, que tiveram o perfil haplotípico inseridos como medida de segurança, a fim de observar a ocorrência de contaminação da amostra durante os procedimentos laboratoriais.

As informações genéticas armazenadas no banco não contêm traços somáticos ou comportamentais de pessoas, salvo o de determinação genética de sexo.

As amostras analisadas durante a execução do projeto foram submetidas à amplificação de DNA utilizando o kit comercial Yfiler™ Plus (Thermo Fisher Scientific), composto por 27 marcadores do cromossomo Y. Entretanto, por meio de um estudo retrospectivo dos Laudos de Exame de DNA emitidos pelo LBDF/ICLR/SPTC-GO, observando os critérios de inclusão da pesquisa e qualidade do perfil genético, alguns haplótipos puderam ser incluídos no BVPG-YSTR. Essas amostras foram tipadas, à época da realização dos exames, com outros kits comerciais de amplificação, sendo AmpFISTR® Yfiler™ (Thermo Fisher Scientific) e PowerPlex® Y23 (Promega), com 17 e 23 marcadores respectivamente.

A inserção dos perfis haplotípicos se deu ao fim de cada exame. Foram inseridos no BVPG-YSTR o total de 252 perfis haplotípicos oriundos de vestígios. A cada coincidência

genética reportada pelo banco (Figura 9), foi realizada a checagem manual para confirmação do *match*, que consistia no confronto dos perfis haplotípicos e na conferência dos perfis autossômicos para checar possíveis exclusões. Na inexistência de resultados autossômicos, as amostras tipadas com 17 ou 23 marcadores eram submetidas à reanálise com 27 marcadores Y-STR e edição do perfil no BVPG-YSTR. Ainda foi realizado levantamento do histórico dos delitos, com objetivo de correlacionar as características físicas do autor, o *modus operandi*, o município e a data em que ocorreu o crime e a delegacia responsável pela investigação do fato.

BANCO IN HOUSE DE VESTÍGIOS Y-STR.xlsm - Microsoft Excel

Arquivo | Página Inicial | Inserir | Layout da Página | Fórmulas | Dados | Revisão | Exibição

Calibri 11 | Quebrar Texto Automaticamente | Geral | % 000 | Formatação Condicional | Formatar como Tabela | Estilos de Célula | Inserir | Excluir | Formatar | AutoSoma | Preencher | Limpar | Classificar e Filtrar | Localizar e Selecionar

Área de Tran... | Fonte | Alinhamento | Número | Estilo | Células | Edição

	2	3	4	5	6	7	8	9	11	12	13	14	15	16	17	18	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
1	per_noi	DYS576	DYS389I	DYS448	DYS389II	DYS19	DYS391	DYS481	DYS533	DYS438	DYS437	DYS570	DYS635	DYS390	DYS439	DYS392	DYS393	DYS458	DYS385	DYS456	YGATAH4	DYS627	DYS460	DYF387S1	DYS518	DYS449
2		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null					
3		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null	19-null	11-null	36-39	40-null	33-null
4		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null	19-null	11-null	36-39	40-null	33-null
5		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null	19-null	11-null	36-39	40-null	33-null
6		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null	19-null	11-null	36-39	40-null	33-null
7		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null	19-null	11-null	36-39	40-null	33-null
8		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null	19-null	11-null	36-39	40-null	33-null
9		14-null	13-null	21-null	30-null	15-null	11-null	21-null	10-null	10-null	16-null	20-null	21-null	22-null	12-null	10-null	13-null	18-null	14-15	15-null	11-null	19-null	11-null	36-39	40-null	33-null
10																										
11																										
12																										
13																										
14																										
15																										
16																										
17																										
18																										
19																										
20																										
21																										
22																										
23																										
24																										
25																										
26																										
27																										
28																										
29																										
30																										
31																										
32																										

Pesquisa

Adicionar critério | Incluir da Pesq.

Crítérios da pesquisa

Nome do Perfil:

Marcador	Alelo 1	Alelo2
DYS19	15	null
DYS389I	13	null
DYS389II	30	null
DYS391	11	null
DYS437	16	null
DYS448	21	null
DYS576	14	null

Remover critério

Pesquisar | Fechar

Figura 9. Exemplo de resultado de match entre oito casos de violência sexual reportado pelo BVPG-YSTR. A identificação das amostras “per\_nome” foi excluída, pois tratam-se de informações sigilosas.

#### 4.5 Análise dos dados

Os dados obtidos da pesquisa foram mensurados e interpretados por meio de ferramentas da estatística descritiva. Para auxiliar na análise desses dados, todas as abordagens estatísticas foram realizadas com o software Excel<sup>®</sup>.

A capacidade de discriminação (CD) foi calculada pela razão do número de haplótipos diferentes pelo número total de perfis haplotípicos analisados (ZHOU et al, 2018; OU et al. 2015; PURPS, et al. 2015; ZHANG et al. 2014; BARRA et al. 2013; GIGONZAC, 2013). O número de amostras analisadas para o conjunto de haplótipos de 17, 23 e 27 marcadores foi 277, 85 e 138, envolvendo amostras de vestígios e de *staff*<sup>4</sup>.

$$CD = n^{\circ} \text{ de haplótipos diferentes} / n^{\circ} \text{ total de perfis haplotípicos}$$

Dentre os marcadores analisados estão os conjuntos de haplótipos de 17, 23 e 27 *loci* estudados (Quadro 1).

**Quadro 1.** Conjunto de marcadores moleculares Y-STR.

Haplótipo 17 marcadores: DYS19, DYS389 I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a/b, DYS438, DYS439, DYS437, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635, YGATA H4.

Haplótipo 23 marcadores: DYS19, DYS389 I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a/b, DYS438, DYS439, DYS437, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635, YGATA H4, DYS576, DYS481, DYS533, DYS570, DYS549, DYS643.

Haplótipo 27 marcadores: DYS19, DYS389 I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a/b, DYS438, DYS439, DYS437, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635, YGATA H4, DYS576, DYS481, DYS533, DYS570, DYS449, DYS460, DYS518, DYS627, DYS387S1a/b.

O cálculo de *matches* foi realizado por combinação, tendo “n” o número de vezes que determinado perfil Y-STR foi reportado pelo BVPY-STR, e “p” combinados 2 a 2.

$$C = n! / p! (n-p)!$$

<sup>4</sup> Servidores do LBDF/IC/SPTC.

A taxa de coincidência foi calculada pela razão entre o número de coincidências reportadas pela BVPG-YSTR pelo número total de perfis Y-STR inseridos no banco.

Taxa de coincidência = nº de coincidências / nº total de perfis inseridos no BVPG-YSTR

## 5 RESULTADOS

Após a análise da documentação de 2.109 casos de violência sexual ocorridos no estado de Goiás nos anos de 2004 a julho de 2018 e exames de DNA para marcadores do cromossomo Y em 271 casos, foram inseridos no Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos (BVPG-YSTR) 252 perfis haplotípicos (Figura 10).

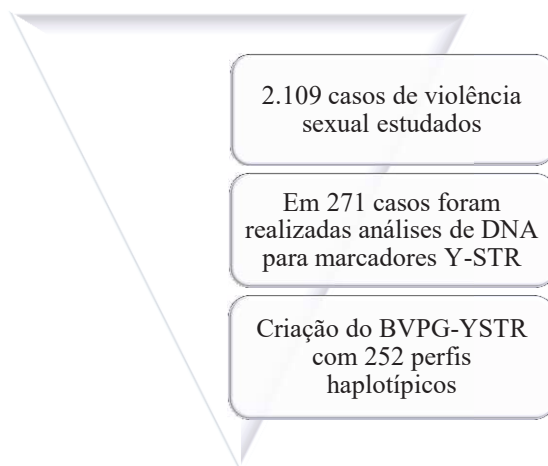


Figura 10. Resultados intermediários e final da pesquisa.

### 5.1 Análise documental dos casos de violência sexual

Os 2.109 casos de crimes de violência sexual estudados foram distribuídos em quatorze macrorregiões do estado, correspondentes à abrangência dos Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica (NRPTC) do estado de Goiás<sup>5</sup>, conforme ilustrado na Tabela 6.

**Tabela 6.** Distribuição dos municípios do estado de Goiás de acordo com a abrangência dos Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica (NRPTC). O município em destaque refere-se à sede do respectivo NRPTC.

Regional	Abrangência
1	<u>Goiânia</u> , Aparecida de Goiânia, Anicuns, Araçu, Avelinópolis, Brazabrantes, Campestre, Caturai, Cristianópolis, Goianira, Inhumas, Itauçu, Nazário, Nerópolis, Nova Veneza, Palmeira de Goiás, Palminópolis, Santa Barbara de Goiás, Santo Antônio de Goiás, São Miguel do Passa Quatro, Trindade, Turvânia, Abadia de Goiás, Aragoiânia, Bela Vista de Goiás, Bonfinópolis, Caldazinha, Cezarina, Guapó, Hidrolândia, Indiará, Jandaia, Senador Canedo e Varjão.
2	<u>Cidade de Goiás</u> , Adelândia, Americano do Brasil, Araguapaz, Aruanã, Britânia, Buriti de Goiás, Córrego do Ouro, Faina, Guaraíta, Heitorai, Itaberaí, Itaguari, Itapirapuã, Itapuranga, Jussara, Matrinchã, Mossâmedes, Mozarlândia, Novo Brasil, Sanclerlândia, Santa Fé de Goiás, Santa Rosa de Goiás, Taquaral de Goiás e Nova Crixás.

<sup>1</sup> Para fins didáticos, considerou-se como 1º NRPTC as regionais de Goiânia e Aparecida de Goiânia.

Regional	Abrangência
3	<u>Formosa</u> , Água Fria de Goiás, Alto Paraíso de Goiás, Alvorada do Norte, Buritinópolis, Campos Belos, Cavalcante, Damianópolis, Divinópolis de Goiás, Cabeceiras, Flores de Goiás, Guarani de Goiás, Iaciara, Mambai, Monte Alegre de Goiás, Nova Roma, Planaltina de Goiás, Posse, São Domingos, São João da Paraúna, Simolândia, Sítio da Abadia, Teresina de Goiás e Vila Boa.
4	<u>Morrinhos</u> , Aloândia, Cromínia, Edealina, Edéia, Joviânia, Mairipotaba, Piracanjuba, Pontalina, Professor Jamil, Vicentinópolis, Caldas Novas, Marzagão e Rio Quente.
5	<u>Rio Verde</u> , Acreúna, Maurilândia, Montividiu, Paraúna, Porteirão, Santa Helena de Goiás, Santo Antônio da Barra, Turvelândia e São João D'Aliança.
6	<u>Ceres</u> , Carmo do Rio Verde, Guarinos, Ipiranga de Goiás, Itapaci, Nova América, Nova Glória, Morro Agudo de Goiás, Rialma, Rianópolis, Rubiataba, Santa Isabel, São Patrício, Uruana, Goianésia, Itaguaru, Jaraguá, Santa Rita do Novo Destino e Vila Propício.
7	<u>Uruaçu</u> , Amaralina, Alto Horizonte, Campinorte, Colina do Sul, Crixás, Hidrolina, Mara Rosa, Niquelândia, Nova Iguaçu de Goiás, Pilar de Goiás, São Luiz do Norte, Santa Terezinha de Goiás, Bonópolis, Campinaçu, Estrela do Norte, Formoso, Guarinos, Minaçu, Montividiu do Norte, Mundo Novo, Mutunópolis, Novo Planalto, Porangatu, Santa Tereza de Goiás, São Miguel do Araguaia, Trombas, Uirapuru e Campos Verdes.
8	<u>Catalão</u> , Ananguera, Campo Alegre de Goiás, Cumari, Davinópolis, Goiandira, Ipameri, Nova Aurora, Ovidor, Três Ranchos, Urutaí, Corumbáiba, Palmelo, Pires do Rio e Santa Cruz de Goiás.
9	<u>Iporá</u> , Amarinópolis, Aragarças, Arenópolis, Aurilândia, Baliza, Bom Jardim de Goiás, Cachoeira de Goiás, Caiapônia, Diorama, Fazenda Nova, Firminópolis, Israelândia, Ivolândia, Jaupaci, Moiporá, Montes Claros de Goiás, Palestina de Goiás, Piranhas, São Luiz de Montes Belos e Doverlândia.
10	<u>Anápolis</u> , Abadiânia, Campo Limpo, Corumbá de Goiás, Damolândia, Gameleira de Goiás, Goianópolis, Leopoldo de Bulhões, Ouro Verde de Goiás, Petrolina de Goiás, Pirenópolis, Silvânia, Terezópolis de Goiás, Vianópolis, Alexânia, Jesúpolis, Orizona e São Francisco de Goiás.
11	<u>Jataí</u> , Aparecida do Rio Doce, Aporé, Serranópolis, Chapadão do Céu, Mineiros, Perolândia, Portelândia e Santa Rita do Araguaia.
12	<u>Itumbiara</u> , Água Limpa, Bom Jesus de Goiás, Buriti Alegre, Cachoeira Dourada, Goiatuba e Panamá.
13	<u>Quirinópolis</u> , Cachoeira Alta, Castelândia, Gouvelândia, Paranaiguara, São Simão, Caçu, Inaciolândia, Itajá, Itarumã e Lagoa Santa.
14	<u>Luziânia</u> , Águas Lindas, Cidade Ocidental, Cocalzinho, Cristalina, Novo Gama, Mimoso de Goiás, Padre Bernardo, Santo Antônio do Descoberto e Valparaíso de Goiás.

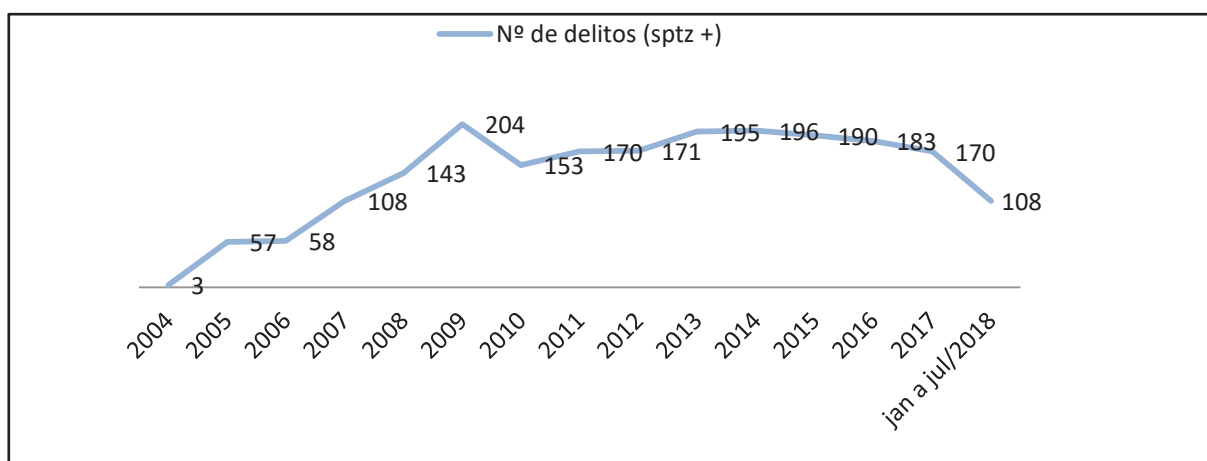
Fonte: GOIÁS, 2012.

Do total de casos analisados, um resultado superior a 50% foi proveniente da regional de Goiânia, o que representou 1.154 delitos de crime sexual, seguida pelas 14ª e 10ª regionais com 16,6% e 9,3%, respectivamente. Entretanto, considerando a densidade demográfica das regionais estudadas, o 5º e 11º NRPTCs apresentaram os maiores índices relativos de casos de violência sexual analisados, conforme apresentado na Tabela 7.

**Tabela 7.** Número de casos de estupro por área circunscricional.

NRPTC	Número de casos analisados	% de casos por área circunscricional	Nº de casos por densidade demográfica(hab/km <sup>2</sup> )
1	1.154	54,72%	0,23
2	56	2,66%	0,19
3	51	2,42%	0,25
4	46	2,18%	0,24
5	77	3,65%	0,60
6	64	3,03%	0,15
7	17	0,81%	0,09
8	33	1,56%	0,18
9	18	0,85%	0,09
10	198	9,39%	0,25
11	24	1,14%	0,56
12	7	0,33%	0,06
13	12	0,57%	0,11
14	352	16,69%	0,09
Total	2.109	100%	

O número de delitos de estupro praticados no estado de Goiás, cujas amostras deram resultado positivo para o teste de triagem para pesquisa de espermatozoide, também foi analisado no aspecto temporal. Observou-se uma linha ascendente do número de registros no laboratório até 2009, mantendo-se praticamente constante entre os anos de 2010 a 2017, com média de 178 casos por ano, desvio padrão de 15,03 e coeficiente de variação de 8,4%.



**Gráfico 1.** Número de delitos de estupro registrados no LBDF/IC/SPTC-GO por ano, com triagem positiva para pesquisa de espermatozoide (sptz +: resultado positivo para o teste de triagem para pesquisa de espermatozoide).



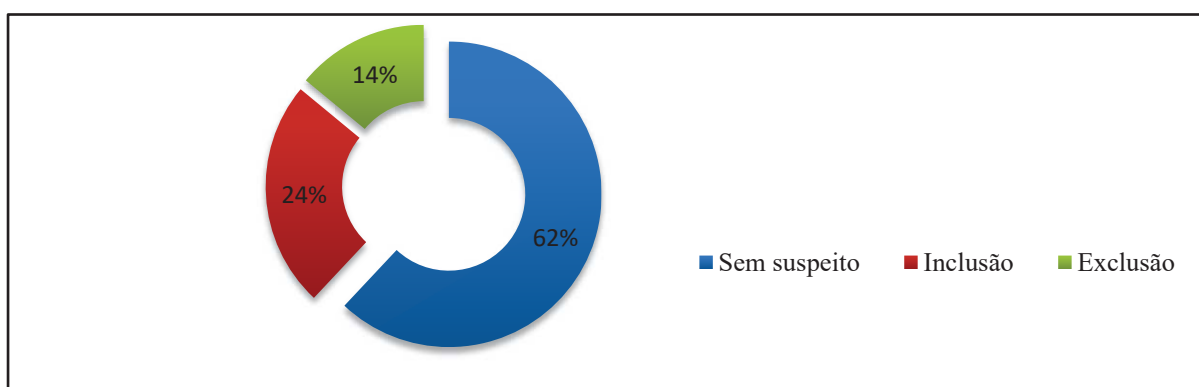
Das amostras analisadas, mais da metade são oriundas de coletas realizadas no canal vaginal da vítima obtidas durante procedimento de exame de conjunção carnal, seguido por 15,93% de casos em que foi coletado mais de um tipo de vestígio como, por exemplo, vestimentas, preservativos e objetos, conforme ilustrado na Tabela 8.

**Tabela 8.** Categorização dos casos de violência sexual quanto à origem da amostra questionada coletada.

<b>Tipo de amostra questionada</b>	<b>Número de casos (sptz+)</b>	<b>% casos</b>
Vaginal	1.175	55,71%
Anal	49	2,32%
Vaginal + Anal	211	10,00%
Secreção sem identificação	125	5,93%
Vestimentas	130	6,16%
Preservativo	49	2,32%
Objetos	10	0,47%
Mais de um tipo	336	15,93%
Outros	24	1,14%
<b>Total</b>	<b>2.109</b>	<b>100%</b>

sptz +: resultado positivo para o teste de triagem para pesquisa de espermatozoide.

Com relação à análise da autoria do delito perpetrado, dos 271 casos submetidos a exame de DNA, 62% foram provenientes de ocorrências que não havia suspeitos; 14% referiam-se a casos com resultado de exclusão para os suspeitos envolvidos na investigação; e em 24%, obteve-se resultado de inclusão para teste de DNA dos suspeitos apresentados pela polícia judiciária (Gráfico 2).



**Gráfico 2.** Análise da autoria de crime sexual.

A análise envolvendo ocorrências de crimes de violência sexual contra vítimas vulneráveis, ou seja, menores de 14 anos ou com deficiência intelectual, mostrou que dos 252 casos de agressão sexual que se obteve o perfil haplotípico do agressor, 82 ocorrências estão

relacionadas com esse tipo crime. Desse total, em 63,4% a autoria é conhecida pela vítima, correspondendo a 52 casos, conforme ilustrado na Figura 11.



**Figura 11.** Crimes de violência sexual contra vítimas vulneráveis.

## 5.2 Aplicabilidade do BVPG-YSTR na identificação de crimes em série

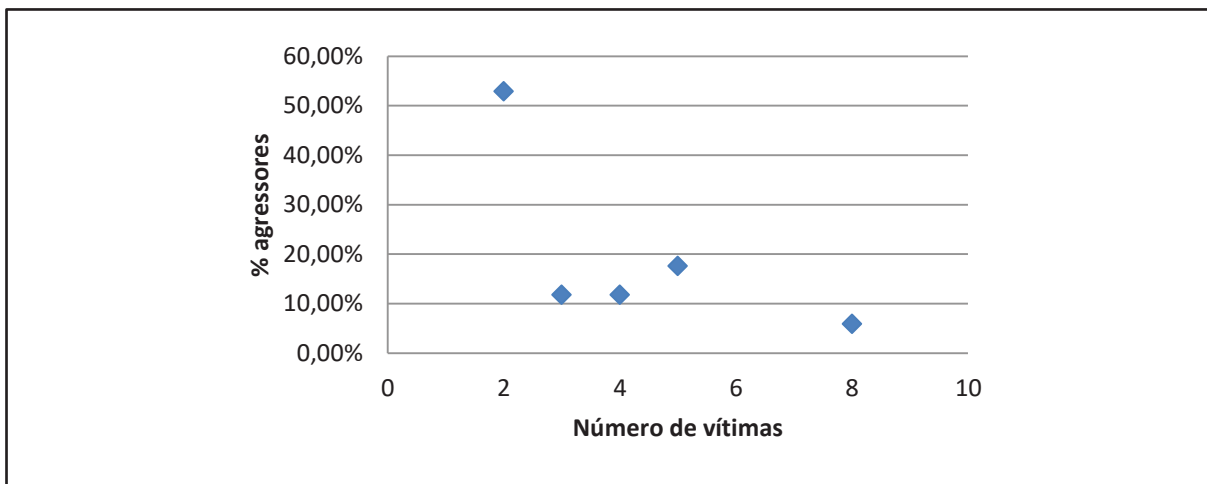
Após a inserção de 252 haplótipos no BVPG-YSTR, o banco identificou 17 agressores em série e 55 vítimas. Na análise dos resultados de *matches*, ilustrados na Tabela 9, pode-se observar 17 haplótipos, correspondentes a 17 diferentes contribuintes. Esses dados mostram que um mesmo indivíduo pode ter cometido mais de um crime, ou seja, houve reincidência.

**Tabela 9.** *Matches* obtidos pelo BVPG-YSTR referentes a casos com resultado positivo para triagem de espermatozoide.

Agressor	Número de vítimas envolvidas	Distância temporal entre casos reincidentes (dias)	Deslocamento espacial do agressor entre municípios
A	2	7	NC
B	2	1.505	NC
C	5	193	NC
D	4	159	NC
E	5	298	NC
F	2	0	NC
G	3	161	NC
H	5	2.151	APG – BV – GP
I	4	151	APG – GYN
J	2	2	NC
K	2	25	NC
L	2	62	NC
M	2	352	NC
N	8	85	APG – GYN – CT
O	2	1.636	NC
P	2	69	AB – APG
Q	3	14	NC
17 agressores	55 vítimas		

NC: não consta migração geográfica; APG: Aparecida de Goiânia; BV: Bela Vista de Goiás; GYN: Goiânia; GP: Guapó; CT: Catalão; AB: Abadia de Goiás.

Os dados computados mostraram a ocorrência de crimes em série envolvendo 2 a 8 vítimas de estupro, com média de 3,23. Dentre os crimes em série identificados pelo BVPG-YSTR, em 52,9% dos casos o autor cometeu duas vezes o delito de estupro; em 11,8% observou-se o cometimento de agressão sexual por três vezes; 11,8% dos casos por quatro vezes; 17,6% dos agressores atuaram cinco vezes; e um caso, que corresponde a 5,9%, envolveu oito vítimas diferentes (Gráfico 3).



**Gráfico 3.** Reincidência de crime sexual.

Na análise da distância temporal entre casos de crimes sexuais reincidentes, o cálculo, dado em dias, refere-se ao período compreendido entre o primeiro e último delito cometido por determinado agressor, que variou entre 0 e 2.151 dias. Na primeira situação, o autor agrediu duas vítimas em um mesmo dia, representado pelo agressor “F” na Tabela 9. Ao passo que na segunda, agressor “H”, trata-se de autor responsável pelo estupro de cinco vítimas ocorridos no ínterim de aproximadamente seis anos.

A distribuição espacial dos crimes em série identificados pelo BVPG-YSTR foi catalogada por NRPTCs, conforme apresentado na Tabela 10. Os crimes em série foram identificados nas regionais do 1º NRPTC (80,0%), 10º NRPTC (12,8%), 5º NRPTC (3,6%) e 8º NRPTC (3,6%). Na análise sobre o deslocamento do agressor em relação ao município sede do primeiro delito cometido, pôde-se observar deslocamento intermunicipal do perpetrador em somente quatro casos de crimes seriais (Tabela 9). O mais emblemático, com oito vítimas envolvidas, ocorreu locomoção do autor pelos municípios de Goiânia, Aparecida de Goiânia e Catalão, correspondendo uma distância de 265 km entre os dois municípios mais longínquos. Nos demais, o deslocamento ocorreu entre os municípios de Guapó, Bela Vista de

Goiás, Abadia de Goiás e Aparecida de Goiânia, que integram à região metropolitana de Goiânia.

### 5.3 Capacidade do BVPG-YSTR no auxílio das investigações de crimes sexuais

Considerando os casos que foram submetidos a exame de DNA para os marcadores do cromossomo Y, em 93,0% obteve-se perfil haplotípico do agressor, correspondente a 252 ocorrências de crime sexual inseridos no BVPG-YSTR. Em 19 casos, não foram obtidos perfis com qualidade para inserção no banco.

As buscas realizadas no BVPG-YSTR retornaram com 85 *matches* entre os perfis inseridos de vestígios de crimes de violência sexual, envolvendo 17 agressores e 55 vítimas, perfazendo uma taxa de coincidência<sup>6</sup> de 33,7%.

No estudo dos casos em que se observou coincidência genética, 45 casos foram reportados pelo Banco de Perfis Genéticos da Superintendência da Polícia Técnico Científica do Estado de Goiás (CODIS<sup>7</sup>), ao passo que o BVPG-YSTR identificou e correlacionou o total de 55 vítimas, ou seja, 10 casos de violência sexual foram reportados exclusivamente pelo BVPG-YSTR, os quais apresentam-se grifados na Tabela 10.

Ainda, para corroborar os resultados genéticos foram analisados o histórico dos delitos, com objetivo de correlacionar as características físicas do autor, o *modus operandi*, o município e a data em que ocorreu o crime, e a delegacia responsável pela investigação do fato.

---

<sup>6</sup> Taxa de coincidência: divisão do total do número de coincidências pelo total de perfis genéticos inseridos no BVPG-STRY.

<sup>7</sup> CODIS (*Combined DNA Index System*) – software para indexação de perfis genéticos desenvolvido pelo FBI (*Federal Bureau of Investigation*) e cedido ao Brasil por meio de acordo de cooperação técnica.

**Tabela 10.** Matches reportados pelo BVPG-YSTR.

Agressor	Ano do delito	Vítima <sup>8</sup>	NRPTC	Município	Y coincidente entre AQs	Autossômicos coincidentes entre AQs	Amostra inserida no BVPG-YSTR	Amostra inserida no CODIS
A	2013	AA	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2013	AB	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
B	2011	AD	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AE	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
C	2013	AF	10	Anápolis	Sim	Sim	Sim	Sim
	2013	AG	10	Anápolis	Sim	Sim	Sim	Sim
	2013	AH	10	Anápolis	Sim	Sim	Sim	Sim
	2012	AI	10	Anápolis	Sim	Sim	Sim	Sim
	2013	AJ	10	Anápolis	Sim	Sim	Sim	Sim
D	2015	AK	1	Goianira	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AL	1	Goianira	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AM	1	Goianira	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AN	1	Goianira	Sim	Sim	Sim	Sim
E	2014	AO	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AP	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AQ	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AR	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2014	AS	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim

AQs: Amostras questionadas

FE: Fração espermatozoide da amostra

BVPG-YSTR: Banco *in house* de Vestígios de Perfis Genéticos do cromossomo Y

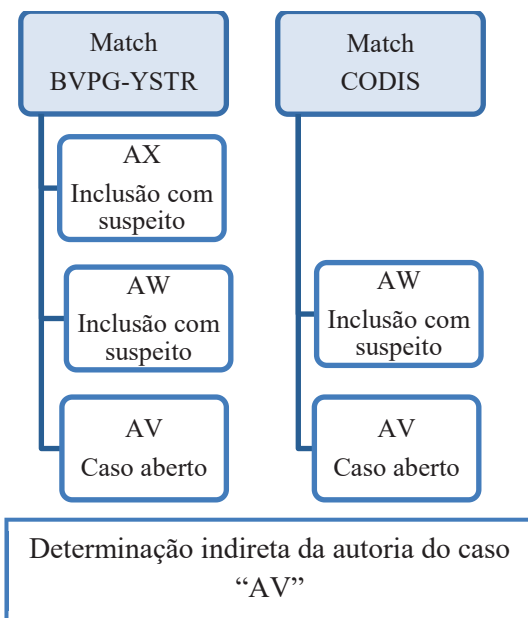
CODIS: Software utilizado pelo Banco de Perfis Genéticos da Superintendência da Polícia Técnico-Científica de Goiás.

<sup>8</sup> Para preservar a identidade das vítimas foram criadas siglas com caracteres alfabéticos.

Agressor	Ano do delito	Vítima	NRPTC	Município	Y coincidente entre AQs	Autossômicos coincidentes entre AQs	Amostra inserida no BVPG-YSTR	Amostra inserida no CODIS
F	2015	AT	1	Trindade	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AU	1	Trindade	Sim	Sim	Sim	Sim
G	2015	AX	1	Senador Canedo	Sim	Sim (Mistura balanceada entre autor e vítima c/ estatística de <i>match</i> )	Sim	Não
	2016	AW	1	Senador Canedo	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	AV	1	Senador Canedo	Sim	Sim	Sim	Sim
H	2010	AY	1	Aparecida de Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	AZ	1	Bela Vista de Goiás	Sim	Sim (Mistura de dois homens. Perfil majoritário coincide com demais AQs)	Sim (Perfil majoritário)	Não
	2016	BA	1	Aparecida de Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BB	1	Aparecida de Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BC	1	Guapó	Sim	Sim	Sim	Sim
I	2014	BD	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2014	BE	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2014	BF	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2014	BG	1	Aparecida de Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
J	2016	BH	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BI	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
K	2015	BJ	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2015	BK	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim

Agressor	Ano do delito	Vítima	NRPTC	Município	Y coincidente entre Aqs	Autossômicos coincidentes entre Aqs	Amostra inserida no BVPG-YSTR	Amostra inserida no CODIS
L	2016	BL	1	Senador Canedo	Sim	Sim	Sim	Sim
	2017	BM	1	Senador Canedo	Sim	Sim (Mistura balanceada entre vítima e autor c/ estatística de <i>match</i> )	Sim	Não
M	2012	BN	10	Anápolis	Sim	Sim (Mistura balanceada entre vítima e autor c/ estatística de <i>match</i> )	Sim	Não
	2011	BO	10	Anápolis	Sim	Sim (Mistura balanceada entre vítima e autor c/ estatística de <i>match</i> )	Sim	Não
N	2016	BP	8	Catalão	Sim	Sim (Os alelos minoritários coincidem com o perfil FE das demais amostras)	Sim	Não
	2016	BQ	8	Catalão	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BR	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BS	1	Aparecida de Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BT	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BU	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BV	1	Aparecida de Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	BW	1	Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
O	2016	BX	5	Rio Verde	Sim	-	Sim	Sim
	2012	BY	5	Rio Verde	Sim	Amplificação preferencial do DNA da vítima	Sim	Não
P	2016	BZ	1	Abadia de Goiás	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	CA	1	Aparecida de Goiânia	Sim	Sim	Sim	Sim
Q	2016	CB	1	Trindade	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	CC	1	Trindade	Sim	Sim	Sim	Sim
	2016	CD	1	Trindade	Sim	Sim (calça da vítima)	Sim	Não

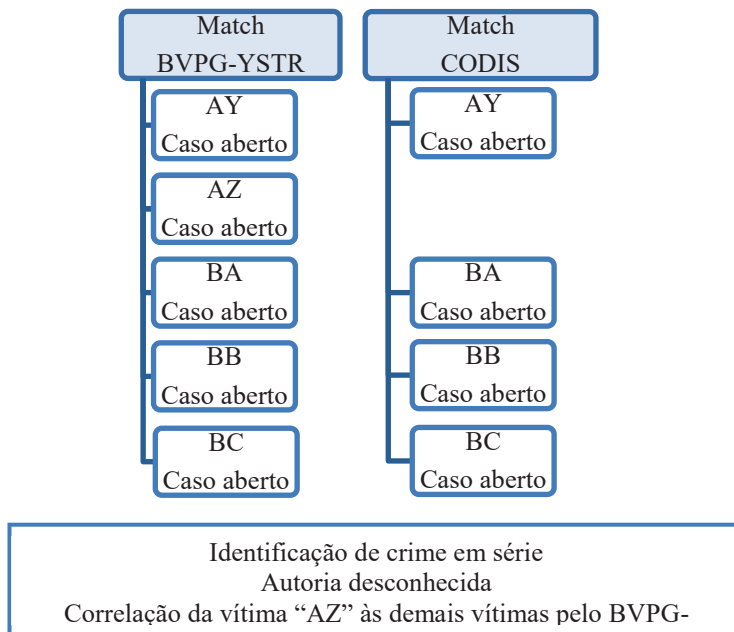
No caso do agressor “G”, da Tabela 10, o primeiro delito observado ocorreu no ano de 2015. As análises das amostras de secreção vaginal coletadas das vítimas “AX” e “AW” resultaram em inclusão do suspeito apresentado pela polícia judiciária, entretanto, o perfil autossômico obtido da amostra “AX” não atendeu os critérios de inserção na plataforma do Banco de Perfis Genéticos da Superintendência da Polícia Técnico Científica do Estado de Goiás (CODIS). O BVPG-YSTR reportou a coincidência genética entre as três vítimas, identificando crimes em série. Indiretamente, contribuiu na indicação da autoria do delito cometido contra a vítima “AV”, o qual não havia suspeito (caso aberto), conforme ilustrado na Figura 12.



**Figura 12.** Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “G”.

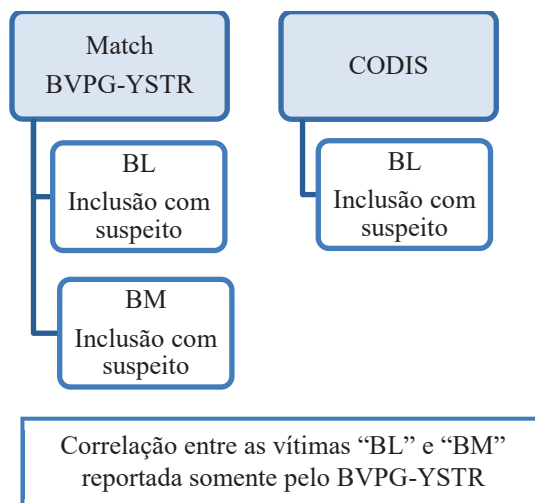
O agressor “H” foi o autor de cinco estupros ocorridos na região metropolitana de Goiânia, perpetrados no período de 2010 a 2016. Das amostras analisadas, quatro atendiam os critérios de admissibilidade do CODIS. A vítima “AZ” só pôde ser correlacionada às demais vítimas por meio do BVPG-YSTR. Trata-se de crimes em série sem autoria conhecida (casos abertos), entretanto, a ligação entre os fatos foi identificada pelo banco (Figura 13).





**Figura 13.** Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor "H".

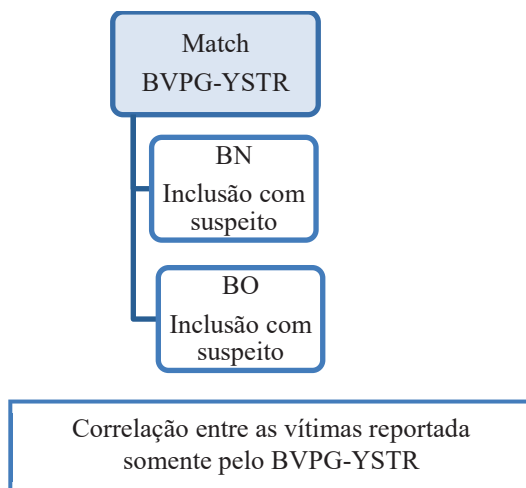
As coincidências genéticas de agressões sexuais consumadas pelo agressor "L" foram reportadas exclusivamente pelo BVGP-YSTR, haja vista que somente uma amostra apresentou perfil autossômico admissível ao CODIS. Todavia, o confronto manual dos resultados autossômicos corroborou a coincidência observada entre os perfis Y-STR (Figura 14).



**Figura 14.** Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor "L".

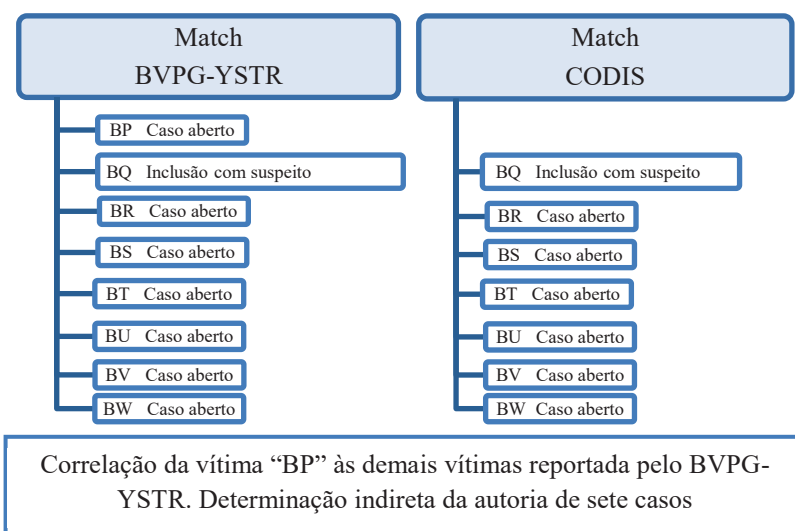
As análises das amostras dos crimes de violência sexual cometidos pelo perpetrador "M" apresentaram perfis autossômicos que não atenderam os critérios para inserção no sistema CODIS. Contudo, a inserção dos perfis haplotípicos destas amostras no BVPG-YSTR

retornou com *match* entre os casos. Após observada a coincidência haplotípica, foi possível comparar os resultados autossômicos e confirmar a coincidência (Figura 15).



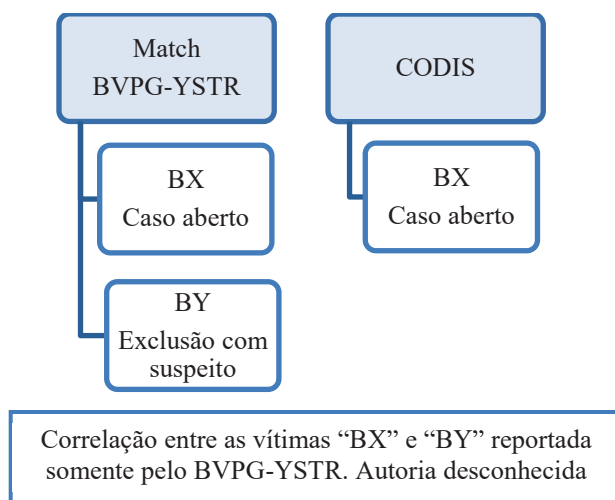
**Figura 15.** Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “M”.

Dos casos de agressão sexual perpetrados pelo infrator “N”, o BVGP-YSTR reportou coincidência genética entre oito casos, ocorridos no ano de 2016, nos municípios de Goiânia, Aparecida de Goiânia e Catalão. O perfil autossômico proveniente da vítima “BP” não atendeu aos critérios de inserção no CODIS e só foi correlacionado aos demais casos por meio do BVPG-YSTR. Indiretamente pode-se determinar a autoria dos estupros, visto que a agressão cometida contra a vítima BQ mostrou resultado de inclusão, tanto para os marcadores autossômicos, quanto para os marcadores do cromossomo Y analisados, com o suspeito apresentado pela polícia (Figura16).



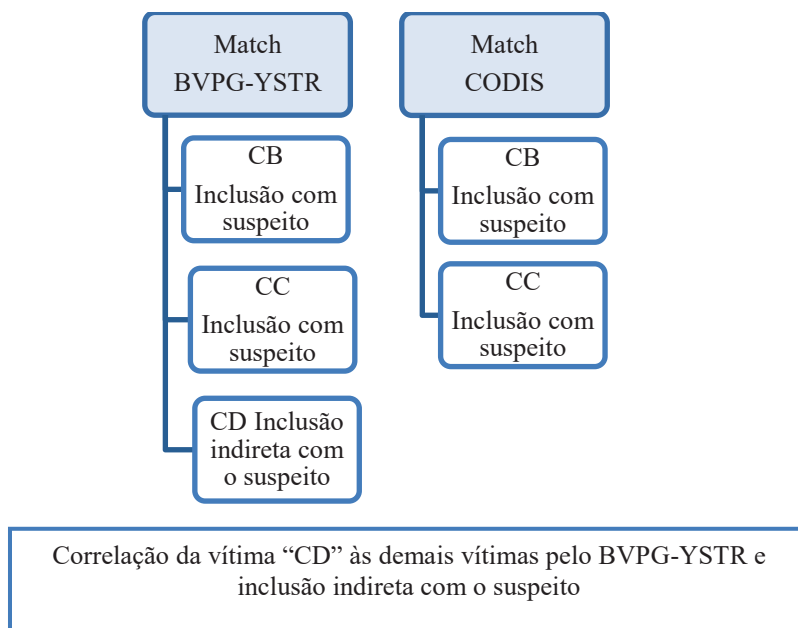
**Figura 16.** Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “N”.

No caso do agressor “O”, a amostra proveniente da vítima “BY” não foi inserida no CODIS, haja vista que, nos exames com marcadores autossômicos não foi obtido DNA de origem masculina devido à amplificação preferencial do perfil genético da vítima. Portanto, a coincidência genética entre os delitos perpetrados em 2012 e 2016 puderam ser identificadas exclusivamente pelo BVPG-YSTR. Adicionalmente, as análises com marcadores do cromossomo Y indicaram exclusão do suspeito apresentado para o caso “BY” e, indiretamente, aponta uma exclusão para o caso “BX” (Figura 17).



**Figura 17.** Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “O”.

Os crimes em série cometidos pelo autor “Q” tratam-se de agressão perpetrada no município de Trindade contra três vítimas no ano de 2016. O resultado da análise da amostra de secreção vaginal oriunda da vítima “CD” apresentou amplificação preferencial do perfil autossômico da vítima e, conseqüentemente, não pode ser inserido no CODIS. Entretanto, o BVPG-YSTR identificou coincidência haplotípica entre os casos e pôde correlacionar a vítima “CD” às vítimas “CB” e “CC”. Apesar dos perfis autossômicos da amostra vaginal “CD” terem sido inconclusivos, os resultados provenientes da calça da vítima “CD” corroboraram o *match* observado pelo BVPG-YSTR (Figura 18).



**Figura 18.** Casos de violência sexual perpetrados pelo agressor “Q”.

#### **5.4 Falsos *matches* e capacidade de discriminação entre haplótipos de 17, 23 e 27 marcadores do cromossomo Y**

Para o conjunto de 17 marcadores do cromossomo Y, foi analisado o total de 277 perfis haplotípicos, sendo que 272 apresentaram-se diferentes e únicos. A capacidade de discriminação calculada para a população de Goiás foi de 0,9819. Observou-se 5 falsos *matches* entre 10 amostras (Tabela 11).

Para os conjuntos com 23 e 27 marcadores Y-STR, foram analisadas 85 e 138 amostras, respectivamente. Todos os perfis haplotípicos foram únicos e diferentes entre si, portanto, a capacidade de discriminação para a população de Goiás em ambos os painéis foi igual a 1.

**Tabela 11** – Falsos *matches* observados quando tipados com conjunto de 17 marcadores Y-STR

		Conjunto de 27 marcadores																								
		Conjunto de 17 marcadores																								
Falsos matches	ID	DYS389I	DYS448	DYS389II	DYS19	DYS391	DYS438	DYS437	DYS635	DYS390	DYS439	DYS392	DYS393	DYS458	DYS385	DYS456	YGATAH4	DYS627	DYS460	DYF387S1	DYS518	DYS449	DYS576	DYS481	DYS533	DYS570
1	35	14	19	30	14	11	12	15	23	24	12	13	13	18	11 -- 14	16	12	22	11	35 -- 36	39	29	18	22	12	18
	137	14	19	30	14	11	12	15	23	24	12	13	13	18	11 -- 14	16	12	21	10	35 -- 36	36	29	20	23	12	16
2	166	13	20	29	15	10	9	14	22	22	12	11	13	16	13 -- 14	14	11	21	10	38 -- 40	38		16	22	11	16
	112	13	20	29	15	10	9	14	22	22	12	11	13	16	13 -- 14	14	11	21	10	38 -- 39	38	31	16	22	12	15
3	1	14	20	30	13	9	10	14	21	23	10	11	13	17	13 -- 14	15	12	18	11	36 -- 38	43	34	18	28	11	-
	105	14	20	30	13	9	10	14	21	23	10	11	13	17	13 -- 14	15	12	18	11	36 -- 36	42	33	17	28	11	22
4	106	14	20	30	13	9	10	14	21	24	10	11	13	18	13 -- 14	15	12	18	11	36 -- 38	42	32	18	28	10	22
	250	14	20	30	13	9	10	14	21	24	10	11	13	18	13 -- 14	15	12	18	11	39 -- 39	41	30	18	27	11	23
5	210	12	19	28	15	10	9	16	21	24	11	11	13	16	13 -- 17	13	11	18	11	38	38	29	16	23	12	18
	277	12	19	28	15	10	9	16	21	24	11	11	13	16	13 -- 17	13	11	18	11	38	38	30	16	24	12	17

ID: código de identificação da amostra na pesquisa.

## 6 DISCUSSÃO

### 6.1 Análise documental dos casos de violência sexual

Os resultados obtidos da pesquisa referem-se a uma fração dos delitos de estupro ocorridos no estado de Goiás, nos anos de 2004 a julho de 2018, os quais apresentaram teste positivo para a triagem de pesquisa de espermatozoide examinados pelo Laboratório de Biologia e DNA Forense (LBDF/ICLR/SPTC-GO).

O número de ocorrências de estupro foi computado por área circunscricional da SPTC-GO, distribuídas em quatorze macrorregiões, que abrangem todo o território do estado de Goiás. Da população amostral estudada, 54,72% correspondem a crimes de estupro perpetrados na regional de Goiânia. Os estudos desenvolvidos pelo Instituto de Estudo Socioambientais (2017), Algahtany e Kumar (2016) e Malik (2016) corroboram os resultados apresentados ao reforçar que o índice de criminalidade em regiões metropolitanas é expressivamente maior devido aos processos de urbanização correlacionados às disparidades espaciais e sociais, ou seja, trata-se do significativo adensamento populacional somado às carências de infraestrutura e desorganização social.

Os municípios de Goiânia, Aparecida de Goiânia, Senador Canedo e Trindade concentram aproximadamente 90% da população metropolitana de Goiânia, e apontaram os maiores números de crimes contra a pessoa (estupro, latrocínio, homicídio e tentativa de homicídio) dentre as cidades goianas, no período de 2013 a 2016. O aumento da violência desta região foi imputado, pelo menos em parte, ao crescimento desordenado sem infraestrutura básica e, muitas das vezes, à revelia da legislação municipal (IESA, 2017). Estes dados mostram-se condizentes com os resultados obtidos na pesquisa.

No presente estudo, a área circunscricional de Goiânia assumiu o *ranking* do maior número de casos de estupro ocorridos no estado. Esse resultado alinhou-se, portanto, ao tamanho da população da região, apresentada como regional mais populosa, correspondendo a 38% do estado (IBGE, 2010). Entretanto, ao analisar a densidade demográfica das macrorregiões, considerando o número de habitantes por área ( $\text{hab}/\text{km}^2$ ), o trabalho trouxe novas conclusões. O 5º e 11º NRPTCs, regionais de Rio Verde e Jataí, respectivamente, apresentaram os maiores índices relativos de estupro nos anos de 2004 a julho de 2018, enquanto que a regional de Goiânia passou a ocupar a sexta posição.

O estudo de Macedo (2013) apontou que o rápido crescimento do município de Rio Verde, liderado pelo agronegócio de exportação, causou modificação acelerada da ocupação do solo, aumento das demandas de bens e serviços, crescimento do déficit habitacional e aumento de pessoas vivendo à margem da sociedade pela não inserção no mercado de trabalho. Ademais, o surto migratório ocorrido a partir do ano de 2004 também foi um dos fatores de aumento da criminalidade e que tornou o município um dos maíus violentos do interior goiano.

No aspecto temporal, observou-se uma linha ascendente do número de casos de crime de violência sexual analisados pelo LBDF/ICLR/SPTC-GO, ocorridos entre os anos de 2004 a 2009, estabilizando-se nos anos posteriores, com média anual de 178 delitos entre os anos de 2010 a 2017. Entretanto, estima-se que os números reais de crimes contra a dignidade sexual ocorridos no estado de Goiás alcancem patamares maiores do os que apontados neste estudo, os quais provavelmente apresentam-se ocultos devido às causas de subnotificações.

O estudo conduzido pelo IPEA (Instituto de Pesquisa Econômica e Aplicada) sobre estupro no Brasil sinalizou que somente 10% dos crimes sexuais ocorridos no País são notificados (CERQUEIRA; COELHO, 2014). A pesquisa de Souto et al. (2017), cujo n amostral foi de 31.611 crianças do sexo feminino, com idade igual ou inferior a 13 anos, apontou índice menor quando comparado ao estudo do IPEA, somente 4,0% notificaram o fato. Nos Estados Unidos, o cenário sobre a denúncia de ocorrência de estupro não é divergente do que se observou no Brasil, ou seja, mostrou-se inferior aos dados reais, apenas 15% das vítimas oferecem queixa às autoridades policiais (CERQUEIRA et al. 2018).

No estado de Goiás, os dados concernentes aos crimes de violência sexual mostraram que no ano de 2014 a taxa de estupro, para grupo de 100.000 mulheres, apresentou-se inferior à metade da taxa nacional. Esses dados são questionáveis e levanta-se a hipótese de subnotificação, visto que Goiás apresenta dados alarmantes de criminalidade contra mulheres, a exemplo do homicídio, com taxa de 1,5 vezes superior ao nacional (INSTITUTO DATASENADO, 2016).

A subnotificação gera invisibilidade do problema social e a indisponibilidade dos dados para ações de políticas públicas. No que tange a crimes sexuais, o ato de não notificar está relacionado a motivos de revitimização. Entre as razões de manter silêncio, destacam-se as novas violências psicológicas sofridas pela vítima ao relatar repetidas vezes o fato a diferentes autoridades; o constrangimento ao atribuir a causa do delito ao comportamento e

vestuário da vítima; assim como, a dúvida sobre a credibilidade da denúncia oferecida (INSTITUTO PATRÍCIA GALVÃO, 2018).

Embora seja claro que os dados relacionados a crimes de cunho sexual são subestimados diante da dificuldade da vítima em expor a violência imputada, observou-se crescimento das notificações no decorrer dos anos. Os dados do Sinan/MS (Sistema de Informação de Agravos de Notificação do Ministério da Saúde) sobre o número de notificações de estupro ocorridos no Brasil entre 2011 e 2016, sinalizaram crescimento, atingindo 90,2% (CERQUEIRA et al. 2018), enquanto que no presente estudo este aumento alcançou 8%, no mesmo período. Esse resultado mostra que nem todos os eventos de crime sexual resultam em produção da prova material por meio do exame de conjunção carnal realizado nos Institutos de Medicina Legal e pela coleta de amostra biológica para realização de exame de DNA.

Apesar de haver um aumento das notificações de abuso sexual, os dados do Ministério da Saúde mostraram-se expressivamente maiores do que os observados neste estudo. Esse resultado pode ser justificado visto que as unidades de saúde são as mais procuradas pelas vítimas quando comparado aos órgãos policiais, pois vão à busca de serem medicadas contra doenças sexualmente transmissíveis e se sentem mais acolhidas para denunciar o delito (OLIVEIRA et al. 2005).

Facchini e Ferreira (2016) e o Cerqueira et al. (2018) também exibiram algumas hipóteses que justificam o alargamento das denúncias contra crimes de violência sexual, que se resumem no aumento do número de ocorrências de estupro propriamente dito, no aprimoramento dos registros de notificação e, no reflexo de campanhas feministas e governamentais que instruem e desmistificam o receio de se expor como vítima.

O estudo também concentrou esforços na categorização dos vestígios provenientes dos crimes de estupro. Os resultados obtidos demonstraram que 55,7% das amostras questionadas foram coletadas no canal vaginal da vítima durante o procedimento de exame de conjunção carnal. Nota-se ainda que os vestígios coligidos no corpo da vítima somam um total de 73,9%, ao passo que aqueles coletados em local de crime, como por exemplo, objetos, preservativos, vestimentas, sêmen coletado em piso, se resumem a 26,1%. Esse dado expõe a importância da realização do exame de conjunção carnal para crimes de violência sexual como elemento probatório da ocorrência do delito (CARVALHO; FILHO, 2015; PINHEIRO, 2015; LINO; MATSUNAGA, 2018).



Entretanto, vestimentas constituem um excelente suporte para a impregnação de sêmen, oferecendo excelentes resultados de recuperação dos fluidos seminais. O estudo conduzido por Paulino et al. (2017) buscou comparar a perspectiva de recuperação de material biológico impregnados em *swabs*<sup>9</sup> e tecidos. Em análise de 895 laudos emitidos pelo Instituto de Análise Laboratoriais Forense – IALF, pertencente à Coordenadoria Geral de Perícia do Mato Grosso do Sul, pôde concluir que a porcentagem de amostras com resultado positivo para teste citológico de espermatozoide oriundo de coletas realizadas em tecidos foi significativamente maior do que as coletadas por *swabs* nos corpos das vítimas. Diante do exposto, o autor sugere que as vestimentas usadas pela vítima no momento do fato sejam analisadas a fim de corroborar outras provas periciais e garantir a materialidade do crime.

A pesquisa analisou também se os crimes de violência sexual apresentavam suspeitos em linha de investigação. Dos casos em que se realizou exame de DNA, 62% dos casos correspondiam a ocorrências sem suspeito para o delito perpetrado e 14% referiam-se a casos com resultado de exclusão do acusado, ou seja, em 76% dos crimes sexuais não havia indícios de autoria. Esse dado corrobora o estudo de Klein (2013) o qual aponta que em 80% dos inquéritos policiais instaurados no Brasil são arquivados por insuficiência de provas que leve a autoria dos fatos.

O perfil genético em si, obtido de um vestígio de crime, não revela a autoria do delito. Pela natureza do exame de DNA, a qual é comparativa, faz-se necessário a doação de material genético do suspeito para realização de confronto. Diante dos dados apresentados, destaca-se a importância de bancos de perfis genéticos para crimes sem suspeito. O armazenamento informatizado e centralizado de dados genéticos é capaz de associar delitos cometidos contra diferentes vítimas. Assim, um caso em que não há suspeito pode ser solucionado a partir de um *match* reportado pelo banco.

No cenário internacional, o uso de bancos de dados de DNA tem se consolidado como ferramenta nas diligências policiais e tornado meio de prova legitimado na fase processual. Os dados publicados pela Interpol até o final de 2016 mostraram que 88% dos países membros utilizavam exames de DNA para o auxílio de investigações de crimes internacionais, sendo que 77% relataram o uso de marcadores Y-STR nas análises e 72% destes países possuem bancos de perfis genéticos<sup>10</sup> (INTERPOL, 2018).

---

<sup>9</sup> Chumaço de algodão fixado em uma haste, estéril, que se emprega para fins de coleta de material biológico por atrito.

<sup>10</sup> Estatísticas relatadas por 95 países membros da Interpol, em janeiro de 2017, compiladas no relatório Global DNA Profiling Survey Results 2016.

Desse modo, bancos de vestígios contendo perfis genéticos de amostras coletadas em cenas de crimes e tipadas com marcadores Y-STR, podem ser utilizados para fins de persecução penal, pois permitem a comparação sistemática das amostras inseridas e reportam as coincidências haplotípicas entre diferentes casos. Em outras palavras, o banco de vestígios Y-STR pode atuar como ferramenta de triagem ao correlacionar crimes em série, capaz de fornecer indicativos para o confronto de perfis autossômicos e, conseqüentemente, fornecer subsídios para a apuração criminal (McDONALD et al. 2015; NEUHUBER et al. 2013).

Dos 252 casos de agressão sexual que se obteve o perfil haplotípico do agressor, inseridas no BVPG-YSTR, 82 ocorrências estão relacionadas com crimes cometidos contra vítimas vulneráveis. Considera-se vulnerável para o crime de estupro, de acordo com o Código Penal Brasileiro, indivíduo do sexo feminino ou masculino, menor de quatorze anos; ou pessoa com deficiência intelectual, a qual não é capaz de consentir ou oferecer resistência ao ato sexual. Incorre em crime ter conjunção carnal de fato ou presumida com vulneráveis, independente que haja experiência sexual anterior, consentimento ou discernimento da vítima (SOUTO et al. 2017; CASTRO, 2013).

#### **Estupro de Vulnerável**

Art. 217-A. Ter conjunção carnal ou praticar outro ato libidinoso com menor de 14 (catorze) anos:

Pena – reclusão, de 8 (oito) a 15 (quinze) anos.

§ 1º. Incorre na mesma pena quem pratica as ações descritas no caput com alguém que, por enfermidade ou deficiência mental, não tem o necessário discernimento para a prática do ato, ou que, por qualquer outra causa, não pode oferecer resistência (BRASIL, 2017, p.87).

O estudo conduzido por Cerqueira et al. (2017) sobre estupros ocorridos no Brasil, no período entre 2011 a 2014, mostrou que a média anual, dos estupros perpetrados contra crianças de até 13 anos de idade foi de 51,3%. Os crimes de violência sexual cometidos contra pessoas com deficiência mental, transtorno mental ou transtorno de comportamento, alcançou o número de 1.546 ocorrências, totalizando 2,3%. Os resultados apresentados de estupro contra vulneráveis foram superiores ao encontrado no presente estudo, o qual correspondeu a 32,5% dos casos inseridos no BVPG-YSTR. Destes, 63,4% apresentavam autoria conhecida pela vítima, tendo como infrator do delito parentes, namorado ou pessoa próxima.

A pesquisa publicada pelo IPEA apontou que em 70% dos casos de estupro ocorridos no ano de 2011 o agressor pertencia ao círculo familiar. Destacou ainda que em 79% a ocorrência se deu na própria residência da vítima (CERQUEIRA; COELHO, 2014). Os

estudos dirigidos por Souto et al. (2017) e por Cequeira et al. (2017) registraram números menores, respectivamente 30,6% e 40,0% dos delitos sexuais cometidos contra crianças de até treze anos tiveram como perpetradores pai, padastro, amigo ou pessoa conhecida da vítima. Trindade et al. (2014) mostrou que havia laços familiares ou de amizade entre vítimas e perpetradores em 86,3% dos casos.

Casos de estupro contra vulneráveis estão comumente relacionados à agressão doméstica em que pessoas do círculo familiar são os autores de violência sexual, comumente perpetrada pela oportunidade do agressor em estar sozinho com a vítima e pela relação de confiança e proximidade existente. Além do mais, a capacidade de entendimento das interações abusivas e a capacidade cognitiva e linguística da vítima para verbalização da agressão, são fatores que encorajam os agressores para cometimento do delito (SOARES et al. 2016).

## **6.2 Aplicabilidade do BVPG-YSTR na identificação de crimes em série**

Outra abordagem do estudo trata-se da reincidência de cometimento de crime de violência sexual, computada pela reiteração de vezes que um mesmo perfil genético foi reconhecido pelo BVPG-YSTR. Foram identificados 17 agressores seriais e a maioria deles perpetraram duas vezes o delito. O mais emblemático dos crimes em série apontado pelo BVPG-YSTR foi perpetrado por um único agressor contra oito vítimas.

O estudo de Meaney (2004) sobre o comportamento de criminosos seriais apresentaram resultados semelhantes a presente pesquisa. Meaney analisou 32 agressores sexuais, os quais cometeram 88 crimes. A média de crimes por série foi de três vezes, com o mínimo de duas e no máximo seis vezes.

O termo reincidência no conceito judicial é dado pela nova condenação do egresso pelo cometimento de crime de mesma natureza. Estudo sobre reincidência criminal mostrou que entre os anos de 2010 e 2011 a probabilidade de um criminoso cometer novamente um crime é de 59% no Reino Unido, 43% na Suécia e de até 42% na Noruega (FAZEL; WOLF, 2015). No estudo realizado pelo Ipea (2015) a partir de dados extraídos de varas de execuções penais dos estados de Alagoas, Minas Gerais, Paraná, Pernambuco e Rio de Janeiro, obteve-se taxa de reincidência criminal de 24,4%. A pesquisa de Saporì et al. (2017) categorizou a reincidência pelo tipo penal do crime, e registrou que 47,1% dos agressores condenados pelo

crime de estupro no estado de Minas Gerais reincidiram no delito. Portanto, como se observa nos estudos apresentados, é alta a probabilidade de um indivíduo reincidir no crime.

O banco de perfis genéticos Y-STR pode atuar como aliado à polícia judiciária a fim de identificar crimes em série e fornecer subsídios para iniciar uma investigação. A coincidência haplotípica informada pode ser um ponto de partida para comparação do *modus operandi*, das características físicas do autor, da descrição do veículo automotor usado, da região de cometimento do crime e das provas testemunhais. O reconhecimento de vítimas comuns a um mesmo agressor pode permitir que o “quebra-cabeça” da investigação seja completado, traduzindo a identificação do provável autor do crime e, conseqüentemente, a instauração do processo judicial e a punição do autor do delito.

O lapso temporal computado entre os crimes em série pode mostrar quanto tempo o perpetrador permanece livre, entre um crime e outro, sendo ofensivo à sociedade. No presente estudo, observou-se casos em que a reincidência do ato criminoso foi perpetrada em um mesmo dia, bem como, no período de aproximadamente seis anos, um agressor foi o autor de crime de estupro de cinco vítimas.

O estudo sobre reincidência criminal no Brasil mostrou que o tempo médio entre as fases de processamento dos crimes de estupro, do registro da ocorrência à execução da pena, foi de 1.154 dias, o que corresponde a mais de três anos (IPEA, 2015). Embora sejam claros os avanços conquistados pela investigação criminal, a morosidade do cumprimento da pena ou a prescrição do delito reforçam a crença do agressor sobre impunidade e oportuniza a reincidência delituosa (NASCIMENTO, 2018).

A permanência de agressores livres na sociedade pesa nos cofres da segurança pública, são mais viaturas destinadas ao patrulhamento e atendimento às chamadas, somados aos gastos de recursos humanos das unidades policiais, das diligências investigativas e de perícias forenses. O custo da violência no Brasil no ano de 2016 para a segurança pública alcançou o montante de 88 bilhões de reais, correspondente a 1,4% do PIB brasileiro, enquanto que o investimento de países desenvolvidos ocidentais às polícias sinaliza 1% do PIB (FBSP, 2017).

O impacto da violência sexual sobre o Sistema Único de Saúde relaciona-se aos custos econômicos e humanos das unidades ambulatoriais no tratamento da saúde física e psicológica da vítima de estupro. Incidem sobre as verbas da saúde pública a medicação antiviral das vítimas que adquiriram HIV, à gestação indesejada e os transtornos psíquicos de depressão, ansiedade, síndrome do pânico sofrida pela mulher violentada. Além disso, é

estimado impacto social em decorrência da improdutividade temporária da mulher à sociedade, reduzindo 11% do PIB nacional (BRASIL, 2012).

As estimativas de custos de prevenção de crimes sugerem que bancos de perfis genéticos são mais econômicos quando comparados aos instrumentos tradicionais de aplicação da lei (JAKOVSKI et al. 2017). No estudo de Doleac (2017), a prevenção de um delito grave custa aos cofres públicos 7.600 dólares quando aplicam-se sentenças condenatórias mais longas e de 26.300 a 62.500 dólares quando promove a contratação de mais policiais para ação repressiva.

Os investimentos iniciais com infraestrutura e recursos humanos para a construção de laboratórios criminais são altos. Todavia, os gastos para inclusão de uma amostra em banco de perfis genéticos ficam em torno de 40 dólares (DOLEAC, 2017; FIGUEIREDO; PARADELA, 2006). No estudo conduzido por Cardoso et al. (2017), o custo de análise para cada amostra variou entre 40 a 80 reais.

Embora seja onerosa a implantação de banco de perfis genéticos, o custo-benefício desta ferramenta é positivo. Em 2010, por exemplo, o governo americano investiu 30,5 milhões de dólares para a inserção de 761.609 perfis de infratores no CODIS, correspondente a 40 dólares por perfil genético. Entretanto, contabilizou uma economia de 1,2 bilhão de dólares por ano na prevenção de novos delitos (DOLEAC, 2017).

Assim, o investimento em banco de dados de perfis genéticos torna-se atrativo, haja vista os resultados benéficos apontados na redução da reincidência delituosa, na agilidade das investigações, no menor custo despendido pelos cofres públicos para a prevenção do crime, bem como, na colaboração dos processos de julgamento e condenação.

Outro dado obtido na presente pesquisa trata-se da distribuição espacial dos crimes em série. Dos casos estudados, somente em quatro observou-se deslocamento intermunicipal do agressor, sendo que três envolvem municípios próximos pertencentes à região metropolitana de Goiânia, com distância máxima de 46,4 km. A análise mostrou que, na maior parte, os agressores em série atuam no mesmo município.

De acordo com Lino e Matsunaga (2018), as atividades diárias dos agressores modelam o comportamento delituoso, as quais implicam o trajeto para o trabalho, lazer ou para a residência. Os criminosos buscam locais conhecidos, de sua rotina diária e que se sentem seguros, ao ponto que a atuação criminal seja oportuna e não interrompida.

No estudo conduzido por Beauregard et al. (2005) sobre o padrão espacial de criminosos sexuais, mostra que, em geral, a maioria desses infratores cometem seus crimes

perto de casa. Meaney (2004) analisou dados arquivados pela polícia de Sydney, na Austrália, e apontou que estupradores em série deslocam de 1,80 a 5,25 km para o cometimento do crime. Os dados da literatura corroboram com os achados neste estudo, o qual indica, em regra geral, que não há deslocamento intermunicipal do autor após cometimento do delito. O estudo de Lino e Matsunaga (2018) apontou que 91% dos estupradores em série perpetraram crimes dentro de um círculo de alcance criminal, ou seja, o agressor age nas proximidades de sua residência, não saem do seu alcance espacial para cometer crime em outra região.

### **6.3 Capacidade do BVPG-YSTR no auxílio das investigações de crimes sexuais**

Na presente pesquisa, dos 271 casos de crimes de agressão sexual submetidos a exame de DNA utilizando marcadores do cromossomo Y, em 93,0% obteve-se perfil do agressor. Esse resultado foi maior do que o alcançado nas análises com marcadores autossômicos, que resultou em 82,0%. Os resultados do estudo de Purps et al. (2015) corroboraram os achados desta pesquisa, o qual também obteve maior sucesso nas análises com Y-STR para identificação do perfil do agressor. Purps et al. (2015) analisou 287 casos de estupro e obteve perfil do agressor em 85,5% dos casos utilizando marcadores Y-STR e em 74% com o uso de marcadores autossômicos.

A menor taxa de sucesso obtida com as análises dos marcadores autossômicos, quando comparado ao cromossomo Y, no presente estudo, se deu principalmente à pequena quantidade de DNA do agressor na amostra. Quando em uma mistura genética as proporções de DNA feminino são consideravelmente superiores ao DNA masculino, pode-se observar *dropout* alélico do menor contribuinte, geralmente decorrente de um fenômeno conhecido como amplificação preferencial do maior contribuinte, situação típica encontrada em amostras com esfregaços vaginais provenientes de estupro. Estudos mostraram que o componente minoritário (agressor) é geralmente indetectável quando as proporções de DNA autossômico são iguais ou inferiores a 1:50 (ROEWER, 2009, HOLT et al. 2002). Enquanto que perfis Y-STR podem ser obtidos em misturas de DNA masculino:feminino na razão de 1:1.000 (GOPINATH et al. 2016; BALLANTYNE et al. 2013; NEUHUBER et al. 2013), ou seja, mesmo quando há uma contribuição superior do DNA da vítima do sexo feminino, em até 1.000 vezes, ainda assim é possível obter resultados satisfatórios utilizando marcadores Y-STR.

Quanto aos marcadores do cromossomo Y, a pequena porcentagem de insucesso nos exames, correspondente a 19 amostras, ocorreu devido à mistura de haplótipos com perfil genético não interpretável, à amplificação com número insuficiente de marcadores, ou à ausência de DNA de origem masculina.

Considerando a inserção de 252 haplótipos Y-STR no banco de dados, provenientes de amostras com resultados positivos para pesquisa de espermatozoide, obteve-se 85 *matches* entre vestígios de crimes de violência sexual, que envolveu 17 agressores e 55 vítimas, perfazendo uma taxa de coincidência de 33,7%.

O resultado obtido pelo BVPG-YSTR foi satisfatório quando comparado ao Banco Nacional de Perfis Genéticos. De acordo com o IX Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos, constam 7.872 perfis genéticos inseridos na categoria de vestígios. Até novembro de 2018 foram confirmados 635 *matches*, alcançando 8,07% de taxa de coincidência (RIBPG, 2018b).

Sabe-se que a chance de ocorrências de *matches* é congruente ao número de perfis indexados nos bancos de dados. De acordo com o Relatório 2016/2017 do banco de dados de perfis genéticos do Reino Unido, o NDNAD (*National DNA Database*) tem armazenado 6.579.394 de perfis de indivíduos criminosos e suspeitos, e 555.362 de perfis provenientes de vestígios coletados em cena de crime. Esses números permitiram obter 643.149 *matches* de crimes não resolvidos entre abril de 2011 a março de 2017 (NPCC, 2018).

No banco de perfis genéticos dos Estados Unidos, o *National DNA Index (NDIS)* registrou até outubro de 2018 a inclusão de 16.890.327 de perfis de suspeitos e criminosos, 894.747 de perfis de vestígios e reportou 440.346 *matches* (FBI, 2018b). Assim, os dados extraídos dos bancos de perfis genéticos brasileiro, britânico e americano mostram que o aumento da inserção de perfis de vestígios e de criminosos correlaciona-se à taxa de sucesso e eficiência do banco na persecução criminal (MOTA; FINOTTI, 2018).

Na análise dos casos em que se observou coincidência genética, o presente estudo mostrou que 10 vítimas de crime sexual foram reportadas exclusivamente pelo BVPG-YSTR. Assim, a análise com marcadores do cromossomo Y, quando combinado aos resultados autossômicos, aumentou em 18,1% o número de perfis informativos para a investigação de crimes sexuais.

O estudo conduzido por Neuhuber et al. (2013), na Áustria, exibiu a relevância do exame de DNA envolvendo análises do cromossomo Y nos eventos de crime sexual. O grupo amostral desse estudo compreendeu casos que apresentaram teste negativo para pesquisa de

espermatozoide. Em 38 do total de 239 casos, o perfil genético do agressor foi identificado exclusivamente por marcadores do cromossomo Y. Baseado nos achados, o banco de dados de DNA nacional austríaco – *Austrian National DNA Database* – foi expandido para incluir marcadores do cromossomo Y. O potencial do banco Y-STR forense foi demonstrado com um número pequeno de perfis haplotípicos de vestígios inseridos. Os autores concluíram que os resultados reportados pelo banco devem aumentar à medida que o banco for alimentado e têm a expectativa de elucidar crimes em série, no entanto, alertaram para a sensata interpretação dos resultados, considerando especialmente a transmissão hereditária dos marcadores do cromossomo Y.

Na pesquisa realizada por Purps et al. (2015), foram examinadas amostras de 287 casos de crimes de violência sexual. Dos casos analisados, foram obtidos 133 perfis haplotípicos completos, fato que agregou em 21% o número de perfis informativos quando comparados aos resultados obtidos exclusivamente por marcadores autossômicos. De acordo com a pesquisa, caso as amostras não fossem submetidas às análises com marcadores Y-STR, 10% dos casos seriam inconclusivos.

Assim, bancos Y-STR podem corroborar com a investigação policial. Ter em mãos uma evidência genética que liga diferentes vítimas de crimes sexuais pode auxiliar a polícia judiciária a iniciar um plano investigativo e, conseqüentemente, ter provas para dar seguimento ao processo judicial e punição do crime. Cria-se então a expectativa de redução do percentual de inquéritos arquivados e aumento dos índices de punibilidade.

Com os resultados de *matches* reportados pelo BVPG-YSTR, o auxílio nas investigações criminais pode ocorrer nas seguintes hipóteses:

1. Para os casos de *match* entre amostras em que todas apresentam resultados Y-STR e autossômico, porém nenhuma amostra atende os requisitos de inserção no banco CODIS (número de marcadores insuficientes, *drop out*, mistura balanceada entre vítima e agressor etc.), como ilustrado nos resultados do caso “M”. Nessa hipótese a coincidência também é reportada somente pelo BVPG-YSTR. Após o BVPG-YSTR sinalizar o *match*, deve-se comparar manualmente os perfis autossômicos e emitir laudo informando a coincidência e, se possível, fazer análise estatística dos resultados autossômicos.

2. Para os casos de *match* entre amostras em que todas apresentam resultado Y-STR e autossômico, mas nem todas atendem os critérios de inserção no CODIS, como demonstrando nos resultados dos casos “G”, “H”, “L”, “N” e “Q”. Nessa hipótese, o CODIS não consegue reportar a coincidência entre todas as amostras, entretanto, com o auxílio do BVPG-YSTR é



possível correlacionar todas as vítimas a um agressor. Manualmente pode-se comparar os perfis autossômicos e elaborar laudo de *match*, e se possível, desenvolver cálculos estatísticos entre as amostras.

3. Para casos de *match* entre amostras que apresentam resultados Y-STR e somente uma tem resultado autossômico, como exemplificado nos resultados do caso “O”. Nessa hipótese a coincidência também é reportada somente pelo BVPG-YSTR. A delegacia pode ser informada da possibilidade de ambas as vítimas terem sido violentadas pelo mesmo autor. A investigação nesse caso deve analisar outras provas materiais e encaminhar suspeito para análise e confronto com os dados autossômicos obtidos em uma das vítimas.

4. Para casos de *match* entre amostras que apresentam somente resultado Y-STR. Nessa hipótese a coincidência é reportada somente pelo BVPG-YSTR. Para esses casos há a possibilidade do crime em série ter sido perpetrado por um único agressor. Deve ser considerada a transmissão em bloco de genes do cromossomo Y, ou seja, homens pertencentes à mesma linhagem patrilinear possuem a mesma informação genética. Apesar da limitação do cromossomo Y de não identificar a autoria, o reconhecimento de vítimas comuns a um mesmo agressor pode permitir que o “quebra-cabeça” da investigação seja iniciado ao somar outras provas materiais, como por exemplo, comparar o *modus operandi*, uma assinatura específica, a região de cometimento do crime, as características físicas do autor, a descrição do veículo automotor usado e as testemunhas oculares.

Como observado, banco de dados de marcadores do cromossomo Y pode ser vantajoso em diferentes situações, tanto ao fornecer diretamente informações à polícia judiciária para a apuração delituosa, quanto ao complementar os resultados obtidos pelo sistema CODIS.

#### **6.4 Novas perspectivas para o BVPG-YSTR**

Estima-se ainda que os resultados do BVPG-YSTR poderão ser maiores quando ocorrer a inserção de amostras com resultado negativo para o exame de pesquisa de espermatozoide, como ocorreu no estudo realizado por Neuhuber et al. (2013).

Observa-se que o resultado negativo para pesquisa de espermatozoide pode mascarar a hipótese de conjunção carnal. Entretanto, é possível obter perfil genético usando marcadores Y-STR de células epiteliais do agressor desprendidas durante o ato sexual ou de outras células nucleadas presentes no líquido seminal, como leucócitos e células germinativas imaturas. Os marcadores Y-STR são ferramentas genéticas promissoras quando a análise com marcadores

autossômicos é inconclusiva, a exemplo de agressões sexuais perpetradas por agressores vasectomizados, azoospermicos ou atos sexuais em que não houve ejaculação (NEUHUBER et al. 2013; PURPS et al. 2015). Assim, exames genéticos com marcadores do cromossomo Y podem somar na produção de prova material das investigações criminais pela capacidade de detectar traços de DNA masculino, especialmente, quando há um predomínio do DNA da vítima em relação ao do agressor.

No estudo desenvolvido por De Paula (2011), observou-se que em 43% das amostras de crime sexual com resultado negativo para pesquisa de espermatozoide foi detectada a presença DNA de origem masculina com o uso de marcadores do cromossomo Y, fato que contribuiu para a mudança na rotina laboratorial do Instituto de Pesquisa de DNA Forense da Polícia Civil do Distrito Federal (IPDNA/DF). Após o estudo, o IPDNA/DF passou a submeter estas amostras à análise genética com a perspectiva de auxiliar na identificação de estupradores.

O número de casos de violência sexual em que não se detectou presença de espermatozoide foi expressivo no LBDF/ICLR/SPTC-GO. Entre os anos de 2004 a 2016, 73% dos casos pesquisados apresentaram resultado citológico negativo para a pesquisa de espermatozoide. Este significativo número de amostras pode ser resultante de doadores azoospermicos, oligospermicos ou casos em que houve ejaculação externa ao corpo da vítima.

Extrapolando os objetivos do estudo, fez-se a inserção de poucos perfis haplotípicos com resultado negativo para pesquisa de espermatozoide no BVPG-YSTR, para fins de teste da eficiência do banco. Observou aumento das coincidências, obtendo 93 *matches* entre vestígios de crimes de violência sexual, envolvendo 21 agressores e 65 vítimas. Assim quanto maior o número de indexações em banco de dados, maiores as chances de solucionar crimes, em especial, àqueles sem suspeito.

Diante dos dados apresentados, é importante realizar análise de DNA com marcadores do cromossomo Y para todos os casos de crime sexual, inclusive os que apresentaram resultado negativo para pesquisa de espermatozoide. Nestes casos, em especial, bancos Y-STR poderão gerenciar os perfis haplotípicos e trazer informações importantes para resolução de crimes a partir das coincidências genéticas identificadas, assim como ocorreu na Áustria, relatado pelo estudo de Neuhuber et al. (2013).

### **6.5 Falsos *matches* e capacidade de discriminação dos conjuntos de haplótipos com 17, 23 e 27 marcadores do cromossomo Y**

Considerando o total de 277 perfis haplotípicos analisados, observou-se 5 falsos *matches* entre 10 amostras. Estas coincidências genéticas foram observadas com 17 marcadores Y-STR. No entanto, quando essas amostras foram tipadas com o conjunto de 27 marcadores genéticos verificou-se divergência entre os perfis, sendo, portanto, originadas por diferentes indivíduos. A análise dos perfis autossômicos corroborou os resultados obtidos e foi possível, além de confirmar a existência de falsos *matches*, afastar a hipótese de mutação nos marcadores Y-STR. Esse resultado demonstra que o haplótipo com 17 marcadores não é o mais indicado para investigação criminal, haja vista que, equivocadamente, tais indivíduos e sua linhagem patrilinear não seriam excluídos como contribuintes das amostras analisadas.

No presente estudo, a capacidade de discriminação (CD) do conjunto de 17 marcadores do cromossomo Y para a população do estado de Goiás foi 0,9819. Os painéis com 23 e 27 marcadores apresentaram CD igual a 1, ou seja, todos os perfis mostraram-se únicos e diferentes entre si, ao calcular a razão entre o número de diferentes haplótipos pelo número total de perfis haplotípicos analisados para cada conjunto de marcadores. Observou-se, portanto, que a capacidade de discriminação foi aumentada ao comparar o conjunto de 17 marcadores aos painéis com 23 e 27 marcadores.

A capacidade de discriminação do conjunto de 17 marcadores foi semelhante ao obtido pelo estudo de Zhou et al. (2018), o qual analisou 843 homens não aparentados da população Han chinesa, com CD igual a 0,9810. Para os conjuntos de 23 e 27 marcadores, obteve capacidade de discriminação de 0,9916 e 0,9976, respectivamente.

No estudo de Liu et al. (2016), 7.405 perfis haplotípicos de homens não aparentados foram selecionados manualmente de banco de dados da população da província de Henan chinesa. Com 17 marcadores, as análises indicaram um CD igual a 0,9043, ao passo que o poder de discriminação com 27 marcadores alcançou 0,9853. Estimou-se ainda que a chance em ter resultados falsos positivos em banco de dados Y-STR, ou seja, de correlacionar homens não relacionados à mesma linhagem patrilinear, é de 248 em 1 milhão de perfis com 17 marcadores.

Gopinath et al. (2016) estudaram 942 indivíduos homens da população americana com etnias africana, caucasiana, hispânica e asiática. A capacidade de discriminação para 17 marcadores do cromossomo Y variou entre 0,9922 (africanos) e 0,9192 (asiáticos). A CD

aumentou em todas as etnias quando analisadas com 27 marcadores, e alcançou valor igual a 1 para africanos e caucasianos. Relatou ainda que o painel com 27 marcadores conseguiu separar 19% dos pares pais-filhos devido à inclusão de marcadores de mutação rápida.

Em outro estudo, Purps et al. (2014) estudaram populações de 51 países e analisaram 19.630 perfis haplotípicos. Nesse estudo foi comparada a capacidade de discriminação entre 17 e 23 marcadores Y-STR, com resultados de 0,8569 e de 0,9608. Ao considerar somente a população latina-americana, a CD para o painel de 23 marcadores foi de 0,9603.

No Brasil, Barra et al. (2014) analisaram a população do Distrito Federal. Com o n amostral de 201 homens não aparentados foi obtido capacidade de discriminação para conjuntos de 17 e 23 marcadores, sendo de 0,9650 e 0,9950 respectivamente.

Os resultados observados na literatura mostraram que o acréscimo de marcadores em painéis Y-STR aprimorou a capacidade de discriminação dos perfis haplotípicos. Entretanto, na presente pesquisa, os conjuntos Y-STR com 23 e 27 marcadores apresentaram os mesmos resultados, CD igual a 1. A razão pela a qual obteve-se dados divergente ao apresentado pela literatura pode ser atribuída ao baixo número de amostras tipadas com 23 marcadores.

De acordo com Gopinath et al. (2016), a adição de três loci altamente polimórficos (DYS460, DYS481 e DYS533) e sete loci de mutação rápida RM-YSTR (DYF387S1a/b, DYS449, DYS518, DYS570, DYS576 e DYS627) garante ao painel de 27 marcadores (kit comercial Yfiler™ Plus) maior capacidade para discriminação de indivíduos dentro de uma mesma linhagem patrilinear. A coincidência genética entre 53 pares de pais/filhos reconhecida pelo conjunto de 17 marcadores foi utilizada para testar a capacidade dos marcadores de mutação rápida em individualizar homens aparentados, a qual obteve êxito em 19% dos casos. Os estudos de Zhou et al. (2018) e Olofsson et al. (2015) corroboram a ideia de que a presença de marcadores RM-YSTR no perfil haplotípico torna-o mais informativo para a investigações forenses.

Novas pesquisas com conjuntos de marcadores Y-STR de mutação rápida (RM-YSTR) trazem novas perspectivas para superar as limitações de sistemas multiplex Y-STR convencionais no que tange a individualização de homens pertencentes a uma linhagem patrilinear. Javed et al. (2018) apresentaram interessantes resultados com o estudo do multiplex 12 RM-STR para a população paquistanesa, com grupo amostral de 167 indivíduos do sexo masculino, sendo 70 pertencentes à mesma linhagem paterna. Entre homens aparentados, foi possível discriminar 96,4% dos casos e 100% entre homens sem relação de parentesco.

Nesse mesmo sentido, Ballantyne et al. (2014) analisaram 14.644 homens de 111 populações mundiais e em 99% dos homens não aparentados foram completamente individualizados com sistema multiplex de 13 RM-YSTR, e em 27% das comparações foi possível diferenciar pai e filho. No estudo de Robino et al. (2015), 422 pares pais-filhos italianos foram investigados e 20% puderam ser individualizados pelo painel de 13 RM-YSTR.

Adnan et al. (2016) estudaram o sistema com 13 RM-YSTR em 572 homens paquistaneses de duas a quatro gerações. Os resultados de capacidade de discriminação entre pais e filhos foram de 24%, entre irmãos ou entre avós e netos foram de 44%; entre tios e sobrinhos de 55% e 61% entre primos.

Embora observam-se avanços na capacidade de discriminação do sistema multiplex com marcadores de rápida mutação, sendo hoje mais eficaz na individualização de homens com grau parentesco mais longínquos, os estudos de novos multiplex RM-YSTR com maior número de loci e com maior poder de individualização podem ser promissores na diferenciação entre homens aparentados e tornar uma ferramenta de identificação no âmbito criminal.

A inserção destes marcadores com alta taxa de mutação em bancos de perfis genéticos poderá contribuir muito em casos forenses, como por exemplo, na identificação de um criminoso ou na discriminação de vítimas masculinas intimamente relacionadas mortas em desastre em massa (AMBERS et al. 2018). Entretanto, faz-se necessário a existência de dados de frequência haplotípicas grandes e geograficamente detalhados para estimar o peso estatístico das coincidências entre perfis RM-YSTR (ROBINO et al. 2015).

## 7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O avanço da genética nas ciências forenses nos últimos anos foi marcante e se tornou ferramenta importante para subsidiar as investigações criminais. O presente estudo destaca a importância do uso de marcadores moleculares do cromossomo Y para a elucidação de crimes sexuais e foi motivado pelos alarmantes números de ocorrência de estupro registrados no estado de Goiás e pelo extenso volume de *backlog* de vestígios de crimes sexuais para serem processados no LBDF/IC/SPTC-GO.

Em linhas gerais, mais da metade dos casos de violência sexual estudados foram oriundos de ocorrências registradas na regional de Goiânia, correspondente a área mais populosa do estado. Entretanto, ao analisar a densidade demográfica dos municípios que compõem os Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica do Estado de Goiás, as regionais de Rio Verde e Jataí apresentaram os maiores índices de casos de violência sexual analisados. Esse conjunto de ideias apresentadas é importante a fim de levantar estudos para identificação dos fatores determinantes da criminalidade e orientação para que as ações públicas sejam voltadas às regiões de maior incidência criminal.

Verificou-se ainda que em 76% dos delitos submetidos a exame de DNA não havia indícios de autoria. Este dado traz à tona a importância de bancos de dados de perfis genéticos como ferramenta de auxílio na investigação de crimes em série, em especial àqueles sem suspeito. O armazenamento informatizado e centralizado de dados genéticos permite a correspondência automática das amostras inseridas e associa um agressor a diferentes vítimas. De tal modo que os resultados de *matches* reportados pelo banco constituem um importante recurso nos processos de apuração criminal e no auxílio da justiça na persecução penal.

Dos casos inseridos no BVPG-YSTR, 1/3 dos estupros foram perpetrados contra vítimas vulneráveis, ou seja, menores de quatorze anos ou pessoa com deficiência intelectual não capaz de consentir ou oferecer resistência ao ato delituoso. Deste grupo, a maior parte dos casos apresentava autoria conhecida pela vítima, tendo como infrator do delito parentes, namorado ou pessoa próxima. As agressões dentro do círculo familiar são comumente perpetradas em situações oportunas encontradas pelo agressor e facilitadas pela relação de confiança e proximidade existente entre agressor e vítima.

A pesquisa identificou casos de reincidência criminal. O BVPG-YSTR reportou 17 estupradores em série, envolvendo 55 vítimas. Dos casos analisados, 52,9% dos agressores perpetraram o crime duas vezes.

No estudo da distribuição geográfica destes delitos observou-se que, na maior parte, os agressores em série atuam no mesmo município. Há uma limitação do BVPG-YSTR, pois por tratar-se de um banco regional que não se comunica com os demais estados federativos, não é capaz de detectar reincidências de agressores que migram para outras regiões do País. Entretanto, o estudo apresentou resultado congruente aos achados da literatura que, em regra geral, não há migração do autor após cometimento do crime.

O resultado de maior relevância da pesquisa mostrou que em 18,1% dos casos estudados de violência sexual as coincidências genéticas foram reportadas exclusivamente pelo BVPG-YSTR, isso significa que, em quase 1/5 dos casos a análise com marcadores do cromossomo Y agregou informação à investigação de crimes em série. Diante do exposto, o desprezo dessa informação genética prevê uma perda de um dado valioso para a investigação de violência sexual.

Em vista dos resultados apresentados, o uso do BVPG-YSTR mostrou promissor na elucidação de crimes sexuais, em especial, nos casos em que se têm genótipos autossômicos, mas que não atendem os requisitos de admissibilidade no Banco de Perfis Genéticos da Superintendência da Polícia Técnico-Científica de Goiás. Assim, o banco de perfis Y-STR poderá atuar como ferramenta para identificar e correlacionar os casos de crime em série perpetrados por um possível agressor. A autoria pode ser alcançada ao analisar e confrontar manualmente os resultados autossômicos.

A capacidade do BVPG-YSTR no auxílio das investigações criminais também foi demonstrada nos casos em que não se obtém genótipos autossômicos com qualidade ou interpretáveis, a exemplo da amplificação preferencial dos alelos da vítima em amostras com mistura de material genético ou em amostras com ínfima quantidade de DNA masculino. Nestas situações, os *matches* obtidos pelo BVPG-YSTR podem subsidiar o início de uma investigação ao ligar várias vítimas a um autor, que pode se desenvolver ao comparar outras provas materiais, como *modus operandi*, a região de cometimento do crime, as características físicas do autor, a descrição do veículo automotor usado e o depoimento de testemunhas oculares. Entretanto, deve ser considerada a transmissão em bloco de genes do cromossomo Y na interpretação dos resultados de *matches* Y-STR, ou seja, homens pertencentes à mesma linhagem patrilínea possuem a mesma informação genética.

O BVPG-YSTR, por ser um projeto piloto, limitou-se ao armazenamento e gerenciamento de perfis haplotípicos provenientes de vestígios de crime sexual com resultado positivo para pesquisa de espermatozoide. Consoante os resultados obtidos no presente

trabalho, tem-se o objetivo de ampliar o BVPG-YSTR com a inserção de perfis haplotípicos de crimes sexuais com resultado citológico negativo para espermatozoide.

Assim, faz-se necessário que políticas públicas contemplem investimentos nos laboratórios forenses a fim de garantir recursos para se obter a prova material dos fatos. É imperiosa a necessidade de lançar mão de investimento em tecnologias e em novas ferramentas genéticas para a elucidação de crimes, como o BVPG-YSTR, a fim de apontar os indivíduos que representam potencialmente ameaça à sociedade e reduzir a reincidência criminal.

Desse estudo pôde-se ainda extrair a capacidade de discriminação dos conjuntos de haplótipos Y-STR com 17, 23 e 27 marcadores. Para a população do estado de Goiás, a CD com 17 marcadores foi 0,9819. Os painéis com 23 e 27 apresentaram CD igual a 1, ou seja, todos os perfis mostraram-se únicos e diferentes entre si. Foram identificados 5 falsos *matches* entre 10 amostras. As coincidências genéticas foram observadas com o conjunto de 17 marcadores, entretanto, a reanálise com o multiplex de 27 marcadores Y-STR verificou-se divergência entre os perfis, corroborada pelos resultados obtidos com marcadores autossômicos. Portanto, o uso de kits comerciais com maior número de marcadores do cromossomo Y retornam resultados mais confiáveis para serem utilizados como ferramenta nas investigações criminais. Por fim, o confronto dos resultados genéticos de marcadores Y-STR mostra um caminho promissor no auxílio da elucidação de crimes e, relevante, na exclusão de inocentes que possam ser apontados como suspeitos.

Os perfis haplotípicos Y-STR deste estudo foram submetidos ao YHRD “*Y-Chromosome Haplotype Reference Database*” (<https://yhrd.org>), com os números de acesso YA004377 e YA004577.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADNAN, A.; RALF, A.; RAKHA, A.; et al. 2016. **Improving empirical evidence on differentiating closely related men with RM Y-STRs: a comprehensive pedigree study from Pakistan.** *Forensic Science International: Genetics*, v.25, p. 45-51.
- 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.
- ALGAHTANY, M.; KUMAR, L. 2016. **A Method for Exploring the Link between Urban Area Expansion over Time and the Opportunity for Crime in Saudi Arabia.** *Remote Sensing*, v. 8, n. 10, p. 863.
- AMBERS, A.; VOTRUBOVA, J.; VANEK, D; et al. 2018. **Improved Y-STR typing for disaster victim identification, missing persons investigations, and historical human skeletal remains.** *International Journal of Legal Medicine*, v. 132, n. 6. p. 1545-1553.
- AMORIM, A. 2008. **A cautionary note on the evaluation of genetic evidence from uniparentally transmitted markers.** *Forensic Science International: Genetics*, v.2, n.4, p.376–378.
- AMORIM, A. 2015. **Genética forense.** *Nat Genet*, v. 6, n. 2, p. 130-135
- ANDERSEN, M. M.; BALDING, D. J. 2017. **How convincing is a matching Y-chromosome profile?** *Plos Genetic*, v. 13, n. 11, p. 1007028.
- ANDERSEN, M. M.; CURRAN, J.; DE ZOETE, J.; et al. 2018. **Modelling the dependence structure of Y-STR haplotypes using graphical models.** *Forensic Science International: Genetic*, v. 37, p. 29-36.
- BALANOVSKY, O. 2017. **Toward a consensus on SNP and STR mutation rates on the human Y-chromosome.** *Human genetics*, v. 136, n. 5, p. 575-590.
- BALLANTYNE, J.; VAN DAAL, A.; LUBENOW, H. Improved detection of male DNA in post-coital samples. **NIJ**, 2012. [online]. Disponível em: [www.ncjrs.gov/pdffiles1/nij/grants/241298.pdf](http://www.ncjrs.gov/pdffiles1/nij/grants/241298.pdf). Acessado em: 26 de Março de 2017.
- BALLANTYNE, J.; HANSON, E.; GREEN, R.; et al. 2013. **Enhancing the sexual assault workflow: testing of next generation DNA assessment and Y-STR systems.** *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, v.4, n. 1, p. e228-e229.
- BALLANTYNE, K. N.; RALF, A.; ABOUKHALID, R.; et al. 2014. **Toward male individualization with rapidly mutation Y-chromosomal short tandem repeats.** *Human Mutation*, v. 35, n. 8, p. 1021-1032.
- BARCELOS. Rejane da Silva Sena. *Contribuição genética de duas populações urbanas da região centro-oeste brasileira estimada por marcadores uniparentais.* Tese (Doutorado em Genética) - Universidade de Brasília, Brasília, 2006.

BARRA, G. B.; CHIANCA, C. F.; SANTA RITA, T. H.; et al. 2014. **Haplotype diversity of 23 Y-chromosomal STRs in a population sample from the Federal District (Brazil): a territory that arose from nothing.** *International Journal of Legal Medicine*, v. 128, n. 6, p. 945-947.

BEAUREGARD, E.; PROULX, J.; ROSSMO, D. K. 2005. **Spatial patterns of sex offenders: Theoretical, empirical, and practical issues.** *Aggression and Violent Behavior*, v. 10, n. 5, p. 579-603.

BICHILE, D. L.; KHARKAR, A. R.; MENON, P.; POTNIS-LELE, M.; et al. 2014. **Y chromosome: Structure and biological functions.** *Indian J. Basic Appl. Med. Res*, v.3, n. 3, p.152-160.

BONACCORSO, Norma Sueli. *Aspectos técnicos, éticos e jurídicos relacionados com a criação de banco de dados criminais de DNA no Brasil.* Tese (Doutorado em Direito Penal) - Faculdade de Direito da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2010.

BRASIL. Ministério da Saúde. **Prevenção e Tratamento dos Agravos Resultantes da Violência Sexual Contra Mulheres e Adolescentes : norma técnica.** 3. ed. Brasília: Ministério da Saúde. [s.l.: s.n.], 2012. Disponível em : [http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/prevencao\\_agravo\\_violencia\\_sexual\\_mulheres\\_3ed.pdf](http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/prevencao_agravo_violencia_sexual_mulheres_3ed.pdf). Acesso em : 10 de Dezembro de 2018.

BRASIL. Decreto nº 7.950. Institui o Banco Nacional de Perfis Genéticos e a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos. **Diário Oficial da República**, v.49, seção 1, p.4, Brasília, 12 mar. 2013. Disponível em: [www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/\\_Ato2011-2014/2013/Decreto/D7950.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2011-2014/2013/Decreto/D7950.htm). Acesso em: 15 de Fevereiro de 2017.

BRASIL. **Código Penal Brasileiro:** Decreto-Lei 2.848, de 07 de dezembro de 1940. Brasília: Senado Federal, Coordenação de Edições Técnicas, 2017. Disponível em: [http://www2.senado.leg.br/bdsf/bitstream/handle/id/529748/codigo\\_penal\\_1ed.pdf](http://www2.senado.leg.br/bdsf/bitstream/handle/id/529748/codigo_penal_1ed.pdf). Acesso em: 18 de Outubro de 2018.

BRASIL. Lei n. 13.718 de 24 de setembro de 2018. Altera o Decreto-Lei nº 2.848, de 7 de dezembro de 1940 (Código Penal), para tipificar os crimes de importunação sexual e de divulgação de cena de estupro, tornar pública incondicionada a natureza da ação penal dos crimes contra a liberdade sexual e dos crimes sexuais contra vulnerável, estabelecer causas de aumento de pena para esses crimes e definir como causas de aumento de pena o estupro coletivo e o estupro corretivo; e revoga dispositivo do Decreto-Lei nº 3.688, de 3 de outubro de 1941 (Lei das Contravenções Penais). **Diário Oficial da União**, seção 1, p.2, Brasília, 25 set. 2018. Disponível em: [http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/\\_Ato2015-2018/2018/Lei/L13718.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2015-2018/2018/Lei/L13718.htm). Acesso em: 18 de Outubro de 2018.

BUCHMULLER, H. Crimes sexuais: a impunidade gerada por um Estado omissivo. **Congresso em foco**, Brasília, 07 jun. 2016. [online]. Disponível em: <https://congressoemfoco.uol.com.br/opiniao/colunas/crimes-sexuais-a-impunidade-gerada-por-um-estado-omisso/>. Acesso em: 26 de Fevereiro de 2018.

BUCKLETON, John S.; BRIGHT, Jo-Anne; TAYLOR, Duncan. **Forensic DNA evidence interpretation.** 2. ed. Flórida: CRC press, 2016.

- BUEHLER, E. M. 1980. **A synopsis of the human Y chromosome.** *Hum Genet*, v.55, p. 145–175.
- BUTLER, John Marshall. Lineage markers : Y chromosome and mtDNA Testing. In : BUTLER John Marshall. **Forensic DNA typing: biology, technology, and genetics of STR markers.** 2. ed. Boston: Elsevier Academic Press, 2010, p.363-390.
- CARDOSO, J. F; SATO, M. D; SANTIAGO, R. M. 2017. **Organização e funcionamento do banco de dados de perfil genético do Paraná.** *Revista Saúde e Desenvolvimento*, v. 11, n. 7, p. 82-93.
- CARLSON, K. D.; SUDMANT, P. H.; PRESS, M. O. et al. 2015. **MIPSTR: a method for multiplex genotyping of germline and somatic STR variation across many individuals.** *Genome Research*, v. 25, p. 750-761.
- CARVALHO, Bianca de Almeida; FILHO, Vanduir Soares de Araújo. Exames Periciais de DNA Forense. In: TOCCHETTO, Domingos; ESPINDULA, Alberi. **Criminalística: procedimentos e metodologias.** 3. ed. Campinas: Millennium Editora, 2015.
- CASTRO, L. Legislação Comentada. Artigo 217a do CP: estupro de vulnerável. **JusBrasil**, 2013. Disponível em: <https://leonardocastro2.jusbrasil.com.br/artigos/121943504/legislacao-comentada-artigo-217-a-do-cp-estupro-de-vulneravel>. Acesso em: 24 de Novembro de 2018.
- CERQUEIRA, D.; COELHO, D. **Estupro no Brasil: uma radiografia segundo os dados de saúde** (versão preliminar). IPEA – Nota Técnica nº 11, p. 1-30, Brasília, 2014.
- CERQUEIRA, D.; COELHO, D.; FERREIRA, H. 2017. **Estupro no Brasil: vítimas, autores, fatores situacionais e evolução das notificações no sistema de saúde entre 2011 e 2014.** *Rev. Bras. Segur. Pública*, v. 11, n. 1, p. 24-48.
- CERQUEIRA, D.; LIMA, R. S.; BUENO, S.; et al.. **Atlas da violência 2018.** Brasília, DF: IPEA, FBSP, p. 93, 2018.
- CHIANCA, Camilla Figueiredo. *Diversidade haplotípica de 23 Y-STR em uma amostra da população do Distrito Federal (Brasil) – Um território que surgiu do nada para a realidade.* Dissertação (Mestrado em Ciências da Saúde) - Universidade de Brasília, Brasília, 2013.
- COLLINS, S. A. ; LOCKETT, G. A. ; HOLLOWAY, J. W. The Genetics of Allergic Disease an Atshma. SZEFLER, S. J. et al. **Pediatric allergy: principles and practice.** Elsevier Health Sciences, 2015, p.18-30.
- COSTA, Luís Renato da Silveira; COSTA, Bruno Miranda. **A Perícia Médico-Legal Aplicada à Área Criminal.** 2. ed. Campinas: Millennium Editora, 2015.
- DELUCA, J. S.; VACCARO, J.; RUDNIK, A.; et al. 2018. **Sociodemographic predictors of sex offender stigma: How politics impact attitudes, social distance, and perceptions of sex offender recidivism.** *International Journal of Offender Therapy and Comparative Criminology*, v. 62, n. 10, p. 2879-2896.

DE PAULA, Karla Angélica Alves. *Análise Molecular com Y-STRs em Amostras Biológicas sem Espermatozoides Coletadas de Vítimas de Estupro*. Dissertação (Stricto Sensu em Ciências Genômicas e Biotecnologia) - Universidade Católica de Brasília, Brasília, 2012.

DECANINE, D. 2016. **O papel de marcadores moleculares na genética forense**. *Revista Brasileira de Criminalística*, v. 5, n. 2, p. 18-27.

DIAS, T. M.; JOAQUIM, E. D. 2013. **O problema da prova nos crimes contra a dignidade sexual**. *Revista JurisFIB IV*, p. 291-310.

DIEGOLI, T. M. 2015. **Forensic typing of short tandem repeat markers on the X and Y chromosomes**. *Forensic Science International: Genetics*, v.18, p.140-151.

DOLEAC, J. L. 2017. **The effects of DNA databases on crime**. *American Economic Journal: Applied Economics*, v. 9, n. 1, p. 165-201.

DURRET, R.; LIMIC, V. 2001. **On the quantity and quality of single nucleotide polymorphisms in the human genome**. *Stochastic Processes and their Applications*, vol. 93, p. 1-24.

ELLEGREN, H. 2004. **Microssatellites: Sample sequences with complex evolution**. *Nature Reviews*, v. 5, p. 435-445.

FACCHINI, R.; FERREIRA, C. B. C. 2016. **Feminismos e violência de gênero no Brasil: apontamentos para o debate**. *Ciência e Cultura*, v. 68, n. 3, p. 04-05.

FARIELLO, L. CNJ analisa escuta judicial de crianças e adolescentes vítimas de violência. **Conselho Nacional de Justiça**, Brasília, 23 fev.2018. [online]. Disponível em: <http://www.cnj.jus.br/noticias/cnj/86236-cnj-analisa-escuta-judicial-de-criancas-e-adolescentes-vitimas-de-violencia>. Acesso em: 20 de Setembro de 2018.

FAZEL, S.; WOLF, A. 2015. **A systematic review of criminal recidivism rates worldwide: current difficulties and recommendations for best practice**. *PloS one*, v. 10, n.6, p.e0130390.

FBI – FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. **Combined DNA Index System (CODIS)**. 2018a. Disponível em: <https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis>. Acesso em: 15 de Setembro de 2018.

FBI – FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. **CODIS-NDIS Statistics**. 2018b. Disponível em: <https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>. Acesso em: 19 de Novembro de 2018.

FBSP - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. Anuário brasileiro de segurança pública 2017. **Segurança Pública**, v.11, 2017. [online]. Disponível em: <http://www.forumseguranca.org.br/atividades/anuario/>. Acesso em: 10 de Dezembro de 2018.

FBSP - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. Anuário brasileiro de segurança pública 2018. **Segurança Pública**, v. 12, 2018a. [online]. Disponível em: <http://www.forumseguranca.org.br/atividades/anuario/>. Acesso em: 10 de Dezembro de 2018.

FBSP - FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. Anuário brasileiro de segurança pública 2014 a 2017. **Segurança Pública**, edição especial, 2018b. [online]. Disponível em: [http://www.forumseguranca.org.br/wp-content/uploads/2018/09/FBSP\\_ABSP\\_edicao\\_especial\\_estados\\_faccoes\\_2018.pdf](http://www.forumseguranca.org.br/wp-content/uploads/2018/09/FBSP_ABSP_edicao_especial_estados_faccoes_2018.pdf). Acesso em: 10 de Dezembro de 2018.

FERREIRA-SILVA, B.; FONSECA-CARDOSO, M.; PORTO, M. J.; et al. 2018. **A Comparison Among Three Multiplex Y-STR Profiling Kits for Sexual Assault Cases**. *Journal of Forensic Sciences*, v. 63, n. 6, p. 1836-1840.

FIGUEIREDO, André Luís dos Santos; PARADELA, Eduardo Ribeiro. 2006. **Bancos de dados de DNA: Uma ferramenta investigativa útil**. *Revista Âmbito Jurídico*, Rio Grande, v. 9, n. 32. [online]. Disponível em: [http://www.ambito-juridico.com.br/site/index.php?n\\_link=revista\\_artigos\\_leitura&artigo\\_id=1235](http://www.ambito-juridico.com.br/site/index.php?n_link=revista_artigos_leitura&artigo_id=1235). Acesso em: 12 de Dezembro de 2018.

FRANÇA, Genival Veloso de. **Medicina Legal**. 11. ed. Rio de Janeiro: Koogan, 2017.

GIGONZAC, Thaís Cidália Vieira. *Caracterização Genética da População do Estado de Goiás baseada em Marcadores STRs Autossômicos e do Cromossomo Y*. Tese (Doutorado em Biologia) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

GODINHO, N. M. O. 2014. **Banco de dados de DNA: uma ferramenta a serviço da justiça**. *Revista Brasileira de Estudos de Segurança Pública*, v. 7, n. 2, p. 20-30.

GOIÁS. Ministério Público do Estado de Goiás. **Gestão à Vista: Percentual de Núcleos Regionais da Polícia Técnico-Científica com Sede Própria, 2012**. Disponível em: [http://www.mpgop.mp.br/portalweb/hp/33/docs/percentual\\_de\\_nucleos\\_regionais\\_da\\_policia\\_tecnico-cientifica\\_com\\_sede\\_propria.pdf](http://www.mpgop.mp.br/portalweb/hp/33/docs/percentual_de_nucleos_regionais_da_policia_tecnico-cientifica_com_sede_propria.pdf). Acesso em: 03 de Setembro de 2018.

GOPINATH, S.; ZHONG, C.; NGUYEN, V.; et al. 2016. **Developmental validation of the Yfiler® Plus PCR Amplification Kit: An enhanced Y-STR multiplex for casework and database applications**. *Forensic Science International: Genetics*, v.24, p.164-175

GRAZZIOTIN, Vanessa. **Projeto de Lei nº 618, de 2015**. Altera o Código Penal para prever causa de aumento de pena para o crime de estupro cometido por duas ou mais pessoas. Disponível em: [www25.senado.leg.br/web/atividade/materias/-/materia/123183](http://www25.senado.leg.br/web/atividade/materias/-/materia/123183). Acesso em: 26 de Fevereiro de 2017.

GRUGNI, V.; RAVEANE, A.; MATTIOLI, F.; et al. 2018. **Reconstructing the genetic history of Italians: new insights from a male (Y-chromosome) perspective**. *Annals of Human Biology*, v. 45, n. 1, p. 44-56.

GUSMÃO, 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 Science International: Genetics*, v. 157, p. 187-97.

HADI, Sibte. *Analysis of rapidly mutating Y chromosome short tandem repeats (RM-YSTRs)*. In : William Goodwin. **Forensic DNA typing protocols, methods in molecular biology**. New York, NY: Humana Press, 2016, p. 201-211.

HASAN, M. M.; MOMTAZ, P.; HOSSAIN, T.; et al. 2016. **Phylogenetic and forensic studies of the Bangladeshi population using next-generation Power Plex® Y23 STR marker system**. *International Journal of Legal Medicine*, v. 130, n. 6, p. 1493-1495.

HOLT, C. L. ; BUONCRISTIANI, M. ; WALLIN, J. M. ; et al. 2002. **TWGDAM Validation of AmpfSTR PCR Amplification Kits for Forensic DNA Casework**. *Journal of Forensic Science*, v. 47, n.1, p.66-96.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo Demográfico 2010**. Rio de Janeiro: IBGE, 2010.

IESA - INSTITUTO DE ESTUDOS SOCIOAMBIENTAIS. **Região Metropolitana de Goiânia: Plano de Desenvolvimento Integrado. Análise dos Aspectos Socioeconômicos da Região Metropolitana de Goiânia**. Goiânia: IESA, 2017. Disponível em: <http://pdi-rmg.secima.go.gov.br/wp-content/uploads/2017/10/5-Analise-dos-Aspectos-Socioeconomicos.pdf>. Acesso em: 17 de Outubro de 2018.

INSTITUTO DATASENADO. **Panorama da violência contra as mulheres no Brasil: indicadores nacionais e estaduais**, n. 1. Brasília: Senado Federal, Observatório da Mulher contra a Violência, 2016. Disponível em: <http://www.senado.gov.br/institucional/datasetenado/omv/indicadores/relatorios/BR.pdf>. Acesso em: 16 de Outubro de 2018.

INSTITUTO PATRÍCIA GALVÃO. **Dossiê Violência contra as Mulheres: Violência Sexual**. Disponível em: <http://www.agenciapatriciagalvao.org.br/dossie/violencias/violencia-sexual/#violencia-sexual-no-brasil>. Acesso em: 23 out. 2018.

INTERPOL - INTERNATIONAL CRIMINAL POLICE ORGANIZATION. 2016. **Global DNA Survey Results 2016**. Disponível em: <https://www.interpol.int/en/contentinterpol/search?SearchText=Global+DNA+Profiling+Survey+Results+2016&x=0&y=0>. Acesso em: 13 de Novembro de 2018.

IPEA - INSTITUTO DE PESQUISA ECONÔMICA APLICADA. **Reincidência criminal no Brasil**. Rio de Janeiro: IPEA, 2015. Disponível em: [http://www.ipea.gov.br/agencia/images/stories/PDFs/relatoriopesquisa/150611\\_relatorio\\_reincidencia\\_criminal.pdf](http://www.ipea.gov.br/agencia/images/stories/PDFs/relatoriopesquisa/150611_relatorio_reincidencia_criminal.pdf). Acesso em 24 de Novembro de 2018.

JAKOVSKI, Z.; AJANOVSKA, R. J.; STANKOV, A.; et al. 2017. **The power of forensic DNA data bases in solving crime cases**. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, v. 6, e275-e276.

JANNUZZI, J.; DOMINGUES, P.; SIMÃO, F.; et al. 2018. **Genetic characterization of Rio de Janeiro for different Y-STR sets**. *International Journal of Legal Medicine*, v. 132, n. 5, p.1313-1315.

JAVED, F.; SUMBAL, S.; SHAFIQUE, M.; et al. 2018. **Male individualization using 12 rapidly mutating Y-STRs in Araein ethnic group and shared paternal lineage of Pakistani population.** *International Journal of Legal Medicine*, v. 132, n. 6, p.1621-1624.

JOBLING, M. A.; TYLER-SMITH, C. **Human Y-chromosome variation in the genome-sequencing era.** *Nature Reviews Genetics*, v. 18, n. 8, p. 485, 2017.

KAYSER, M.; CAGLIÀ, A.; CORACH, D; et al. 1998. **Evaluation of Y-chromosomal STRs: a multicenter study.** *Int J Leg Med*, v.110, p.141–149

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

KARKI, R.; PANDVA, D.; ELSTON, R. C. et al. 2015. **Defining “mutation” and “polymorphism” in the era of personal genomics.** *BMC medical genomics*, v.8, n.1, p37.

KLEIN, Aline Guedes. *A Identificação Criminal na Lei 12.654/12: aspectos constitucionais acerca da criação dos Bancos de Dados de Perfis Genéticos.* Trabalho de Conclusão de Curso (Especialização em Direito Público) - Faculdade de Direito Fundação Escola Superior do Ministério Público, Porto Alegre, 2013.

KRAUSZ, C.; CASAMONTI, E. 2017. **Spermatogenic failure and the Y chromosome.** *Human Genetics*, v. 136, n. 5, p. 637–655.

KRENKE, B. E.; VICULIS, L.; RICHARD, M. P.; et at. 2005. **Validation of a male-specific, 12-locus fluorescent short tandem repeat (STR) multiplex.** *Forensic Science International*,v. 148, p. 1–14.

LINO, D.; MATSUNAGA, L. H. 2018 **Perfil criminal geográfico: novas perspectivas comportamentais para investigação de crimes violentos no Brasil.** *Revista Brasileira de Criminalística*, v. 7, n. 1, p. 7-16.

LIU, H.; LI, X.; MULERO, J.; et al. 2016. **A conveniente guideline to determine if two Y-STR profile are from the same lineage.** *Electroforesis*, v. 37, n. 12, p. 1659-1668.

LIU, C.; HAN, X.; MIN, Y.; et al. 2018. **Genetic polymorphism analysis of 40 Y-chromosomal STR loci in seven populations from South China.** *Forensic Science International*, v. 291, p. 109-114.

MACEDO, F. C. 2013. **Transformação econômica, inserção externa e dinâmica territorial no Centro-Oeste Brasileiro: o caso de Rio Verde.** *Sociedade & Natureza*, v. 25, p. 35–50.

MACHADO, A. P. L. B.; LEITE, R. F. S.; BARCELOS, R. S. S. 2017. **Aplicabilidade do cromossomo X no DNA forense.** *Rev. Ciênc. Méd. Biol.*, v. 16, n. 2, p. 197-209.

MACHADO, A. P.; EHRHARDT, A. 2018. **Análise Comparativa Entre Marcadores Microssatélites STR e Polimorfismo de Nucleotídeo Único SNP Usados na Área Forense: Revisão de Literatura.** *Saúde e Desenvolvimento Humano*, v. 6, n. 1, p. 49-56.

MALIK, A. A. 2016. **Urbanization and Crime: A Relational Analysis.** *Journal Of Humanities And Social Science*, v. 21, p. 68, 69-70, 2016.

MARTÍNEZ, P.; BEGONA, S.; ALCALÁ, B.; et al. 2015. **Semen searching when sperm is absent.** *Science Justice*, v.55, n.2, p.118-123.

MASSAIA, A.; XUE, Y. 2017. **Human Y chromosome copy number variation in the next generation sequencing era and beyond.** *Human Genetics*, v. 136, n. 5, p. 591-603.

MCDONALD, A.; JONES, E.; LEWIS, J.; et al. 2015. **Y-STR analysis of digital and/or penile penetration cases with no detected spermatozoa.** *Forensic Science International: Genetics*, v. 15, p.84–89.

MCINNES, Roderick R.; WILLARD, Huntington F.; NUSSBAUM, Robert L. 2016. **Thompson & Thompson Genética Médica.** 8. ed. Rio de Janeiro: Elsevier Editora, 2016.

MEANEY, R. 2004. **Commuters and marauders: An examination of the spatial behaviour of serial criminals.** *Journal of Investigative Psychology and Offender Profiling*, v. 1, n. 2, p. 121-137.

MELLO, A. Brasil já contabiliza 10 casos de estupro coletivo esse ano. **Estado de Minas**, Minas Gerais, 20 jun. 2016. [online]. Disponível em: [www.em.com.br/app/noticia/politica/2016/06/20/interna\\_politica,774493/as-vitimas-da-crueldade.shtml](http://www.em.com.br/app/noticia/politica/2016/06/20/interna_politica,774493/as-vitimas-da-crueldade.shtml). Acesso em: 26 de Fevereiro de 2017.

MORETI, Tiago. *Identificação Humana: Uma proposta metodológica para obtenção de DNA de ossos e implementação de banco de dados de frequências alélicas de STRs autossômicos na população de Santa Catarina.* Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) - Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, 2009.

MORIN, P. A.; LUIKART, G.; WAYNE, R. K. 2004. **SNPs in ecology, evolution and conservation.** *Trends in ecology & evolution*, v.19, n. 4, p. 208-216.

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.** *Revista Brasileira de Criminalística*, v. 7, n. 1, p. 26-31.

MULERO, J.J.; CHANG, C.W.; CALANDRO, L.M. et al. 2006. **Development and validation of the AmpFISTR Yfiler PCR amplification kit: a male specific single amplification 17 Y-STR multiplex system.** *J. Forensic Sci.* v. 51, p. 64–75.

NASCIMENTO, Cheila Maria Pereira. O cumprimento antecipado da pena privativa de liberdade e o novo entendimento do supremo tribunal federal. In: LEMOS, L. R. L.; et al. **Caderno de Pós-graduação em Direito: Estado, Sociedade e Direito.** UniCEUB: ICPD, 2018.

NEUHUBER, F.; KLAUSRIEGLER, E.; KREINDL, G.; et al. 2013. **The efficiency of Y-Chromosome markers in forensic trace analysis and their inclusion in the Austrian**



**National DNA Database.** *Forensic Science International: Genetics. Genetics Supplement Series*, v.4, n. 1, p. e172–e173.

NPCC - NATIONAL POLICE CHIEFS' COUNCIL. **National DNA Database Strategy Board Annual Report 2016/17.** [s.l.: s.n.], 2018. Disponível em: [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/724596/040718\\_new\\_CCS0518718592\\_National\\_DNA\\_Database\\_Strategy\\_Board\\_AR\\_2016-17\\_updates\\_NEW.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/724596/040718_new_CCS0518718592_National_DNA_Database_Strategy_Board_AR_2016-17_updates_NEW.pdf). Acesso em: 19 de Novembro de 2018.

OLIVEIRA, E. M. D.; BARBOSA, R. M.; DE MOURA, A. A. V. M.; et al. 2005 **Atendimento às mulheres vítimas de violência sexual: um estudo qualitativo.** *Revista de Saúde Pública*, v. 39, n. 3, p. 376-382.

OLIVEIRA, João Luiz Moreira. *Perícia e Investigação Criminal. Uma Proposta de Melhoria do Modelo Organizacional Visando a Otimização de Resultados.* Dissertação (Mestrado Executivo em Gestão Empresarial). Escola Brasileira de Administração Pública da Fundação Getúlio Vargas, Rio de Janeiro, 2013.

OLOFSSON, J.K.; MOGENSEN, H.S; BUCHARD, A.; et al. 2015. **Forensic and population genetic analyses of Danes, Greenlanders and Somalis typed with the Yfilerplus PCR Amplification Kit.** *Forensic Science International: Genetics*, v. 16, p. 232–236.

OU, X.; WANG, Y.; LIU, C.; et al. 2015. **Haplotype analysis of the polymorphic 40 Y-STR markers in Chinese populations.** *Forensic Science International: Genetics*, v.19, p. 255-62.

PAULINO, R. D. M.; CONCEIÇÃO, T.; DECANINE, D. 2017. **Análise de laudos periciais correspondentes a vítimas de estupro em Mato Grosso do Sul.** *Revista Brasileira de Criminalística*, v. 6, n. 2, p. 38-42.

PIGLIONICA, M.; BALDASSARRA, S.L.; GIARDINA, E.; et al. 2013. **Population data for 17 Y-chromosome STRs in a sample from Apulia (Southern Italy).** *Forensic Science International: Genetics*, v.7, n. 1, p. e3-4.

PINHEIRO, M Fátima. *Criminalística Biológica.* In: CORTE-REAL, Francisco; VIEIRA, Duarte Nuno. **Princípios de genética forense.** Coimbra: Coimbra University Press, 2015, p. 43-74.

PIZA, Patrícia Bonilha de Toledo. *Análise Genética dos Vestígios de Crimes Sexuais.* Dissertação (Mestrado em Genética) - Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, 2012.

PURPS, J. ; SIEGER, T S. ; WILLUWEIT, S.; et al. 2014. **A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci.** *Forensic Science International: Genetics*, v. 12, p.12–23.

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 Science International : Genetics*, v. 19, p. 238-242.

RAPONE, C. ; D'ATANASIO, E. ; AGOSTINO, A.; et al. 2016. **Forensic genetic value of a 27 Y-STR loci multiplex (Yfiler1 Plus kit) in an Italian population sample.** *Forensic Science International: Genetics*, v. 21, p. e1–e5

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: 10 de setembro de 2018.

RIBPG - REDE INTEGRADA DE BANCO DE PERFIS GENÉTICOS DO BRASIL. 2018a. **VIII Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg>. Acesso em: 27 de Dezembro de 2018.

RIBPG - REDE INTEGRADA DE BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS. 2018b. **IX Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos.** Brasília. [online]. Disponível em: <http://www.seguranca.gov.br/sua-seguranca/ribpg>. Acesso em: 03 de Janeiro de 2019.

ROBINO, C. ; RALF, A. ; PASINO, S.; et al. 2015. **Development of an Italian RM Y-STR haplotype database: results of the 2013 GEFI collaborative exercise.** *Forensic Science International: Genetics*, v. 15, p.56-63.

RODOVALHO, Ricardo Goulart. *Desenvolvimento de um sistema multiplex de loci STRs autossômicos polimórficos para identificação humana.* Tese (Doutorado em Biotecnologia e Biodiversidade) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.

ROEWER, L. 2009. **Y chromosome STR typing in crime casework.** *Forensic Science Medicine and Pathology*, v.5, n. 2, p.77–84.

SAKAR, R. N.; JASUJA, O. P.; VENKATRAMANA. **Block-5 Advanced Areas In Practicing Anthropology.** Okhla, New Delhi: Indira Gandhi National Open University, 2018.

SAPORI, L. F.; SANTOS, R. F.; DER MAAS, L. W. 2017. **Fatores sociais determinantes da reincidência criminal no Brasil: o caso de Minas Gerais.** *Revista Brasileira de Ciências Sociais*, v. 32, n. 94.

SCHIOCCHET, Taysa et al. Banco de perfis genéticos para fins de persecução criminal. **Série Pensando o Direito**, v. 43, Brasília: Ministério da Justiça, 2012. Disponível em: [http://pensando.mj.gov.br/publicacoes/?pub\\_id=6834](http://pensando.mj.gov.br/publicacoes/?pub_id=6834). Acesso em: 13 de Setembro de 2018.

SILVA, Raquel Cabezas. *Parâmetros populacionais e forenses da população do Sul de Portugal: Atualização dos dados genéticos dos loci STR usados na casuística forense.* (Mestrado em Medicina Legal e Ciências Forenses) - Universidade de Lisboa, Lisboa, 2016.

SKALETSKY H.; KURODA-KAWAGUCHI T.; MINX, P.J.; CORNDUM H.S.; HILLIER L.; et al. 2003. **The male-specific region of the human Y chromosome is a mosaic of discrete sequence classes.** *Nature*, n. 423, p. 825-837.

SOARES, E. M. R.; DA SILVA, N. L. L.; DE MATOS, M. A. S.; et al. 2016. **Perfil da violência sexual contra crianças e adolescentes**. *Revista Interdisciplinar*, v. 9, n. 1, p. 87-96.

SOUTO, R. M. C. V.; PORTO, D. L.; PINTO, I. V.; et al. 2017. **Rape and pregnancy of girls aged up to 13 years in Brazil: characteristics and implications in health during gestation, delivery and childbirth**. *Ciência & Saúde Coletiva*, v. 22, n. 9, p. 2909-2919.

SPTC - SUPERINTENDÊNCIA DA POLÍCIA TÉCNICO-CIENTÍFICA DE GOIÁS. **Relatório de número de casos registrados no LBDF/ICLR/SPTC-GO**, 2019. Acesso em: 08 de fevereiro de 2019.

STRACHAN, Tom; READ, Andrew. **Genética molecular humana**. 4. ed. Porto Alegre: Artmed Editora, 2016.

STUMVOLL, Victor Paulo. Criminalística. In: STUMVOLL, Victor Paulo (Org.). **Criminalística**. 6. ed. Campinas: Millennium Editora, 2014, p.1-10.

SWEEN, K.R.; QUARINO, L.A.; KISHBAUGH, J.M. 2015. **Detection of male DNA in the vaginal cavity after digital penetration using Y-chromosome short tandem repeats**. *Journal Forensic Nursing*, v. 11, n.1, p. 33-40.

THERMO FISHER SCIENTIFIC. AutoMate Express™ Instrument: User Guide. Revision E. **Thermo Fisher Scientific**, Waltham, MA, USA, 2017a. Disponível em: [https://www.thermofisher.com/document-connect/document-connect.html?url=https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/4441982\\_AutoMateExp\\_UG.pdf&title=VXNlciBHdWlkZTogQXV0b01hdGUgRXhwcmVzcyBJbnN0cnVtZW50](https://www.thermofisher.com/document-connect/document-connect.html?url=https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/4441982_AutoMateExp_UG.pdf&title=VXNlciBHdWlkZTogQXV0b01hdGUgRXhwcmVzcyBJbnN0cnVtZW50). Acesso em: 03 de Junho de 2017.

THERMO FISHER SCIENTIFIC. Quantifiler™ HP and Trio DNA Quantification Kits: User Guide. Revision G. **Thermo Fisher Scientific**, Waltham, MA, USA, 2017b. Disponível em: <https://www.thermofisher.com/document-connect/document-connect.html?url=https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/4485354.pdf>. Acesso em: 03 de Março de 2018.

THOMPSON, J. M.; EWING, M. M.; FRANK, W. E.; et al. 2013. **Developmental validation of the PowerPlex® Y23 System: a single multiplex Y-STR analysis system for casework and database samples**. *Forensic Science International: Genetics*, v.7, n. 2, p.240-250.

TOCCHETTO, Domingos; ESPINDULA, Alberi. **Criminalística: procedimentos e metodologias**. 3. ed. Campinas: Millennium Editora, 2015.

TRINDADE, L. C; LINHARES, S. M. G. M.; VANRELL, J. P.; et al. 2014. **Sexual violence against children and vulnerability**. *Revista da Associação Médica Brasileira*, v. 60, n. 1, p. 70-74.

TROMBETTA, B.; D'ATANASIO, E.; CRUCIANI, F. 2017. **Patterns of Inter-Chromosomal Gene Conversion on the Male-Specific Region of the Human Y Chromosome**. *Frontiers in Genetics*, v. 8, p. 54.

VIEIRA, T.C; GIGONZAC, M.A.; SILVA, D.M.; et al. 2014. **Y-STR haplotype diversity and population data for Central Brazil: implications for environmental forensics and paternity testing.** *Genetics and Molecular Research*, v.13, n. 2, p. 3404-3410.

WALSH, S. J.; CURRAN, J. M.; BUCKLETON, J. S. 2010. **Modeling forensic DNA database performance.** *Journal of Forensic Sciences*, v. 55, n. 5, p. 1174-1183.

WEI, T.; LIAO, F.; WANG, Y.; PAN, C.; et al. 2018. **A novel multiplex assay of SNP-STR markers for forensic purpose.** *PloS one*, v. 13, n. 7, p. e0200700.

ZHANG, S.; TIAN, H.; WANG, Z.; et al. 2014. **Development of a new 26plex Y-STRs typing system for forensic application.** *Forensic Science International: Genetics*, v. 13, p. 112–120.

ZHOU, Y.; SHAO, C.; ZHANG, Y.; et al. 2018. **Genetic analysis of 29 Y-STR loci in the chinese han population from Shanghai.** *Forensic Science International: Genetics*, v. 32, p. e1- e4.

## APÊNDICE A – Questionário 1

<b>Número SEBIO:</b> _____	<b>Ano:</b> 20____	<b>RG:</b> _____	<b>Data entrada:</b> ____/____/20____	SEBIO; ANOSEBIO; RGSEBIO; DATA	
<b>Sexo vítima:</b> 1 ( ) Feminino 2 ( ) Masculino 3 ( ) Não identificável				SEXO	
<b>Vítima cadáver:</b> 1 – ( ) Sim 2 – ( ) Não				CADAVER	
<b>Regional relacionada/requisitante (Goiânia/NRPTCs):</b> 1 ( ) Regional de Goiânia/GO 9 ( ) 9ºNRPTC 2 ( ) 2ºNRPTC 10 ( ) 10ºNRPTC 3 ( ) 3ºNRPTC 11 ( ) 11ºNRPTC 4 ( ) 4ºNRPTC 12 ( ) 12ºNRPTC 5 ( ) 5ºNRPTC 13 ( ) 13ºNRPTC 6 ( ) 6ºNRPTC 14 ( ) 14ºNRPTC 7 ( ) 7ºNRPTC 8 ( ) 8ºNRPTC				REGIONAL	
<b>Tipo de amostras questionadas:</b> 1 ( ) secreção vaginal 6 ( ) objetos 2 ( ) secreção anal 7 ( ) outros 3 ( ) secreções vaginal e anal 8 ( ) secreções SI 4 ( ) vestimentas 9 ( ) mais de um tipo: 5 ( ) preservativo				AMOSTRAQUEST	
Nº tipos de AQs: _____		Nº de AQs SPTZ (+): _____		NUMEROAMOST RA AMOSTRASPTZ	
<b>Tem amostra referência da vítima?</b> 1 ( ) Sim 2 ( ) Não				ARV	
<b>Origem de coleta/encaminhamento dos vestígios?</b> 1 ( ) Perícia Oficial 2 ( ) Delegacia/outros				PERITO	
<b>Registros de cadeia de custódia estão em conformidade?</b> 1 ( ) Sim 2 ( ) Não				REGISTRO	
<b>Nome da vítima:</b>				NOME	
<b>Unidade de investigação e nº de procedimento: (NRPTC ou DP):</b>				UNIDADE PROCEDIMENTO	
<b>Vítima vulnerável?</b> 1 ( ) < 14 anos 2 ( ) Não 3 ( ) Não identificável 4 ( ) > 14 anos com deficiência mental				VULNERAVEL	
<b>Houve relação sexual consentida nos últimos 3 dias?</b> 1 ( ) Sim 2 ( ) Não 3 ( ) Não relatado				RELACAO	
<b>Histórico sobre autoria:</b> 1 ( ) Autor conhecido 2 ( ) Autor desconhecido 3 ( ) Não relatado/identificável				HISTORICOA	
<b>N.º SEDNA:</b> _____	<b>Saída Laudo SEDNA:</b> ____/____/20____	<b>RG:</b> _____	<b>Ano:</b> 20____	<b>Suspeito:</b> _____	SEDNA; RGSEDNA; ANOSEDNA; SUSPEITO DATA

## APÊNDICE B – Questionário 2

N.º SEDNA: _____	Saída Laudo SEDNA: _____/_____/20__	RG: _____	Ano: 20____	Suspeito: _____	SEDNA; RGS DNA; ANOSEDNA; SUSPEITO DATA
<b>Situação do caso/ conclusão laudo - suspeito(s):</b> 1( ) Sem suspeito 2( ) Inclusão 3( ) Exclusão 4( ) Inconclusivo <u>AUTO</u> 5( ) Inconclusivo <u>Y</u> 6( ) Inconclusivo 7( ) Não obtido DNA masculino 8( ) Outros					SITUACAO
<b>Nº de amostras analisadas no SEDNA:</b>		<b>Nº de amostras SPTZ(+) analisadas no SEDNA:</b>		NAMOSTRA1;NAMOSTRA2	

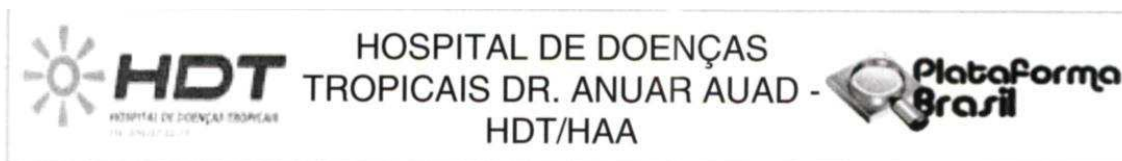
### PROJETO BANCO DE Y (BVPG-YSTR) apenas para amostras SPTZ (+):

<b>Número de amostras com perfil Y com qualidade para inserção no BVPG-YSTR:</b>	QUALIDADEY
<b>Haverá inserção no BVPG-YSTR:</b> 1 – ( ) Sim 2 – ( ) Não	INSERCAO2
<b>Motivo de não inserção BVPG-YSTR:</b> 1( ) Mistura sem qualidade 2( ) N° insuficiente de marcadores 3( ) Cadeia de custódia 4( ) Não coletado por Perito Oficial 5( ) Ausência de ARV 6( ) Relação consentida 7( ) Mais de um motivo _____ 8( ) Ausência DNA masculino 9( ) Outros:	MOTIVO
<b>Tipo de amostra inserida no BVPG-YSTR:</b> 1( ) Secreção vaginal 5( ) Preservativo 2( ) Secreção anal 6( ) Objetos 3( ) Secreções vaginal e anal 7( ) Outros 4( ) Vestimentas 8( ) Secreções SI (sem identificação) 9( ) Mais de um tipo: _____	AMOSTRA
<b>Tipo de perfil Y inserido BPG/SPTC:</b> 1 – ( ) Único 2 – ( ) Mistura	TIPOPERFILY
<b>Número de perfis inseridos no BVPG-YSTR:</b>	INSERCAOYY
<b>Kit utilizado:</b> 1( ) Yfiler 2( ) Y23 3( ) YfilerPlus 4( ) PPY 5( ) não feito	KITY

### OUTRAS AMOSTRAS apenas para amostras SPTZ (-):

<b>Haverá inserção BVPG-YSTR:</b> 1( ) Sim 2( ) Não	INSERCAO4
---	-----------

## ANEXO A – 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



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



HOSPITAL DE DOENÇAS  
TROPICAIS DR. ANUAR AUAD -  
HDT/HAA



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

## ANEXO B - 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



PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE  
CATÓLICA DE GOIÁS -  
PUC/GOIÁS



Continuação do Parecer: 2.380.631

**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.

**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

**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

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