

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
CAMPUS CURITIBA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA BIOMÉDICA**

CARLOS DE ALMEIDA BARBOSA

**“ENGENHARIA FORENSE: ESTUDO DE MICROVESTÍGIOS
COLETADOS EM LOCAIS DE CRIME (TOUCH DNA)”.**

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

CURITIBA

2017

CARLOS DE ALMEIDA BARBOSA

**“ENGENHARIA FORENSE: ESTUDO DE MICROVESTÍGIOS COLETADOS EM
LOCAIS DE CRIME (TOUCH DNA)”.**

Dissertação apresentada como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Engenharia Biomédica, do Programa de Pós Graduação em Engenharia Biomédica, da Universidade Tecnológica Federal do Paraná.

Orientador: Prof. Rubens Alexandre de Faria – Dr.

Co-orientador: Dr. Hemerson Bertassoni Alves – Dr.

CURITIBA

2017

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

B238e
2017 Barbosa, Carlos de Almeida
 Engenharia forense : estudo de microvestígios coletados
 em locais de crime (*touch DNA*) / Carlos de Almeida Barbosa
 .- 2017.
 73 f.: il.; 30 cm.

Disponível também via World Wide Web.
Texto em português, com resumo em inglês.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica
Federal do Paraná. Programa de Pós-graduação em Engenharia
Biomédica, Curitiba, 2017.
Bibliografia: f. 67-73.

1. Engenharia legal. 2. Impressões digitais do DNA.
3. Cenas de crime - Investigação. 4. Prova pericial.
5. Identificação. 6. Genética legal. 7. Engenharia
biomédica - Dissertações. I. Faria, Rubens Alexandre
de, orient. II. Alves, Hemerson Bertassoni, coorient. III.
Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de
Pós-graduação em Engenharia Biomédica. IV. Título.

CDD: Ed. 22 -- 610.28

Biblioteca Central do Câmpus Curitiba - UTFPR

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ

Campus Curitiba



Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica

Título da Dissertação Nº 081

“Engenharia Forense: Estudo de Microvestígios Coletados em Locais de Crime (Touch DNA)”.

Por

Carlos de Almeida Barbosa

ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: Engenharia Biomédica

LINHA DE PESQUISA: Engenharia Clínica e Gestão.

Esta dissertação foi apresentada como requisito parcial à obtenção do grau de MESTRE EM ENGENHARIA BIOMÉDICA (M.Sc.) – Área de Concentração: Engenharia Biomédica, pelo Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica (PPGEB), – da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), *Campus Curitiba*, às 9h30min do dia 3 de fevereiro de 2017. O trabalho foi aprovado pela Banca Examinadora, composta pelos professores:

Rubens Alexandre de Faria, Dr.
(Presidente – UTFPR)

Prof. Marcelo Malaghini, Dr.
(UFPR)

Prof. Bertoldo Schneider Jr., Dr.
(UTFPR)

Prof^a. Leandra Ulbricht., Dr^a.
(Coordenadora do PPGEB)

Visto da coordenação:

Dedico este trabalho à minha família, pelo apoio e carinho e a meu Pai *in memoriam*.

AGRADECIMENTOS

A Deus, que me deu força e inspiração para mais esta realização.

Ao Co-orientador, Perito Criminal Dr. Hemerson Bertassoni Alves pela idealização deste projeto, dedicando seu conhecimento e experiência para que ele se tornasse realidade.

Ao professor e orientador Professor Dr. Rubens Alexandre de Faria por ter acreditado neste sonho e dado às condições para que este trabalho fosse realizado.

A colaboradora Perita Criminal Dra. Marianna Maia T. do Rosário, pela grande contribuição durante as atividades, pelo apoio e incentivo nos momentos desafiadores, pela amizade e conforto, por se preocupar e ficar feliz com minhas vitórias.

Aos Peritos do Laboratório de Genética Molecular Forense, Claudia Marina S. Becker, Dr. Leonardo Arduino Marano e em especial a Perita Criminal MSc. Maria Christina Marini, que foi crucial incentivadora de minha entrada no programa, ao Perito Criminal Dr. Marcelo Malaghini, pela compreensão durante o desenvolvimento das atividades, a grande amiga Luiza Sabbagh, pelo apoio e a todos que direta ou indiretamente colaboraram com esta conquista.

A Perita Criminal Andrea Alves Guimarães Dresch pela colaboração e apoio.

A Sra. Ludimila Borges da empresa Promega Corporation pelo apoio.

Ao Instituto de Criminalística da Polícia Científica do Paraná por ter autorizado a realização desta pesquisa em suas dependências.

Ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica da Universidade Tecnológica Federal do Paraná por todo o auxílio no desenvolvimento deste estudo.

Ao Sr. Eurides dos Santos Junior, Papiloscopista da Polícia Civil do Paraná pelo auxílio.

À Escrivã da Polícia Civil, Lilian Maria Ribeiro por sua sincera amizade e colaboração.

A minha mãe, a meu pai "*in memoriam*" e meus irmãos, que acreditaram e torceram pelo meu sucesso e vitória nesta etapa da minha vida.

A minha futura esposa Fernanda, uma pessoa maravilhoso, por todo apoio, incentivo e amor incondicional.

A minha filha Danielle pelo amor incondicional e por ser uma filha tão maravilhosa.

“Único lugar onde o sucesso vem antes do trabalho, é no dicionário”.

(Autor desconhecido)

RESUMO

BARBOSA, Carlos de Almeida. **“Engenharia Forense” Estudo de Microvestígios Coletados de Touch DNA**: 2017. 73 folhas. Dissertação (Mestrado em Engenharia Biomédica) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Curitiba, 2017.

As últimas décadas trouxeram grandes avanços tecnológicos às ciências forenses. Um dos marcos dessa evolução foram às pesquisas e os resultados obtidos com a aplicação da Biologia Molecular, como ferramenta de identificação humana a partir da década de 80. Desde então, novos estudos vêm sendo realizados nesta área. Vestígios encontrados em locais de crime são elementos que irão orientar na busca pela elucidação dos fatos. Existem dois tipos de vestígios: os macrovestígios, facilmente identificados e os microvestígios que demandam análises técnicas mais específicas. Dentre os microvestígios, tem-se a impressão digital, que se tornou uma possível fonte de extração de DNA, com um grande potencial de recuperação do material genético. Este trabalho objetivou analisar amostras coletadas em microvestígios de impressões digitais em vários objetos escolhidos como superfície de deposição sendo elas, vidro, metal, plástico, madeira e parede de alvenaria, demonstrando que é possível estabelecer uma ligação entre as amostras de DNA e as impressões digitais encontradas. As amostras foram coletadas de impressões latentes intactas e em esfregaço e impressões digitais intactas e em esfregaço com pó. Os resultados demonstraram a viabilidade de utilização deste tipo de amostra, tendo em vista a recuperação de DNA e o êxito da genotipagem. Os resultados obtidos nas diferentes matrizes analisadas evidenciaram maior êxito na superfície de metal, onde foi possível obter perfil genético íntegro em todas as amostras coletadas e analisadas. Com relação à matriz vidro, nas amostras “intacta latente” e “esfregaço latente” foi possível recuperar perfil genético com mais de 17 locos amplificados. Já nas amostras “intactas e esfregaço com pó”, mesmo com a confirmação da presença de DNA, as quantidades recuperadas foram insuficientes para gerar o eletroferograma. Na matriz madeira, assim como na matriz plástico, foi constatada a presença de DNA, mas em baixa concentração para gerar o eletroferograma. E, por último, as amostras coletadas da matriz parede de alvenaria “intacta latente” e “intacta com pó”, apresentaram respectivamente amplificação de 17 e 19 locos dos 24 presentes no kit. Estudos e experimentos já tornaram esta metodologia viável no Laboratório de Genética Molecular Forense da Polícia Científica do Estado do Paraná, com resultados positivos em diversos casos, identificando suspeitos e contribuindo com a Rede Integrada de Banco de Perfis Genéticos (RIBPG). Os resultados demonstraram a eficiência e a possibilidade de se obter um perfil genético quando se trabalha com este tipo de amostra, tornando esta mais uma ferramenta pericial.

Palavras-chave: DNA de toque. Microvestígios. Impressões Digitais. Genética Forense. Locais de Crime.

ABSTRACT

The last decades have brought great technological advances to the Forensic Sciences. The Molecular Biology has been used as a tool for human identification since the 80's, and it has brought fantastic results from this application, being a landmark in the evolution of Forensic Science. Since this decade, new studies have been carried out in this area. Traces found in crime scenes are elements that can guide the search for the elucidation of the facts. There are two types of traces: macro-traces, that are easily identified and micro-traces that requires more specific technical analysis. One of the traces is the digital fingerprint, that is a possible source of DNA extraction, with great potential for recovery of the genetic material. This research has the purpose to analyze samples collected from fingerprints on various objects chosen as deposition surface, such as glass, metal, plastic, wood and masonry wall. This research shows that it is possible to establish a connection between DNA samples and fingerprints. Samples have been collected from intact and intact smears and fingerprints intact and smeared with powder. The results showed the feasibility of using this type of sample, based on the DNA recovery and the success of the genotyping. The results obtained in the different matrices analyzed showed greater results in the metal surface, where it was possible to obtain a complete genetic profile in all the samples Collected and analyzed. In the glass matrix, either the samples "latent intact" or in "latent smear" it was possible to recover genetic profile with more than 17 amplified loci. In the "intact and powder smear" samples, even with confirmation of the presence of DNA, the quantities recovered were insufficient to generate the electropherogram. In the wood matrix, such as in the plastic matrix, the presence of DNA was observed, but at low concentration to generate the electropherogram. Finally, the samples collected from the "latent intact" and "intact with powder" masonry wall samples, respectively, showed amplification of 17 and 19 loci of the 24 present in the kit.

Some Studies and experiments have been done in the Forensic Molecular Genetics Laboratory of Scientific Police in Paraná with positive results in many cases, identifying suspects and contributing to the Integrated Network of Gene Prolifiling Banks (RIBPG). These studies have made this methodology feasible. The results show the efficiency and the possibility of obtaining a genetic profile from this type of sample, making this one more important pericial tool.

Keywords: ADN touch. Micro-traces. Fingerprints. Forensic Science. Crime Scene.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Fluxograma das fases laboratoriais para realização do estudo	18
Figura 2 - Matriz vidro	20
Figura 3 - Matriz metal	20
Figura 4 - Matriz plástico	21
Figura 5 - Matriz madeira	21
Figura 6 - Matriz alvenaria.....	22
Figura 7 - Quatro morfologias básicas das impressões digitais	26
Figura 8 - Pontos datiloscópicos das impressões digitais	26
Figura 9 - Emparelhamento de base de filamentos de DNA para formar estrutura de dupla hélice	31
Figura 10 - Diferença entre os 2 diferentes tipos de polimorfismos.....	32
Figura 11 - Sistema esquemático das unidades de pares de bases para os minissatélites.....	33
Figura 12 - Sistema esquemático das unidades de pares de bases para os microssatélites.....	34
Figura 13 - Processo da PCR (Polymerase Chain Reaction)	35
Figura 14 - Nomenclatura de um marcador STR do cromossomo x	36
Figura 15 - Promega Corporation Power Plex Fusion	37
Figura 16 - Mapa do Brasil com os Estados da Federação participantes da RIBPG	39
Figura 17 - Matriz vidro: impressão digital intacta e em esfregaço sem pó	41
Figura 18 - Matriz vidro: impressão digital intacta e em esfregaço com pó	41
Figura 19 - Matriz metal: arma 01 impressão digital intacta e arma 02 impressão digital esfregaço sem pó	42
Figura 20 - Matriz metal: arma 01 impressão digital intacta e arma 02 impressão digital esfregaço com pó	42
Figura 21 - Matriz plástico: impressão digital intacta e esfregaço sem pó	43
Figura 22 - Matriz plástico: impressão digital intacta e esfregaço com pó	43
Figura 23 - Matriz madeira: impressão digital intacta e esfregaço sem pó.....	44
Figura 24 - Matriz madeira: impressão digital intacta e esfregaço com pó.....	44
Figura 25 - Matriz alvenaria: impressão digital intacta e esfregaço sem pó	45
Figura 26 - Matriz alvenaria: impressão digital intacta e esfregaço com pó	45
Figura 27 - Dados do eletroferograma da amostra Matriz Vidro Integra, representando as regiões amplificadas.....	54
Figura 28 - Dados do eletroferograma da amostra Matriz Vidro Esfregaço, representando as regiões amplificadas.....	55
Figura 29 - Regiões amplificadas: Metal Integra Latente	56
Figura 30 - Regiões amplificadas: Metal Esfregaço Latente.	56
Figura 31 - Regiões amplificadas: Metal Integra com Pó	57
Figura 32 - Regiões amplificadas: Metal Esfregaço com Pó	57
Figura 33 - Regiões amplificadas: Alvenaria Integra Latente	58

Figura 34 - Regiões amplificadas: Alvenaria Integra com Pó	59
Figura 35 - Garrafa Plástica com as impressões digitais	61

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 - Comparação entre as médias obtidas entre vidro e metal.....	53
Gráfico 2 - Comparação entre as médias obtidas do vidro	54
Gráfico 3 - Comparação entre as médias obtidas do metal	55
Gráfico 4 - Comparação entre as médias obtidas da alvenaria.....	58
Gráfico 5 - Comparação entre as médias obtidas do plástico	59
Gráfico 6 - Comparação entre as médias obtidas da madeira	60

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Matrizes usadas de acordo com a superfície	19
Tabela 2 - Reagentes e quantidades necessárias na preparação da reação de quantificação Plexor HY	47
Tabela 3 - Reação de PCR Power Plex Fusion.....	48
Tabela 4 - Condições de temperatura e tempo necessárias à amplificação dos marcadores Power Plex Fusion (PROMEGA)	48
Tabela 5 - Reagentes necessários para a reação de Pós-PCR para indução da eletroforese capilar.....	49

LISTA DE ABREVIATURAS

AABB	<i>American Association of Blood Bank</i>
CODIS	<i>Combined DNA Index System</i>
DNA	Ácido desoxirribonucleico
DTT	Ditiotreitol
EDTA	Ácido Etilenodiamino Tetra-Acético
FBI	<i>Federal Bureau of Investigation</i>
HCL	Ácido Clorídrico
LCN	<i>Low copy number</i>
LGMF	Laboratório de Genética Molecular Forense
NaCL	Cloreto de Sódio
ng/ µl	Nano grama por microlitro
pb	Pares de Base
PCR	Reação em Cadeia da Polimerase
pH	Potencial Hidrogeniônico
qPCR	PCR em Tempo Real Quantitativa
RFU	Unidade Relativa de Fluorescência
RIBPG	Rede Integrada de Banco de Perfis Genéticos
SDS	Dodecil Sulfato de Sódio
SENASP	Secretaria Nacional de Segurança Pública
STR	<i>Short Tandem Repeats</i>
Tris	Trisaminometano
VNTR	<i>Variable Number of Tandem Repeats</i>
µl	Microlitro

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	15
1.1 OBJETIVOS.....	16
1.1.1 Objetivo Geral.....	16
1.1.2 Objetivo Específico	16
1.2 JUSTIFICATIVA.....	17
1.3 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS	17
1.4 AMOSTRAS UTILIZADAS	18
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	23
2.1 LOCAL DE CRIME.....	23
2.2 VESTÍGIOS.....	24
2.3 IMPRESSÕES DIGITAIS	24
2.4 TOUCH DNA.....	28
2.5 ÁCIDO DESOXIRRIBONUCLÉICO (DNA)	31
2.6 POLIMORFISMOS DO DNA.....	32
3 DNA APLICADO A JUSTICA	38
4 DESENVOLVIMENTO.....	40
4.1 COLETA DAS AMOSTRAS NAS DIFERENTES MATRIZES	40
4.2 EXTRAÇÃO DO DNA	46
4.3 QUANTIFICAÇÃO DO DNA POR PCR EM TEMPO REAL (QPCR)	46
4.4 AMPLIFICAÇÃO DOS PRODUTOS DE PCR.....	47
4.5 ELETROFORESE CAPILAR DO PRODUTO AMPLIFICADO	49
4.6 ANÁLISE DO PRODUTO AMPLIFICADO	49
5 RESULTADOS	51
5.1 MATRIZES.....	53
5.1.1 Matriz Vidro.....	53
5.1.2 Fragmentos Obtidos na Matriz Vidro	54
5.1.3 Matriz Metal	55
5.1.4 Fragmentos Obtidos na Matriz Metal	56
5.1.5 Matriz Alvenaria	57
5.1.6 Fragmentos Obtidos na Matriz Alvenaria	58
5.1.7 Matriz Plástico.....	59
5.1.8 Fragmentos Obtidos na Matriz Plástico	60
5.1.9 Matriz Madeira	60
5.1.10 Fragmentos Obtidos na Matriz Madeira	60
6 APLICAÇÃO EM CASO REAL	61
7 DISCUSSÃO	63
8 CONCLUSÃO.....	65
REFERÊNCIAS.....	67

1 INTRODUÇÃO

Há décadas, inovações em pesquisas e as ações colaborativas contribuem com as ciências forenses no âmbito a colocar em prática novas técnicas de biologia molecular para identificação humana e análise de microvestígios. Para viabilizar a análise de diversos tipos de amostras biológicas e para que essas possam ser usadas para confronto, ou seja, genotipadas com a finalidade de confrontar evidência vs. padrão. Esta evolução tecnológica só tem a somar quando se fala de casos onde os aspectos jurídicos e sociais são imprescindíveis.

Na grande maioria dos casos forenses nos deparamos com amostras biológicas onde a quantidade e a qualidade do Ácido Desoxirribonucleico (DNA) não estão íntegras, processos de degradação biológica influenciadas pelo meio podem dificultar a amplificação e a obtenção de um perfil genético completo para estabelecer uma relação entre padrão e evidência.

Materiais biológicos (sangue, suor, cabelo e esperma), impressões digitais ou outras provas físicas, coletadas em local de crime podem ser usados em uma investigação. É importante garantir que os microvestígios encontrados na cena do crime não estejam contaminados, destruídos ou perdidos, caso contrário, será difícil fazer uma relação entre evidências e suspeitos.

Torna se cada vez mais importante colocar em prática novas técnicas de perícia criminal, criar uma relação entre padrão e evidência, ou seja, a relação entre suspeito e vítima.

Dois grandes marcos da evolução tecnológica das ultimas décadas foram o desenvolvimento da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) e o desenvolvimento de sistemas de amplificação *multiplex*, do inglês, *Short Tandem Repeat* (STR), que nos permiti amplificar e separar em uma única reação de PCR mais de 10 loci STR simultaneamente.

Em decorrência destes novos estudos, uma única célula nucleada, um fio de cabelo, manchas de saliva em uma ponta de cigarro ou células epiteliais depositadas em objetos, pode ser suficiente para a obtenção de um perfil genético completo.

Associar os grandes avanços tecnológicos no campo da ciência e a necessidade cada vez maior de se intensificar as investigações criminais, tornam as técnicas de biologia molecular forense um grande ponto a se investir em pesquisas,

estabelecendo novas aplicações e desenvolvimento. Atualmente, até pela falta de estudos mostrando sua eficácia e confiabilidade, a coleta e a utilização de resíduos biológicos extraídos a partir de impressões digitais latentes não são uma fonte muito comum para a obtenção de perfis genéticos, mas podem tornar se muito útil para fins de análise forense. Deve-se ressaltar ainda que, apesar de ser uma nova técnica a utilização do DNA de toque nas investigações criminais, as impressões datiloscópicas não perderam a sua importância, uma vez que a busca e a indexação das impressões digitais é um procedimento importante durante as investigações criminais.

Deste modo a obtenção de perfis genéticos obtidos a partir de amostras coletadas de toque, só vem a somar com as investigações, levando em consideração também a individualidade genética entre os indivíduos.

Esta pesquisa visa justamente, aplicar uma metodologia para coleta, extração, quantificação, amplificação e genotipagem de amostras de DNA de toque coletadas em locais de crime.

1.1 OBJETIVOS

1.1.1 Objetivo Geral

Aplicar uma metodologia para a coleta de material biológico de impressões digitais, extração de DNA e obtenção de perfis genéticos deste tipo de evidência para confronto.

1.1.2 Objetivo Específico

Aplicar uma metodologia de coleta de DNA, extração, quantificação, amplificação e genotipagem de amostras de DNA a partir de impressões digitais deixadas em diferentes tipos de matrizes (superfícies). E colocar em prática nas rotinas de trabalho deste instituto, fortalecendo a relação includente ou excludente de evidência vs. padrão.

1.2 JUSTIFICATIVA

O Laboratório de Genética Molecular Forense, hoje fisicamente instalado no Instituto de Criminalística na capital do Estado do Paraná, recebe amostras biológicas encaminhadas por todas as seções técnicas do Estado, sendo o único no Paraná responsável pelos exames de DNA na área forense criminal que trata de crimes sexuais, identificação humana ou ainda qualquer outro tipo de exame forense que exija o uso do DNA. Amostras com características cada vez mais distintas chegam ao laboratório e a cada nova amostra um novo desafio, por se tratar em grande maioria das vezes de microvestígios, ou seja, amostras biológicas com baixa concentração de DNA.

Este estudo tem como meta, a coleta, extração, quantificação e genotipagem de perfis genéticos de amostras de impressões digitais latentes produzidas em laboratório, com a finalidade de reproduzir situações comumente encontradas em cenas de crime.

Os resultados obtidos através desta pesquisa irão contribuir para o avanço no campo das investigações forenses, auxiliando os peritos de local nas coletas de amostras para identificação através do DNA, diversos tipos de superfícies, ou objetos encontrados em local de crime, como por exemplo, vidros, maçanetas de portas ou qualquer outro tipo de objeto encontrado que pode trazer informações importantes á perícia.

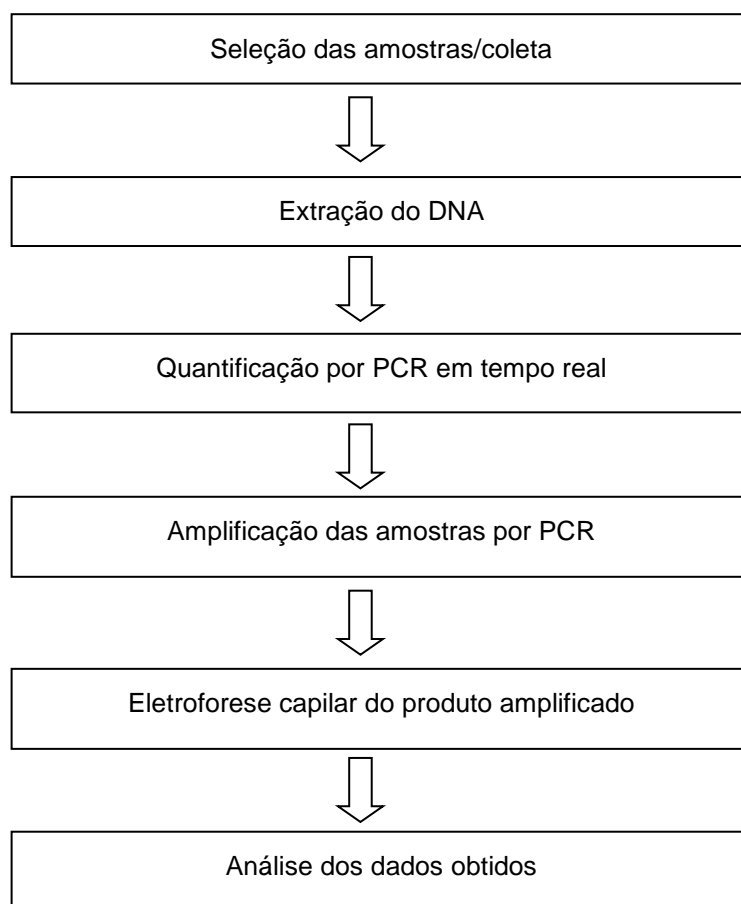
Ao colocar em prática esta metodologia, ela se tornará mais uma ferramenta a ser aplicada nas rotinas internas para obtenção de perfis genéticos.

1.3 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

Este trabalho consistirá de coletar, extrair, quantificar e identificar microvestígios deixados em superfícies comumente encontradas em cenas de crimes, em objetos ou superfícies, onde este tipo de análise não era aplicado.

Para chegar ao resultado final deste trabalho, foi necessário seguir algumas fases, que estão representadas no fluxograma na figura 1, que apresenta as etapas da execução do projeto.

Figura 1 - Fluxograma das fases laboratoriais para realização do estudo



Fonte: O autor 2016.

1.4 AMOSTRAS UTILIZADAS

As amostras de microvestígios produzidas e coletadas foram baseadas em informações detalhadas por peritos criminais que atendem locais de crimes. Com base nas informações fornecidas pelos peritos, foram produzidas, coletadas e analisadas 60 amostras de microvestígios sobre 5 matrizes, superfícies ou objetos comumente encontrados durante as perícias: o vidro de uma janela; o metal uma arma de fogo; o plástico de um aparelho telefônico; a madeira de uma porta de residência ou armário e uma parede de alvenaria que tenha sido tocada.

As amostras foram coletadas de um único indivíduo e em dias distintos para cada uma das matrizes, sendo coletadas 6 amostras de impressão íntegra, ou seja, o objeto é manipulado pela pessoa e outras 6 amostras em esfregaço, que consiste

em deslizar as mãos sobre o objeto. Destas, 3 íntegras e outras 3 em esfregaços, foram aplicados sobre as superfícies, pós específicos para revelação de impressões digitais latentes, sendo: um pó Volcano Hi-Fi para impressões latentes branco e um preto (Sirchie Finger Print Laboratories, NC, USA) usado pelas seções de papiloscopia da Polícia Civil. As superfícies foram limpas, aplicando álcool etílico na concentração de 70% com auxílio de gaze estéril. As coletas foram realizadas em momentos distintos e em dias alternados para cada uma das matrizes, ou seja, em um momento foram coletadas amostras do vidro, em outro do metal, e assim sucessivamente em todas as matrizes. A tabela 1 mostra a distribuição das amostras coletadas.

Tabela 1 - Matrizes usadas de acordo com a superfície

Matriz	Amostras			
	Íntegra	Esfregaço	Íntegra com pó	Esfregaço com pó
Vidro	Vidro/I 01	Vidro/E 01	Vidro/ICP 01	Vidro/ECP 01
	Vidro/I 02	Vidro/E 02	Vidro/CP 02	Vidro/ECP 02
	Vidro/I 03	Vidro/E 03	Vidro/CP 03	Vidro/ECP 03
Metal	Metal/I 01	Metal/E 01	Metal/ICP 01	Metal/ECP 01
	Metal/I 02	Metal/E 02	Metal/ICP 02	Metal/ECP 02
	Metal/I 03	Metal/E 03	Metal/ICP 03	Metal/ECP 03
Plástico	Plástico/I 01	Plástico/E 01	Plástico/ICP 01	Plástico/ECP 01
	Plástico/I 02	Plástico/E 02	Plástico/ICP 02	Plástico/ECP 02
	Plástico/I 03	Plástico/E 03	Plástico/ICP 03	Plástico/ECP 03
Madeira	Madeira/I 01	Madeira/E 01	Madeira/ICP 01	Madeira/ECP 01
	Madeira/I 02	Madeira/E 02	Madeira/ICP 02	Madeira/ECP 02
	Madeira/I 03	Madeira/E 03	Madeira/ICP 03	Madeira/ECP 03
Alvenaria	Alvenaria/I 01	Alvenaria/E 01	Alvenaria/ICP 01	Alvenaria/ECP 01
	Alvenaria/I 02	Alvenaria/E 02	Alvenaria/CP 02	Alvenaria/ECP 02
	Alvenaria/I 03	Alvenaria/E 03	Alvenaria/ICP 03	Alvenaria/ECP 03

Fonte: O autor 2016.

A Figura 2 representa a “matriz vidro”. Janela interna do laboratório com dimensão de 1x1 metro, utilizada para a impregnação das impressões digitais.

Figura 2 - Matriz vidro



Fonte: O autor 2016.

A Figura 3 representa a “matriz metal”, pistolas de calibre .40.

Figura 3 - Matriz metal



Fonte: O autor 2016.

A Figura 4 representa a “matriz plástico”, telefone comum.

Figura 4 - Matriz plástico



Fonte: O autor 2016.

A Figura 5 representa a “matriz madeira”, porta de madeira, laminada em imbuia, com superfície polida.

Figura 5 - Matriz madeira



Fonte: O autor 2016.

A Figura 6 representa a “matriz alvenaria”, parede de alvenaria, pintada em branco fosco acrílico.

Figura 6 - Matriz alvenaria



Fonte: O autor 2016.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 LOCAL DE CRIME

Segundo o Princípio de Locard “quaisquer objetos tocados por ele, ou o que quer que seja que ele deixe, mesmo que inconscientemente, servirá como uma testemunha silenciosa contra ele” (VELHO, 2013).

Para RABELLO (1996), local de crime é caracterizado como a região onde ocorreu o fato delituoso, bem como, toda a extensão que se presume que haja sido praticado o crime e que nele seja constatada a presença de vestígios de relevância criminal.

Vestígios podem ser encontrados em locais de crimes contra a pessoa (homicídios), crimes contra o patrimônio, crimes contra a dignidade sexual, contra o patrimônio histórico (VELHO, 2013).

O Código de Processo Penal em seu artigo 158 “estabelece a necessidade de perícia sempre que um ato de infração deixar vestígios, sendo indispensável à ação do perito para que o mesmo realize o exame de corpo de delito”.

Cabe ressaltar que o exame de corpo de delito, que não se trata de um exame feito somente no corpo de um cadáver, ou de uma pessoa viva, mas sim um exame realizado em local de crime em objetos, como por exemplo, em uma janela, em um quadro, em uma folha de papel e etc, tendo como objetivo a coleta de vestígios para caracterização do ocorrido (TOURINHO, 1987).

O artigo 169 do Código de Processo Penal preconiza que, a primeira autoridade de segurança que chegar ao local deve mantê-lo sem alterações até a chegada do perito. Preservar o local de um crime significa garantir a sua integridade, impedindo que qualquer tipo de ato possa alterar as características do local e com isso a colheita de vestígios que auxiliarão no esclarecimento da mecânica do ocorrido (*modus operandi*).

A ciência aplicada à perícia criminal se coloca como reveladora da “verdade dos fatos” produzindo a prova científica no contexto do processo penal (VELHO, 2013).

2.2 VESTÍGIOS

O vestígio pode ser definido como, “qualquer produto de um agente ou evento provocador, que durante um processo de uma análise, haja necessidade de submetê-lo a processos analíticos de apuração e triagem, de forma a extrair deste diversas informações”. Uma das informações é se o vestígio possui ou não vínculo com o delito que está sendo analisado” (FILHO, 2009).

Para ESPINDOLA (2008), todo o vestígio deixado na cena de um crime deve ser coletado e minuciosamente periciado, para que, desta forma, se houver relação com o delito, o mesmo possa ser caracterizado como evidência.

Logo, vestígio após passar por avaliações objetivas, e que este mostre vinculação direta com o evento que está sendo periciado, passa a ser classificado como evidência ou ainda pode ser chamado de “prova material” (FILHO, 2009).

Outro termo usualmente aplicado à criminalística é o indício, que o Código de Processo Penal, em seu artigo 239, considera circunstância conhecida e provada, que tem relação com o fato.

Os vestígios coletados em locais de crime podem ser classificados como perceptíveis ou latentes. Os vestígios perceptíveis são aqueles captados através de suas características organolépticas, ou seja, utilizando os sentidos humanos, tais como, visão, olfato, paladar, tato e audição. Os vestígios latentes são aqueles que necessitam de técnicas ou equipamentos para serem observados, tais como manchas de sêmen, resíduos de disparo de arma de fogo, ou ainda as impressões digitais (DEL-CAMPO, 2008).

Um microvestígio amplamente utilizado em exames periciais é a impressão digital, ou datiloscópica, cabe ressaltar que este vestígio pode ter um comportamento latente ou perceptível (WOELFERT, 2003).

2.3 IMPRESSÕES DIGITAIS

Há relatos da utilização das impressões digitais no ano de 650 DC, em documentos oficiais na China como forma de identificar o autor, garantindo assim, a sua autenticidade (MALTONI, *et al.* 2003).

As impressões digitais são formadas a partir do quarto mês de desenvolvimento intraembrionário. As papilas dérmicas são um fenômeno epigenético que se constitui e que explica as diferenças encontradas mesmo entre gêmeos univitelinos (DAUGMAN, 2007).

A datiloscopia trata da identificação humana através da comparação das características dos desenhos que se formam nos dedos de cada pessoa. Além das formas que se apresentam nos dedos, pode avaliar ainda as impressões das palmas das mãos (quiroscopia) e as dos pés (podoscopia) (JORDÃO, 2011).

A papiloscopia é uma ciência que ocupa um lugar de destaque quando se trata de técnicas de identificação, pois atende aspectos como perenidade, individualidade, variabilidade e imutabilidades das papilas dérmicas (GARRIDO, 2009).

Segundo Garrido e Giovanelli (2009), as primeiras referências sobre papilas dérmicas foram feitas por Malpighi no século XVII.

Livro publicado "FingerPrints" em 1882 pelo antropólogo Inglês Sir Francis Galton, sustentou as afirmações anteriores de que as impressões digitais apresentava-se inalteradas por toda vida do indivíduo e que não eram duplicadas (FILHO, 1999).

As impressões digitais são perenes e imutáveis, isto é, permanecem invariáveis, não podendo ser modificados voluntariamente. São infinitamente diversiformes, já que são características únicas de cada indivíduo, assim como DNA (PITKETHLY, 2009).

A técnica de identificação papilar atribui quatro morfologias básicas das cristas papilares, classificadas como: arco, presilha interna, presilha externa e verticilo, conforme ilustrado na Figura 7 (CHEMELLO, 2006). Além das morfologias básicas, o exame datiloscópico avalia minúcias como, ilhas ou ilhotas, cortada, extremidade de linha, bifurcação, confluência, haste ou arpão, ponto ou anastomose e lago ou encerro. Tais sinais estão demonstrados na Figura 8 (TOURINO FILHO, 2013).

A identificação datiloscópica é realizada a partir da igualdade de no mínimo doze sinais, na mesma localização, com a mesma "nomenclatura" e sem nenhum ponto discrepante, para atestar a identidade de um indivíduo, a partir das impressões digitais (JORDÃO, 2011).

Figura 7 - Quatro morfologias básicas das impressões digitais



Fonte: Adaptado de CHEMELLO Química Virtual, 2006.

Figura 8 - Pontos datiloscópicos das impressões digitais



Fonte: Adaptado de TOURINO FILHO, 2013.

As coletas das impressões digitais precisam ser cuidadosamente estudadas junto à equipe da perícia, avaliando a dinâmica do crime para constatar se possíveis objetos de interesse investigativo tenham sido manuseados pelo infrator. (MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, 2013).

Uma superfície tocada é de grande importância na busca de impressões digitais latentes. Para se obter boas impressões, as condições ideais seriam uma

superfície lisa, não absorvente, limpa. A superfície áspera pode recolher uma impressão digital, mas vai ser distorcida e o padrão de sulcos será inútil. O mesmo acontece com alguns tecidos, como o couro. Por outro lado, uma superfície absorvente tende a absorver e espalhar os elementos úmidos que formam impressões digitais latentes. Vidro, porcelana e metais polidos são excelentes fontes para obter impressões digitais latentes (LEITÃO, 2008).

Considerando que as impressões digitais latentes são formadas por transferência de umidade, especialmente suor e oleosidade da pele, a uma superfície, torna-se claro que esta é uma condição favorável para se obter material biológico (LEITÃO, 2008).

Dessa forma, em um clima frio, quando se transpira menos, a ausência da transpiração reduz a possibilidade de obter boas impressões digitais latentes. Mesmo na presença de uma superfície adequada e boas condições de pele, o fator ambiental deve ser considerado. Impressões digitais deixadas sob o sol, chuva ou condições de umidade podem ser degradadas e até desaparecer (CALADO, 2002). Levando sempre em consideração intempéries climáticas, superfícies porosas, enferrujadas, materiais brutos da natureza como pedras ou madeiras, podem trazer dificuldades na aquisição das impressões datiloscópicas (MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, 2013).

Segundo o protocolo da SENASP (Secretaria Nacional de Segurança Pública), para realizar a colheita da impressão digital faz-se necessário, aplicar luz direcional para identificar o vestígio. Detectado, o vestígio é fotografado e se faz revelação utilizando a técnica apropriada e o decalque das impressões reveladas (MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, 2013).

Métodos adequados para a recuperação de uma impressão digital latente incluem pó de revelação que podem ser os chamados reveladores sólidos, Carbonato de Chumbo II, Óxido de Ferro II, somam III, flor de enxofre, o licopódio e pó magnéticos para superfícies. Recoemda-se ainda usar pó colorido para contrastar com a cor da superfície, ou ainda outros reagentes químicos tais como iodo, ninhidrina e nitrato de prata podem ser utilizados por pulverização, ou imersão do material sobre uma solução para revelar as impressões digitais latentes (ASSIS, 2008).

Segundo CROXTON *et al.* (2010), apesar de vários estudos sobre secreções presentes na pele, pouco se conhece sobre a composição dos resíduos das

impressões digitais latentes, pois tratam-se de misturas complexas secretadas pelas glândulas.

Objetos quando tocados, fixam em sua superfície microvestígios, que, além das impressões latentes, pode depositar resíduos como suor e gorduras desprendidos das glândulas papilares (VELHO 2013; PINHEIRO, RAIMANN, 2011). Chemello (2006), observou que o estado emocional do indivíduo interfere na quantidade de material depositado na superfície durante no toque. Isto é, durante um ato delituoso, o indivíduo tende a desprender mais resíduos glandulares, devido ao seu estado emocional.

Compostos orgânicos e inorgânicos podem ser encontrados em impressões digitais latentes e além desses compostos, células epiteliais também podem ficar depositadas sobre as superfícies (RAMOTOWSKY, 2001; PINHEIRO; RAIMANN, 2011). Através destas células é possível obter material genético em quantidade suficiente que permita identificar um indivíduo aplicando a técnica de PCR. (SHALHOUB *et al.* 2008; PINHEIRO; RAIMANN, 2011).

2.4 TOUCH DNA

Segundo GORAY (2010), o conceito de DNA de toque refere-se ao material genético que é deixado por um indivíduo, através das suas células epiteliais, quando se toca, ou entra em contato com um objeto qualquer.

A falta de um perfil de DNA completo pode ser relacionada à quantidade de DNA ser insuficiente inicialmente, a presença de inibidores de PCR, ou ainda a perda de ácido nucleico durante a coleta e processamento de amostras (TEMPLENTON *et al.* 2013).

Ressalta-se que, em um local de crime, nem sempre é possível obter algum tipo de vestígio biológico, porém, usando a técnica apropriada de coleta e identificação, o DNA de toque, torna-se um microvestígio com grande potencial a ser analisado (HIGUCHI, 1993).

Com o objetivo de estabelecer uma metodologia que permita extrair o DNA deixado na cena de um crime após o contato, a coleta do material e o

encaminhamento a um Laboratório de Genética Forense, ampliam as possibilidades de ação, quando se trata da identificação de suspeitos (KÖCHL, 2005).

No entanto, para fazer a identificação dos microvestígios, as coletas das amostras de impressões digitais devem ser cuidadosas, para que não ocorra, degradação ou destruição do DNA (ASSIS, 2008).

Oorschot *et. al.* (1997) descreve em seus estudos que um perfil genético poderia ser obtido a partir de objetos tocados, proporcionando uma nova ferramenta para a investigação na cena do crime.

Fatores como, quantidade de suor, gordura, secreções presentes, o tipo de superfície, temperatura e umidade entre outras, podem interferir na natureza química e física do microvestígio da impressão digital (JASUJA, 2009).

Além desses estudos, Balogh *et. al.* (2003) descrevem que é possível obter perfis genéticos a partir de impressões digitais deixadas no papel, que podem ser relevantes em cenas de crime, envolvendo fraude e extorsão.

O estudo de Murray *et. al.*, (2001) indicam que a quantidade de DNA recuperado pode variar dependendo do tempo de contato e do indivíduo. Os autores compararam a diferença de deposição de material biológico em uma superfície plástica tocada por 10 segundos, entre indivíduos que liberavam muito e pouco material biológico no meio. Foi observado que, no indivíduo que liberava mais material biológico no meio, ao tocar o objeto por 10 segundos, foi possível obter um perfil genético completo, enquanto que, ao segurar o material plástico por 10 segundos, no indivíduo que libera pouco conteúdo biológico no meio, obteve-se um perfil parcial, com perda de loci.

Outro estudo realizado pelo mesmo autor faz a relação entre quantidade de DNA que pode ser recuperado após contato. Perfis completos foram recuperados a partir de superfícies tocadas por um indivíduo, onde a liberação de material biológico foi em grande quantidade, mesmo após quatro meses. Por outro lado, para os indivíduos com baixo depósito de material biológico observou-se uma diminuição da recuperação do DNA (Murray , 2001)

Um elevado número de perfis foi obtido a partir de diferentes técnicas de coleta usando *swab*, tais como: imediatamente após o toque, pressionando o *swab* na superfície 1-60 segundos, algumas horas após o toque e até alguns dias após o toque. Por outro lado, os perfis obtidos a partir de impressões digitais latentes reveladas com a utilização de potenciadores químicos, como o iodo e a ninhidrina,

não surtiram resultados tão satisfatórios, resultando em apenas 47% de amplificação dos STRs (BALOGH, 2003).

Em três estudos de caso apresentados por Williamson (2012), os resultados obtidos, colocavam os suspeitos nas cenas dos crimes, através da aplicação das técnicas de coleta de DNA de toque. Ambos os casos as amostras foram coletadas das vestes das vítimas.

Em cenas de crimes pode se encontrar microvestígios valiosos que até então não eram vistos como importantes. Por exemplo, cópias de DNA que tenham sido transferidas para objetos tocados, ou ainda transferidas para uma superfície. Objetos deixados em uma cena de crime podem oferecer informações valiosas sobre o indivíduo que os utilizou (SODHI, 2001).

No estudo realizado por Oorschot (1997), os resultados demonstraram a necessidade de ser muito cuidadoso no manuseio de amostras e na interpretação dos resultados.

As impressões digitais latentes podem ser totalmente ou parcialmente visíveis, onde, para sua revelação, é necessário usar pó químico, que contrasta com a impressão digital e a torna visível (LEITÃO, 2008).

O efeito do pó para revelação das impressões dactiloscópicas vem sendo estudado, tendo em vista sua possível inibição nas reações de amplificação do DNA (CAPUTO et al, 2013).

O relevante valor probatório das provas, fez do DNA um agregador promissor de expectativas para gerar resultados positivos através de amostras cada vez menores de DNA (MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, 2012).

A obtenção de DNA a partir de impressões digitais é importante para a atualização das ciências forenses, uma vez possibilita integrar às rotinas periciais uma nova metodologia de identificação humana. No entanto, a ausência de dados na literatura é um fator limitante. No Brasil, faltam pesquisas sobre este assunto, havendo poucos experimentos práticos com essa finalidade.

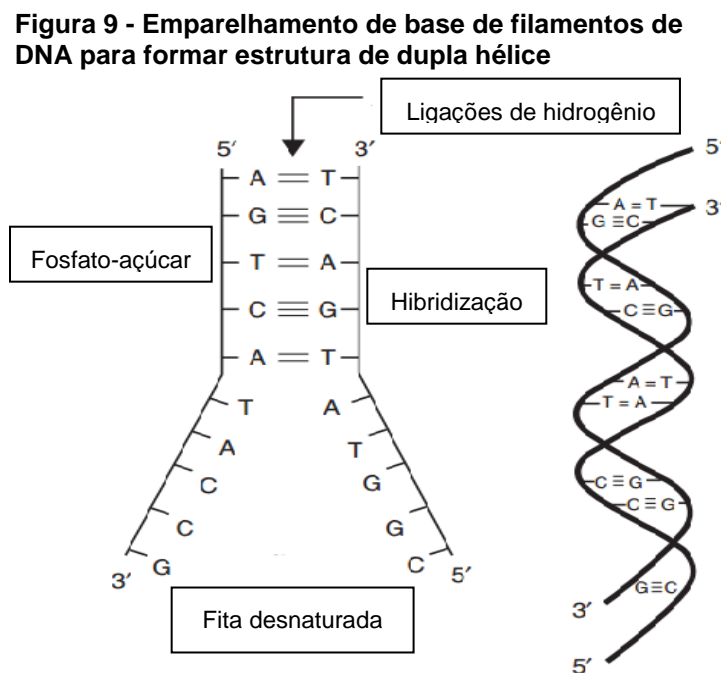
Assim, este estudo uma parceria, UTFPR (Universidade Tecnológica Federal do Paraná) e o IC-PR (Instituto de Criminalística do Paraná), têm como finalidade alcançar os objetivos práticos para a realização deste procedimento nas rotinas forenses do estudo.

2.5 ÁCIDO DESOXIRRIBONUCLEÍCO (DNA)

O DNA (ácido desoxirribonucleico) é uma molécula polimérica que armazena todas as informações hereditárias que definem as características fenotípicas e genotípicas dos seres vivos. O DNA que está presente no núcleo de todas as células eucarióticas encontra-se compactado nos cromossomos, associados a outras proteínas, como as histonas. Na espécie humana há um total de 22 pares de cromossomos autossômicos e mais um par de cromossomos sexual, totalizando 23 pares. Diferente do DNA nuclear, o DNA presente nas mitocôndrias apresenta sequência própria, bem como um formato circular (THOMPSON, 2008).

O DNA, formado por uma dupla fita antiparalela com formato helicoidal constituída por unidades básicas chamada de nucleotídeos. Os nucleotídeos do DNA são formados por um pentassacarídeo (2-desoxirribose), um grupamento fosfato e um composto cíclico denominado base nitrogenada. As bases nitrogenadas podem ser classificadas como purinas, formadas por anéis carbono-azoto, que constituem a Adenina (A) e Guanina (G) e as bases formadas por um anel carbono-azoto, que são as pirimidinas formadas pela Citocina (C) e Timina (T) (BUTTLER 2010).

Figura 9 com a representação da molécula de DNA.



Fonte: Adaptado BUTLER (2010).

Embora toda constituição genética seja formada pela combinação destes quatro tipos de nucleotídeos, uma grande quantidade de informações pode ser armazenada devido à extensão da molécula de DNA. A cópia completa do genoma humano pode conter aproximadamente 3 bilhões de pares de nucleotídeos. Isto permite uma grande capacidade de armazenar informações e assegura uma enorme variabilidade da espécie humana (COOPER, 2000; SNUSTD; SIMMONS, 2001).

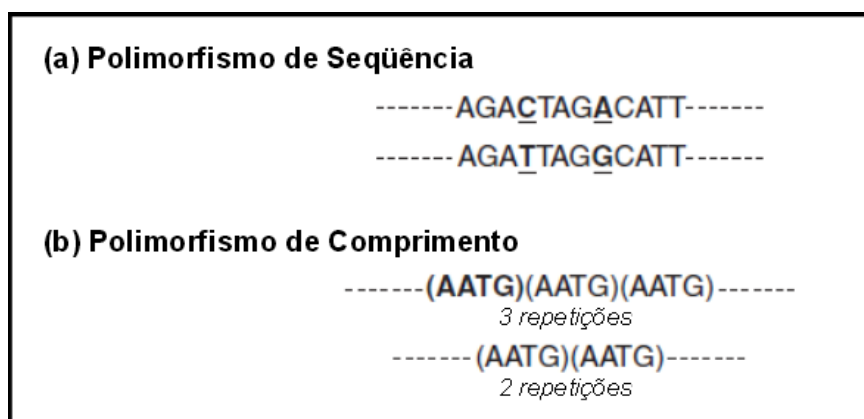
As moléculas de ácidos nucleicos estão presentes em todos os seres vivos. São transferidas de geração em geração, e podem apresentar variabilidade tanto entre as diversas espécies quanto entre os diferentes indivíduos da mesma espécie. A variabilidade dessas moléculas associada à hereditariedade faz com que a análise de DNA seja propícia para a resolução de disputas na área legal, pois permite identificar um indivíduo, atendendo os critérios de identificação humana tais como: imutabilidade, perenidade, individualidade e classificabilidade (JOBBLING, 2004).

2.6 POLIMORFISMOS DO DNA

A ciência forense utiliza-se das regiões não codificantes do DNA para identificação dos indivíduos, informações presentes nas regiões hipervariáveis. Os polimorfismos dessas regiões são caracterizados pela possibilidade de um mesmo loco apresentar diferentes tipos de alelos na população. Sendo duas as formas de polimorfismos, o de seqüência e o de comprimento.

A Figura 10 demonstra os dois tipos de polimorfismos do DNA.

Figura 10 - Diferença entre os 2 diferentes tipos de polimorfismos



Fonte: Adaptado BUTLER (2010).

O polimorfismo de sequência é caracterizado por uma mutação pontual de um nucleotídeo na região analisada. O polimorfismo de comprimento é determinado pelo número de vezes que uma repetição ocorre variando o tamanho da região. (BUTLER, 2010).

Na década de 80, Alec Jeffreys dá início a aplicação das técnicas de biologia molecular na identificação humana utilizando regiões polimórficas do genoma, os minissatélites, também chamados VNTRs (*variable number of tandem repeat*) que poderiam ser utilizados como ferramentas de identificação individual, regiões do DNA altamente polimórficas, que quando estudadas em conjunto, podem formar um perfil genético único para um indivíduo (PENA, 2005).

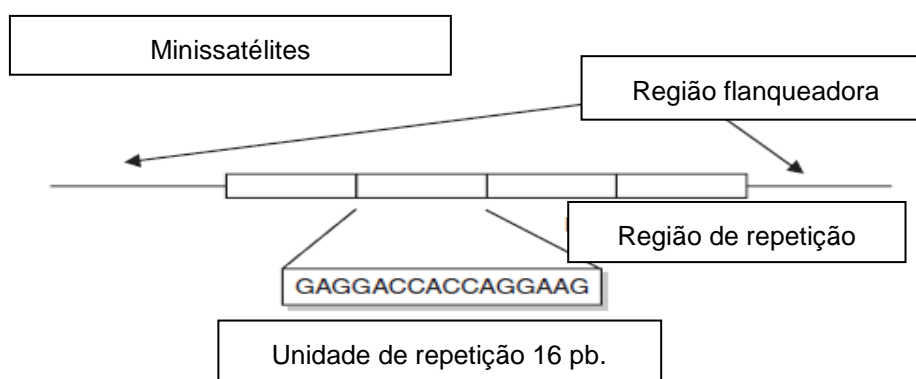
Os VNTRs tiveram então seu uso em casos de identificação de vínculo familiar, em caso de imigração (JEFFREYS; BROOKFIELD; SEMEONOFF, 1985) e posteriormente em dois casos de estupro seguido de morte no condado inglês de Leicestershire (GILL; JEFFREYS; WERRTT, 1995).

Com características similares aos VNTRs, porém de tamanho menor e com número de repetições mais curtos, foram descritas outras sequências, denominadas de microssatélites ou STR (*short tandem repeat*) (JOBBLING; GILL, 2004).

Estes novos fragmentos do tipo STR apresentavam repetições que variam entre 1-6 pb (pares de base) enquanto os VNTRs apresentavam unidades de repetições de 7-100 pb.

A Figura 11 representa as unidades dos minissatélites.

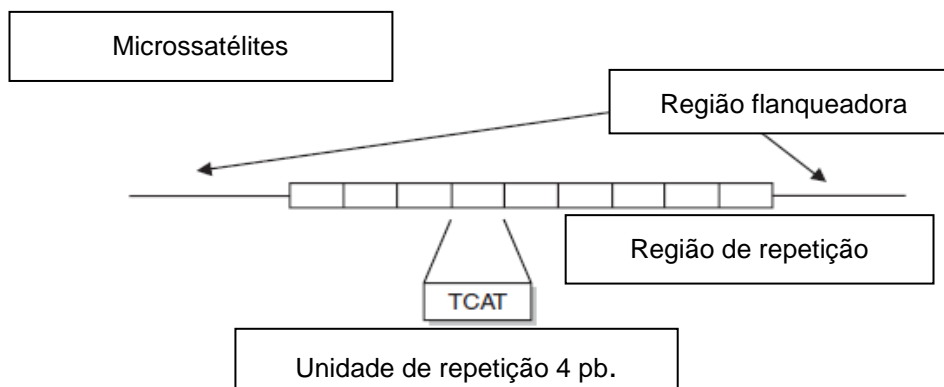
Figura 11 - Sistema esquemático das unidades de pares de bases para os minissatélites



Fonte: Adaptado BUTLER (2010).

A figura 12 representa as unidades dos microssatélites.

Figura 12 - Sistema esquemático das unidades de pares de bases para os microssatélites



Fonte: Adaptado BUTLER (2010).

A aplicação dos STRs trazem algumas vantagens sobre a aplicação dos VNTs, como por exemplo, rapidez e facilidade técnica, amostras com baixa concentração de DNA, comum em amostras forenses, possibilidade de estudar um maior número de locos numa única mistura de reação (PCR multiplex) obtendo um nível de discriminação excelente e ótima reprodutibilidade (BUTLER, 2005).

A influência do ambiente como, por exemplo, umidade, tipo de solo, radiação solar, agentes químicos e etc, tem ação direta sobre as moléculas de DNA, fragmentando esta molécula em pequenos pedaços (CAPELLI; TSCHENTSCHER; PASCALI; 2003).

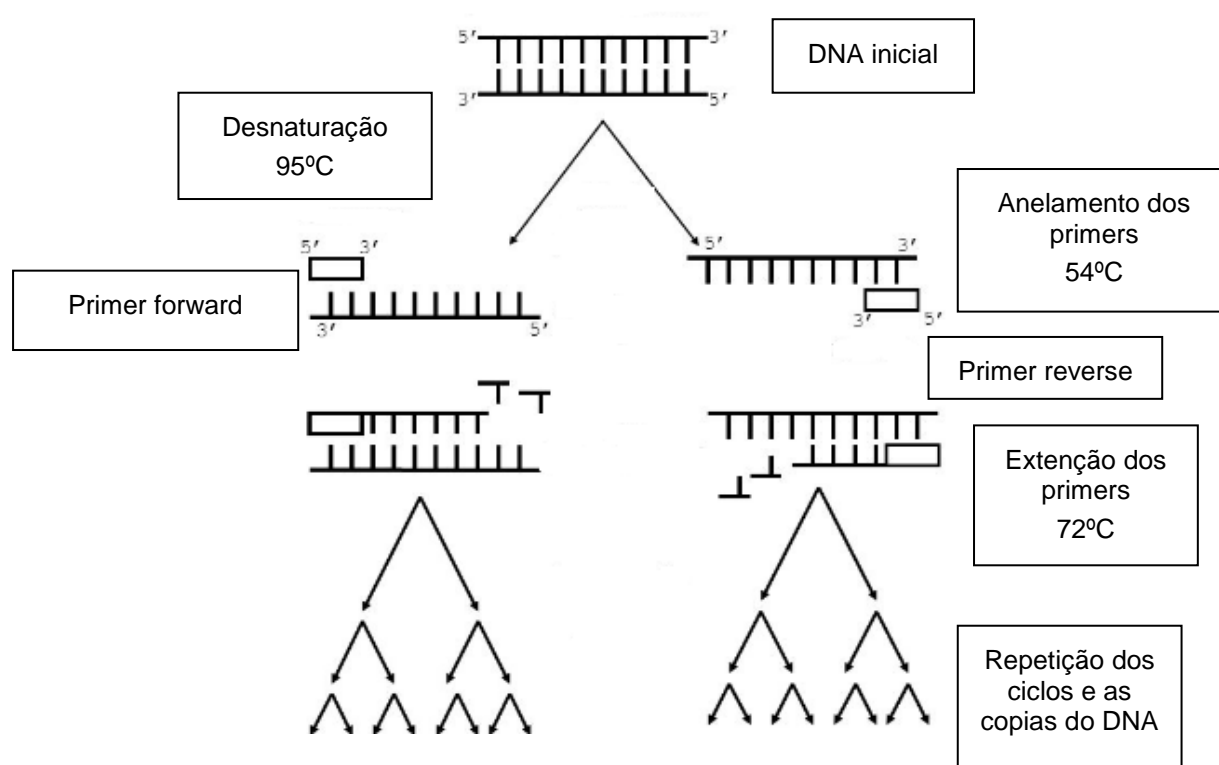
Com esta fragmentação, o uso dos SRTs por terem tamanho reduzido com relação aos VNTRs, acabam sendo mais eficientes nas análises forenses (ROEPER, REICHERT, MATTERN; 2007).

A tecnologia da PCR (*Polimerase Chain Reaction – Reação em cadeia da polimerase*), idealizada pelo norte Americano Kary Mullis (1986), veio ao encontro da aplicação dos marcadores genéticos do tipo STRs, permitindo a amplificação exponencial do número de cópias dos fragmentos de DNA. Esta técnica, a qual utiliza uma enzima termoestável, denominada *Taq polimerase* foi crucial para os avanços tecnológicos na área de biologia molecular contribuindo significativamente na área forense (SAIKY *et al.*, 1988).

Esta é uma técnica de amplificação exponencial do DNA *in vitro* baseada na replicação do DNA, utilizando variações de temperatura para realização de cada

etapa. Este procedimento é dividido em três etapas a desnaturação, que consiste na quebra das pontes de hidrogênio promovendo a abertura da dupla fita de DNA; o anelamento dos *primers*, onde ocorre a ligação dos *primers* iniciadores nas regiões que flanqueiam a sequência alvo a ser amplificada; e a extensão, que é onde ocorre a polimerização propriamente dita da molécula de DNA (BUTLER 2010).

Figura 13 - Processo da PCR (Polymerase Chain Reaction)



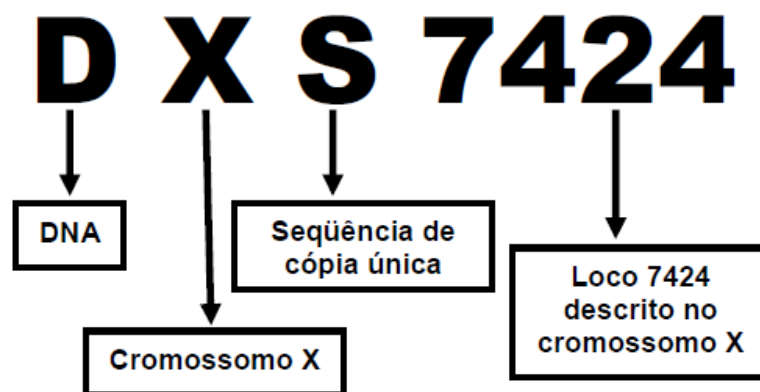
Fonte: Adaptado BUTLER (2010)

Os STRs são de fundamental importância para as ciências forenses, principalmente pelo fato de podermos elaborar bancos de dados contendo as frequências alélicas dos STRs nas populações (GILL, 2006).

O padrão de nomenclatura dos STRs segue uma ordem pré-estabelecida. A primeira letra do nome do marcador é “D” e significa DNA. Em seguida vem um número que representa em que cromossomo o marcador está localizado. No caso de estar em cromossomos sexuais usa-se “X” ou “Y”. O terceiro elemento do nome é a letra “S”, do inglês, *single copy sequence* que significa sequência de cópia única e por último vem o número do loco em que o marcador foi descrito (BUTTLER, 2005).

A Figura 14 demonstra o padrão de nomenclatura para os STRs.

Figura 14 - Nomenclatura de um marcador STR do cromossomo x



Fonte: Adaptado Butler, (2005).

Além da nomenclatura clássica, alguns STRs são nomeados baseados na sequência que compõem a unidade de repetição (ex: GATA), ou ainda, quando estão localizados dentro de uma sequência gênica podem ter a nomenclatura relacionada com o gene. Um exemplo é o STR TH01 que está localizado no íntron 01 do gene da Tirosina Hidroxilase (BUTLER, 2005).

As diferentes variações no número de repetições, da unidade básica de repetição, em um determinado loco, são chamadas de alelos. Se houver sete repetições em um loco, este é chamado de alelo 7. Se no cromossomo homólogo houver 10 repetições para o mesmo loco, é chamado de alelo 10. Nos indivíduos, há dois alelos para cada loco, com exceção dos cromossomos sexuais no sexo masculino, que apresentam apenas um alelo para cada loco do cromossomo X e do Y (OTTO *et al.*, 2004).

Atualmente, os laboratórios de genética forense atuam com kits comerciais para os marcadores STRs, baseados no sistema CODIS (*Combined DNA Index System*), estabelecendo um padrão de marcadores genéticos uniformes, possibilitando sua inserção em bancos de dados, que podem ser usados para fins de confronto genético (BUTLER, 2007).

De acordo com a AABB (*American Association of Blood Bank*), órgão regulamentador para testes de vínculo genético e o FBI (*Federal Bureau of Investigation*), que gerenciam o CODIS, recomendam o estudo de no mínimo 13 locos para identificação de indivíduos (BUTLER, 2005).

A Figura 15 apresenta os STRs autossômicos mais a amelogenina e o STRs do cromossomo Y.

Figura 15 - Promega Corporation Power Plex Fusion



Fonte: Manual Promega, (2014).

A análise da variabilidade de diversos locos de STRs possibilita correlacionar às amostras em estudo (evidência) com as amostras conhecidas, denominadas (padrão). Utilizando o cálculo das frequências alélicas da população para cada loco analisado é possível obter resultados estatísticos para determinar quantas vezes é mais provável que a amostra evidência em questão, possa ter relação genética com a amostra padrão e que esta possa ser oriunda daquele indivíduo ou de outro escolhido aleatoriamente na população. Quanto menor a probabilidade, maior será a razão de verossimilhança de que as duas amostras estejam relacionadas ao mesmo doador da amostra de DNA em questão (BONACORSO, 2005).

3 DNA E A JUSTICA

Nos últimos 30 anos devido ao grande avanço no entendimento da biologia molecular e no desenvolvimento de novas técnicas, a determinação de perfil genético fornece dados robustos e confiáveis que permite individualizar uma pessoa, possibilitando sua identificação, bem como, criando uma relação do fato delituoso com o indivíduo (GAERTNER; BINSFELD, 2011; ZOPPIS, 2014).

Em maio de 2009 foi assinado um termo de compromisso entre FBI e a Polícia Federal que concede a licença ilimitada para utilização, em todo território Nacional, de um *software* chamado CODIS (*Combined DNA Index System*) com o intuito de solucionar crimes através da compatibilidade de perfis genéticos (BRASIL, 2009).

A implantação da RIBPG (*Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos*) no Brasil, um projeto conjunto, Polícia Federal, com o Ministério da Justiça, Secretaria Nacional de Segurança Pública e Secretarias Estaduais de Segurança Pública (BONACCORSO, 2010). No Brasil, 18 Estados e o Distrito Federal participam do RIBPG inserindo perfis genéticos obtidos a partir de vestígios coletados em cenas crime, de cadáveres não identificados e de detentos condenados por crimes hediondos (MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, 2015).

Até o ultimo relatório emitido pelo Ministério da Justiça, alguns Estados Brasileiros ainda não compunham a rede integrada de banco de perfis genéticos, como é o caso de Roraima, Acre, Rondônia, Maranhão, Tocantins, Piauí, Rio Grande do Norte, Alagoas e Sergipe, cujas unidades de perícia criminal ainda não têm laboratórios de genética molecular forense, ou não atendem os requisitos técnicos mínimos exigidos para integração à RIBPG (MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, 2015).

A RIBPG depende da inserção de perfis genéticos das amostras biológicas deixadas nos locais de crime ou no corpo das vítimas, sejam estes vestígios de casos abertos ou fechados, que podem ser confrontados entre si, o que permite a detecção de crimes seriais, podendo ser identificados pelo confronto dos perfis genéticos dos indivíduos arquivados no sistema, nos termos da Lei nº 12.654 (COMITÊ GESTOR DA RIBPG, 2014).

Conforme relatado acima, pode-se perceber que cada vez mais a justiça deseja e necessita dos exames de DNA para elucidação de casos, tanto na esfera

civil quanto criminal. Portanto, cabe ressaltar que, a coleta de microvestígios, como as impressões digitais, pode ser de suma importância na solução de crimes, bem como, o perfil genético obtido ser inserido no RIBPG para ser confrontado em nível nacional.

A Figura 16 demonstra, os Estados da Federação que fazem parte da rede e em branco, os Estados que ainda não compõem o grupo.

Figura 16 - Mapa do Brasil com os Estados da Federação participantes da RIBPG



Fonte: Adaptado do III Relatório da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos, 2015.

4 DESENVOLVIMENTO

4.1 COLETA DAS AMOSTRAS NAS DIFERENTES MATRIZES

Neste trabalho, a palavra “matriz” é caracterizada como sendo a superfície utilizada como base para a impregnação das impressões digitais e posterior coleta.

Cinco matrizes diferentes foram escolhidas como superfície de deposição das impressões digitais: vidro, metal, plástico duro (polipropileno), madeira e alvenaria, sendo representados pelos seguintes objetos respectivamente: janela, arma de fogo, aparelho telefônico, porta comum polida e parede interna. Essas matrizes foram selecionadas no ambiente do laboratório, exceto as duas armas de fogo desmuniadas, que foram cedidas gentilmente pela seção de Balística Forense do Instituto de Criminalística do Paraná.

As superfícies foram higienizadas com álcool etílico a 70% e gaze estéril, para cada matriz mencionada. Os objetos foram manipulados por uma única pessoa em dias alternados, e as impressões deixadas em duas cópias completas, onde consiste simplesmente tocar o objeto e outras duas em esfregaço, onde o objeto é tocado e os dedos deslizam sobre ele. As impressões foram coletadas nas dependências internas do Instituto de Criminalística do Paraná.

A coleta das amostras foi realizada da mesma forma para todas as matrizes e baseou-se em fazer movimentos circulares usando a ponta do *swab* seco após a manipulação dos objetos, com a finalidade de concentrar uma maior quantidade de material biológico para o estudo.

As impressões digitais latentes depositadas nas matrizes foram previamente fotografadas e uma de cada tipo foi coletada com *swab* e acondicionada em microtubos para posterior processamento das amostras. As demais impressões digitais foram reveladas com a aplicação do pó, fotografadas, e em seguida realizada a coleta para os testes de extração de DNA, que ocorreram no mesmo dia da coleta. As revelações das impressões digitais foram gentilmente realizadas pelo Papiloscopista da Polícia Civil do Estado do Paraná, Sr. Eurides dos Santos Junior.

A Figura 17 demonstra a matriz vidro.

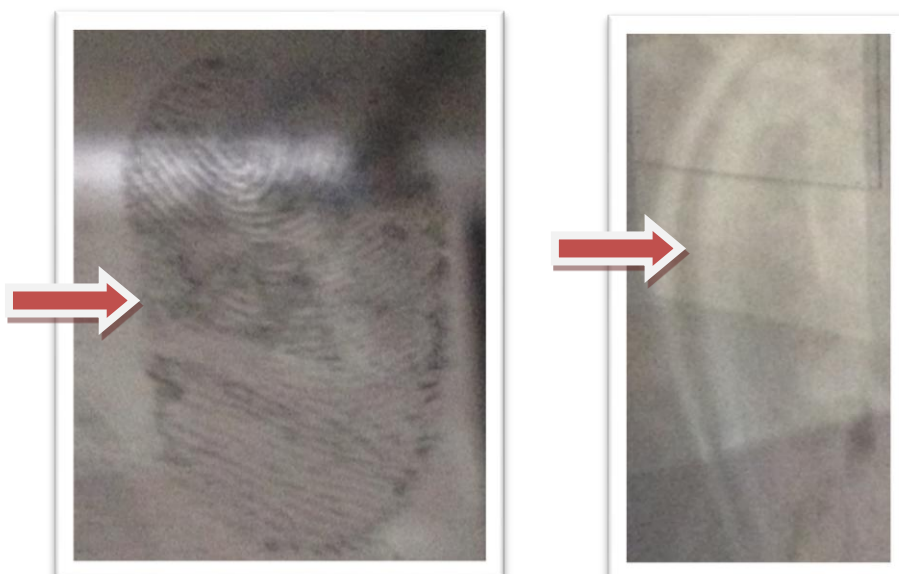
Figura 17 - Matriz vidro: impressão digital intacta e em esfregação sem pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 18 demonstra a matriz vidro com pó.

Figura 18 - Matriz vidro: impressão digital intacta e em esfregação com pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 19 demonstra a matriz metal.

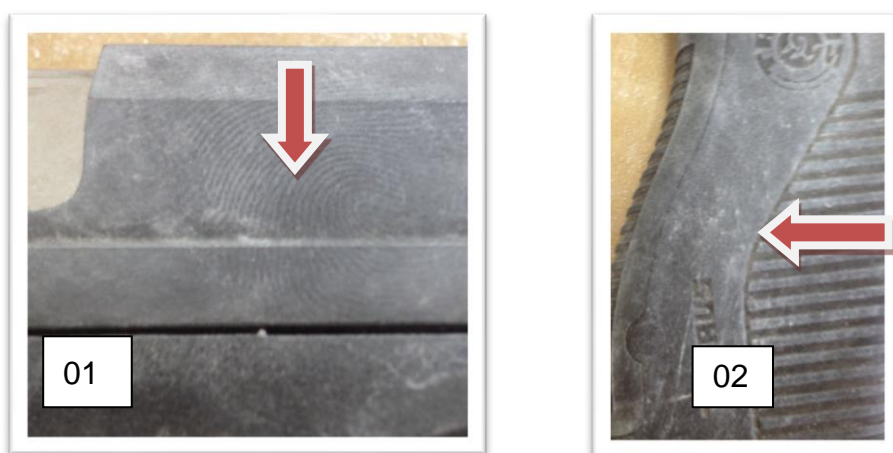
Figura 19 - Matriz metal: arma 01 impressão digital intacta e arma 02 impressão digital esfregaço sem pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 20 demonstra a matriz metal com pó.

Figura 20 - Matriz metal: arma 01 impressão digital intacta e arma 02 impressão digital esfregaço com pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 21 demonstra a matriz plástico (polipropileno).

Figura 21 - Matriz plástico: impressão digital intacta e esfregão sem pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 22 demonstra a matriz plástico com pó.

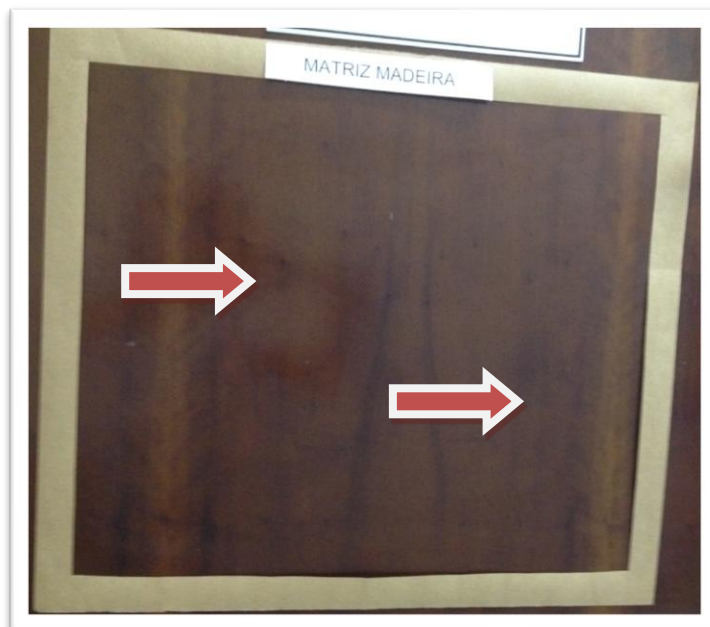
Figura 22 - Matriz plástico: impressão digital intacta e esfregão com pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 23 demonstra a matriz madeira.

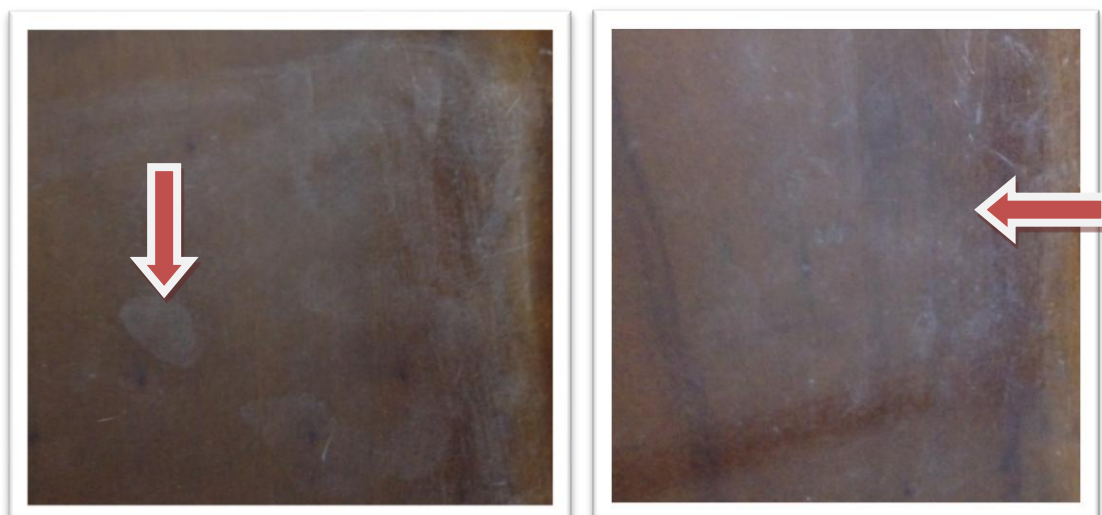
Figura 23 - Matriz madeira: impressão digital intacta e esfregação sem pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 24 demonstra a matriz madeira com pó.

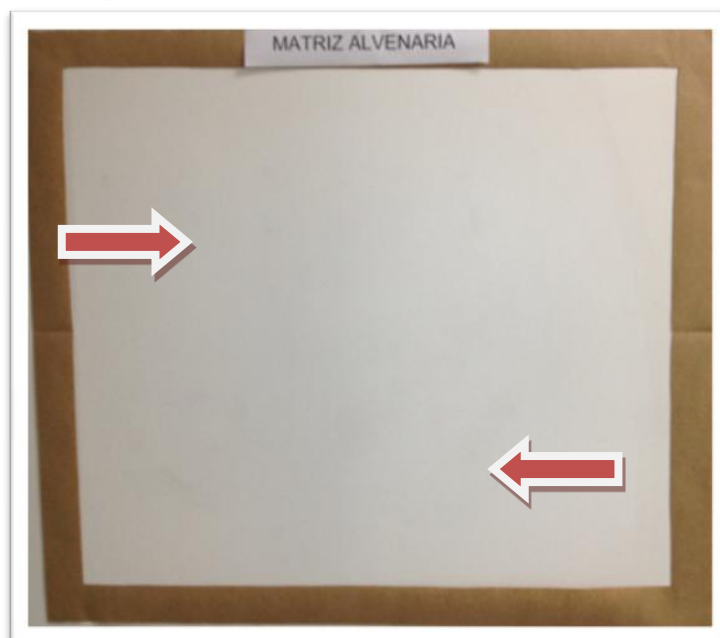
Figura 24 - Matriz madeira: impressão digital intacta e esfregação com pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 25 demonstra a matriz alvenaria.

Figura 25 - Matriz alvenaria: impressão digital intacta e esfregaço sem pó



Fonte: O autor 2016.

A Figura 26 demonstra a matriz alvenaria com pó.

Figura 26 - Matriz alvenaria: impressão digital intacta e esfregaço com pó



Fonte: O autor 2016.

4.2 EXTRAÇÃO DO DNA

As amostras coletadas com *swab* foram submetidas ao método de extração orgânica fenol-clorofórmio, o qual consiste em incubar o material coletado pela porção de algodão presente no *swab* em 400µL de tampão de extração de mancha (Tris-HCl 1M, EDTA 0,5M, NaCl 5M, SDS 20% e Água Ultra Pura, pH= 7,5), 10µL de proteinase K a 10mg/mL e 2µL de ditioneitol 1M (DTT) durante 24 horas a 56°C.

A seguir, foi adicionado 300µL de fenol-clorofórmio e álcool iso-amílico pH 8.6, na proporção 25:24:1, agitou-se a solução vigorosamente até obter um aspecto leitoso, e em seguida o material foi centrifugado a 13.000rpm por 5 minutos. Esta etapa da extração foi repetida por 2 vezes. A fase aquosa da extração é removida para outro tubo de 1,5mL e posteriormente adicionado 200µL de álcool etílico absoluto a -8°C. Em seguida o tubo foi acondicionado no freezer á -8°C por 24h.

Após a precipitação, o material foi centrifugado a 13.000rpm por 5 minutos. O sobrenadante foi descartado e a amostra foi deixada à temperatura ambiente para que ocorresse a evaporação de todo o etanol e posteriormente adicionado 20µL de água ultra-pura, seguindo o protocolo de Procedimento Operacional Padrão do Laboratório de Genética Molecular Forense do PR (LGMF de POP, 2006). Após esse procedimento parte do extrato obtido foi submetido ao processo de quantificação.

4.3 QUANTIFICAÇÃO DO DNA POR PCR EM TEMPO REAL (QPCR)

As amostras foram quantificadas por PCR em tempo real, usando um equipamento denominado 7500 Real Time PCR System, (Applied Biosystem) e o kit Plexor HY System (Promega) específico para a quantificação de DNA humano. Esta técnica é baseada na possibilidade de quantificação do DNA em tempo real a cada ciclo de PCR. A detecção do produto é feita através da emissão de fluorescência que é diretamente proporcional à quantidade do produto amplificado. A cada nova cadeia de DNA amplificado, há um aumento da fluorescência produzida. Desta forma é possível quantificar o produto de PCR.

Foi realizada uma diluição seriada nas concentrações de 50ng/μL, 10ng/μL, 2ng/μL, 0,4ng/μL, 0,8ng/μL, 0,016ng/μL, 0,0032ng/μL para a construção da curva padrão, utilizando DNA controle (Plexor HY Male Genomic DNA Standard, 50ng/μL), para inferir a quantidade de DNA amplificado a partir da fluorescência produzida pela reação. Foram admitidas curvas padrões com o R2 superior a 0,98. As reações foram preparadas usando 10μL da Master Mix Plexor HY 2X, 1μL da Primer Mix Plexor HY 20 X, 7μL de Água de Amplificação e 2μL do material em estudo, perfazendo um volume final de 20μL, conforme manual do fabricante, tabela 2. Este método é extremamente sensível, e os seus resultados ajudam a determinar a quantidade de DNA humano suficiente para a análise dos STRs, além de indicar uma possível presença de inibidores da PCR (PROMEGA, 2006).

A Tabela 2 relaciona as proporções dos reagentes para reação de quantificação.

Tabela 2 - Reagentes e quantidades necessárias na preparação da reação de quantificação Plexor HY

Reagentes	Volume de Reação
Plexor HY 2X Master Mix	10μL
Plexor HY 20X Primer mix	1,0μL
Água	7,0μL
Material extraído	2,0μL

Fonte: Plexor HY System (Promega).

Após os resultados obtidos, as amostras foram submetidas à amplificação para posterior análise no sequenciador.

4.4 AMPLIFICAÇÃO DOS PRODUTOS DE PCR

A amplificação dos marcadores decorreu em uma única reação de PCR, denominada de PCR multiplex, utilizando o kit comercial de amplificação Power Plex Fusion System (Promega), kit desenvolvido para amplificação de amostras forenses, com baixa qualidade e presença de inibidores da reação de PCR.

O kit é composto por 22 marcadores do tipo STR autossômicos (D3S1358, D1S1656, D2S441, D10S1248, D13S317, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1PO,

TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, FGA, D22S1045, Penta D e Penta E), um marcador do cromossomo Y (DYS391) e Amelogenina.

As amostras foram preparadas usando 5 μ L da master Mix Power Plex Fusion 5X, 5 μ L da Primer Mix Power Plex Fusion 5X, 14 μ L de Água de Amplificação e 1 μ L do DNA em estudo, conforme o protocolo fornecido pelo fabricante, tabela 3. Foi utilizado DNA controle 2800M (Promega) como controle positivo e água livre de nucleases como controle negativo, nas mesmas quantidades do DNA alvo utilizado.

A Tabela 3 relaciona as proporções dos reagentes para reação da PCR.

Tabela 3 - Reação de PCR Power Plex Fusion

Reagentes	Volume de Reação
PowerPlex Fusion 5X Master Mix	5,0 μ L
PowerPlex Fusion 5X Primer Pair	5,0 μ L
Água	14 μ L
DNA	1,0 μ L

Fonte: Power Plex Fusion System (Promega).

A reação de amplificação foi realizada em termociclador GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems), segundo as condições de temperatura e clivagem determinadas pelo manual do kit do fabricante, Tabela 4.

A Tabela 4 relaciona as temperaturas e o tempo para a reação da PCR.

Tabela 4 - Condições de temperatura e tempo necessárias à amplificação dos marcadores Power Plex Fusion (PROMEGA)

Temperatura	Tempo
96°C	1 minuto
94°C	10 segundos
59°C	1 minuto
72°C	30 segundos
60°C	10 minutos
4,0°C	∞

Fonte: Adaptado Power Plex Fusion System.

Após a reação de amplificação o produto amplificado foi submetido à eletroforese capilar e os dados analisados.

4.5 ELETROFORESE CAPILAR DO PRODUTO AMPLIFICADO

Para realização da eletroforese capilar preparou-se o mix de pós PCR composto por 9,5µL de formamida Hi-Di (Applied Biosystems) e 0,5µL de controle interno CC5 ILS500 conforme manual do fabricante Tabela 5 (Promega).

Após a preparação da mix de pós-PCR, uma placa de 96 poços (Applied Biosystems) foi preparada recebendo alíquotas de 10µL em cada poço da mix e 1µL de produto amplificado. Foram escolhidos, de forma aleatória, 3 poços da placa para a adição de 1µL de marcador de peso molecular (*ladder*) ao invés de produto amplificado. Procedeu-se, em seguida, a uma desnaturação a 95°C durante 3 minutos seguida de um rápido resfriamento da placa a 4°C no termociclador GeneAmp PCR system 9700 (Applied Biosystems).

A Tabela 5 relaciona aos reagentes para reação de Pós PCR.

Tabela 5 - Reagentes necessários para a reação de Pós-PCR para indução da eletroforese capilar

Reagentes	Volume de reação
Formamida Hi-Di	9,5µL
Padrão interno ILS500 CC-5	0,5µL
DNA	1,0µL

Fonte: Adaptado Power Plex Fusion System.

A eletroforese foi realizada em condições desnaturantes, com polímero POP4 (Applied Biosystems), com tempo de injeção de 28 minutos. Os dados brutos foram coletados pelo *software* Data Collection V. 3.0 (Applied Biosystems) e o tamanho dos fragmentos foram comparados com o Internal Lane Standart CC5 ILS 500 (Promega). Os perfis genéticos foram analisados no *software* GeneMapper ID-X (Applied Biosystems), utilizando os parâmetros de análise recomendados pelo fabricante.

4.6 ANÁLISE DO PRODUTO AMPLIFICADO

A análise da eletroforese capilar foi realizada no *software* Gene Mapper ID-X (Applied Biosystems), de acordo com as indicações do (manual técnico Power Plex

Fusion System). O limiar de detecção foi definido para um valor de 50 RFUs para os fragmentos marcados com fluorescência azul (B) e com fluorescência verde (G), 50RFUs, para os fragmentos marcados com fluorescência amarela (Y), vermelha (R) e cor de laranja (O).

5 RESULTADOS

As amostras utilizadas foram coletadas em triplicata, em 5 matrizes distintas Vidro, Madeira, Metal, Plástico e Alvenaria e submetidos ao processo de extração por fenol:clorofórmio, conforme descrito no item 4.2. Após a extração, as amostras foram quantificadas utilizando o kit comercial Plexor HY (Promega), conforme descrito no item 4.3.

Segundo o preconizado pelo protocolo do kit de amplificação Power Plex Fusion (Promega), a quantidade ideal de DNA para obter um eletroferograma com todos os locos amplificados é de 0,25 a 0,5ng de DNA.

O eletroferograma torna, de forma visível, os alelos em todos os locos amplificados, bem como a sua ausência quando não houver amplificação das regiões de interesse.

A interpretação e as análises dos fragmentos obtidos, quando se tratam de amostras forenses, exigem que em algumas situações a necessidade de levar em consideração, a qualidade da amostra obtida no local e a quantidade de DNA recuperada durante os processos de tratamento das amostras.

A partir dos dados obtidos da quantificação das amostras, observou-se que as quantidades de DNA recuperadas, não estavam dentro da quantidade ideal para a detecção, segundo orientações contidas no Kit de genotipagem.

Nos eletroferogramas foi possível visualizar amostras onde houve o maior número de locos amplificados e as que foram observados perfis parciais.

Os métodos de análise estão baseados na literatura, porém há sempre a necessidade de estabelecer parâmetros para cada tipo de amostra forense, por conta de suas particularidades.

O Quadro 1 representa os resultados das quantidades de DNA recuperados nas amostras testadas.

Quadro 1 - Resultado da quantificação das amostras utilizadas

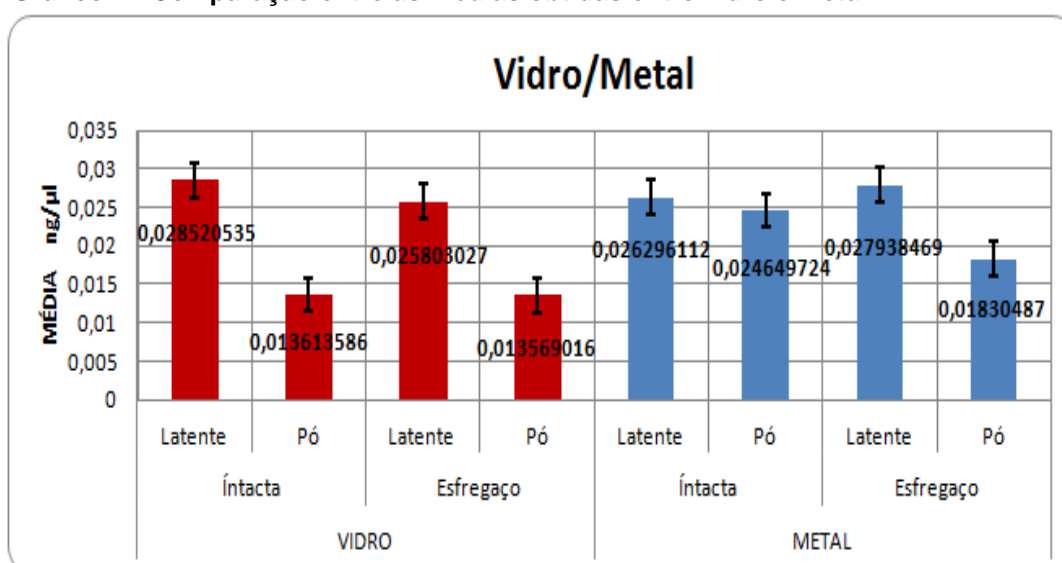
MATRIZ	DIGITAL	IMPRESSÃO	AMOSTRA	CONCENTRAÇÃO ng/μl	MÉDIA ng/μl	PERFIL GENÉTICO
VIDRO	Integra	<i>Latente</i>	1	0,016597340	0,028520535	Total ≥ a 13 loci
			2	0,021255301		
			3	0,047708964		
		<i>Pó</i>	1	0,010320967	0,013613586	Não obtido perfil
			2	0,013660835		
			3	0,016858956		
	Esfregaço	<i>Latente</i>	1	0,024804928	0,025803027	Total ≥ a 13 loci
			2	0,034239372		
			3	0,018364782		
		<i>Pó</i>	1	0,012161664	0,013569016	Não obtido perfil
			2	0,012637156		
			3	0,015908228		
MADEIRA	Integra	<i>Latente</i>	1	0,003877261	0,00129242	Não obtido perfil
			2	0		
			3	0		
		<i>Pó</i>	1	0,008128899	0,002709633	Não obtido perfil
			2	0		
			3	0		
	Esfregaço	<i>Latente</i>	1	0	0	Não obtido perfil
			2	0		
			3	0		
		<i>Pó</i>	1	0	0	Não obtido perfil
			2	0		
			3	0		
METAL	Integra	<i>Latente</i>	1	0,029135524	0,026296112	Total ≥ a 13 loci
			2	0,031391408		
			3	0,018361405		
		<i>Pó</i>	1	0,029792430	0,024649724	Total ≥ a 13 loci
			2	0,024919193		
			3	0,019237548		
	Esfregaço	<i>Latente</i>	1	0,027600523	0,027938469	Total ≥ a 13 loci
			2	0,028897628		
			3	0,027317257		
		<i>Pó</i>	1	0,002201664	0,01830487	Total ≥ a 13 loci
			2	0,025531541		
			3	0,027181405		
PLÁSTICO	Integra	<i>Latente</i>	1	0,015374523	0,009820392	Não obtido perfil
			2	0,000755863		
			3	0,013330789		
		<i>Pó</i>	1	0,007251977	0,007414064	Não obtido perfil
			2	0,007878402		
			3	0,007111813		
	Esfregaço	<i>Latente</i>	1	0,004457053	0,00247856	Não obtido perfil
			2	0		
			3	0,002978628		
		<i>Pó</i>	1	0,00468299	0,006890216	Não obtido perfil
			2	0,007058688		
			3	0,008928971		
ALVENARIA	Integra	<i>Latente</i>	1	0,002805827	0,00788152	Total ≥ a 13 loci
			2	0,007176905		
			3	0,013661827		
		<i>Pó</i>	1	0,003988301	0,013102097	Total ≥ a 13 loci
			2	0,001396026		
			3	0,033921965		
	Esfregaço	<i>Latente</i>	1	0,001332523	0,003110641	Não obtido perfil
			2	0,006065838		
			3	0,001933562		
		<i>Pó</i>	1	0,005382543	0,006674491	Não obtido perfil
			2	0,008849912		
			3	0,005791017		

Fonte: O autor 2016.

5.1 MATRIZES

Das 5 matrizes escolhidas para deposição das impressões digitais, os melhores resultados são a superfície vidro e metal, onde foi possível recuperar DNA em todas as impressões digitais, íntegra e esfregação latentes, íntegra e esfregaço com pó. Na superfície vidro latente, obteve-se a maior concentração de DNA recuperada 0,028520535ng/ μ L, conforme o Gráfico 1.

Gráfico 1 - Comparação entre as médias obtidas entre vidro e metal

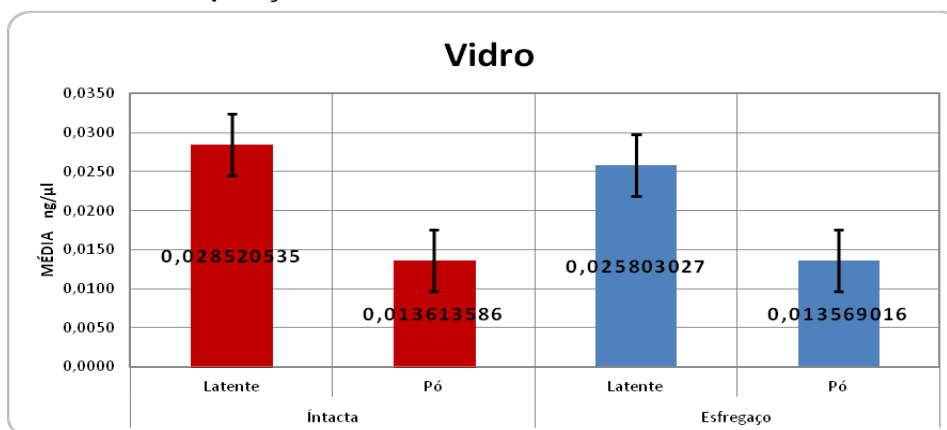


Fonte: O autor 2016.

5.1.1 Matriz Vidro

A máxima concentração de DNA obtido entre todas as matrizes foi na impressão digital “íntegra latente”, coletada da matriz vidro, com 0,028520535ng/ μ L de DNA recuperado. Já na impressão “esfregaço latente”, foi recuperado 0,025803027ng/ μ L. Com relação às amostras coletadas na matriz vidro, utilizando-se de “pó” para revelação das impressões digitais, as quantidades recuperadas foram menores nas impressões “íntegras” e “esfregaço”, ficando, respectivamente, em 0,013613586ng/ μ L e 0,013569016ng/ μ L, como representa o Gráfico 2.

Gráfico 2 - Comparação entre as médias obtidas do vidro

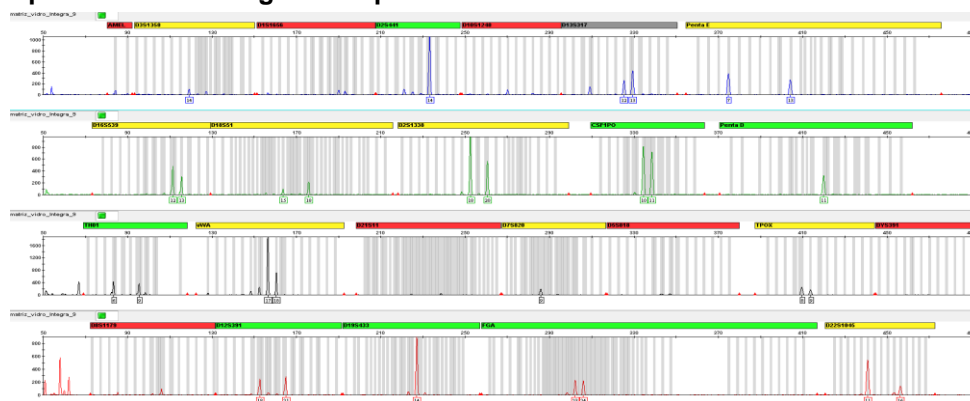


Fonte: O autor 2016.

5.1.2 Fragmentos Obtidos na Matriz Vidro

Analisando as amostras, na matriz vidro íntegra, foi possível amplificar 17 marcadores genéticos, em um total de 24, presentes no kit Power Plex Fusion (Promega), ficando apenas os marcadores AMEL, D1S1656, D10S148, D21S11, D5S818, DYS391 e o D8S1179 ausentes nas análises, justificando a não amplificação do marcador DYS391, por se tratar de amostra de origem feminina, Figura 27.

Figura 27 - Dados do eletroferograma da amostra Matriz Vidro Inteira, representando as regiões amplificadas

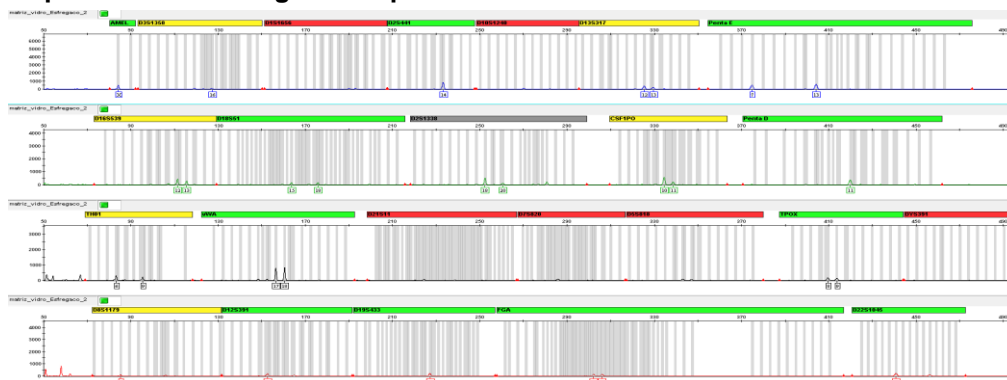


Fonte: O autor 2016.

Na Matriz vidro esfregaço foi possível amplificar 18 marcadores, em um total de 24 presentes no kit Fusion da Promega, os marcadores D1S1656, D10S1248,

D21S11, D7S820, D5S818 ficaram ausentes devido a não amplificação dos lócus e o *DYS391*, por tratar-se de amostra feminina.

Figura 28 - Dados do eletroferograma da amostra Matriz Vidro Esfregaço, representando as regiões amplificadas

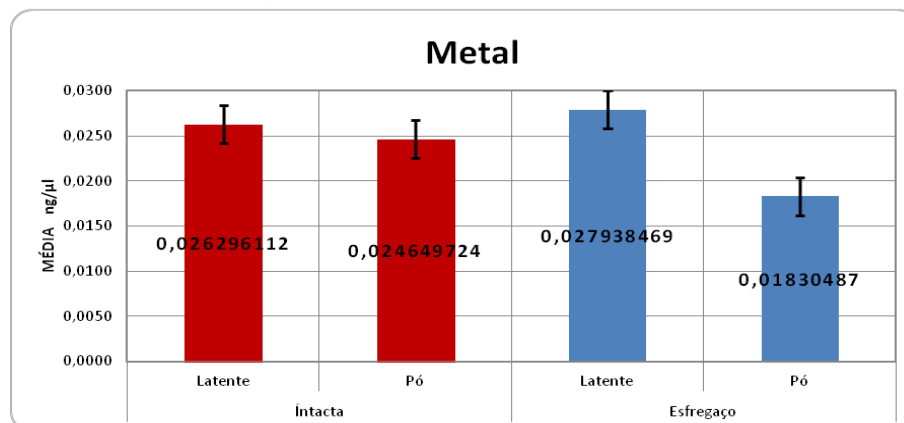


Fonte: O autor 2016.

5.1.3 Matriz Metal

De todas as superfícies de estudo, a matriz metal apresentou o melhor resultado geral, onde foi possível recuperar o DNA das impressões digitais “íntegra latente” e “esfregaço latente”, nas concentrações de 0,026296112ng/μL e 0,027938469ng/μL, seguidos das impressões digitais “íntegra com pó” e “esfregaço com pó”, nas concentrações de 0,024649724ng/μL e 0,01830487ng/μL respectivamente, como mostra o Gráfico 3.

Gráfico 3 - Comparação entre as médias obtidas do metal

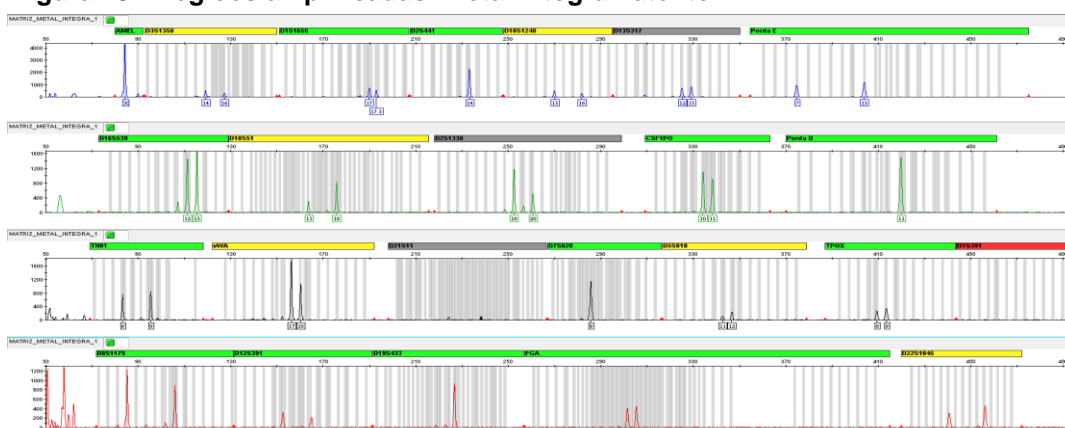


Fonte: O autor 2016.

5.1.4 Fragmentos Obtidos na Matriz Metal

A matriz “íntegra latente” revelou a presença de DNA, sendo possível amplificar 22 marcadores genéticos em um total de 24 presentes no kit Power Plex Fusion, ficando apenas os marcadores D21S11 e o DYS391 ausentes nas análises, justificando a não amplificação do marcador DYS391 por tratar-se da amostra feminina, conforme ilustrado na Figura 29.

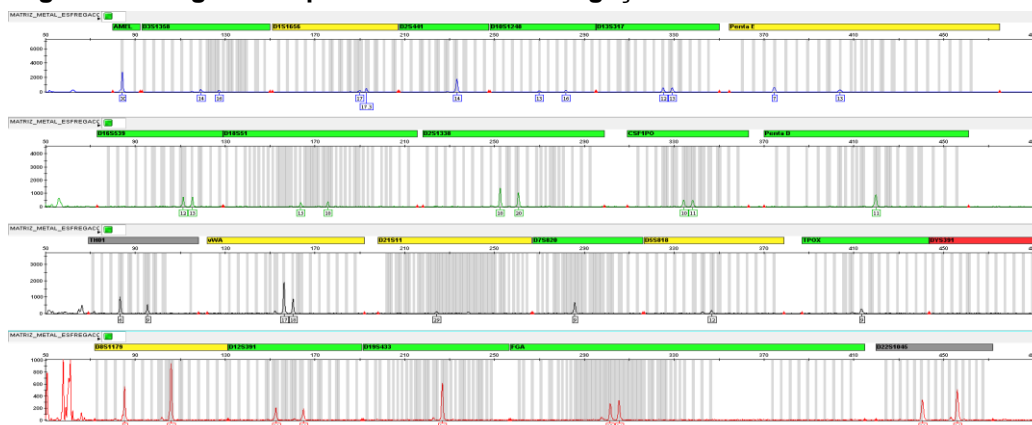
Figura 29 - Regiões amplificadas: Metal Integra Latente



Fonte: O autor 2016.

Na matriz “metal em esfregaço” foi possível amplificar 23 marcadores, em um total de 24 presentes no kit Power Plex Fusion, ficando apenas o marcador DYS391 ausente na análise, conforme ilustrado na Figura 30.

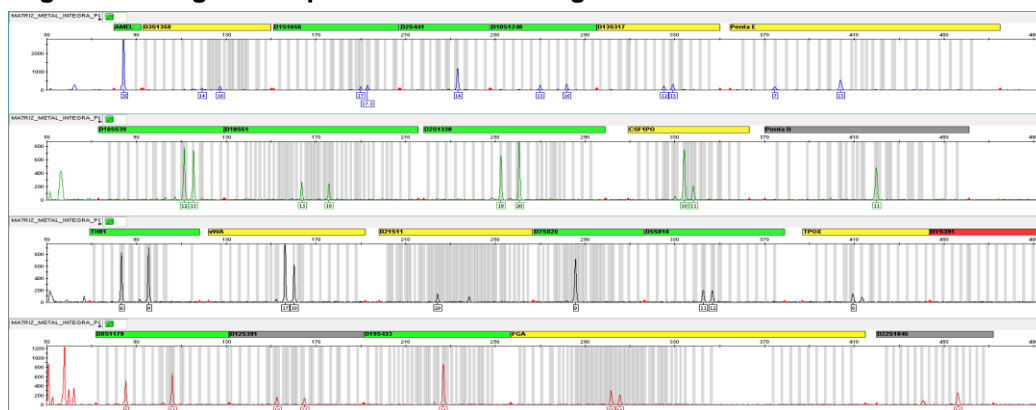
Figura 30 - Regiões amplificadas: Metal Esfregaço Latente.



Fonte: O autor 2016.

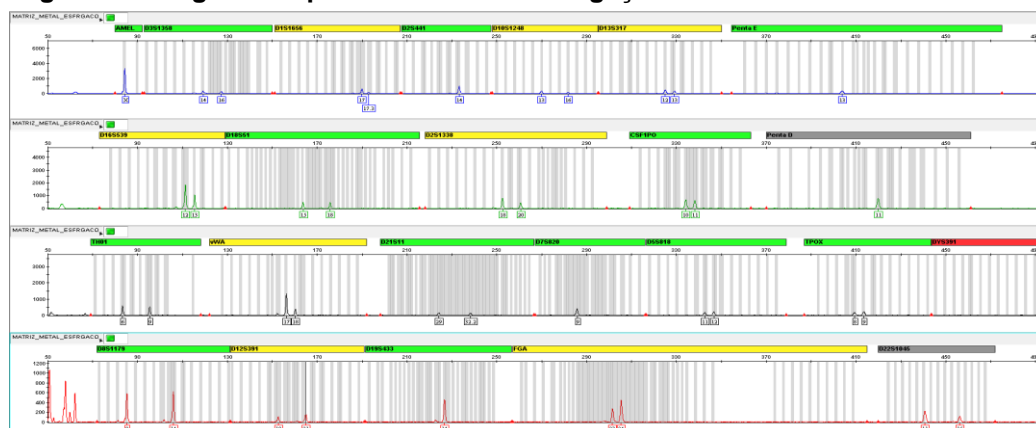
Na amostra recuperada da “matriz íntegra” e “esfregaço com pó”, houve amplificação de 23 de um total de 24, ficando apenas o marcador *DYS391*, como já esperado, por se tratar de amostra de origem feminina, Figura 31 e 32.

Figura 31 - Regiões amplificadas: Metal Integra com Pó



Fonte: O autor 2016.

Figura 32 - Regiões amplificadas: Metal Esfregaço com Pó

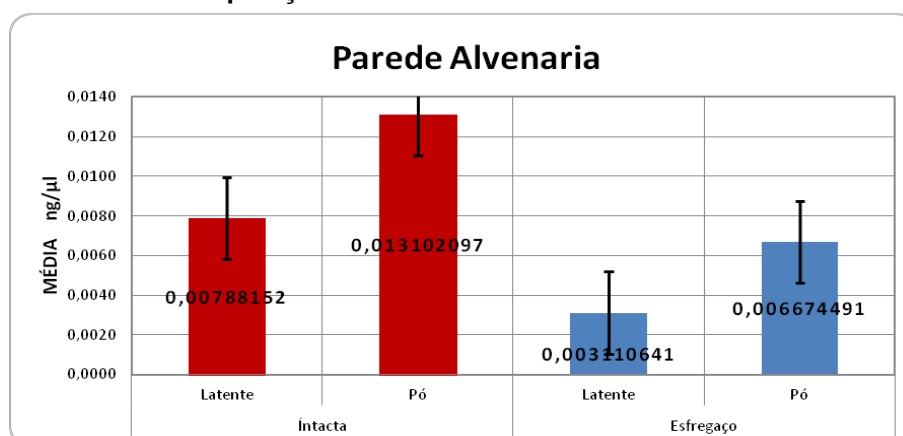


Fonte: O autor 2016.

5.1.5 Matriz Alvenaria

Na matriz alvenaria, as quantidades de DNA recuperadas foram de 0,00788152ng/μL, na impressão digital “íntegra latente” e 0,003110641ng/μL na impressão digital “esfregaço latente”. Já na “íntegra com pó” e “esfregaço com “pó”, os resultados foram respectivamente 0,013102097ng/μL e 0,0066491ng/μL, conforme se observa no Gráfico 4.

Gráfico 4 - Comparação entre as médias obtidas da alvenaria

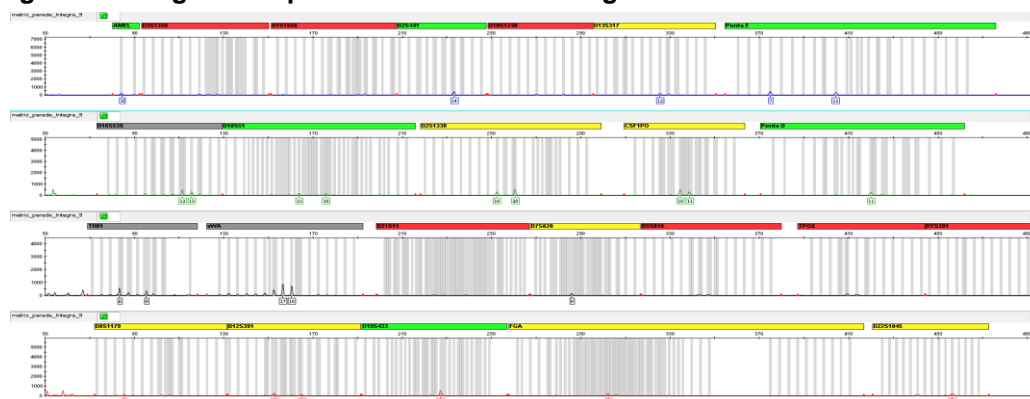


Fonte: O autor 2016.

5.1.6 Fragmentos Obtidos na Matriz Alvenaria

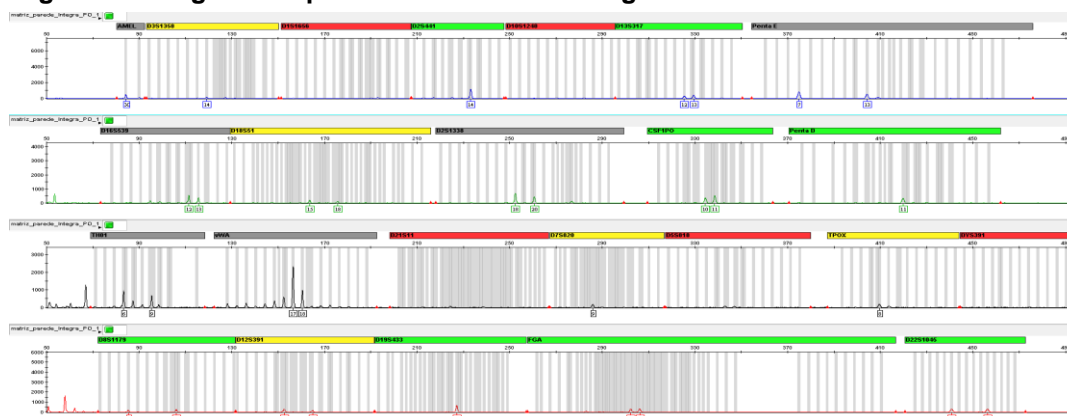
Esta matriz trouxe amplificação de 2 coletas, sendo a matriz alvenaria íntegra latente 3, com 0,013661827ng/μL de DNA recuperado e por consequência a amplificação de 17 de um total de 24, ficando sem amplificação os marcadores D3S1358, D1S1656, D10S1248, D21S11, D5S818, TPOX e DYS391 (Figura 33) e a matriz alvenaria íntegra com pó, onde a média da quantidade de DNA recuperada chegou a 0,013102097ng/μL, com a amplificação de 19 regiões do total de 24 do kit Power Plex Fusion, ficando sem amplificação as regiões D1S1656, D10S1248, D21S11, D5S818 e DYS391, (Figura 34). Nas demais amostras os resultados das quantificações foram baixas, não sendo possível obter perfil genético das amostras analisadas bem como gerar eletroferograma.

Figura 33 - Regiões amplificadas: Alvenaria Intgra Latente



Fonte: O autor 2016.

Figura 34 - Regiões amplificadas: Alvenaria Intgra com Pó

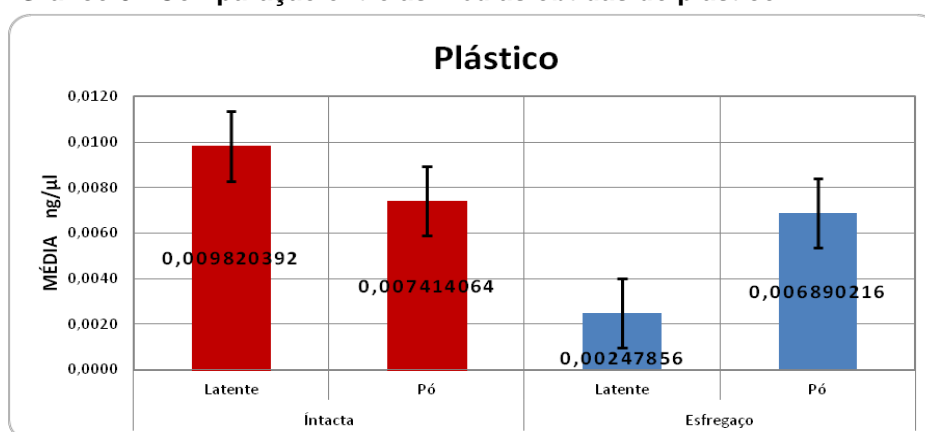


Fonte: O autor 2016.

5.1.7 Matriz Plástico

Na “matriz plástico” as quantidades de DNA recuperadas foram baixas, chegando a 0,009820392ng/μL na impressão digital “íntegra latente” e 0,00247856 ng/μL na impressão “esfregação latente”, repetindo as baixas concentrações na “íntegra com pó” e “esfregação com pó” com 0,007414064ng/μL e 0,006890216ng/μL respectivamente, conforme mostra o Gráfico 5.

Gráfico 5 - Comparação entre as médias obtidas do plástico



Fonte: O autor 2016.

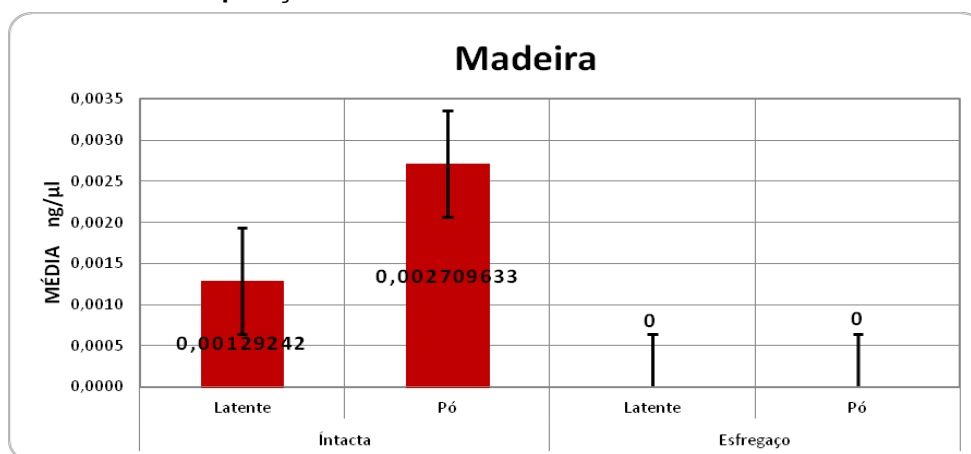
5.1.8 Fragmentos Obtidos na Matriz Plástico

O resultado da quantificação na matriz plástico demonstrou a presença de material genético, porém a baixa concentração de DNA não permitiu gerar eletroferograma com seu perfil genético analisável.

5.1.9 Matriz Madeira

A “matriz madeira” foi a que apresentou a menor quantidade de DNA recuperado, com baixa concentração nas impressões digitais “íntegra latente” e “íntegra com pó”, com 0,00129242ng/μL e 0,002709633ng/μL, respectivamente, inexistindo nas impressões digitais “esfregaço latente” e “esfregado com pó”, conforme ilustrado no Gráfico 6.

Gráfico 6 - Comparação entre as médias obtidas da madeira



Fonte: O autor 2016.

5.1.10 Fragmentos Obtidos na Matriz Madeira

Os resultados na quantificação não demonstram a presença de DNA, nas referidas amostras, com exceção da matriz madeira íntegra latente 1 e íntegra com pó. O resultado da quantificação identifica a presença de DNA, porém em concentração insuficiente para gerar amplificação do material genético e conseqüentemente o eletroferograma.

6 APLICAÇÃO EM CASO REAL

Um caso de Exame de Local de Incêndio em dois veículos foi realizado por peritos da Seção de Engenharia Legal do Instituto de Criminalística. No momento do levantamento de local os peritos encontraram uma embalagem plástica (garrafa PET) que foi devidamente fotografada, e conseqüentemente coletada as amostras a partir das impressões digitais, que posteriormente foram encaminhadas à Seção de Genética Molecular. Para realização da perícia foram coletadas 06 swabs de impressões papilares, da seguinte forma: 03 da região superior da garrafa (doravante denominado evidência 1); 02 da região média da garrafa (doravante denominado evidência 2) e 01 da região inferior da garrafa (doravante denominado evidência 3).

Neste caso foi aplicada a mesma metodologia de coleta, quantificação, extração e genotipagem das amostras coletadas no material encaminhado (Figura 35). As análises realizadas objetivaram determinar os padrões de perfis genéticos das amostras coletadas na embalagem plástica para futuro confronto com eventuais suspeitos.

Figura 35 - Garrafa Plástica com as impressões digitais



Fonte: O autor 2016.

Após análise do material coletado na embalagem plástica deixada no local de crime, observou-se um perfil genético único, que foi obtido nas evidências 1 e 3

das impressões papilares, presentes nas regiões superiores e inferiores da garrafa PET.

Este perfil encontrado, foi inserido no banco de dados da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG) para posterior confronto, Já que este banco de dados nacional é alimentado por vários estados brasileiros, é possível que em algum momento seja possível encontrar um indivíduo com essas características genéticas.

O resultado encontrado é de grande relevância à justiça, sedimentando a aplicação desta metodologia nos casos criminais, coleta e genotipagem de amostras de impressão digital para confronto genético, que são hoje uma realidade da rotina pericial.

7 DISCUSSÃO

As técnicas de recuperação de material biológico a partir das impressões digitais têm sido constantemente aplicadas. Inúmeras amostras encaminhadas ao Instituto de Criminalística do Paraná com a finalidade de genotipagem para futuro confronto genético e os perfis inseridos no banco de dados nacional de perfis genéticos, dados de grande importância a justiça.

Diversos estados brasileiros que compõem a rede integrada e os resultados de compatibilidade genética são cada vez mais frequentes, demonstrando sua importância jurídica e social.

Os resultados deste projeto corroboram com alguns estudos realizados e descritos por Sodhi (2001) Espindola (2008) que relatam a importância em se avaliar os microvestígios deixados em cenas de crime, por se tratar de materiais valiosos a serem analisados. Os dados aqui relacionados sedimentam essa importância e aplicação.

Outros estudos já realizados por Balogh *et al.* (2003), relatam ter extraído DNA de amostras de papéis que foram tocados, resultados que reafirmam a aplicação deste tipo de técnica e sua eficácia. Já Williamson, (2011) relata três estudos de caso onde as vítimas foram agarradas pelas vestes. As vestes foram analisadas, e os resultados colocavam os suspeitos nas cenas dos crimes, aplicando as técnicas de coleta de DNA de toque. As amostras coletadas das vestes foram de grande importância, pois com os dados recuperados, foi possível realizar o confronto genético, evidência vs. padrão com resultados conclusivos e relevantes.

Entretanto estudos de Murray *et al.*, (2001) e Templenton *et al.* (2013), descrevem que amostras de DNA recuperadas a partir de objetos tocados podem variar entre os indivíduos. Aspectos fisiológicos individuais podem variar fazendo com que um indivíduo desprenda mais células epiteliais no meio, em relação a outros. A sudorese excessiva ou ainda o clima, são fatores que devem ser levados em consideração e podem contribuir com uma maior quantidade de material disperso no meio.

Estes dados podem explicar o ocorrido com o caso real aqui relatado, onde foi possível a obtenção de um perfil genético completo das amostras coletadas da superfície plástica (garrafa PET) encontrada em local de crime, amostra com perfil

genético completo e os dados recuperados da superfície plástica (telefone), utilizado na realização deste projeto, onde não se obteve perfil genético.

Chassot (2012), em sua pesquisa descreve a obtenção de perfis genéticos recuperados a partir de amostras coletadas em estojos de cartuchos de arma de fogo deflagrados e não deflagrados. Esta pesquisa avaliou diferentes metodologias na extração do DNA; uma extração orgânica, usando fenol-clorofórmio e outra usando Kit comercial Prepfiler (Applied Biosystems). Seus resultados demonstram a viabilidade de se trabalhar também com amostras coletadas neste tipo de superfície, que mesmo se tratando de amostras com baixa concentração de DNA, ainda assim foi possível obter o perfil genético viável para genotipagem.

Vieira (2014) utiliza algumas superfícies que são comuns as usadas nesta pesquisa, bem como as metodologias de coleta e de extração de DNA, sendo seu diferencial de análise, a utilização do kit de amplificação usado e a não quantificação das amostras. Nas superfícies vidro, madeira, plástico e metal, utilizadas na pesquisa de Vieira, houve recuperação de material biológico. Os resultados descritos demonstram a viabilidade de se reperar DNA destas superfícies, corroborando com este trabalho e reafirmando ainda os estudos de Murray *et. al.*, (2001) e Templenton *et al.* (2013), que descrevem em seus estudos que as quantidades de DNA podem variar entre os indivíduos. Em uma das superfícies, “alvenaria” usada neste estudo e não avaliada por Vieira, foi possível recuperar DNA e ainda obter o perfil genético da amostra em questão.

Na pesquisa de Svidzinski (2014), Seus resultados são formulados a partir de superfícies como volante, alavanca de câmbio de um veículo, armas de fogo, facas e cartuchos de munição, com diferentes quantidades de DNA recuperadas, levando a obtenção de, em média, 19 marcadores amplificados das referidas superfícies.

Os estudos aqui descritos, demonstram a viabilidade da coleta, extração, amplificação e genotipagem de amostras coletadas a partir de impressões digitais, resultados que corroboram com as avaliações efetuadas e com outros estudos, que relatam que a quantidade de DNA recuperada pode variar de acordo com o tipo de superfície e com os indivíduos, que podem desprender mais ou menos material biológico no meio, reafirmando ainda que se trata de material biológico, ou seja, sofre degradação de diversas formas.

8 CONCLUSÃO

Os grandes avanços científicos das últimas décadas foram imprescindíveis para as rotinas forenses. As técnicas de biologia molecular possibilitaram estabelecer metodologias cada vez mais refinadas de trabalho, onde se pode ir dos macrovestígios encontrados em locais de crime até os microvestígios como, sangue, sêmen, saliva, cabelo, suor e etc.

Microvestígios são achados promissores encontrados em cenas de crimes, porém suas análises nem sempre são conclusivas, devido à pequena quantidade de material recuperado e as condições das amostras, considerando que os materiais biológicos sofrem a ação do tempo e suas intempéries, havendo com isso sua deterioração e a conseqüente a perda da quantidade de DNA recuperada.

Este trabalho apresentou diferentes análises de superfícies com deposição de impressões digitais, onde as quantidades de DNA recuperados foram diferentes. Os resultados obtidos nas superfícies lisas foram melhores que os obtidos nas superfícies porosas, mais ainda assim, foi possível coletar material biológico e recuperar certa quantidade de DNA, o que torna possível estabelecer a relação padrão vs. evidência.

As diversificações de metodologias aplicadas nas áreas forenses cada vez mais tendem a contribuir com o andamento positivo dos inquéritos policiais, aplicando e padronizando metodologias eficazes nas rotinas periciais, tornando possível estabelecer ligações entre amostras encontradas em locais com possíveis suspeitos.

O trabalho em conjunto das diversas áreas técnicas contribuem em ampla escala com as investigações. A possibilidade de recuperar o DNA de impressões datiloscópicas é mais uma realidade nas rotinas periciais brasileiras.

Este trabalho e os demais aqui citados fundamentam que é possível criar uma ligação entre as amostras recuperadas, sempre ressaltando a importância das provas genéticas devido ao seu alto poder discriminatório. O caso real analisado nas dependências do laboratório de DNA da Polícia Científica do Paraná, apresenta resultados que corroboram com outras pesquisas que norteiam este tema.

A aplicação de novas metodologias de trabalho, bem como a análise nas áreas periciais, são de grande relevância à justiça, colocar em prática novas

pesquisas, investir em desenvolvimento tecnológico, que destacam a perícia e a justiça um passo a frente do crime.

REFERÊNCIAS

ASSIS, A. M. L. *et al.* Estudo da obtenção de DNA de impressões digitais latentes coletadas em cenas de crime e da ação interferente de agentes reveladores na genotipagem de microssatélites, 2008.

BALOGH, M. A.; BURGER, J.; BENDER, K.; SCHNEIDER, P. M.; ALT, K. W. STR genotyping and mtDNA sequencing of latent fingerprint on paper. *Forensic Science International.*, v. 137, p.188–195, 2003.

BALOGH, M. A, *et al.* Fingerprint from fingerprints, *Prog. Forensic Genet.* v.9 p. 953–957, 2003.

BARNETT R, Larson G. A phenol-chloroform protocol for extracting DNA from ancient samples. *Methods Mol Biol.* 2012 Jan; 840:13–9.

BEIGUELMAN, B. A. Interpretação genética da variabilidade humana. Ribeirão Preto: SBG, 2008

BEIGUELMAN, B. Dinâmica dos genes nas Populações e nas famílias. 2 ed. São Paulo: Edart, 1972. 212 p.

BENECKE, M. DNA typing in forensic medicine in criminal investigations : a current survey. *Die Naturwissenschaften*, v.84, n.5, p.181-188.1997.

BONACCORSO, N., S.; Aplicação de exames de DNA na elucidação de crimes Dissertação Mestrado -Universidade de São Paulo- USP. São Paulo, 2005.

BONACCORSO, N., S.; Aspectos técnicos, éticos e jurídicos relacionados com a criação de banco de dados criminais de DNA no Brasil. 2010. 262 f. Tese (Doutorado) -Universidade de São Paulo- USP. São Paulo, 2010.

BRASIL. Código de Processo Penal (1941). Decreto Lei nº 3.689 de 3 de Outubro de 1941. Legislação Federal.

BRASIL. Departamento de Polícia Federal. Extrato de Compromisso. Diário Oficial da União, Brasília, Seção 3p. 81. 12 março 2016. Disponível em: <<http://www.in.gov.br/visualiza/index.jsp?data=12/06/2009&jornal=3&pagina=81&totalArquivos=168>>.

BRASIL. Lei nº 12.654, de 28 de maio de 2012. Altera as Leis nos 12.037, de 10 de outubro de 2009, e 7.210, de 11 de julho de 1984 - Lei de Execução Penal, para prever a coleta de perfil genético como forma de identificação criminal, e dá outras providências. 2012.

BUDOWLE, B. et al. Simple protocol for typing forensic biological evidence: chemiluminescent detection for human DNA quantitation and restriction fragment length polymorphis (RFLP) analyses and manual typing of polymerase chain reaction (PCR) amplified polymorphisms. *Electrophoresis*, v.16, n.9, p. 1559-1567. 1995.

BUDOWLE, B.; VAN DAAL, A. Forensically relevant SNP classes. *Bio Techniques*, v. 44, n. 5, p. 603-8, 610, 2008).

BUTLER, J. M. *Fundamentals of Forensic DNA Typing*: Academic Press; BASIC DNA PRINCIPLES, 19pg. 2010.

BUTLER, J. M. *Fundamentals of Forensic DNA Typing*: Academic Press; BASIC DNA PRINCIPLES, 140pg. 2010.

BUTLER, J. M. *Fundamentals of Forensic DNA Typing*: Academic Press; BASIC DNA PRINCIPLES, 183pg. 2010.

BUTLER, J. M. *Forensic DNA Typing, Biology, Technology, and Genetics of STR Markers*. Second ed. Academic Press, 655p.2005.

BUTLER J. M. *Forensic DNA Typing, Second Edition: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers*. Academic Press; 2 edition; 2005

BUTLER, John. Marshall. *Forensic DNA Typing: Biology and Technology Behind STR Markers 2. ed.* Portland: Academic Press; 2005. 688 p.

BUTLER, J. Short tandem repeat typing technologies used in human identity testing. *Bio Techniques*, v. 43, n. 4, p. Sii-Sv, out. 2007.

BUTLER, J.M. *Forensic DNA Typing* Academic Press, San Diego. 2001

CALADO, F.; SIMAS, A., *Técnicas de Revelação de Vestígios Lofoscópicos*. Instituto Superior de Polícia Judiciária e Ciências Criminais. Portugal (2002).

CAPELLI, C.; TSCHENTCHER, F.; PASCALI, V., L;. "Ancient" protocols for the crime scene? Similarities and differences between forensic genetics and ancient DNA analysis. *Forensic Science International*, v. 131, p.59-64, 2003.

CAPUTO M., IRISARRI M, ALECHINE E, Corach D. A DNA extraction method of small quantities of bone for high-quality genotyping. *Forensic Sci Int Genet* . 2013 Sep ; 7(5):488–93.

CHASSOT, F.; G.; C.; *Estoijos de cartuchos deflagrados como fonte de DNA: Obtenção de perfil STR a partir de células epiteliais presentes na superfície de estoijos*. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, 2012.

CHEMELLO, E. *Química Virtual*, 2006.

COOPER, G. M. *The Cell, A Molecular Approach*. Sunderland (MA): Sinauer Associates. 2000.

CROXTON, S., R.; BARON, G., M.; BUTLER, D.; KENT, T.; SEARS, G., V.; Variation in amino acid and lipid composition of latent fingerprints. *Forensic Science International*, v. 199, p. 93–102, 2010. Disponível em: <www.elsevier.com/locate/forensi>.

DAUGMAN, J. Recognizing persons by their Iris patterns. IET Meeting: Paris, 2007.

DEL-CAMPO, E., R., A.; Exame e Levantamento Técnico Pericial de Locais de Interesse à Justiça Criminal: Abordagem Descritiva e Crítica. Dissertação de Mestrado, Faculdade de Direito da USP, 2008.

ESPINDULA, ALBERI. Idoneidade do vestígio. Conteúdo Jurídico, Brasília-DF: 07 out. 2008. Disponível em: <<http://www.conteudojuridico.com.br/?artigos&ver=2.21297&seo=1>>. Acesso em: 19 fev. 2016.

EVETT, I. W.; WEIR, B. *Interpreting DNA Evidence*, Massachusetts: Sinauer Associates. 1988.

FILHO, C., R., D.; Cadeia de custódia: do local de crime ao trânsito em julgado; do vestígio à evidência. *Revista dos Tribunais*, 883:436–451, 5 2009.

FILHO, G., H.; *et al.*, Identificação Humana. Porto Alegre, Sagra Luzzatto, 1999.

FINDLAY, I.; TAYLOR, A.; QUIRKE, P.; FRAZIER, R. DNA fingerprinting from single cells, *Nature* v. 389 (6651) (1997) p 555–556.

FONDEVILA, M., PEREIRA, R.; GUSMÃO, L.; PHILLIPS, C.; LEREU, M. V.; CARRACEDO, A.; BUTLER, J. M.; VALLONE, M. P. Forensic performance of insertion–deletion marker systems” *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 3(1), pp.e443–e444, 2011.

FRIDEZ, F.; COQUOZ, R. PCR DNA typing of stamps: evaluation of the DNA extraction, *Forensic Sci. Int.* v. 78 (2) p.103–110, 1996

GAERTNER, C., J., F., BINSFELD, P.; Técnicas de Biologia Molecular aplicadas na Investigação Forense. Disponível em: <http://www.cpgls.ucg.br/6mostra/artigos/.pdf>.

GARRIDO, R. G.; GIOVANELLI, A.; Criminalística – origem, evolução e descaminhos. *Cadernos de CIENCIAS Sociais Aplicadas*. Vitória da Conquista, v.5/6 p.43-60. 2009.

GILL, P.; JEFFREYS, A. J.; WERRETT, D. J. Forensic Application of DNA Fingerprints. *Nature*, v. 318, p. 577-579, 1985.

GILL, P. The evolution of DNA databases: recommendations for new European STR loci. *Forensic Science International*, v. 156, p. 242-244, 2006.

GORAY M, MITCHELL R.J. Investigation of secondary DNA transfer of skin cells under controlled test conditions. *Leg Med (Tokyo)*. 2010 May; 12(3):117–20.

HIGUCHI R., FOCKLER C., DOLLINGER G., WATSON R. Kinetic PCR analysis: real-time monitoring of DNA amplification reactions. *Biotechnology (N Y)*. 1993 Sep;11(9):1026–30.

HORSMAN-HALL KM, ORIHUELA Y, KARCZYNSKI SL, DAVIS AL, BAN JD, GREENSPOON S A. Development of STR profiles from firearms and fired cartridge cases. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2009 Sep; 3(4):242–50.

JASUJA, O., P.; TOOFANY, M., A.; SINGH, G.; SODHI, G., S., “Dynamics of latent fingerprints: of ninhydrin developed prints – A preliminary study”, *Science and Justice* 49 (2009).

JEFFREYS, A. J.; BROOKFIELD, J. F. Y.; SEMEONOFF, R. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. *Nature*, v v. 317, p. p. 818-819, 1985.

JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; THEIN, S. L. Hypervariable “minisatellite” regions in human DNA. *Nature*, v. 314, n. p. p. 67-73, 1985.

JEFFREYS, A. J. ET AL.; Minisatellite repeat coding as a digital approach to DNA Typing. *Nature*, v. 354, n. 6350, p. 204-209, 1991.

JEFFREYS, A. J. Genetic fingerprinting. *Nature medicine*, v.11, n. 10, p. 1035-1039, 2005.

JOBLING MA, GILL P. Encoded evidence: DNA in forensic analysis. *Nat Rev Genet.* 2004 Oct ;5(10):739–51.

JORDE, L. B.; WATKINS, W. S.; BAMSHAD, M. J. Population Genomics: a brief from evolutionary history to genetic medicine. *Human Molecular Genetics*, V. 10, n. 20, p. 2199-207, 2001.

JORDAO, N. Q.; SANTIAGO, A. P. A. C. S.; MONTENEGRO, J. B. Identificação de corpos carbonizados no IML-PE. *Derecho y Cambio Social, Peru*, v.3, 2011.

JUNQUEIRA L. C.; CARNEIRO J. *Histologia Básica*. 11ª Edição. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2008.

KEHDY, C., *Exercícios de Dactiloscopia*. Ed. Sugestões Literárias, 1968.

KÖCHL S, NIEDERSTÄTTER H, PARSON W. DNA extraction and quantitation of forensic samples using the phenol-chloroform method and real-time PCR. *Methods Mol Biol.* 2005 Jan; 297:13–30.

LACERDA, P.; Doação de DNA por criminosos pode ser lei. Perícia Federal: Associação Nacional dos Peritos Criminais Federais, Brasília. Ano XVIII, nº 29, p.32-35. Março/2012. Disponível em: <http://www.apcf.org.br/>. Acesso em: out. 2015.

LEITÃO. J. R.; SILVA. Levantamentos de locais de crimes. 2001.

MALTONI, D., MAIO, D., JAIN, A., et al., Handbook of Fingerprint Recognition. Springer, 2003.

MINISTÉRIO DA JUSTIÇA. Diagnóstico da Perícia Criminal no Brasil. 2012 p. 107.

MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, Manual de Procedimento Operacional da RIBPG versão 2 Aprovado pelo Comitê Gestor da Resolução nº 06, de 11 de novembro de 2014, do Comitê Gestor da RIBPG, 2014. Disponível em <http://www.justica.gov.br/>. Acesso em: maio, 2016.

MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, III Relatório da RIBPG, Dados Estatísticos e Resultados Relativos, p.06, 2015. Disponível em <http://www.justica.gov.br/>. Acesso em: maio, 2016.

MINISTÉRIO DA JUSTIÇA, III Relatório da RIBPG, Dados Estatísticos e Resultados Relativos, p.14, 2015. Disponível em <http://www.justica.gov.br/>. Acesso em: maio, 2016.

MURRAY, C.; LOWE. A.; RICHARDSON, P.; WIVELL, P.; GILL, P.; TULLY, G.; WHITAKER, J. Use of low copy number (LCN) DNA in forensic inference, 2001.

NUSSBAUM, R.L.; MCLNNES, R.R.; WILLARD. H.F. Thompson & Thompson Genética Médica. 7ª ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2008.

OLIVEIRA, R. N.; ET Al. Contribuição da odontologia legal a identificação post-mortem. Disponível em: http://www.malthus.com.br/artigos_print.asp?thus=s&id=71. acesso em: 10 de julho 2015.

OORSCHOT, V. H. A.R, JONES MK. DNA fingerprints from fingerprints. Nature 1997; 387:767.

OORSCHOT, V. H. A.R.; WESTON, R.K.; JONES, M.K. Retrieval of DNA from touched objects, in: ANZFSS (Eds.), Proceedings of the 14th International Symposium on the Forensic Sciences of Australian and New Zealand Forensic Science Society.
http://www.forensic.gov.uk/forensic/conference/papers/genetic_profiles.pdf.

OTTO PG, OTTO PA, FROTA-PESSOA, O. Genética Humana e Clínica. 2. Ed. São Paulo, ROCA, 2004.

PENA, S., D., J.; Segurança Pública: determinação de identidade genética pelo DNA. Parcerias Estratégicas, n. 20, p.447-460, 2005.

PINHEIRO, L., B.; RAIMANN, P., E., Extração de DNA em Impressões Digitais já Reveladas com Carbonato de Chumbo II, Óxido de Ferro II e Ninidrina. *Revista do Instituto Geral de Perícias*, v. 1, n.4, p.17 –22, 2011.

PITKETHLY, M., “Nanotechnology and forensics”, *Materials Today* 12 (2009).

PROCEDIMENTOS OPERACIONAIS PADRÃO (POP's) do Laboratório de Genética Molecular Forense, Polícia Científica do Paraná, 2006.

PROCEDIMENTO OPERACIONAL PADRÃO (POP 6.2) do Ministério da Justiça e Secretaria Nacional de Segurança Pública de 2013.

RABELLO, E. *Curso de Criminalística*. Porto Alegre: Sagra Luzzatto 1996.

RAMOTOWSKI, S., R.; Composition of Latent Print Residue. In: LEE, H. C.; GAENSSLEN, R. E. *Advances in fingerprint technology*. 2.ed. Estados Unidos da América: CRC Press, 2001. Cap.3, p. 75 –116.

ROEPER, A.; REICHERT, W.; MATTERN, R., The Achilles tendon as a DNA source for STR typing of highly decayed corpses. *Forensic Science International*, v. 173, p.103-106, 2007.

SAMUELS, J. E.; ASPLEN, C. The future of forensic DNA testing: prediction of the research and development working group. Washington: NIJ, 2000.

SAIKI, R. K. *et al.* Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science (New York, N.Y.)*, v. 239, n. 4839, p. 487-91, 29 jan. 1988.

SCHULZ, M. M.; REICHERT, W. Archived or directly swabbed latent fingerprints as DNA source for STR typing. *Forensic Science International*. v 127 p.128-130, 2002.
<http://www.sciencedirect.com/science/journal/03790738>
<http://www.sciencedirect.com/science/journal/03790738>

SILVA N., M., Pereira L, Poloni ES, Currat M. Human neutral genetic variation and forensic STR data. *PLoS One*. 2012 Jan; 7(11):e49666.

SODHI G.; S, Kaur J. Powder method for detecting latent fingerprints: a review. *Forensic Sci Int*. 2001 Sep; 120 (3):172–6.

SVIDZINSKI, A.; E.; Estudo de Perfis Genéticos Obtidos a Partir de Amostras de DNA Produzidas por Contato. *Dissertação de Mestrado*. Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde, Universidade de Brasília, 2014.

TEMPLENTON, *et al*, Genetic profiling from challenging samples: Direct PCR of touch DNA, *Forensic Science International: Genetic Supplement Series* 4, e224-e225, 2013.
<http://www.sciencedirect.com/science/journal/03790738>

TOUTINHO FILHO, F. C.; Manual de Processo Penal . 15ª ed. rev. e de acordo com a Lei n. 12.403/2011. São Paulo: Ed. Saraiva, 2013.

TOURINO FILHO, F. C.; Processo Penal. 10ª Ed. v.4. São Paulo. Saraiva, 1989.

VELHO, *et al*, Locais de Crime, dos Vestígios à Dinâmica Criminosa. 1ª Ed. Campinas/SP, Editora Millenium; p.01-05, 2013.

VERMEULEM M. et. al. Improving global and regional resolution of males lineage differentiation by simple single-copy Y chromosomal short tandem repeat polymorphisms. *Forensic science international. Genetic*, v.3, n.4, p.205-213, 2009.

WICKENHEISER R.A.; HONS.B.S. Trace DNA: A Review, Discussion of Theory, and Application of the Transfer of Trace Quantities of DNA Through Skin Contact. *Journal of Forensic Sciences.*, v. 47(3) p. 442-450, 2002.

WILLIAMSON, A., L.; Touch DNA: Forensic collection and application to investigations, *J. Assoc. Crime Scene Reconstr.*, 1-5, 2012.

WOELFERT, A., J., T.; Introdução a Medicina Legal. 1ª Ed. Canoas-RS, Editora Ulbra, 2003.

WREN, J. D. et al. Repeat polymorphisms within gene regions: phenotypic and evolutionary implications. *American Journal of Human Genetics*, v. 67, n. 2, p. 345-56, 2000.

WYMAN AR, White R. A highly polymorphic locus in human DNA. *Proc Natl Acad Sci.* 1980 Nov 1.

ZAMIR A, SPRINGER E, GLATTSTEIN B. Fingerprints and DNA: STR typing of DNA extracted from adhesive tape after processing for fingerprints. *J. Forensic Sci.*; v. 45(3) p. 687-688, 2000