

DETERMINAÇÃO DO LIMIAR DE QUANTIFICAÇÃO A PARTIR DOS DADOS GERADOS PELO CENTRO MULTIUSUÁRIO DE PROCESSAMENTO AUTOMATIZADO DE VESTÍGIOS SEXUAIS (CEMPA-VS)

Rafael de Liz^{1*}, Katia Michelin¹.

¹ Instituto Nacional de Criminalística – Polícia Federal, Brasília, DF.

*Rafael de Liz; e-mail: rafaeldeliz.rl@pf.gov.br

RESUMO

Nesse trabalho objetivou-se determinar o limiar de quantificação a ser utilizado pelo Centro Multiusuário de Processamento Automatizado de Vestígios Sexuais (CeMPA-VS) analisando os alvos “humano” e “masculino” do kit *Investigator® Quantiplex Pro* (Qiagen), com a finalidade de avaliar a eficiência na geração de perfis genéticos masculinos interpretáveis.

Palavras-chave: Crimes sexuais, quantificação, CeMPA-VS.

Introdução

Um dos principais desafios na análise de amostras de crimes sexuais está relacionado à proporção entre a concentração de DNA do agressor e da vítima. Nos casos de vestígios coletados por suabes de cavidades corpóreas, usualmente há grande razão de material genético vítima/agressor, o que pode inviabilizar a amplificação do DNA masculino (CHAPMAN *et al.*, 2020).

Objetivos

Determinar o limiar inferior de quantificação do alvo Y de amostras de crimes sexuais processadas pelo CeMPA-VS no Laboratório de Genética Forense da Polícia Federal para obtenção de perfis genéticos interpretáveis.

Métodos

As amostras foram submetidas à extração diferencial, originando as frações espermática (FE) e não espermática (FNE). Determinou-se a quantidade de perfis interpretáveis obtidos no âmbito do CeMPA-VS no período de dezembro de 2021 a maio de 2022; utilizou-se a média e o desvio padrão referentes aos alvos humano e masculino e foram determinados a concentração mínima, índice de degradação e influência do tipo de material na obtenção de perfis genéticos.

Foram obtidos 836 perfis genéticos masculinos, sendo 243 (29,1%) interpretáveis, provenientes de suabe vaginal (60,1%), fragmentos de vestes (14,0%), suabe anal (9,5%), suabe de preservativo (5,8%), suabe de lâmina (2,9%), outros (7,0%) e não classificados (0,8%). A concentração média de DNA obtida dos perfis interpretáveis foi de 1,695±0,997 ng/uL (total) e 1,622±1,025 ng/uL (masculino) e a concentração mínima capaz de gerar perfil genético masculino interpretável foi de 0,0016 ng/uL (total) e 0,0014 ng/uL (masculino), demonstrando a elevada sensibilidade em detectar o alvo Y (DNA masculino) a partir de amostras de crimes sexuais. Ainda foram obtidos índices de degradação total e masculino, respectivamente de 3,084±1,397 ng/uL e 2,016±0,543 ng/uL, demonstrando não haver níveis significativos de degradação.

Conclusão

O referido kit foi efetivo em detectar pequenos níveis de DNA total e masculino nas amostras provenientes de crimes sexuais, dos quais foi possível obter perfis masculinos interpretáveis. As amostras avaliadas não apresentavam níveis significativos de degradação e a maioria dos perfis interpretáveis foram obtidos de suabe vaginal.

Referências bibliográficas (padrão ABNT)

CHAPMAN, B.Rb., BLACKWELL, S.J., MÜLLER, L.H. Forensic Techniques for the Isolation of Spermatozoa from Sexual Assault Samples - A Review. *Forensic Sci Rev.* 32(2): 105-116, 2020.

Resultados e Discussão

Realização