UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO
DEPARTAMENTO DE PATOLOGIA E MEDICINA LEGAL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PATOLOGIA EXPERIMENTAL

Victor Jacometti

**Estimativa da ancestralidade em Antropologia Forense por meio do software
“AncesTrees” em medidas cranianas de uma amostra brasileira**

Ribeirão Preto

2018

Victor Jacometti

**Estimativa da ancestralidade em Antropologia Forense por meio do software
“AncesTrees” em medidas cranianas de uma amostra brasileira**

**Versão corrigida. A versão original encontra-se disponível tanto na Biblioteca
da Unidade que aloja o Programa, quanto na Biblioteca Digital de Teses e
Dissertações da USP (BDTD)**

Dissertação apresentada ao Programa de
Pós-graduação em Patologia Experimental
da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto
da Universidade de São Paulo para obtenção
do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Henrique Alves
da Silva.

Ribeirão Preto

2018

Autorizo a reprodução e divulgação total ou parcial deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de estudo e pesquisa, desde que citada a fonte.

Ficha catalográfica

Elaborada pela Biblioteca Central do Campus USP - Ribeirão Preto

Jacometti, Victor

Estimativa da ancestralidade em Antropologia Forense por meio do software “AncesTrees” em medidas cranianas de uma amostra brasileira. Ribeirão Preto, 2018.

81 p. : il. ; 30 cm

Dissertação de Mestrado apresentada à Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/USP. Área de concentração: Patologia.

Orientador: Silva, Ricardo Henrique Alves.

1. Antropologia Forense. 2. Antropometria. 3. Crânio

Nome: Jacometti, Victor

Título: Estimativa da ancestralidade em Antropologia Forense por meio do software “AncesTrees” em medidas cranianas de uma amostra brasileira.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Patologia Experimental da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo para obtenção do título de Mestre.

Aprovado em:

Banca Examinadora:

Prof.(a). Dr.(a).: _____

Instituição: _____

Julgamento: _____

Prof.(a). Dr.(a).: _____

Instituição: _____

Julgamento: _____

Prof.(a). Dr.(a).: _____

Instituição: _____

Julgamento: _____

Dedicatória

À minha **mãe, Maria Esther Chaves Gomes**, por compor integralmente a concretização dos meus trabalhos, dos meus sonhos e do meu caráter. Por ela, tudo nessa vida.

Agradecimentos

Em primeiro lugar, **a Deus**, que me conferiu força e saúde para essa árdua jornada terminar. Sei que nem sempre fui compreensível com as intempéries da vida durante esse período e busquei externar a culpa desses acontecimentos em algo divino, algo pelo qual peço perdão. Na verdade, as dificuldades me tornaram mais resiliente e esculpiram minha alma, e eu só tenho a agradecer.

À minha família, meus irmãos **Arthur e Alice**: meus braços e minhas pernas, pelos quais sinto imensa responsabilidade em imprimir excelência em tudo o que busco fazer e assim poder inspirá-los a seguir uma vida digna, o que já o fazem. Amo muito vocês.

À minha namorada, Caroline Cristina Borges, a qual amo imensamente e que fez parte totalmente desse período na minha vida, do ingresso ao término e esteve comigo em todo tipo de situação, demonstrando lealdade inigualável. Espero poder continuar compartilhando todos os momentos importantes da minha vida com você.

À CAPES, à Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto e ao Departamento de Patologia e Medicina Legal, por abrigarem esse cirurgião-dentista sonhador e o ajudarem a se tornar um concretizador, com uma excelente estrutura, programa e pessoal de pós-graduação competentíssimos.

À Faculdade de Odontologia de Ribeirão Preto, minha segunda casa, que me recebeu e continua recebendo com muita alegria e satisfação. E sempre receberá.

Aos funcionários e professores do Departamento de Estomatologia, Saúde Coletiva e Odontologia Legal, Dorival Gaspar, Profa. Marlívia, Profa. Soraya e Prof. Wilson, que foram sempre bem solícitos e mantiveram harmonia com nossos trabalhos nesse ínterim.

Ao Prof. Dr. Ricardo Henrique Alves da Silva, meu orientador, o meu maior mentor profissional e um “pai” moral, além de grande amigo. A materialização do conceito de docente universitário, que busca excelência na formação de valores, e que vem ajudando pessoas que estejam dispostas a realizarem seus sonhos. E assim tem sido comigo. Me sinto honrado de pertencemos ao mesmo meio e trabalharmos juntos. Espero que essa parceria continue sendo frutífera por muito tempo.

À Prof^a. Dr^a. Eugénia Cunha, que foi crucial em momentos desesperadores durante esse percurso, pelas orientações, ensinamentos e ajuda, além de ter contribuído enormemente para a finalização do meu projeto.

Ao CEMEL-FMRP/USP, na figura do Prof. Dr. Marco Aurélio Guimarães e do técnico Marcelo, por fornecerem material e estrutura que compôs parte desse trabalho e que ajudou no aprendizado e treinamento para tal.

Aos Profs. Drs. Luís Otávio de Moraes e Sérgio Marques, curadores do Museu de Anatomia Topográfica e Descritiva, da Escola Paulista de Medicina (EPM-UNIFESP), por me receberem com grande hospitalidade e serem solícitos diante das minhas necessidades, como também firmarem parceria com nosso grupo.

Aos meus eternos colegas de departamento e militância nessa área, **Luciana, Paula, Júlia, Tamara, Beatriz e Marcos**, dos quais sinto muita saudade, e tive a alegria e felicidade de conviver momentos únicos e inesquecíveis, que levarei comigo a vida toda. Desejo muito sucesso a todos, e espero que nossos contatos não se encerrem aqui, pois temos muito a vencer juntos ainda. Nossa equipe está para sempre no meu coração.

Aos meus outros colegas de mesma área, **Paulo, Ana Luísa, Bruna, Larissa, Silmara e Rienne**, que apesar de “calouros”, compartilharam boas e saudosas memórias comigo. Desejo-lhes todo o sucesso que merecem, e que possam alçar voos sempre mais altos dentro dessa encantadora especialidade.

Ao meu outro “chefe”, Coordenador de Fiscalização, **Dr. Luís Flávio Marconi**, que mesmo diante do meu recém ingresso no novo ofício dentro do CRO-SP, bancou todas as minhas solicitações e necessidades pertinentes ao meu Mestrado, sempre me apoiando e orientando fundamentalmente para conciliar com eficiência, um trabalho extenuante e novo, com tudo o que já vinha fazendo. Agradeço imensamente sua parceria e compreensão, pois foram fundamentais na reta final.

“Não é aquilo que desconhecemos que nos impede de suceder. Nosso maior obstáculo é justamente aquilo que temos certeza que conhecemos.”

Josh Billings

RESUMO

JACOMETTI, Victor. **Estimativa da ancestralidade em Antropologia Forense por meio do software “AncesTrees” em medidas cranianas de uma amostra brasileira**. 2018. 81 f. Dissertação (Mestrado em Patologia Experimental) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2018.

A Antropologia Forense desempenha um importante papel nas Ciências Forenses e, apesar de não consistir em um método primário de identificação humana, ou seja, só a sua execução não basta para conferir identidade a um indivíduo questionado, é um método auxiliar trivial para reduzir o universo de suspeitos a serem analisados na busca da identidade. O objetivo desse trabalho foi analisar a acurácia e aplicabilidade do software AncesTrees, desenvolvido por Navega et al. (2015), em um conjunto de medidas cranianas de uma amostra brasileira. Em uma amostra constituída por 114 crânios identificados, originários de duas coleções osteológicas localizadas no estado de São Paulo, predominantemente composta por indivíduos brancos (59), seguido por negros (35) e pardos (20), foram realizadas 24 diferentes medidas craniométricas que foram alocadas no AncesTrees em dois algoritmos diferentes, sendo que um deles foi utilizado em três configurações distintas, com diferentes grupos ancestrais integrando o modelo. O software teve desempenho superior na estimativa de indivíduos brancos, chegando a 73% de acurácia neste grupo e 66% no grupo de indivíduos negros. Indivíduos classificados como pardos apresentaram inconstância na classificação ancestral, sendo classificados majoritariamente como Europeus. No geral, a combinação mais precisa do AncesTrees foi no algoritmo ancestralForest com apenas os grupos Europeu e Africano integrando o algoritmo, chegando a 70% de acerto. Conclui-se que a aplicabilidade desse software no Brasil é frágil, devido à alta carga de miscigenação da população, sendo necessária a criação de uma base de dados antropométricos mais representativa do povo brasileiro.

Palavras-chave: Antropologia Forense. Antropometria. Crânio

ABSTRACT

JACOMETTI, Victor. **Ancestry estimation in Forensic Anthropology using the software AncesTrees in cranial measurements of a Brazilian sample**. 2018. 81 f. Dissertation (Master in Experimental Pathology) – Ribeirão Preto Medical School, University of São Paulo, Ribeirão Preto, 2018.

Forensic Anthropology develops an important role in Forensic Sciences. Although it is not a primary method of human identification, that is, its execution alone is not enough to establish an identity to a questioned individual, it is a trivial secondary method, to reduce the universe of suspects to be analyzed by the primary ones. The objective of this research was to analyze the accuracy and applicability of the software AncesTrees, developed by Navega et al. (2015), in a set of cranial measurements of a Brazilian sample. In a sample consisted of 114 identified skulls, coming from two osteological collections located in the São Paulo State, predominantly composed of white individuals (59), followed by blacks (35) and admixed (20), 24 different craniometric measurements were performed and allocated to AncesTrees in two different algorithms, one of which was used in three different configurations, with different ancestral groups integrating the model. The software had superior performance in the estimation of white individuals, reaching 73% accuracy in this group and 66% in the black individuals' group. Individuals classified as admixed showed inconstancy in the ancestral classification, being classified mainly as European. Overall, the most accurate combination of AncesTrees was in the ancestralForest algorithm with only the European and African groups integrating the algorithm, reaching 70% accuracy. It is concluded that the applicability of this software in Brazil is fragile, due to the high admixing load of the population, and it is necessary to create a more representative anthropometric database of the Brazilian people.

Keywords: Forensic Anthropology, Anthropometry, Skull.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Instrumentos e materiais usados nas medições cranianas. Da esquerda para a direita: Paquímetro, compasso externo, régua, lápis e suporte de espuma, usado como base para os crânios.....	30
Figura 2 – Crânio posicionado no suporte para início das mensurações	31
Figura 3 – Ilustração da medida GOL – Comprimento máximo craniano (distância do ponto <i>glabella</i> ao ponto <i>opisthocranion</i>)	31
Figura 4 – Ilustração da medida BBH – Altura <i>basion-bregma</i> (Distância entre os pontos <i>basion</i> e <i>bregma</i>).....	32
Figura 5 – Ilustração da medida XCB – Largura máxima craniana (Maior largura encontrada perpendicularmente ao plano sagital, em vista posterior)	32
Figura 6: Ilustração da medida NPH – Altura facial superior (Distância do ponto <i>nasion</i> ao ponto <i>prosthion</i>)	33
Figura 7: Ilustração da medida XFB – Largura frontal mínima (Distância máxima na sutura coronal, perpendicular ao plano medial).....	33
Figura 8: Ilustração da medida FMB – Largura bifrontal (Distância entre os dois pontos cranianos <i>frontomale</i>)	34
Figura 9: Demonstração da medida ZYB – Largura bizigomática (Distância em linha reta entre os dois pontos cranianos <i>zygion</i> , localizados no ponto mais lateral do arco zigomático).....	34
Figura 10: Representação da medida BNL – Comprimento <i>nasion-basion</i> (Distância entre os pontos <i>nasion</i> e <i>basion</i>)	35
Figura 11: Ilustração da medida BPL – Comprimento <i>basion-prosthion</i> (Distância em linha reta entre os pontos <i>basion</i> e <i>prosthion</i>).....	35
Figura 12: Ilustração da medida AUB – Largura biauricular (Largura mínima recolhida nas raízes dos processos zigomáticos).....	36
Figura 13: Representação da medida MAB – Largura maxilo-alveolar (Largura máxima do arco alveolar sobre a superfície externa, entre os dois pontos <i>ectomale</i> , geralmente encontrados nos segundos molares).....	36

Figura 14: Ilustração da medida FOL – Comprimento do Forame Magno (Distância entre os pontos <i>basion</i> e <i>opisthion</i>).....	37
Figura 15: Ilustração da medida NLH – Altura Nasal (Distância entre os pontos <i>nasion</i> e <i>nasoespinal</i>).....	37
Figura 16: Ilustração da medida NLB – Largura nasal (Largura máxima da abertura nasal, OBS: O paquímetro deverá estar sempre perpendicular ao Plano Sagital Mediano)	38
Figura 17: Ilustração da medida EKB – Largura Biorbitária (Distância entre os pontos <i>ectocanthion</i> dos dois lados).....	38
Figura 18: Ilustração da medida DKB – Largura inter-orbitária (Distância entre os dois pontos <i>dacryon</i>).....	39
Figura 19: Ilustração da medida OBH – Altura orbitária (Distância entre os bordos superior e inferior da órbita)	39
Figura 20: Ilustração da medida OBB – Largura orbitária (Distância do ponto <i>dacryon</i> ao <i>ectocanthion</i>).....	40
Figura 21: Ilustração da medida MDH – Altura do processo mastoide (Distância entre o plano de Frankfurt projetado e o ponto mais baixo do processo mastoide)	40
Figura 22: Ilustração da medida FRC – Corda frontal (Distância, no Plano Sagital Mediano, do <i>nasion</i> ao <i>bregma</i>).....	41
Figura 23: Ilustração da medida PAC – Corda parietal (Distância, no Plano Sagital Mediano, do <i>bregma</i> ao <i>lambda</i>).....	41
Figura 24: Ilustração da medida OCC – Corda Ocipital (Distância, no Plano Sagital Mediano, do <i>lambda</i> ao <i>opisthion</i>)	42
Figura 25: Ilustração da medida ASB – Distância biastérica (Distância, em linha reta, entre os dois pontos <i>asterion</i>)	43
Figura 26: Ilustração da medida WMB – Distância frontal mínima (Distância, em linha reta, entre os dois pontos <i>frontotemporale</i>).....	44
Figura 27 – Planilha de inserção de dados métricos cranianos, para o “AncesTrees”.	46

Figura 28: Aba de validação de medidas, no software AncesTrees. A coluna “Validation” acusa se a medida difere demais de valores usualmente encontrados, sugerindo ao examinador a sua verificação.	47
Figura 29: Parâmetros dos modelos “ancestralForest” (esquerda) e “tournamentForest” (direita) utilizados na análise do estudo.....	50
Figura 30: Diferentes configurações de grupos ancestrais inseridos nos modelos utilizados nas análises. (A): nove grupos ancestrais, utilizado nos dois algoritmos (“ancestralForest” e “tournamentForest”). (B): Grupos pertencentes à África, Ásia e Europa, usado apenas no “ancestralForest” e (C): Grupos constantes da África e Europa, testados e incorporados no algoritmo “ancestralForest”.....	51
Figura 31: Tabela de resultados de um teste realizado com o algoritmo “ancestralForest”. No quadro “Ancestry Prediction”, no canto superior esquerdo, as ancestralidades mais prováveis são ordenadas. As passíveis de serem consideradas são demarcadas com asteriscos no campo “Consider”. No presente estudo, o grupo ancestral que ocupou a primeira posição foi considerado como a ancestralidade estimada do crânio mensurado.	53
Figura 32: Tabela de resultados de um teste utilizando o algoritmo “tournamentForest”. Similar ao “ancestralForest”, esse modelo dispõe os dois grupos ancestrais mais prováveis no quadro “Ancestry Prediction”, através de rodadas de confronto e eliminação de grupos menos prováveis, descartando estes um a um. Ao final, quando há apenas dois grupos em confronto no “torneio”, o modelo os dispõe como resultado, elencando um como o mais plausível de compor a ancestralidade real do indivíduo.	54
Figura 33: Organograma de trabalho contendo o número amostral total. O quadro de cor amarela representa a parcela dos indivíduos que tiveram a ancestralidade averiguada pelo AncesTrees.....	56
Figura 34: Gráfico de barras representando o ETM Relativo Intra-avaliador de cada medida realizada nos crânios. Quanto maior a porcentagem desse valor, maior a variabilidade do erro não-sistemático do examinador, portanto menor a concordância de mensurações repetidas. As medidas MDH e FOL foram suprimidas do gráfico pois não integram o algoritmo na estimativa da ancestralidade, apesar de constarem no artigo original (NAVEGA et al., 2015)	59

Figura 35: Gráfico de linha demonstrando o desempenho dos diferentes algoritmos do AncesTrees diante dos espécimes classificados como negros.....62

Figura 36: Gráfico de linha demonstrando o desempenho dos diferentes algoritmos do AncesTrees em espécimes classificados como brancos.62

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Medidas cranianas selecionadas (HOWELLS, 1989).....	27
Tabela 2: Estatísticas descritivas da amostra do estudo.....	57
Tabela 3: Estatística descritiva das medidas cranianas referentes à coleção de crânios identificados da amostra.	57
Tabela 4: Resultados das análises do AncesTrees e desempenho dos diferentes algoritmos utilizados na amostra.	60
Tabela 5: Classificação ancestral dos diferentes algoritmos do AncesTrees, para indivíduos que eram identificados como de cor parda	63

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

DNA – Ácido desoxirribonucleico

ALD – Análise Linear Discriminante

CEP – Comitê de Ética em Pesquisa

CAAE – Certificado de Apresentação para Apreciação Ética

LAF/CEMEL – Laboratório de Antropologia Forense do Centro de Medicina Legal

FMRP/USP – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo

UNIFESP – Universidade Federal de São Paulo

GOL – *Glabello-Occipital Length*

BBH – *Basion-Bregma Height*

XCB – *Maximum Cranial Breadth*

NPH – *Nasion-Prosthion Height*

XFB – *Maximum Frontal Breadth*

FMB – *Frontomolare Breadth*

ZYB – *Zygion Breadth*

BNL – *Basion-Nasion Length*

BPL – *Basion-Prosthion Length*

AUB – *Auricular Breadth*

MAB – *Maxillo-alveolar Breadth*

FOL – *Foramen Magnum Length*

NLH – *Nasal Height*

NLB – *Nasal Breadth*

EKB – *Ectocanthium Breadth*

DKB – *Dacryon Breadth*

OBH – *Orbital Height*

OBB – *Orbital Breadth*

MDH – *Mastoid Height*

FRC – *Frontal Chord*

PAC – *Parietal Chord*

OCC – *Occipital Chord*

ASB – *Asterion Breadth*

WMB – *Frontal Minimum Breadth*

ETM – Erro Técnico de Medição

FBI – *Federal Bureau of Investigation*

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	19
2. JUSTIFICATIVA	24
3. OBJETIVO.....	25
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	26
4.1. Aspectos éticos	26
4.2. Caracterização amostral	26
4.3. Critérios de exclusão	26
4.4. Mensurações utilizadas	26
4.5. O <i>software</i> “AncesTrees”	45
4.6. Análise estatística	55
5. RESULTADOS	56
5.1. Caracterização da amostra	56
5.2. Erro intra-observador.....	58
5.3. Estimativa da ancestralidade	59
5.4. Análise da Ancestralidade predita para indivíduos classificados como pardos	63
6. DISCUSSÃO	64
6.1. Erro intra-avaliador	65
6.2. Estimativa da ancestralidade	66
7. CONCLUSÃO	72
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	73
9. ANEXOS	79
9.1. Anexo A – Parecer de Aprovação no CEP	79

1 INTRODUÇÃO

O termo “Antropologia”, cunhado pela junção dos vocábulos gregos *anthropos* (homem) e *logos* (ciência), refere-se a um amplo campo de estudos que abordam os diferentes tipos de conhecimentos relativos ao ser humano (culturais, sociais, econômicos, físicos) (DICIO.COM, 2017). Dentre tal extenso leque de saberes, a Antropologia Física estuda variações qualitativas e quantitativas presentes nas características do homem (SILVA, 2009). Quando aplicada com interesses legais, ou seja, como ciência forense, essa área é denominada como Antropologia Forense, e torna-se de suma importância para constituir subsídios de interesse da justiça, como o auxílio na identificação de cadáveres, determinação de causa mortis quando possível, e identificação de esqueletos humanos (BRITO et al., 2011).

Dissertando sobre identificação, conceitua-se como identidade, segundo França (2015), o conjunto de caracteres que tornam uma pessoa ou coisa individuais, únicas. Em outras palavras, um conjunto de atributos que garantem que algo é apenas igual a si. Já a identificação, entende-se como o processo, científico e criterioso, que irá trazer ao objeto ou indivíduo questionado a sua verdadeira identidade.

Esse processo de identificação humana é imperiosamente comparativo, havendo necessidade de informações prévias da vítima ou de possíveis suspeitos, possibilitando a aplicação dos métodos de identificação (TRAITHEPCHANAPAI et al., 2016). A INTERPOL (2013), por meio do seu guia de identificação de vítimas de desastres em massa, estabeleceu como métodos primários de identificação, a papiloscopia (estudo das polpas digitais), a Odontologia Legal e o exame de DNA. São chamados de primários pois não necessitam de métodos complementares, isto é, são autossuficientes dentro de um procedimento identificador.

Além das técnicas supracitadas, ainda existem os métodos secundários ou auxiliares de identificação, dentre os quais está inserida a Antropologia Forense (SILVA, 2009). Nem sempre a disposição dos remanescentes humanos possibilita que lancemos mão de processos comparativos das impressões digitais ou do DNA, como corpos carbonizados, putrefeitos e severamente fragmentados, assim os métodos antropológicos são considerados ferramentas importantes nesses casos (PATIL et al., 2012). Em Antropologia Forense, fala-se em uma criteriosa investigação de

parâmetros generalistas daquele esqueleto, como espécie, sexo, ancestralidade, idade, estatura e outras características individualizantes (FRANÇA, 2015). O conjunto desses parâmetros, o qual chamamos de “perfil biológico”, é fundamental aos antropólogos forenses na atribuição de identidade a um desconhecido, pois nesses casos não há dados anteriores à morte do indivíduo e o estabelecimento dessas características visam uma identificação geral, reduzindo o universo de suspeitos a serem averiguados pelos métodos primários posteriormente (KLALES & KENYHERCZ, 2015; PASSALACQUA, 2009).

Os métodos antropológicos para o estabelecimento do perfil biológico, em Antropologia Forense podem ser somatoscópicos, quando avaliam características qualitativas do espécime estudado, como morfologia e outros índices observacionais; e somatométricos, quando partem para uma visão matemática e estatística embasada em mensurações de espécimes e peças estudadas (SILVA, 2009; BRITO et al., 2011).

Dos parâmetros antropológicos estudados e estimados, o diagnóstico da ancestralidade compõe etapa de importância no exame pericial, pois determina características que permitirão dizer se determinado esqueleto apresenta compatibilidade com grupos ancestrais estabelecidos, com um grau de certeza razoável baseado em traços morfológicos e medidas esqueléticas (OUSLEY, JANTZ & FREID, 2009). Ademais, outros dados, como a estimativa de estatura (FREIRE, 2000) e a aproximação facial forense (OLIVEIRA, 2009), somente são obtidos com confiabilidade mediante prévio estudo da ancestralidade, pois essa é levada em consideração em suas tabelas de decisão.

Cabe frisar que em solo brasileiro, a população apresenta altas taxas de miscigenação entre os grupos étnicos (FELIPE, 2002), tornando a fixação de um padrão ancestral sobre um esqueleto difícil e, assim sendo, na verdade, são observadas as características que se mostram predominantes, sendo a estrutura craniana a parte do corpo humano eleita para tais pesquisas, pois é onde as discrepâncias morfológicas dos grupos étnicos se manifestam melhor (CORNÉLIO-NETO, 2017).

Ambos os métodos, métricos e morfológicos, foram historicamente estudados e empregados buscando correlacionar seus achados com uma estimativa da ancestralidade de um indivíduo (OUSLEY, JANTZ & FREID, 2009).

Os métodos morfológicos, para o antropólogo forense, significam a observação de formas, caracteres e tamanhos de ossos que conjuntamente formam a estrutura craniana e existem dois tipos de caracteres que podem ser usados para esse propósito: os antroposcópicos e os traços não métricos (ALBANESE & SAUNDERS, 2006). Os primeiros são definidos como diferenças no formato (arredondado/retangular), enquanto os segundos são pequenas variações dentais e esqueléticas. Krogman (1955), nos primórdios desse tipo de estudo, definiu, em forma de tabela, como algumas estruturas anatômicas do crânio se apresentariam de acordo com a “raça” do espécime estudado (classificadas pelo autor como “caucasoide”, “negroide” e “mongoloide”). O mesmo autor ainda disse ser o crânio a peça anatômica mais confiável nesse tipo de estimativa, obtendo sucesso em 85-90% dos casos, quando combinados as análises métricas e morfológicas.

Nesse âmbito, a Odontologia Legal marcou presença em análises da conformação do palato nas diferentes etnias (KROGMAN, 1955; GILL, 1998; BYERS, 2010; HEFNER et al., 2012; CLARK et al., 2016), formato das cúspides do primeiro molar inferior (GALVÃO, 2003), bem como a observação de traços dentais não-métricos e suas frequências (EDGAR, 2009; HANIHARA, 2008; TINOCO et al., 2016), apesar dessa última abordagem qualitativa nos dentes ter sua eficiência discutível (EDGAR, 2009).

Hefner (2009), tentando sanar a problemática da falta de um tratamento mais científico e metodológico nas análises morfológicas do crânio, criou um módulo de dados colecionados, com ilustrações, para a padronização de análises e pontuação ordinal de onze traços morfológicos esqueléticos, denominados macromorfoscópicos. Os dados usados em seus estudos foram baseados em traços histórica ou comumente associados a estimativa de ancestralidade no crânio, de numerosas fontes, envolvendo regiões como: África, Europa, Ásia e Norte-americana (nativos) e sua frequência nas diferentes origens ancestrais recebeu tratamento estatístico, o que permitiu a criação de padrões para classificar espécimes dentro desse âmbito.

Essa aproximação da metodologia científica e critérios estatísticos aos métodos que buscam estabelecimento de um perfil biológico, em Antropologia Forense, tem causa na chamada decisão Daubert, que definiu critérios a serem cumpridos pelos métodos usados, como validação e confiabilidade, acurácia e erros associados, não mais bastando o seu amplo uso por especialistas, mas sim o seu valor “matemático”

de acertos e erros, expresso por tratativas estatísticas adequadas (SUPREMA CORTE DOS EUA, 1993).

Com isso, os métodos métricos seguem também a tendência supracitada. Métodos estatísticos que alocam ancestralidade a um indivíduo seguem a premissa de que há uma variação craniométrica regional (geográfica) (ISCAN & STEIN, 2013). Pioneiramente, Giles e Elliot (1962a-b) lançaram mão de uma ferramenta matemática e estatística chamada de Análise Linear Discriminante (ALD), que faz uso de funções discriminantes e situa valores referenciais, “postos” que servem de fronteira entre as diferentes ancestralidades estudadas. Assim, diante de mensurações das dimensões craniométricas de um desconhecido, os valores obtidos iriam flutuar em dada “área” pertencente a uma ancestralidade obtida pelo grupo amostral de referência, permitindo a sua estimativa.

Howells (1973, 1989, 1995) compendiou importante conjunto de dados craniométricos, de grandes amostras pelo mundo. Após analisar estatisticamente seus dados, concluiu que amostras da mesma região geográfica tendem a se aglutinar. Sua base de dados contribuiu trivialmente para vários estudos (SAUER & WANKMILLER, 2009). As dimensões mensuradas dos crânios referem-se a distâncias entre pontos craniométricos.

Recentemente, métodos inovadores na estimativa de ancestralidade foram desenvolvidos, como a aplicação de morfometria geométrica (SLICE & ROSS, 2009; SPREADLEY & JANTZ, 2016), que busca analisar o formato tridimensional do crânio através de coordenadas 3D, tomadas digitalmente. Apesar disso, quando corretamente interpretada e aplicada, a ALD é uma ferramenta de grande valia para os dados métricos (OUSLEY & JANTZ, 2012), sendo a metodologia base por trás de poderosos auxiliares na estimativa de ancestralidade como os softwares FORDISC (OUSLEY & JANTZ, 2005; 2012) e CRANID (WRIGHT, 1992; 2008). Esses softwares automatizam os processos estatísticos e facilitam a entrada do espécime estudado e suas medidas em um dos diversos grupos de referência registrados no seu banco de dados, garantindo maior praticabilidade.

Ainda se tratando de análises estatísticas auxiliadoras da Antropologia Forense no escopo da estimativa de ancestralidade, é relevante citar os estudos de Hefner et al. (2011, 2014), nos quais é demonstrada a utilidade de uma técnica de inteligência

e aprendizado artificial denominada “Random Forest”, método estatístico baseado na construção de múltiplas “árvores de decisão” e emitindo resultados baseados na classe modal ou na predição média (regressão) das “árvores” individuais” (HASTIE et al., 2008). Assim, tal aparato é proveitoso na análise tanto de dados métricos como morfológicos do crânio, como também permite a conjugação dessas formas de abordagem tão distintas numa mesma análise computacional desenvolvida, diferentemente da ADL. Nos estudos citados, por meio de dados morfológicos, foi obtida uma acurácia de 89% na predição de ancestralidade de uma amostra composta por americanos caucasianos, negros e hispânicos.

À vista disso, Navega et al. (2015), guiados pelos métodos acima citados, sua técnica estatística e as grandes contribuições dos desenvolvimentos de softwares como o FORDISC e o CRANID para a Antropologia Forense, criaram um novo programa de computador denominado “AncesTrees”, desenvolvido especificamente para a estimativa de ancestralidade, usando como fundamento estatístico o algoritmo “Random Forest”. Utilizando a coleção craniométrica de Howells (1989), os autores estabeleceram uma amostra referencial, com o registro de 23 medidas cranianas referentes à morfologia geral do crânio (comprimento, largura, altura) e regiões específicas da face esquelética, como a abertura nasal e as órbitas. Após estabelecer o conjunto de dados relacionando-os com os diferentes nichos étnicos (Africanos, Austro-Melanésios, Asiáticos, Europeus, Americanos Nativos e Polinésios), o algoritmo foi validado em uma amostra independente composta por Africanos e Europeus, obtendo resultados muito satisfatórios tanto nas discriminações bi-variadas (binários – Europeus e Africanos) como nas hexa-variadas (globais). Até então, tal estudo que originou o aplicativo foi o único, em publicação, que verificou sua precisão e confiabilidade, baseados em amostra referente a populações variadas.

2 JUSTIFICATIVA

A realização do presente estudo justifica-se pelo fato da estimativa de ancestralidade carregar consigo grandes controvérsias na Antropologia Forense (SAUER & WANKMILLER, 2009), encontrando relutância por grande parte de *experts* quando na realização desse exame para definição do perfil biológico (ALBANESE & SAUNDERS, 2006; ARMELAGOS & GOODMAN, 2008), reforçada pelo alto grau de miscigenação da população brasileira (IBGE, 2017), o que acarreta em escassez de métodos validados e confiáveis nesse âmbito. Como é reiterado por Navega et. al, apesar dos achados originais serem interessantes, é patente a necessidade de mais testes em amostras originárias de diferentes regiões geográficas, a fim de conferir robustez ao método disponibilizado pelo *software*.

3 OBJETIVO

O presente estudo teve como objetivo verificar a aplicabilidade e a precisão da estimativa da ancestralidade em coleções de amostras brasileiras, compostas por crânios pertencentes a esqueletos completos ou incompletos, através de medidas craniométricas analisadas pelo programa AncesTrees (NAVEGA et al., 2015).

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Aspectos Éticos

O projeto foi submetido à apreciação do Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital das Clínicas, da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto – Universidade de São Paulo (CEP-HCFMRP/USP), sendo aprovado sob o CAAE número 79913817.2.0000.5440, atendendo plenamente a Resolução CNS Nº 466/12 (Anexo A).

4.2 Caracterização Amostral

A amostra do presente estudo consistiu em uma coleção de 138 crânios pertencentes a esqueletos completos ou incompletos, sendo 33 desses originários do acervo do Laboratório de Antropologia Forense (LAF) do Centro de Medicina Legal (CEMEL), da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP-USP), e 105 originários do Acervo de Crânios da Disciplina de Anatomia Topográfica e Descritiva, da Escola Paulista de Medicina (UNIFESP). A fim de entrarem no estudo, tais esqueletos eram identificados (no caso, conhecia-se sexo, cor da pele e idade antes da morte). Os indivíduos eram classificados de acordo com a cor da pele, aferida pelo médico-legista no momento do exame necroscópico, ou constada em registros *ante-mortem*, e situavam-se em três grandes grupos: “Brancos”, “Negros” e “Pardos”. A faixa etária da amostra consistiu em crânios originados de pessoas adultas, que versaram de 18 a 87 anos de idade.

4.3 Critérios de Exclusão

Dos esqueletos obtidos, os que apresentaram crânios demasiadamente fragmentados ou cominuídos, alterações patológicas e congênitas severas das dimensões cranianas e aqueles pertencentes a crianças e recém-nascidos foram removidos do universo amostral do presente estudo, por possibilidade de viés nas mensurações.

4.4 Mensurações Utilizadas

As medidas foram feitas de acordo com o recomendado por Howells (1989) e descritas na Tabela 1, utilizando-se os seguintes instrumentos: paquímetro (OXD 330-

7080X, Oxford Precision Components, Reino Unido), compasso externo de medição (Compasso Externo 300mm, DIGIMESS, Brasil), régua metálica de 30 centímetros (FLEX-30, Trident, Brasil) e lápis grafite (Max Ecolapis Azul Hb/n2 Com Borracha, Faber Castell, Alemanha) (Fig. 1).

Tabela 1 – Medidas cranianas selecionadas (HOWELLS, 1989).

Medida (Abreviatura)	Descrição	Instrumento usado
Comprimento máximo craniano (GOL)	Distância, em linha reta, da <i>glabella</i> ao <i>opisthocranion</i>	Compasso externo
Altura <i>basion-bregma</i> (BBH)	Distância, em linha reta, entre o <i>basion</i> e o <i>bregma</i>	Compasso externo
Largura máxima craniana (XCB)	Largura máxima perpendicular ao plano sagital, com o crânio posicionado em vista posterior	Compasso externo
Altura facial superior (NPH)	Distância do <i>nasion</i> ao <i>prosthion</i>	Paquímetro
Largura frontal máxima (XFB)	A distância máxima na sutura coronal, perpendicular ao plano medial	Paquímetro
Largura bifrontal (FMB)	Distância entre os dois pontos <i>frontomale</i>	Paquímetro
Largura bizigomática (ZYB)	Distância, em linha reta, entre os dois pontos <i>zygion</i>	Paquímetro
Comprimento <i>nasion</i>	Distância entre o <i>basion</i>	Compasso externo

<i>basion</i> (BNL)	até o <i>nasion</i>	
Comprimento <i>basion-prosthion</i> (BPL)	Distância entre o <i>basion</i> e o <i>prosthion</i>	Paquímetro/Compasso externo
Largura biauricular (AUB)	Largura mínima exterior recolhida nas bases dos processos zigomáticos	Paquímetro
Largura maxilo-alveolar (MAB)	Largura máxima da arcada alveolar sobre a superfície externa, distância entre os dois <i>ectomalares</i> . Amplitude máxima geralmente nos segundos molares	Paquímetro/Compasso externo
Comprimento do forame magno (FOL)	Distância do <i>basion</i> ao <i>opisthion</i>	Paquímetro
Altura nasal (NLH)	Distância do <i>nasion</i> ao <i>nasoespinale</i>	Paquímetro
Largura nasal (NLB)	Largura máxima da abertura nasal	Paquímetro
Largura biorbitária (EKB)	Distância entre os pontos <i>ectocanthion</i>	Paquímetro
Largura intraorbitária (DKB)	Distância entre os pontos <i>dacryon</i>	Paquímetro
Altura orbitária (OBH)	Distância entre os bordos superior e inferior da órbita	Paquímetro
Largura orbitária (OBB)	Distância inclinada do <i>dacryon</i> ao <i>ectocanthion</i>	Paquímetro

Altura do processo mastoide (MDH)	Distância em projeção entre o plano de Frankfurt e o ponto mais baixo do processo mastoide	Paquímetro
Corda frontal (FRC)	Distância, no plano sagital, entre o <i>nasion</i> e o <i>bregma</i>	Paquímetro/Compasso externo
Corda parietal (PAC)	Distância, no plano sagital, entre o <i>bregma</i> e o <i>lambda</i>	Paquímetro/Compasso externo
Corda occipital (OCC)	Distância, no plano sagital, entre o <i>lambda</i> e o <i>opisthion</i>	Paquímetro/Compasso externo
Distância Biastérica (ASB)	Distância em linha reta entre os pontos <i>asterion</i>	Paquímetro
Largura Frontal Mínima (WMB)	Distância em linha reta entre os pontos <i>frontotemporale</i>	Paquímetro

Fonte: do autor, 2018.

Figura 1: Instrumentos e materiais usados nas mensurações cranianas. Da esquerda para a direita: Paquímetro, Compasso externo, Régua, Lápis e suporte de espuma, usado como base para os crânios.

Fonte: do autor, 2018

Essas 24 mensurações foram feitas por um examinador em ambiente laboratorial, sob luz indireta e o equipamento e instrumental indicado para cada. O examinador não conhecia os dados biológicos de cada sujeito medido nesse primeiro momento, bem como dados pessoais, a fim de manter o exame cego e afastar possíveis vieses.

As medidas foram tomadas (Figs. 2-24) usando os instrumentos métricos no crânio, deslizando-os pelos pontos craniométricos - baseados em apontamentos feitos nas obras de Moore-Jansen et al. (1994), Buikstra & Ubelaker (1994) e Burns (1999) - sugeridos para análise de distâncias. Após a constatação desse valor, o mesmo era passado para uma planilha de dados, e conferido novamente.

Figura 2: Crânio posicionado no suporte para início das mensurações.

Fonte: do autor, 2018.

Figura 3: Ilustração da medida GOL – Comprimento máximo craniano (distância do ponto *glabella* ao ponto *opisthocranion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 4: Ilustração da medida BBH – Altura *basion-bregma* (Distância entre os pontos *basion* e *bregma*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 5: Ilustração da medida XCB – Largura máxima craniana (Maior largura encontrada perpendicularmente ao plano sagital, em vista posterior)

Fonte: do autor, 2018.

Figura 6: Ilustração da medida NPH – Altura facial superior (Distância do ponto *nasion* ao ponto *prosthion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 7: Ilustração da medida XFB – Largura frontal mínima (Distância máxima na sutura coronal, perpendicular ao plano medial).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 8: Ilustração da medida FMB – Largura bifrontal (Distância entre os dois pontos cranianos *frontomalare*)

Fonte: do autor, 2018.

Figura 9: Demonstração da medida ZYB – Largura bizigomática (Distância em linha reta entre os dois pontos cranianos *zigyon*, localizados no ponto mais lateral do arco zigomático)

Fonte: do autor, 2018.

Figura 10: Representação da medida BNL – Comprimento *nasion-basion* (Distância entre os pontos *basion* e *nasion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 11: Ilustração da medida BPL – Comprimento *basion-prosthion* (Distância em linha reta entre os pontos *basion* e *prosthion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 12: Ilustração da medida AUB – Largura biauricular (Largura mínima recolhida nas raízes dos processos zigomáticos).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 13: Representação da medida MAB – Largura maxilo-alveolar (Largura máxima do arco alveolar sobre a superfície externa, entre os dois pontos *ectomalares*, geralmente encontrados nos segundos molares).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 14: Ilustração da medida FOL – Comprimento do Forame Magno (Distância entre os pontos *basion* e *opisthion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 15: Demonstração da medida NLH – Altura Nasal (Distância entre os pontos *nasion* e *nasoespinale*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 16: Ilustração da medida NLB – Largura nasal (Largura máxima da abertura nasal, OBS: O paquímetro deverá estar sempre perpendicular ao Plano Sagital Mediano).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 17: Ilustração da medida EKB – Largura Biorbitária (Distância entre os pontos *ectocanthion* dos dois lados).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 18: Ilustração da medida DKB – Largura inter-orbitária (Distância entre os dois pontos *dacryon*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 19: Ilustração da medida OBH – Altura orbitária (Distância entre os bordos superior e inferior da órbita).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 20: Ilustração da medida OBB – Largura orbitária (Distância do ponto *dacryon* ao *ectocanthion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 21: Ilustração da medida MDH – Altura do processo mastoide (Distância entre o plano de Frankfurt projetado e o ponto mais baixo do processo mastoide).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 22: Ilustração da medida FRC – Corda frontal (Distância, no Plano Sagital Mediano, do *nasion* ao *bregma*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 23: Ilustração da medida PAC – Corda parietal (Distância, no Plano Sagital Mediano, do *bregma* ao *lambda*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 24: Ilustração da medida OCC – Corda Ocipital (Distância, no Plano Sagital Mediano, do *lambda* ao *opsthion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 25: Ilustração da medida ASB – Largura Biastérica (distância, em linha reta, entre os dois pontos *asterion*).

Fonte: do autor, 2018.

Figura 26: Ilustração da medida WMB – Largura frontal mínima (distância, em linha reta, entre os pontos *frontotemporale*).

Fonte: do autor, 2018.

Em mensurações feitas em estruturas bilaterais, como as órbitas, mensurou-se preferencialmente as situadas no lado esquerdo do crânio, visando obtê-las de maneira padronizada em cada crânio (MOORE-JANSEN et al., 1994) reservando ao lado direito casos onde a referida estrutura apresentava-se prejudicada no primeiro quadro. Adicionalmente, casos onde alguma estrutura ou ponto craniométrico restavam comprometidos (destruição ou ausência), a medida que os utilizaria não era feita, sendo essa condição anotada na planilha de dados referente ao crânio analisado.

4.5 O software “AncesTrees”

O programa utilizado para inserir as medidas realizadas e gerar uma estimativa de ancestralidade é denominado “AncesTrees”, e consiste em uma planilha eletrônica e um script, funcionais através de um website (<http://osteomics.com/AncesTrees/>). As mensurações foram inseridas na planilha e então grupos ancestrais são escolhidos para entrar no modelo de decisão (Fig. 27). Após a inserção das medidas, na aba “Validação”, o programa acusa a validade das medidas, apontando as que possuem valores muito discrepantes, sugerindo ao avaliador um reexame destas, além de avaliar o padrão métrico como “válido” ou “suspeito” (Fig. 28).

Figura 27 – Planilha de inserção de dados métricos cranianos para o “AncesTrees”.

The screenshot shows the 'AncesTrees' web application interface for entering cranial metric data. The interface features a top navigation bar with a logo and links for 'About', 'CranioMetric Data', 'Analysis', and 'Back to osteomics.com'. Below this is a tabbed interface with 'Input', 'Validation', and 'Descriptions' tabs. The 'Input' tab is active, displaying a grid of 24 input fields arranged in 4 rows and 6 columns. Each field is labeled with a metric code (e.g., GOL, FMB, JUB, BNL, OBH, SSS in the first row) and includes a checkbox labeled 'Include' below the input field. The 'Include' checkboxes are all checked.

Row	Column 1	Column 2	Column 3	Column 4	Column 5	Column 6
1	GOL	FMB	JUB	BNL	OBH	SSS
2	NOL	ZYB	ZMB	NLH	OBB	NAS
3	BBH	AUB	WMH	NLB	FRC	FRS
4	XCB	MAB	NPH	EKB	PAC	PAS
5	XFB	ASB	BPL	DKB	OCC	OCS

Fonte: <http://osteomics.com/AncesTrees/>, 2018.

Figura 28: Aba de validação de medidas, no *software* AncesTrees. A coluna “Validation” acusa se a medida difere demais de valores usualmente encontrados, sugerindo ao examinador a sua verificação.

Metric Pattern Analysis:

Mahalanobis distance: 16.50
Threshold: 43.28
Valid metric pattern.

Show 30 entries

Search:

	Input	Included?	-3 SD	-2 SD	Mean	+2 SD	+3 SD	Validation
GOL	179.2	true	154.06	162.31	179.26	196.21	204.46	Valid Input
NOL		true	153.55	161.22	176.95	192.68	200.35	
BBH	136.2	true	110.25	117.25	131.61	145.97	152.97	Valid Input
XCB	130.9	true	115.26	122.31	136.77	151.24	158.29	Valid Input
XFB	114.6	true	94.6	100.79	113.49	126.19	132.38	Valid Input
FMB	99.1	true	83.54	87.91	96.88	105.85	110.22	Valid Input
ZYB	128.8	true	107.29	114.9	130.51	146.13	153.74	Valid Input
AUB	115	true	98.41	105.6	120.36	135.11	142.31	Valid Input
MAB	63.7	true	50.59	54.75	63.28	71.81	75.97	Valid Input
ASB		true	90.09	95.59	106.89	118.19	123.69	
JUB		true	96.09	102.25	114.89	127.52	133.68	
ZMB		true	77.22	82.94	94.68	106.42	112.14	
WMH		true	13.54	16.52	22.63	28.74	31.72	
NPH	63.9	true	49.62	54.99	66.02	77.04	82.41	Valid Input
BPL	101.5	true	78.39	84.65	97.51	110.37	116.64	Valid Input
BNL	103.2	true	82.01	87.61	99.11	110.61	116.21	Valid Input

Fonte: <http://osteomics.com/AncesTrees/>, 2018.

Após esse primeiro momento de inserção das medidas no programa, a próxima etapa consistiu na escolha do algoritmo a ser utilizado na análise, bem como outros parâmetros do *software*. Nessa primeira fase de estudo, como uma forma de piloto, foram testados os dois algoritmos disponíveis, denominados “ancestralForest” e “tournamentForest”. O primeiro consta do artigo original, descrito por Navega et al. (2015), no qual os dados são rodados a fim da obtenção do grupo ancestral mais provável. Além disso, esse algoritmo indica quais ancestralidades são passíveis de serem consideradas diante daqueles valores inseridos na análise. O algoritmo retorna resultados em forma de probabilidade de o espécime pertencer aos diferentes grupos ancestrais selecionados previamente. Valores adicionais são emitidos pelo programa, como sensibilidade e especificidade esperadas daquela predição.

Já o segundo mencionado é o algoritmo padrão definido no sítio eletrônico do *software*, possuindo uma abordagem mais automatizada diante dos dados. O “tournamentForest” difere-se do primeiro tipo porque é um algoritmo de classificação de torneio “round-robin”, construído em classificadores randomForest que usam preditores projetados por Análise Linear Discriminante (ALD). Em outras palavras, segue um tratamento de “dividir e conquistar”, onde a cada rodada do “torneio”, o grupo ancestral de menor probabilidade é descartado como uma hipótese viável. O confronto de grupos ancestrais termina quando apenas dois permanecem em “competição”, e o *software* sugere a qual deles o espécime analisado mais provavelmente irá pertencer.

Os parâmetros no algoritmo “ancestralForest” foram configurados da seguinte maneira: 512 árvores geradas; 32 sub-florestas; bootstrap em 63,2%, sem realocação e balanceado e com computação paralela. Já no “tournamentForest”, apenas o parâmetro “número de árvores” é disponibilizado para ajuste. Assim, nesse último caso, tal parâmetro foi determinado como no primeiro caso, ou seja, 512 árvores geradas a cada processo de análise (Fig. 29). A escolha dos parâmetros do algoritmo visou alterá-lo o mínimo possível. Porém, o número de árvores e sub-florestas foi alterado para números menores, uma vez que nesse tipo de cálculo estatístico, modelos que possuem alto número de árvores geradas tendem ao sobreajuste (HASTIE et al., 2008), aumentando muito sua variância. Em outros termos, um modelo sobreajustado capta variações residuais (ou ruídos), no conjunto usado para validação e os integra ao modelo, tornando-o menos eficiente para dados ainda não vistos ou

conhecidos e diminuindo sua capacidade de “generalizar” (BURNHAM et al., 2002), virtudes de grande valia em contexto forense.

Além dos parâmetros computacionais e estatísticos, os grupos ancestrais envolvidos em cada análise também foram testados em diferentes conformações. No algoritmo “ancestralForest”, as medidas analisadas foram testadas em três modelos diferentes: um com os nove grupos ancestrais disponíveis inseridos na análise; o segundo com apenas os grupos provenientes da África, Ásia e Europa considerados na inspeção; e um último, com apenas os grupos ancestrais oriundos da África e da Europa incorporados no modelo. Já o algoritmo “tournamentForest” foi utilizado apenas com os nove grupos ancestrais compondo seu modelo, visto que é descrito como um algoritmo mais robusto visado para casos onde não há conhecimento da origem do espécime estudado (Fig. 30).

Figura 29: Parâmetros dos modelos “ancestralForest” (esquerda) e “tournamentForest” (direita) utilizados na análise do estudo.

ancestralForest	tournamentForest
Algorithm: ancestralForest	Algorithm: tournamentForest
Number of trees: 512	Number of trees: 512
Number of sub-forests: 32	
Bootstrap fraction: 63.2%	
Balanced bootstrap: Yes	
Bootstrap with replacement: No	
Pseudo-random number generator seed: 1989	
Parallel computing: Yes	

Fonte: <http://osteomics.com/AncesTrees/>, 2018.

Figura 30: Diferentes configurações de grupos ancestrais inseridos nos modelos utilizados nas análises. (A): seis grupos ancestrais, utilizado nos dois algoritmos (“ancestralForest” e “tournamentForest”). (B): Grupos pertencentes à África, Ásia e Europa, usado apenas no “ancestralForest” e (C): Grupos constantes da África e Europa, testados e incorporados no algoritmo “ancestralForest”.

The figure displays three screenshots of a web interface for 'Biogeographic ancestry coding'. Each screenshot shows a dropdown menu set to 'Clustered, 9 Clusters' and a list of nine regions with checkboxes.

- Panel A:** Shows all nine regions checked: Northern Asia & Arctic, North & South America, Europe, Northeast Africa, Sub-Saharan Africa, South Asia, East & Southeast Asia, Polynesia, and Australia & Melanesia.
- Panel B:** Shows only three regions checked: Northern Asia & Arctic, Europe, and Northeast Africa. The other six regions are unchecked.
- Panel C:** Shows only two regions checked: Europe and Northeast Africa. The other seven regions are unchecked.

Fonte: <http://osteomics.com/AncesTrees/>, 2018.

Ao fim da análise das mensurações realizada pelo algoritmo, considerou-se como ancestralidade predita a opção colocada como a mais provável no algoritmo “ancestralForest” (Fig. 31) e a que ocupou o primeiro lugar no “torneio” promovido pelo

algoritmo “tournamentForest” (Fig. 32). A ancestralidade estimada foi então comparada com o padrão étnico real do indivíduo, obtido através dos documentos constantes da identificação do referido crânio ou esqueleto (boletim de ocorrência, documentos pessoais, laudos periciais, entre outros).

Para averiguar a precisão da previsão do *software*, o acerto foi considerado quando: o indivíduo era branco e sua ancestralidade predita foi europeia; o indivíduo era negro e sua ancestralidade predita pertenceu a algum grupo africano (nordestino ou subsaariano) e, por fim, caso o indivíduo fosse de origem asiática e sua ancestralidade predita também se enquadrasse em algum desses grupos ancestrais, originários da Ásia. *A posteriori* das observações do estudo, o pesquisador optou por analisar os indivíduos classificados como pardos, em vida, separadamente, visto que apresentaram grande inconsistência de classificação do algoritmo, além de não representarem tipicamente nenhum tipo ancestral, o que significaria um viés metodológico nesse caso. A miscigenação não foi levada em conta, pois sua subjetividade iria erroneamente elevar a precisão do algoritmo, visto que em grande parte das vezes, as medidas retornavam pelo menos dois grupos ancestrais prováveis.

Figura 31: Tabela de resultados de um teste realizado com o algoritmo “ancestralForest”. No quadro “Ancestry Prediction”, no canto superior esquerdo, as ancestralidades mais prováveis são ordenadas. As passíveis de serem consideradas são demarcadas com asteriscos no campo “Consider”. No presente estudo, o grupo ancestral que ocupou a primeira posição foi considerado como a ancestralidade estimada do crânio mensurado.

Model Parameters Validation **Predict Ancestry**

Process Data

Ancestry Prediction

	Membership	p-value	Consider
Sub-Saharan Africa	0.4707	0.9269	***
East & Southeast Asia	0.2480	0.8315	***
Polynesia	0.0781	0.6675	
Australia & Melanesia	0.0645	0.6845	
South Asia	0.0488	0.7508	
North & South America	0.0352	0.3686	
Northeast Africa	0.0254	0.3162	
Europe	0.0195	0.2171	
Northern Asia & Arctic	0.0098	0.1568	

Model Information & Accuracy

```

ancestralForest:
-----
Machine Learning model for craniometric ancestry estimation.
Ensemble of randomForest models trained on LDA projected subspaces.

Parameters
-----
Number of trees: 512
Number of sub-forests: 32
Number of groups: 9
Number of cases: 2652
Number of variables passed: 40
Fraction of cases used in sub-forest induction and LDA projections: 0.63
Class balanced re-sampling: Yes
Re-sampling with replacement: No
Parallel computing: Yes
Forest generated in 9.54 seconds
Out-of-bag validation metrics generated in 1.52 seconds

Classification Metrics
-----
Overall Metrics
-----

Accuracy (95% CI): 0.674 (0.656-0.692)
Kappa: 0.628
  
```

Fonte: <http://osteomics.com/AncesTrees/>, 2018.

Figura 32: Tabela de resultados de um teste utilizando o algoritmo “tournamentForest”. Similar ao “ancestralForest”, esse modelo dispõe os dois grupos ancestrais mais prováveis no quadro “Ancestry Prediction”, através de rodadas de confronto e eliminação de grupos menos prováveis, descartando estes um a um. Ao final, quando há apenas dois grupos em confronto no “torneio”, o modelo os dispõe como resultado, elencando um como o mais plausível de compor a ancestralidade real do indivíduo.

The screenshot shows the 'Ancestry Prediction' interface on the osteomics.com website. The top navigation bar includes a logo, 'About', 'Cranioetric Data', 'Analysis', and 'Back to osteomics.com'. Below the navigation bar, there are tabs for 'Model Parameters', 'Validation', and 'Predict Ancestry'. A 'Process Data' button is located on the left. The main content area is divided into two sections: 'Ancestry Prediction' and 'Model Information & Accuracy'.

Ancestry Prediction

	Group	Membership	p-value
1	Sub-Saharan Africa	0.921875	0.6823144
2	East & Southeast Asia	0.078125	0.3176856

Model Information & Accuracy

Elimination Tournament

Round 1, Eliminated: Northeast Africa.
 Round 2, Eliminated: South Asia.
 Round 3, Eliminated: Northern Asia & Arctic.
 Round 4, Eliminated: Europe.
 Round 5, Eliminated: North & South America.
 Round 6, Eliminated: Polynesia.
 Round 7, Eliminated: Australia & Melanesia.
 Grand Finale, East & Southeast Asia vs. Sub-Saharan Africa.

Classification Metrics

Overall Metrics

Accuracy (95% CI): 0.939 (0.921-0.953)
 Kappa: 0.874

Fonte: <http://osteomics.com/AncesTrees/>, 2018.

4.6 Análise estatística

Como o método emprega análises feitas sobre mensurações cranianas, o exame de concordância é indispensável. Dessa forma, foi utilizado o teste de Erro Técnico de Medição (ETM) relativo, seguindo rigorosamente a metodologia preconizada por Perini et al. (2015). Esse método visa a obtenção de um índice de erro sistemático produzido pelo próprio avaliador. Assim, como neste estudo apenas um examinador foi responsável pelas mensurações, apenas a dimensão intra-avaliador do erro foi diagnosticada. As demais medidas de estatística descritiva, como média, desvio padrão e alcance das características da amostra e das medidas craniana foram realizadas. Além disso, aferiu-se a acurácia (verdadeiros positivos) dos diferentes algoritmos, aqui expressas na forma de porcentagem, para melhor interpretação.

5 RESULTADOS

5.1 Caracterização da amostra

Dos 138 crânios identificados das coleções utilizadas, 24 apresentaram condições que tornavam a sua mensuração impossível ou severamente comprometida (fragmentação extensa, diversos pontos craniométricos perdidos). Dessa forma, a amostra final ficou representada pelo número de 114 crânios. O fluxograma de trabalho com a amostra do estudo pode ser averiguado na Figura 33.

Figura 33: Organograma de trabalho contendo o número amostral total. O quadro de cor amarela representa a parcela dos indivíduos que tiveram a ancestralidade averiguada pelo AncesTrees.

Fonte: do autor, 2018.

A caracterização descritiva da amostra pode ser averiguada diante da Tabela 2. A amostra consistiu em predominantemente masculina, com 73 homens e 41 mulheres. A idade amostral teve média de 43,3 anos com um desvio padrão de 14,9 anos. Adicionalmente, a maior idade encontrada pertencia a um indivíduo do sexo feminino (87 anos) e, coincidentemente, a menor idade encontrada também (18 anos).

Tabela 2: Estatísticas descritivas da amostra do estudo.

Idade				
	<i>n</i>	Média	D.P ^a	Alcance
Homens	73	46,4	12,9	21-72
Mulheres	41	37,85	16,64	18-87
Total	114	43,31	14,9	18-87

^a: Desvio Padrão

Fonte: do autor, 2018.

Tratando-se da ancestralidade real da amostra, foi observado um predomínio de indivíduos de cor branca (59), seguidos por indivíduos caracterizados como negros (35) e, por último, indivíduos classificados como de cor parda (20).

Estatísticas descritivas relativas aos valores das medidas cranianas realizadas podem ser observadas na Tabela 3. Em média, medidas masculinas apresentaram valores superiores às femininas. Dentre as medidas feitas, as que geralmente utilizavam de estruturas que são facilmente deterioradas, como o rebordo alveolar por exemplo, obtiveram menor representatividade do que outras, pois não eram realizadas quando prejudicadas.

Tabela 3 – Estatística descritiva das medidas cranianas referentes à coleção de crânios identificados da amostra.

Homens (n=73)						Mulheres (n=41)				
Medida	<i>n</i>	Média	D.P ^a	Alcance		<i>n</i>	Média	D.P ^a	Alcance	
GOL	73	183,98	6,33	168,00	199,00	41	175,33	6,24	162,00	187,30
XCB	72	141,15	5,58	126,30	155,70	41	136,18	5,47	125,60	146,60
ZYB	71	130,81	5,90	116,00	145,00	39	122,62	4,68	111,50	134,70
BBH	72	133,35	6,47	113,00	147,80	41	130,07	9,52	112,30	178,80
BNL	72	101,72	4,15	92,20	110,45	41	96,23	4,09	89,00	105,70
BPL	63	98,32	6,86	83,60	110,60	40	95,01	5,25	86,00	110,00
MAB	67	61,36	5,88	45,00	76,00	41	60,25	4,20	48,70	70,00
ASB	57	111,98	5,28	98,00	125,00	40	107,82	5,18	98,50	121,00

AUB	72	122,53	5,91	110,00	139,00	41	116,45	4,55	105,00	125,30
NPH	64	68,49	4,61	60,00	82,50	40	63,84	5,22	53,40	77,60
XFB	72	120,60	5,36	101,00	132,00	41	115,57	5,15	105,00	126,60
WFB	57	96,83	4,83	87,60	109,00	40	92,82	4,43	85,60	103,00
FMB	73	105,42	4,72	94,00	116,80	41	100,40	4,45	91,40	109,30
NLH	72	53,48	4,33	46,60	74,70	41	49,19	3,35	40,00	55,60
NLB	73	25,26	2,13	20,60	29,60	41	25,06	2,15	19,00	30,00
OBH	73	41,04	1,96	36,00	45,40	41	39,53	1,66	35,70	43,00
OBH	73	37,13	1,83	33,00	41,00	41	36,02	1,99	32,00	41,40
EKB	73	98,36	3,82	89,00	107,70	41	94,67	3,56	86,60	101,40
DKB	73	21,86	2,77	15,50	30,00	41	20,67	2,57	15,00	26,00
FRC	73	112,20	4,68	104,20	124,00	41	107,23	4,67	95,40	116,60
PAC	73	113,55	7,56	76,00	125,85	41	108,43	6,46	95,00	125,30
OCC	72	97,09	5,67	84,00	110,30	41	95,45	5,97	81,90	106,70

Fonte: do autor, 2018.

5.2 Erro intra-observador

O Erro Técnico de Medição relativo (ETM relativo) intra-avaliador de cada medida feita é descrito na Figura 34. Esse cálculo representa, de maneira simples e comparável entre as medidas feitas, a magnitude do erro relativizada ao tamanho das medidas.

Figura 34: Gráfico de barras representando o ETM Relativo Intra-avaliador de cada medida realizada nos crânios. Quanto maior a porcentagem desse valor, maior a variabilidade do erro não-sistemático do examinador, portanto menor a concordância de mensurações repetidas. As medidas MDH e FOL foram suprimidas do gráfico pois não integram o algoritmo na estimativa da ancestralidade, apesar de constarem no artigo original (NAVEGA et al., 2015).

Fonte: do autor, 2018.

5.3 Estimativa da Ancestralidade

A Tabela 4 apresenta dados sobre a performance dos diferentes tipos de algoritmos e parâmetros usados sobre a amostra estudada, dividida entre os grupos ancestrais de cor branca e negra, devido a análise separada dos indivíduos pardos. A acurácia do algoritmo foi aferida parcialmente para cada grupo étnico dentro de cada algoritmo, e totalmente para cada algoritmo em si. Já as Figuras 36 e 37 demonstram o desempenho destes sobre indivíduos brancos e negros, em separado.

Tabela 4 – Resultados das análises do AncesTrees e desempenho dos diferentes algoritmos utilizados na amostra.

Modelo	Ancestralidade real	Ancestralidade Estimada			Acurácia	
tournamentForest (6 grupos)	Negro (n=35)	Africano	17	49%	48%	
		Europeu	4	11%		
		Asiático	3	9%		
		Austrália	3	9%		
		Americano	5	14%		
		Polinésia	3	9%		
		Branco (n=59)	Africano	20		34%
	Europeu		28	47%		
	Asiático		3	5%		
	Austrália		2	3%		
	Americano		2	3%		
	Polinésia		4	7%		
	ancestralForest (6 grupos)		Negro (n=35)	Africano	8	23%
		Europeu		5	14%	
Asiático		3		9%		
Austrália		11		31%		
Americano		4		11%		
Polinésia		4		11%		
Branco (n=59)		Africano		4	7%	
		Europeu	43	73%		
		Asiático	5	8%		
		Austrália	5	8%		

		Americano	0	0%	
		Polinésia	2	3%	
ancestralForest (3 grupos)	Negro (n=35)	Africano	23	66%	65%
		Europeu	8	23%	
		Asiático	4	11%	
	Branco (n=59)	Africano	15	25%	
		Europeu	38	64%	
		Asiático	6	10%	
ancestralForest (2 grupos)	Negro (n=35)	Africano	23	66%	70%
		Europeu	12	34%	
	Branco (n=59)	Africano	16	27%	
		Europeu	43	73%	

Fonte: do autor, 2018.

Valores em negrito correspondem ao número de acertos dentro do grupo étnico, em valores absolutos e relativos.

Figura 35: Gráfico de linha demonstrando o desempenho dos diferentes algoritmos do AnceSTrees diante dos espécimes classificados como negros.

Fonte: do autor, 2018.

Figura 36: Gráfico de linha demonstrando o desempenho dos diferentes algoritmos do AnceSTrees em espécimes classificados como brancos.

Fonte: do autor, 2018.

5.4 Análise da Ancestralidade predita para indivíduos classificados como pardos

Já os indivíduos classificados como pardos foram dissociados das análises acima expostas, por apresentarem grande inconstância de classificação. Dessa forma, optou-se por analisá-los sob um óptica observacional, ou seja, analisar quais as classificações mais prevalentes dos diferentes algoritmos do AncesTrees seriam emitidas para tais espécimes. O resultado dessa análise pode ser apreciado na Tabela 5, onde observa-se grande variabilidade na distribuição de classificação desses indivíduos, porém sendo em sua maioria classificados na ancestralidade Europeia, com exceção do algoritmo com dois grupos (Europeu e Africanos), no qual a maior parte foi classificada como Africana.

Tabela 5: Classificação ancestral dos diferentes algoritmos do AncesTrees, para indivíduos que eram identificados como de cor parda.

Classificação ancestral de indivíduos registrados como pardos (n=20)				
Algoritmo	tournamentForest (6 grupos)	ancestralForest (6 grupos)	ancestralForest (3 grupos)	ancestralForest (2 grupos)
Europeu	8	10	10	9
Africano	7	4	6	11
Asiático	2	2	4	NA
Austrália/Melanésia	2	2	NA	NA
Americano	1	2	NA	NA

Fonte: do autor, 2018.

NA = Não aplicável.

6 DISCUSSÃO

Quando no exame de peças esqueléticas de origens desconhecidas, para a identificação humana, uma das principais tarefas do antropologista forense ou perito criminal é a de estabelecer o que chamamos de perfil biológico, que seria uma listagem de quatro características fundamentais, porém de certa forma genéricas, que incluem: sexo, idade, ancestralidade e estatura prováveis daquele espécime (ROSS & KIMMERLE, 2009), os parâmetros sexo e ancestralidade ocupam lugar de destaque nessas estimativas, e devem ser estudados em primeiro lugar, pois outros aspectos deste perfil biológico são específicos para cada sexo e população a qual o indivíduo pertence (GUYOMARC'H & BRUZEK, 2011). Essa tarefa, em contexto forense, é conduzida na maior parte das vezes diante de esqueletos incompletos e assim, o crânio é, frequentemente, uma peça remanescente disponível para análises (SAUER, 1992).

Diante disso, acredita-se que métodos quantitativos, ou craniométricos, são mais objetivos e menos exigentes no tocante à quantidade de treinamento prévio necessária para um examinador com pouca experiência, caso esteja envolvido numa análise (HUMPFRIES & ROSS, 2011). Assim, representam vantagens para casos dentro do âmbito forense, que podem ter repercussões legais e altas taxas de reprodutibilidade e repetibilidade são desejáveis diante de tais cenários, onde tribunais estão cada vez mais exigindo o uso de métodos de investigação forense com taxas de precisão e erro conhecidas (SUPREMA CORTE DOS EUA, 1993). Ademais, os métodos quantitativos são de fácil teste através de abordagens estatísticas uni ou multivariadas, processos que envolvem bases de dados muito extensas e demorado processamento destas. Diversas equações foram elaboradas no passado para o auxílio destes métodos que visam estabelecer parâmetros biológicos de um desconhecido (BIRKBY, KAJANOJA, 1966; LA BOULINIER, 1968; HENKE, 1973; SNOW et al., 1979; VAN VARK et al., 1982), capitaneadas pelos estudos primordiais de Hanihara (1959) e Giles & Elliot (1962a-b).

Esses métodos ganharam ainda mais força com a criação de *softwares* que os tornaram de uso mais amigável, pois os cálculos são processados de maneira automatizada, como no FORDISC, já na sua terceira versão (OUSLEY & JANTZ, 2005; 2012), o CRANID (WRIGHT, 1992; 2008) e o 3D-ID (SLICE & ROSS, 2009). Em

nosso trabalho, o aplicativo AncesTrees (NAVEGA et. al., 2015) foi utilizado em sua versão mais recente para a estimativa da ancestralidade de uma amostra proveniente de coleções brasileiras, mais precisamente oriundas do estado de São Paulo. Esse *software* utiliza o importante compêndio de medidas compiladas por Howells (1973, 1989, 1995). Uma das coleções pertencia ao Centro de Medicina Legal (CEMEL) da FMRP-USP, sendo composta por esqueletos doados, não identificados e indigentes, e a outra pertencia à Escola Paulista de Medicina da Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP). Tratam-se de coleções compostas por espécimes contemporâneos, com boa distribuição etária e de sexos, o que representou uma vantagem ao presente trabalho, pois tais coleções proveram um grupo amostral com mínimos vieses e alta representatividade da população brasileira na atualidade.

6.1 Erro intra-avaliador

Aferir erros de medição é crucial para atestar a repetibilidade e reprodutibilidade do método testado e assim assegurar a confiabilidade dos resultados obtidos (CORRON et. al., 2017). No presente estudo, apenas a repetibilidade, traduzida como o erro intra-avaliador foi mensurada, devido a disponibilidade de apenas um examinador para realizar as medidas. O índice escolhido para tal foi o Erro Técnico de Medição (PERINI et al., 2011), ou ETM Relativo. Níveis aceitáveis de ETM Relativo intra-avaliador não são fáceis de se estipularem, pois dependem de relatos sistemáticos na literatura que irão evidenciar o quanto se espera de erro ou inacurácia do avaliador em medidas específicas. Assim, para tal valor, deve-se compreender que quanto maior o valor do ETM Relativo, maior é a variabilidade do erro intra-observador (PERINI et al., 2011).

Fancourt & Stephan (2018), elencaram o ETM como a melhor medida para avaliação do erro entre mensurações quando as variáveis são craniométricas. Utilizando duas mil medidas cranianas simuladas (distância Glabella-Opistocrânio), os autores encontraram um ETM com valor máximo de 2,2%, valor parecido com o obtido neste trabalho. Algumas medidas feitas aqui obtiveram um índice mais elevado de ETM relativo provavelmente devido à curva de aprendizado na realização destas, e na subjetividade dos pontos de referência para a mensuração, como no caso das observadas nas margens da órbita.

6.2 Estimativa da Ancestralidade

Neste trabalho, foram utilizados os dois tipos de algoritmos disponibilizados pelo *software* AncesTrees para análise de medidas cranianas, visando observar a sua acurácia em prever a ancestralidade da amostra selecionada. O primeiro algoritmo (*tournamentForest*) usa análises mais automatizadas e uma abordagem de competição, onde a ancestralidade mais provável é a “vencedora” e dada como tal. Já o segundo (*ancestralForest*), se assemelha mais ao preconizado no estudo original de Navega et. al. (2015) e emite resultados de uma análise probabilística feita com todos os grupos ancestrais. O *ancestralForest* foi utilizado com três configurações distintas, cuja diferença foi apenas o número de grupos ancestrais que integrariam o algoritmo. Em relação ao *tournamentForest*, essa iniciativa não foi adotada, porque entende-se que esse algoritmo seja a escolha ideal quando não se tem nenhuma informação sobre o espécime que se quer analisar, segundo recomendações do autor (NAVEGA et al., 2015).

Importante salientar que, para a tomada das medidas, deve-se conhecer bem os pontos craniométricos e as formas e maneiras de encontrá-los diante da diversidade de formas que um caso pode apresentar. Além disso, existem técnicas osteométricas apropriadas para determinar as medidas, sendo imprescindível que a devida atenção seja dada nesse momento. No estudo em questão, essas informações foram baseadas em apontamentos feitos nas obras de Moore-Jansen et al. (1994), Buikstra & Ubelaker (1994) e Burns (1999). No presente trabalho, o examinador encontrava-se instruído a respeito de conhecimentos antropológicos e osteológicos, de maneira que maiores dificuldades foram evitadas no momento de coleta de dados, premissa indispensável para a curva de aprendizado do método, a fim de manter sua reprodutibilidade.

Complementando, o *software* possui interface bastante amigável para o usuário, permitindo dessa forma uma fácil interpretação dos resultados. Assim, não é necessário o entendimento detalhado do algoritmo complexo que realiza as operações estatísticas. Além disso, o programa emite avisos ao examinador caso a medida seja atípica em relação às médias do banco de dados, controlando erros provenientes do próprio operador.

Ressalta-se que, até o momento da escrita deste trabalho, nenhum outro estudo foi publicado, inclusive no Brasil, avaliando a acurácia do AncesTrees, com exceção do artigo original. Assim sendo, as análises comparativas da performance deste *software* serão feitas de acordo com pesquisas que utilizaram metodologias e programas com o mesmo fundamento.

Entre as ancestralidades avaliadas, o AncesTrees teve um desempenho superior em indivíduos brancos e na modalidade ancestralForest com apenas os grupos de ancestralidade Europeia e Africana arrolados no algoritmo. Tal achado está em concordância com o relatado por Navega et al. (2015), ao aplicar o AncesTrees em coleções cranianas provenientes de Portugal, porém, tais autores lidaram com índices relativamente mais altos. Enquanto neste trabalho, os maiores índices de acerto foram observados em 66% para negros e 73% para brancos, os obtidos pelos autores retrocitados tiveram valores de 93% para negros e 94% para brancos, utilizando o algoritmo com apenas dois grupos ancestrais. Acredita-se que isso está diretamente relacionado com as características amostrais dos dois trabalhos, pois enquanto os pesquisadores do artigo original analisaram crânios de ancestralidade bastante homogênea (inclusive os de origem Africana, que foram removidos de uma coleção composta por escravos africanos), não foi essa a situação encontrada nessa pesquisa.

O Brasil é amplamente conhecido pela sua distribuição heterogênea de três contribuições ancestrais principais de Americanos (Nativos/Índios), Europeus e Africanos, que se encontraram e reproduziram entre si de maneiras distintas e variadas, dando origem a uma população altamente miscigenada e multiétnica (MANTA et al., 2013). A colonização de Europeus e Africanos começava geralmente no litoral e ia em direção ao interior e essa progressão ocorreu de forma bastante diversa em diferentes regiões do país (IBGE, 2000). É patente que esse processo complexo, somado a um país com dimensões continentais, refletiu drasticamente na variação da composição genética da população presente hoje (CALLEGARI-JACQUES et al., 2003; GODINHO et al., 2008).

Cabe salientar que, na amostra estudada, não havia nenhum indivíduo registrado como Asiático ou qualquer nacionalidade ou ancestralidade relacionadas. Indivíduos dessa referida ancestralidade são geralmente isolados culturalmente e formam pequenas comunidades fechadas, o que torna sua miscigenação muito

improvável (LESSER, 2013). No entanto, na nossa amostra, dois indivíduos identificados como negros e um indivíduo branco tiveram sua ancestralidade predita como Asiáticos por todos os algoritmos, excetuando-se aquele que eliminava esse grupo ancestral da análise. Isso evidencia ainda mais a alta miscigenação da população Brasileira e da amostra em questão.

Tal miscigenação levou o autor, ao averiguar *a posteriori* os dados obtidos, a separar os indivíduos classificados como Pardos para uma análise diferenciada. No Brasil, indivíduos “mistos” levam costumeiramente essa categorização. O termo é geralmente atribuído a pessoas de ancestralidade híbrida entre Europeus e Africanos, mas também pode se referir à mistura entre Nativos (Índios) e Europeus (URBANOVÁ et al., 2014). De frente a tal situação, a análise realizada sobre esses indivíduos foi opcionalmente observacional, de maneira a constatar qual o padrão de classificação do AncesTrees sobre tais espécimes. Os dados mostram que a classificação desses sujeitos é bem distribuída entre os grupos do algoritmo, mas se concentram primordialmente na classificação Europeia, com exceção do algoritmo com apenas dois grupos, o qual apresentou a maioria como Africana, provavelmente devido às similaridades que alguns dos outros grupos omitidos nesse algoritmo possuem com os caracteres morfométricos dos crânios Africanos.

Interessantemente, indivíduos pardos possuem uma tonalidade de pele mais escurecida quando comparados a grupos predominantemente Caucasianos e, caso se juntassem ao grupo de negros na análise da acurácia do *software*, causariam uma possível queda desta, visto que foram classificados majoritariamente como Europeus. Essa distribuição de dados dos pardos, especialmente alocando-os majoritariamente na ancestralidade Europeia, também seguiu o padrão do AncesTrees em geral sobre os demais indivíduos (brancos e negros). Como é reiterado por diversos estudos genéticos brasileiros (SILVA et al., 2015; MANTA et al., 2013), inclusive por meta-análise conduzida por Moura et al. (2015), a ancestralidade Europeia é a maior contribuidora na construção do plano de fundo genético ancestral da população Brasileira em geral. Isso evidencia-se mais ainda em populações urbanas (MANTA et al., 2013) e na região Sudeste (MOURA et al., 2015), local de origem da amostra utilizada nesse estudo, o que coliga nossos dados com achados em outros campos de estudo, como nesse caso a Genética Forense.

A supremacia da ancestralidade Europeia dentro do mosaico de ancestralidades que compõe a população Brasileira atual não elimina o seu alto teor de miscigenação. Existem regiões, como a cidade de Pelotas, no Rio Grande do Sul, que possuem uma taxa elevada de variação em ancestralidade genômica, mesmo sendo uma região habitada hegemonicamente por descendentes de populações Europeias (MARRERO et al., 2005). Percebe-se que essa série de fatores genéticos ancestrais integram a malha de entraves na estimativa de ancestralidade dos brasileiros, uma vez que estes estão diretamente ligados ao fenótipo do formato dos crânios humanos (MARTÍNEZ-ABADÍAS et al., 2012).

Neste estudo, utilizou-se a cor da pele, determinada em registros de identificação, para avaliação da acurácia do algoritmo AncesTrees, por ser a única fonte de informações *post mortem* disponível nesse contexto. Entretanto, relevante informar que nem sempre tal critério é o melhor para atribuir-se uma ancestralidade a um indivíduo. Estudos que buscaram correlacionar a cor da pele com a ancestralidade genética no Brasil obtiveram resultados divergentes, sendo alguns favoráveis a essa relação (LINS et al., 2011; QUEIROZ et al., 2013; PENA et al., 2009), e outros contrários a essa ligação (PARRA et al., 2003; PIMENTA et al., 2006). É notado que, por quanto mais tempo a miscigenação perdura, mais o caractere ancestralidade se dissocia da cor da pele do indivíduo (PARRA et al., 2004). Soma-se a isso mais de quinhentos anos de miscigenação entre diferentes grupos, e tem-se o quadro problemático do Brasil, nesse escopo, e uma limitação do presente trabalho.

Por fim, o melhor desempenho em geral do AncesTrees sobre toda a amostra, com negros e brancos juntos, restou na versão ancestralForest, com apenas os grupos Europeu e Africano selecionados, possuindo uma acurácia com o valor de 70%. No Brasil, poucos estudos foram feitos com o desígnio de aferir a ancestralidade da população com base em dados craniométricos. Urbanová et al. (2014) e Jurda & Urbanová (2016) realizaram tais análises, mas com outros tipos de *software*, como o FORDISC e o 3D-ID no primeiro estudo e um outro programa denominado FIDENTIS Analyst, que realiza análises de malhas gráficas em computador, no segundo.

No trabalho de Urbanová et al. (2014), ao utilizarem o FORDISC 3 em conjunto com a base de dados de Howells, a mesma integrada ao algoritmo do AncesTrees, os autores observaram um valor de 40% dos espécimes alocados corretamente no seu grupo ancestral. Além disso, nessa mesma configuração, os indivíduos tarjados como

miscigenados foram alocados em sua maioria no grupo ancestral Africano, apesar de, ao mudar a base de dados do FORDISC 3 para o banco de dados forense do *Federal Bureau of Investigation* (FBI), conhecido como *Forensic Data Bank*, essa predominância dos miscigenados tenha mudado para o grupo ancestral Europeu, ressaltando a imprevisibilidade da população Brasileira quando na estimativa da ancestralidade de seus integrantes. Nesse mesmo trabalho, o *software* 3D-ID obteve o melhor desempenho na estimativa ancestral, embora ainda tenha ficado atrás dos resultados obtidos pelo AncesTrees neste estudo.

Já Jurda & Urbanová (2016) utilizaram um método alternativo, que por meio de um *software*, quantifica as diferenças entre modelos baseados na distância mais próxima entre pontos específicos. Em outras palavras, por meio de uma comparação computadorizada de malhas digitalizadas de um determinado crânio, o programa é capaz de estabelecer correspondências entre “vértices” de diferentes crânios entre si (CHALÁS et al., 2014). De frente a essa análise, resultados não muito satisfatórios foram obtidos, com uma porcentagem de acurácia de 52.5% para a estimativa de ancestralidade.

Essa dificuldade em obter-se uma suposição sobre a ancestralidade de um indivíduo desconhecido em contexto brasileiro como também mundial é atribuída principalmente sobre os fatos já mencionados e, como ressaltam Urbanová et al. (2014), os resultados inconsistentes se pautam na falta de existência de uma base de dados apropriada incorporada nesses algoritmos e *softwares*. Essa especificidade anômala dos crânios brasileiros advinda de sua miscigenação, influi inclusive na estimativa de outros parâmetros biológicos, como o sexo (URBANOVÁ et al., 2014; JURDA & URBANOVÁ, 2016), avariando a acurácia de outros métodos.

Enfim, nota-se pelos achados deste trabalho que, apesar do AncesTrees obter um desempenho ligeiramente superior aos demais *softwares* testados e documentados no Brasil, sua aplicação em contexto forense aqui ainda é frágil. Cunha et al. (2018) documentaram uma quantidade abundante de coleções osteológicas e cranianas distribuídas por todo o território brasileiro e ressaltaram que a documentação de dados métricos e qualitativos das amostras identificadas, junto com a validação de métodos antropológicos seria de grande valia para solucionar os obstáculos da Antropologia Forense no contexto nacional. Com a realização desse trabalho, é expectado que se abram novos caminhos e horizontes para a continuidade

da avaliação e validação dos diferentes métodos antropológicos para estimar parâmetros biológicos diante de todas as fontes amostrais disponíveis nas coleções do Brasil, podendo assim se estabelecer uma base de dados consistente, confiável e representativa da nossa população.

7 CONCLUSÃO

Diante dos achados do presente trabalho, a acurácia do AncesTrees na amostra Brasileira analisada foi de 48% a 70%, dependendo da configuração dos grupos ancestrais que integram o algoritmo. O *software* possui um desempenho superior na versão ancestralForest, na estimativa de indivíduos brancos e quando apenas os grupos ancestrais Europeu e Africano integram o modelo do algoritmo. Por isso, a sua aplicabilidade no Brasil ainda é frágil e necessita de uma base de dados mais consistentes, além de modelos desenvolvidos com base na nossa própria população, visto a alta miscigenação dessa.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBANESE, J; SAUNDERS, S.R. Is it possible to escape racial typology in forensic identification? In: SCHMITT, A; CUNHA, E; PINHEIRO, J. **Forensic anthropology and medicine**. New Jersey: Humana Press, 2006. p. 281-316.
- ARMELAGOS, G.J; GOODMAN, A.H. Race, racism and anthropology. In: GOODMAN, A.H; LEATHERMAN, T.L. **Building a new biocultural synthesis: Political-economic perspectives on human biology**. Ann Arbor: University of Michigan Press, 2008. p. 359-378.
- BIRKBY, W.H. An evaluation of race and sex identification from cranial measurements. **Am. J. Phys. Antropol.**, v. 24, n. 1, p. 21-27, 1966.
- BRASIL. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). **Pesquisa Nacional por Amostra de Domicílios: Tabela 262 - População residente, por cor ou raça, situação e sexo**. Disponível em <<https://sidra.ibge.gov.br/Tabela/262>> Acesso em 10 de outubro de 2017.
- BRITO, L.M; ARAÚJO, P.S.P; MOREIRA, G.A.E; CORREIA, F.L.S; ARGOLLO, S.P. Antropologia Forense. In: COUTO, R.C. **Perícias em medicina legal & odontologia legal**. Rio de Janeiro: Medbook. 2011, p. 321-416
- BUIKSTRA, J. E.; UBELAKER, D. Standards for data collection from human skeletal remains. Research series no. 44. Fayetteville, Arkansas: **Arkansas archeological survey research series no 44**, 1994.
- BURNHAM, K.P; ANDERSON, D.R. **Model Selection and Multimodel Inference**. 2 ed. Berlim: Springer-Verlag, 2002. p. 45.
- BURNS, K.R. **Forensic Anthropology Training Manual**. Prentice Hall: New Jersey, 1999.
- BYERS, S.N. **Introduction to forensic anthropology**. Upper Saddle River: Prentice Hall Inc, 2010. p. 414.
- CALLEGARI-JACQUES, S.M. et al. Historical genetics: spatiotemporal analysis of the formation of the Brazilian population. **Am. J. Hum. Biol.**, v. 15, p. 824-834, 2003.
- CHALÁS, P. et al. Forensic 3D facial identification software (FIDENTIS), in: **Proc. 20th World Meet Int. Associ. Forensic Sci.**, 2014
- CLARK, M.A. et al. Quantification of maxillary dental arcade curvature and the estimation of biological ancestry in forensic anthropology. **J. Forensic Sci.**, v. 61, n. 1, p. 141-146, 2016.
- CORNÉLIO-NETO, W.L. et al. Grupos Étnicos de Interesse Odontoforense. In: DARUGE, E; DARUGE-JÚNIOR, E; FRANCISQUINI-JÚNIOR, L. **Tratado de Odontologia Legal e Deontologia**. São Paulo: Ed. Santos, 2017. p. 504-522.
- CORRON, L. et al. Evaluating the consistency, repeatability, and reproducibility of osteometric data on dry bone surfaces scanned dry bone surfaces, and scanned bone

surfaces obtained from living individuals. **Bull. Mem. Soc. Anthropol. Paris**, v. 29, p. 33-53, 2017

CUNHA, E. et al., The Brazilian Identified Human Osteological Collections. **Forensic Sci. Int.** Disponível em <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2018.05.040>> Acesso em: 30 de julho de 2018.

DICIO, DICIONARIO ONLINE DE PORTUGUÊS. **Significado de Antropologia.** Disponível em <<https://www.dicio.com.br/antropologia/>> Acesso em: 09 de agosto de 2017.

EDGAR, H.J.H; Testing the utility of dental morphological traits commonly used in the forensic identification of ancestry. In: KOPPE, T; MEYER, G; ALT, K.W (Eds.). **Comparative dental morphology. Frontiers of oral biology**, Vol. 13. Basel: Karger, 2009. p. 49–54.

FANCOURT H.S.M.; STEPHAN, C.N. Error measurement in craniometrics: The comparative performance of four popular assessment methods using 2000 simulated cranial length datasets (g-op). **Forensic Sci. Int.**, v. 285, p. 162-171, 2018.

FELIPE, C.R. et al. The impact of ethnic miscigenation on tacrolimus clinical pharmacokinetics and therapeutic drug monitoring. **Clin. Transplant.**, v. 16, p. 262-272, 2002.

FRANÇA, G.V. **Medicina Legal**, 11 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2017.

FREIRE, J.J.B. **Estatura: dado fundamental em antropologia forense**. 2000. Dissertação (Mestrado em Odontologia Legal e Deontologia) – Faculdade de Odontologia de Piracicaba, Universidade Estadual de Campinas, Piracicaba

GALVÃO, L.C.C. Aspectos das cúspides do 1º molar inferior em leucodermas, faiodermas e melanodermas. **Rev. IPEB-BA**, 2000.

GILES E; ELLIOT, O. Race identification from cranial measurements. **Forensic Sci Int**, v. 7 p. 147-157, 1962b

GILES, E; ELLIOT O. Negro-White identification from the skull. **Vle. Congres Internacional des Sciences Antropologiques et Ethnologiques, Paris**, v. 1, p. 179-184, 1962a.

GILL, G.W. Craniofacial criteria in the skeletal attribution of race. In: REICHS, K (Ed). **Forensic osteology: advances in the identification of human remains**. Springfield: Charles C Thomas, 1998. p. 293–315.

GODINHO, N.M.O. et al. Regional patterns of genetic admixture in South America. **For. Sci. Int.: Genetics Suppl. Series 1**, p. 329-330, 2008.

HANIHARA, T. Morphological variation of major human populations based on nonmetric dental traits, **Am. J. Phys. Anthropol**, v. 136, p. 169-182, 2008.

HASTIE, T; TIBSHIRANI, R; FRIEDMAN, J. **The Elements of Statistical Learning**. 2 ed. Nova York: Springer, 2008. p. 587-588.

HEFNER, J.T. Cranial nonmetric variation and estimating ancestry. **J. Forensic Sci.**, v. 54, p. 985–995, 2009.

HEFNER, J.T; OUSLEY S.D; DIRKMAAT, D.C. Morphoscopic traits and the assessment of ancestry. In: DIRKMAAT, D.C (Ed). **A companion to forensic anthropology**. Chichester: Wiley-Blackwell, 2012. p. 287–310

HEFNER, J.T; SPRADLEY, K; ANDERSON, B.E. Ancestry assessment using random forest modeling. **J. Forensic Sci.**, v. 59, p. 583–589, 2014.

HEFNER, J.T; SPRADLEY, K; ANDERSON, B.E. Ancestry estimation using random forest modelling. **Proc. Am. Acad. Forensic Sci.**, p. 352–353, 2011.

HENKE, W. Zür Methode der diskriminanzanalytischen Geschlechtsbestimmung am Schädel. **Homo – J. Comp. Hum. Biol.**, v. 24, p. 99-117, 1973

HOWELLS, W.W. Who's who in skulls: Ethnic identification of crania from measurements. **Papers of the Peabody Museum of Archeology and Ethnology**, v. 82, p. 1-108, 1995.

HOWELLS, W.W. Cranial variation in man. **Papers of the Peabody Museum of Archeology and Ethnology**, v. 67, p. 1-259, 1973

HOWELLS, W.W. Skull shapes and the map: Craniometric analyses in the dispersion of modern Homo. **Papers of the Peabody Museum of Archeology and Ethnology**, v.79, p. 1-189, 1989

HUMPFRIES, A; ROSS, A.H. Craniofacial sexual dimorphism in two Portuguese skeletal samples. **Anthropologie**, v. 49, n. 1, p. 13-20, 2011.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Brasil - 500 anos de povoamento/Brazil - 500 years of settlement**. Rio de Janeiro: IBGE, 2000, p. 232.

INTERPOL. **Disaster Victim Identification (DVI) guide**, 2013. Disponível em <<https://www.interpol.int/content/download/9158/68001/version/18/file/INTERPOL%20DVI%20GUIDE.pdf>> Acesso em: 09 de agosto de 2017

ISCAN, M.Y; STEIN, M. Ancestry. In: **The Human skeleton in Forensic Medicine**. 3 ed. Springfield: Charles C Thomas Ltd, 2013.

KAJANOJA, P. Sex determination of Finnish crania by discriminant function analysis. **Am. J. Phys. Anthropol.**, v. 24, n. 1, p. 29-33, 1966

KLALES, A.R; KENYHERCZ, M.W. Morphological Assessment of Ancestry Using Cranial Macromorphoscops. **J. Forensic Sci.**, v. 60, n. 1, p. 13-20, 2015

KROGMAN, W.M. The Skeleton in forensic medicine. **Postgrad. Med**, v. 17, n. 2, p. A48-A62, 1955.

LA BOULINIER, G. Détermination du sexe des crânes humains à l'aide des fonctions discriminantes. **Bulletins et Mémoires de la Société d'anthropologie de Paris**, v. 3, n. 4, p. 301-316, 1968

LESSER, J. **Immigration, ethnicity, and national identity in Brazil, 1808 to the present**. Cambridge University Press; 2013

LINS, T.C. et al. Genetic heterogeneity of self-reported ancestry groups in an admixed Brazilian population. **J. Epidemiol**, v. 21, n. 4, p. 240-245, 2011.

MANTA, F. S. N. et al. Revisiting the Genetic Ancestry of Brazilians Using Autosomal AIM-Indels. **PLoS One**, v. 8, n. 9, p. e75145, 2013.

MARRERO, A.R. et al. Heterogeneity of the genome ancestry of individuals classified as White in the state of Rio Grande do Sul. **Am. J. Hum. Biol.**, v. 17, p. 496-506, 2008.

MARTÍNEZ-ABADÍAS, N. et al. Pervasive genetic integration directs the evolution of human skull shape. **Evolution**, v. 66, n. 4, p. 1010-1023, 2012.

MOORE-JANSEN, P.M; OUSLEY, S.D; JANTZ, R.L. **Data Collection Procedures for Forensics Skeletal Material: Report of Investigations no. 48**. The University of Tennessee, Knoxville: Department of Anthropology. 1994.

MOURA, R.R. et al. Meta-analysis of Brazilian genetic admixture and comparison with other Latin America countries. **Am. J. Hum. Biol.**, v. 27, n. 5, p. 674-680, 2015.

NAVEGA, D. et al. AncesTrees: ancestry estimation with randomized decision trees. **Int. J. Legal Med.** v. 129, n. 5, p. 1145-53, 2015.

OLIVEIRA, S.V.T. et al. Facial soft tissue thickness of Brazilian adults. **Forensic Sci. Int.**, v. 193, n. 1, p. 127, 2009.

OUSLEY S.D; JANTZ, R.L. ForDisc 3 and statistical methods for sex and ancestry estimation. In: DIRKMAAT, D.C. **A Companion to Forensic Anthropology**, West Sussex: Wiley-Blackwell, 2012, p. 311–329.

OUSLEY, S.D; JANTZ, R.L. **FORDISC 3.0: Personal computer forensic discriminant functions**. Universty of Tennessee, 2005.

OUSLEY, S.D; JANTZ, R; FREID, F. Understanding race and human variation: why forensic anthropologists are good at identifying race. **Am. J. Phys. Anthropol.**, v. 139, p. 68-76, 2009.

PARRA, F.C. et al. Color and genomic ancestry in Brazilians. **Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.**, v. 100, n. 1, p. 177-182, 2003.

PASSALACQUA, N.V. Forensic age-at-death estimation from the human sacrum. **J. Forensic Sci.**, v. 52, n. 2, p. 255-262, 2009.

PATIL, N. et al. Uniqueness of radiographic patterns of the frontal sinus for personal identification. **Imaging. Sci. Dent.**, v. 42, n. 1, p. 213-217, 2012

PENA, S.D. et al. DNA tests probe the genomic ancestry of Brazilians. **Braz. J. Med. Biol. Res.**, v. 42, n. 10, p. 870-876, 2009.

PERINI, T.A. et al. Cálculo do erro técnico de medição em antropometria. **Rev. Bras. Med. Esporte**, v. 11, n. 1, p. 81-85, 2005.

PIMENTA, J.R. et al. Color and genomic ancestry in Brazilians: a study with forensic microsatellites. **Hum. Hered.**, v. 62, n. 4, p. 190-195, 2006.

QUEIROZ, E.M. et al. Genetic composition of a Brazilian population: the footprint of the Gold Cycle. **Genet. Mol. Res.**, v. 12, n. 4, p. 5124-5133, 2013.

ROSS, A.H; KIMMERLE, E. Contribution of quantitative methods in forensic anthropology: a new era. In: BLAU, S; UBELAKER, D.H (Eds). **Handbook of Forensic Anthropology and Archaeology**. Walnut Creek: Left Coast Press; 2009, p.479-89

SAUER, N.J. Forensic anthropology and the concept of race: If races don't exist, why are forensic anthropologists so good at identifying them? **Soc. Sci. Med.**, v. 34, n. 2, p. 107-111, 1992.

SAUER, N.J; WANKMILLER, J.C. The assessment of ancestry and the concept of race. In: BLAU, S; UBELAKER, D.H. **Handbook of forensic anthropology and archeology**. Walnut Creek: Lest Coast Press, 2009. p. 187-200.

SILVA, M da. **Compêndio de Odontologia Legal**. São Paulo: Ed. Santos, 1996. p.93.

SILVA, T.M. et al. The correlation between ancestry and color in two cities of Northeast Brazil with contrasting ethnic compositions. **Eur. J. Hum. Genet.**, v. 23, n. 7, p. 984-989, 2015

SLICE, D; ROSS, A.H. **3D-ID: geometric morphometric classification of crania for forensic scientists**, 2009. Disponível em <http://www.3d-id.org>. Acessado em 09 de outubro de 2017

SNOW, C.C. et al. Sex and race determination of crania by calipers and computer: a test of the Giles and Elliot discriminant functions in 52 forensic science cases. **J. Forensic Sci.**, v. 24, n. 2, p. 448-460, 1979

SPREADLEY, M.K; JANTZ, R.L. Ancestry Estimation in Forensic Anthropology: Geometric Morphometric versus Standard and Nonstandard Interlandmark Distances. **J Forensic Sci**, v. 61, n. 4, p. 892-897, 2016.

SUPREMA CORTE, EUA. **Daubert V. Merrell Dow Pharmaceuticals, Inc. 509**, U.S 579 (1993)

TINOCO, R.L.R. et al. Dental anthropology of a Brazilian sample: Frequency of nonmetric traits. **Forensic Sci Int**, v.258, p. 102-105, 2016.

TRAITHEPCHANAPAI, P; MAHAKKANUKRAUH, P; KRANIOTI, E.F. History, research and practice of forensic anthropology in Thailand. **Forensic Sci. Int.**, v. 261, p. 167.e1-167e.6, 2016

URBANOVÁ, P. et al. Testing the reliability of software tools in sex and ancestry estimation in a multi-ancestral Brazilian sample. **Leg. Med.**, v. 16, p. 264-273, 2014.

VAN VARK, G.N.; VAN DER SMAN, P.G.M.; GILES, E. New discrimination and classification techniques in anthropological practice. **Zeitschrift für Morphologie und Anthropologie**, p. 21-36, 1982.

WRIGHT R. Correlation between cranial form and geography in homo sapiens: CRANID—a computer program for forensic and other applications. **Archaeol. Ocean.**, v. 27, p. 128-134, 1992.

WRIGHT, R. Detection of likely ancestry using CRANID. In: OXENHAM, M (Ed). **Forensic approaches death, disaster and abuse**. Sydney: Australian Academic Press, 2008, p. 111–122.

ANEXOS

Anexo A – Parecer de Aprovação no CEP

PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP

DADOS DA EMENDA

Título da Pesquisa: Estimativa da ancestralidade em Antropologia Forense, através da aplicação do software ¿Ancestry¿ em medidas cranianas de uma amostra Brasileira

Pesquisador: Victor Jacometti

Área Temática:

Versão: 2

CAAE: 79913817.2.0000.5440

Instituição Proponente: UNIVERSIDADE DE SAO PAULO

Patrocinador Principal: Financiamento Próprio

DADOS DO PARECER

Número do Parecer: 2.748.306

Apresentação do Projeto:

Trata-se de emenda ao projeto de pesquisa conforme carta datada de 23 de junho de 2018.

Objetivo da Pesquisa:

Não modificado com a emenda.

Avaliação dos Riscos e Benefícios:

Não modificado com a emenda.

Comentários e Considerações sobre a Pesquisa:

Justificativa da emenda:

"O presente projeto encontra-se qualificado, por meio de realização de piloto, nas dependências do CEMEL-USP e seu acervo de crânios. A ideia inicial era, diante de um piloto satisfatório, proceder à pesquisa em acervo craniano maior, localizado em Piracicaba, na FOP-UNICAMP. O acesso ao segundo acervo já havia sido autorizado conforme carta de autorização anexa na primeira versão deste Projeto. No entanto, no ínterim da realização do piloto, a Coordenação do acervo da FOP-UNICAMP mudou e essa nova Coordenação considera o seu Biobanco/Acervo de uso particular e exclusivo do Docente Coordenador e seus alunos vinculados. Desta forma, o pesquisador responsável por este Projeto foi compelido a buscar novo Biobanco para o término de sua pesquisa. A solução encontrada foi em novo Acervo localizado em São Paulo-SP, na Escola Paulista de Medicina – UNIFESP. Finalmente, não existem maiores mudanças na nova versão do

Endereço: CAMPUS UNIVERSITÁRIO
Bairro: MONTE ALEGRE **CEP:** 14.048-900
UF: SP **Município:** RIBEIRAO PRETO
Telefone: (16)3602-2228 **Fax:** (16)3633-1144 **E-mail:** cep@hcrp.usp.br

Anexo A – Parecer de Aprovação no CEP (Continuação).

Continuação do Parecer: 2.748.306

projeto proposta por essa Emenda, apenas uma mudança de Acervo. A carta de autorização do novo Acervo já foi incorporada na plataforma Brasil.

Considerações sobre os Termos de apresentação obrigatória:

Todos os termos foram adequadamente apresentados ao CEP.

Recomendações:

Não há.

Conclusões ou Pendências e Lista de Inadequações:

O CEP analisou e aprovou a emenda referente a inclusão da Escola Paulista de Medicina – UNIFESP na pesquisa. O CEP tomou ciência do relatório parcial.

Considerações Finais a critério do CEP:

Emenda Aprovada: Tendo em vista a legislação vigente, devem ser encaminhados ao CEP, relatórios parciais anuais referentes ao andamento da pesquisa e relatório final ao término do trabalho. Qualquer modificação do projeto original deve ser apresentada a este CEP em nova versão, de forma objetiva e com justificativas, para nova apreciação.

Este parecer foi elaborado baseado nos documentos abaixo relacionados:

Tipo Documento	Arquivo	Postagem	Autor	Situação
Informações Básicas do Projeto	PB_INFORMAÇÕES_BÁSICAS_115984_2_E1.pdf	23/06/2018 23:16:03		Aceito
Projeto Detalhado / Brochura Investigador	PROJETO_ancestrees2017_VICTOR_E2.doc	23/06/2018 23:15:10	Victor Jacometti	Aceito
Outros	relatorio_parcial.docx	23/06/2018 23:14:47	Victor Jacometti	Aceito
Outros	Carta_Emenda.docx	23/06/2018 23:14:00	Victor Jacometti	Aceito
Declaração de Instituição e Infraestrutura	Autorizacaousodaestrutura_UNIFESP.docx	15/06/2018 14:42:58	Victor Jacometti	Aceito
Outros	CartaDispensaUPC.pdf	14/11/2017 10:19:31	Victor Jacometti	Aceito
TCLE / Termos de Assentimento / Justificativa de Ausência	justificativa_ausencia.docx	09/11/2017 16:44:48	Victor Jacometti	Aceito

Endereço: CAMPUS UNIVERSITÁRIO
 Bairro: MONTE ALEGRE CEP: 14.048-900
 UF: SP Município: RIBEIRAO PRETO
 Telefone: (16)3602-2228 Fax: (16)3633-1144 E-mail: cep@hcrp.usp.br

Anexo A – Parecer de Aprovação no CEP (Final).

Continuação do Parecer: 2.748.306

Folha de Rosto	folhaderostoassinada.pdf	09/11/2017 16:34:07	Victor Jacometti	Aceito
Outros	AutorizacaodousodaamostraCEMEL.docx	23/10/2017 15:22:09	Victor Jacometti	Aceito
Orçamento	ORCAMENTO.docx	23/10/2017 15:10:24	Victor Jacometti	Aceito
Cronograma	CRONOGRAMA.docx	23/10/2017 15:09:48	Victor Jacometti	Aceito

Situação do Parecer:

Aprovado

Necessita apreciação da CONEP:

Não

RIBEIRAO PRETO, 02 de Julho de 2018

Assinado por:
MARCIA GUIMARÃES VILLANOVA
 (Coordenador)

Endereço: CAMPUS UNIVERSITÁRIO
 Bairro: MONTE ALEGRE CEP: 14.048-900
 UF: SP Município: RIBEIRAO PRETO
 Telefone: (16)3602-2228 Fax: (16)3633-1144 E-mail: cep@hcrp.usp.br