

GRANDES CATÁSTROFES

M. Fátima Pinheiro- *Faculdade de Ciências da Saúde, UFP*

Directora do Serviço de Genética e Biologia Forense da Delegação do Porto do INML

Professora Auxiliar - FCS, UFP | biologia@dpinml.mj.pt

■ ABSTRACT

Mass disasters have always been a subject of interest to the public, as they usually involve a great number of victims. Therefore, each country should carefully evaluate his capacity of response to an event including a considerable number of victims (wounded or dead). In order to achieve this goal, it is essential to create an operational structure and a manual of proceedings with an exhaustive description of the roles of all intervenient parts. Legal Medicine can have a relevant social and humanitarian role. As a matter of fact, it can apply its knowledge to the identification of mortal victims by using traditional methods or/and DNA analysis, when the corpses are severely mutilated.

■ RESUMO

As Grandes Catástrofes, tem sido um tema de interesse público por, em geral, envolver um grande número de vítimas. Por isso, cada país deve avaliar cuidadosamente a sua capacidade de resposta face a um acontecimento que inclua um grande número de vítimas (feridos ou mortos). Por isso, é essencial criar uma estrutura operacional e um manual de procedimentos com uma descrição pormenorizada das tarefas de cada parte interveniente. A Medicina Legal pode ter um papel social e humanitário relevantes, aplicando os métodos tradicionais e/ou análises de DNA, quando os corpos estão severamente mutilados.

I. INTRODUÇÃO

As grandes catástrofes, seja qual for a sua etiologia, despertam um relevante interesse público por envolverem, em regra, a perda de um considerável número de vidas humanas e bens materiais avultados, podendo ser definidas como acontecimentos dolorosos de causa natural ou humana voluntária ou involuntária.

Segundo a Organização Mundial de Saúde (O.M.S.) para que estas ocorrências sejam assim classificadas, o número de vítimas deve ser igual ou superior a quinze.

Os recentes actos terroristas perpetrados por grupos extremistas islâmicos, nos Estados Unidos, em 11 de Setembro de 2001 e, mais recentemente, em Madrid, em 11 de Março passado, geraram, na opinião pública, sentimentos de insegurança e, simultaneamente, levaram os poderes instituídos a reavaliar a sua aptidão de resposta.

Como resultado destes dois atentados e da sua eventual relação com a invasão do Iraque, diversos países, em especial os apoiantes deste acontecimento,

116 entre os quais se inclui Portugal, temem que situações análogas possam ter lugar dentro das suas próprias fronteiras. Por isso, os sistemas de prevenção e a sua capacidade de mobilização devem ser equacionados e, no caso de inexistirem, deverão ser implementadas medidas para que sejam criados. Estes pressupostos são indispensáveis para que, no mais curto espaço de tempo e de uma maneira eficaz, sejam despoletados todos os mecanismos para evitar a menor perda de vidas humanas.

Na perspectiva da inevitabilidade de haver um número apreciável de vítimas, no caso de suceder um desastre de massas, devem ser disponibilizados recursos para promover, o mais rapidamente possível, a sua identificação.

É neste contexto que a Medicina Legal tem um papel social e humanitário incontestáveis, quer utilizando os métodos tradicionais de identificação, quer lançando mão do estudo do DNA (Ácido Desoxirribonucleico), quando os corpos se encontram severamente mutilados.

No entanto, outras especialidades têm necessariamente de intervir, numa ampla interdisciplinaridade de serviços e saberes devidamente estruturados e organizados.

Em Portugal, o Serviço Nacional de Protecção Civil (SNPC), a funcionar sob a dependência do Ministério da Administração Interna, é o organismo de carácter permanente e multidisciplinar, que tem como objectivos principais a garantia dos direitos à vida, à integridade física, à segurança, bem-estar das populações e à defesa do património cultural, natural e ambiental.

Consideramos que os desastres de massas impõem a criação de uma estrutura operacional, especialmente constituída para este fim, bem como a elaboração de um manual de procedimentos destinado à orientação e definição de tarefas da cada serviço interveniente.

Entre várias directivas emitidas por diferentes organismos, relativas a esta problemática destacamos, pela sua importância e pela profundidade dos diversos itens considerados, o guia da Interpol (Interpol, 2002). A Interpol é a mais vasta organização policial internacional do mundo, criada em 1923 para facilitar a cooperação das polícias criminais dos 181 países membros espalhados por cinco continentes, incluindo Portugal. A sede é em Lyon, França, e está dotada de um sistema de comunicação rápido e fiável, constituindo uma das suas actividades prioritárias o terrorismo e as organizações criminais.

Para além de outros aspectos é referido que as orientações sugeridas no seu guia deverão ser adaptadas pelos países membros, de acordo com as suas leis nacionais e regionais e, ainda, em conformidade com as suas práticas religiosas ou organizacionais.

Acrescentando, também, que os processos de identificação enumerados não podem ser usados em todas as circunstâncias, independentemente do número de vítimas envolvidas e que o principal objectivo das operações desenvolvidas, relativamente às vítimas, consiste em estabelecer a sua identidade.

Efectivamente, esta identificação consiste em comparar e estabelecer concordâncias entre os dados *ante-mortem* e *post-mortem* pelo que, em cada país membro, deverá ser constituída uma comissão de identificação de vítimas que assuma a responsabilidade das operações, aquando da catástrofe. Para além disso, esta comissão deverá ter um papel didáctico e de antecipação, planificando e treinando pessoal, em diversos aspectos, que envolvam este tipo de situações simulando, inclusivamente, vários cenários, tendo em consideração que a organização é um elemento imprescindível para que todos os passos requeridos no processo sejam bem sucedidos.

Outros aspectos haverá que tomar em consideração, sejam os que se referem aos formulários a usar, aos costumes religiosos e culturais, ao equipamento e tipo de pessoas envolvidas no resgate e às diversas formas de diminuir o seu stress, inevitável nestas circunstâncias. Em relação a estes últimos, é de ter em conta, para além do local, o tipo de desastre.

Existem ainda situações específicas que podem suscitar, no campo científico, uma multiplicidade de novos problemas, como sejam as identificações chamadas “falsas positivas”, que são proporcionais ao tamanho da lista de vítimas; a enorme quantidade de fragmentos humanos, às vezes pertencentes a membros da mesma família, que exige programas informáticos especiais para estudo de parentesco; e, também, a possibilidade da existência de disparidades nos esquemas de codificação das amostras, por ter de se recorrer a diversos laboratórios.

II. ETIOLOGIA

A identificação de cadáveres em grandes catástrofes é um processo complexo que se inicia no local onde o acidente ocorreu, devendo ser feita por especialistas, constituindo uma equipa multidisciplinar organizada, obedecendo a uma planificação pré-definida, usando metodologias e meios adequados.

Tendo em conta os relatos das tragédias que vêm acontecendo ao longo dos tempos nas diferentes regiões do globo, resultantes de forças naturais ou acidentais incontroláveis ou, ainda, da própria mão humana, fora da razão, podem-se considerar as guerras, os actos políticos, de guerrilha ou terroristas, os desastres naturais e os acidentes em meios de transporte, como os principais tipos de grandes catástrofes.

Os conflitos desencadeados na região dos Balcãs, na Bósnia e Herzegovina (início 1991) e no Kosovo, antiga Jugoslávia (início 1998), são exemplos de guerras recentes onde pereceram numerosas vítimas, a maioria das quais sepultadas em valas comuns.

Entre 1992 e 1999, foram encontradas 382 pessoas mortas e enterradas em 16 valas, não tendo sido possível a identificação de 30-35%, através dos métodos clássicos (Primorac, 2002).

Uma vez que estes métodos (exame detalhado das roupas e objectos pessoais, descrição de características particulares, análise dos restos ósseos para

118 determinar a idade, o sexo e a estatura e comparações odontológicas *ante e post-mortem*) se mostraram ineficazes, foram efectuadas análises do DNA, na maioria dos casos degradado ou contaminado, extraído a partir de ossos e dentes (Alonso, 2001).

Em relação a actos políticos, destacamos, pelo seu interesse histórico, embora o número de vítimas tenha sido inferior ao estabelecido pela O.M.S., o assassinio do último czar da Rússia, Nicolau II, da sua mulher, dos filhos, do médico de família e de alguns serventes. Os dados oficiais acerca da família Romanov indicam que foram feitos prisioneiros e mortos pelos bolcheviques, em 1918. Segundo os mesmos dados, os corpos terão sido regados com ácido sulfúrico, depois de mortos com armas de fogo, o que terá dificultado a sua identificação. Cerca de 80 anos depois do seu desaparecimento, foram descobertos restos ósseos humanos, numa vala comum, a maioria dos quais bastante deteriorados, com sinais de maus-tratos produzidos antes da morte e, alguns deles, com orifícios no crânio produzidos por projecteis e lesões provocadas por baionetas. Os peritos forenses russos efectuaram vários estudos, usando processos convencionais, os quais revelavam existir uma elevada probabilidade de pertencerem à família real russa. Em complemento, solicitaram a colaboração de um laboratório inglês (Forensic Science Service) (Gill, 1994) para, através da análise do DNA nuclear e DNA mitocondrial, comprovarem os resultados anteriores. A probabilidade proporcionada através do estudo do material genético extraído dos restos cadavéricos foi elevada (99%).

Pelo mesmo interesse, refere-se ainda, como exemplo de acto de guerrilha, a identificação de Ernesto “Che” Guevara e de outros membros da guerrilha boliviana, dos anos 60, que foram encontrados em duas valas, situadas em locais distintos, em 1995, por uma equipa especialmente formada para este fim, que reunia peritos forenses da Argentina, Cuba e Bolívia (Lleonart, 2000). Para além do uso dos métodos tradicionais já referenciados nos casos anteriores, houve necessidade de recorrer ao estudo do DNA (nuclear e mitocondrial), fundamentalmente a partir dos fémures dos cadáveres, os quais se encontravam deficientemente preservados, uma vez que as condições climáticas dos locais onde estavam sepultados eram próximas das regiões tropicais. Todavia, e não obstante as limitações descritas, os resultados obtidos levaram a uma identificação positiva dos cadáveres.

Os actos de terrorismo que recentemente atingiram mais vítimas, foram os praticados nos Estados Unidos e em Madrid.

O melhor documentado é o primeiro. Sabe-se que o elevado número de vítimas se deveu à colisão de dois “Boeing 767” com o World Trade Center (WTC), um outro “Boeing 757” com o Pentágono e, ainda, à queda de um quarto “Boeing 757”, sobre as florestas da Pensilvânia, provocada pelos próprios passageiros, quando se aperceberam que o mesmo havia sido desviado por terroristas.

Os estudos de DNA foram efectuados em distintos laboratórios que analisaram mais de 20.000 amostras biológicas (fragmentos de ossos humanos e

tecidos) correspondentes a mais de 2.800 pessoas desaparecidas do WTC e envolvendo cerca de 6.000 familiares e 5.000 objectos de uso pessoal. Para efectuar a relação entre as diferentes amostras citadas basearam-se, inicialmente, num programa informático de análise de parentesco, desenvolvido e usado, em 1988, aquando do desastre do voo 111 da Swissair, ocorrido a 2 de Setembro, sobre o oceano Atlântico, do qual resultou a morte de 229 passageiros e tripulação (Frégeau, 2000), o MDKAP (Mass Disaster Kinship Analysis Program) (Leclair, 2002).

No entanto, este programa, devido à complexidade da situação mostrou-se desajustado, como foi reconhecido por um grupo de 25 peritos, propositamente reunidos - KADAP (Kinship and Data Analysis Panel) (Niezgoda, 2002). Por isso, foi desenvolvida uma outra versão de forma a, entre outros aspectos, possibilitar o processamento simultâneo de STRs (Short Tandem Repeats) e SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), pesquisar potenciais relações de parentesco numa base puramente genética, verificar a consistência de relações familiares directas, comparar o genótipo de cada vítima com todos os genótipos provenientes de amostras biológicas recolhidas no local ou provenientes de objectos de uso pessoal das vítimas.

Em relação aos desastres naturais, podemos referir, pela sua relativa frequência, os tremores de terra e as inundações. Nestas situações, pelo facto do número de pessoas atingidas ser elevado, excedendo nalguns casos 30.000 e por questões relacionadas com a saúde pública, não são realizados estudos de DNA para identificação dos cadáveres, sendo algumas delas identificadas através dos procedimentos clássicos.

Os acidentes aéreos são os desastres de massas mais frequentes dos verificados em meios de transporte acontecendo, normalmente, durante a descolagem ou aterragem. Estes podem ter diferentes origens (erros humanos, mecânicos, terrorismo ou condições atmosféricas adversas). Neste tipo de acidentes a fragmentação dos corpos verifica-se com muita frequência, bem como a presença de graves ferimentos na cabeça e, não raras vezes, a decapitação. Esta desagregação dos corpos deve-se à alta velocidade do impacto e, conseqüentemente, à destruição e dispersão do avião, o que torna a identificação das vítimas muito mais complexa.

A frequência deste tipo de acidentes é relativamente elevada, particularizando-se, para além do já referido acidente com o avião da Swissair, a queda do Airbus 300-600R, em Taiwan, em que morreram 196 pessoas que viajavam no avião (182 passageiros e 14 tripulantes) e 6 que se encontravam no solo (Hsu, 1999).

Apenas algumas vítimas foram identificadas através dos métodos tradicionais, tendo sido possível a identificação de um total de 685 fragmentos humanos, usando o DNA, no tempo recorde de três semanas.

Por fim, não se poderá deixar de fazer uma referência ao bio-terrorismo em que, tomando como exemplo o recente envio de cartas com o *Bacillus*

120 *anthracis*, permite antever os seus efeitos devastadores se outras situações análogas ou de maior envergadura tiverem lugar.

O uso de agentes patogénicos e toxinas como armas biológicas em práticas terroristas, tem sido documentado desde há cerca de dois mil anos. O principal objectivo das análises microbiológicas forenses é determinar a origem do agente patogénico; no entanto, os dados genéticos requeridos podem nunca permitir a sua individualização, a nível da identificação da estirpe de uma espécie microbiana. Todavia, o principal objectivo em relação às ciências forenses é a identificação das pessoas que cometeram actos de bio-terrorismo ou bio-crimes intencional ou inadvertidamente (Budowle, 2003).

III. OBJECTIVOS DOS EXAMES MÉDICO-LEGAIS

Os principais objectivos dos exames médico-legais são a identificação das vítimas e a determinação da causa da morte. Para os alcançar deve ser realizada a autópsia médico-legal, no decorrer da qual devem ser colhidas amostras biológicas para análises genéticas e/ou toxicológicas. Estas últimas destinam-se ao doseamento do álcool etílico e de drogas de abuso e são exclusivamente efectuadas aos condutores, no caso de acidentes em meios de transporte.

No âmbito dos desastres de massas a estratégia e medidas a tomar, relativamente ao local e aos cadáveres, devem ser decididas por um responsável e/ou por uma comissão especialmente constituída para este fim, evidenciando-se a protecção do local, o transporte e acondicionamento dos corpos. Como procedimentos preliminares, a colheita de informação *ante-mortem* (saber a localização dos passageiros num avião) é de grande interesse.

Para além do exame do hábito externo, que pressupõe a observação e descrição de características morfológicas, tais como defeitos físicos, cicatrizes, tatuagens, marcas de nascimento ou deformidades, efectuado aquando da realização da autópsia médico-legal, importa observar minuciosamente objectos de uso pessoal, tais como documentos, peças de vestuário ou joalharia.

Para complemento da identificação utilizam-se outros métodos que incluem a colheita e estudo de impressões digitais (Dactiloscopia); comparações odontológicas, sendo necessária a existência de fichas dentárias; exames radiológicos, que possuem um interesse especial quando existem próteses; estudos antropológicos, a partir dos quais se pode inferir a idade, o sexo e estatura e ainda fotografia e/ou vídeo (Duma, 1994).

Este conjunto de procedimentos constitui o que normalmente se designa de métodos clássicos ou tradicionais de identificação.

IV. ESTUDO DO DNA: NUCLEAR E MITOCONDRIAL

O estudo do DNA (nuclear e/ou mitocondrial) é o único meio disponível para se poder identificar um indivíduo, a partir de qualquer tipo de amos-

tra biológica que lhe pertença, especialmente nas situações em que há uma considerável fragmentação dos corpos, designadamente nas grandes catástrofes. Este estudo tem-se revelado de grande interesse nos casos em que a identificação das vítimas, através dos métodos tradicionais, não é possível. Tem como principais vantagens a eficiência e a fiabilidade, porquanto são métodos cujos resultados são muito mais objectivos do que, por exemplo, a identificação através de características pessoais que têm que ser confirmadas por familiares das vítimas, em que aspectos emotivos podem originar uma identificação errónea. Todavia, o elevado custo e a morosidade, que estão implícitos à sua utilização, constituem as suas principais limitações. A última, justificada pela necessária ponderação e rigor científico, nem sempre é compreendida quer pelos familiares, desejosos de rapidamente verem enterrados os seus entes queridos quer, por vezes, pelo poder político na expectativa de reduzir os problemas sociais que possam advir de uma relativa demora na entrega dos cadáveres.

Quanto às amostras dos cadáveres que são presentes ao laboratório, elas são de natureza diversa, podendo o seu material genético estar degradado ou contaminado, dependendo da etiologia da catástrofe.

A degradação do DNA pode-o dividir em fragmentos mais pequenos, sendo os principais factores que a provocam o tempo, a temperatura, a humidade e a luz (solar e raios UV). Esta pressupõe, a maioria das vezes, a não obtenção de resultados e nunca o aparecimento de características genéticas distintas daquelas que correspondiam à amostra. Excepcionalmente, em lugar de impedir a obtenção de resultados, pode ocasionar a visualização de um único alelo (homozigotia) em vez de dois, sendo mais frequente que desapareça o alelo de maior dimensão. Por isso, quando se analisam amostras problemáticas e se obtém homozigotia, para alguns marcadores genéticos, deve-se ter cuidado na utilização desses resultados, pois podem corresponder a indivíduos heterozigóticos.

Quanto à contaminação, tem que se ter em consideração que, aquando do manuseamento de amostras biológicas, deve ser evitado qualquer tipo de procedimento incorrecto que conduza à alteração da amostra original. Podem ser definidos vários tipos de contaminação, a química (produz resultados inconclusivos ou ausência de resultados); a provocada por microrganismos (normalmente não interfere nos resultados finais) e a contaminação por outro DNA humano, proveniente do operador ou de outra amostra. Este é o tipo de contaminação menos desejável, porque proporciona resultados que podem levar a conclusões erradas.

A possibilidade de contaminação existe durante ou depois da colheita das amostras, quando estas estão a ser analisadas no laboratório.

É de evidenciar que, laboratorialmente, há formas de controlar a contaminação, tais como usar controlos negativos na extracção e amplificação, cujos resultados deverão ser obrigatoriamente negativos (ausência de alelos). Acresce que deve ser tipado todo o pessoal do laboratório, pois a presença, numa amostra, de um perfil idêntico a um dos seus elementos, é indicativo de

122 que houve contaminação e que esta, provavelmente, se deveu à sua incorrecta prática laboratorial. Por outro lado, a Comissão da Sociedade Internacional de Genética Forense (ISFG) (Bär, 2000) em recomendações emitidas, em Junho de 2000, relativas à tipagem do DNA mitocondrial, refere, entre outros aspectos, que o espaço laboratorial deve ser dividido em áreas separadas destinadas, respectivamente, à descrição do material recebido, à extracção do DNA, à amplificação do DNA e tipagem do DNA. Devendo, também, ser usado material descartável, nomeadamente batas, máscaras, luvas, pontas de micropipeta resistentes a aerossóis, bem como câmaras de fluxo laminar. Para além de que não é aconselhável efectuar o manuseamento simultâneo de “amostras limite” (com DNA escasso) e amostras com quantidades apreciáveis de DNA e, ainda, “amostras referência” com amostras biológicas com quantidades exíguas de material genético, com elas relacionadas.

Ainda relativamente às amostras cadavéricas e quanto aos cadáveres recentes, na generalidade das situações, são analisados o sangue, músculo ou pêlos e aos cadáveres degradados, ossos e/ou dentes.

O percurso laboratorial inclui vários passos iniciando-se na recepção das amostras e seu acondicionamento até que sejam examinadas. Estes procedimentos devem dispensar especiais cuidados, porquanto deles depende, em muitos casos, o êxito da perícia. Sendo, também, aconselhável fazer-se uma correcta identificação das amostras, bem como etiquetagem.

O material cadavérico a estudar, aquando da realização da perícia, deve ser atentamente observado, seguindo-se uma selecção adequada das amostras a analisar, assim como uma escolha criteriosa do método de extracção do DNA. Esta dependerá do tipo de amostra e do seu estado de conservação.

Neste tipo de material, em regra, recorre-se ao estudo do DNA nuclear e/ou DNA mitocondrial. Os STRs autossómicos e do cromossoma Y são os marcadores genéticos de eleição, devido à sua abundância no genoma humano, ao seu elevado grau de polimorfismo e à possibilidade de serem facilmente estudados mediante a Polymerase Chain Reaction (PCR), tendo-se convertido nos sistemas de eleição na identificação genética humana. Uma vez realizada a amplificação dos fragmentos de DNA (polimorfismos) é necessário proceder à sua caracterização, podendo-se usar processos manuais ou sequenciadores automáticos. Existem vários modelos de sequenciadores automáticos, dos quais destacamos, os que utilizam a electroforese capilar (ABI 310 e o ABI 3100).

É possível proceder-se à amplificação simultânea de vários *loci* numa única mistura de reacção (PCR *multiplex*), podendo-se fazer a análise conjunta dos produtos amplificados. Tal facto proporciona o aumento do poder de discriminação e a diminuição do tempo de análise, bem como das quantidades de DNA e de reagentes a usar (Oldroyd, 1995).

A análise do DNA mitocondrial (DNAm) e do cromossoma Y permite determinar relações familiares, nomeadamente quando existe um hiato de várias

gerações entre um ancestral e descendentes vivos. No entanto, estes polimorfismos não possuem o poder de discriminação dos *loci* STR autossómicos do DNA nuclear. Em relação aos STRs do cromossoma Y, tem que se atender ao facto de serem herdados por via paterna (indivíduos aparentados pela linha paterna possuem idêntica informação genética em relação a este cromossoma). O DNAMt tem a particularidade de ser de herança uniparental materna (indivíduos aparentados pela linha materna partilham a mesma sequência).

O DNAMt humano representa 1-2% (Lareu, 1999) do DNA celular, é de dupla cadeia, circular e está presente em 1.000-10.000 cópias por célula (Lutz, 1998), o que permite supor que algumas dessas cópias se tenham mantido intactas ao longo do tempo, permanecendo disponíveis mesmo em amostras que possuam pequena quantidade de DNA e/ou DNA degradado, sendo mais eficiente do que DNA nuclear, nestes casos.

Os genomas mitocondriais são idênticos em quase toda a sua extensão para todos os indivíduos da mesma espécie. Contudo, a região controlo, que inclui a *D-loop*, é uma zona não codificante que possui elevado polimorfismo sendo, por isso, a que tem maior interesse médico-legal. Esta tem o tamanho aproximado de 1.100 pb, constituindo cerca de 10% do DNAMt não expressivo (não codificante) e divide-se em duas outras regiões, com aproximadamente 400 pb, a hipervariável I (HVI) e a hipervariável II (HVII) (Giles, 1980), (Vigilant, 1989). Os restos cadavéricos antigos ou procedentes de grandes catástrofes, são um dos tipos de amostras biológicas em que este estudo pode ter grande interesse.

O cromossoma Y (CY) é um cromossoma acrocêntrico, estruturalmente pequeno, representando apenas 2% do conjunto cromossómico humano, possuindo parte do braço longo (q) formado por heterocromatina.

Enquanto os STRs autossómicos exibem um tipo de herança com dois alelos codominantes, presentes em cada *locus* e sujeitos à recombinação normal e mutações, os *loci* STR do cromossoma Y estão apenas presentes em indivíduos do sexo masculino como alelos únicos. Os STRs do cromossoma Y segregam como haplótipos intimamente ligados na linhagem masculina de uma família. Por isso, a transmissão faz-se de pai para filho, como um único bloco (herança haplóide, uniparental paterna).

Quando se fala no perfil de DNA autossómico, pode-se dizer que apenas os gémeos monozigóticos partilham aquele perfil, enquanto em relação ao cromossoma Y todos os indivíduos masculinos da mesma família, como irmãos, filhos, pai, tios paternos, terão haplótipos idênticos.

Para além dos STRs, recentemente, estão a ser desenvolvidas técnicas mais eficazes para o estudo de outro tipo de polimorfismos designados por marcadores bialélicos.

Estes, são polimorfismos que consistem em mutações pontuais do tipo substituições nucleotídicas, inserções ou deleções, apenas numa determinada

124 posição nucleotídica e são designados SNPs, quando se trata apenas da substituição de um nucleótido. São muito abundantes no genoma, tendo sido estimado que ocorrem 1 vez em cada 1.000 bases. O facto de poderem ser usados como marcadores no mapeamento de doenças genéticas multifactoriais, estimulou a descoberta de milhões de SNPs, bem como proporcionou o desenvolvimento de novas tecnologias fiáveis e com um elevado rendimento (Laréu, 2001).

Têm sido descritos vários polimorfismos bialélicos, a maioria dos quais são SNPs que apresentam um índice de diversidade génica inferior ao dos STRs, por serem marcadores bialélicos. Os que apresentam um valor superior são aqueles em que o evento mutacional é suficientemente antigo.

Pelo facto da sua diversidade génica ser baixa, para se obter um poder de discriminação comparável ao dos sistemas *multiplex* dos STRs autossómicos, actualmente analisados, é necessário estudar um número bastante elevado. Há autores que referem a necessidade da caracterização de 25-45 SNPs para se obter uma capacidade informativa semelhante aos 13 STRs autossómicos mais utilizados (Jobling, 2001).

O passo final do exame laboratorial é uma análise comparativa entre os resultados da análise das amostras problema (amostras cadavéricas) e das amostras referência (familiares próximos ou objectos de uso pessoal, como escovas de cabelo ou de dentes, máquinas de barbear) e a sua valorização estatística. É de evidenciar que quanto maior for o número de marcadores usados e mais informativos forem (elevado polimorfismo e frequências equilibradas dos seus alelos), mais eficaz será a identificação da vítima.

Como já foi referido, existem, actualmente, programas informáticos que permitem estabelecer as relações de parentesco entre progenitores e descendência que obviam a utilização de processos manuais, possuindo as indiscutíveis vantagens de serem muito mais rápidos e eficientes.

Em conclusão, poder-se-á dizer que os processos de identificação das vítimas nas Grandes Catástrofes são, acima de tudo, uma tarefa humanitária que interessa fundamentalmente aos familiares e amigos das vítimas. E, por isso, deve exigir por parte do grupo de trabalho, que deverá ser antecipadamente criado para este fim, todo o interesse e empenho profissional para levar a bom termo os seus objectivos.

Deste modo, justifica-se a criação de uma equipa multidisciplinar especialmente formada para a identificação das vítimas e para dar apoio aos seus familiares e sobreviventes.

■ BIBIOGRAFIA

- Alonso A. et al. (2001). DNA Typing from skeletal remains: evaluation of multiplex and megaplex STR systems on DNA isolated from bone and teeth samples. *Croatian Medical Journal* 42, 260-266.
- Bär, et al. (2000). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Guidelines for mitochondrial DNA typing. *Int. J. Legal Med.* 113, 193-196.
- Budowle B. (2003). Genetics and other forensic tools for attribution of microbiological agents. *20th International Congress of the ISFG. In press.*
- Duma A. et al. (1994). Identification of the victims of aircraft accident at the Ohrid airport. *Acta Mecinae Legalis.* Vol. XLIV, 463-464.
- Frégeau C.J. et al. (2000). The Swissair flight 111 disaster: Short tandem repeat mutations observed. *Progress in Forensic Genetics* 8, 40-42.
- Giles R.E., et al. (1980). Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 77, 6715-6719.
- Gill P. et al. (1994) Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis. *Nat. Genetics* 6, 130-135.
- Hsu C.M. (1999). Identification of victims of the 1998 Taoyuan Airbus crash accident using DNA analysis. *Int J Legal Med* 113, 43-46.
- Interpol. (2002). Disponível em [http:// www.interpol.int](http://www.interpol.int) [Consultado em 02/10/2002].
- Jobling M.A. (2001). Y chromosomal SNP haplotype diversity in forensic analysis. *Forensic Sci Int* 118, 158-162.
- Lareu M., et al. (2001). The use of the LightCycler for the detection of Y chromosome SNPs. *Forensic Sci Int* 118, 163-168.
- Lareu M.V., et al. (1999). ADN mitocondrial. Ventajas y desventajas en Genética Forense. *In: Jarreta M. La Prueba del ADN en Medicina Forense.* Barcelona, Masson, S.A., pp. 95-105.
- Leclair B. et al. (2002). Kinship analysis and human identification in mass disasters: the use of MDKAP for the World Trade Center Tragedy. *Thirteenth International Symposium on Human Identification.* Disponível em [http:// www.promega.com](http://www.promega.com). [Consultado em 17/03/2004].
- Lleonart R. (2000). Forensic identification of skeletal remains from members of Ernesto Che Guevara's guerrillas in Bolivia based on DNA typing. *Int J Legal Med.* 113, 98-101.
- Lutz S., et al. (1998). Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany. the DNA Commission of the ISFG regarding the use of short tandem repeat systems. *Int. J. Leg. Med.* 111, 67-77.
- Niezgoda S. et al. (2002). DNA identification in mass fatality incidents: lessons learned. *Thirteenth International Symposium on Human Identification.* Disponível em [http:// www.promega.com](http://www.promega.com). [Consultado em 17/03/2004].
- Oldroyd N.J., et al. (1995). A highly discriminative octoplex short tandem repeat polymerase chain reaction system suitable for human individual identification. *Electrophoresis* 16, 334-337.
- Primorac D. (2002). Identification of human remains from mass graves found in Croatia and Bosnia Herzegovina. *Nat. Genetics* 6. Disponível em [http:// www.promega.com](http://www.promega.com) [Consultado em 16/03/2004].
- Vigilant L., et al. (1989). Mitochondrial DNA sequences in single hairs from a southern African population. *Proc Natl Acad Sci USA* 86, 9350-9354.