

-- CONHECIMENTOS ESPECÍFICOS --

Em investigações forenses, vestígios biológicos coletados sob as unhas de vítimas podem ser cruciais para esclarecer casos de agressão física ou sexual. Um estudo recente avaliou a transferência e persistência de DNA masculino sob as unhas de mulheres em simulações controladas de arranhões. As amostras subungueais foram coletadas em diferentes momentos após o contato, sem limpeza prévia das unhas. Os resultados indicaram que o DNA do homem arranhado foi detectado até 6 horas após o evento, com uma diminuição significativa após as 3 primeiras horas. Além disso, entre 6 e 24 horas após o arranhão, foram detectados perfis genéticos masculinos estranhos aos participantes, o que sugere possível contaminação de fundo ou transferência posterior. Esses achados reforçam a importância de se considerarem o tempo de coleta e a possibilidade de DNA de fundo na interpretação de evidências subungueais, especialmente ao se avaliar o tipo de atividade envolvida.

Damour, Géraldine *et al.* Tracking male DNA transfer and survival under female victim fingernails: insights from a 24 h scratch simulation. *Forensic Science International: Genetics*, v. 78, 2025 (com adaptações).

Considerando o texto precedente como referência inicial, julgue os itens subsequentes, relativos à genética forense.

- 51 A baixa persistência de DNA subungueais após 6 horas decorre da rápida degradação do DNA fora do corpo.
- 52 A análise de lâminas com as amostras subungueais coletadas logo após um arranhão em um braço de um agressor revela, à observação em microscopia óptica, conjuntos de células alongadas e fusiformes, sendo parte delas uninucleadas e binucleadas, típicas de tecido epitelial cutâneo.
- 53 A análise de marcadores situados no cromossomo Y é inadequada quando se avalia um conjunto de suspeitos que compartilham um ancestral comum via paterna.
- 54 Se o DNA de fundo das amostras subungueais for originário de um animal macho, como o cachorro da vítima, por exemplo, e estiver em maior quantidade que o DNA do suspeito, o perfil genético obtido por análise de conjuntos comerciais de STR (*short tandem repeats*) do cromossomo Y irá excluir o suspeito.

Em investigações forenses, a estimativa da idade de um possível autor de crime pode ser uma ferramenta valiosa para a redução do número de suspeitos. Embora as pesquisas nessa área tenham se concentrado majoritariamente em modificações epigenéticas, há evidências de que os padrões de expressão de RNA (transcriptoma) também variam com o avanço da idade, o que constitui uma alternativa promissora para a predição etária com base molecular.

A partir das informações precedentes, julgue os itens seguintes.

- 55 As modificações epigenéticas referem-se a alterações químicas na molécula de DNA, como a acetilação de histonas, mas que não alteram a sequência de bases nitrogenadas.
- 56 O fato de o transcriptoma variar com o avanço da idade reflete que há diferença no repertório de genes que são transcritos em diferentes fases da vida.
- 57 O produto do processo de transcrição em eucariotos terá como destino final a tradução em uma proteína específica.
- 58 O resultado da análise do transcriptoma de uma amostra obtida de uma mancha de sangue encontrada em uma cena de crime será diferente se o sangue for venoso ou menstrual.
- 59 As moléculas analisadas para a obtenção dos padrões de expressão (transcriptoma) são do tipo ácido ribonucleico com uma base modificada, a 7-metilguanossina, na extremidade 3', formando o CAP.

Julgue os itens subsequentes, tendo em vista que as proteínas têm ampla aplicação forense, tal que os avanços contínuos na proteômica e em tecnologias correlatas prometem aumentar as capacidades dessas abordagens centradas em proteínas, assegurando sua utilidade contínua na busca por justiça e verdade.

- 60 A principal diferença entre as proteínas está na sequência de beta-aminoácidos, cuja variabilidade na natureza é de 20 tipos, que se combinam a depender da sequência de trifosfatos de desoxinucleotídeos dos genes que as codificam.
- 61 A alteração de um único aminoácido na composição de uma enzima tem o potencial de alterar a atividade enzimática, principalmente quando essa alteração estiver no sítio ativo da enzima.
- 62 A identificação de aminoácidos essenciais, como histidina, isoleucina e leucina, na cena de um crime revela a presença de espécies vegetais, o que pode auxiliar no entendimento da dinâmica do crime.
- 63 Cada proteína de um dado organismo eucarioto é codificada por um dado gene, seja nuclear, seja extranuclear, cujo produto da transcrição é um RNA mensageiro.

Considerando os avanços da genética forense, que atualmente permite, além da identificação individual, a inferência de traços físicos, ancestralidade biogeográfica, hábitos de vida como o consumo de álcool e tabaco, além da identificação de inúmeras espécies, julgue os itens subsequentes.

- 64 Para a obtenção de ácidos nucleicos na busca de identificação de espécies em produtos derivados de animais, como marfim, couro e embutidos (como presuntos), é necessário o rompimento da parede celular, que, devido a sua composição proteica, pode ser aberta com o uso de enzimas de atividade exonuclease.
- 65 Os marcadores do tipo STR estão deixando de ser usados na prática forense por serem tradicionalmente analisados com base no sequenciamento de um número limitado de segmentos do DNA.
- 66 Para a inferência de hábitos de vida, como o consumo de álcool e tabaco, a partir de uma amostra localizada em cena de crime, uma estratégia é avaliar o epigenoma, pois hábitos de vida como os citados provocam modificações no padrão de metilação, o que pode ter impacto no funcionamento de genes.
- 67 O genoma humano, assim como o de outros primatas, distingue-se do genoma de outros organismos, como, por exemplo, fungos, plantas e peixes, por apresentar um número significativamente maior de genes codificadores de proteínas.
- 68 Perfil genético é um conjunto de genótipos obtido a partir da análise de um conjunto de marcadores genéticos selecionados, ou seja, um perfil genético útil para a identificação individual pode não ser útil para a inferência de traços físicos e ancestralidade biogeográfica.

Um estudo liderado por pesquisadores da Universidade de São Paulo, publicado na revista **Science**, analisou o genoma de 2.723 brasileiros de diferentes regiões e mostrou que três genes associados a fertilidade, imunidade e metabolismo energético sobreviveram ao processo de colonização e à intensa miscigenação que aconteceram no território brasileiro. Segundo uma das responsáveis pelo estudo, o sistema imunológico está relacionado a uma ancestralidade africana, o sistema de metabolismo energético teria vindo dos povos indígenas e a fertilidade teria sido herdada dos europeus. “É algo que lá atrás fazia sentido para a sobrevivência desses indivíduos”, complementou.

Flávio Ismerim. **Miscigenação intensa provocou seleção natural no Brasil em apenas 500 anos.** Internet: <www.cnnbrasil.com.br> (com adaptações).

Tendo o texto precedente como referência inicial, julgue os próximos itens, acerca de genética de populações.

- 69 Considere que, em uma população de 500 indivíduos, tenha sido estudado um marcador genético específico que exibe dois alelos, B e N, sendo observados 150 indivíduos com genótipo BB, 200 indivíduos com genótipo BN e 150 indivíduos com genótipo NN. Nessa situação hipotética, a população em apreço encontra-se de acordo com o princípio de Hardy-Weinberg.
- 70 Ao analisar a probabilidade de coincidência de perfis genéticos nas populações, os cálculos devem ser ajustados com base na estrutura populacional, incorporando nas fórmulas o coeficiente de Wright, um ajuste feito para corrigir a endogamia dentro de uma população.
- 71 A mistura genética mencionada no texto, que ocorre quando os indivíduos têm ascendência de mais de uma subpopulação, é uma consequência do fluxo gênico, que pode levar à introdução de novos alelos em uma população, aumentando a variabilidade genética.
- 72 No equilíbrio de Hardy-Weinberg ideal, as forças evolutivas de mutação, seleção e deriva genética podem-se opor umas às outras e criar um equilíbrio dinâmico no qual não há modificação real das frequências alélicas.
- 73 Apesar da grande miscigenação, ainda há no Brasil subpopulações isoladas (em comunidades indígenas, por exemplo), nas quais os indivíduos são mais suscetíveis a acasalar com um parente relacionado que nas grandes populações; assim, ocorrem cruzamentos consanguíneos, que aumentam a frequência de heterozigotos em uma população e podem resultar em maior ocorrência de distúrbios genéticos recessivos.

Em relação à coleta de vestígio biológico em local de crime e à cadeia de custódia de vestígios biológicos, julgue os itens que se seguem.

- 74 Antes de serem descartados, os vestígios de material biológico devem ser mantidos armazenados em condições adequadas pelo prazo de 10 anos, conforme legislação vigente; e seu descarte deve ser feito em lixo apropriado, com a utilização de equipamentos de proteção individual específicos.
- 75 Se, durante a inspeção de uma faca descartada em um arbusto localizado nas redondezas de determinado local de crime, forem encontradas impressões digitais obscurecidas por uma mancha de sangue, então, nesse caso, deve-se dar preferência ao exame papiloscópico em detrimento do exame de DNA, pois as impressões papiloscópicas serão do autor do crime e o sangue, da vítima.
- 76 Durante o processamento de vestígios biológicos em um laboratório de DNA, deve ser evitado o fluxo de materiais e pessoas das áreas destinadas à amplificação e à genotipagem para as áreas onde são realizadas atividades prévias à amplificação.

A respeito de metodologias e técnicas em genética forense, julgue os itens subsequentes.

- 77 Na eletroforese, os produtos de amplificação de microssatélites (STR) marcados com corantes fluorescentes são separados e detectados, e as informações de pico resultantes (tamanho e quantidade de DNA) compõem o genótipo STR.
- 78 Durante o exame pericial de genética forense, o processamento de uma amostra questionada deve seguir as seguintes etapas: avaliação/amostragem do vestígio, extração do DNA, validação, amplificação e eletroforese.
- 79 A amplificação consiste em um processo enzimático no qual uma região específica do DNA é replicada repetidamente para produzir várias cópias de uma sequência específica.
- 80 O excesso de DNA presente em uma amostra pode gerar artefatos na reação de PCR que dificultam a interpretação dos resultados.
- 81 Ao extrair materiais biológicos para fins de genotipagem forense, é importante tentar prevenir a degradação do DNA molde e, sempre que possível, remover inibidores da reação em cadeia da polimerase (PCR).

No que concerne às técnicas de sequenciamento de DNA, julgue os itens seguintes.

- 82 Um diferencial do sequenciamento de Sanger é a ocorrência de picos sobrepostos no caso de análises de misturas de material genético, sendo os denominados picos ambíguos ferramentas úteis na análise de múltiplos alvos simultaneamente.
- 83 O sequenciamento de Sanger é um método fundamental para determinar a ordem dos nucleotídeos no DNA por meio da utilização de DNA polimerase, *primers* e ddNTPs fluorescentes, que interrompem a síntese do DNA de forma controlada.
- 84 Em comparação à eletroforese capilar, a principal vantagem do método de sequenciamento massivo paralelo (SMP) é a sua maior rapidez, que reduz significativamente o tempo de bancada e o tempo de corrida, embora os custos de aquisição e os custos por reação ainda sejam elevados.

Julgue os itens a seguir, relativos a tecnologias emergentes em genética forense.

- 85 A fenotipagem forense por DNA é uma técnica que prevê características externas perceptíveis, como a aparência, a ancestralidade biogeográfica, a idade e o tipo de tecido corporal, com o objetivo de, na ausência de uma amostra de referência que possa ser comparada, oferecer pistas investigativas para auxiliar na identificação de características do indivíduo desconhecido que possui o DNA em análise.
- 86 A tecnologia de DNA rápido possibilita que todas as etapas de processamento de uma amostra biológica, ou seja, lise celular, extração, quantificação, amplificação, eletroforese capilar e análise de dados, sejam realizadas em um único equipamento e em um período entre 1 hora e 2 horas.

Julgue os itens a seguir, relativos à estatística bayesiana aplicada à análise de dados genéticos.

- 87** O teorema de Bayes é uma ferramenta útil para tornar mais clara aos membros de um tribunal a regra da avaliação da prova usada pelo cientista, permitindo que a crença do júri seja atualizada pela nova informação, a prova científica.
- 88** Considere que, em uma investigação, os resultados de um exame genético indiquem, com base na evidência atual, 90% de chance de que o DNA encontrado na cena do crime pertença ao suspeito (hipótese H1) e 10% de chance de que pertença a outra pessoa (hipótese H2). Considere, ainda, que, em investigações anteriores, as probabilidades iniciais fossem de 70% para H1 e 30% para H2. Nessas condições, supondo-se que essas duas hipóteses sejam as únicas possíveis, é correto afirmar que a probabilidade de H2 ser verdadeira após a consideração conjunta dessas informações (probabilidades iniciais e evidência atual) é superior a 0,10.
- 89** O teorema de Bayes pode ser corretamente empregado para determinar a frequência alélica de um indivíduo suspeito, com base no banco de dados populacional.
- 90** Em relação à estatística clássica, a estatística bayesiana oferece uma abordagem mais direta para determinadas questões, incorporando as informações disponíveis *a priori* e fornecendo uma maneira mais simples de interpretar os resultados.

Em um teste de paternidade, foi analisado um único *locus* genético, tendo os perfis genéticos observados sido os seguintes: a mãe apresenta genótipo AB; a criança apresenta genótipo AB; o suposto pai apresenta genótipo BB.

A partir dessas informações e considerando que a frequência do alelo B na população é de 15%, julgue os próximos itens.

- 91** O valor da razão de verossimilhança para esse *locus* é $\frac{1}{0,15}$.
- 92** Se o valor da razão de verossimilhança não for superior a 10, a evidência genética nesse *locus* será considerada conclusiva para a paternidade.
- 93** A mãe pode ter contribuído com o alelo A ou B para a criança, o que torna incerta a origem do alelo B.
- 94** O conhecimento do genótipo da mãe é essencial à perícia de investigação de paternidade, uma vez que possibilita a identificação precisa do material genético paterno do filho, excluindo-se o materno, o que aumenta a precisão nos cálculos de probabilidade de paternidade.

Julgue os próximos itens, relativos à interpretação estatística da coincidência de perfis genéticos em contextos forenses.

- 95** Na genética forense, a razão de verossimilhança representa a força da evidência genética, sendo calculada como a razão entre a probabilidade da evidência sob H1 (hipótese da acusação) e a probabilidade da evidência sob H2 (hipótese da defesa).
- 96** Se a razão de verossimilhança for igual a 1, a evidência genética pode tornar diferentes as probabilidades *a priori* de duas hipóteses.
- 97** Se a frequência de um perfil for de 1/1.000.000, o valor da razão de verossimilhança será igual a 1.000.000.
- 98** Em casos de vínculo genético, como paternidade, a exclusão de um alelo compartilhado entre suposto pai e filho invalida a hipótese de paternidade com 100% de certeza.

Em uma investigação criminal, na qual uma amostra de DNA coletada na cena do crime coincidiu com o perfil genético de um suspeito, estão sendo considerados os seguintes dados:

- a chance a priori de uma pessoa da cidade ser o culpado é de 1 em 300;
- se o suspeito for o culpado, a probabilidade de coincidência genética é de 100%;
- se o suspeito não for o culpado, a probabilidade de coincidência genética é de 1%.

Com base nesses dados, julgue os itens que se seguem.

- 99** Ao se utilizarem *loci* independentes, o cálculo do valor da razão de verossimilhança será o produto do inverso das frequências dos fenótipos dos resultados genéticos dos marcadores analisados para a resolução do caso, considerada a população de referência apropriada.
- 100** A razão de verossimilhança entre as hipóteses de culpa e de inocência do suspeito é igual a 90.
- 101** Uma vez que a coincidência genética não ocorre ao acaso, é correto afirmar que o suspeito é o autor do crime.
- 102** A coincidência genética aumenta a probabilidade de culpa do suspeito de 0,33% para aproximadamente 25%.
- 103** A probabilidade de o suspeito ser culpado, uma vez que houve coincidência genética, é de aproximadamente 25%.

Com base na norma ISO/IEC 17025:2017, julgue os itens que se seguem.

- 104** Agirá incorretamente um perito que, atuando em laboratório acreditado segundo a norma citada, decidir não estimar a incerteza de medição de um método validado para tipagem de DNA, mediante a justificativa de que esse método é amplamente reconhecido por organismos internacionais e já possui incerteza estabelecida e verificada, sendo utilizado conforme instruções técnicas e com controle documentado dos fatores de influência.
- 105** Um laboratório de genética forense deve estar legalmente acreditado segundo a referida norma para que seus laudos sejam aceitos judicialmente.
- 106** Em um laboratório de genética forense acreditado, a adoção de áreas separadas para extração, PCR e análise, com fluxo unidirecional e controle ambiental, está em conformidade com os princípios da referida norma, ainda que isso não seja exigido expressamente por ela.

Julgue os itens a seguir, considerando as normativas aplicáveis à genética forense.

- 107** Em um laboratório acreditado e integrante da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG), a aplicação das diretrizes estabelecidas nas resoluções da RIBPG — referentes à validação e ao controle de qualidade dos métodos utilizados nos exames genéticos forenses — é obrigatória e deve ocorrer de forma complementar às exigências da ISO/IEC 17025:2017, sem substituí-las.
- 108** A atuação do perito criminal na área de genética forense deve observar, entre outras normas, a Constituição Federal de 1988, o Código de Processo Penal e a Lei n.º 12.654/2012, que trata da identificação criminal por perfil genético.
- 109** Conforme a Resolução n.º 12/2019 do Comitê Gestor da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG), a identificação de não conformidades que comprometam a confiabilidade dos dados de um laboratório integrante da RIBPG obriga o Comitê Gestor a suspender temporariamente o compartilhamento dos perfis genéticos do laboratório auditado com o Banco Nacional de Perfis Genéticos, até que as irregularidades sejam integralmente sanadas.

Julgue os próximos itens, no que diz respeito a testes de proficiência e ensaios interlaboratoriais.

- 110** A participação em ensaios interlaboratoriais é indicada apenas para laboratórios que ainda não são acreditados segundo a norma ISO/IEC 17025:2017, como forma de comprovar sua competência técnica para fins de credenciamento.
- 111** Um laboratório que falha em um teste de proficiência deve automaticamente perder a acreditação junto à Coordenação-Geral de Acreditação do INMETRO.
- 112** A participação em ensaios de proficiência é considerada ferramenta suplementar, em que são realizadas, internamente, diferentes avaliações sobre a qualidade do laboratório, com impacto na avaliação da confiabilidade dos resultados de ensaio e calibração.

Julgue os itens seguintes, em relação a bancos de dados de perfis genéticos.

- 113** A atuação integrada entre laboratórios estaduais e federais por meio da RIBPG permite uma comparação automatizada de perfis genéticos entre diferentes unidades da Federação, otimizando a identificação de pessoas e o esclarecimento de crimes interestaduais.
- 114** O Banco Nacional de Perfis Genéticos pode ser utilizado no combate a crimes violentos, mas não para a identificação de pessoas desaparecidas, por ausência de previsão legal.
- 115** A alimentação dos bancos de perfis genéticos ocorre a partir da submissão de perfis obtidos por laboratórios integrantes da RIBPG, devendo obedecer a critérios técnicos e legais específicos, como a padronização dos marcadores genéticos utilizados e autorização legal ou judicial para inclusão dos dados.
- 116** Os bancos de perfis genéticos operam com base na extração de marcadores STR (repetições curtas em *tandem*) autossômicos de regiões não codificantes do DNA, o que assegura a individualização genética sem acesso a informações fenotípicas ou de saúde do indivíduo.
- 117** O Banco Nacional de Perfis Genéticos foi oficialmente instituído no Brasil em 2013, com a finalidade de armazenar, comparar e compartilhar perfis genéticos produzidos por laboratórios forenses integrantes da RIBPG.
- 118** A consolidação dos bancos de perfis genéticos no Brasil foi favorecida por acordos com o FBI, órgão de investigação criminal dos Estados Unidos da América que fez a cessão do *software* CODIS (Combined DNA Index System), e pela criação da RIBPG, viabilizando o intercâmbio nacional de perfis genéticos.
- 119** De acordo com o Decreto n.º 7.950/2013, a competência para realizar auditorias periódicas nos bancos de perfis genéticos pode ser delegada aos laboratórios integrantes da RIBPG, desde que respeitados os requisitos técnicos definidos em regulamento próprio.
- 120** A existência de um banco estadual integrado à RIBPG desobriga a unidade federativa de seguir os protocolos nacionais de padronização dos perfis genéticos, desde que os resultados obtidos cumpram os requisitos estabelecidos na norma ISO/IEC 17025:2017.

Espaço livre