

**SÉRIE – CIÊNCIA CONTRA O CRIME**  
CLAUDEMIR RODRIGUES DIAS FILHO – PABLO ABDON DA COSTA FRANCEZ

**EDUARDO LEAL RODRIGUES**  
Coordenador

**Genética Forense**  
**Manual de interpretação**  
**de resultados e estatística**

**Autores:**

CAIO CÉSAR SILVA DE CERQUEIRA  
CLAUDEMIR RODRIGUES DIAS FILHO  
GUSTAVO LUCENA KORTMANN  
PABLO ABDON DA COSTA FRANCEZ

CAMPINAS/SP



2023

---

# Sumário

---



<b>Capítulo 1 – Revisão acerca da interpretação de perfis genéticos</b> . . . . .	1
EDUARDO LEAL RODRIGUES	
1. Introdução . . . . .	1
2. Biologia molecular . . . . .	2
3. O eletroferograma . . . . .	4
4. Limiar analítico . . . . .	6
5. Limiar estocástico. . . . .	7
6. Limiar de stutter. . . . .	9
7. Limiar de linearidade (off-scale) . . . . .	10
8. Considerações finais. . . . .	11
9. Referências bibliográficas. . . . .	12
<b>Capítulo 2 – Artefatos e problemas técnicos: impactos na interpretação de resultados</b> . . . . .	13
EDUARDO LEAL RODRIGUES	
1. Introdução . . . . .	13
2. Processos atrelados à eletroforese de capilar . . . . .	13
2.1. Calibração espacial . . . . .	13
2.2. Calibração espectral . . . . .	15
3. Componentes e insumos do sistema de eletroforese de capilar e problemas comuns . . . . .	20
3.1. Polímero . . . . .	21
3.2. Reprodutibilidade entre injeções . . . . .	23
3.3. Artefatos de técnicas – origens estruturais. . . . .	24
3.3.1. Produtos stutter. . . . .	24
3.3.2. Produtos de PCR não adenilados (picos A-/A+) . . . . .	26
3.3.3. Re-hibridização pós-PCR ( <i>shadow peaks</i> ). . . . .	27
3.3.4. Alelos nulos e alelos drop-out. . . . .	28
3.4. Artefatos de técnicas associados à fluorescência . . . . .	31

3.4.1. Fluoróforos dissociados ( <i>dye blobs</i> ) . . . . .	31
3.4.2. <i>Spikes</i> . . . . .	32
4. Considerações finais. . . . .	32
5. Referências bibliográficas. . . . .	33

### **Capítulo 3 – Elementos de probabilidade e estatística para fundamentação de hipóteses . . . . . 35**

EDUARDO LEAL RODRIGUES

1. Introdução . . . . .	35
2. Definição de probabilidade . . . . .	35
2.1. Eventos mutuamente excludentes (Regra da Soma) . . . . .	36
2.2. Eventos independentes (Regra do Produto). . . . .	36
3. Escolas bayesiana e frequentista . . . . .	37
4. Conceitos estatísticos associados à genética forense . . . . .	40
5. Razão de verossimilhança . . . . .	42
6. Definindo hipóteses . . . . .	44
7. As falácias da acusação e da defesa . . . . .	45
8. Referências bibliográficas. . . . .	46

### **Capítulo 4 – Análise de dados populacionais aplicados aos exames de Genética Forense . . . . . 49**

CLAUDEMIR RODRIGUES DIAS FILHO – EDUARDO LEAL RODRIGUES

1. Introdução . . . . .	49
2. Variabilidade e herança genética . . . . .	50
3. Leis mendelianas . . . . .	53
4. Equilíbrio de Hardy-Weinberg . . . . .	58
4.1. Banco de dados populacionais (frequências alélicas) . . . . .	60
4.1.1. Frequência alélica mínima. . . . .	62
4.2. Impacto de forças evolutivas nas frequências alélicas . . . . .	63
4.2.1. Mutação . . . . .	64
4.2.2. Seleção . . . . .	66
4.2.3. Migração e fluxo gênico . . . . .	70
5. Modelos matemáticos e fatores envolvidos em Genética de Populações 71	
5.1. Independência dos <i>loci</i> – ligação e desequilíbrio de ligação. . . . .	73
5.2. Subestrutura populacional. . . . .	75
6. Parâmetros populacionais e forenses . . . . .	76

7. Considerações finais . . . . .	79
8. Referências bibliográficas . . . . .	80
<b>Capítulo 5 – Estatística e probabilidade aplicadas aos cenários de identificação humana . . . . .</b>	<b>83</b>
CAIO CESAR SILVA DE CERQUEIRA – EDUARDO LEAL RODRIGUES	
1. Introdução . . . . .	83
2. Considerações sobre a raridade de um perfil genético e a Razão de Verossimilhança . . . . .	83
2.1. NRC II 4.1 . . . . .	88
2.2. NRC II 4.2 (Fórmula de Balding e Nichols) . . . . .	89
3. Atribuição de origem . . . . .	91
3.1. Critério para indivíduos não relacionados geneticamente . . . . .	91
3.2. Incorporando a probabilidade de <i>drop-out</i> alélico . . . . .	93
3.3. Ocorrências de <i>Drop-in</i> e contaminação . . . . .	96
4. Razão de Verossimilhança envolvendo parentes e familiares . . . . .	97
4.1. Razão de Verossimilhança – irmãos considerados em Hd . . . . .	99
4.2. Razão de Verossimilhança – pai/filho ou mãe/filha considerados em Hd . . . . .	103
4.3. Razão de Verossimilhança – meio-irmãos, avós/neto, tio/sobrinho, tia/sobrinha considerados em Hd . . . . .	105
5. Referências bibliográficas . . . . .	109
<b>Capítulo 6 – Estatística e probabilidade aplicadas aos exames de vínculo genético . . . . .</b>	<b>111</b>
EDUARDO LEAL RODRIGUES	
1. Exames de vínculo genético . . . . .	111
2. Exames de paternidade (trio – mãe, pretenso filho e suposto pai) . . . . .	112
2.1. Exame de paternidade (duo – suposto pai e pretenso filho) . . . . .	119
3. Interpretação de exames com inconsistências alélicas . . . . .	124
3.1. Exclusão de paternidade . . . . .	124
3.2. Eventos mutacionais . . . . .	125
4. Índice avuncular . . . . .	129
5. Parentesco reverso . . . . .	131
6. Incesto . . . . .	134

7. Análises acessórias – Teste de Irmandade . . . . .	139
8. Reconstrução genealógica . . . . .	140
8.1. Pai e mãe do suposto pai ausente. . . . .	140
8.2. Pai ou mãe do suposto pai ausente . . . . .	143
8.3. Um irmão e um genitor do suposto pai ausente . . . . .	146
8.4. Um(a) irmão(ã) do suposto pai ausente . . . . .	149
8.5. Filho(a) biológico do suposto pai ausente com presença da mãe biológica . . . . .	151
8.6. Filho(a) biológico do suposto pai ausente . . . . .	153
9. Considerações finais. . . . .	155
10. Referências bibliográficas . . . . .	156

## **Capítulo 7 – Marcadores genéticos complementares: DNA mitocondrial, cromossomo Y e cromossomo X . . . . .**

EDUARDO LEAL RODRIGUES – PABLO ABDON FRANCEZ

1. Introdução . . . . .	157
2. Aplicação do cromossomo Y em âmbito forense . . . . .	158
3. Estrutura do cromossomo Y . . . . .	159
4. Estimando-se a raridade de um haplótipo Y . . . . .	161
5. Interpretação dos resultados em relação ao haplótipo Y . . . . .	163
6. Aplicação do DNA mitocondrial em âmbito forense . . . . .	166
7. Análise forense da região hipervariável. . . . .	168
8. Dados populacionais e banco de dados de mtDNA. . . . .	170
9. Heteroplasmia . . . . .	170
10. Análise das sequências – região hipervariável . . . . .	171
11. Nomenclatura dos resultados . . . . .	172
11.1. Regras de nomenclatura da SWGDAM. . . . .	173
11.2. Aplicação do cromossomo X em âmbito forense . . . . .	174
11.3. Estrutura do cromossomo X . . . . .	175
11.4. Interpretação dos resultados em relação aos haplótipos X. . . . .	176
11.5. Testes de vínculo genético e casos de paternidade com X-STRs. . . . .	178
12. Considerações finais . . . . .	180
13. Referências bibliográficas . . . . .	181

---

<b>Capítulo 8 – Análise de misturas de DNA</b> . . . . .	183
EDUARDO LEAL RODRIGUES – GUSTAVO LUCENA KORTMANN	
1. Introdução: . . . . .	183
2. Cenários de misturas genéticas . . . . .	185
2.1. Misturas distinguíveis de duas pessoas . . . . .	185
2.2. Misturas indistinguíveis de duas pessoas . . . . .	186
2.3. Misturas com mais de duas pessoas . . . . .	188
3. Metodologias estatísticas aplicadas à interpretação de misturas de DNA . . . . .	190
3.1. Método binário . . . . .	190
3.1.1. Random Match Probability modified (mRMP) . . . . .	191
3.1.2. Probabilidade combinada de inclusão (PCI) . . . . .	192
3.1.3. Razão de verossimilhança . . . . .	194
3.1.4. Tratamento de artefatos . . . . .	196
3.1.4.1. Produtos stutter . . . . .	196
3.1.4.2. Drop-out alélico . . . . .	198
3.2. Métodos probabilísticos . . . . .	199
3.3. Modelo semicontínuo (ou discreto) . . . . .	200
3.4. Modelo contínuo (ou totalmente contínuo) . . . . .	201
4. Conclusão e perspectivas . . . . .	202
5. Referências bibliográficas . . . . .	204
<b>Coordenadores e Autores</b> . . . . .	207

---

## Revisão acerca da interpretação de perfis genéticos

---

EDUARDO LEAL RODRIGUES



### 1. Introdução

---

Dentro do escopo da identificação humana, os testes usando marcadores genéticos polimórficos, tais como os STRs (do inglês Short Tandem Repeats), têm sido considerados as metodologias de padrão de qualidade mais elevado. As técnicas usadas nas análises de DNA forenses são baseadas em princípios de biologia molecular para a obtenção de resultados, como, por exemplo, a extração de DNA, PCR, eletroforese capilar, porém a interpretação dos dados genéticos tem como base outros pressupostos, como os Princípios de Genética de Populações, Herança Mendeliana e Equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Dessa forma, a interpretação obtida de um perfil genético de boa qualidade gerado a partir de uma amostra evidência (ou questionada) oriunda de um único contribuinte (também denominada *fonte única* ou *single source*, em inglês) fornece um resultado inequívoco quando usados os métodos mais avançados de identificação pelo DNA.

Contudo, diversas evidências oriundas de local de crime não são oriundas de um único contribuinte. São descritas como *misturas*, haja visto que pode conter o DNA de dois ou mais indivíduos. A interpretação e a análise do perfil genético de misturas consistem em um dos maiores desafios na rotina dos analistas forenses e peritos criminais. Dessa forma, o capítulo visa introduzir ao leitor alguns conceitos relativos à interpretação de perfis genéticos simples e metodologias de interpretação de perfis genéticos de mistura, como o método binário.

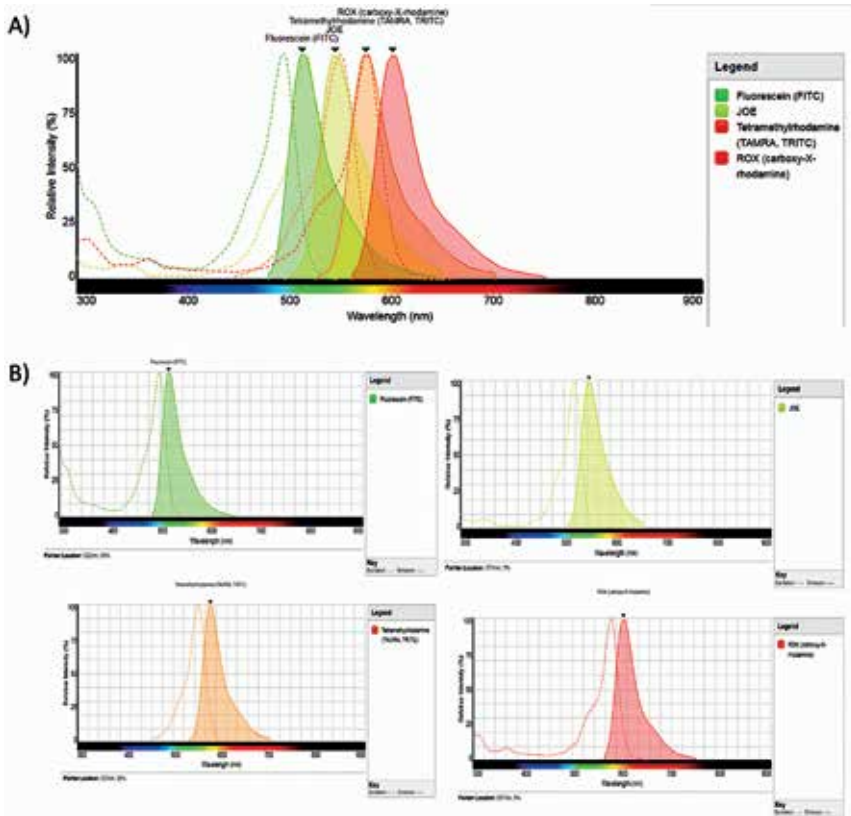
## 2. Biologia molecular

---

O exame físico de uma evidência de local de crime não nos fornece sinais acerca do perfil genético. Assim, se faz necessário converter essa informação contida na evidência em um resultado visualizável (uma representação digital da evidência). As análises de DNA para uso forense consistem em etapas diversas, sendo inicialmente o DNA extraído da amostra, em seguida quantificado, e regiões de interesse amplificadas, isto é, tendo seu número aumentado por meio da técnica de PCR (do inglês Polymerase Chain Reaction).

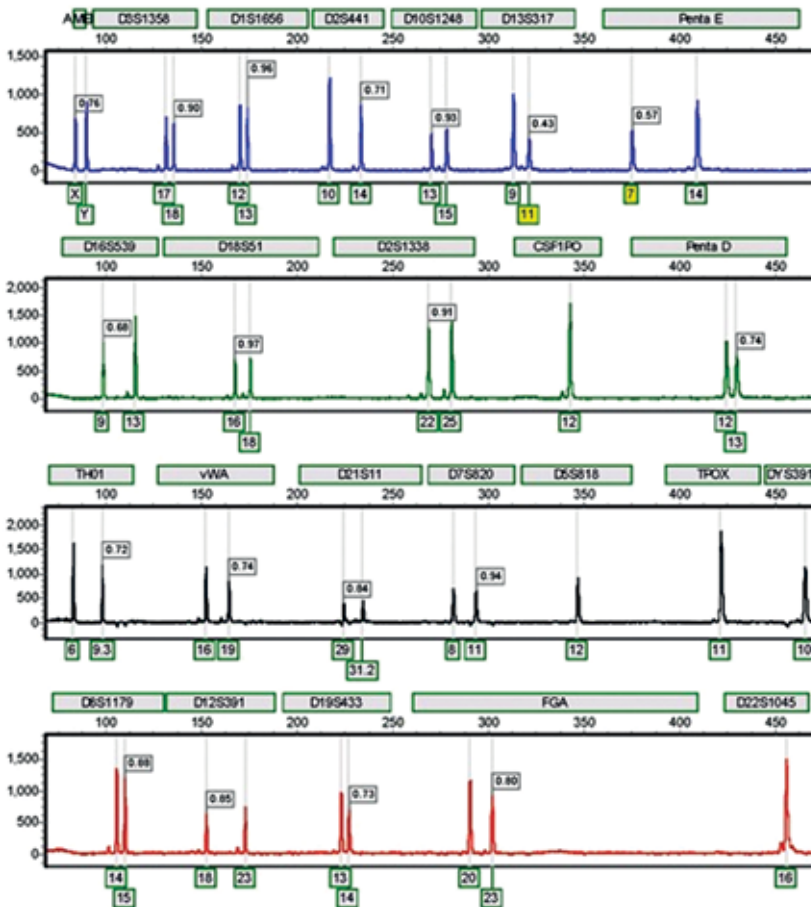
O processo de amplificação pela PCR requer a síntese de sequências de iniciadores, denominadas *primers*, complementares às regiões adjacentes da sequência de interesse e, dependendo da orientação de hibridação dos primers, estes são denominados *Forward* (Direto) ou *Reverse* (Reverso). Acoplada a um dos primers está uma molécula fluorescente denominada fluoróforo. Por exemplo, o fluoróforo FAM ou fluoresceína, um dos mais usados em biologia molecular, emite fluorescência de comprimento de onda na faixa azul do espectro visível.

Em cada ciclo da PCR, o alvo de interesse (ou produtos da PCR) é amplificado por um processo de abertura da dupla fita do DNA, hibridação dos primers às sequências-alvo e extensão de uma nova fita de DNA pela DNA polimerase (neste caso, a taq DNA polimerase), sendo esse processo repetido a cada ciclo e ao fim da reação havendo diversas cópias da sequência (milhões, bilhões de cópias do alvo gênico de interesse), sendo que todas apresentam o fluoróforo FAM ou fluoresceína associado; da mesma forma, outros *loci* de interesse podem apresentar outros fluoróforos (Figura 1).



**Figura 1.** Dados espectrais dos fluoróforos comumente associados aos *loci* STR para fins forenses. A) Dados espectrais combinados e sobrepostos para os fluoróforos fluoresceína, JOE, tetrametilrodamina (TMR) e Carboxi-X-rodamina (CXR ou ROX); B) Dados espectrais separados para os fluoróforos (fluoresceína – verde; JOE – amarelo; TMR – laranja; CXR – vermelho) (Fonte: Fluorescence SpectralViewer – ThermoFischer Scientific).

Após a PCR é preciso separar e deconvoluir os resultados; dessa forma, a eletroforese capilar é o método adotado para separar fisicamente os produtos de PCR de acordo com o peso molecular e a deconvolução por meio da separação por emissão de fluorescência e, como resultado, gerando uma imagem digital dos dados, tecnicamente denominada *eletroferograma* (Figura 2).



**Figura 2.** Exemplo de eletroferograma característico de perfil genético de amostra de um só contribuinte. Controle 2800M (Promega).

### 3. O eletroferograma

O arquivo de saída de uma plataforma de eletroforese de capilar é convertido em um eletroferograma, conforme a Figura 2, por meio do uso de um software de visualização. Uma representação de eletroferograma pode ser vista na Figura 3; os *loci* mostrados (D3S1358, vWA e FGA) foram amplificados com base na fluorescência azul. Cada pico representa um alelo dentro da faixa de análise dos *loci*, de modo que o *locus* D3S1358 apresenta o genótipo 14/15, vWA 16/18 e FGA 23/25.

Essa nomenclatura alélica tem como base o número de unidade de repetições no perfil genético da amostra; o DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFH) definiu o processo de nomenclatura

dos sistemas STRs, de modo que os alelos são nomeados numericamente, de acordo com o número de unidade de repetição contida neles. Contudo, em determinadas ocasiões, alguns *loci* podem apresentar alelos com unidade de repetição parcial, sendo nomeados com o número de unidades íntegas e o número de bases contido na repetição parcial. Essa nomeação é definida como um número separado por uma casa decimal, por exemplo, o alelo 9,3 do *locus* TH01. Tal *locus* possui uma unidade de repetição do tipo AATG e, dessa forma, o alelo 9,3 possui 9 unidades AATG íntegas e uma unidade parcial contendo 3 nucleotídeos, neste caso, AAT.

Exemplo: alelo 9,3 (TH01) [AATG]<sub>9</sub>AAT

Na base de cada pico está a nomeação alélica e a altura do pico (Peak Height) representada no eixo Y, de forma que esta é mensurada com base na intensidade de fluorescência emitida, sendo diretamente proporcional ao número de produtos de PCR, ou seja, a quantidade de DNA obtida da amostra. A unidade de medida da fluorescência é denominada Unidade Relativa de Fluorescência (Relative Unit of Fluorescence – RFU). No eixo X está representado o tamanho de cada alelo em pares de base ou nucleotídeos, sendo menores os alelos posicionados mais à esquerda e os maiores, mais à direita.

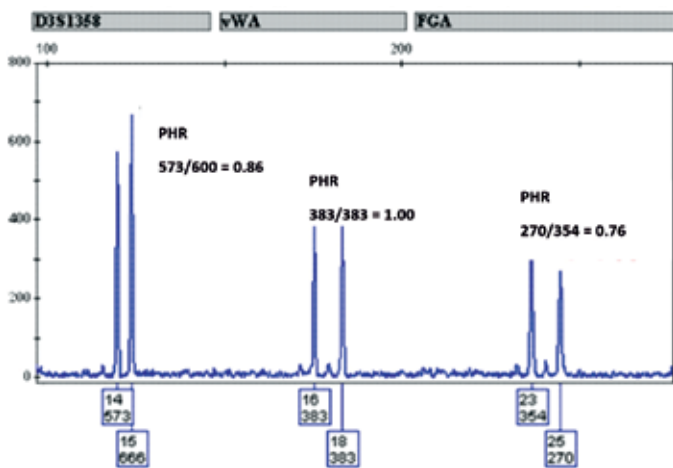
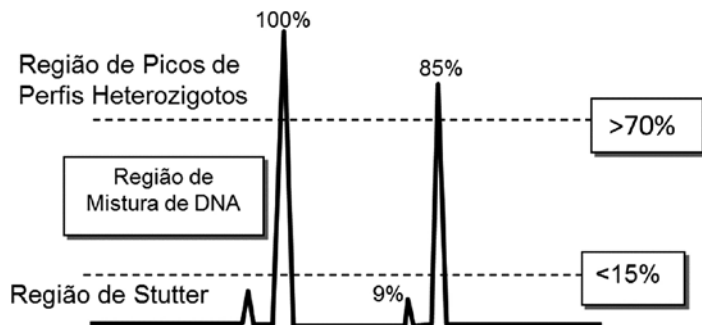


Figura 3. Representação parcial de um eletroferograma para 3 *loci*.

### Razão da altura de picos heterozigotos (PHR – Peak Height Ratio).

Os *loci* acima apresentam perfis heterozigotos, ou seja, possuem dois alelos diferentes. O *locus* vWA possui dois alelos com 383 RFUs cada. Em situações ideais, espera-se que os alelos de perfis heterozigotos sejam amplificados na mesma escala, contudo, é comum haver diferença na amplificação dos alelos em perfis heterozigotos, mesmo oriundos de amostras de fonte única, conforme a razão indicada na parte superior dos picos. Essa medida é denominada *Razão de Altura de Picos* (Peak Height Ratio – PHR) e define

o grau de proporcionalidade de amplificação dos alelos, de forma que alguns autores adotam como limiar mínimo 0.7 para que seja considerado um perfil genético oriundo de amostra fonte única e, abaixo de 0.15, é considerado região de stutter ou ruído de fundo. A faixa de análise intermediária  $0.15 < X < 0.7$  é definida com região de mistura de DNA (Figura 4).



**Figura 4.** Faixa de interpretação e análise de um eletroferograma. Extraído e adaptado de GARRIDO & RODRIGUES, 2015.

Assim, os peritos buscam pautar suas análises com base em limiares, de modo que a interpretação dos eletroferogramas seja objetiva e reproduzível entre diferentes peritos e diferentes laboratórios.

## 4. Limiar analítico

Como forma de tornar a análise objetiva, isto é, sem variações em função da interpretação de cada perito, são definidos limiares de análise. O primeiro limiar de análise estabelecido é o *analítico*, que permite ao perito distinguir um sinal genuíno de um artefato ou ruído de fundo da eletroforese capilar, sendo este o menor valor em RFU que deve ser considerado para nomear qualquer pico no eletroferograma (Figura 5) e uma das metodologias que podem ser adotadas para seu cálculo é a média de intensidade do ruído de fundo somado ao desvio-padrão multiplicado 10 vezes de acordo com o SWGDAM (Scientific Working Group on DNA Analysis Method).

$$LA = \text{média ruído de fundo} + (10 \times \text{desvio-padrão})$$

Conforme definidos em diretrizes de qualidade do FBI Quality Assurance Standards for DNA Casework Laboratories, estudos de validação interna devem ser conduzidos como forma de se mensurar tais limiares, específicos para os sistemas alélicos usados.

“Standard 8.3.1: Internal validation studies conducted after the date of this revision shall include as applicable: known and non-probative evidence samples or mock evidence samples, reproducibility and precision, sensitivity and stochastic studies, mixture studies, and contamination assessment.

Internal validation studies shall be documented and summarized. The technical leader shall approve the internal validation studies”.



**Figura 5.** Representação esquemática de eletroferograma apresentando três exemplos de picos e os limiares analíticos (LA) e estocástico (LE). Os valores de LA e LE apresentados na figura são apenas para exemplificar; não provêm de análise laboratorial.

## 5. Limiar estocástico

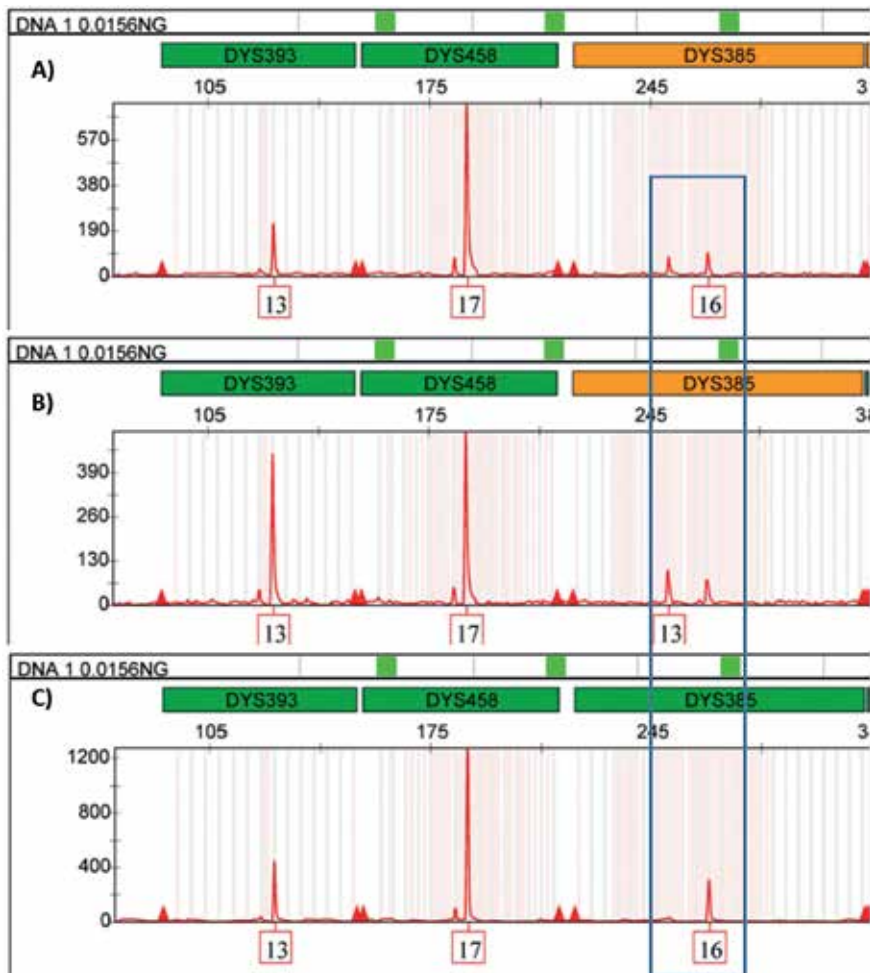
Outro limiar de análise a ser mencionado é o *estocástico* (Figura 5), também determinado por meio de validações conduzidas em laboratório e aplicado de forma específica para os sistemas alélicos, sendo uma das formas adotadas para seu cálculo a média das alturas dos picos irmãos somada ao desvio-padrão multiplicado três vezes.

$$LE = \text{média de fluorescência dos alelos irmãos} + (3 \times \text{desvio-padrão})$$

Este limiar define o valor mínimo razoável para assumir que um drop-out alélico não tenha ocorrido em uma amostra de fonte única. Este potencial também é considerado na interpretação de misturas de perfis genéticos, levando em conta os efeitos aditivos de potencial de compartilhamento alélico (SWGAM, 2017).

O drop-out alélico é um efeito oriundo de eventos não controlados pelo perito, como, por exemplo, em amostras cuja concentração de DNA é reduzida; é possível que, durante a extração do DNA e transferência para a etapa de PCR, sejam adicionados por pipetagem mais DNA oriundo do cromossomo de origem materna em relação ao cromossomo de origem paterna da amostra analisada.

Contudo, tal variação, quando abrupta, tende a gerar um drop-out completo, caracterizando um falso homocigoto (Figura 6C – *Locus* DYS385a/b). Dessa forma, a caracterização de limiares estocásticos permite agregar objetividade às análises dos eletroferogramas. Assim, o uso de amostras sabidamente heterocigotas e ensaios com diluição seriada para a quantidade de DNA (1ng, 0.5ng, 0.25ng, 0.125ng, 0.062ng, 0.031ng e 0.016ng) permite identificar a faixa de quantidade de DNA na qual falsos homocigotos podem surgir.



**Figura 6.** Eletroferograma parcial de Y-STRs de amostra controle com 0.0156ng inseridos na PCR (triplicata). A) Perfil genético parcial para o *locus* DYS385 a/b nomeando apenas o alelo 16, mas com amplificação na faixa de ruído de fundo do alelo 13; B) Perfil genético parcial para o *locus* DYS385 a/b nomeando apenas o alelo 13, mas com amplificação na faixa de ruído de fundo do alelo 16; C) Perfil genético parcial para o *locus* DYS385 a/b nomeando apenas o 16, mas com sinal de amplificação residual do alelo 13.

## 6. Limiar de stutter

O stutter consiste em um produto gerado a partir do desalinhamento das unidades de repetição durante a amplificação de um dado STR *in vitro* (Figura 7B e 7C); neste caso, o stutter deriva de um erro inato do processo de PCR, cuja ocorrência pode ser mensurada e contemplada em modelos probabilísticos de análise dos eletroferogramas, tanto de amostras de fonte única quanto de misturas.

O desalinhamento das unidades de repetição pode ocorrer tanto na fita molde de DNA (Figura 7C) quanto na fita nascente de DNA (7B). A ocorrência na fita molde tende a gerar um produto de PCR com uma unidade de repetição a menos, podendo ser um n-3pb para um *locus* trinucleotídeo (D22S1045) ou n-4pb para um *locus* tetranucleotídeo (CSF1PO) ou n-5pb para um *locus* pentanucleotídeo (PENTA D). Quando ocorre na fita nascente de DNA (evento mais raro), tende-se a gerar um produto de PCR com uma unidade de repetição a mais (Figura 7B).

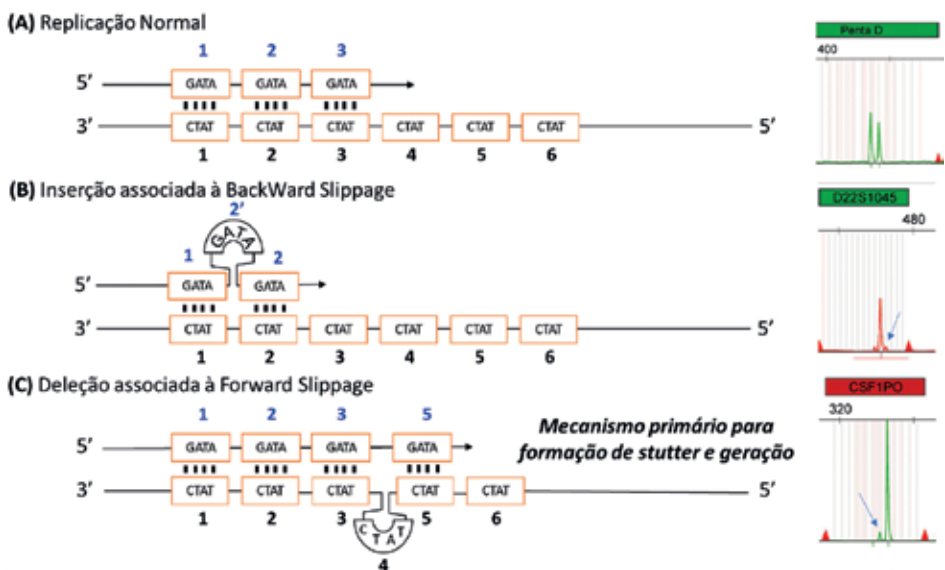
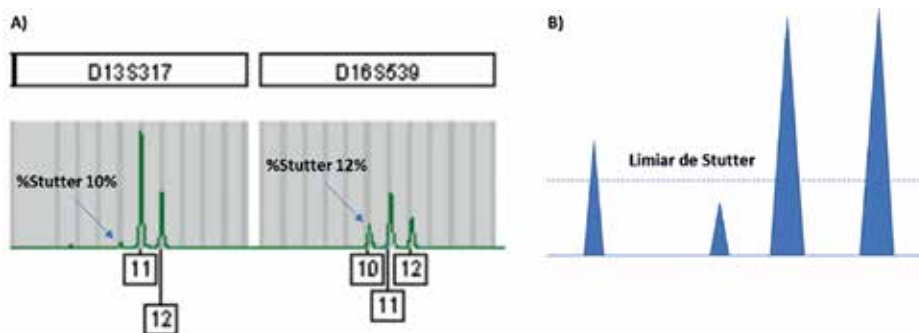


Figura 7. Representação esquemática do mecanismo primário de formação de produtos stutter. A) replicação normal; B) geração de produto stutter n+3; C) geração de produto n-4.

Assim, definir o percentual de formação de stutter é importante para a interpretação de perfis genéticos de misturas de DNA, como evidenciado na Figura 8A. Veja que esse perfil apresenta uma mistura de dois contribuintes, de modo que, no *locus* D13S317, os contribuintes apresentam apenas os alelos 11 e 12, enquanto que, no *locus* D16S539, os alelos dos contribuintes são 10, 11 e 12. Com base no limiar de stutter foi possível determinar que o pico

do alelo 10 no *locus* D13S317 não era oriundo do perfil de um contribuinte, pois estava abaixo do limiar de stutter.

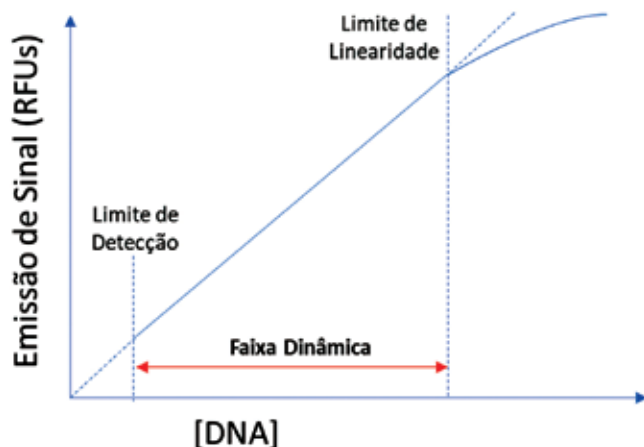


**Figura 8.** Perfis genéticos de mistura de DNA. A) perfil genético de mistura para os *loci* D13S317 e D16S539; B) representação esquemática de perfil genético com quatro picos e limiar de stutter.

## 7. Limiar de linearidade (off-scale)

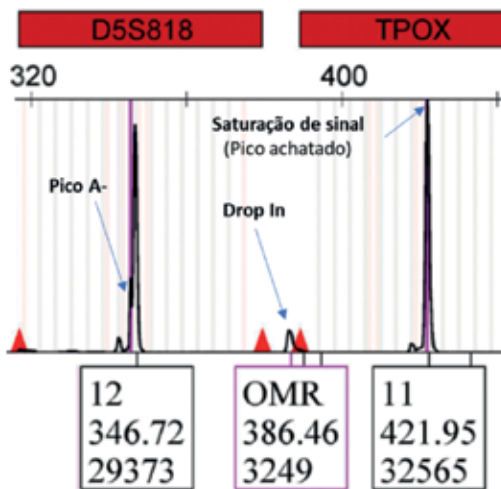
Este limiar é importante para se definir o limite de intensidade de fluorescência para que os dados estejam dentro de uma faixa confiável de análise. A maioria dos analisadores genéticos possuem uma faixa em que uma relação linear (Figura 9) é esperada entre a quantidade de material (produto de PCR) sendo analisada e a resposta do instrumento (emissão de sinal).

A faixa dinâmica do analisador genético varia desde o limite de detecção, isto é, o mínimo de sinal emitido para se detectar determinado analito até o limite de linearidade, sendo este limite ou limiar definido como o máximo de sinal emitido para a formação de resultados confiáveis, de modo que sinais emitidos acima do limiar de linearidade tendem a ser saturados ou fora de escala.



**Figura 9.** Representação gráfica da relação de linearidade entre a quantidade de DNA e a emissão de sinal de fluorescência.

Assim, a presença de picos fora de escala tendem a gerar outros artefatos de técnicas em função do excesso de DNA (Figura 10). Dessa forma, os limiares são importantes para a definição da faixa de trabalho, tanto em relação à quantidade de DNA a ser usada quanto à ciclagem da PCR e outros parâmetros relacionados à eletroforese de capilar, permitindo, assim, que os resultados sejam confiáveis e reprodutíveis entre diferentes especialistas.



**Figura 10.** Eleetroferograma dos loci D5S818 e TPOX contendo 2ng de DNA em uma ciclagem de 30 ciclos para o sistema alélico PowerPlex Fusion 6C (Promega). Em destaque nas caixas estão: nomeação alélica, tamanho em pares de base e intensidade de fluorescência.

## 8. Considerações finais

A interpretação de perfis genéticos é de extrema importância para a melhor análise e proposição de hipóteses a respeito dos cenários de cada caso. Assim, os parâmetros acima, como limiares analítico e estocástico, permitem que diferentes peritos possam ter uniformidade em suas análises, independentemente da experiência de cada um. Ademais, cabe ressaltar que alguns modelos matemáticos e cenários mais complexos podem prever a ocorrência de alelos não detectados, caracterizados pela taxa de drop-out e resultados abaixo do limiar estocástico.

Tendo em vista que laboratórios podem adotar diferentes tecnologias, como, por exemplo, os kits de identificação humana e plataformas de sequenciamento, é importante que estejam atentos a limitações no que diz respeito à sensibilidade dos ensaios genéticos, percentual de stutter e ocorrências de drop-out alélico e drop-in.

Pautado nas análises cada vez mais objetivas e isenta de vieses do perito, os laboratórios visam obter maior taxa de reprodutibilidade entre suas análises, permitindo maior confiança e qualidade dos dados que são compartilhados entre as diferentes agências de segurança no Brasil e no mundo.

## 9. Referências bibliográficas

---

GARRIDO, R. G. e RODRIGUES, E. L. *Ciência Forense: Da cena de crime ao laboratório de DNA*. Editora Projeto Cultural, 2015.

FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION (2020) Quality assurance standards for convicted offender DNA databasing laboratories, Forensic Science Communications [Online]. Disponível em: <https://www2.fbi.gov/hq/lab/fsc/backissu/july2020/codis1a.htm>.

SWGDM Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories – aprovado em 01/12/2017; revisado em 13/07/2021.

---

