



BIOMEDICINA

ESTHER CRISTINA PIRES DE SOUZA PAULA

**A IMPORTÂNCIA DO DNA NA RECONSTRUÇÃO DE SUSPEITOS
CRIMINAIS**

MURIAÉ

2025

ESTHER CRISTINA PIRES DE SOUZA PAULA

A IMPORTÂNCIA DO DNA NA RECONSTRUÇÃO DE SUSPEITOS CRIMINAIS

Projeto apresentado como requisito parcial
para a Conclusão do Curso de
Bacharelado em Biomedicina do Centro
Universitário Faminas - UNIFAMINAS.

Orientador: Prof. MsC. Emílio Santana
de Abreu

Muriaé
2025

PAULA, Esther Cristina Pires de Souza

A IMPORTÂNCIA DO DNA NA RECONSTRUÇÃO DE SUSPEITOS CRIMINAIS / Esther Paula; Emílio Santana DE Abreu

(orient.). - Muriaé, MG, 2025. 37p.

Orientador: Prof. Me. Emílio Santana DE Abreu.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Biomedicina) – Centro Universitário FAMINAS, 2025.

1. TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO. I. SANTANA DE ABREU, Emílio, Prof. Me., orient. II. Título.

Catálogo da Publicação

Elaborada pelo Sistema de Geração Automática de Ficha Catalográfica do Centro Universitário FAMINAS com os dados fornecidos pelo(a) autor(a). Bibliotecária Cristina de Souza Maia CRB6-2294

Agradeço primeiramente a Deus, pela força, sabedoria e por me permitir concluir esta importante etapa da minha vida acadêmica após longos quatro anos de dedicação e aprendizado.

À minha família, pelo amor incondicional, apoio constante e por ser meu principal alicerce em todos os momentos. Sem o incentivo, paciência e compreensão de cada um, esta conquista não seria possível.

Agradeço à instituição FAMINAS, que me proporcionou não apenas conhecimento técnico e científico, mas também crescimento pessoal e humano.

Expresso minha gratidão a todos os professores e ao meu orientador que, ao longo da graduação, compartilharam seus ensinamentos com comprometimento e entusiasmo, contribuindo significativamente para minha formação profissional.

Por fim, agradeço a todos que, direta ou indiretamente, fizeram parte desta trajetória, oferecendo palavras de incentivo, apoio e amizade. A cada um, o meu mais sincero reconhecimento e gratidão.

PAULA, ESTHER CRISTINA PIRES DE SOUZA. **A importância do DNA na reconstrução de suspeitos criminais**. 2025. 37 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Biomedicina) – Centro Universitário Faminas, Muriaé – MG, 2025.

RESUMO

O DNA consolidou-se como uma ferramenta essencial na genética forense moderna, permitindo não apenas a identificação humana, mas também a reconstrução de suspeitos criminais a partir da predição de características fenotípicas. Esse avanço tornou possível inferir traços físicos, como cor dos olhos, cabelos e pele, mesmo em situações em que não há suspeitos ou correspondência nos bancos de dados genéticos.

O presente trabalho tem como objetivo analisar a importância do DNA na elucidação de crimes, abordando sua aplicabilidade na identificação humana e na fenotipagem forense como ferramenta complementar de investigação. Trata-se de uma revisão sistemática conduzida nas bases PubMed, SciELO e Google Acadêmico, contemplando publicações entre 2015 e 2025, selecionadas conforme critérios de inclusão e exclusão previamente definidos.

Os estudos analisados evidenciaram que as técnicas tradicionais de identificação, como a análise de Short Tandem Repeats (STRs), continuam fundamentais, porém a incorporação de Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) e de modelos estatísticos de predição fenotípica, como os sistemas IrisPlex, HirisPlex e HirisPlex-S, ampliou significativamente a capacidade de individualização, mesmo em amostras degradadas ou de baixa qualidade.

Além dos avanços técnicos e da validação interlaboratorial, os estudos apontam desafios éticos, legais e metodológicos que ainda restringem a plena implementação dessas tecnologias no Brasil. Conclui-se que o DNA, aliado à fenotipagem forense, representa um marco científico e investigativo, capaz de complementar a identificação tradicional e contribuir para a elucidação de crimes de forma mais precisa, rápida e fundamentada cientificamente.

Palavras-chave: DNA forense; fenotipagem de DNA; SNPs; HirisPlex-S; investigação criminal.

ABSTRACT

DNA has become an essential tool in modern forensic genetics, enabling not only human identification but also profiling of criminal suspects through the prediction of phenotypic characteristics. This advancement has made it possible to infer physical traits such as eye, hair, and skin color, even in cases where there are no suspects or matches in genetic databases. This study aims to analyze the importance of DNA in crime investigation, emphasizing its applicability in human identification and forensic phenotyping as a complementary investigative tool. It is a systematic review conducted in the PubMed, SciELO, and Google Scholar databases, including studies published between 2015 and 2025, selected according to previously defined inclusion and exclusion criteria. The analyzed studies revealed that traditional identification techniques, such as Short Tandem Repeat (STR) analysis, remain essential; however, the incorporation of Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) and statistical prediction models, such as IrisPlex, HirisPlex, and HirisPlex-S, has significantly enhanced individualization capacity, even in degraded or low-quality DNA samples. In addition to the technical advances and interlaboratory validation, the studies highlight ethical, legal, and methodological challenges that still limit the full implementation of these technologies in Brazil. It is concluded that DNA, combined with forensic phenotyping, represents a scientific and investigative milestone, capable of complementing traditional identification methods and contributing to crime elucidation with greater scientific precision and reliability.

Keywords: forensic DNA; DNA phenotyping; SNPs; HirisPlex-S; criminal investigation.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 OBJETIVO GERAL	4
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.	4F
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
4. METODOLOGIA.....	9
5. JUSTIFICATIVA	12
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	13
7. CONCLUSÃO	26
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	27

1 INTRODUÇÃO

A ciência criminal tem evoluído gradativamente na sociedade atual, trazendo evidências concretas por meio do uso de tecnologias avançadas que aprimoram o trabalho da perícia criminal. Diversos crimes são solucionados a partir da integração entre as áreas biomédica e de informática, possibilitando novas formas de investigação de homicídios e suicídios por meio da análise de colheitas digitais e vestígios biológicos (SILVA; OLIVEIRA, 2020). No entanto, a ferramenta mais precisa e confiável disponível atualmente na criminalística é a análise de DNA. Essa molécula, cientificamente conhecida como ácido desoxirribonucleico (DNA), armazena informações genéticas exclusivas sobre cada indivíduo, uma vez que suas regiões específicas variam entre as pessoas, tornando cada ser humano geneticamente distinto (SANTOS *et al.*, 2019).

Inicialmente, é essencial compreender como a análise do DNA contribui para investigações policiais no contexto forense e como sua estrutura confere em julgamentos judiciais. A partir da década de 1980, técnicas de identificação humana por meio do DNA passaram a ser utilizadas, revolucionando a resolução de crimes (SOUSA; ANDRADE, 2015). Essa molécula possui regiões polimórficas — específicas para cada indivíduo — que permitem a distinção entre suspeitos (CUNHA, 2012). Além disso, as propriedades químicas do DNA garantem sua estabilidade, tornando-o resistente a condições degradantes (LIMA *et al.*, 2017). Isso significa que, mesmo em locais de crime aparentemente limpos, é possível recuperar vestígios biológicos comprometidos, pois a sensibilidade das técnicas de extração e amplificação de DNA possibilita a análise de mínimos traços biológicos, tornando o DNA uma ferramenta fundamental no processo investigativo (ALMEIDA; COSTA, 2019).

Nessa perspectiva, a análise de DNA permite determinar com precisão a identidade genética de um suspeito, proporcionando maior segurança e aplicabilidade na ciência forense (GUIMARÃES, 2018). Dessa forma, é possível estabelecer conexões diretas entre indivíduos e cenas de crime, fortalecendo as investigações (ALMEIDA; COSTA, 2019). Além disso, os juízes e tribunais têm aceitado, cada vez mais, provas baseadas na identificação de DNA como elemento decisivo para as declarações ou absolvição de suspeitos (JOHNSON; TRIGGS, 2017).

É fundamental destacar que cada perfil genético é arquivado no Banco Nacional de Perfis Genéticos, o banco de dados da polícia científica, a partir da primeira coleta de DNA do suspeito em uma cena de crime (BRASIL, 2020). A criação desses bancos de dados representa uma ferramenta essencial no combate à criminalidade, especialmente em casos que permanecem sem solução por longos períodos (BECKER; RODRIGUES, 2016).

No entanto, nem sempre o banco de dados consegue identificar com exatidão o proprietário de um material genético específico. Mesmo na ausência de suspeitos para comparação, a análise de DNA ainda pode ser útil, permitindo a tipagem genética da amostra (CRUZ; MENDES, 2021). Isso ocorre porque a eficiência da identificação depende da existência prévia de um perfil correspondente no sistema. Quando o DNA coletado em uma cena de crime é comparado ao banco de dados, o resultado só será conclusivo se houver coincidência com um perfil previamente registrado, como o de um suspeito, vítima ou condenado (BECKER; RODRIGUES, 2016).

Além disso, diferenças na qualidade e quantidade do material biológico podem comprometer a leitura completa do perfil genético. Amostras degradadas, misturadas ou parciais podem gerar perfis incompletos, dificultando o pareamento com os registros existentes (CRUZ; MENDES, 2021). Outro fator relevante é que os bancos de dados forenses, como o Combined DNA Index System (CODIS), criado pelo FBI nos Estados Unidos, não identificam diretamente a pessoa, mas apenas comparam perfis genéticos para verificar se há coincidência com algum registro armazenado (KAYSER *et al.*, 2015).

O CODIS é composto por três níveis de banco de dados: o Local DNA Index System (LDIS), que reúne perfis obtidos em laboratórios locais; o State DNA Index System (SDIS), que integra dados regionais; e o National DNA Index System (NDIS), que consolida as informações em nível nacional. Esses níveis se comunicam entre si, permitindo a comparação automática de perfis genéticos coletados em diferentes regiões (HADDRILL, 2021).

No Brasil, foi instituída, pela Lei nº 12.654/2012, a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG), inspirada no modelo do CODIS, com o objetivo de armazenar e comparar perfis de indivíduos condenados por crimes graves e de

vestígios criminais coletados em investigações (CARRATTO; MENDES JÚNIOR, 2021).

Em resumo, o banco de dados funciona como uma referência comparativa que permite identificar coincidências entre amostras desconhecidas e perfis previamente inseridos, contribuindo significativamente para o avanço das investigações criminais, embora sua eficácia dependa da abrangência e da qualidade das informações genéticas disponíveis (LOPES, 2018).

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Realizar uma revisão sistemática sobre a contribuição e relevância do exame de DNA como ferramenta essencial e confiável na investigação criminal, com foco na identificação e exclusão de suspeitos, avaliando sua aplicação prática na reconstrução de perfis genéticos, especialmente em casos com vestígios biológicos escassos ou degradados, e destacando o papel dos bancos de dados genéticos na elucidação de crimes complexos.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Apresentar métodos laboratoriais utilizados para extrair, amplificar e comparar perfis genéticos.
- Abordar como a análise do DNA pode auxiliar na criação de perfis fenotípicos como cor da pele, olhos e cabelo para suspeitos sem identificação.
- Analisar como os bancos de DNA auxiliam na comparação de amostras coletadas em cenas de crimes com perfis já cadastrados.
- Demonstrar como a utilização de material genético é uma ferramenta essencial para a resolução de crimes destacar sua eficácia na investigação criminal.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A molécula de DNA apresenta variações genéticas conhecidas como polimorfismos, que correspondem a pequenas alterações nas sequências do material genético de diferentes indivíduos. Essas variações ocorrem, em sua maioria, em regiões codificantes e são responsáveis pela existência de diferentes fenótipos. Apesar de, em muitos casos, os polimorfismos não manifestarem características fenotípicas visíveis, eles podem ser utilizados para individualizar e caracterizar um ser humano em investigações forenses (GRIFFITHS *et al.*, 2015).

As regiões utilizadas na discriminação entre indivíduos em análises forenses geralmente consistem em sequências repetitivas de bases no DNA. O polimorfismo nessas regiões varia em número, permitindo a quantificação das repetições entre diferentes indivíduos, tornando-se um ponto-chave para a identificação humana no contexto forense (VIEIRA *et al.*, 2016). As regiões conhecidas como marcadores minissatélites (VNTR) consistem em sequências de 15 a 100 nucleotídeos que se repetem continuamente. Já os microssatélites (STR) possuem sequências menores, de 2 a 6 nucleotídeos, que se repetem algumas vezes ao longo do DNA (JEFFREYS *et al.*, 1985). Os microssatélites são os marcadores genéticos mais amplamente utilizados na área forense devido ao seu alto grau de individualização (PANNEERCHELVAM; NORAZMI, 2003).

A detecção dos polimorfismos pode ser realizada por meio de *primers* (iniciadores) em análises de PCR (*Polymerase Chain Reaction*), técnica que permite a síntese de DNA *in vitro*. Os produtos obtidos apresentam tamanhos variados e podem ser analisados por eletroforese em gel, onde moléculas menores migram mais rapidamente que moléculas maiores. Dessa forma, os padrões gerados no gel são altamente individualizados, tornando essa metodologia essencial para caracterizações criminais (WEIR; ZHENG, 2015).

Além disso, a molécula de DNA apresenta marcações biológicas resultantes da substituição de nucleotídeos individuais na cadeia, denominadas polimorfismos de nucleotídeo único (SNP's - Single Nucleotide Polymorphisms) (WANG *et al.*, 2015). Esses polimorfismos estão amplamente distribuídos no genoma humano e têm despertado crescente interesse na investigação forense (BUDOWLE; VAN DAAL, 2018). Os SNP's possuem características individuais e são ideais para aplicações

forenses, visto que apresentam baixas taxas de mutação, sendo úteis em testes de paternidade. Sua análise, combinada com tecnologias de alto rendimento, como PCR e sequenciamento de DNA, possibilita a criação de bancos de dados altamente representativos (CARRACEDO *et al.*, 2005).

A identificação de polimorfismos genéticos e marcadores moleculares no DNA depende de técnicas laboratoriais consolidadas, como a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), a eletroforese em gel e o sequenciamento de DNA, que, combinadas, permitem amplificar, visualizar e interpretar regiões específicas do material genético com alta precisão (BUDOWLE; VAN DAAL, 2018).

A PCR (Polymerase Chain Reaction) é uma técnica de amplificação que possibilita a obtenção de milhões de cópias de um fragmento específico de DNA a partir de uma quantidade mínima de amostra. Essa reação ocorre em ciclos repetidos de aquecimento e resfriamento que promovem a desnaturação da dupla hélice, o pareamento dos primers (iniciadores) e a extensão da nova cadeia por uma enzima DNA polimerase termoestável. Na genética forense, a PCR é fundamental, pois permite analisar vestígios biológicos muito pequenos ou degradados, como fios de cabelo, sangue seco ou células epiteliais (HADDRILL, 2021).

Após a amplificação, os fragmentos gerados podem ser separados e visualizados por eletroforese em gel, técnica que utiliza um campo elétrico para mover as moléculas de DNA através de um gel de agarose ou poliacrilamida. As moléculas menores migram mais rapidamente, formando um padrão de bandas que permite comparar tamanhos de fragmentos, identificar perfis genéticos e verificar a presença ou ausência de determinados alelos. Essa análise é essencial na interpretação de resultados de STRs e na confirmação da amplificação obtida pela PCR (BECKER; RODRIGUES, 2016).

Por fim, o sequenciamento de DNA consiste na leitura da ordem exata dos nucleotídeos (A, T, C e G) que compõem o material genético. Ele fornece informações detalhadas sobre as variações genéticas, incluindo os polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs). Nas investigações forenses, o sequenciamento é utilizado para identificar indivíduos, validar marcadores genéticos e desenvolver painéis de predição fenotípica, como os sistemas IrisPlex e HIrisPlex-S (CHAITANYA *et al.*, 2018).

Em conjunto, essas técnicas, PCR, eletroforese em gel e sequenciamento formam a base da análise molecular aplicada à genética forense, permitindo não apenas a identificação humana, mas também a reconstrução de características fenotípicas com base em vestígios biológicos (KAYSER *et al.*, 2023).

Embora a análise de STR's seja amplamente utilizada na rotina forense, vestígios contendo DNA podem ser encontrados em pequenas quantidades ou degradados, dificultando a obtenção de resultados conclusivos. Nesses casos, a análise de SNP's pode ser uma alternativa mais eficiente para obtenção de perfis genéticos confiáveis (DIVNE; ALLEN, 2004). Atualmente, a análise de DNA em provas criminais é considerada um método altamente preciso para identificação forense. Esse processo envolve a correlação de marcadores genéticos, como STR's e SNP's, com informações contidas em bancos de dados de indivíduos previamente registrados. No entanto, a principal limitação desse método é a escassez de referências nesses bancos de dados (KAYSER, 2015).

Para contornar essas limitações, cientistas desenvolveram métodos que permitem prever características externas visíveis a partir do DNA. Estudos demonstraram que determinados SNP's estão associados a características físicas, como cor dos olhos, cabelo e pele, além de tendências como calvície (FAGERTUN *et al.*, 2015). Essa abordagem, conhecida como Fenotipagem de DNA Forense, ainda se encontra em desenvolvimento, mas representa uma promessa significativa na identificação de indivíduos desconhecidos (WALSH *et al.*, 2011).

Estudos de associação genômica possibilitaram o aprofundamento na relação entre genótipo e fenótipo. Bancos de dados ricos em SNP's foram gerados, sendo observada uma predominância desses polimorfismos em regiões não codificadoras do DNA (ALLWOOD; HARBISON, 2013). O processo de identificação de SNP's e sua correlação com características fenotípicas envolve três etapas principais: seleção de polimorfismos candidatos, formulação de hipóteses estatísticas e validação dos resultados obtidos (KAYSER, 2015).

A fenotipagem de DNA Forense teve início por volta do ano 2000, mas seu desenvolvimento tem sido gradual devido à complexidade da interação entre genes e fatores ambientais na expressão fenotípica. No entanto, novas ferramentas laboratoriais têm sido implementadas para aprimorar essa técnica (KAYSER, 2015).

Um dos avanços notáveis é o sistema de genotipagem IriPlex, utilizado para prever a cor dos olhos e cabelos de indivíduos (WALSH *et al.*, 2013).

A cor dos olhos é um fenótipo polimórfico amplamente estudado devido à sua relação com a ancestralidade humana. Inicialmente, acreditava-se que o gene OCA2, localizado no cromossomo 15, era o principal responsável pela determinação da cor dos olhos, mas estudos recentes indicam que o gene HERC2 tem um papel ainda mais significativo nessa característica (WALSH *et al.*, 2011). Além disso, características faciais também podem estar associadas a variações genéticas, incluindo a largura do nariz, espaçamento entre os olhos e formato da boca. Pesquisas já identificaram aproximadamente 20 genes relacionados a variações na estrutura facial (CLAES *et al.*, 2014).

A maior parte dos estudos nessa área foi conduzida em populações europeias, onde há menor diversidade genética. No Brasil, um dos países mais etnicamente diversos do mundo, a avaliação gênica ainda está em fase de desenvolvimento (FRIDMAN *et al.*, 2015). Estudos indicam que o gene SLC45A2, frequentemente analisado em pesquisas forenses, influencia significativamente a pigmentação da pele, cabelos e olhos, possibilitando a associação de SNP's a fenótipos em populações heterogêneas (FRIDMAN *et al.*, 2015).

Além das características já mencionadas, outros aspectos, como idade, estatura e estrutura capilar, também têm sido investigados por meio da análise de polimorfismos genéticos. No entanto, suspeitos de crimes podem tentar burlar a identificação forense por meio de alterações estéticas, como tintura de cabelo e uso de lentes de contato coloridas. Por isso, a fenotipagem de DNA deve ser utilizada como uma ferramenta complementar dentro da investigação criminal, sempre associada a outras fontes de evidência (KAYSER, 2015).

4 METODOLOGIA

Esta pesquisa caracteriza-se como um estudo de revisão sistemática e foi baseada em uma análise cuidadosa de artigos científicos, livros especializados e publicações relevantes nas áreas de ciência forense e perícia criminal. Para garantir a relevância e atualidade dos dados, a pesquisa utilizou como base os dados entre os anos de 2015 a setembro de 2025 e como fontes bases de dados científicas reconhecidas, incluindo PubMed, SciELO e artigos publicados.

A pesquisa de artigos foi realizada utilizando as palavras-chave: “regiões microssatélites e minissatélites do DNA”, “perícia criminal”, “reconstrução de suspeitos” e “ciências forenses” com finalidade de responder a seguinte pergunta: “de que maneira a análise do DNA contribui para a identificação de suspeitos criminais, especialmente em casos em que os vestígios biológicos são mínimos ou degradados?”

O processo de seleção dos artigos seguiu uma abordagem em três etapas para garantir que apenas os estudos mais relevantes sejam incluídos, foram incluídos estudos observacionais (transversais e caso-controle) e estudos de validação de métodos genéticos, que analisam a aplicabilidade do DNA na predição de características fenotípicas e identificação de suspeitos criminais. Primeiramente, serão analisados os títulos dos artigos encontrados nas bases de dados. Os artigos cujos títulos indicarem claramente a relação com o tema da pesquisa serão selecionados para a próxima etapa. Em seguida, será procedida à leitura dos resumos dos artigos selecionados na etapa anterior. Artigos cujo resumo descreva uma abordagem clara sobre o uso de DNA na perícia criminal e a reconstrução de perfis genéticos foram mantidos para análise completa. Artigos cujos resumos apresentem temas vagos ou não diretamente relacionados foram descartados. Por fim, foi realizada a leitura completa dos artigos que passaram pelas duas etapas anteriores. Apenas os artigos que se apresentarem robustos, com informações científicas consistentes sobre a aplicação do DNA em investigações criminais, foram considerados na revisão.

Os critérios de inclusão foram estabelecidos para garantir que apenas os estudos mais relevantes e científicos sejam selecionados como artigos que tratem especificamente do uso de DNA na perícia criminal, com foco na identificação e exclusão de suspeitos, reconstrução de perfis genéticos e fenotípicos em

investigações criminais; estudos que avaliem a confiabilidade dos métodos de análise de DNA em diversos cenários periciais, incluindo situações com vestígios biológicos escassos ou degradados; pesquisas que discutam as propriedades do DNA, como as regiões microssatélites e minissatélites, e como esses elementos são aplicados na ciência forense; estudos que abordem a integração de bancos de dados genéticos, como o Banco Nacional de Perfis Genéticos, e a utilidade desses dados para a elucidação de crimes complexos.

Para garantir a qualidade e precisão da pesquisa, os seguintes critérios de exclusão foram adotados: artigos que apresentem dados conflitantes ou imprecisos, que abordem apenas superficialmente a aplicação do DNA na reconstrução de perfis genéticos e fenotípicos e não será levado em conta também se o artigo está disponível apenas como resumo.

A pesquisa foi limitada a artigos publicados nos idiomas inglês e português. Isso se deve ao fato de que esses são os idiomas nos quais a maioria das publicações científicas sobre o tema está disponível e acessível. A data de finalização da pesquisa foi até setembro de 2025, o que significa que os artigos publicados até essa data foram considerados. Isso é importante, pois artigos publicados após esse mês poderão não ser incluídos, e o recorte temporal garantirá que a pesquisa se concentre em estudos atualizados até o período de corte.

Em relação ao acesso aos artigos pagos, foi dada preferência a estudos que estejam disponíveis em acesso aberto ou em repositórios acadêmicos gratuitos a fim de otimizar os recursos da pesquisa. Para garantir uniformidade na análise, foi estabelecido um padrão de extração de dados a partir de cada artigo selecionado. As informações coletadas incluem: autor(es), ano de publicação, tipo de estudo, objetivo do estudo, número de amostras, marcadores genéticos analisados, técnicas de análise utilizadas, traços fenotípicos investigados (cor de olhos, cabelo, pele), principais resultados quantitativos (R^2 , AUC ou outras medidas de acurácia) e limitações reportadas pelos autores. Todos os dados foram estudados, garantindo que cada artigo fosse avaliado com o mesmo critério.

A interpretação dos resultados consistiu na análise comparativa entre os estudos, com foco em identificar padrões de acurácia na predição de características fenotípicas, populações avaliadas e limitações reportadas. Esta abordagem permitiu sintetizar informações relevantes de forma estruturada, possibilitando discutir a

aplicabilidade do DNA na reconstrução de perfis de suspeitos criminais e apontar lacunas existentes na literatura, especialmente em populações miscigenadas como a brasileira.

5 JUSTIFICATIVA

A criminalidade constitui um dos principais desafios enfrentados pelas sociedades contemporâneas, exigindo o constante aprimoramento dos métodos de investigação. Nesse contexto, a análise de DNA tem se consolidado como uma das ferramentas mais precisas e confiáveis na identificação de suspeitos, mesmo a partir de vestígios biológicos mínimos ou degradados. Técnicas como a análise de repetições curtas em tandem (STRs), a reação em cadeia da polimerase (PCR) e o sequenciamento de DNA permitem a individualização genética com elevado grau de precisão, contribuindo significativamente para a elucidação de crimes e a redução de erros judiciais.

Entretanto, a efetividade dessas análises depende da existência de bancos de dados genéticos amplos e representativos da diversidade populacional. No Brasil, embora o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) represente um avanço, o número de perfis armazenados ainda é limitado, dificultando a efetividade das comparações genéticas. Além disso, desafios operacionais, legais e éticos comprometem a coleta sistemática de material genético de condenados e investigados.

Diante dessas limitações, destaca-se o avanço da fenotipagem forense, técnica emergente que permite inferir características físicas de um indivíduo — como cor da pele, olhos, cabelos e traços faciais — com base em marcadores genéticos. Essa abordagem torna-se particularmente relevante na ausência de correspondência em bancos genéticos, oferecendo pistas visuais que podem direcionar a investigação criminal.

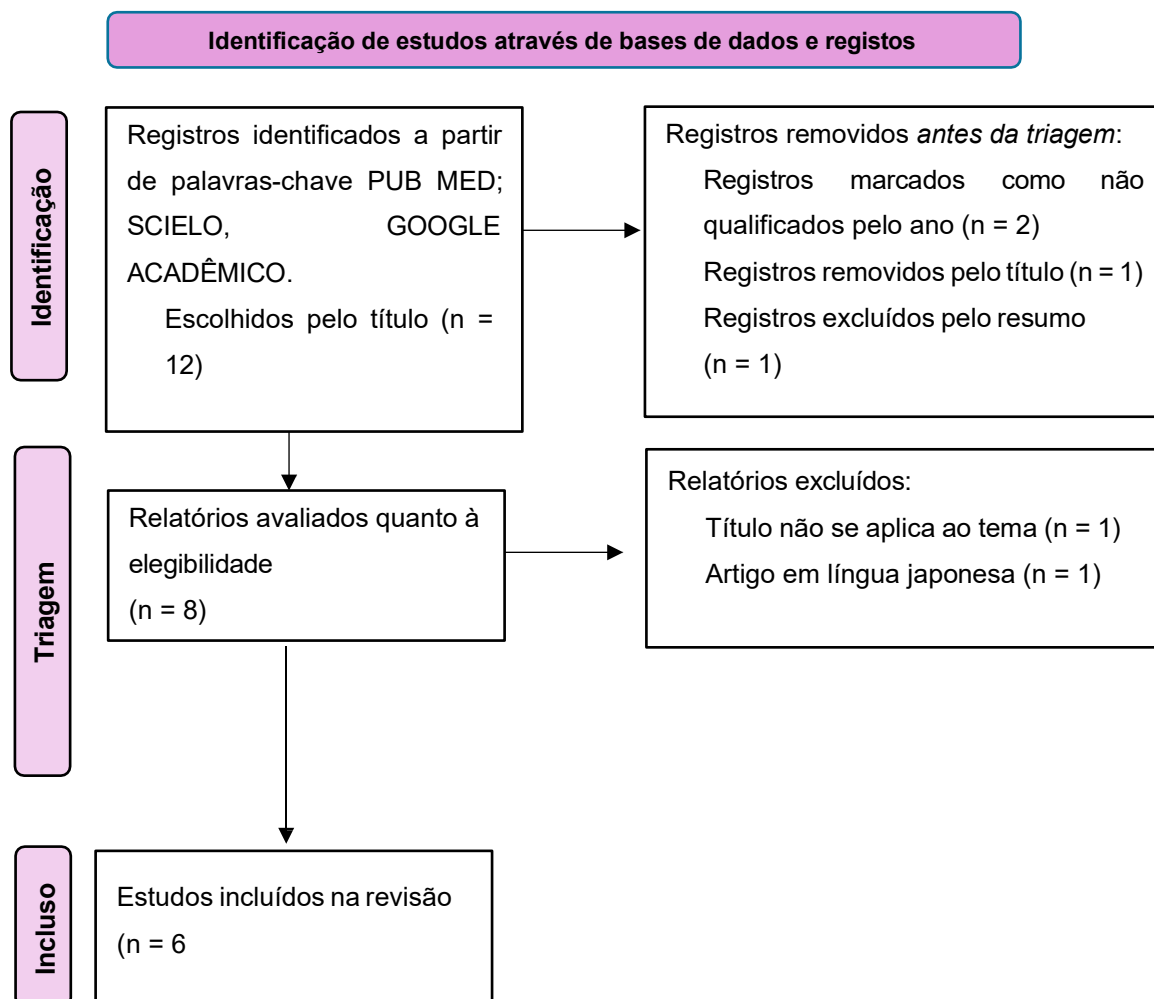
O presente trabalho justifica-se por três pilares principais: o científico, ao discutir a aplicabilidade, os limites e as inovações no uso do DNA na perícia criminal; o social, ao abordar uma temática de impacto direto na segurança pública e na promoção da justiça; e o investigativo, ao destacar a importância da integração entre recursos tecnológicos e métodos tradicionais de investigação.

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A busca inicial resultou em aproximadamente 12 artigos sendo artigos científicos escolhidos relacionados ao tema. Os estudos foram inicialmente selecionados com base na presença das palavras-chave e, em seguida, foram excluídos dois artigos que não se enquadravam no recorte temporal estabelecido (2015 a 2025), um artigo por apresentar apenas o resumo disponível, e um artigo por estar publicado em língua japonesa, não atendendo ao critério linguístico adotado (português e inglês). Além disso, dois artigos foram removidos por tratarem de temas relacionados à análise forense, porém sem relação direta com o uso do DNA na elucidação de suspeitos criminais.

Após a aplicação dos critérios, seis artigos permaneceram na amostra final, sendo esses os que melhor se adequaram à proposta da pesquisa e forneceram base científica consistente para a discussão sobre a importância do DNA na reconstrução de suspeitos criminais e o avanço da fenotipagem forense como ferramenta auxiliar na investigação criminal.

ETAPAS DE ANÁLISE DE DADOS DA PESQUISA



CONTRIBUIÇÕES DE ESTUDOS SOBRE DNA NA RECONSTRUÇÃO DE SUSPEITOS CRIMINAIS.

AUTOR(E) / ANO	OBJETIVO	CONTRIBUIÇÃO PARA O TCC	REVISTA
Penélope R. Haddrill (2021)	Apresentar avanços da genética forense além do STR, incluindo sequenciamento massivo, RNA, SNPs, epigenética e genealogia genética.	Destaca avanços da genética forense além do STR, mostrando como técnicas como sequenciamento massivo, RNA, SNPs, epigenética e genealogia genética ampliam a reconstrução de suspeitos.	<i>Portland Press Limited</i> – Sociedade Bioquímica e da Sociedade Real de Biologia
Manfred Kayser <i>et al.</i> (2023)	Discutir a fenotipagem forense de DNA para previsão de aparência, ancestralidade e idade.	Demonstra que a fenotipagem de DNA permite prever aparência, ancestralidade e idade, mas ainda precisa de validação para aplicação prática.	<i>ScienceDirect</i>
Chaitanya <i>et al.</i> (2018)	Apresentar e validar o sistema HirisPlex-S para previsão simultânea de cor de olhos, cabelo e pele.	Apresenta o HirisPlex-S, ferramenta prática para previsão simultânea de cor de olhos, cabelo e pele, útil quando o DNA tradicional não é suficiente.	Ciência Forense Internacional: Genética
Bruce Budowle & Angela van Daal (2018)	Mostrar a aplicabilidade dos SNPs em amostras degradadas para	Evidencia o uso de SNPs em amostras degradadas, permitindo análise de identidade,	<i>BioTechniques</i>

	análise de identidade, ancestralidade e fenótipo.	ancestralidade e fenótipo, e ressalta questões éticas e de privacidade.	
Brunna Luíze Alves de Araújo (2016)	Apresentar a fenotipagem como recurso para prever características externas e ampliar a precisão na identificação.	Mostra a fenotipagem como recurso para prever características externas e aumentar a precisão na identificação de suspeitos.	Acta de Ciências e Saúde
Thássia M. T. Carratto & Celso T. Mendes Junior (2021)	Discutir a fenotipagem como alternativa à análise genética tradicional e suas implicações éticas, morais e legais.	Aponta a fenotipagem como alternativa à análise genética tradicional, reforçando o potencial investigativo, mas destacando questões éticas e legais.	Genética na Escola

Quadro 1 – (Fonte: elaborado pelo autor).

O quadro apresentado sintetiza os principais estudos relacionados à fenotipagem de DNA e à reconstrução de suspeitos criminais, destacando os objetivos, resultados e a relevância de cada pesquisa para o tema do TCC. De forma geral, os trabalhos analisados demonstram que a genética forense evoluiu significativamente, passando de métodos tradicionais de identificação para técnicas capazes de reconstruir o perfil físico de suspeitos, fornecendo informações detalhadas sobre características externas, ancestralidade e idade.

O estudo de Haddrill (2021) enfatiza os avanços recentes da genética forense além da análise tradicional de STR. O artigo destaca o sequenciamento massivo, a genotipagem probabilística, o uso de RNA, os SNPs para previsão de fenótipos, a epigenética e a genealogia genética. Esses avanços permitem não apenas confirmar a identidade de suspeitos, mas também reconstruir características físicas de forma mais detalhada, ampliando o leque de informações disponíveis em investigações

criminais, autora apresenta uma abordagem ampla e inovadora, mostrando que a integração de diversas tecnologias aumenta a precisão na reconstrução de suspeitos.

Manfred Kayser *et al.* (2023) reforçam que a fenotipagem forense possibilita prever aparência, ancestralidade e idade, mas ressaltam a necessidade de validação adicional e de mais pesquisas para aplicação prática confiável. Este estudo complementa os dados de Haddrill (2021) ao demonstrar que, apesar do avanço tecnológico, a fenotipagem ainda enfrenta desafios para sua implementação em larga escala e em contextos forenses complexos.

O artigo de Chaitanya *et al.* (2018) apresenta o sistema HirisPlex-S, validado para prever simultaneamente a cor dos olhos, cabelo e pele a partir de SNPs específicos. Essa ferramenta se mostra especialmente útil quando o perfil de DNA tradicional não é suficiente, fornecendo dados diretos que auxiliam na reconstrução física de suspeitos e em investigações criminais. Trata-se de uma aplicação prática imediata das teorias de fenotipagem discutidas nos trabalhos anteriores.

Budowle e Daal (2018) destacam os SNPs como alternativa promissora, especialmente em amostras degradadas ou escassas. Eles permitem análises de identidade, ancestralidade e fenótipo mesmo em situações complexas, mas também chamam atenção para as questões éticas e de privacidade associadas a esses marcadores, reforçando que o avanço tecnológico deve ser acompanhado de responsabilidade na prática forense.

O estudo de Araújo (2016) evidencia que a fenotipagem aumenta a precisão na identificação de suspeitos e permite prever características externas visíveis. Diferentemente de estudos que enfatizam tecnologias avançadas, este artigo destaca o valor da previsão de traços físicos como complemento à comparação tradicional de perfis genéticos, consolidando o conceito de que o DNA não apenas identifica, mas também possibilita reconstruir o perfil físico de suspeitos criminais.

Por fim, Carratto e Mendes Junior (2021) apresentam a fenotipagem como alternativa à análise genética tradicional, permitindo prever características físicas do suspeito e gerar novas pistas investigativas. No entanto, os autores alertam para questões éticas, morais e legais, equilibrando os avanços tecnológicos com a necessidade de aplicação responsável.

O DNA consolidou-se, desde a década de 1990, como uma das principais ferramentas da genética forense, sendo amplamente utilizado em testes de paternidade e identificação de suspeitos por meio da análise de microssatélites (STRs) e outros marcadores genéticos. No entanto, em situações nas quais o material biológico está degradado, em pequena quantidade ou não há suspeitos para comparação direta, as metodologias convencionais tornam-se limitadas (CARRATTO; MENDES JUNIOR, 2021).

Nessas circunstâncias, a Fenotipagem Forense por DNA (FDP) surge como uma abordagem inovadora e complementar, capaz de inferir características físicas e biológicas de um indivíduo a partir do material genético. Essa técnica permite prever Características Externas Visíveis (EVCs) como cor dos olhos, do cabelo e da pele e inferir informações adicionais, como bioancestralidade geográfica e idade epigenética, podendo ainda auxiliar na reconstrução facial de restos mortais e na identificação de vítimas de desastres em massa. Além da criminalística, tem aplicações na antropologia forense e na paleogenética, contribuindo para o estudo da evolução e migração populacional.

Nos últimos anos, o avanço da FDP tem sido impulsionado por estudos de associação genômica ampla (GWAS) e análises de genes candidatos, que identificaram polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) fortemente associados às características de pigmentação humana. Esses achados possibilitaram o desenvolvimento de modelos de previsão fenotípica com elevada acurácia, como os sistemas IrisPlex e HirisPlex, posteriormente aprimorados para o HirisPlex-S, capaz de prever simultaneamente cor dos olhos, cabelo e pele (MARONAS *et al.*, 2014; LIU *et al.*, 2015; POSPIECH *et al.*, 2019).

O IrisPlex é um sistema de genotipagem desenvolvido para prever a cor dos olhos de um indivíduo a partir da análise de marcadores genéticos específicos do DNA. Ele utiliza um conjunto de seis SNPs distribuídos em genes fortemente associados à pigmentação da íris, como HERC2 e OCA2, alcançando altos índices de acurácia principalmente para olhos azuis e castanhos. Essa ferramenta foi um dos primeiros modelos de fenotipagem forense validados e representou um avanço importante na capacidade de inferir características físicas a partir de vestígios genéticos encontrados em locais de crime. (WALSH *et al.*, 2011).

Com o progresso das pesquisas, o IrisPlex foi expandido para o HirisPlex e, posteriormente, para o HirisPlex-S, uma versão aprimorada e mais abrangente. O HirisPlex-S permite a predição simultânea da cor dos olhos, cabelos e pele, analisando 41 SNPs distribuídos em genes relacionados à pigmentação, como *MC1R*, *TYR*, *SLC24A5*, *SLC45A2*, *ASIP*, *KITLG*, *HERC2* e *OCA2*. Essa ampliação tornou o método mais robusto, permitindo resultados confiáveis mesmo quando o DNA está degradado ou em pequena quantidade, condição comum em vestígios forenses. (WALSH *et al.*, 2013).

Os resultados gerados pelo sistema HirisPlex-S são expressos em probabilidades estatísticas para cada categoria de cor, utilizando modelos matemáticos de predição. A ferramenta é amplamente utilizada em laboratórios forenses internacionais. (CHAITANYA *et al.*, 2018).

Em síntese, tanto o IrisPlex quanto o HirisPlex-S representam avanços fundamentais na genética forense moderna, pois permitem que a análise de DNA vá além da simples identificação, auxiliando na reconstrução de características morfológicas de suspeitos e vítimas especialmente em casos sem testemunhas ou sem correspondência nos bancos de dados genéticos. (KAYSER *et al.*, 2023).

Essas ferramentas utilizam painéis compostos por dezenas de SNPs distribuídos em genes determinantes da pigmentação, como *MC1R*, *OCA2*, *SLC45A2*, *SLC24A5*, *TYR*, *ASIP*, *HERC2*, *KITLG* e *BNC2*. O gene *MC1R*, por exemplo, está fortemente associado ao fenótipo de cabelos ruivos e pele clara, especialmente em populações europeias, enquanto variantes em *SLC24A5* e *SLC45A2* influenciam diretamente a coloração da pele e dos olhos. Já *HERC2* regula a expressão de *OCA2*, sendo responsável por grande parte da variação entre olhos azuis e castanhos (VALENZUELA *et al.*, 2010; CARRATTO; MENDES JUNIOR, 2021).

Essa mesma correlação entre marcadores genéticos e características fenotípicas é corroborada no estudo original de validação do sistema HirisPlex-S, que descreve a análise de 41 SNPs distribuídos em 37 genes relacionados à pigmentação, confirmando a alta acurácia do método para predição simultânea da cor dos olhos, cabelo e pele (WALSH *et al.*, 2018). De modo complementar, Budowle e Van Daal (2018) classificam esses marcadores como “phenotype-informative SNPs (PISNPs)” ou seja, informativos de fenótipos, reconhecendo sua relevância na inferência de

características físicas em amostras forenses. Já Araújo (2016) reforça a aplicabilidade prática desses polimorfismos, discutindo como o DNA pode ser utilizado para descrever o fenótipo de suspeitos a partir de vestígios biológicos, ainda que sem detalhar os genes específicos. De forma semelhante, Carratto e Mendes Junior (2021) abordam os SNPs como os marcadores de maior valor para análise forense contemporânea, principalmente em amostras degradadas, destacando sua eficiência na reconstrução de perfis físicos.

Os estudos analisados demonstraram variação na acurácia do sistema HirisPlex-S conforme a população avaliada. Enquanto autores como Chaitanya et al. (2018) relataram taxas de acurácia superiores para a predição da cor dos olhos, pele e cabelos, outros estudos, como Maronas et al. (2014), observaram redução dessa precisão em populações altamente miscigenadas. Essas diferenças evidenciam a influência da diversidade genética populacional nos resultados da fenotipagem forense.

COMPARAÇÃO DE ESTUDOS GENÉTICOS NA RECONSTRUÇÃO DE FENÓTIPOS

Autor / Ano	Genes ou SNPs abordados	Tipo de estudo	Contribuição principal para o tema
Walsh <i>et al.</i> (2018)	41 SNPs distribuídos em 37 genes, incluindo <i>MC1R</i> , <i>OCA2</i> , <i>HERC2</i> , <i>SLC24A5</i> , <i>SLC45A2</i> , <i>ASIP</i> , <i>TYR</i> , <i>KITLG</i> e <i>BNC2</i> .	Experimental e validatório	Valida o sistema HirisPlex-S, confirmando sua precisão para prever cor de olhos, cabelo e pele.
Valenzuela <i>et al.</i> (2010)	<i>MC1R</i> , <i>OCA2</i> , <i>HERC2</i> , <i>SLC24A5</i> e <i>SLC45A2</i> .	Experimental	Correlaciona variações genéticas com fenótipos de pigmentação,

			destacando a importância desses genes na aparência humana.
Budowle; Van Daal (2018)	Classificação conceitual dos SNPs (PISNPs, AISNPs, LISNPs).	Teórico-conceitual	Define os <i>phenotype-informative</i> SNPs (PISNPs) como marcadores úteis para inferência de características físicas.
Araújo (2016)	Não especifica genes; discute o uso de polimorfismos genéticos.	Revisão de literatura	Reforça o uso dos SNPs como ferramenta prática para descrever o fenótipo de suspeitos em contextos forenses.
Carratto; Mendes Junior (2021)	Referência aos polimorfismos do tipo SNP aplicados à fenotipagem forense.	Revisão teórico-aplicada	Explica o papel dos SNPs como marcadores ideais para DNA degradado e para reconstrução fenotípica.

Quadro 2: (Fonte: elaborado pelo autor).

Assim, observa-se uma convergência entre os estudos analisados quanto ao papel dos SNPs na predição de fenótipos humanos. Enquanto as pesquisas de base experimental como as de Walsh *et al.* (2018) e Valenzuela *et al.* (2010) identificam os genes determinantes da pigmentação, os trabalhos de natureza teórica e conceitual como Araújo (2016), Budowle; Van Daal (2018) e Carratto; Mendes Junior (2021)

reforçam o potencial desses marcadores como ferramentas complementares às análises genéticas tradicionais, consolidando a fenotipagem forense como um avanço científico relevante na elucidação de suspeitos criminais.

Estudos comparativos como os realizados por Valenzuela *et al.* (2010) e Maronas *et al.* (2014) demonstram que a predição da cor dos olhos e dos cabelos apresenta acurácia superior à da cor da pele, pois as características oculares e capilares são influenciadas por menos genes, enquanto a tonalidade da pele resulta da interação de múltiplos fatores genéticos e ambientais, o que aumenta sua complexidade. No estudo de Valenzuela *et al.* (2010), realizado com populações de ancestralidade mista, os autores obtiveram um R^2 de 45,7% na predição de tons de pele utilizando apenas três SNPs, isto é, variações genéticas pontuais. Esse valor indica que o modelo explicou menos da metade da variação da cor da pele entre os indivíduos, evidenciando a limitação dos modelos iniciais, que consideravam poucos marcadores genéticos.

Já Maronas *et al.* (2014), ao aplicar o sistema HirisPlex um painel de marcadores genéticos voltado para prever cor dos olhos, cabelo e pele em uma amostra europeia, alcançaram AUC (Área sob a Curva) de 0,999 para tons de pele branca, 0,996 para tons negros e 0,803 para tons intermediários. Esses valores de AUC indicam o grau de precisão do modelo, sendo que valores próximos de 1 representam alta acurácia. Assim, o estudo mostrou excelente desempenho nas extremidades, tons muito claros e muito escuros, mas menor precisão nos tons miscigenados, ou seja, nas cores intermediárias.

Essa limitação é atribuída tanto ao tamanho reduzido das amostras quanto ao fato de a maioria dos estudos terem sido conduzidos em populações geneticamente homogêneas, como europeias. Por isso, reforça-se a importância de validar esses modelos em contextos populacionais diversos, como o brasileiro, onde há alta miscigenação e maior variação fenotípica, o que pode afetar diretamente a acurácia das predições genéticas.

Para aprimorar a precisão, novos modelos foram desenvolvidos com amostras mais amplas e diversas. Um estudo feito por Chaitanya L. *et al.* recente avaliou 77 SNPs de 37 genes em mais de 2.000 indivíduos de diferentes continentes, gerando um modelo capaz de classificar cinco categorias de cor de pele com acurácia variável:

muito pálida (AUC 0,75), pálida (0,73), intermediária (0,75), escura (0,84) e muito escura (0,98). Essa ampliação das categorias e do número de marcadores aumentou a confiabilidade das previsões, especialmente em populações miscigenadas (POSPIECH *et al.*, 2019).

O sistema HirisPlex-S, amplamente validado, combina dois ensaios de genotipagem multiplex baseados na Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e na técnica SNaPshot, que utiliza a extensão de primer de base única para identificar com precisão os polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs). Inicialmente, a PCR é empregada para amplificar as regiões específicas do DNA que contêm os SNPs de interesse, mesmo quando a amostra apresenta baixa quantidade ou está parcialmente degradada. Essa etapa de amplificação é essencial, pois gera cópias suficientes do fragmento-alvo, permitindo que as etapas subsequentes de detecção sejam realizadas com alta sensibilidade e especificidade.

Após a amplificação, a técnica SNaPshot é aplicada. Nela, primers específicos se ligam imediatamente antes da posição do SNP, e uma única base marcada por fluorescência é incorporada durante a reação, revelando qual nucleotídeo está presente. Esse processo permite analisar múltiplos SNPs simultaneamente (multiplex) em uma única reação, tornando-o extremamente eficiente em amostras forenses degradadas ou escassas.

O HirisPlex-S analisa 41 SNPs sendo 36 relacionados à pigmentação da pele e foi otimizado para gerar fragmentos curtos (150–170 pb), adequados para DNA degradado. Estudos interlaboratoriais confirmaram sua reprodutibilidade e sensibilidade, com taxa média de acerto fenotípico de 93,3%. Entretanto, algumas limitações técnicas, como desequilíbrio alélico e perdas de sinal em determinados marcadores, podem ocorrer. Um exemplo é o SNP ASIP rs6059655, localizado no gene *Agouti Signaling Protein*, associado à pigmentação da pele e dos cabelos. Esse marcador, embora informativo, pode apresentar falhas de leitura quando o DNA está excessivamente degradado. (CHAITANYA *et al.*, 2018). Nesses casos, recomenda-se que o marcador seja analisado individualmente por meio de uma reação singleplex, isto é, um teste isolado que avalia apenas um SNP por vez, aumentando a confiabilidade dos resultados. (CHAITANYA *et al.*, 2018; KAYSER *et al.*, 2023).

Em síntese, o uso combinado da PCR para amplificação do DNA, da técnica SNaPshot para genotipagem multiplex e da abordagem singleplex para validação individual reforça a robustez do sistema HlrisPlex-S, garantindo resultados consistentes mesmo em amostras genéticas de baixa qualidade.

Além disso, o ensaio HlrisPlex-S demonstrou desempenho satisfatório em misturas de DNA, embora a diferenciação entre amostras de indivíduos com fenótipos semelhantes ainda seja desafiadora. Por isso, os SNPs não substituem os STRs na detecção de misturas, mas funcionam de forma complementar. Com o avanço das tecnologias de sequenciamento paralelo massivo (MPS), espera-se superar essas limitações e ampliar a precisão das análises fenotípicas, tornando-as mais acessíveis aos laboratórios forenses, já que o MPS é uma tecnologia que sequencia milhões de fragmentos de DNA simultaneamente, permitindo uma análise rápida e em larga escala de genomas, enquanto o sequenciamento tradicional faz uma única leitura de sequência de DNA por vez (VISAGE CONSORTIUM, 2019).

No contexto brasileiro, a aplicação prática da fenotipagem enfrenta desafios particulares devido à alta miscigenação genética. Modelos desenvolvidos a partir de populações europeias apresentam desempenho reduzido quando aplicados no Brasil. Por isso, pesquisas nacionais como as conduzidas pelo Laboratório de Pesquisas Forenses e Genômicas da USP buscam identificar marcadores adaptados à diversidade genética brasileira, com o objetivo de construir modelos de predição mais precisos para fenótipos intermediários, especialmente tons médios de pele, olhos e cabelo (CARRATTO; MENDES JUNIOR, 2021).

Apesar do potencial científico e investigativo, a implementação da FDP ainda esbarra em limitações éticas e legais. A Lei nº 12.654/2012 regula o uso de perfis genéticos no Brasil, mas proíbe o armazenamento de informações que revelem características físicas ou comportamentais, restringindo-se apenas à identificação por STRs. Isso gera debates sobre privacidade genética, presunção de inocência e risco de uso discriminatório das informações (MARANO *et al.*, 2010). Em 2012 essa mesma lei foi atualizada para Lei nº 13.964/2019, conhecida como Pacote Anticrime, promoveu alterações relevantes na legislação penal brasileira, incluindo dispositivos relacionados ao banco de perfis genéticos. Embora tenha ampliado a discussão jurídica sobre o uso do DNA na persecução penal, manteve-se a vedação ao armazenamento e à utilização de dados genéticos que revelem características

fenotípicas ou informações sensíveis, como traços físicos e étnico-raciais. Dessa forma, apesar dos avanços normativos, a fenotipagem forense permanece juridicamente restrita no Brasil. Assim, até que exista regulamentação específica, a Fenotipagem de DNA deve ser utilizada apenas de forma complementar e orientativa, jamais como prova isolada de identificação.

Em perspectiva futura, grandes consórcios internacionais, como o VISAGE Project (Visible Attributes Through Genomics), vêm investindo na ampliação da FDP para prever estatura, tipo e curvatura do cabelo, presença de sardas e traços faciais com base em múltiplos SNPs e métodos de aprendizado de máquina. Esses avanços indicam que a fenotipagem forense tem potencial para transformar a investigação criminal, oferecendo perfis biológicos detalhados mesmo na ausência de suspeitos ou testemunhas. (VISAGE CONSORTIUM, 2019).

Em síntese, os estudos analisados reforçam que a fenotipagem de DNA é uma ferramenta valiosa na reconstrução de suspeitos criminais, oferecendo informações complementares à identificação tradicional. Embora ferramentas como HIrisPlex-S e SNPs sejam promissoras, ainda existem desafios relacionados à validação, precisão e implicações éticas. Dessa forma, a integração de diferentes técnicas de genética forense amplia significativamente o potencial investigativo, contribuindo para a solução de crimes com maior eficiência e responsabilidade.

7. CONCLUSÃO

O DNA consolidou-se como uma das ferramentas mais confiáveis e transformadoras da investigação criminal moderna, permitindo identificar indivíduos com alta precisão mesmo em situações de vestígios escassos ou degradados. A evolução das técnicas genéticas, especialmente o uso de STRs, SNPs e da fenotipagem forense, ampliou as possibilidades da perícia ao permitir não apenas a identificação, mas também a reconstrução de características físicas e biológicas de suspeitos.

Os resultados observados na literatura demonstram que sistemas como o HirisPlex-S e o IrisPlex alcançam altos índices de acurácia para predição de cor de olhos, cabelo e pele, representando um avanço importante nas investigações criminais. Contudo, desafios persistem quanto à diversidade genética de populações miscigenadas, como a brasileira, e às limitações éticas e legais relacionadas ao uso e armazenamento de informações genéticas.

Dessa forma, o presente artigo demonstra que a fenotipagem forense deve ser vista como uma ferramenta complementar à análise tradicional de DNA, agregando informações valiosas para a investigação criminal sem substituir os métodos convencionais de identificação. O futuro da genética forense aponta para a integração entre tecnologia, bioinformática e regulamentação ética, permitindo que a ciência continue a contribuir para a justiça de forma segura, precisa e responsável.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA, Rafaela; COSTA, Lucas. Análise de vestígios biológicos em locais de crime: a importância da extração de DNA. **Revista Brasileira de Criminalística**, v. 8, n. 2, p. 45–52, 2019.
- BECKER, Daniela; RODRIGUES, Marcos. A contribuição dos bancos de dados genéticos na elucidação de crimes. **Revista Brasileira de Ciências Criminais**, v. 24, n. 113, p. 105–122, 2016.
- BRASIL. Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Banco Nacional de Perfis Genéticos: relatório de atividades 2020**. Brasília: MJSP, 2020. Disponível em: <https://www.justica.gov.br>. Acesso em: 1 maio 2025.
- BUDOWLE, Bruce; VAN DAAL, Angela. Forensically relevant SNP classes. **BioTechniques**, v. 44, n. 5, p. 603–611, 2018. DOI: 10.2144/000112806.
- CARRATTO, Thássia Maria Tavares; MENDES JUNIOR, Celso Teixeira. Um novo uso do DNA na resolução de crimes: predição de características morfológicas de suspeitos. **Genética na Escola**, v. 16, n. 2, p. 208–217, 2021.
- CHAITANYA, Lalji; BRESLIN, Karen; ZUÑIGA, Sofia; WIRKEN, Linda; POSPIECH, Ewelina; KUKLA-BARTOSZEK, Monika; SIJEN, Titia; DE KNIJFF, Peter; LIU, Fan; BRANICKI, Wojciech; KAYSER, Manfred; WALSH, Susan. The HirisPlex-S system for eye, hair and skin colour prediction from DNA: introduction and forensic developmental validation. **Forensic Science International: Genetics**, v. 35, p. 123–135, 2018. DOI: 10.1016/j.fsigen.2018.04.004.
- CONSELHO NACIONAL DE POLÍTICA CRIMINAL E PENITENCIÁRIA (CNPCCP). Resolução nº 9, de 11 de novembro de 2014. Dispõe sobre o banco nacional de perfis genéticos e coleta de material biológico. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 14 nov. 2014. Disponível em: <https://www.gov.br/mj>. Acesso em: 10 nov. 2025.
- CRUZ, Ana Maria; MENDES, Flávia Souza. O uso do DNA como ferramenta de investigação criminal: limitações e possibilidades. **Revista de Ciências Policiais**, v. 12, n. 1, p. 133–147, 2021.
- CUNHA, Eugénia. **Identificação humana: introdução à antropologia forense**. 2. ed. São Paulo: Edusp, 2012.
- FAGERTUN, Janne; HÅBER, Sonja; DIETTER, Jan; EIDE, Geir Egil; NORLIEN, Helge; LIAO, Ying; THALMANN, Nadia Magnenat; HANSSEN, Anne Merete. Predicting human hair color from DNA using novel SNPs identified in a genome-wide association study. **Forensic Science International: Genetics**, v. 15, p. 123–131, 2015. DOI: 10.1016/j.fsigen.2014.10.014.
- FERNANDES, Patrícia; LIMA, Marcos; ROCHA, Denise. O uso do DNA no esclarecimento de crimes no Brasil: avanços e desafios. **Revista Brasileira de Ciências Policiais**, v. 11, n. 2, p. 89–103, 2020.
- GUIMARÃES, Tatiane Campos. Avanços da ciência forense: a confiabilidade da análise genética. **Revista de Direito Penal e Processual Penal**, v. 5, n. 1, p. 77–84, 2018.

HADDRILL, Penélope R. Developments in forensic DNA analysis. **Emerging Topics in Life Sciences**, v. 5, n. 3, p. 381–393, 2021.

INTERPOL. **DNA databases: supporting forensic investigations globally**. Lyon: INTERPOL, 2020. Disponível em: <https://www.interpol.int>. Acesso em: 10 nov. 2025.

JOHNSON, Peter; TRIGGS, Geoffrey. DNA evidence and legal standards: how forensic science supports criminal justice. **Forensic Science International**, v. 281, p. 1–8, 2017.

KAYSER, Manfred. Recent advances in forensic DNA phenotyping: a review. **Forensic Science International: Genetics**, 2023. DOI: 10.1016/j.fsigen.2023.01.001.

LIMA, Lucas Pereira; SANTOS, Mariana; SILVA, Ricardo. Estabilidade do DNA em amostras forenses: desafios e avanços. **Revista Brasileira de Ciências Forenses**, v. 4, n. 1, p. 35–41, 2017.

LIU, Fan; WALSH, Susan; CHAITANYA, Lalji; *et al.* Model-based prediction of human hair color using DNA variants. **Human Genetics**, v. 134, n. 4, p. 443–454, 2015.

LOPES, Rafael Barros. A importância dos bancos de dados genéticos na elucidação de crimes. **Revista de Direito e Segurança Pública**, v. 4, n. 2, p. 90–99, 2018.

MARANO, Lucas Alves; PEREIRA, Carla; SILVA, Ricardo. Polimorfismos genéticos e identificação humana: o DNA como prova forense. **Genética na Escola**, v. 5, n. 1, p. 53–56, 2010.

MARTINS, João Ricardo. Aspectos legais da utilização do DNA na persecução penal. **Revista de Direito e Ciências Criminais**, v. 8, n. 1, p. 102–115, 2017.

MARONAS, Oscar; POSPIECH, Ewelina; LIU, Fan; *et al.* Development of a forensic skin colour predictive test based on the HERC2, SLC45A2 and TYR genes. **Forensic Science International: Genetics**, v. 13, p. 34–44, 2014.

MORAES, Camila de Souza. Ética e confidencialidade no uso do DNA como prova criminal. **Revista Bioética**, v. 26, n. 3, p. 425–432, 2018. DOI: 10.1590/1983-80422018263255.

ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS (ONU). **Universal Declaration on the Human Genome and Human Rights**. Paris: UNESCO, 1997. Disponível em: <https://unesdoc.unesco.org/ark:/48223/pf0000110220>. Acesso em: 10 nov. 2025.

POSPIECH, Ewelina; WIRKEN, Linda; CHAITANYA, Lalji; *et al.* Evaluation of the HirisPlex-S system for eye, hair, and skin colour prediction from DNA. **Forensic Science International: Genetics**, v. 42, p. 13–20, 2019.

RIBEIRO, Ana Paula; ALMEIDA, Jorge Luiz; CARVALHO, Fábio Henrique. Bancos estaduais de perfis genéticos e sua integração com o banco nacional: desafios e perspectivas. **Revista de Investigação Criminal**, v. 12, n. 2, p. 74–86, 2021.

SANTOS, Maria Luiza; LIMA, Renata; SOUZA, André. A análise de DNA no contexto forense: um estudo sobre sua aplicação na identificação de indivíduos. **Revista Brasileira de Criminalística**, v. 9, n. 3, p. 59–65, 2019.

SILVA, João Felipe; OLIVEIRA, Ana Carolina. A integração entre biotecnologia e informática na resolução de crimes. **Revista de Ciências Forenses e Biotecnologia**, v. 15, n. 2, p. 122–129, 2020.

SOUSA, Rodrigo José; ANDRADE, Marcelo. Evolução da análise de DNA na ciência forense. **Revista de Investigação Criminal**, v. 7, n. 1, p. 10–18, 2015.

VALENZUELA, Rodrigo K.; MACKENZIE, Margareth; WOLLSTEIN, Anja; *et al.* Predicting phenotypic variation in human pigmentation from DNA sequence variation. **PLoS ONE**, v. 5, n. 8, e12499, 2010.

UNITED NATIONS OFFICE ON DRUGS AND CRIME (UNODC). **DNA forensics: an overview of DNA use in criminal investigations**. Vienna: United Nations, 2020. Disponível em: <https://www.unodc.org>. Acesso em: 10 nov. 2025.

VISAGE CONSORTIUM. **VISAGE Project: Visible Attributes Through Genomics**. *European Forensic Genetics Network of Excellence*, 2019.

WALSH, Susan; LIU, Fan; BALLANTYNE, Kaye N.; *et al.* IrisPlex: a sensitive DNA tool for accurate prediction of blue and brown eye colour in the absence of ancestry information. **Forensic Science International: Genetics**, v. 5, n. 3, p. 170–180, 2011. DOI: 10.1016/j.fsigen.2010.02.004.

WALSH, Susan; LIU, Fan; WOLLSTEIN, Anja; *et al.* The HirisPlex system for simultaneous prediction of hair and eye colour from DNA. **Forensic Science International: Genetics**, v. 7, p. 98–115, 2013. DOI: 10.1016/j.fsigen.2012.10.004.

BRASIL. **Lei nº 12.654, de 28 de maio de 2012**. Dispõe sobre a coleta e o uso de material genético para fins de identificação criminal. **Diário Oficial da União**, Brasília, 29 maio 2012.

ARAÚJO, Brunna Luize Alves de. **Identificação forense de fenótipos de suspeitos a partir de moléculas de DNA**. *Acta de Ciências e Saúde*, v. 2, n. 5, p. 57–68, 2016.