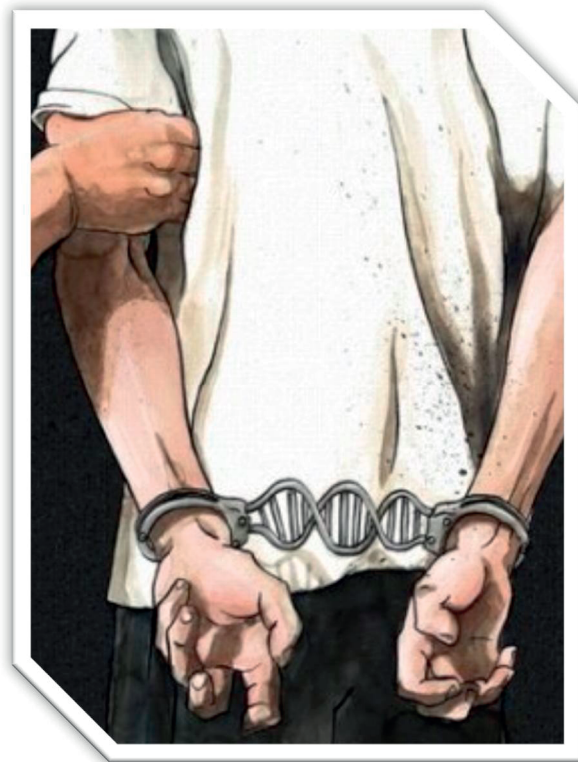


Rui Emmanuel Freire Quintas

**BALANÇO CRIMINAL DA BASE DE DADOS
DE ADN PORTUGUESA E COMPARAÇÃO
INTERNACIONAL**



Universidade de Coimbra

Faculdade de Medicina

2013/2014

Imagem da capa disponível em:

<http://www.councilforresponsiblegenetics.org/blog/image.axd?picture=2011%2F3%2FDNA+handcuffs.jpg>

*Dissertação de Candidatura ao
Grau de Mestre em Medicina Legal e Ciências Forenses*
apresentada à Faculdade de Medicina da Universidade de Coimbra

Trabalho realizado no
**Serviço de Genética e Biologia Forenses da Delegação do Centro
do Instituto Nacional de Medicina Legal e Ciências Forenses, I.P.**

Orientador: Doutora Vanessa Raquel Branco Bogas

Co-orientador: Professor Doutor Francisco Manuel Andrade Corte-Real
Gonçalves

Agradecimentos

Ao Senhor Professor Doutor Francisco Corte-Real, pela confiança que depositou em mim quando me sugeriu o tema de relevante importância, consistindo na primeira análise feita aos tipos de crime inseridos na base de dados de perfis de ADN portuguesa.

À Mestre Marta Patrão Pedroso Mendes São Bento e à Doutora Vanessa Raquel Branco Bogas pelo auxílio prestado sempre que foi necessário e pelos conhecimentos e críticas pertinentes transmitidos ao longo da realização da tese. Saliento ainda toda a ajuda e disponibilidade que me foi dada para ajudar a ultrapassar os contratemplos que foram surgindo ao longo da dissertação.

A todos os familiares e amigos que me acompanharam e apoiaram.

Índice

Índice	1
Lista de Siglas e Abreviaturas	5
Resumo - Abstract	7
Parte I - Revisão da Literatura	11
Capítulo I - Processamento de Amostras para a Base de Dados	13
1 Introdução	15
2 Cadeia de Custódia	15
3 Natureza dos Vestígios Biológicos	15
4 Armazenamento das Amostras Biológicas	16
5 Processamento das Amostras Biológicas	17
5.1 Extração do ADN.....	17
5.2 Quantificação do ADN	18
5.3 Amplificação do ADN	19
5.3.1 Factores que Interferem com a Amplificação do ADN	21
5.3.1.1 Inibidores da PCR.....	21
5.3.1.2 Contaminações	21
5.3.1.3 Efeito Estocástico	22
5.3.1.4 Alelos Silenciosos.....	23
5.3.1.5 <i>Stutter</i>	23
5.4 Separação e Detecção	23
Capítulo II - Base de Dados de Perfis de ADN	25
1 Introdução	27
2 Problemas	29
2.1 Problemas Éticos.....	29
2.2 Problemas Jurídicos	30
3 Legislação	30
3.1 Nível Nacional	31
3.2 Nível Internacional.....	32

3.2.1	Alemanha	32
3.2.2	Áustria.....	32
3.2.3	Canadá	32
3.2.4	Eslováquia.....	32
3.2.5	Estados Unidos da América	32
3.2.6	Estónia	33
3.2.7	Finlândia	34
3.2.8	Holanda.....	34
3.2.9	Hungria	34
3.2.10	Letónia	35
3.2.11	Lituânia	35
3.2.12	Reino Unido	35
3.2.13	República Checa.....	35
3.2.14	Suécia.....	35
4	Desastres de Massa e Pessoas Desaparecidas.....	36
5	Cooperação Internacional	36
Parte II - Justificação do Tema e Objetivos.....		39
1	Justificação do Tema	41
2	Objetivos Gerais e Específicos.....	41
2.1	Objetivos Gerais.....	41
2.2	Objetivos Específicos.....	42
Parte III - Metodologia		43
1	Introdução.....	45
2	Métodos	45
3	Comparação de Legislações.....	46
Parte IV - Resultados Obtidos.....		49
1	Introdução.....	51
2	Resultados	51
2.1	Base de Dados Portuguesa.....	51
2.2	Base de Dados Canadiana	56
2.3	Base de Dados do Reino Unido	57
2.4	Base de Dados Sueca	58

2.5 Base de Dados Norte Americana.....	59
2.5.1 Estado de Washington.....	59
3 Discussão dos Resultados.....	60
3.1 Análise das Percentagens dos Tipos de Crime da Base de Dados Portuguesa.	60
3.2 Análise da Lei nº5/2008	61
3.3 Comparação do Tipo de Criminalidade nas Diversas Bases de Dados de Perfis de ADN.....	62
Parte V - Conclusões.....	65
Conclusões.....	67
Referências Bibliográficas	69

Lista de Siglas

ADN – Ácido Desoxirribonucleico

BSA – Albumina de Soro Bovino (“*Bovine Serum Albumin*”)

CODIS – Sistema Combinado de Índices de ADN (“*Combined DNA Index System*”)

dNTPs – Desoxinucleótido trifosfatado (“*Deoxynucleotide Triphosphates*”)

ENFSI – Rede Europeia de Institutos de Ciências Forenses (“*European Network of Forensic Sciences Institutes*”)

ESS – Série Padrão Europeu (“*European Standard Set*”)

FBI – Agência Federal de Investigação (“*Federal Bureau of Investigation*”)

INTERPOL – Polícia Internacional

INMLCF – Instituto Nacional de Medicina Legal e Ciências Forenses

PCR – Reacção em Cadeia da Polimerase (“*Polymerase Chain Reaction*”)

STR – Repetições em Tandem (“*Short Tandem Repeat*”)

UV – Ultravioleta

Resumo

Abstract

Resumo

As bases de dados de perfis genéticos têm como objetivo a identificação civil e criminal, no entanto, este objetivo só é alcançado se a base de dados for regulada por uma legislação eficiente. Uma legislação ineficaz diminui o potencial máximo da base de dados no combate à criminalidade.

A elevada eficácia na resolução de crimes, demonstrada pela criação de bases de dados de perfis genéticos no Reino Unido e nos Estados Unidos da América, potenciou o desenvolvimento de bases de dados de ADN em muitos países. Contudo, o estabelecimento de uma base de dados de perfis de ADN pressupõe a necessidade de se criar legislação nacional, de modo a determinar os critérios de colheita e armazenamento de amostras biológicas, de inserção e remoção de dados e perfis genéticos na base de dados, etc.

O objetivo deste trabalho foi realizar uma comparação entre os tipos de crime inseridos na base de dados portuguesa com os de outros países. Para além disto, pretendeu-se realizar uma análise da legislação nacional que regula a base de dados portuguesa para determinar se a legislação é a mais eficiente no que diz respeito à identificação de criminosos ou se necessita de sofrer algumas alterações.

A comparação das legislações referentes às diferentes bases de dados dos vários países analisados, tais como Estados Unidos da América, Canadá, Reino Unido, Suécia, etc, permitiu observar que Portugal apesar de ter uma base de dados recente, a sua legislação é restritiva no que diz respeito à inserção e remoção de perfis genéticos da base de dados. Uma base de dados excessivamente restritiva irá conter um número reduzido de perfis de ADN inseridos, resultando numa menor eficácia da mesma.

Na base de dados portuguesa, a maioria dos perfis genéticos inseridos dizem respeito a indivíduos que cometeram crimes leves, enquanto os que cometeram crimes violentos têm uma frequência mais reduzida, contudo o número de perfis genéticos inseridos é muito reduzido. Tal pode ser explicado pelo facto da legislação portuguesa restringir a inserção de perfis de condenados com pena de prisão igual ou superior a três anos e ainda ser necessária a ordem do juiz para que esta inserção seja efectuada.

A legislação portuguesa que regula a base de dados deveria sofrer algumas alterações de modo a que a inserção de perfis genéticos não esteja dependente da autorização do juiz e possa incluir o máximo de perfis de criminosos possível, para que deste modo sejam prevenidos futuros crimes cometidos pelos mesmos.

Abstract

Civil and criminal identification is the purpose of the DNA databases, however this purpose can only be achieved if the database is regulated by efficient legislation. Ineffective legislation will reduce the maximum potential of the database on fighting crime.

The high efficiency in the resolution of crimes shown by the creation of DNA databases in the United Kingdom and in the United States of America led to the development of DNA databases around the world. However, the establishment of a DNA database presupposes the necessity to create national legislation in order to determine the criteria for sample collection and storage, for insertion and removal of genetic profiles in the database, etc.

The aim of this work was to compare the types of crime included in the Portuguese DNA database with the ones of other countries. In addition, it is intended to conduct an analysis of the legislation which regulates the Portuguese database to determine if the legislation is the most efficient regarding the identification of criminals, or if it has to undergo some changes.

The comparison of the national legislations regarding DNA databases of several countries analyzed, such as United States of America, Canada, United Kingdom, Sweden, etc., allowed the conclusion that although Portugal has a recent DNA database, it has a restrictive legislation concerning to the inclusion and removal of genetic profiles from the database. A database that is overly restrictive will have a low number of inserted DNA profiles, which will reflect a lower efficiency of the database.

In the Portuguese DNA database the majority of the genetic profiles included are from criminals which have committed minor crimes, while those who have committed violent crimes have a lower frequency, however the total number of genetic profiles inserted is very low. This fact may be explained by the restrictive legislation which only allows the inclusion of genetic profiles of criminals sentenced to three or more years of incarceration and by the obligation of a judge order to this insertion be performed.

The Portuguese legislation that regulates the DNA database should undergo some changes in order to facilitate the insertion of genetic profiles by withdrawing the necessity of a judge order and to include the maximum number of offenders with the purpose of preventing future crimes committed by these individuals.

Parte I

Revisão de Literatura

Capítulo I

Processamento de Amostras para a Base de Dados

“DNA neither cares nor knows. DNA just is. And we dance to its music.” – Richard Dawkins

1 – Introdução

As perícias na criminalística biológica têm como objetivo identificar o(s) indivíduo(s) responsável(eis) por um crime. Para tal, é necessário comparar os perfis de ADN de amostras biológicas encontradas no local de crime ou na vítima e compará-los com os perfis dos suspeitos, uma vez que há a possibilidade de transferência de material biológico entre o criminoso e o local de crime ou a vítima. O êxito da perícia depende do modo como os vestígios são colhidos, acondicionados e enviados. Deve-se, então, realizar com precaução a análise do local do crime e a colheita das amostras biológicas, para evitar a contaminação destas.

Normalmente são necessárias, no mínimo, 15 células para gerar um perfil genético completo, no entanto, caso o ADN se encontre degradado, serão necessárias mais células para proceder à sua análise (Goodwin *et al.* 2007). Foi o desenvolvimento da técnica de PCR (*Polymerase Chain Reaction*), que consiste na amplificação de cadeias de ADN, fazendo múltiplas cópias da mesma, que veio a possibilitar que o ADN de amostras biológicas com pouca quantidade de ADN e de uma variedade de vestígios biológicos fosse amplificado e analisado com sucesso (Kuperus *et al.* 2003), tornando-se a técnica base da genética forense.

2 – Cadeia de Custódia

A cadeia de custódia pressupõe a preservação de uma amostra biológica, de modo a salvaguardar a sua integridade e autenticidade desde que é colhida até chegar ao laboratório onde será analisada, assim como toda a documentação detalhada que a acompanhe. Deste modo, qualquer pessoa que tenha tido na sua posse a amostra biológica pode ser chamada a tribunal para testemunhar (Siegel 2000).

Quando as amostras são recebidas no laboratório é necessário proceder-se à confirmação do material recebido e verificar se se encontra de acordo com o ofício da entidade requisitante, realizando-se uma descrição pormenorizada quando se iniciar a análise genética.

3 – Natureza dos Vestígios Biológicos

O sangue e o esperma são os fluidos biológicos que mais são analisados no âmbito de investigações criminais. Estes são fáceis de analisar uma vez que possuem células nucleadas na sua constituição, nomeadamente espermatozóides no caso do esperma e leucócitos no caso do sangue. Normalmente chegam ao laboratório em diferentes suportes tais como nas roupas da vítima ou do agressor, zaragatoas com fluidos biológicos colhidos tanto do corpo da vítima, agressor, ou do local do crime, etc.

A saliva não contém células na sua constituição, no entanto transportam células epiteliais da mucosa bucal (Pinheiro 2008). Manchas de saliva podem ser encontradas em filtros de cigarro, garrafas, copos, etc. (Goodwin *et al.* 2007). Para além disto, em casos de agressões sexuais, é comum encontrarem-se marcas de mordeduras que podem conter células epiteliais. Estas marcas podem ser feitas pelo agressor na vítima ou pela vítima no agressor. A presença de manchas de saliva pode ainda ser detectada através de uma fonte de luz alternativa com o comprimento de onda de 282nm (Caddy *et al.* 2004, Adler *et al.* 2009, Gun 2009).

A recolha de sangue, sémen e saliva é realizada com recurso a uma zaragatoa (Figura 1) que é posteriormente seca ao ar (Figura 2) e armazenada em envelopes de papel (Figura 3) (Caddy *et al.* 2004, Adler *et al.* 2009, Gun 2009). O processo de secagem das amostras biológicas tem como objetivo prevenir a hidrólise das células e exposição do ADN às DNAses que são responsáveis pela sua degradação.



Figura 1



Figura 2

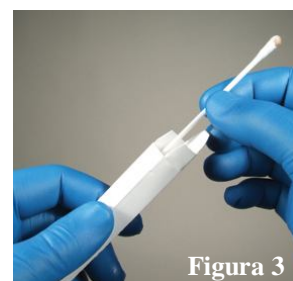


Figura 3

Figura 1 – Colheita de vestígio biológico (disponível em: <http://www.vgl.ucdavis.edu/forensics/collection.php>) Figura 2 – Secagem das zaragatoas com material biológico (disponível em: <http://www.spexforensics.com/product/dual-prong-swab-box/896>) Figura 3 – Armazenamento de zaragatoa seca em saco de papel (disponível em: <http://www.evidentcrimescene.com/cata/dna/dna.html>)

A análise de objetos que possam ter tido contato com a pele são também objeto de estudo nos laboratórios forenses, uma vez que podem ter sido transferidas células epiteliais para os objetos (Oorschot & Jones 1997). Estes vestígios podem ser colhidos através de zaragatoa ou fita adesiva (Oorschot *et al.* 2003, Hall & Fairley 2004). Outras amostras biológicas como urina, fezes, pêlos, ossos, dentes, unhas, etc., também podem ser alvo de análise no decorrer de uma investigação criminal.

4 – Armazenamento das Amostras Biológicas

Amostras biológicas para análise forense devem ser devidamente acondicionadas, armazenadas e transportadas até à sua análise. O armazenamento de vestígios biológicos deve ser feito sob condições de baixa humidade e temperatura (Baust 2008), porém, as condições de armazenamento dependem da natureza das amostras (Goodwin *et al.* 2007).

As zaragoas bucais das vítimas e suspeitos podem ser armazenadas à temperatura ambiente ou podem ser congeladas e as zaragoas colhidas nas cenas de crime são sempre congeladas. Os pêlos são refrigerados e as restantes amostras biológicas são congeladas a -25°C por curtos períodos de tempo, ou -80°C por longos períodos.

Depois de extraído, o ADN deve ser armazenado durante curtos períodos de tempo a -25°C ou -80°C para longos períodos (Goodwin *et al.* 2007, Butler 2010, Butler 2012).

5 – Processamento das Amostras Biológicas no Laboratório

5.1 – Extração do ADN

A extração do ADN corresponde ao primeiro passo da análise de uma amostra biológica no laboratório. O objetivo deste processo é remover o ADN das células isolando-o do restante material celular, uma vez que o ADN nuclear encontra-se ligado a proteínas que o protegem e podem inibir a análise de ADN caso não sejam separadas. Para além das proteínas, podem existir outros inibidores de PCR que também têm que ser separados, como a hematina do sangue, ácidos húmicos em amostras que contenham terra, corantes têxteis de roupa, cálcio dos ossos, etc. (Stray *et al.* 2010).

A extração é a fase mais importante na análise de uma amostra biológica, uma vez que o ADN é isolado, removendo os inibidores de PCR e o restante material celular. Para além disto, as amostras biológicas podem sofrer contaminações, quer entre as amostras, quer por ADN exógeno. Por este motivo, nos laboratórios de genética forense, as amostras problema devem ser processadas em diferentes alturas e locais diferentes das amostras de referência (Butler 2010, Butler 2012).

Um bom método de extração deve ser fácil, barato, capaz de extrair ADN suficiente de amostras com pouca quantidade de ADN, e, se possível, purificar a amostra de substâncias que interfiram com a PCR, possibilitando a obtenção de um perfil genético completo (Stray *et al.* 2010).

O método de extração orgânica (fenol-clorofórmio-álcool isoamílico) foi usado durante muitos anos como método de eleição. Este método envolve a adição de fenol e clorofórmio que promovem a lise celular e separam as proteínas do ADN, mas são tóxicos. Este método é demorado, envolve o manuseamento de químicos tóxicos e envolve um maior risco de contaminação, uma vez que a amostra é transferida entre uma série de tubos de 1,5ml (Vandenberg *et al.* 1997). Outro método de extração envolve o uso de Chelex que é uma resina quelante de troca iónica à qual iões divalentes como Mg^{2+} e Ca^{2+} se ligam, e uma vez ligados tornam inactivas as nucleases, que são enzimas responsáveis por quebrar as ligações entre os nucleótidos. Contudo, é um método que desnatura as cadeias duplas originando ADN de cadeia simples, podendo ser apenas aplicado a procedimentos com base na técnica de PCR (Willard *et al.* 1998).

Depois de extraído o ADN é armazenado a temperaturas negativas para inibir a ação das nucleases.

5.2 – Quantificação do ADN

Após a extração o ADN pode ser quantificado. Este passo é importante, especialmente em amostras de criminalística, uma vez que se não houver ADN suficiente na amostra, o sinal resultante da electroforese capilar pode ser reduzido e não ser detetado. Para além de isto, podem aparecer alelos não balanceados ou os alelos não são amplificados. Por outro lado, ADN em excesso torna a análise dos resultados mais demorada e de difícil interpretação uma vez que origina alelos partidos (Figura 4) (Barbisin & Shewale 2010). É essencial diluir a amostra caso tenha ADN em excesso, ou fazer com que esta se torne mais concentrada se tiver pouco ADN (Figura 5).

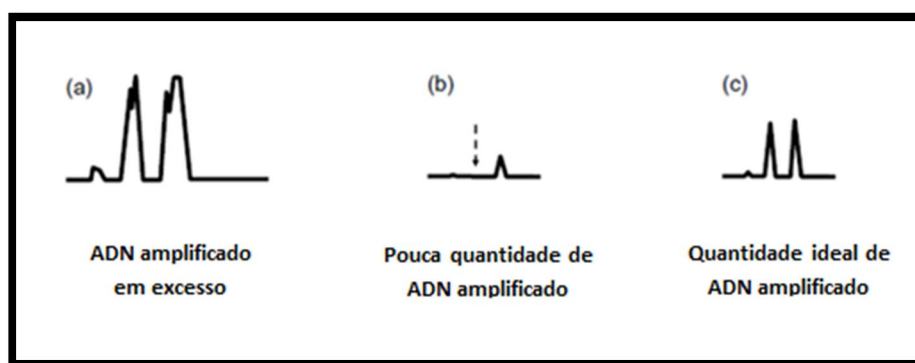


Figura 4 – Resultado da amplificação de um locus heterozigótico na presença de uma amostra biológica com: a) ADN em excesso; b) pouco ADN; c) quantidade óptima de ADN. Adaptada de Butler 2010, Butler 2012.

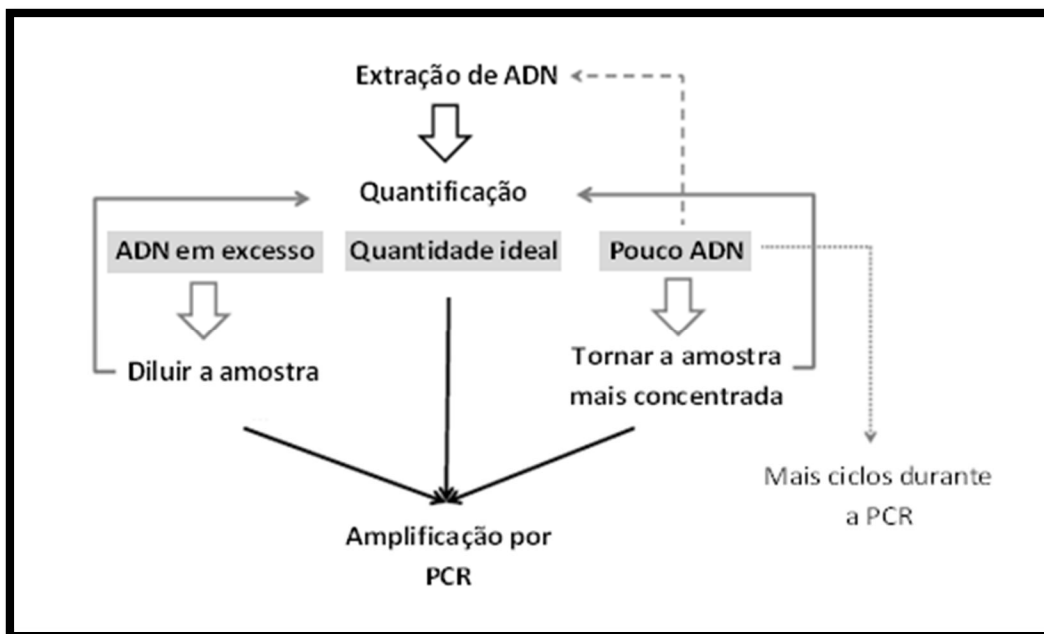


Figura 5 – Ilustração do destino das amostras biológicas após quantificação do ADN nuclear. Caso contenha ADN em excesso a amostra deve ser diluída e amplificada, se estiver com concentração óptima de ADN é diretamente amplificada e se estiver quantidade reduzida de ADN pode-se concentrar o ADN, voltar a extrair a amostra ou amplificar a amostra com mais ciclos. Adaptada de Butler 2010, Butler 2012.

Existem várias metodologias para a quantificação de ADN mas nem todas são específicas para ADN humano, como por exemplo a espectrofotometria. Um dos métodos para quantificação de ADN humano é através de PCR em tempo real com uso de kits de quantificação de ADN humano como o *Quantifiler® Human DNA Quantification Kit* ou o *Quantifiler® Duo DNA Quantification Kit*, ambos da Applied Biosystems (Green *et al.* 2005, Barbisin *et al.* 2009). Este método baseia-se na química *Taqman*, que usa uma sonda marcada com um fluorocromo numa das suas extremidades. Na outra extremidade a sonda possui um quencher, que consiste numa molécula que absorve a energia emitida pelo fluorocromo, impedindo a emissão de fluorescência. A sonda encontra-se ligada ao primer que se hibridiza ao ADN molde durante a amplificação caso este se encontre intato.

A ADN polimerase, enzima responsável por adicionar nucleótidos livres na cadeia de ADN original tem igualmente a capacidade de degradar a sonda, fazendo com que o quencher e o fluorocromo se afastem. Este afastamento permite que o fluorocromo ao ser excitado por um laser emita fluorescência que é captada por um sistema óptico, sendo que esta fluorescência é proporcional à quantidade de ADN presente.

5.3 – Amplificação do ADN

PCR consiste numa técnica de amplificação, na qual são feitas milhões de cópias de sequências específicas do ADN alvo. Esta técnica possui algumas vantagens como possibilitar a amplificação de ADN degradado, amplificação de várias sequências de

ADN simultaneamente, ser necessária pouca quantidade de ADN, e, uma vez que são usados primers específicos para ADN humano, não se corre o risco de amplificar ADN não humano (Mullis 1990). No entanto, apresenta algumas desvantagens como a possível não amplificação devido à presença de inibidores da PCR. O processo de amplificação do ADN pode ser dificultado caso ocorram contaminações com ADN exógeno e/ou apareçam mutações nas sequências onde os primers se ligam. Caso ocorram contaminações com ADN exógeno, o perfil genético resultante consistirá numa mistura de dois ou mais perfis, e caso apareçam mutações nas sequências onde os primers se irão ligar, estes podem não conseguir ligar-se e essas sequências não serão amplificadas, resultando num perfil genético parcial. Ambas as situações podem resultar em uma dificuldade de interpretação dos perfis obtidos.

Para a reação de PCR ter início são necessários vários componentes tais como o ADN molde a amplificar, os primers complementares e específicos das regiões a amplificar, que são pequenas sequências de ADN que flanqueiam a região a ser copiada, e dNTPs, que são os nucleótidos livres que vão formar a nova cadeia de ADN. Para a amplificação ter início adiciona-se uma ADN polimerase, que é a enzima que adiciona os dNTPs complementares à cadeia de ADN original, e magnésio que é um cofactor da ADN polimerase necessário à sua atividade (Mullis *et al.* 1986, Bloch 1991).

A reacção de PCR envolve ciclos de aquecimentos e arrefecimentos, estando divididos em três fases. A desnaturação do ADN, o emparelhamento dos primers e a síntese da nova cadeia de ADN. Na fase de desnaturação, as cadeias duplas do ADN molde são separadas em duas cadeias simples à temperatura de $\pm 94^{\circ}\text{C}$. Com as cadeias separadas, a temperatura desce para os $\pm 60^{\circ}\text{C}$ e os primers ligam-se às zonas de emparelhamento. Por último, a temperatura sobe aos $\pm 72^{\circ}\text{C}$ permitindo que a ADN polimerase faça a extensão dos primers, sintetizando a nova cadeia de ADN (Figura 6) (Bloch 1991).

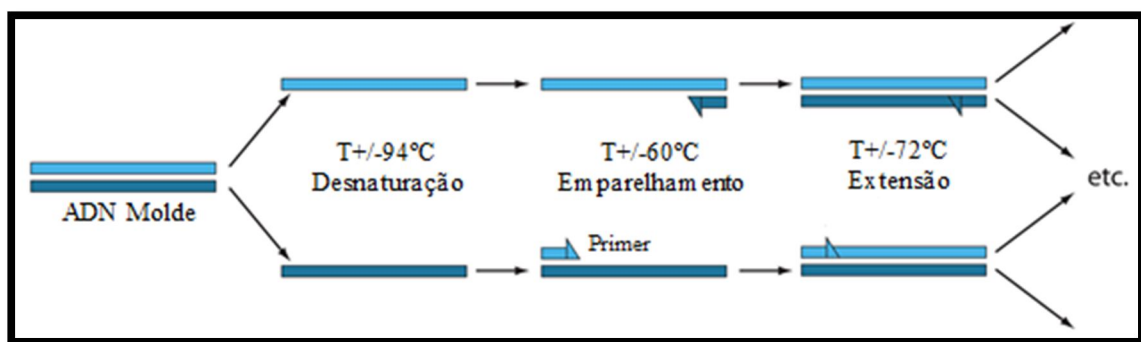


Figura 6 – Ilustração das diferentes etapas dos ciclos do processo de PCR. Adaptada do *site* <http://microfluidics.stanford.edu/Projects/Current/OnChipPCR.html>.

Normalmente, o processo de PCR envolve entre 28 e 30 ciclos. No entanto, em amostras com pouco ADN disponível, pode-se aumentar o número de ciclos entre 31 até

34, no entanto, este aumento do número de ciclos aumenta também o número de artefactos podendo dificultar a interpretação do perfil de ADN (Butler 2010, Butler 2012).

5.3.1 – Factores que Interferem com a Amplificação do ADN

São diversos os factores que vão interferir com a amplificação do ADN. Estes vão dificultar a interpretação do eletroferograma tanto através da produção de perfis genéticos incompletos, tanto com o aparecimento de picos extra. Isto vai exigir que se efetue uma análise cuidadosa para se distinguirem loci heterozigóticos de homozigóticos e artefactos dos verdadeiros alelos.

5.3.1.1 – Inibidores da PCR

São vários os inibidores de PCR, como por exemplo a hematina no sangue, os corantes da roupa, os ácidos húmicos do solo, etc. Estes podem atuar impedindo a lise celular durante a extracção, promover a degradação dos ácidos nucleicos e/ou inibir a ADN polimerase, dificultando ou inibindo totalmente a amplificação do ADN (Wilson 1997).

A presença de inibidores na amostra, no momento da amplificação, resulta na produção de um perfil parcial de ADN, o que dificulta a sua interpretação uma vez que loci heterozigóticos podem ser confundidos com homozigóticos.

Para ultrapassar este factor pode diluir-se a amostra extraída, que dilui também os inibidores presentes, ou adicionar mais ADN polimerase de modo a que esta seja mais abundante que os inibidores. A enzima ao encontrar-se em excesso liga-se aos inibidores, bloqueando-os, e a enzima restante liga-se ao ADN, amplificando-o.

Outra solução possível é recorrer a outras enzimas, que não a ADN polimerase, que tenham melhor desempenho na presença de determinados inibidores (Al-Soud & Radstrom 1998). Pode ainda ser usado BSA no processo de PCR, que consiste num soro da proteína albumina que é extraído de bovinos e que diminui a concentração de inibidores na amostra (Comey *et al.* 1994).

Outros métodos que podem ser utilizados após a extração de ADN da amostra biológica são através da utilização de hidróxido de sódio, que neutraliza os inibidores (Bourke *et al.* 1999), ou de sulfato de alumínio, que previne a purificação dos inibidores em amostras provenientes do solo (Braid *et al.* 2003).

5.3.1.2 – Contaminações

As amostras podem ser contaminadas tanto durante a sua recolha como durante o processamento laboratorial das mesmas, sem que haja perceção que ela ocorreu. São efetuados vários procedimentos para evitar que ocorram contaminações, como por exemplo as reacções pré e pós-PCR serem realizadas em salas diferentes, o uso de

material descartável, a ponta das pipetas ser descartada depois de pipetar cada amostra, uso de luz UV nas salas, antes de se começar o procedimento, para descontaminar a área de trabalho, etc.

5.3.1.3 – Efeito Estocástico

O efeito estocástico consiste numa amplificação desigual de dois alelos de um locus heterozigótico devido à existência de poucas moléculas de ADN no momento da amplificação. No locus heterozigótico, uma amplificação desigual pode resultar em que um ou mesmo os dois alelos não sejam amplificados e, conseqüentemente, detetados (Figura 7). A não amplificação de um alelo designa-se drop-out alélico e a não amplificação dos dois alelos designa-se drop-out do locus. Tal facto pode levar a uma errada interpretação do perfil genético resultante, levando à suposição de se estar na presença de um locus homozigótico quando o indivíduo é heterozigótico para aquele determinado locus. Para uma melhor interpretação dos resultados, deve efetuar-se uma segunda amplificação da amostra e compararem-se os resultados obtidos nas duas (Butler & Hill 2010).

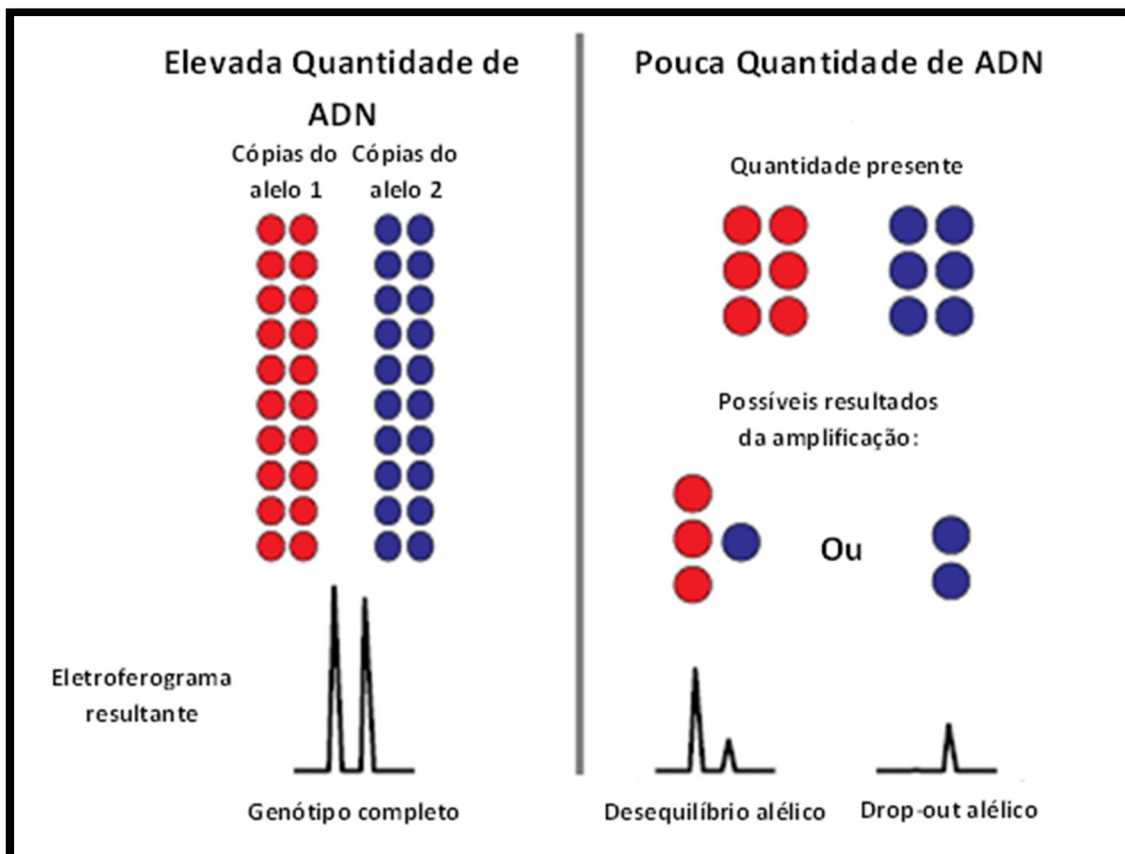


Figura 7 – Representação do efeito estocástico na análise de amostras com pouca quantidade de ADN. Adaptada de Butler 2010, Butler 2012.

5.3.1.4 – Alelos Silenciosos

Na região de ligação dos primers podem ocorrer mutações num par de bases que resulta, durante a amplificação, na não ligação destes e a zona alvo não é amplificada, resultando num drop-out alélico. Tal facto pode resultar num perfil genético incompleto, que pode levar a que se interprete erradamente um loci heterozigótico como sendo um homozigótico.

5.3.1.5 – Stutter

Os produtos *stutter* consistem em porções de ADN amplificadas mas que são uma ou mais unidades de repetição de pares de bases de nucleótidos mais pequenas que os verdadeiros alelos, resultante de um deslizamento da ADN polimerase durante a amplificação (Walsh *et al.* 1996). Isto gera picos com número de repetições diferente do alelo real que podem ser confundidos com alelos e dificultar a interpretação do eletroferograma.

5.4 – Separação e Deteção

Durante a PCR, um corante fluorescente é adicionado aos primers que são incorporados na região de ADN a ser amplificada. Depois do ADN estar eficazmente amplificado, procede-se à separação e deteção dos marcadores amplificados.

Para a separação dos diferentes alelos dos marcadores amplificados recorre-se ao uso de sequenciadores automáticos de electroforese capilar (Figura 8). O uso destes equipamentos traz uma série de vantagens uma vez que os passos de injeção, separação e deteção são automatizados. Para além disto, é um sistema que permite que várias amostras sejam analisadas ao mesmo tempo, sendo necessária pouca quantidade de amostra (Butler *et al.* 2004).

A separação das moléculas vai depender do campo eléctrico gerado, da carga e dimensões das moléculas, e assim como da temperatura e viscosidade do meio onde estas são aplicadas.

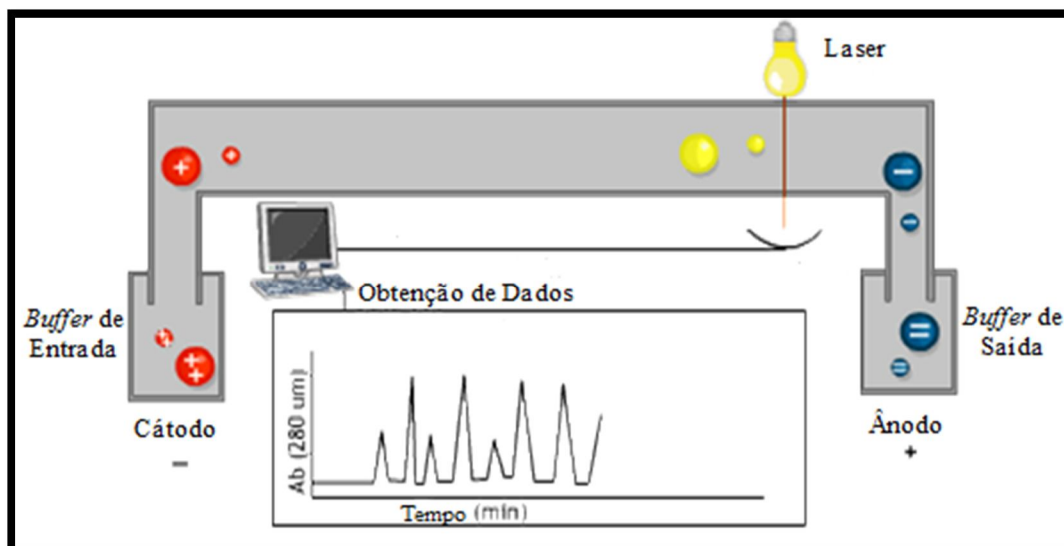


Figura 8 – Esquema representativo dos instrumentos usados durante a electroforese capilar. Adaptada do site http://www.nfstc.org/pdi/Subject09/pdi_s09_m03_01_a.htm.

Os corantes ligados às moléculas de ADN vão emitir fluorescência ao serem excitados por um laser. Esta fluorescência é detetada à medida que as moléculas de ADN passam pelo detetor. O fóton ao atingir o detetor é convertido num sinal, sendo a força deste sinal proporcional à intensidade da luz emitida. Os fragmentos de ADN são depois medidos por comparação a um *standard* interno que é composto por fragmentos de ADN de tamanho. O sinal é convertido em pares de bases, e, finalmente, os tamanhos dos produtos de PCR são correlacionados com um *ladder* alélico, que corresponde a uma mistura dos alelos mais comuns presentes na população humana (Hartzell *et al.* 2003).

Após esta correlação, os alelos são atribuídos aos marcadores, obtendo-se um eletroferograma com os alelos dos marcadores analisados, constituindo assim o perfil de ADN do indivíduo.

Capítulo II

Base de Datos

“We are not responsible for convictions, nor do we monitor such. Our job is just as satisfying when we match a sample to a suspect as it is when we exonerate the innocent.” - Dwight E. Adams

1 – Introdução

Em 1882 foi utilizado pela primeira vez o método antropométrico para identificação de criminosos. Este método consistia em medições de algumas partes do corpo e no registo de algumas características físicas particulares. Este foi posteriormente substituído pelo método de dactiloscopia, que consiste na identificação através das impressões digitais, tendo sido na Argentina, em 1892, que foi pela primeira vez usado. Este método permitiu distinguir gémeos monozigóticos uma vez que, apesar de conterem a mesma informação genética, têm impressões digitais diferentes.

Em 1985, Alec Jeffreys desenvolveu a técnica de identificação genética individual, também conhecida como DNA *fingerprinting*, que são atualmente usadas no auxílio da investigação criminal (Gill *et al.* 1985, Jeffreys *et al.* 1985). Dez anos depois, em 1995, foi estabelecida a primeira base de dados nacional do mundo no Reino Unido. No fim dos anos 90 verificou-se a potencialidade deste tipo de ferramenta no combate à criminalidade, através do aumento significativo do número de correspondências ou *hits* efetuados através da base de dados (Thibedeau 2011).

Um perfil de ADN proveniente de uma amostra colhida numa cena de crime não tem qualquer valor se não existir um suspeito com o qual possa ser comparado. Em Portugal, em um quinto dos casos criminais não existe suspeito, o que limita a investigação criminal no que diz respeito à identificação do autor do crime (Asplen & Lane 2004, Corte-Real 2004).

A probabilidade de identificar um suspeito responsável por um crime é maior quantos mais perfis genéticos de criminosos estiverem inseridos na base de dados. São diversos os países que têm vindo a constituir a sua base de dados e a demonstrar a eficácia na identificação de amostras biológicas colhidas em local de crime. Um exemplo é o Reino Unido, onde a probabilidade de correspondência entre um perfil de uma amostra biológica colhida em local de crime e um perfil já contido na base de dados é de 61,4%. Esta elevada probabilidade deve-se ao elevado número de perfis que constitui esta base de dados (National DNA Database Strategy Board Annual Report 2012-2013).

A criação de bases de dados de ADN é também justificada pelo facto de a muitos dos criminosos ter tendência a reincidir (Martin 2004, Corte-Real 2004). Se os reincidentes forem identificados no seu primeiro delito, outros mais graves podem ser prevenidos, uma vez que a gravidade dos crimes praticados pelos reincidentes tende a aumentar ao longo da sua “carreira criminal” (Harbison *et al.* 2001, Corte-Real 2004).

Para além disto, a existência de uma base de dados de perfis de ADN pode ainda ajudar a provar a inocência de indivíduos presos injustamente (Butler 2010, Butler 2012).

As primeiras bases de dados foram criadas especificamente para o combate à criminalidade violenta, nomeadamente homicídios, agressões sexuais, etc. Ao longo do tempo foram contemplando também crimes mais leves, no entanto mais abundantes, como os roubos, furtos, agressões, etc. Esta expansão permitiu que as bases de dados crescessem de milhares de perfis para milhões (U.S. Department of Justice 2004, Rothstein & Talbott 2006, Doleac 2011). Este crescimento foi essencial para o aumento da eficiência da base de dados, uma vez que quanto mais perfis de ADN tiver, maior é a eficácia na identificação dos criminosos (Butler 2010, Butler 2012). Para além da identificação de criminosos, hoje em dia, uma das funções das bases de dados também é a identificação de vítimas de desastres de massas e de pessoas desaparecidas.

Ao longo dos anos têm sido desenvolvidos diversos *kits* de marcadores genéticos para obtenção de perfis de ADN. Estes devem apresentar baixas taxas de mutação, serem altamente discriminatórios e permitirem a reprodutividade dos resultados e a sua robustez (Carracedo & Lareu 1998).

Em 1997, nos Estados Unidos da América, foram escolhidos 13 marcadores genéticos para serem inseridos na base de dados norte americana. Os 13 STR são o CSF1PO, o FGA, o TH01, o TPOX, o vWA, o D3S1358, o D5S818, o D7S820, o D8S1179, o D13S317, o D16S539, o D18S51 e o D21S11 (Butler 2006, Butler & Hill 2012). Destes, os que apresentam um maior grau de polimorfismo, isto é, os que são mais variáveis geneticamente, são o FGA, o D18S51 e o D21S11, enquanto o TPOX, o CSF1PO e o TH01 são os que possuem menor variabilidade. Apesar desta discrepância de níveis de polimorfismo, quando são usados em conjunto, a probabilidade de correspondência entre indivíduos não relacionados é de 1 em 1 milhão de biliões (Chakraborty *et al.* 1999).

Já a nível europeu, em 2001, o ENFSI, uma organização europeia de institutos de ciências forenses, escolheu 7 STR que iriam fazer parte do ESS (*European Standard Set*), que são o FGA, o TH01, o vWA, o D3S1358, o D8S1179, o D18S51 e o D21S11. Posteriormente, em 2009, a ENFSI estendeu o número de marcadores para 12, os 7 originais mais cinco, sendo eles o D12S391, o D1S1656, o D2S441, o D10S1248 e o D22S1045 (European Council 2001, Butler & Hill 2012). Os sete primeiros marcadores europeus também constam na lista dos marcadores americanos, o que facilita a troca de informações a nível de perfis de ADN entre os vários países do mundo.

Em 2011, 56 países a nível mundial já tinham criado a sua base de dados de perfis de ADN, outros 26 planeavam a sua criação, e a base de dados da INTERPOL possuía perfis partilhados por 49 países. Esta enorme adesão a bases de dados facilita a cooperação internacional, havendo troca de perfis e permitindo a resolução de crimes internacionais (Thibedeau 2011).

2 – Problemas

A constituição de bases de dados de perfis de ADN levanta uma dualidade de opiniões. Por um lado, existe o argumento de que as bases de dados são um bem público, uma vez que são uma forma rápida e segura de identificar suspeitos e libertar inocentes. Para além disto, reduzem os custos de investigações criminais e criam um efeito dissuasor nos criminosos (Williams & Johnson 2005¹, Williams & Johnson 2005²). Por outro lado, os argumentos contra baseiam-se em que este tipo de base de dados ameaça a integridade física, se a colheita de amostra biológica for realizada sem consentimento do indivíduo, viola direitos de privacidade, cria a possibilidade de no futuro, as amostras forenses poderem ser usadas para outras finalidades que não as de investigação criminal, entre outros (Harbison *et al.* 2001, Williams & Johnson 2005²).

Esta falta de consenso faz com que a criação de bases de dados de perfis de ADN acarrete uma série de problemas éticos, técnicos, jurídicos e sociais, que fazem com que as bases de dados sejam demasiado restritivas, ou, em alguns países, não venham a ser estabelecidas.

2.1 – Problemas Éticos

Grande parte dos argumentos contra a constituição de base de dados de perfis de ADN foca-se no facto de que esta viola certos direitos individuais dos cidadãos (Harbison *et al.* 2001) como o direito à privacidade, uma vez que cada indivíduo deve poder decidir que tipo de informação está disposto a revelar, direito à integridade corporal e o direito ao silêncio.

Em Portugal não são inseridos os perfis de ADN de suspeitos ou de arguidos na base de dados, nem são armazenados após liberação destes. Nela são inseridos os perfis de condenados com penas de prisão iguais ou superiores a três anos. Para além disto, na lei portuguesa, o modo de recolha da amostra biológica é através de métodos não invasivos, sendo o comum a zaragatoa bucal onde se recolhem células da mucosa bucal, sendo que estes métodos não invasivos não privam o indivíduo da sua integridade corporal.

Existe o receio que a análise do ADN possa revelar predisposição a certas doenças genéticas podendo este tipo de informação ser utilizada inadequadamente. Contudo, os marcadores genéticos estudados no âmbito da genética forense encontram-se em regiões não codificantes do ADN, o que significa que não devem possuir associações com doenças genéticas. Para além disto, a informação relativa aos dados pessoais do indivíduo não é armazenada em conjunto com os perfis genéticos, o que previne o uso incorreto destes (Gaensslen 2006).

Por outro lado, há estudos que indicam que marcadores de STR, como o D21S11 e o D18S51, podem estar ligados à deteção pré-natal dos síndromes de Down e Edwards, respetivamente (Yoon *et al.* 2002), e o marcador TH01 foi relacionado com a esquizofrenia (Thibaut *et al.* 1997).

Devido aos indícios de que possa haver determinação genética para alguns comportamentos humanos (como a agressividade, a orientação sexual, a dependência aditiva e a tendência para o crime), teme-se que os dados de ADN possam ser utilizados ou interpretados de forma incorrecta ou abusiva (Simoncelli 2006).

2.2 – Problemas Jurídicos

A análise do ADN possui a potencialidade de resolver processos criminais arquivados cujo resultado foi inconclusivo porque ainda não existia a tecnologia necessária. No entanto, existe a possibilidade da investigação do crime poder já ter prescrito, o que dificulta a resolução destes casos. Em Portugal processos criminais prescritos não podem ser reabertos, mas nos Estados Unidos da América pode-se pedir um alargamento do prazo de prescrição em casos que envolvam análise de ADN ou até mesmo eliminar a data de prescrição para certos crimes violentos (Herkenham 2002).

Outro dos problemas jurídicos está relacionado com o período de tempo em que as amostras e os perfis possam ser retidos nas bases de dados. Alguns países defendem que devem ser conservados por tempo indefinido quando se trata de crimes considerados graves. No entanto, no Reino Unido, muitos crimes graves foram identificados pelo facto de o perfil de ADN ter sido inserido após um crime considerado ligeiro. E é com base neste argumento que no Reino Unido, os perfis são retidos indefinidamente na base de dados (Parliamentary Office of Science and Technology 2006). A legislação de alguns países prevê que as amostras sejam destruídas após obtenção do perfil de ADN (Gill *et al.* 2004, Herkenham 2006, Parliamentary Office of Science and Technology 2006, Nuffield Council on Bioethics 2007). A retenção das amostras biológicas tem a vantagem de que, caso surjam novos marcadores ou novas tecnologias, estas possam ser analisadas novamente. Para além disto, caso seja necessário obter um novo perfil genético, não terá que se efetuar uma nova recolha de amostra (Corte-Real 2004, Martin 2004). No caso de Portugal, as amostras-problema, isto é, amostras colhidas no local do crime ou na vítima, são armazenadas enquanto que as zaragatoas bucais colhidas aos condenados são destruídas após obtenção do perfil genético.

3 – Legislação

Quanto mais jovens os indivíduos forem presos, menor é a probabilidade de reincidência. Por exemplo, ao invés de condenar um homem de 35 anos por um crime violento por um longo período de tempo, a base de dados pode ajudar a que este seja

apanhado aos 25 anos por um crime menos violento, podendo resultar em menos tempo de prisão e menor probabilidade de reincidência (Doleac 2011).

A criação de uma base de dados tem como objetivo fundamental a identificação de criminosos e a diminuição da criminalidade. As bases de dados funcionam porque a maioria dos indivíduos tende a reincidir (McEwen & Reilly 1994), e, se os perfis forem inseridos na primeira ofensa dos indivíduos, crimes futuros podem ser prevenidos.

Segundo a INTERPOL, é estimado que dos 186 países do mundo, 120 realizem análises genéticas no âmbito forense, e 56 possuam bases de dados de perfis de ADN (INTERPOL 2008, Thibedeau 2011). O factor mais importante para garantir a eficácia de uma base de dados de perfis de ADN é a legislação que a regula. Uma legislação pouco eficaz traduz-se numa diminuição a maximização do potencial das bases de dados no combate à criminalidade (Asplen & Lane 2004 Marjanovic *et al.* 2011). Em termos da legislação nacional que regula a base de dados, existem diversas abordagens, desde países com bases de dados restritivas, nas quais apenas são inseridos os perfis genéticos de indivíduos condenados por determinadas ofensas, até países que inserem o perfil genético de todos os condenados.

3.1 – Nível Nacional

A legislação que definiu a criação da base de dados de peris genéticos portuguesa foi publicada a 12 de fevereiro de 2008, tendo como finalidade a identificação civil e de investigação criminal, mas apenas em 2010 a base de dados ficou operacional.

A base de dados encontra-se dividida em seis subunidades, sendo inseridos os perfis de ADN obtidos de voluntários, restos cadavéricos não identificados, pessoas desaparecidas ou dos seus familiares, amostras colhidas em locais de crime, condenados com sentença igual ou superior a três anos, e profissionais. No entanto, o perfil genético de condenados apenas é inserido mediante despacho do juiz e o de amostra-problema após despacho do Ministério Público ou juiz.

O perfil genético obtido após análise de uma amostra dum cena de crime, é destruído quando este for identificado como sendo de uma pessoa. Os perfis de condenados são eliminados quando as decisões do seu registo criminal sejam canceladas definitivamente, enquanto que os de voluntários são mantidos indefinidamente, ou até a pessoa revogar, e os de profissionais são apagados 20 anos após cessação das suas funções. No que diz respeito a cadáver ou restos cadavéricos e pessoas desaparecidas, os seus perfis genéticos são removidos após a sua identificação (Lei nº 5/2008).

3.2 – Nível Internacional

3.2.1 – Alemanha

Na base de dados de perfis de ADN alemã são inseridos os perfis genéticos de amostras de local de crime, condenados e suspeitos de delitos considerados graves tais como homicídio, terrorismo, ofensas sexuais, rapto, roubo, entre outros. A análise de amostras de local de crime é efetuada após ordem do juiz.

Os dados genéticos são revistos passados 10 anos, em caso de adultos, ou 5 anos, em caso de adolescentes. Se houver perigo de reincidência os perfis genéticos são mantidos mais tempo na base de dados, caso se verifique o contrário são eliminados (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Asplen & Lane 2004, Martin 2004, Asplen 2009).

3.2.2 – Áustria

No caso da base de dados de perfis de ADN austríaca, são inseridos os perfis genéticos de todos os condenados e suspeitos de delitos graves. Os perfis de condenados são retidos indefinidamente e os de suspeitos são eliminados se o indivíduo requerer a sua remoção após ter sido ilibado do crime. Os perfis genéticos obtidos a partir de amostras de cenas de crime são mantidas na base de dados até o crime se encontrar resolvido (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Asplen & Lane 2004, Martin 2004, Asplen 2009).

3.2.3 – Canadá

No Canadá a base de dados de perfis genéticos encontra-se dividida em duas partes, a dos condenados e a das cenas de crime. São inseridos os perfis de ADN de todos os condenados, mantendo-se estes indefinidamente na base de dados, no entanto, podem ser removidos se a pessoa for absolvida da acusação (The National DNA Data Bank of Canada Annual Report 2011-2012).

3.2.4 – Eslováquia

Na base de dados de perfis de ADN da Eslováquia são adicionados os perfis genéticos de todos os condenados e suspeitos. O perfil de condenados é removido 100 anos após o nascimento do indivíduo e o de suspeitos após ser ilibado (Machado *et al.* 2011).

3.2.5 – Estados Unidos da América

A base de dados norte-americana funciona com o programa CODIS que opera nas bases de dados a nível local, estatal e nacional e conta com perfis de condenados, perfis de cenas de crime e de pessoas desaparecidas. O facto de a base de dados estar

dívidida nestes três níveis, permite aos laboratórios forenses terem flexibilidade para fazerem as suas pesquisas dentro da sua legislação e necessidades técnicas (Figura 9).

A base de dados funciona a um nível local através de um sistema de índice de ADN local (*Local DNA Index System*) que se encontra instalado em todos os laboratórios que são operados pela polícia. Os perfis inseridos a este nível podem ser transmitidos ao nível estatal e nacional. Existe ainda o sistema de índice de ADN estatal (*State DNA Index System*) no qual cada estado elege um laboratório para operar a este nível. Este nível possibilita que os laboratórios locais façam as suas pesquisas dentro desse estado, servindo também como elo de comunicação entre o nível local e nacional. Por último, existe o sistema de índice de ADN nacional (*National DNA Index System*) que permite que os laboratórios estatais selecionados efetuem as suas pesquisas, sendo este sistema operado pelo FBI (James 2012).

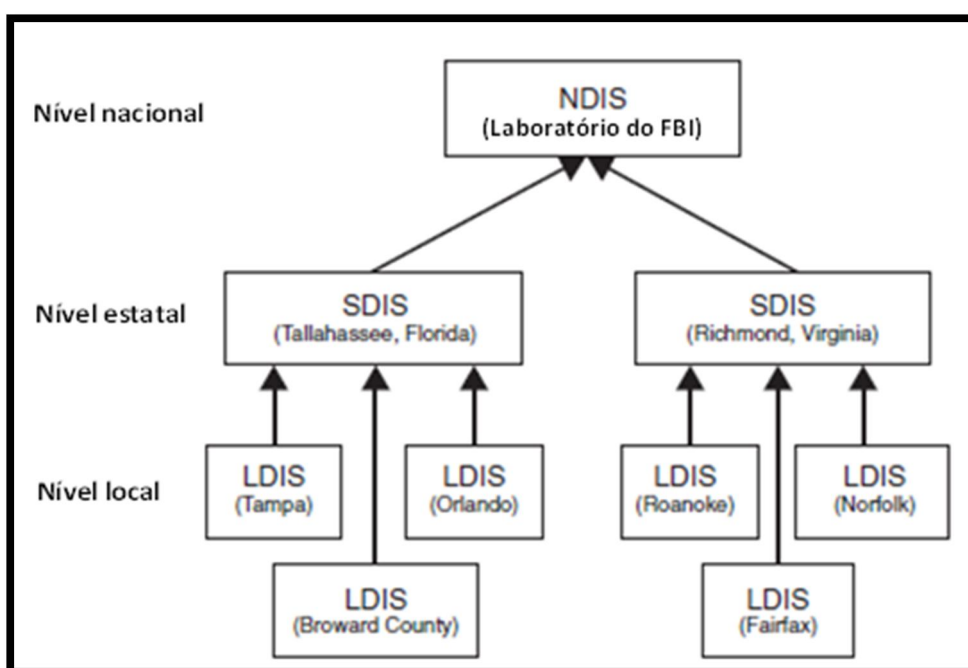


Figura 9 – Esquema dos três níveis de divisão da base de dados de perfis de ADN norte americana. Adaptada de Butler 2010, Butler 2012.

Apesar de todos os estados inserirem perfis de ADN na base de dados, as leis respeitantes ao critério de remoção de perfis podem ser diferentes de estado para estado. Trinta e oito estados possuem leis que regulam a remoção da informação genética, podendo o perfil de ADN ser removido caso o suspeito não seja condenado (Herkenham 2002, Gaensslen 2006, Simoncelli 2006).

3.2.6 – Estónia

Na Estónia, a base de dados de perfis genéticos possui perfis de ADN de condenados, suspeitos e de amostras de cenas de crime. Os perfis de condenados são

retidos durando 5 anos após a morte do indivíduo e o perfil de suspeitos é removido após absolvição destes (Asplen 2009, Thibedeau 2011).

3.2.7 – Finlândia

A base de dados finlandesa possui certas restrições para a inserção de perfis genéticos. São inseridos os perfis genéticos de condenados que cometem determinados delitos, tais como ofensas sexuais, homicídios, agressões, roubos, entre outros. São também inseridos os perfis de suspeitos quando a pena de prisão, do delito que são acusados, exceda um ano. No caso dos perfis de amostras biológicas colhidas em locais de crime, estes são todos inseridos sem restrições.

O perfil genético de condenados é retido durante um ano depois da sua morte, e os perfis de suspeitos são apagados até um ano depois do Ministério Público determinar que não há provas suficientes para sustentar a suspeita; quando se retira a acusação, ou quando a sentença foi anulada. Por outro lado, os perfis de amostras de cenas de crime são retidos indefinidamente (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Asplen & Lane 2004, Martin 2004, Asplen 2009).

3.2.8 – Holanda

Em relação à base de dados de perfis de ADN da Holanda, são inseridos os perfis genéticos de condenados a penas de prisão iguais ou superiores a quatro anos, ou de suspeitos de crimes que possam levar a uma condenação de pena de prisão igual ou superior a quatro anos. São também inseridos os perfis de todas as amostras biológicas colhidas em cenas de crime.

Os perfis de condenados são mantidos na base de dados durante um período de 20 anos para penas de prisão entre os quatro e os seis anos, ou 30 anos para penas de prisão superiores a seis anos. Caso o suspeito seja condenado o seu perfil será mantido na base de dados de dados conforme a pena aplicada, e caso seja absolvido o seu perfil é removido (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Asplen & Lane 2004, Martin 2004, Asplen 2009).

3.2.9 – Hungria

Na base de dados de perfis de ADN húngara são adicionados os perfis genéticos de condenados e suspeitos de crimes puníveis com mais de cinco anos, ou de determinados delitos como ofensas sexuais com violência, criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes, terrorismo, crimes contra a nação, entre outros. Por outro lado, são inseridas todas as amostras colhidas em cenas de crime sem restrições.

No caso de perfis genéticos de condenados, estes são retidos 20 anos após a condenação. Os perfis de suspeitos são destruídos após ilibação ou quando a investigação é abandonada; os perfis de amostras colhidas em cenas de crime são

destruídos após prescrição do crime pelo qual foram inseridas (Martin 2004, Asplen 2009).

3.2.10 – Letónia

Em relação a base de dados de perfis de ADN da Látvia, são inseridos os perfis genéticos de condenados e suspeitos de qualquer ofensa e todas as amostras colhidas em cenas de crime. Os perfis de condenados são retidos durante 75 anos após terem sido inseridos e o de suspeitos 10 anos após a sua liberação. No caso de perfis de amostras de cenas de crime estas são retidas indefinidamente (Machado *et al.* 2011, Thibedeau 2011).

3.2.11 – Lituânia

Na Lituânia são inseridos os perfis genéticos de condenados e suspeitos de qualquer ofensa e todas as amostras colhidas em locais de crime na base de dados. Os perfis de condenados e suspeitos são retidos durante 100 anos após a sua inserção, ou dez anos após a morte do indivíduo. No caso de perfis de amostras de cenas de crime estes são retidos indefinidamente. No entanto, amostras biológicas devem ser destruídas após obtenção do perfil de ADN (Thibedeau 2011).

3.2.12 – Reino Unido

A base de dados de perfis de ADN do Reino Unido possui perfis genéticos de condenados e detidos por qualquer delito, assim como de todas as amostras biológicas colhidas em locais de crime. Os perfis de ADN de condenados são retidos indefinidamente na base de dados, os de detidos são removidos após serem absolvidos, e os de amostras de cenas de crime são removidos após serem identificadas (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Asplen 2004, Martin 2004, Williams & Johnson 2005¹, Kaye 2006, Asplen 2009, Protection of Freedom Act 2012).

3.2.13 – República Checa

Na base de dados de perfis de ADN da República Checa são adicionados os perfis genéticos de todos os condenados, sendo removidos 80 anos após a sua inserção na base de dados (Asplen 2009).

3.2.14 – Suécia

Em relação à base de dados de perfis de ADN da Suécia são inseridos os perfis genéticos de condenados a uma pena de prisão superior a dois anos. São ainda inseridos os perfis de todos os suspeitos e de amostras biológicas colhidas em cenas de crime. Os perfis de condenados permanecem na base de dados durante 10 anos após o fim da sua sentença, e o de suspeitos é removido após absolvição destes (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Asplen & Lane 2004, Martin 2004, Asplen 2009).

4 – Desastres de Massa e Pessoas Desaparecidas

Para além da identificação de criminosos, outra das finalidades das bases de dados de perfis de ADN é a identificação de pessoas desaparecidas ou em situações de desastres de massas.

Um desastre de massas consiste num fenómeno inesperado que pode ter origem natural ou humana e que envolve a morte de um elevado número de pessoas num curto período de tempo (Alonso *et al.* 2005). Neste tipo de situações existe uma quantidade elevada de cadáveres e restos cadavéricos que terão que ser identificados através de metodologias de genética molecular se a identificação for impossível por outros meios. No caso de pessoas desaparecidas, existe a possibilidade de que se possa encontrar o seu cadáver ou restos cadavéricos, podendo estes estar em elevado estado de decomposição.

Neste tipo de situações pode recorrer-se à lofoscopia ou à odontologia para identificar cadáveres. Contudo, estes métodos requerem que os restos cadavéricos pretendidos se encontrem intactos e que o indivíduo tenha a sua impressão digital arquivada e os registos dentários disponíveis (Alonso *et al.* 2005, De Valck 2006, Graham 2006). Por outro lado, a genética forense apresenta a vantagem de se poder extrair ADN de praticamente qualquer vestígio biológico, sendo fundamental nestes casos (Graham 2006).

Nestes casos é necessário obter-se o perfil genético da pessoa desaparecida ou dos indivíduos vítimas de desastres de massas para que, caso seja encontrado um cadáver ou resto cadavérico, se possa efetuar uma comparação. Com o objetivo de determinar o perfil de referência de um indivíduo desaparecido ou vítima de desastre em massa pode recorrer-se a objetos pessoais como por exemplo escova de dentes ou pente. Na ausência de pertences íntimos, pode ainda recorrer-se à determinação do perfil genético de familiares da vítima (Ritter 2007, James *et al.* 2008). Os familiares preferenciais para a obtenção de um perfil genético são os pais, irmãos ou filhos da vítima, mas caso o ADN não possa ser colhido de um destes familiares, recorre-se a familiares mais distantes, a partir dos quais se irão determinar linhagens maternas ou paternas consoante se analise o ADN mitocondrial ou o do cromossoma Y (Lorente *et al.* 2002, Greely *et al.* 2006).

Depois de obtidos os perfis, quer das vítimas, quer dos familiares, estes são inseridos na base de dados de ADN. Caso algum resto humano seja encontrado, o perfil de ADN desse resto humano é comparado com os perfis na base de dados.

5 – Cooperação Internacional

Quando um indivíduo ou grupo de indivíduos comete crimes em vários países é fundamental que exista cooperação entre esses países com o objetivo de combater a criminalidade internacional de modo eficaz. Esta cooperação é essencial em países europeus onde, desde a Convenção de Schengen em 1990, não existe controlo entre as

fronteiras dos vários Estados-Membros. Esta Convenção também veio a facilitar a troca de informações entre as autoridades de aplicação da lei dos vários Estados-Membros (Comissão Europeia 2011). Em 2005, 7 países europeus assinaram o Tratado de Prüm, que tem o objetivo de combater o terrorismo, criminalidade internacional e imigração ilegal. Para além disto, o Tratado veio a melhorar a troca de dados genéticos entre os países assinantes (Council of the European Union 10900/05).

Ainda em 2005, a Comissão das Comunidades Europeias propôs uma decisão-quadro na qual os Estados-Membros são obrigados a conceder acesso a certos tipos de informações, incluindo de bases de dados eletrónicas, às autoridades de outros países (Comissão das Comunidades Europeias 13413/05).

Uma das medidas de cooperação internacional é através da comparação de perfis genéticos entre as bases de dados nacionais dos diferentes países. A criação de bases de dados de perfis de ADN internacionais, não é recomendada, pois cada país tem a sua própria legislação no que diz respeito ao funcionamento da base de dados de ADN. Isto impossibilita que as bases de dados sejam unificadas, no entanto, a informação pode ser intercambiada, desde que a lei de cada país o permita (Schneider 1998). Para este efeito a INTERPOL criou uma plataforma de troca de informação chamada “*INTERPOL gateway*” e combinou os marcadores STR usados nos vários países, criando o “*INTERPOL Standard Set of Loci*” (Goodwin *et al.* 2007, INTERPOL 2009).

Foram criados protocolos específicos para os países poderem fazer pesquisas na base de dados nacional de outro país, uma vez que os países não possuem a mesma legislação (Parliamentary Office of Science and Technology 2006). Devido a motivos de privacidade e proteção dos dados, apenas são enviados os perfis de amostras de cenas de crime e não os perfis de amostras de condenados (Schneider & Martin 2001, INTERPOL 2009).

Muitos países usam versões da plataforma isolada do CODIS, disponibilizada pelo FBI gratuitamente, que permite uma padronização do armazenamento de dados e de formatos de intercâmbio (Butler 2010, Butler 2012). Contudo, o maior obstáculo da partilha de informação entre países é uma questão política e não técnica (Williams & Johnson 2005²).

Parte II

Justificação do Tema e Objectivos

1 – Justificação do Tema

As bases de dados nacionais de perfis de ADN já existem há duas décadas e a sua eficácia, no que diz respeito à identificação de indivíduos e diminuição da criminalidade, tem sido demonstrada através do número elevado de correspondências ou *hits* entre perfis de ADN obtidos de amostras biológicas colhidas no local de crime e perfis inseridos na base de dados. Esta eficácia resultou na criação de bases de dados nacionais em diversos países a nível mundial.

A aprovação de legislação para a criação de bases de dados nacionais de perfis de ADN deve ter como objetivo a redução eficaz da criminalidade e a identificação de intervenientes em crimes. Para tal, cada país deve criar e testar a sua base de dados nacional de modo a avaliar a eficácia em termos técnicos e legislativos, verificando se os requisitos são cumpridos e se são os ideais, e caso não sejam, que mudanças podem ser efetuadas.

A análise das percentagens dos tipos de crime integra o primeiro trabalho efetuado a partir dos dados inseridos na base de dados portuguesa que se encontra localizada na Sede do Instituto Nacional de Medicina Legal e Ciências Forenses (INMLCF). Foram alvo de análise os dados inseridos até março de 2014, na qual constam 1873 perfis de ADN de condenados a uma pena de prisão igual ou superior a três anos.

Com o estudo do balanço criminal existente na base de dados pretende-se fazer uma análise do tipo de crime de 1873 processos judiciais de indivíduos condenados a uma pena de prisão igual ou superior a 3 anos inseridos na base de dados portuguesa e fazer um balanço estatístico do tipo de crimes que predominam nesta. Estes dados serão alvo de uma comparação com os dados de outros países, permitindo analisar se a restrição da inserção de condenados a uma pena de prisão igual ou superior a três anos, e a necessidade da ordem do juiz na legislação portuguesa são as abordagens mais eficazes, e caso não sejam, irão permitir também fundamentar sugestões para alteração da legislação nacional.

2 – Objetivos Gerais e Específicos

2.1 – Objetivos Gerais

O objetivo do trabalho consiste em realizar uma comparação entre percentagens relativas dos tipos de crime inseridos na base de dados de perfis de ADN portuguesa, com as bases de dados de outros países a nível internacional, e verificar se existem diferenças. Pretende-se ainda comparar as diferentes legislações que regulam as bases de dados de perfis de ADN, principalmente em relação aos critérios de inserção e remoção de perfis genéticos.

2.2 – Objetivos Específicos

1. Análise do tipo de crime dos 1873 perfis de ADN de condenados inseridos na base de dados de perfis de ADN portuguesa, desde o ano 2010 até março de 2014.

1.1 Determinar a percentagem correspondente a cada tipo de crime inserido na base de dados, observando quais são os mais predominantes.

1.2 Comparar os dados nacionais com os dados relativos à predominância dos tipos de crime de bases de dados de outros países.

2. Análise da Lei nº 5/2008 de 12 de Fevereiro.

2.1 Avaliar a necessidade da autorização do juiz para a inserção do perfil na base de dados.

2.2 Comparar a legislação portuguesa com a legislação de outros países, nomeadamente Reino Unido, Áustria, Holanda, Alemanha, Estados Unidos da América, Suécia, Hungria, Finlândia, Canadá, Eslováquia, Lituânia, República Checa, Estónia e Letónia.

2.3 Sugerir que possíveis alterações podem ser efetuadas a nível legislativo para um melhor funcionamento e eficácia da base de dados de perfis de ADN portuguesa.

Parte III

Metodologia

1 – Introdução

Em 1992, o comité de ministros dos estados membros da União Europeia recomendou que todos os estados membros criassem bases de dados de perfis de ADN para fins de investigação criminal (Council of Europe 1992), tornando-se uma necessidade criar legislações nacionais que as regulem. Para além disto, uma vez que os dados dos perfis genéticos podem ser utilizados por outros países para a detenção de criminosos que actuem a nível internacional, é necessário medir-se a eficácia da base de dados no que diz respeito a identificação de indivíduos, o que também vai auxiliar a verificar esta eficácia no caso português.

Em Portugal a lei para a criação da base de dados de perfis de ADN foi aprovada a 12 de Fevereiro de 2008, mas apenas em 2010 começaram a ser inseridos os primeiros perfis de ADN. A lei portuguesa restringe a inserção de perfis genéticos para condenados com penas de prisão iguais ou superiores a três anos após ordem do juiz. Muitas vezes os magistrados não estão sensibilizados para este efeito ou desconhecem a lei e, uma vez que a inserção é apenas efetuada por ordem do juiz, o número de perfis inseridos chega apenas aos 1873 perfis em março de 2014.

As bases de dados que contenham um número elevado de perfis vão ser mais eficazes na identificação de criminosos, possibilitando que estes sejam detidos mais cedo, evitando futuros crimes. Para além disto, uma base de dados eficaz apresenta um efeito dissuasor na criminalidade, podendo contribuir para a diminuição do número total de reclusos (Doleac 2011). Assim sendo, é necessário ponderar se a legislação atual é vantajosa, e se não, que mudanças podem ser feitas para que a base de dados portuguesa se torne uma ferramenta eficaz no combate à criminalidade.

2 – Métodos

A base de dados portuguesa não continha o tipo de crime associado a todos os processos judiciais, por isto, inicialmente, procedeu-se a uma pesquisa manual destes processos referentes ao período desde 2010 até março de 2014 que não possuíam esta informação na base de dados. Esta informação foi adicionada aos elementos de cada processo já existentes na base de dados, tendo sido feita uma exportação posteriormente de todos os dados relativos aos tipos de crime até 2014.

De cada processo foi retirada apenas a informação correspondente ao(s) tipo(s) de crime que levou/levaram à condenação dos indivíduos. Variáveis como sexo, idade, etnia, entre outros, não serão tidos em conta para este estudo.

Para a obtenção dos dados relativos aos tipos de crime de outros países, foram enviados *e-mails* para os responsáveis pelas bases de dados de perfis genéticos com recurso ao site ENFSI, que disponibiliza alguns dados de contato dos diversos institutos

de ciências forenses, tendo alguns deles fornecido dos dados aos tipos de crime inseridos nas suas bases de dados.

Procedeu-se à comparação das percentagens dos tipos de crime, tendo em conta a legislação de cada país para a inserção de perfis genéticos na base de dados, efetuando-se depois uma análise da situação portuguesa e que mudanças poderão ser realizadas para a base de dados ter um melhor funcionamento.

3 – Comparação de Legislações

Entre os anos 1995 e 2000 foram criadas/aprovadas as primeiras bases de dados de ADN. O país pioneiro foi o Reino Unido seguido da Áustria, Holanda, Estados Unidos da América, Suécia, Hungria, Finlândia e Canadá. Estes países têm a particularidade de terem legislações muito divergentes entre si, sendo maioritariamente mais restritivas no que diz respeito ao critério de inserção de perfis genéticos na base de dados. No caso do **Reino Unido, Áustria, Estados Unidos da América e Canadá** são adicionados os perfis genéticos de todos os condenados sem restrições. Apesar de serem as bases de dados menos restritivas, algumas destas começaram por inicialmente inserir apenas o perfil genético de condenados por ofensas graves, como homicídio ou ofensas sexuais. Com o decorrer do tempo o critério de inserção foi sendo cada vez menos restritivo de modo a abranger mais ofensas, tendo resultado num elevado aumento do número de perfis nas bases de dados, o que contribuiu na identificação de um maior número de suspeitos (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Herkenham 2002, Asplen 2004, Martin 2004, Williams & Johnson 2005¹, Gaensslen 2006, Kaye 2006, Simoncelli 2006, Asplen 2009, DNA Resource 2011).

A **Holanda, Suécia e Hungria** optaram por restringir a **inserção de perfis** genéticos de acordo com o número de anos de pena de prisão. Na Holanda são inseridos os perfis de ADN de condenados por crimes com pena de prisão igual ou superior a quatro anos, na Suécia a pena mínima de prisão para a inserção de perfis genéticos é de dois anos e na Hungria é de cinco anos ou quando o crime cometido é de ofensas sexuais com violência, criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes, terrorismo, etc. Para além de condenados, a Suécia insere igualmente o perfil de todos os suspeitos, a Holanda o de suspeitos de crimes que possam levar a penas de prisão iguais ou superiores a quatro anos e a Hungria o de suspeitos de crimes que possam levar a penas de prisão superiores a cinco anos.

Na **Alemanha** apenas são adicionados os perfis genéticos de condenados e suspeitos de ofensas graves enquanto que na **Finlândia** são inseridos os perfis de indivíduos que cometeram determinados delitos, tais como ofensas sexuais, homicídios, agressões, roubos, etc., assim como de suspeitos quando a pena de prisão é superior a um ano (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Martin 2004, Asplen 2009).

Em relação ao **critério de remoção** de perfis da base de dados a divergência na legislação entre os vários países é maior. Na **Holanda** os perfis genéticos são retidos na base de dados durante 20 anos para indivíduos condenados a penas de prisão entre os quatro e os seis anos, ou durante 30 anos para penas de prisão superiores a seis anos, na **Suécia** permanecem na base de dados 10 anos após o fim da sentença, e na **Hungria** permanecem 20 anos após a condenação. O perfil de suspeitos é apagado após a absolvição dos indivíduos.

Na **Alemanha** a remoção dos perfis genéticos da base de dados está dependente de uma revisão dos mesmos que é feita passados 10 anos em caso de adultos, ou 5 anos em caso de adolescentes, e no caso da **Finlândia** os perfis de condenados são retidos um ano após a morte dos indivíduos (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Martin 2004, Asplen 2009).

No caso dos países menos restritivos, como **Reino Unido**, **Áustria** e **Canadá**, os perfis genéticos de condenados são retidos na base de dados indefinidamente. No caso dos **Estados Unidos da América** a retenção ou deleção dos perfis varia de estado para estado (Schneider 1998, Schneider & Martin 2001, Asplen 2004, 2009, Martin 2004, Williams & Johnson 2005¹, Kaye 2006).

Depois do ano 2000, a criação/aprovação de bases de dados nacionais continuou em países como **Eslováquia**, **Lituânia**, **República Checa**, **Estónia**, **Letónia** e **Portugal**. A legislação entre estes países é mais homogênea no que diz respeito à **inserção de perfis genéticos** na base de dados, sendo inseridos os perfis de todos os condenados e suspeitos de delitos, com exceção da República Checa onde não são inseridos os perfis de suspeitos e Portugal onde apenas são inseridos os perfis de condenados a pena de prisão igual ou superior a três anos, mediante despacho do juiz.

Em relação ao **critério de remoção** de perfis genéticos da base de dados nestes países, o perfil de condenados é mantido durante um período longo de tempo. Estes podem ser retidos após a sua inserção durante 75 anos no caso da **Letónia**, 80 anos na **República Checa**, ou 100 anos na **Lituânia**, sendo que neste podem também ser retidos durante 10 anos após a morte do indivíduo. Na **Eslováquia** são removidos 100 anos após o nascimento do indivíduo e na **Estónia** são retidos 5 anos após a morte do indivíduo. Os perfis de suspeitos geralmente são removidos após ilibação dos indivíduos ou são mantidos 10 anos após ilibação no caso da Letónia, ou 100 anos após a sua inserção, ou 10 anos após a morte do indivíduo na Lituânia (Tabela 1) (Thibedeau 2011). No caso de **Portugal** os perfis de condenados são removidos quando as decisões no seu registo criminal forem canceladas definitivamente (Lei nº 5/2008, Asplen 2009, Machado 2011). Apesar de Portugal ter uma base de dados recente, possui uma legislação restritiva em relação aos critérios de inserção e remoção de perfis genéticos da base de dados.

Tabela 1: Tabela representativa do ano de aprovação/criação das bases de dados de perfis de ADN nacionais e dos respetivos critérios de inserção e remoção de perfis genéticos (Asplen 2009; Machado *et al.* 2011; The National DNA Data Bank of Canada Annual Report 2011-2012; Butler 2012).

País	Ano de Aprovação/Criação da Base de Dados	Critério de Inserção de Perfis Genéticos	Critério de Remoção de Perfis Genéticos
Reino Unido	1995	Condenados e detidos por qualquer delito	Retidos indefinidamente
Áustria	1997	Todos os condenados e suspeitos de delitos graves	Condenados: retidos indefinidamente Suspeitos: eliminados se o indivíduo requerer a sua remoção após absolvição
Holanda	1997	Condenados e suspeitos de crimes com pena de prisão igual ou superior a quatro anos	Condenados: retidos 20 anos para pena de prisão entre os quatro e os seis anos, ou 30 anos para pena de prisão superior a seis anos Suspeitos: removido após absolvição
Alemanha	1998	Condenados e suspeitos de ofensas graves	Os perfis são revistos passados 10 anos, em caso de adultos, ou 5 anos, em caso de adolescentes
E.U.A.	1998	Todos os condenados	Varia de estado para estado – Existem estados que removem o perfil passado algum tempo e outros que armazenam indefinidamente
Suécia	1998	Condenados a pena de prisão superior a dois anos e todos os suspeitos	Condenados: permanecem na base de dados durante 10 anos após o fim da sua sentença Suspeitos: removidos após absolvição
Hungria	1999	Condenados e suspeitos a pena de prisão superior a cinco anos, ou de determinados delitos	Condenados: retidos 20 anos após a condenação Suspeitos: destruídos após ilibação ou quando a investigação é abandonada
Finlândia	1999	Indivíduos que cometeram determinados delitos Suspeitos quando uma potencial pena de prisão exceda um ano	Condenados: retido um ano depois da sua morte Suspeitos: apagados até um ano depois do Ministério Público determinar que não há provas suficientes para sustentar a suspeita; quando se retira a acusação; quanto a sentença foi anulada
Canadá	2000	Todos os condenados	Os perfis de condenados são retidos indefinidamente
Eslováquia	2002	Todos os condenados e suspeitos	Condenados: removido 100 anos após o nascimento do indivíduo Suspeitos: removidos após ilibação
Lituânia	2002	Todos os condenados e suspeitos	Condenados e suspeitos: retidos durante 100 anos após a sua inserção, ou dez anos após a morte do indivíduo
República Checa	2002	Todos os condenados	Removidos 80 anos após a inserção
Estónia	2004	Todos os condenados e suspeitos	Condenados: retidos durando 5 anos após a morte do indivíduo Suspeitos: removido após a sua absolvição
Letónia	2004	Todos os condenados e suspeitos	Condenados: removido 75 anos após a sua inserção Suspeitos: removido 10 anos após ilibação
Portugal	2008	Condenados a pena de prisão igual ou superior a três anos mediante despacho do juiz	Removidos após cancelamento definitivo das respetivas decisões no registo criminal

Parte IV

Resultados Obtidos

1 – Introdução

Em alguns países a criminalidade encontra-se subdividida em dois grupos principais, o dos crimes violentos, onde são incluídos os crimes de homicídio, rapto/sequestro e as ofensas sexuais, e o dos crimes leves, do qual fazem parte os crimes como roubo/furto, agressão e violação de domicílio. Os crimes leves são caracterizados por terem punições mais leves e por serem mais frequentes que os crimes violentos (Goodwin *et al.* 2007). Caso os perfis genéticos, relativos a estes tipos de crime mais frequentes, sejam inseridos na base de dados, o número total de perfis de ADN será muito mais elevado do que apenas contendo os perfis de crimes violentos, o que resulta numa maior diminuição da criminalidade de indivíduos reincidentes.

Neste estudo foram analisados os dados referentes às percentagens dos tipos de crime de quatro países (Portugal, Reino Unido, Canadá e Suécia) assim como do estado de Washington nos Estados Unidos da América. Os dados disponibilizados relativos às percentagens dos tipos de crime apenas dizem respeito aos perfis genéticos inseridos na base de dados durante o período de tempo entre 2011-12 no caso do Canadá, e durante o período de tempo entre 2012-13 no caso do Reino Unido. Os dados disponibilizados da Suécia e de Washington dizem respeito às percentagens dos tipos de crime das correspondências ou *hits* encontrados entre perfis de indivíduos e perfis de amostras colhidas em cenas de crime, sendo no caso da Suécia referentes ao ano de 2011 e no caso de Washington de 2010. No caso de Portugal os dados das percentagens dos tipos de crime são referentes aos perfis genéticos apenas de condenados inseridos na base de dados durante o período de 2010 e março de 2014.

2 – Resultados

2.1 – Base de Dados Portuguesa

Do total dos 1873 perfis genéticos de condenados inseridos na base de dados resultaram 2742 crimes. O número de crimes é superior ao número de condenados uma vez que em 570 processos judiciais os indivíduos foram condenados por mais que um tipo de crime. Destes 1873 perfis, foram obtidos 25 *hits* entre perfis de amostras problemas e perfis de condenados, não havendo informação disponível do tipo de crime a que correspondem estes *hits*.

Na base de dados portuguesa, os tipos de crime mais representativos estão relacionados com roubo/furto (30,67%) e criminalidade relacionada com o tráfico e consumo de estupefacientes (22,50%). Em 5,25% dos processos a informação relativa ao tipo de crime não se encontrava disponível. A criminalidade violenta apresenta uma minoria na base de dados, tendo no total um valor de 11,74% (ofensas sexuais 5,32%, homicídio 4,12% e rapto/sequestro 2,30%). Por outro lado, a violação de domicílio (ver CP), que corresponde a um dos tipos de crime mais predominantes nas bases de dados dos países anteriormente referidos, constitui uma minoria na base de dados portuguesa. Todos os outros tipos de crime menos frequentes encontram-se inseridos na categoria “Outros” (Gráfico 1).

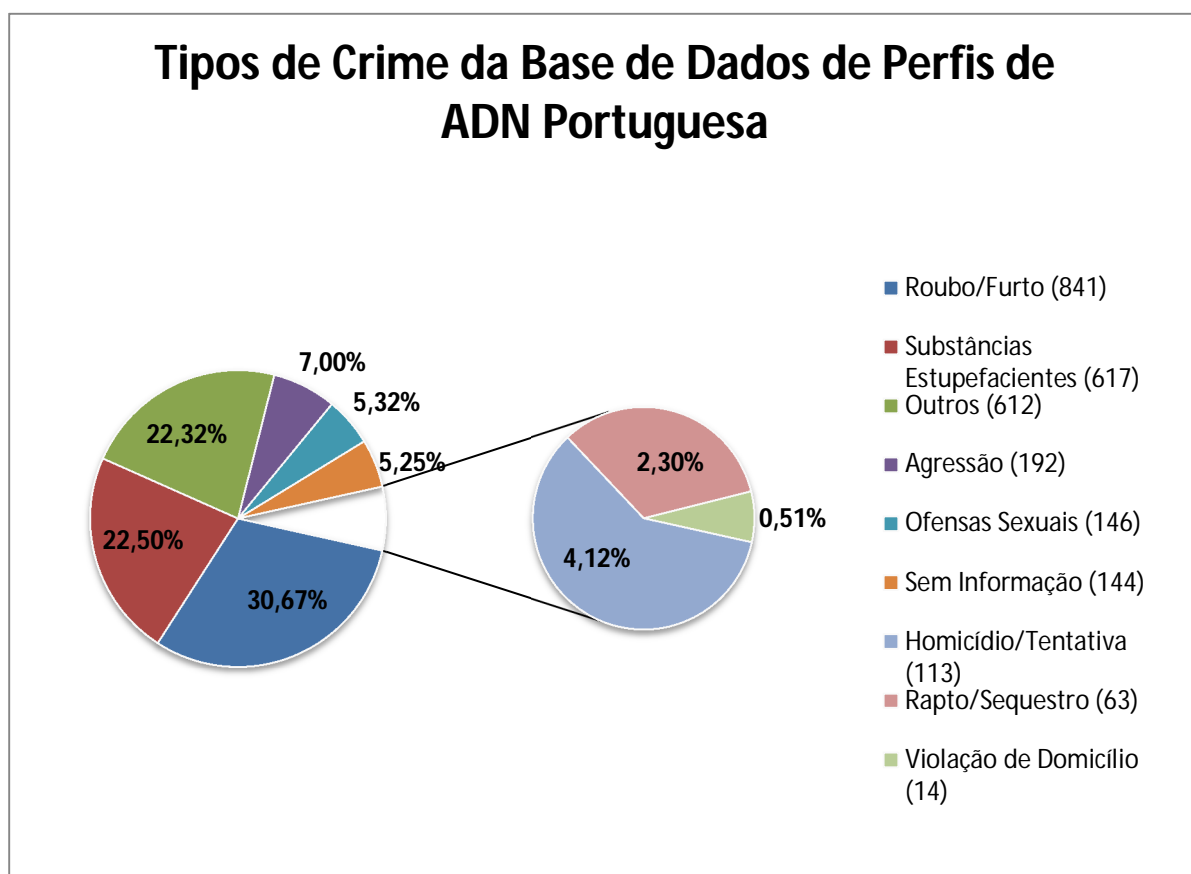


Gráfico 1 – Gráfico representativo das percentagens dos tipos de crime inseridos na base de dados de perfis de ADN portuguesa entre 2010 e março de 2014 e o número total de perfis genéticos com cada tipo de crime associado em parêntesis.

Na categoria roubo/furto, os crimes de roubo e furto qualificado são os mais predominantes. Os crimes com menor pena de prisão, como o furto simples e o furto de uso de veículo, encontram-se com menor percentagem (Gráfico 2).

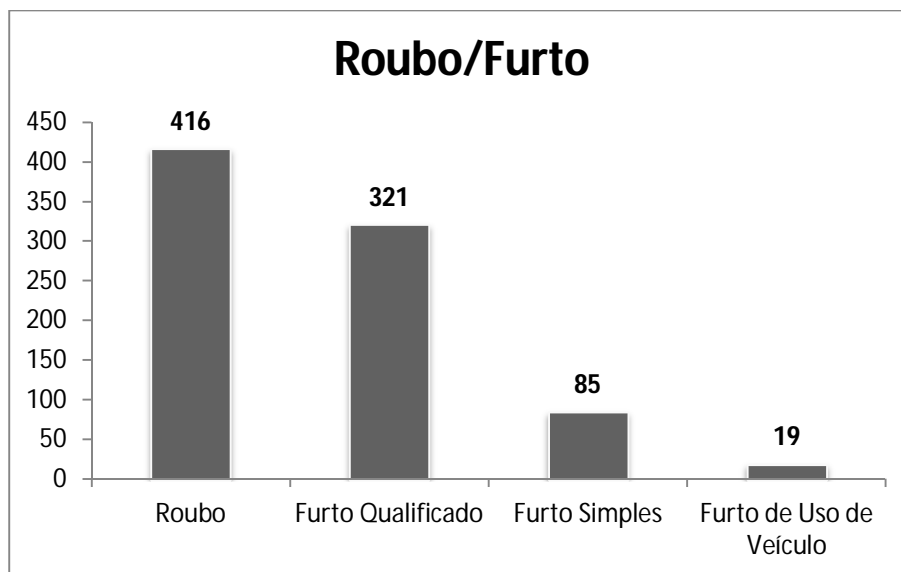


Gráfico 2 – Tabela representativa dos diferentes crimes considerados na categoria dos Roubos/Furtos, e o número total de perfis genéticos que apresentam os crimes associados.

No que diz respeito à criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes, a grande maioria dos crimes dizem respeito a tráfico de estupefacientes (Gráfico 3).

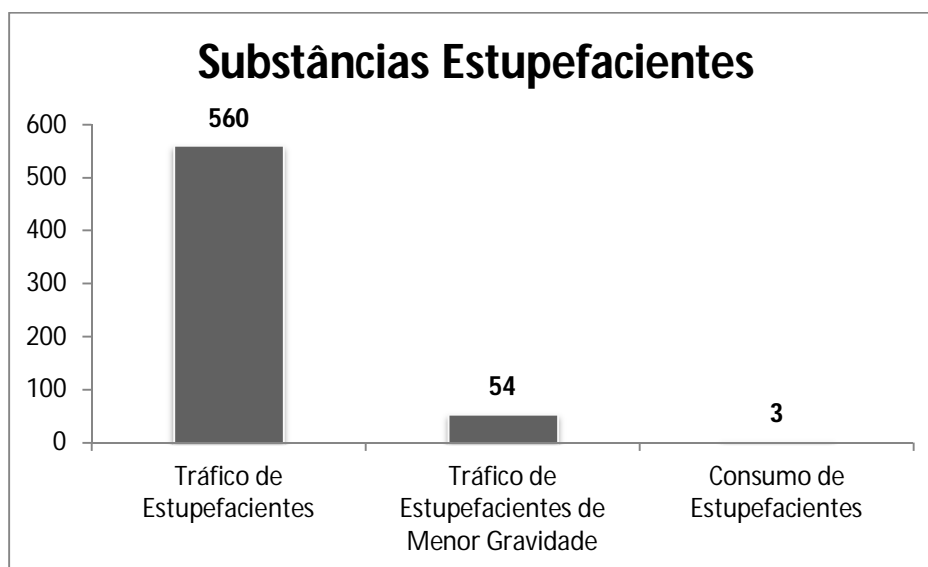


Gráfico 3 – Tabela representativa dos diferentes crimes considerados na categoria das Substâncias Estupefacientes, e o número total de perfis genéticos que apresentam os crimes associados.

Na categoria das agressões, o crime mais predominante é o dos maus tratos. Também, com um número considerável, está o crime de ofensa à integridade física simples. Observa-se ainda que as agressões mais violentas possuem um número menor de perfis genéticos inseridos na base de dados do que os menos violentos (Gráfico 4).

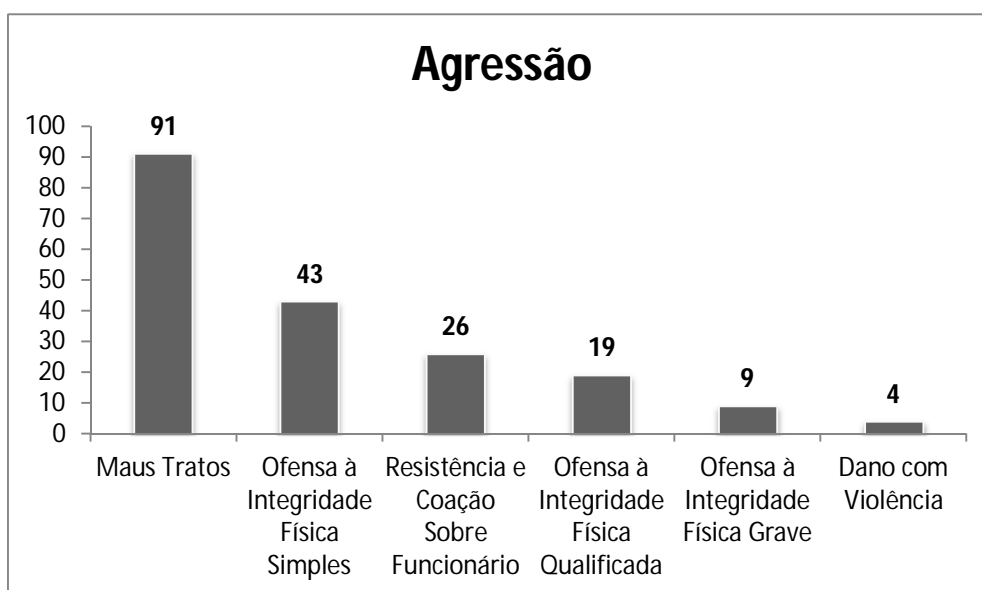


Gráfico 4 – Tabela representativa dos diferentes crimes considerados na categoria Agressões, e o número total de perfis genéticos que apresentam os crimes associados.

Em relação às ofensas sexuais, existe um grande número de crimes que envolvem menores. As ofensas sexuais fazem parte da categoria dos crimes graves e como tal, as penas de prisão são, de modo geral, punidas com penas iguais ou superiores a três anos. Por isto, os perfis dos condenados que cometeram este tipo de crimes podem ser adicionados à base de dados (Gráfico 5).

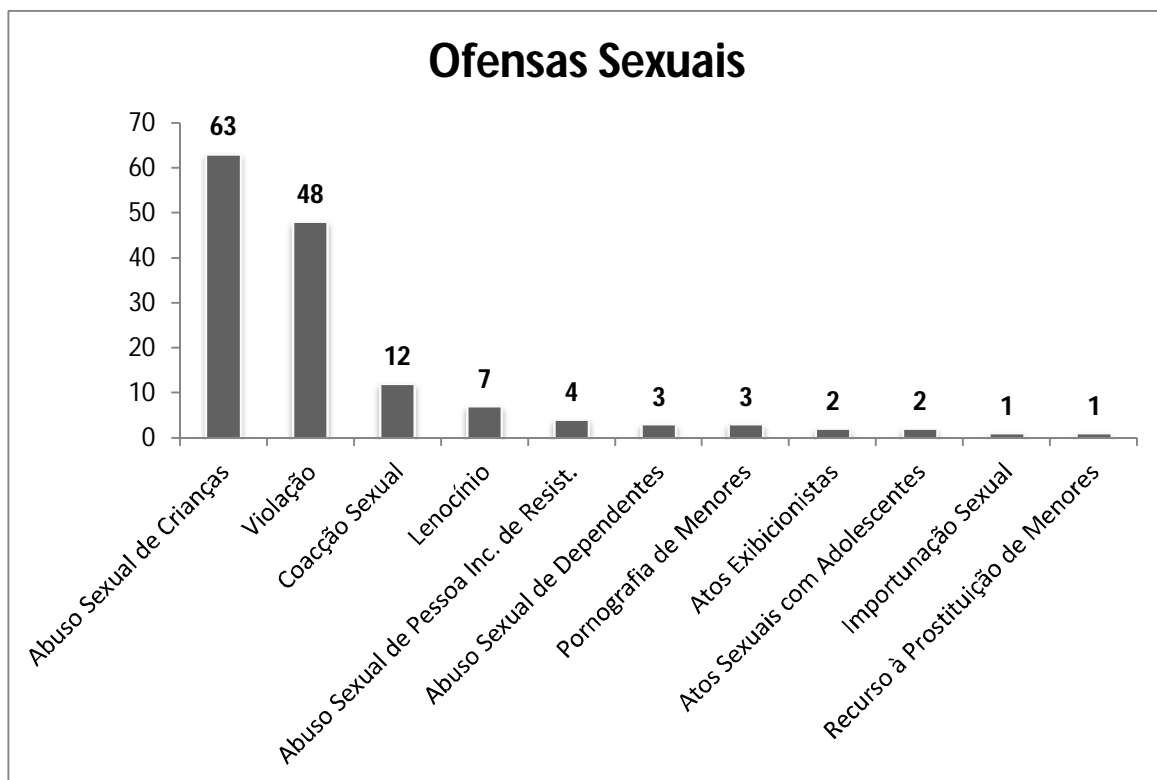


Gráfico 5 – Tabela representativa dos diferentes crimes considerados na categoria das Ofensas Sexuais, e o número total de perfis genéticos que apresentam os crimes associados.

Os homicídios também são considerados pela lei portuguesa como criminalidade grave, e os perfis resultantes de condenados por este tipo de crime também podem ser inseridos na base de dados. Observa-se que tanto o homicídio assim como o homicídio qualificado apresentam valores semelhantes, enquanto que o homicídio por negligência apenas tem um perfil inserido na base de dados (Gráfico 6).

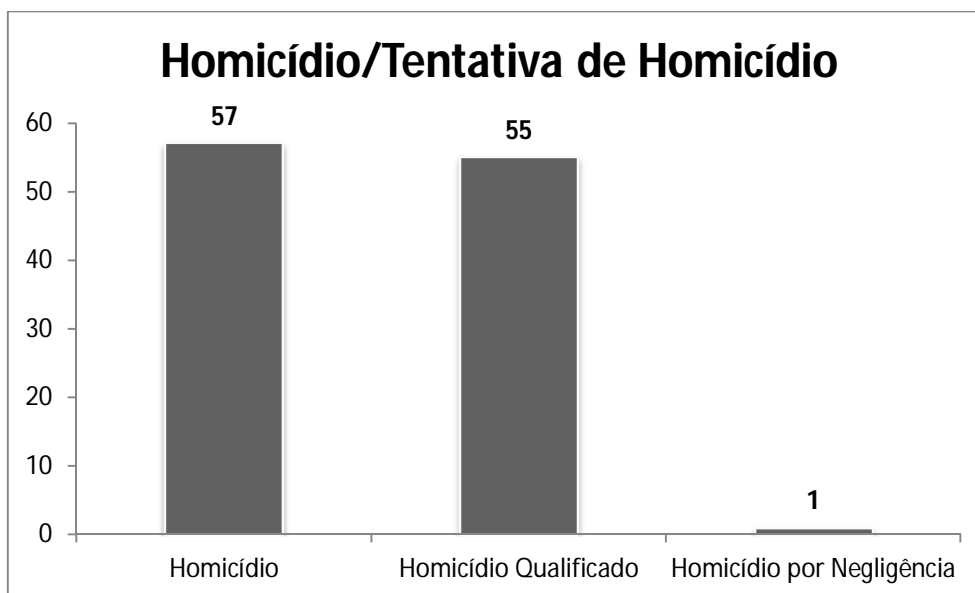


Gráfico 6 – Tabela representativa dos diferentes crimes tidos em conta na categoria dos Homicídios/Tentativa de Homicídio, e o número total de perfis genéticos que apresentam os crimes associados.

Apesar de a pena definida por lei para o crime de sequestro ser até três anos, o que significa que são apenas adicionados os perfis genéticos de indivíduos condenados a pena máxima ou condenados por mais que um crime, este é muito mais abundante na base de dados que o crime de rapto cuja pena de prisão é de 2 a 8 (Gráfico 7).

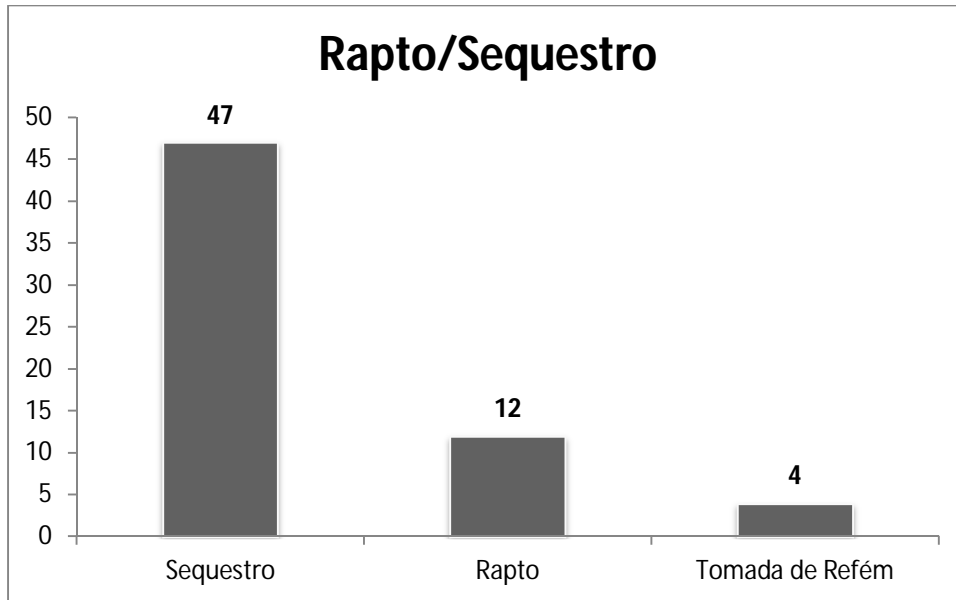


Gráfico 7 – Tabela representativa dos diferentes crimes considerados na categoria dos Raptos/Sequestros, e o número total de perfis genéticos que apresentam os crimes associados.

2.2 – Base de Dados Canadiana

No que diz respeito aos tipos de crime inseridos na base de dados canadiana, observa-se que a maioria dos crimes é devido a atos de agressão, com uma percentagem associada de 48,86%. Para além disto, a percentagem de indivíduos inseridos na base de dados canadiana pelo crime de violação de domicílio (11,46%) é muito superior quando comparado com a base de dados portuguesa (0,51%). É notável que a categoria roubo tem uma percentagem pequena de incidência em comparação aos outros tipos de criminalidade leve, de apenas 10,25%.

As ofensas sexuais aparecem em segundo lugar com uma frequência de 14,31%, número elevado para um tipo de crime violento. Por outro lado, os homicídios têm uma incidência de apenas 2,20% (Gráfico 8).

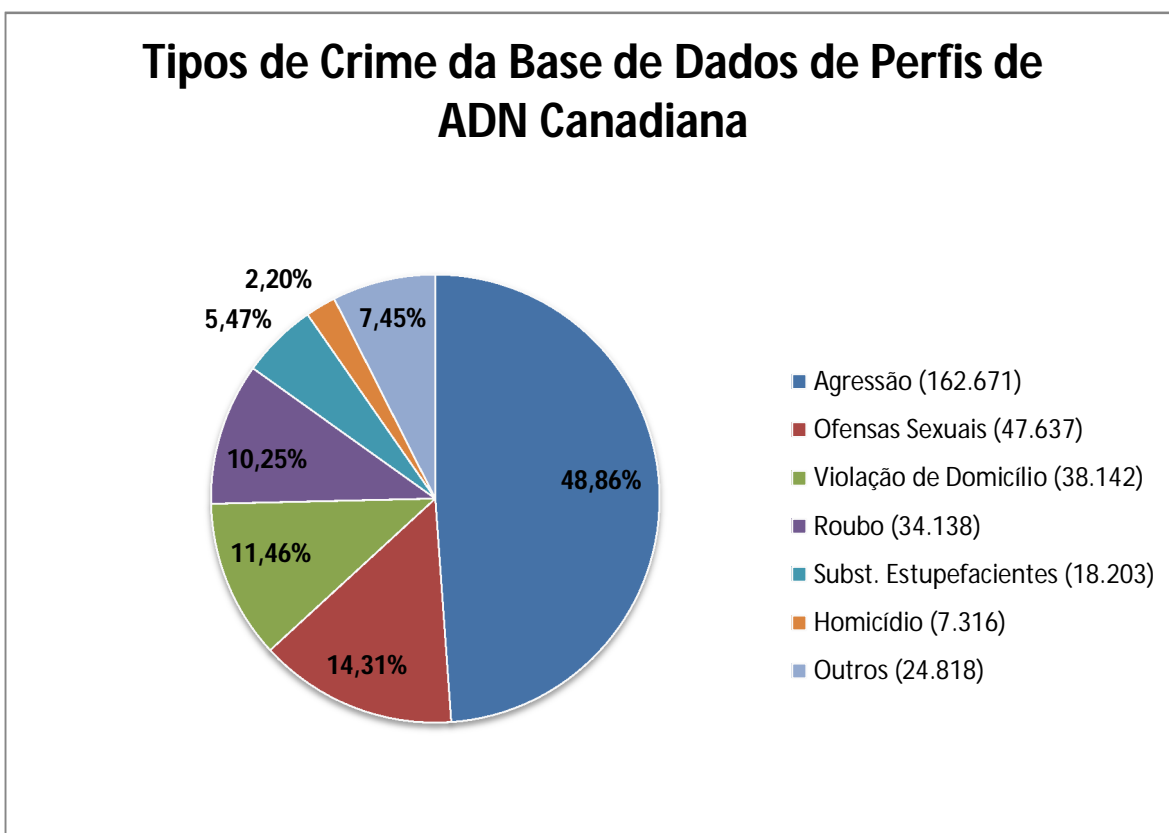


Gráfico 8 – Gráfico representativo das percentagens dos tipos de crime inseridos na base de dados de perfis de ADN canadiana no período de tempo entre 2011-12 e o número total de perfis genéticos com cada tipo de crime associado entre parêntesis (The National DNA Data Bank of Canada Annual Report 2011-2012).

2.3 – Base de Dados do Reino Unido

Ao analisar os dados relativos aos tipos de crime na base de dados do Reino Unido, verifica-se que o crime mais comum é a violação de domicílio com uma percentagem associada de 46,00% contrastando com o caso português onde a percentagem é de apenas 0,51% para este tipo de crime. Para além disto observa-se que os crimes leves (violação de domicílio, criminalidade automóvel, vandalismo criminoso e roubo/furto) ocupam os primeiros lugares no gráfico das percentagens, enquanto que os crimes violentos (ofensas sexuais, homicídio, rapto/sequestro) são menos frequentes, tendo uma percentagem total de 4,21% (Gráfico 9).

Em contraste com a base de dados portuguesa, onde a maioria das ofensas sexuais são devido a abuso sexual de crianças, no Reino Unido, das 887 ofensas sexuais, 625 são devido a violações.

Tipos de Crime da Base de Dados de Perfis de ADN do Reino Unido

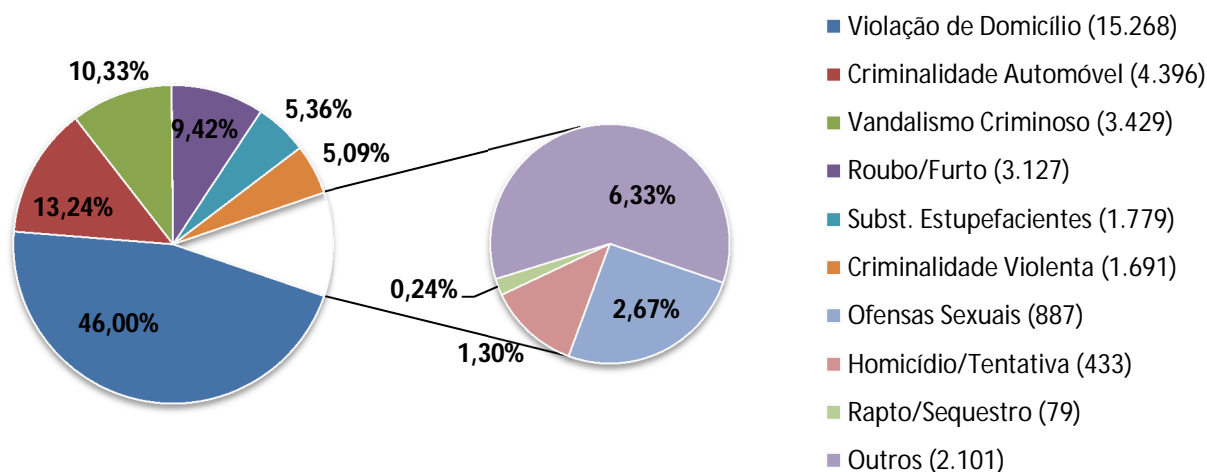


Gráfico 9 – Gráfico representativo das percentagens dos tipos de crime inseridos na base de dados de perfis de ADN do Reino Unido apenas durante o período entre 2012-2013 e o número total de perfis genéticos com cada tipo de crime associado entre parêntesis (National DNA Dabatase Strategy Board Annual Report 2012-13).

2.4 – Base de Dados Sueca

No caso da base de dados de perfis de ADN sueca, os crimes leves levaram a uma elevada percentagem de *hits* entre os perfis genéticos inseridos de indivíduos e perfis de amostras colhidas em cenas de crime, estando incluídos nesta categoria os crimes de violação do domicílio, de agressão, de furto, etc.

Em contraste com a base de dados portuguesa onde a criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes corresponde ao segundo tipo de crime mais comum com uma percentagem de 22,50%, na Suécia corresponde ao tipo de crime mais raro, sendo de apenas 0,14%.

As ofensas sexuais aparecem em terceiro lugar, mas apenas apresentam a percentagem de 1,94%. A criminalidade violenta apresenta uma percentagem muito reduzida de *hits*, correspondendo a apenas 4,87% (ofensas sexuais 1,94%, agressões graves 1,56% e homicídio 1,37%) (Gráfico 10).

Tipos de Crime da Base de Dados de Perfis de ADN Sueca com base nos *hits* encontrados

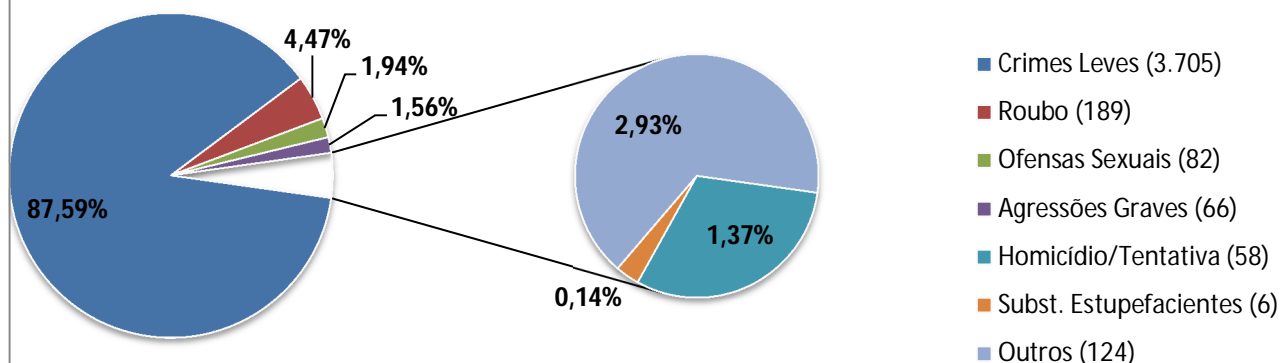


Gráfico 10 – Gráfico representativo das percentagens dos tipos de crime a partir dos *hits* encontrados entre perfis de indivíduos e perfis de amostras de cenas de crime no ano de 2011 e o número total de perfis genéticos com cada tipo de crime associado entre parêntesis (Widén 2012).

2.5 – Base de Dados Norte Americana

2.5.1. – Estado de Washington

No caso da base de dados do estado norte-americano de Washington, os tipos de crime com mais *hits* são o furto e a violação de domicílio, obtendo, em conjunto, uma percentagem de 53,56%. Neste caso, as agressões são pouco frequentes, encontrando-se com uma percentagem de 4,75%.

As ofensas sexuais têm uma percentagem elevada de 17,41%, sendo o segundo tipo de crime com mais *hits* encontrados na base de dados. Por outro lado, em contraste com a base de dados portuguesa, onde a criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes ocupa o segundo lugar em termos de frequência, neste caso ocupa o último lugar, tendo apenas uma percentagem de 0,26% (Gráfico 11).

Tipos de Crime da Base de Dados de Perfis de ADN do estado de Washington dos Estados Unidos da América com base nos *hits* encontrados

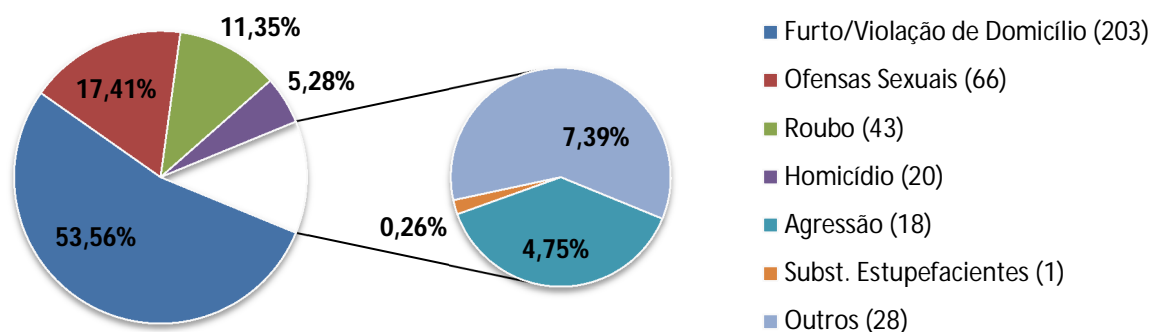


Gráfico 11 – Gráfico representativo das percentagens dos tipos de crime a partir dos *hits* encontrados entre perfis de indivíduos e perfis de amostras de cenas de crime no ano de 2010 e o número total de perfis genéticos com cada tipo de crime associado entre parêntesis (The Combined DNA Index System Newsletter 2010).

3 - Discussão dos Resultados

3.1 – Análise das Percentagens dos Tipos de Crime da Base de Dados Portuguesa

Em Portugal, apenas são inseridos os perfis de ADN de condenados a pena de prisão igual ou superior a três anos, estando a sua inserção dependente de ordem do juiz.

Dos crimes na categoria de roubo/furto, o furto simples é punido com pena de prisão até 3 anos ou multa e o furto de uso de veículo é punido com pena de prisão até 2 anos ou com pena de multa. Por outro lado o roubo é punido com pena de prisão de 1 a 8 anos e o furto qualificado é punido com pena de prisão até 5 anos ou com pena de multa. Ao analisar o Gráfico 2 observa-se que os crimes com penas de prisão mais pesadas, como o roubo e o furto qualificado, são os mais frequentes, enquanto o furto simples e furto de uso de veículo são menos frequentes porque em poucos casos os indivíduos são condenados a penas iguais ou superiores a três anos, aparecendo na base de dados quando os indivíduos cometem mais que um crime e a punição dá origem a uma pena igual ou superior a três anos.

O motivo da criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes ocupar o segundo lugar na frequência dos crimes mais comuns na base de dados portuguesa pode

ser explicado pelo facto do delito de tráfico de estupefacientes ser punido com pena de prisão de 4 a 12 anos (Decreto-Lei n.º 15/93), o que se traduz na possibilidade de todos estes perfis poderem vir a fazer parte da base de dados.

Na categoria das agressões, a ofensa à integridade física simples é punida com pena de prisão até 3 anos ou multa, e o crime de maus tratos é punido com pena de prisão de 1 a 5 anos. Seria esperado que o número de indivíduos inseridos pelo crime de ofensa à integridade física simples fosse maior uma vez que é um crime mais frequente, contudo a pena de prisão para este delito vai no máximo até aos três anos, limiar necessário para que o perfil seja inserido na base de dados. A predominância do crime de maus tratos sobre o crime de ofensa à integridade física simples pode ser explicada por ser punido com uma pena de prisão superior, ou ainda, por hoje em dia haver maior denúncia de casos de violência doméstica (Gráfico 4).

Apesar da criminalidade violenta ser punida com penas de prisão mais pesadas, podendo levar a que o perfil de ADN dos indivíduos condenados por estes crimes seja inserido na base de dados, verifica-se que o número de perfis genéticos inseridos é muito menor do que esperado. Isto pode ser devido aos indivíduos serem condenados a penas inferiores a três anos ou, principalmente, pela decisão do juiz em não inserir o perfil destes indivíduos ou por falta de informação destes sobre o funcionamento da base de dados. Em relação às ofensas sexuais, Portugal tem a particularidade de o número de abusos sexuais de crianças ultrapassar o das violações. Isto pode ser explicado como sendo resultado dos casos de pedofilia mediáticos na comunicação social, havendo uma maior sensibilização e menos pudor para expor este tipo de situações.

É de salientar que caso não existisse uma pena mínima para a inserção de perfis genéticos, ou se esta fosse inferior a 3 anos, o número de crimes inseridos na base de dados portuguesa poderia ser superior, podendo as percentagens ser diferentes.

3.2 – Análise da Lei nº5/2008

Uma base de dados de perfis de ADN diz-se eficaz quando esta leva a um efeito dissuasor, contribuindo conseqüentemente para a diminuição da criminalidade (Bhati 2011, Doleac 2011).

O número reduzido de perfis de ADN inseridos na base de dados portuguesa pode ser devido à limitação da inserção de perfis de ADN apenas para penas de prisão iguais ou superiores a três anos, ou devido à inserção apenas ser realizada mediante despacho do juiz (Machado 2011). Estes fatores podiam não ser limitantes, contudo, passados três anos após o início da inserção de perfis genéticos na base de dados nacional, esta apenas contém 1873 perfis. O motivo para a baixa taxa de inserção de perfis genéticos pode estar relacionada com a falta de informação por parte dos juizes

sobre o funcionamento da base de dados e/ou devido à crise económica existente no país.

Uma vez que há uma grande probabilidade de reincidência e que os crimes mais leves são essenciais para reduzir o número de crimes violentos (Doleac 2011), seria mais eficaz que a inserção de todos os perfis genéticos de condenados fosse obrigatória. Desta forma, iriam incluir-se os perfis de indivíduos que cometeram crimes leves, podendo-se prevenir futuramente, crimes mais violentos cometidos pelos mesmos. A inserção de perfis genéticos na base de dados não deveria estar dependente da ordem dos juízes, levando a que todos os perfis fossem inseridos de modo igualitário, não estando dependente de opiniões pessoais de cada juiz. Para além disto, a determinação do perfil genético tem um custo inicial referente à sua análise contudo, a inserção do perfil na base de dados não tem nenhum custo acrescido para os tribunais.

No que diz respeito ao critério de remoção de perfis de ADN da base de dados, a legislação refere que os perfis de condenados são removidos quando as decisões no seu registo criminal forem canceladas definitivamente. Uma vez que a base de dados tem um número reduzido de perfis genéticos, o ideal seria que estes permanecessem inseridos o máximo de tempo possível para, deste modo, a resolução de investigações criminais futuras ser auxiliada.

3.3 – Comparação do Tipo de Criminalidade nas Diversas Bases de Dados de Perfis de ADN

A legislação **canadiana** refere que devem ser inseridos os perfis de ADN de todos os condenados na base de dados. Nesta, os crimes leves, como a agressão, roubo e violação de domicílio, ocupam 70,57% do número total de perfis de ADN inseridos na base de dados, sendo que 48,86% resultaram de agressões. Por outro lado, as ofensas sexuais apresentam uma percentagem relativamente elevada para este tipo de crime violento, sendo de 14,31%. Esta percentagem é maior do que para os crimes de violação de domicílio (11,46%) e roubo (10,25%), apesar de estes serem crimes geralmente mais frequentes. Um número elevado de perfis correspondentes a crimes relacionados com ofensas sexuais não é esperado, uma vez que os delitos considerados graves (ofensas sexuais, homicídio, rapto/sequestro), por norma, ocupam as menores percentagens na criminalidade.

Os dados relativos às percentagens dos tipos de crime inseridos na base de dados canadiana dizem respeito apenas ao período de tempo entre 2011-2012, de tal modo que as percentagens totais, desde a criação da base de dados até a atualidade, podem ser diferentes das que foram obtidas, não se podendo extrapolar generalizações.

No **Reino Unido** a legislação prevê que sejam adicionados na base de dados os perfis de detidos, para além de todos os perfis de condenados.

Neste caso, os crimes ligeiros (violação de domicílio, criminalidade automóvel, vandalismo criminoso, roubo/furto) apresentam uma percentagem de 78,99% da qual 46% corresponde a crimes de violação de domicílio. Pode ainda observar-se, no geral, que toda a criminalidade violenta tem percentagens reduzidas e que as ofensas sexuais apresentam uma percentagem de apenas 2,67%, uma percentagem muito reduzida em comparação com os 14,31% do Canadá.

Mais uma vez, os dados das percentagens dos tipos de crime inseridos na base de dados de perfis de ADN do Reino Unido restringem-se ao período entre 2012 e 2013, não se podendo generalizar para o número total de perfis inseridos.

Na base de dados **sueca**, apenas são inseridos os perfis genéticos de condenados a penas de prisão iguais ou superiores a quatro anos, ou de suspeitos acusados de delitos que possam levar à uma pena de prisão igual ou superior a 4 anos.

Os crimes leves apresentam uma percentagem total de *hits* de 92,06%. Por outro lado, os crimes violentos apresentam uma percentagem muito reduzida. Estas percentagens podem indicar que a inserção de perfis de ofensas mais leves leva a uma maior identificação de suspeitos do que os crimes violentos.

Contudo, os dados relativos às percentagens de perfis apresentadas na base de dados são relativos aos *hits* encontrados entre perfis de indivíduos que tinham o seu perfil previamente na base de dados e perfis de amostras de cenas de crime, no ano de 2011, podendo estas percentagens não ser representativas do número total de perfis inseridos para cada tipo de crime.

No caso dos **Estados Unidos da América**, no Estado de Washington, é adicionado à base de dados o perfil de todos os condenados.

Os perfis relativos a crimes leves (furto/violação de domicílio, roubo e agressão) têm uma percentagem de 69,66%. Por outro lado, as ofensas sexuais apresentam uma percentagem relativamente elevada (17,41%) quando comparada com Portugal, Reino Unido ou Suécia, onde apenas atingem os valores de 5,32%, 2,67% e 1,94% respetivamente. Tal facto pode ser explicado devido à inserção de perfis genéticos na base de dados norte americana ter começado por ser para apenas ofensas sexuais, tendo posteriormente alargado para outros delitos.

Os dados disponibilizados das percentagens dos tipos de crime da base de dados de Washington também são relativos aos *hits* entre perfis de indivíduos previamente inseridos na base de dados e perfis de amostras de cenas de crime inseridas na base de dados no ano de 2010, podendo estes diferir do número total de perfis para cada tipo de crime.

Em **Portugal**, são apenas inseridos os perfis de ADN de condenados a penas de prisão iguais ou superiores a três anos, estando a inserção dependente de ordem do juiz.

Os crimes leves (roubo/furto, agressão e violação de domicílio) apresentam uma percentagem de 38,18% que, em comparação com os outros países, é uma percentagem reduzida. A criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes tem uma percentagem de 22,50% salientando-se dos outros países nos quais a maior percentagem foi de 5,47% no Canadá. Por outro lado, enquanto nos outros casos existem percentagens elevadas de crime de violação de domicílio, no caso português a percentagem deste tipo de crime é de apenas 0,51%. Isto pode ser explicado devido ao facto do crime de violação de domicílio ser punido com pena de prisão até um ano ou pena de multa, sendo apenas inseridos na base de dados quando os crimes são agravados ou caso o indivíduo seja condenado por mais que um tipo de crime cuja cúmulo jurídico resultante seja igual ou superior a três anos.

Parte V

Conclusões

Conclusões

1ª Portugal possui uma base de dados recente, mas cuja legislação é muito restritiva em relação aos critérios de inserção e remoção de perfis genéticos na base de dados.

2ª A criminalidade leve (roubo/furto, agressão e violação de domicílio) apresenta uma maior frequência na base de dados portuguesa do que a criminalidade violenta (violação, homicídio e rapto/sequestro).

3ª Crimes de maus tratos e de abuso sexual de crianças são mais frequentes na base de dados portuguesa do que os crimes de ofensa a integridade física simples e de violação, possivelmente por haver uma maior denuncia destes casos.

4ª A criminalidade relacionada com substâncias estupefacientes é o segundo tipo de crime mais frequente na base de dados, sendo muito mais frequente na base de dados portuguesa do que na dos outros países.

5ª O crime de violação de domicílio é um tipo de crime menos frequente na base de dados portuguesa enquanto que é um dos crimes mais frequentes nas bases de dados dos outros países.

6ª Quatro anos depois do início da inserção de perfis genéticos na base de dados, Portugal tem um número extremamente reduzido de perfis, sendo a legislação que regula a inserção muito restritiva. Esta inserção apenas é efetuada em caso de condenados a pena de prisão igual ou superior a três anos, estando a inserção dependente da ordem do juiz.

7ª São recomendadas alterações na legislação portuguesa no que diz respeito ao critério de inserção de perfis genéticos na base de dados, devendo esta inserção ser independente da decisão do juiz, para deste modo o número de perfis genéticos aumentar significativamente.

Referências Bibliográficas

- Adler, R., et al (2009). *Forensic Science*. California: Salem Press, Inc.
- Alonso, A., et al. (2005). Challenges of DNA profiling in mass disaster investigations. *Croatian Medical Journal*, 46, 540-548.
- Al-Soud, W. A., & Radstrom, P. (1998). Capacity of nine thermostable DNA polymerases to mediate DNA amplification in the presence of PCR- inhibiting samples. *Applied and Environmental Microbiology*, 64, 3748-3753.
- Asplen, C.H., & Lane S.A. (2004). International perspectives on forensic DNA databases. *Forensic Science International*. 146S. S119-S121.
- Asplen, C. H. (2009). ENFSI Survey on the DNA Profile Inclusion, Removal and Retention of Member States.
- Barbisin, M., et al. (2009). Development validation of the Quantifiler Duo DNA quantification kit for simultaneous quantification of total human and human male DNA and detection of PCR inhibitors in biological samples. *Journal of Forensic Sciences*, 54, 305-319.
- Barbisin, M., & Shewale, J. G. (2010). Assessment of DNA extracted from forensic samples prior to genotyping. *Forensic Science Review*, 22, 199-214.
- Baust, J.G. (2008). Strategies for the storage of DNA. *Biopreservation and Biobanking*, 6, 251-252.
- Bloch, W. (1991). A biochemical perspective of the polymerase chain reaction. *Biochemistry*, 30, 2735-2747.
- Bourke, M. T., et al. (1999). NaOH treatment to neutralize inhibitors of Taq polymerase. *Journal of Forensic Sciences*, 44, 1046-1050.
- Braid, M. D., et al. (2003). Removal of PCR inhibitors from soil DNA by chemical flocculation. *Journal of Microbiological Methods*, 52, 389-393.
- Butler, J. M., et al. (2004). Forensic DNA typing by capillary electrophoresis using the ABI Prism 310 and 3100 genetic analyzers for STR analysis. *Electrophoresis*, 25, 1397-1412.
- Butler, J. M. (2006). Genetics and genomics of core short tandem repeat loci used in human identity testing. *Journal of Forensic Sciences*, 51, 253-265.
- Butler, J. M. (2010). *Fundamentals of Forensic DNA Typing*. Elsevier Academic Press.
- Butler, J. M., & Hill, C.R. (2010). Scientific issues with analysis of low amounts of DNA. *Profiles in DNA*, 13(1).

Butler, J. M. (2012). *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology*. Elsevier Academic Press.

Butler, J.M., & Hill, C. R. (2012). Biology and genetics of new autosomal STR loci useful for forensic DNA analysis. *Forensic Science Review*, 24(1), 16-26.

Caddy, B., et al (2004). *The Practice of Crime Scene Investigation*. Florida: CRC Press.

Carracedo, A., & Lareu, M. V. (1998). Development of new STRs for forensic casework: criteria for selection, sequencing and population data and forensic validation. *Proceedings of the ninth international symposium on human identification*, 89-107.

Chakraborty, R., et al. (1999). The utility of short tandem repeat loci beyond human identification: Implications for development of new DNA typing systems. *Electrophoresis*, 20, 1682-1696.

Comey, C. T., et al. (1994). DNA extraction strategies for amplified fragment length polymorphisms analysis. *Journal of Forensic Sciences*, 39, 1254-1269.

Comissão Europeia 2011. *A Europa da livre circulação: o espaço Schengen* (Disponível em: http://ec.europa.eu/dgs/home-affairs/e-library/docs/schengen_brochure/schengen_brochure_dr3111126_pt.pdf).

Comissão das Comunidades Europeias 13413/05 (2005). *Proposta de Decisão-Quadro do Conselho relativa ao intercâmbio de informações com base no princípio da disponibilidade*. (Disponível em: <http://www.dgpj.mj.pt/sections/relacoes-internacionais/anexos/principio-da/downloadFile/file/PRINCIPIO.DISPONIBILIDADE.pdf?nocache=1204278735.56>)

Corte-Real, F. (2004). Forensic DNA Databases. *Forensic Science International*, 146S, S143-S144.

Council of Europe (1992). *Recommendation No. R (92) 1*. Strasbourg: Committee of Ministers to Member States. (Disponível em: <https://wcd.coe.int/com.instranet.InstraServlet?command=com.instranet.CmdBlobGet&InstranetImage=1518265&SecMode=1&DocId=601410&Usage=2>).

Council of the European Union 10900/05 (2005). *Treaty of Prüm, 27 May 2005* (Disponível em: <http://register.consilium.europa.eu/pdf/en/05/st10/st10900.en05.pdf>).

De Valck, E. (2006). Major incident response: Collecting antemortem data. *Forensic Science International*, 159S, S15-S19.

DNA Resource (2011). *State DNA Database Laws Qualifying Offences*. (Disponível em: <http://dnaresource.com/documents/statequalifyingoffenses2011.pdf>).

- Doleac, J. L. (2011). The Effects of DNA Databases on Crime. Working Paper.
- European Council (2001). Resolution of 25 June 2001 on the exchange of DNA analysis results.
- Gaensslen, R. E. (2006). Should biological evidence or DNA be retained by forensic science laboratories after profiling? No, except under narrow legislatively-stipulated conditions. *Journal of Law, Medicine and Ethics*, 34, 375-379.
- Gill, P., et al. (1985). Forensic application of DNA fingerprints. *Nature*, 318, 577-579.
- Gill, P., et al. (2004). An assessment of whether SNPs will replace STRs in national DNA databases--joint considerations of the DNA working group of the European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) and the Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM). *Science & Justice*, 44 (1), 51-53.
- Goodwin, W., et al. (2007). *An Introduction to Forensic Genetics*. John Wiley & Sons.
- Graham, E.A.M. (2006). Disaster victim identification. *Forensic Science, Medicine and Pathology*, 2, 203-207.
- Greely, H. T., et al. (2006). Family ties: The use of DNA offender databases to catch offenders' kin. *Journal of Law, Medicine and Ethics*, 34, 248-262.
- Green, R. M., et al. (2005). Developmental validation of the Quantifiler real-time PCR kits for the quantification of human nuclear DNA Samples. *Journal of Forensic Sciences*, 50, 809-825.
- Gun, A. (2009). *Essential Forensic Biology*. UK: Wiley-Blackwell.
- Hall, D. & Fairley, M. (2004). A single approach to the recovery of DNA and firearm discharge residue evidence. *Science & Justice*, 44, 15-19.
- Harbison, S. A., et al. (2001). The New Zealand DNA databank: its development and significance as a crime solving tool. *Science & Justice*, 41, 33-37.
- Hartzell, B., et al. (2003). Response of short tandem repeat systems to temperature and sizing methods. *Forensic Science International*, 133, 228-234.
- Herkenham, M. D. (2002). DNA Database Legislation and Legal Issues. *Profiles in DNA*, 5(1), 6-7.
- INTERPOL (2008). *INTERPOL Global DNA Profiling Survey*. INTERPOL DNA Unit.
- Interpol (2009). *Interpol handbook on DNA data exchange and practice*. (Disponível em: <http://www.interpol.int/Public/ICPO/Publications/HandbookPublic2009.pdf>).

- James, M., et al. (2008). Missing persons in Australia. *Trends and Issues in Crime and Criminal Justice*, 353, 1-6.
- James, N. (2012). DNA Testing in Criminal Justice: Background, Current Law, Grants, and Issues. Congressional Research Service – Report for Congress
- Jeffreys, A. J., et al. (1985). Individual-specific fingerprints of human DNA. *Nature*, 316, 76-79.
- Kaye, J. (2006). Police collection and access to DNA samples. *Genomics, Society & Politics*, 2 (1), 16-27.
- Kuperus, W. R., et al. (2003). Crime scene links through DNA evidence: The practical experience from Saskatchewan casework. *Canadian Society of Forensic Science Journal*, 36, 19-28.
- Lei n.º 15/93 de 22 de Janeiro. Definição do regime jurídico aplicável ao tráfico e consumo de estupefacientes e substâncias psicotrópicas. *Diário da República*, 1ª série - nº 43 – 22 de Janeiro de 1993.
- Lei nº 5/2008 de 12 de Fevereiro. Aprova a criação de uma base de dados de perfis de ADN para fins de identificação civil e criminal. *Diário da República*, 1ª série – nº 30 – 12 de Fevereiro de 2008
- Lorente, J. A., et al. (2002). Social benefits of non-criminal genetic databases: Missing persons and human remains identification. *International Journal of Legal Medicine*, 116, 187-190.
- Machado, H. (2011). Arguido or No: The Portuguese DNA Database. *GeneWatch*.
- Machado, H., et al. (2011). Bases de dados genéticos com fins forenses: Análise comparativa de legislação europeia. (Disponível em: <http://www.statewatch.org/news/2007/sep/eu-dna-9445-rev1-06.pdf>).
- Marjanovic, D., et al. (2011). Forensic DNA databases in Western Balkan region: retrospectives, perspectives, and initiatives. *Croatian Medical Journal*, 52, 235-44
- Martin, P. D. (2004). National DNA databases – practice and practicability. A forum for discussion. *International Congress Series*, 1261, 1-8.
- McEwen, J. E., & Reilly, P. R. (1994). A review of state legislation on DNA forensic data banking. *American Journal of Human Genetics*, 54, 941-958.
- Mullis, K., et al. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA *in vitro*: The polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology*, 51, 263-273.
- Mullis, K. B. (1990). The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Scientific American*, 262, 56-65.

National DNA Database Strategy Board Annual Report 2012-13. Home Office. (Disponível em: https://www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/252885/NDNAD_Annual_Report_2012-13.pdf).

Nuffield Council on Bioethics (2007). Forensic use of bioinformation: ethical issues. Consultation Paper.

Oorschot, R.A.H. & Jones, M.K. (1997). DNA fingerprints from fingerprints. *Nature*, 387, 767.

Oorschot, R.A.H., et al. (2003). Are you collecting all the available DNA from touched objects? *Progress in Forensic Genetics*, 9, 803-807.

Parliamentary Office of Science and Technology (2006). The National DNA Database. Postnote, nº 258.

Pinheiro, M. (2007). CSI criminal. Edições Universidade Fernando Pessoa.

Protection of Freedom Act 2012. Chapter 9. Regulation of Biometric Data. (Disponível em: http://www.legislation.gov.uk/ukpga/2012/9/pdfs/ukpga_20120009_en.pdf).

Ritter, N. (2007). Missing persons and unidentified remains: The nation's silent mass disaster. *NIJ Journal*, 256, 2-7.

Rothstein, M. A. & Talbott, M. K. (2006). The expanding use of DNA in law enforcement: What role for privacy? *Journal of Law, Medicine and Ethics*, 34, 153-164.

Schneider, P. M. (1998). DNA databases for offender identification in Europe – The need for technical, legal and political harmonization. *Proceedings from the Second European Symposium on Human Identification*, Promega Corporation, 40-44.

Schneider, P. M. & Martin, P. D. (2001). Criminal DNA databases: the European situation. *Forensic Science International*, 119, 232-238.

Siegel, J. (2000). Crime scene investigation and examination. *Encyclopedia of Forensic Sciences*, 409-412.

Simoncelli, T. (2006). Dangerous excursions: The case against expanding forensic DNA databases to innocent persons. *Journal of Law, Medicine and Ethics*, 34, 390-397.

Stray, J. E., et al. (2010). Extraction of DNA from forensic biological samples for genotyping. *Forensic Science Review*, 22, 159-175.

The National DNA Data Bank of Canada. Annual Report 2011-2012. Forensic Science and Identification Services, Royal Canadian Mounted Police.

- Thibaut, F., et al. (1997). Association of DNA polymorphism in the first intron of the tyrosine hydroxylase gene. *Schizophrenia Research*, 23, 259-264.
- Thibedeau, A. D. (2011). National Forensic DNA Databases. Council for Responsible Genetics (12 January 2011).
- U.S. Department of Justice. Office of Justice Programs. National Institute of Justice (2004). DNA in “Minor” Crimes Yields Major Benefits in Public Safety. In *Short Toward Criminal Solutions*. November 2004 Issue.
- Vandenberg, N., et al. (1997). An evaluation of selected DNA extraction strategies for short tandem repeat typing. *Electrophoresis*, 18, 1624-1626.
- Yoon, H-R., et al. (2002). Rapid Prenatal detection of Down and Edwards Syndromes by Fluorescent PCR with STR markers. *Yonsei Medical Journal*, 43(5), 557-566.
- Walsh, P. S., et al. (1996). Sequence analysis and characterization of stutter products at the tetranucleotide repeat locus vWA. *Nucleic Acids Research*, 24, 2807-2812.
- Willard, J. M., et al. (1998). Recovery of DNA for PCR amplification from blood and forensic samples using chelating resins. *Methods in Molecular Biology*, 98, 9-18.
- Williams, R. & Johnson, P. (2005)¹. Inclusiveness, Effectiveness and Intrusiveness: Issues in the Developing Uses of DNA Profiling in Support of Criminal Investigations. *Journal of Law, Medicine & Ethics*, 33 (3), 545-558.
- Williams, R. & Johnson, P. (2005)². Forensic DNA databasing: A European perspective. Interim Report (June 2005).
- Wilson, I. G. (1997). Inhibition and facilitation of nucleic acid amplification. *Applied and Environmental Microbiology*, 63, 3741-3751.