

DNA forense aplicado na identificação de vítimas de crimes em Pernambuco, Brasil

M.H.F. Ekert ^{a,*}, N.C.L. Oliveira ^b, C.A. de Souza ^c, S.M. Santos ^c, D.B.G. Martins ^b,
J.L.L. Filho ^b

^a Instituto de Criminalística, Perícia Oficial de Alagoas, Maceió (AL), Brasil

^b Laboratório de Imunopatologia Keizo Asami, Recife (PE), Brasil

^c Laboratório de Perícia e Pesquisa em Genética Forense, Recife (PE), Brasil

*Endereço de e-mail para correspondência: marek.henryque@gmail.com. Tel.: +55-82-9-9804-3995.

Recebido em 21/01/2016; Revisado em 29/06/2016; Aceito em 02/07/2016

Resumo

Introdução: A identificação humana por DNA é atualmente considerada crucial para a resolução de situações envolvendo matéria penal, bem como aquelas relacionados à paternidade e continua revolucionando as áreas jurídicas e penais. As principais regiões polimórficas de DNA usados na rotina forense são os STRs (Short Tandem Repeats) presentes nos cromossomos autossômicos. **Objetivo:** Este estudo teve como objetivo identificar o perfil das vítimas afetadas por vários tipos de crimes ocorridos em Pernambuco. **Materiais e Métodos:** O Laboratório de Perícia e Pesquisa em Genética Forense (LPPGF) proveu 125 casos de vários tipos de crimes ocorridos em Pernambuco entre 2012 e 2014. A verificação de identificação humana por amostras de músculo e osso foi realizada por amplificação de DNA e genotipagem pela alimentação do sistema Plex Fusion (24 loci STR) e ABI PRISM 3500 HID respectivamente. As análises estatísticas foram realizadas pelos softwares: "famílias" e "patcan". **Resultados:** O LPPGF recebeu dois tipos de amostras biológicas para os ensaios de identificação genética humana: tecido ósseo (52,8%) e o tecido muscular (47,2%). A alta prevalência de casos em aberto (47,2%) e homicídio (42,4%), tanto na área metropolitana, quanto no interior, alerta a necessidade de implementar programas sociais de prevenção e qualidade de vida, além da necessidade de mais celeridade nas investigações policiais. **Conclusões:** A abordagem genética para identificação humana, principalmente vítimas de crimes, é uma condição importantíssima para a resolução de qualquer tipo de processo criminal e reduzir ainda mais a agonia vivida por famílias que tiveram seus entes queridos desaparecidos.

Palavras-Chave: Identificação humana; DNA Forense; STRs; Homicídio.

Abstract

Introduction: The human identification by DNA is currently considered crucial for the resolution of situations involving criminal matters as well as those related to paternity and continues revolutionizing the legal and criminal areas. The main polymorphic regions of DNA used in forensic routine are the STRs (short tandem repeats) present in autosomal chromosomes. **Objective:** This study aimed to identify a profile of victims affected by several kinds of crimes that occurred in Pernambuco. **Materials and Methods:** Laboratório de Perícia e Pesquisa em Genética Forense (LPPGF) provided 125 reports of several kinds of crimes that occurred in Pernambuco between 2012 and 2014. Verification of human identification by muscle and bone samples was performed by DNA amplification and genotyping by Power Plex Fusion System (24 loci STRs) and ABI PRISM 3500 HID respectively. Statistical analyzes were carried out by software: "famílias" and "patcan". **Results:** LPPGF received two types of biological samples for human identification genetic test: bone tissue (52.8%) and muscle tissue (47.2%). the high prevalence of open cases (47.2%) and murder (42.4%), both metropolitan area, as up-state alerts the need to implement improvements social programs of prevention and quality and speed of police investigations. **Conclusions:** The genetic approach to human identification, mainly victims of crimes, is very important for resolving any kind of criminal case and further reduce the agony experienced by families who had their missing loved ones.

Keywords: Human Identification; Forensic DNA; STRs; Murder.

1. INTRODUÇÃO

A identificação humana é um processo de investigação forense necessário para caracterizar o início e o fim da personalidade civil [1]. O evento da morte de um indivíduo extingue o poder familiar, limites de casamento, contratos pessoais e usufruto e, sem confirmação não inicia o processo de sucessão [2]. Além disso, a identificação humana é uma questão jurídica de importância em casos criminais, exigindo a necessidade de investigação [3].

A busca de métodos confiáveis de identificação humana sempre foi uma grande necessidade social. Em diversas situações, tais como guerra, agitação sócio-política e de desastres de massa mostram a necessidade urgente de uma ação eficaz para identificar as vítimas, com o objetivo de suavizar de alguma forma a ansiedade social que sempre se instala [4].

A identificação humana por DNA é atualmente considerada crucial para a resolução de situações que envolvem matéria penal, bem como os relacionados com a paternidade e continua revolucionando as áreas legais e criminais [5]. Esta abordagem baseia-se principalmente nas diferenças entre indivíduos em regiões não codificantes do genoma. Estas diferenças são o princípio básico da metodologia utilizada em Genética Forense [6].

Em sequências de DNA repetitivas são encontradas repetições “in tandem” que podem determinar regiões hipervariáveis classificáveis por polimorfismos [7]. As principais regiões polimórficas do DNA utilizadas na rotina forense são os STRs (short tandem repeats) presentes nos cromossomos autossômicos. O tipo e quantidade mínima de marcadores são validados e sugeridos por renomadas instituições nacionais e internacionais [8,9]. Quanto maior o número de marcadores e mais estudadas as frequências alélicas desses marcadores na população local, maiores as chances de sucesso na identificação forense [10,11].

Devido à falta deste tipo de estudo na população do Nordeste do Brasil, o presente artigo objetivou caracterizar um perfil geral das vítimas acometidas por vários tipos de crimes que ocorreram em Pernambuco entre 2012 e 2014, abrangendo variáveis como sexo, amostra utilizada e localização geográfica da agressão, após sua identificação pelo DNA.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1. Materiais

Neste estudo, o Laboratório de Perícia e Pesquisa em Genética Forense de Pernambuco (LPPGF-PE) proveu 125 relatórios policiais com laudos genéticos de vários tipos de crimes que ocorreram em Pernambuco entre 2012 e 2014.

2.2. Métodos

2.2.1 Extração e Quantificação de DNA

O DNA foi extraído a partir de amostras biológicas por dois métodos diferentes: por extração orgânica (utilizada em amostras questionadas) e usando kits de DNA IQTM System Promega® (utilizada em amostras de referência).

As amostras biológicas utilizadas foram de osso e músculo, visto que para estas o LPPGF possui validação metodológica. A escolha da primeira, última ou ambas, variou de acordo com o caso e a disponibilidade das mesmas. Estas amostras eram entregues ao LPPGF oriundas do IML.

A quantidade de DNA recuperado foi quantificada por PCR em Tempo Real, utilizando o reagente Quantiflier® Duo DNA Quantificação Kit (Life Technologies) juntamente com o sistema de PCR Tempo Real 7500 (Life Technologies).

2.2.2 Amplificação do DNA

As amostras de DNA extraídas foram amplificadas pela reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando o sistema de análise de loci de STR PowerPlex Fusion System (Promega Corporation), com um total de 24 loci.

2.2.3 Genotipagem do DNA

Os produtos de amplificação foram submetidos a eletroforese capilar utilizando o equipamento ABI PRISM 3500 Genetic Analyzer HID (Applied Biosystems), no qual 22 (loci) STR foram analisados (D3S1358, D1S1656, D2S441, D10S1248, D13S317, PENTA E, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1PO, PENTA D, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, FGA, D221045), além do gene da amelogenina e do fragmento do cromossomo Y, DYS391, para identificar o gênero sexual.

Todas as metodologias moleculares foram abordadas de acordo com as instruções dos respectivos fabricantes e, ainda, todos os procedimentos operacionais padrões foram validados.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O estudo de polimorfismos de DNA nuclear de cromossomos autossômicos foi realizado a partir de amostras recolhidas, o que permitiu determinar a partir das amostras questionadas o perfil genético de cada vítima. O LPPGF recebeu dois tipos de amostras biológicas para a identificação humana: tecido ósseo (52,8%) e o tecido muscular (47,2%). Esses valores retratam a seguinte realidade: menos da metade das amostras biológicas recebidas pelo LPPGF estavam conservadas suficientemente para extração de DNA

através de tecido muscular, ao passo que todo o restante, não apresentava essas condições satisfatórias, sendo necessária uma extração mais demorada, através do tecido ósseo. Vale salientar que o LPPGF não obteve problemas no processamento das 125 amostras utilizadas neste estudo.

O fluxo de trabalho do LPPGF inclui a extração de DNA a partir destes dois tipos de amostras biológicas para as amostras questionadas e o esfregaço bucal para as amostras de referência. Tais amostras são encaminhadas ao LPPGF a depender do estado de conservação do cadáver. Todos os métodos moleculares abordados neste artigo foram validados.

Qualquer amostra biológica recolhida na cena do crime pode ser submetida a técnicas de identificação baseadas nas regiões polimórficas do DNA, processo seguro, com alto poder de discriminação e alta confiabilidade, sendo aceita como prova legal em processos judiciais [12]. Quando o corpo está em um estado de decomposição muito avançado, carbonizado ou esqueletizados ou em condições que impedem o uso de impressão digital ou odontologia legal, é necessário analisar o DNA [13].

O FBI (Federal Bureau of Investigation) adota e recomenda um conjunto padrão de loci que são seguidos pelos laboratórios de genética forense em vários países. Durante muitos anos o FBI preconizou que a análise genética de pelo menos 13 regiões autossômicas e uma sonda para o gene da amelogenina, usado para identificar o sexo, é suficiente para resolver os casos forenses [14]. Mas para garantir uma estatística robusta usamos em nosso estudo 24 marcadores STRs.

Como mostrado na Figura 1, a alta prevalência de casos em aberto (47,2%) alerta a necessidade de implementar melhorias na qualidade e velocidade das investigações policiais. Em outras palavras, as vítimas estão sendo identificadas geneticamente, mas o diagnóstico diferencial de ato criminoso e suas circunstâncias não. O Relatório da Comissão Internacional de Direitos Humanos observou que os casos abertos são absolutamente incompletos e omissos,

e ainda 71% não são encaminhados, levando a lugar nenhum [15].

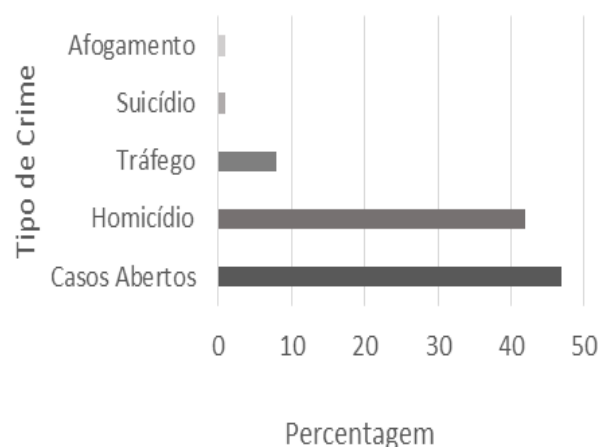


Figura 1. Frequência dos crimes que acometeram as vítimas analisadas pelo LPPGF entre 2012 e 2014.

O crime que mais afeta o estado de Pernambuco é o assassinato (42,4%), tanto na área metropolitana, como no interior, seguido dos acidentes de tráfego (8,8%), e por fim suicídio e afogamento (ambos com 0,8%). Tais dados mostram a necessidade de implementar políticas públicas de combate à violência primária em todo o estado. A percentagem de 77% das vítimas serem do sexo masculino, atacados principalmente no interior de Pernambuco, ajudam a criação de estratégias para entender as razões e motivações para tal número (Tabela 1). O tráfico de drogas tem sido o principal fator responsável pelo aumento na criminalidade nos últimos anos, sendo o homicídio o crime de maior violência no contexto social [16]. Números da Secretaria de Defesa Social de Pernambuco mostram que no primeiro semestre de 2015, 45% dos homicídios no interior de Pernambuco tiveram ligação direta com o tráfico [17]. Apesar dos esforços da referida Secretaria, o mês de julho de 2015 não teve um bom resultado com o programa social chamado Pacto Pela Vida: depois de dois meses consecutivos de queda, o aumento chegou a 15,6% no número de homicídios [18].

Tabela 1. Parâmetros analisados pelo LPPGF de acordo com os crimes ocorridos em Pernambuco entre 2012-2014.

Parâmetro	Variável	Distribuição	
		n	%
Sexo	Masculino	97	77%
	Feminino	28	33%
Amostra	Osso	66	52,8%
	Músculo	59	47,2%
Área	Metropolitana	60	48%
	Interior	65	52%
Total		125	100%

4. CONCLUSÕES

A abordagem genética para identificação humana, principalmente vítimas de crimes, é uma condição importantíssima para a resolução de qualquer tipo de crime e reduzir ainda mais a agonia vivida por famílias que tiveram seus entes queridos desaparecidos. Ademais, esses resultados podem contribuir para a análise da epidemiologia dos casos de crime em uma escala maior, e ajudará melhor a compreender e gerir a base de dados de DNA local.

AGRADECIMENTOS

Ao Laboratório de Perícia e Pesquisa em Genética Forense de Pernambuco, que gentilmente permitiu o acesso aos relatórios policiais; ao Laboratório de Imunopatologia Keizo Asami e à Perícia Oficial de Alagoas, que ajudaram na confecção deste estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] T. Moreti. *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*, 2009.
- [2] R.A. Scoralick, A.A. Barbieri, Z.M. Moraes, J. Franceschini, J. Daruge, S.C.M. Naressi. Human identification through dental radiographs study: case report. *Rev. Odontol. Unesp* **42(1)**, 67-71, 2013.
- [3] E.F.A. Silva, G.S. Jacques, G. Chemale, P.A. Francez. *Genética Forense*. Ed. Millenium, 2013.
- [4] T. Dhanardhono, N. Wulandari, S.K.L. Bhima, H.J. Ahmadb, P.T. Widodo. Dna profiling of disaster victim identification in trenggalek shipwreck case. *Forensic Sci. Int. Genet.* **4(1)**, e5-e6, 2013.
- [5] J.W. Schumm, C. Gutierrez-Mateo, E. Tan, R. Selden. A 27- locus STR assay to meet all United States and European law enforcement agency standards. *J. Foren. Sci.* **58(6)**, 1584-1592, 2013.
- [6] L. Roewer. DNA fingerprinting in forensics: past, present, future. *Invest. Gen.* **4**, 22, 2013.
- [7] H.B. Ferreira. *Organização gênica de procariotos. Biologia Molecular Básica*. Cap. 4. Porto Alegre: Mercado Aberto, 2004.
- [8] D.R. Hares. Expanding the CODIS core loci in the United States. *Forensic Sci. Int. Genet.* **6**, e52-e54, 2012.
- [9] C.J. Gershaw, A.J. Schweighardt, L.C. Rourke, M.M. Wallace. Forensic utilization of familial searches in DNA databases. *Forensic Sci. Int. Genet.* **5(1)**, 16-20, 2011.
- [10] J.M. Butler. Genetics and Genomics of Core Short Tandem Repeat Loci Used in Human Identity Testing. *J. Forensic Sci.* **51(2)**, 253-265, 2006.
- [11] J.A. Riancho, M.T. Zarrabeitia. PATCAN: a Windows-based software for paternity and sibling analyses. *Forensic Sci. Int.* **135**, 232-234, 2013.
- [12] K. Michelin, J.M. Freitas, G.L. Kortmann. *Locais de crime dos vestígios a dinâmica criminosa*. Campinas. Ed. Milenium, 2013.
- [13] D. Primorac, M.S. Schanfield. Application of forensic DNA testing in the legal system. *Croat. Med. J.* **41(1)**, 32-46, 2000.
- [14] J.M. Butler, C.R. Hill. Biology and genetics of new autosomal STR loci useful for forensic DNA analysis. *Forensic Sci. Rev.* **24(1)**, 15-26, 2012.
- [15] Bourrier A. *Relatório apela contra extermínio de criança*. Rio de Janeiro: Jornal do Brasil - 29/04/1992.
- [16] M.J.C.S Ferreira. *A relação mediata do tráfico de drogas com a prática do homicídio em Caruaru-PE*. Monografia de conclusão de curso, 2016.
- [17] G1. *Caruaru e região*. Retirado em 20.01.2016, de <http://g1.globo.com/pe/caruaruregiao/noticia/2015/10/mas-de-50-dos-assassinatos-em-caruaru-estao-ligadosoutros-crimes.html>.
- [18] W. Oliveira. *Violência volta a subir em Pernambuco*. Retirado em 08.10.2015, de <http://diariodepernambuco.com.br>.