

MINISTÉRIO DA JUSTIÇA E SEGURANÇA PÚBLICA (MJSP) - POLÍCIA FEDERAL

CARGO 11: PERITO CRIMINAL FEDERAL – ÁREA 19: GENÉTICA FORENSE

Prova Discursiva

Aplicação: 27/7/2025

PADRÃO DE RESPOSTA DEFINITIVO

- 1 Conceito de SNP: polimorfismo de nucleotídeo simples, que é uma variação na sequência de nucleotídeos do DNA, que ocorre quando um único nucleotídeo é alterado. **Esse tipo marcador genético geralmente é bialélico, sendo que um dos alelos deve apresentar uma frequência populacional de no máximo 99% para ser considerado polimórfico (ou um mínimo de 1% para os bialélicos).** Essa ~~alteração deve ser encontrada em, no mínimo, 1% da população~~ **variação deve ser herdável** e é uma das formas mais comuns de variação genética entre indivíduos.
- 2 A **principal metodologia atualmente empregada para a análise em larga escala de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) é a SNParray (ou chip de DNA).** ~~Os SNP são mais comuns que os STR no genoma, por isso, é mais fácil do ponto de vista metodológico estudar um grande número de SNP que de STR. As regiões onde são encontrados marcadores do tipo STR são as que apresentam alta taxa de mutação. Portanto, é comum encontrar duas pessoas com o mesmo alelo, porém sem ancestralidade em comum. Compartilhar alelos de SNP reflete ancestralidade e parentesco e compartilhar alelos de STR pode decorrer de mutação recorrente~~ **No entanto, diversas outras abordagens podem ser utilizadas, como a Single Base Extension (SBE), exemplificada pelo método SNaPshot® (minissequenciamento), as reações em cadeia da polimerase com sondas TaqMan® em tempo real (PCR em tempo real) e o sequenciamento de nova geração (Next Generation Sequencing – NGS), também denominado sequenciamento massivo em paralelo (MPS). Técnicas anteriores, como o polimorfismo no comprimento de fragmentos de restrição (RFLP), foram amplamente utilizadas no passado, mas atualmente encontram-se em desuso. Os SNPs são significativamente mais abundantes no genoma humano do que os microsatélites (STRs), o que facilita, do ponto de vista metodológico, a análise de um grande número desses marcadores em comparação aos STRs. Enquanto que os STRs apresentam alta taxa de mutação, o que gera um elevado número de alelos, os SNPs, em sua maioria, são bialélicos e apresentam taxas de mutação mais baixas. Assim, é possível que dois indivíduos compartilhem o mesmo alelo de STR em função de mutações recorrentes, sem necessariamente possuírem ancestralidade comum. Por outro lado, o compartilhamento de alelos de SNPs tende a refletir relações de ancestralidade. De modo geral, os SNPs são mais conservados ao longo das gerações e exibem maior diferencial de frequência entre populações (alto Fst), enquanto os STRs, apesar de sua alta informatividade, apresentam baixo Fst, ou seja, menor variação de frequência entre grupos populacionais. No contexto da genealogia forense investigativa, a análise em larga escala é baseada predominantemente em SNPs. Para a identificação de parentesco distante, é necessário avaliar o compartilhamento de blocos de haplótipos. Nesse tipo de análise, a alta taxa de mutação característica dos STRs pode dificultar a interpretação dos resultados. Por essa razão, os bancos de dados utilizados na genealogia forense são, em sua maioria, fundamentados em perfis genéticos obtidos a partir de SNPs.**
- 3 ~~Durante a meiose (formação de gametas), ocorrem os fenômenos de crossing over, que consistem na separação dos cromossomos homólogos ao final da meiose I e que ocasionam uma grande combinação~~ **O motivo principal de dois irmãos terem diferenças de genótipos está na gametogênese de seus pais. Na fase S da interfase, ocorre a replicação do material genético, do DNA, e nessa fase podem ocorrer mutações, que geram novos alelos. Na Prófase I da meiose, ocorre o pareamento dos cromossomos homólogos e o fenômeno do crossing-over, também conhecido por recombinação ou permuta (termos sinônimos), que gera novas combinações de alelos. Ao final da meiose I, ocorre a separação dos cromossomos homólogos, o que caracteriza a segregação independente, o que ocasiona uma grande possibilidade de combinações (em humanos é de 2^{23}) e também mutação, fazendo que seja. Dessa forma, é virtualmente impossível o encontro de dois irmãos com a mesma sequência de bases, isso é, mesmo conjunto de alelos no genoma.**

QUESITOS AVALIADOS

Quesito 2.1 – Conceito de marcadores genéticos do tipo SNP

Conceito 0 – Não abordou o aspecto ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Abordou corretamente apenas um dos seguintes aspectos: (i) nome “polimorfismo de nucleotídeo único” ou “polimorfismo de um único nucleotídeo”, ou mesmo o termo em inglês “single nucleotide polymorphism”, ou traduções similares; (ii) tipo de variação na sequência de nucleotídeos no DNA, que ocorre quando um único nucleotídeo é alterado **e é geralmente bialélico**; (iii) ~~alteração deve ser encontrada em, no mínimo, a~~ **variação deve ser herdável e ser encontrada com uma**

frequência de no máximo 99% (no mínimo, 1% da população no caso de bialélicos); e (iv) é uma das formas mais comuns de variação genética entre os indivíduos.

Conceito 2 – Abordou corretamente apenas dois dos itens enumerados.

Conceito 3 – Abordou corretamente apenas três dos itens enumerados.

Conceito 4 – Abordou corretamente todos os quatro itens enumerados.

Quesito 2.2 – Metodologia de análise de SNP e razão de os marcadores do tipo SNP serem mais apropriados e mais utilizados para análise de ancestralidade e genealogia genética que os marcadores do tipo STR

Conceito 0 – Não abordou o aspecto ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Abordou corretamente apenas um dos seguintes aspectos: (i) ~~citou que os~~ SNP são mais comuns/abundantes que os STR no genoma e são mais estáveis e/ou apresentam menor taxa de mutação e/ou são mais conservados e/ou apresentam alto Fst; (ii) ~~explicou que, por isso,~~ é mais fácil do ponto de vista metodológico estudar um grande número de SNP que de STR, sendo que, para análise de genealogia genética investigativa, emprega análise em larga escala de SNPs; (iii) mencionou SNP array (ou chip de DNA) como ao menos uma das metodologias de análise de SNP; e (iv) explicou que compartilhar alelos de SNP e/ou haplótipos/blocos de haplótipos reflete ancestralidade e parentesco e que compartilhar alelos de STR pode decorrer de mutação recorrente.

Conceito 2 – Abordou corretamente apenas dois dos itens enumerados.

Conceito 3 – Abordou corretamente apenas três dos itens enumerados.

Conceito 4 – Abordou corretamente todos os quatro itens enumerados.

Quesito 2.3 – Motivo de dois irmãos que não sejam gêmeos univitelinos compartilharem apenas parte dos genótipos entre eles

Conceito 0 – Não abordou o aspecto ou o fez de forma totalmente equivocada.

Conceito 1 – Abordou corretamente apenas um dos seguintes aspectos: (i) a diferença advém do processo de gametogênese e a formação de gametas é decorrente da meiose; (ii) a segregação dos cromossomos homólogos (segregação independente) ocorre durante esse processo na Anáfase I da meiose e é responsável por parte da alta diversidade; (iii) o crossing-over ou a recombinação ou permuta ocorre na Prófase I da meiose, gerando novas combinações, e aumenta a diversidade; (iv); a mutação ocorre na fase S da interfase e é fonte geradora de novos alelos; (v) a produção de muitos gametas masculinos e somente um feminino, explicando que a chance de esses gametas serem idênticos como produto de diferentes meioses é virtualmente zero.

Conceito 2 – Abordou corretamente apenas dois dos itens enumerados.

Conceito 3 – Abordou corretamente apenas três dos itens enumerados.

Conceito 4 – Abordou corretamente apenas todos os quatro dos itens enumerados.

Conceito 5 – Abordou corretamente todos os cinco itens enumerados.