



CENTRO UNIVERSITÁRIO DE BRASÍLIA
FACULDADE DE CIÊNCIAS DA EDUCAÇÃO E SAÚDE
CURSO DE GRADUAÇÃO EM BIOMEDICINA

MATEUS CARVALHO DA SILVA VERGARA

**IDENTIFICAÇÃO HUMANA POR MEIO DO POLIMORFISMO DE
NUCLEOTÍDEO ÚNICO**

Trabalho de conclusão de curso,
apresentado em forma de artigo
científico, como requisito para a
conclusão do curso de Bacharelado em
Biomedicina, sob orientação do Prof.
Dr. Paulo Roberto Martins Queiroz.

BRASÍLIA – DF

2023

Identificação humana por meio do polimorfismo de nucleotídeo único

Mateus Carvalho da Silva Vergara¹
Paulo Roberto Martins Queiroz²

Resumo

A identificação humana em cenas de crime é uma das principais obrigações da área forense, sendo fundamental em todas as circunstâncias, incluindo situações em que haja uma quantidade ínfima de material genético, ou esteja em péssimas condições. O objetivo deste trabalho foi realçar a importância dos polimorfismos de nucleotídeo único (SNP's) nas práticas forenses, por meio de uma revisão bibliográfica do tipo narrativa. Os SNP's, são as mais simples mutações genéticas, sendo possíveis de serem analisadas mesmo com quantidades extremamente degradadas de DNA (Ácido desoxirribonucleico). As informações foram extraídas das bases de dados SciELO, PubMed, artigos acadêmicos, revistas, livros e sites governamentais dos Estados Unidos. Concluiu-se que apesar da sua importância forense, atualmente, os SNP's, por si só, não são suficientes para ser o principal método de identificação humana, sendo utilizado como auxiliar aos métodos clássicos enquanto mais polimorfismos têm sido estudados.

Palavras-chave: Identificação humana; DNA; SNPs; Investigações forenses.

Human identification by single nucleotide polymorphisms

Abstract

The human identifying process in crime scenes is one of the main focus on forensic investigations, being fundamental, even in situations that the DNA (Desoxyribonucleic acid) samples are very damaged or in low quantifications. The head objective of this study is to highlight the importance of single nucleotide polymorphisms (SNP's), in the forensic activities by a narrative bibliographic review. The SNP's are the most simple type of genetic mutations, enabling them to be analysed even when the DNA is in a high level of degradation. The data used in this article was extracted from SciELO, PubMed, academic archives, scientific magazines, books and governmental websites from USA. It was concluded that besides the high importance of the SNP's in forensic investigations, they aren't enough by themselves to be the main test to human identification, being only used as a complementary of the classical ones, so far. They are clearly the future of forensics, but more studying is needed to be done before they achieve more precision.

Keywords: Human identification; DNA; SNPs; Forensic investigations.

¹ Acadêmico do curso de bacharelado em Biomedicina, do Centro Universitário de Brasília – CEUB.

² Professor Titular do curso de bacharelado em Biomedicina, da Faculdade de Ciências da Educação e Saúde, do Centro Universitário de Brasília – FACES/CEUB.

1 INTRODUÇÃO

A identificação cadavérica é um dos pilares da criminalística, tendo como o intuito reconhecer quem foi a vítima, independentemente da condição do cadáver. Na modernidade, existem diversas técnicas já utilizadas e outras que estão em desenvolvimento, para que a identificação seja realizada da maneira mais eficiente e precisa possível, apesar das dificuldades. Para que a identificação humana aconteça, devem ser levados em consideração métodos científicos somatoscópicos e somatométricos (variações qualitativas e quantitativas, respectivamente), de forma a enaltecer a sua individualidade. A identidade é definida por meio das características morfofisiológicas e psíquicas, exclusivas de um indivíduo. A primeira maneira de identificação é realizada através do nome e seu registro, individualizando-o de maneira oficial (BIANCALANA et al., 2015).

A identidade humana é definida por detalhes específicos no fenótipo e no genótipo de cada ser que permite a distinção entre indivíduos, um grupo de outros grupos ou ainda uma civilização de outra. Refere-se, de modo específico, às características próprias da espécie humana e da sociedade. Ela demarca semelhanças e diferenças entre os seres humanos, destacando suas características físicas, seu modo de pensar, ser e agir, bem como permite ao sujeito construir e desenvolver os traços da sua própria história (MARTINAZZO, 2013).

Pinheiro (2015) comenta que, diversas vezes, a identificação pode ter imprevistos e acabar sendo comprometida, estando relacionada ao estado do cadáver, sendo os fatores a serem considerados a decomposição, se sofreu carbonização, esquartejamento, mutilações, afogamento ou, até mesmo, fatores que possam afetar a observação. Técnicas como odontologia legal, papiloscopia e reconhecimento facial podem ser afetadas, dependendo do estado do cadáver. A não identificação do indivíduo tem a possibilidade de acarretar diversos problemas jurídico-sociais dos seus familiares e parentes, tornando de extrema importância as técnicas de identificação. Segundo o autor, “A identidade é o conjunto de caracteres que individualizam uma pessoa ou uma coisa, fazendo-a distinta das demais; é um elenco de atributos que torna alguém ou alguma coisa igual apenas a si próprio”.

O uso de cédula de identificação se tornou, incontestavelmente, uma obrigação para todo cidadão que resida fixa ou transitoriamente em países civilizados, sendo um documento essencial ao convívio social. A identificação humana, fundamental para a

investigação criminal, conciliou-se com o advento e posterior sistematização da datiloscopia, a qual se baseia pelo registro, catalogação e posterior análise de impressões digitais (FREITAS, 2013).

Outro parâmetro importante na área forense utilizado para identificação cadavérica é a biometria, que é a análise de características físicas ou comportamentais das pessoas com o objetivo de as identificar. O termo biometria é hoje associado à medição de características físicas das pessoas, como forma de identificá-las unicamente, com objetivos de identificação criminal ou de controle (FURTADO, 2010).

Na prática forense, para se definir qual método deverá ser utilizado é preciso observar o estado do cadáver. Técnicas como papiloscopia, antropologia e odontologia legal são os clássicos a serem utilizados, mas, em condições mais extremas o ácido desoxirribonucleico (DNA), pode ser utilizado para que seja a técnica definitiva. Mas, o método de identificação cadavérica por DNA pode sofrer alterações, caso o corpo tenha ficado exposto a condições extremas, sofrendo interferências químicas, físicas e biológicas, com a capacidade de danificar a estrutura do DNA (GUERREIRO; SAMPAIO, 2019).

Nesse sentido, este trabalho se justificou pela importância de trazer à tona a emergente utilização de SNP's para identificação cadavérica, visto que é um assunto pouco conhecido. Para ajuda à comunidade acadêmica, é importante coletar e apresentar os presentes estudos de forma clara, para que estudiosos consigam rapidamente entender o conceito e como funciona a identificação cadavérica utilizando DNA, na prática forense. Este trabalho foi norteado pela seguinte questão: "Os marcadores de SNP's podem ser utilizados para a identificação humana?".

Assim, o objetivo geral deste trabalho científico foi realçar a aplicabilidade do polimorfismo de nucleotídeo único nas práticas forenses, em situações em que os métodos convencionais não teriam completa eficiência para identificação humana.

2 MÉTODO

Este trabalho se constituiu como uma revisão bibliográfica de literatura, do tipo narrativa, cuja finalidade é discutir e desenvolver novos pensamentos para enriquecimento teórico de um assunto em específico, que, no caso deste trabalho

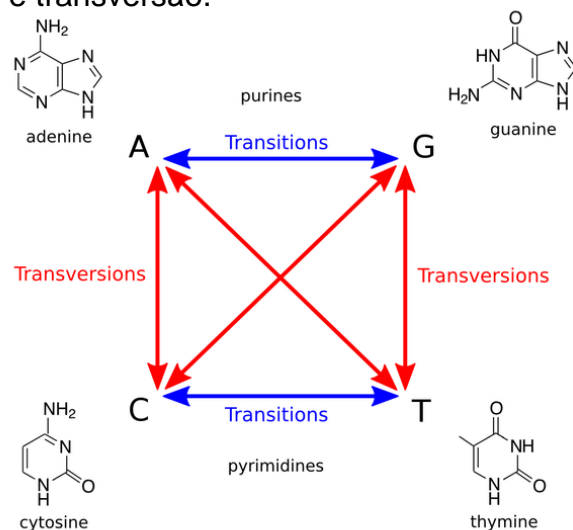
seria a identificação humana utilizando polimorfismo de nucleotídeo único (KALIL, 2017).

Para a base teórica, foram utilizados livros e artigos científicos especializados no assunto em conjunto de teses acadêmicas, a respeito dos estudos genéticos de DNA, com intuito de identificação de suspeitos ou vítimas. A bibliografia foi encontrada na base de dados da Biblioteca eletrônica da *National Library of Medicine* (PubMed – NIH), da SciELO (*Scientific Electronic Library Online*), de bibliotecas universitárias, do Google acadêmico e da revista Elsevier, publicadas, preferencialmente, entre 2013 e 2023, mas, alguns trabalhos anteriores também foram usados como referência, em virtude de sua importância para fundamentação do tema. As palavras-chave foram: identificação humana, DNA, SNPs e Investigação forense.

3 DESENVOLVIMENTO

A variação genética entre indivíduos ocorre por meios de diversos fatores, sendo o polimorfismo de nucleotídeo único, a mais simples variação que encontramos no DNA, ocorrendo entre bases únicas da cadeia de bases nitrogenadas sendo usualmente bi-alélicas (FALEIRO, 2007). Podem ocorrer por transições, ocorrendo com maior frequência, ou translocações (Figura 1).

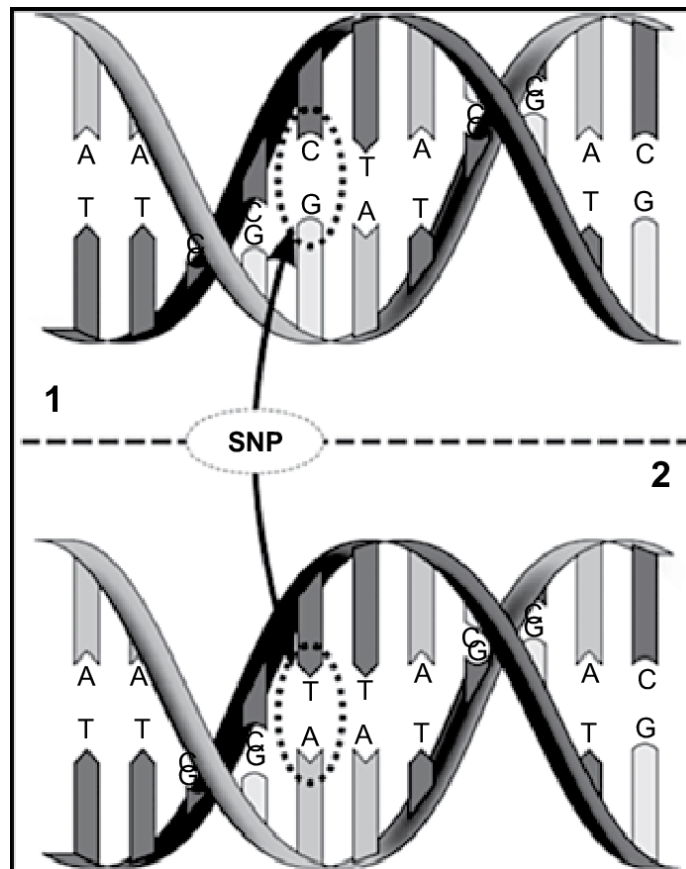
Figura 1. Transição e transversão.



Fonte: UDAYANGANI, 2017.

Os SNP's (Figura 2), possivelmente, são responsáveis pela diversidade entre indivíduos de uma mesma espécie, podendo influenciar inclusive, na expressão genômica, localização subcelular e estabilidade de mRNAs e podendo causar doenças. São extremamente comuns em espécies não endogâmicas, podendo haver milhões de polimorfismos no genoma de um mesmo indivíduo, sendo importante ressaltar que podem ser transmitidos aos filhos (CAETANO, 2009; SHASTRY, 2009).

Figura 2. Representação do polimorfismo de nucleotídeo único.



Fonte: SUKHUMSIRICHART, 2018.

Atualmente, para identificação de marcadores SNP's, a técnica mais utilizada é a de sequenciamento genético, alinhando diversos códigos genéticos e os analisando. Tal procedimento é realizado a partir de kits PCR como o "*TaqMan Assay*", um kit que analisa o código genético utilizando química de 5' nuclease para amplificar e detectar polimorfismos em amostras de DNA genômico purificadas (MORITA et al., 2006).

Para os SNP's poderem ser utilizados de maneira eficiente em rotinas forenses, é necessário identificá-los e classificá-los. Existem dois grandes grupos, sendo

divididos e classificados pela sua posição no genoma e são eles: SNP's codificantes (presentes em alterações exônicas) e não codificantes (presentes em íntrons e regiões intergênicas). Embora, na maioria da vez ocorra em espaços intergênicos sem nenhuma função determinada (MARTIN, 2010).

Segundo Zolet, (2017, p.133),

“SNPs em regiões não codificadoras são chamados de SNPs não codificantes (ncSNPs), e os ncSNPs localizados dentro de íntrons são chamados de SNPs intrônicos. Já os SNPs encontrados em regiões codificadoras são chamados de SNPs codificadores (cSNPs), como por exemplo, em éxons (SNPs exônicos). Qualquer SNP em um éxon de um gene que pode ter impacto sobre a função da proteína codificada é chamado de SNP candidato, pelo fato de poder estar associado a alguma característica fenotípica. Outros ocorrem em regiões promotoras ou em regiões regulatórias do genoma e são chamados SNPs reguladores e SNPs promotores (pSNPs), respectivamente. Um SNP promotor pode influenciar drasticamente a atividade do gene dirigido por este promotor, por exemplo, um pSNP pode impedir a ligação de um fator de transcrição na sua sequência de reconhecimento, alterando a expressão do gene”.

O estudo dos marcadores SNP's é composto por duas etapas, sendo a identificação no genoma da espécie ou indivíduo a ser estudado e a genotipagem destes marcadores na população desta espécie ou indivíduo. Tal procedimento de identificação é realizado pelos seguintes métodos: a identificação eletrônica de SNP's utilizando bibliotecas genômicas como base e sequenciamento de produtos PCR (KIESLER; BORSUK, 2023).

Na área forense, tradicionalmente é utilizado VNTR's (*Variable Number Tandem Repeats*) e STRs (*Short Tandem Repeats*) para amostras humanas. Mas, atualmente, com o avanço da genética humana e seus conhecimentos genômicos, a utilização de SNP's tem se tornado mais comum, pois, normalmente, em cenas de crime, as amostras estão misturadas, contaminadas ou em pouca quantidade. Ter a possibilidade de trabalhar com amplicons menores nesse cenário, torna-se bastante vantajoso para identificação. Atualmente, existem situações específicas para a utilização de cada método (Quadro 1). A identificação do cromossomo Y de diferentes haplótipos e de variantes do DNA mitocondrial através de SNPs, são uma importante ferramenta em análises forenses, permitindo inclusive a identificação da origem geográfica dos indivíduos (SOBRINO et al., 2005).

Quadro 1. Principais marcadores moleculares utilizados na identificação humana e suas particularidades.

	SNPs	STRs ou MICROSSATÉLITES	VNTRs ou MINISSATÉLITES
CARACTERÍSTICA	Polimorfismos nas regiões responsáveis pelo fenótipo do indivíduo.	Alelos diferentes: número específico de cópias da unidade de repetição.	Padrão de fragmentos é característico e herdado por indivíduos geneticamente relacionados.
TAMANHO	> 8 pb	2 a 8 pb	9 a 100 pb
TÉCNICA	PCR	PCR	RFLP
AMOSTRA	Degradada e pouca quantidade.	Degradada e pouca quantidade.	Íntegra e em grande quantidade.
VANTAGENS	Análise em larga escala; Determinação de características físicas.	Alto conteúdo de informação polimórfica.	Abrange grande número de loci.
LIMITAÇÕES	Sequenciamento	Gêmeos univitelinos	Técnica demorada

Fonte: CAMPOS, 2015.

Os SNP's podem ser utilizados para complementar os STR's, por serem mais simples e rápidos em sua leitura, um exemplo, é o método de microarranjo de DNA, que consegue identificar milhões de SNP's ao mesmo tempo, mas, não consegue ser utilizada com os STR's para prática forense. Fenótipos humanos podem ser facilmente previstos por SNP's, como cor da pele e dos olhos, além de, também ser um eficiente provedor de informações dos antepassados, por meio dos SNP's de informação ancestral (Como rs16891982, no cromossomo 5 e rs1800414 no cromossomo 15). Apesar de tais vantagens, os SNP's bi-alélicos não se enquadram quando necessários processos como a de deconvolução, sendo SNP's tri e tetra alélicos ou haplótipos, mais ideais pela maior quantidade de alelos, sendo semelhantes ao clássico STR (OLDONI; KIDD; PODINI, 2018).

Nos Estados Unidos, os SNP's são utilizados frequentemente na área forense, em conjunto com o sistema CODIS (*Combined DNA Index System*), do FBI (*Federal Bureau of Investigation*), coletando informações genéticas da cena de crime, em situações de possível comprometimento de amostra, e a comparando com outras, em casos de suspeitas de um mesmo autor de múltiplos crimes, ou, verificando se o DNA

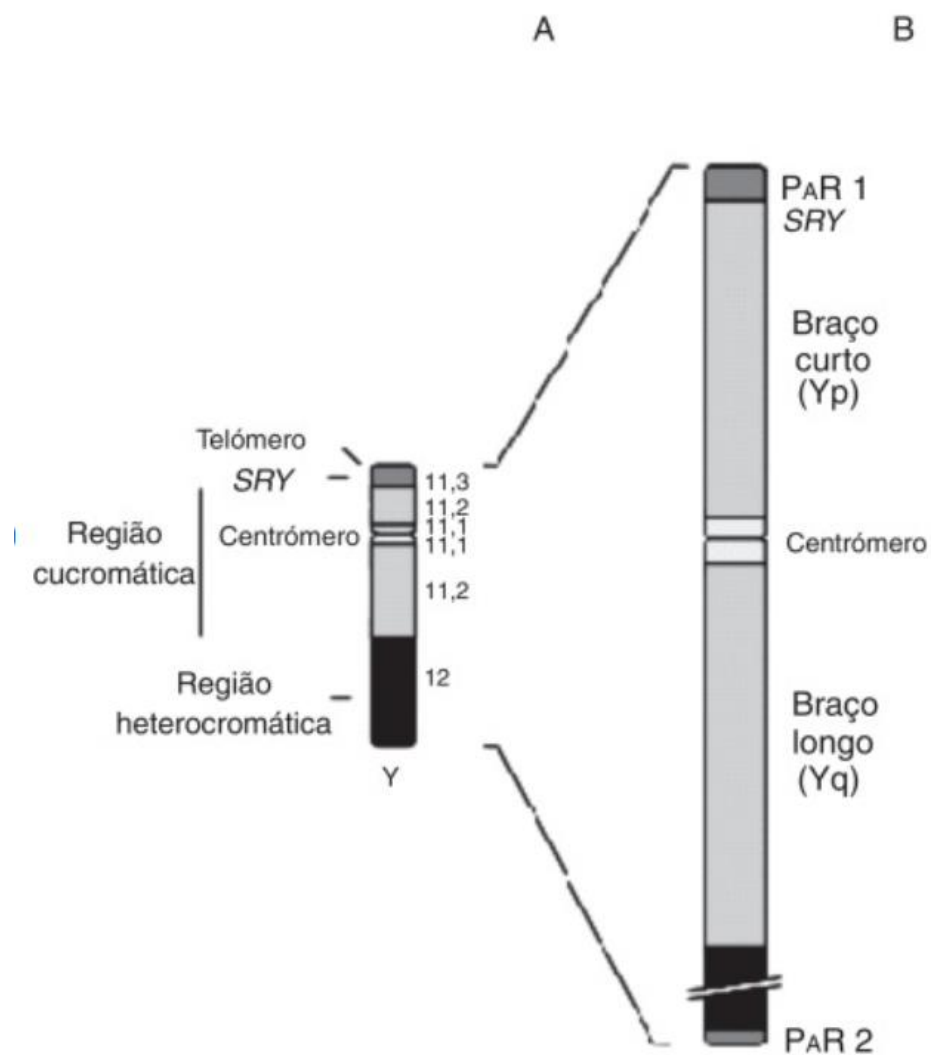
do local do crime corresponde com algum de um banco de dados genéticos de indivíduos previamente abordados, investigados ou suspeitos, em situações em que o Estado teve autorização para realizar a coleta e o armazenar o código genético. O resultado pode ser utilizado como prova a favor ou contra uma acusação, ou, para identificar características fenotípicas do possível culpado, podendo inocentar o acusado caso as características descobertas não se encaixem com o perfil do suspeito. Atualmente, a utilização de SNP's nos Estados Unidos, atua com a coleta do material genético do possível suspeito na cena de crime, e, se possível, realizar a comparação com o banco de dados CODIS, que tem armazenado o DNA de cenas de crimes passados. Tais análises costumam ser feitas quando é percebido um padrão ou quando as outras pistas não são suficientes para identificação do suspeito. Caso o DNA não seja recombinante com algum dos dados reservados, a análise de SNP's (por exemplo AISNP's), podem excluir possíveis suspeitos com características como a cor da pele (FBI, 2005).

Em casos em que o DNA encontrado não se enquadre com o do banco de dados genéticos, as autoridades forenses realizam um chamado voluntário para as pessoas locais irem prover o seu DNA extraído pela saliva, provando sua inocência, excluindo-a da investigação. Embora provavelmente o culpado não irá comparecer, as pessoas que não forem, levantarão suspeitas e serão o foco investigativo, principalmente em cidades pequenas. Se por acaso alguma das pessoas que seja participante for um parente do culpado, um mapeamento genético, com ênfase na família, irá relacionar ambos e, se por acaso o criminoso for um homem, é possível identificá-lo, em conjunto com todos os seus parentes homens utilizando o cromossomo Y (KAYSER, 2015).

O cromossomo Y, em sua região não-recombinante, exibe a herança paterna clássica, possuindo os marcadores para identificação da patrilinearidade. Tal região é denominada NRY (*Non-recombinant Region of the Y Chromosome*), e abrange toda sua estrutura excluindo as duas regiões pseudo autossômicas (PAR – *Pseudoautosomal Region*), do braço curto (PAR1) e do braço longo (PAR2) do cromossomo Y (Figura 3). Na área forense, o cromossomo Y tem sua importância principalmente associado aos polimorfismos associados ao Y (Y-SNP's), principalmente nos casos de paternidade ou violência sexual. A atuação de apenas dois alelos, em conjunto com a ausência de recombinação e distribuição de linhagens do cromossomo Y com muita especificidade, faz com que para se identificar um

indivíduo, uma grande quantidade de Y-SNP's seja necessária, mas, mesmo com apenas dois marcadores não batendo numa análise, a torna de grande valor, podendo resultar numa exclusão do possível suspeito. Outros usos para os Y-SNP's na área forense são relacionados a infertilidade masculina (FIGUEIREDO, 2012).

Figura 3. Estrutura do cromossomo Y humano. Toda região é não-recombinante excluindo PAR1 e PAR2 nas pontas.



Fonte: Adaptado de Borges e Macedo, 2015.

Os SNP's relacionados ao cromossomo Y também são atrativos pela sua afiliação geográfica, podendo ajudar a definir a identidade humana. A detecção de haplótipos específicos ou mais frequentes em uma área geográfica é de imensa importância em situações de desastres como quedas de avião ou acidentes de barragem. A baixa taxa de mutação e a herança exclusivamente paterna representam

a histórica exclusiva de sua linhagem patrilinear, conseguindo evidenciar um registro de eventos mutacionais que ocorreram durante a história de tal família, podendo, inclusive, ajudar na compreensão que temos sobre a migração humana e padrões históricos, ressaltando novamente a importância do cromossomo Y nos estudos genéticos (FIGUEIREDO, 2012; ONOFRI et al., 2006).

Dentre os SNP's mapeados, existem 94 que são chamados de SNP's de identificação individual (IISNPs; Quadro 2) e que seguem alguns parâmetros: tais SNP's devem possuir uma pequena variação de frequência através das populações humanas e devem ser extremamente informativos através do mundo, utilizando o índice de fixação (F_{st}) de $<0,06$ e uma média global de heterozigose de > 0.4 e são organizados em uma tabela utilizando tais valores respectivamente como prioridade e diferenciação (PARKSTIS et al., 2010; SLATKIN, 2008).

Quadro 2. Lista dos IISNPs (SNP's de identificação individual).

SNP	Cromossomo	Polimorfismo	SNP	Cromossomo	Polimorfismo
rs1005533	20	A/G	rs279844	4	A>C/T
rs10092491	8	T>A/C/G	rs2830795	21	A>G
rs1015250	9	G>C/T	rs2831700	21	A>G
rs1024116	18	C/T	rs2920816	12	A>G
rs1028528	22	A>G/T	rs321198	7	T>A/C/G
rs1031825	20	A>C/T	rs338882	5	G>A
rs10488710	11	C>G/T	rs354439	13	A>T
rs10495407	1	G>A	rs3780962	10	A>G
rs1058083	13	A>C/G/T	rs430046	16	C>G/T
rs10773760	12	A>G	rs4364205	3	T>G
rs10776839	9	G>C/T	rs445251	20	G>C/T
rs1109037	2	G>A/C	rs4530059	14	G>A/T
rs1294331	1	C>T	rs4606077	8	T>A/C/G
rs12997453	2	A>G/T	rs560681	1	A>G
rs13182883	5	G>A/C	rs576261	19	A>C
rs13218440	6	G>A/C/T	rs6444724	3	T>A/C
rs1335873	13	T>A/C	rs6811238	4	T>A/C/G
rs1336071	6	T>A/C	rs6955448	7	C>G/T
rs1355366	3	T>A/C	rs7041158	9	C>A/G/T
rs1357617	3	A>T	rs717302	5	G>A/C
rs1360288	9	C>T	rs719366	19	G>A
rs1382387	16	C>A/G/T	rs722098	21	A>C/G
rs1413212	1	T>A/C/G	rs722290	14	G>C/T
rs1454361	14	T>A/C	rs727811	6	G>A/T
rs1463729	9	C>A/T	rs729172	16	G>A/C/T
rs1490413	1	G>A/C	rs733164	22	G>A/C

rs1493232	18	C>A	rs735155	10	C>A/G/T
rs1498553	11	C>T	rs737681	7	T>A/C
rs1523537	20	T>C	rs740598	10	G>A/C
rs1528460	15	C>G/T	rs740910	17	A>G
rs159606	5	A>G/T	rs763869	8	G>A/C
rs1736442	18	T>C/G	rs8037429	15	C>T
rs1821380	15	C>G/T	rs8078417	17	C>T
rs1886510	13	G>A	rs826472	10	T>A/C/G
rs1979255	4	C>G	rs873196	14	C>A/G/T
rs2040411	22	G>A	rs876724	2	C>A/T
rs2046361	4	T>A	rs891700	1	A>G/T
rs2056277	8	C>T	rs901398	11	C>T
rs2076848	11	A>T	rs907100	2	G>C/T
rs2107612	12	G>A	rs914165	21	G>A
rs2111980	12	T>C	rs917118	7	C>T
rs214955	6	C>A/T	rs938283	17	T>C
rs221956	21	T>C	rs964681	10	T>C
rs2269355	12	C>A/G/T	rs987640	22	T>A/C/G
rs2342747	16	A>G	rs9905977	17	A>C/G
rs2399332	3	T>C/G	rs993934	2	A>G
rs251934	5	A>G	rs9951171	18	G>A/T

Fonte: Próprio autor.

Nas atividades forenses, os SNP's já vem sendo utilizados, como em 2002, em que houve um caso no estado de Lousiana, nos Estados Unidos, em que diversos estupros seguidos de assassinato ocorreram, tendo a análise de STR's do local como insuficiente para identificação do suspeito, pois não havia registro do suspeito no banco de dados genéticos do FBI. Segundo testemunhas, o suspeito era um homem caucasiano, tendo as atenções das autoridades voltadas para esse tipo de criminoso, mas, após um ano de investigação, foi comprovado por meio de SNP's de ancestralidade, que o homem na realidade se tratava de um afro-americano, com 85% de ancestralidade africana e apenas 15% de ancestralidade ameríndia, alterando o olhar das investigações. Após tais constatações, em um mês o suspeito foi apreendido (MARANO et al., 2010).

Após os acontecimentos do atentado terrorista de 11 de setembro, os laboratórios americanos perceberam que não estavam preparados para análises rápidas e precisas de uma grande quantidade de corpos com códigos genéticos tão danificados, resultantes da explosão e destroços causados pelo atentado, causando a sociedade internacional de genética forense a estabelecer procedimentos mais

práticos e rápidos para a identificação utilizando SNP's, visto que apenas 40 a 50 são necessários para ter a mesma precisão dos convencionais STR (DECORTE, 2010).

Uma das maiores desvantagens dos métodos de análise de DNA para identificação de suspeitos, atualmente, é a necessidade de uma amostra comparativa em banco de dados forenses. Se um indivíduo conseguir evitar ter seu DNA coletado como evidência em outras cenas de crime passadas, torna-se impossível sua comparação utilizando STRs ou SNP's. Para isso, os IISNPs estão cada vez mais a tona, uma vez que eles podem ajudar a identificar características fenotípicas dos suspeitos, como cor da pele e cor dos olhos (KAYSER, 2015).

Para análise cadavérica, os SNP's têm se mostrado bastante úteis, como mostrado num estudo realizado pelo "*International Journal of Legal Medicine*", ocasião em que esqueletos medievais foram analisados e os SNP's se sobressaíram para sua identificação de ancestralidade uma vez que o DNA estava bastante degradado para a completa leitura pelo STR (PAJNIČ; LESKOVAR; ČREŠNAR, 2023).

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Analisando os temas que foram discutidos neste trabalho, é possível comprovar a importância dos SNP's na área forense para identificação humana, assim como suas limitações e necessidade de melhor refinamento para que tal técnica seja utilizada preferencialmente ao clássico STR, pela sua velocidade, precisão e custo-benefício, podendo-se utilizar de amostras com material genético, com um elevado grau de degradação.

O uso dos SNP's associados ao cromossomo Y tende a filtrar os suspeitos de maneira cada vez mais específica, de forma que, se na análise de DNA já não for encontrado traços com o cromossomo Y, já se sabe que o indivíduo é do sexo biológico feminino, enquanto se for encontrado, através do Y-SNP's, associados ao STR, pode-se realizar a identificação paternal, mesmo com formas degradadas de material genético.

Embora a utilização de SNP's pelas autoridades legais seja um marco importante para as ciências forenses, é necessário descobrir mais marcadores associados a características fenotípicas específicas, visando a identificação cada vez mais precisa. Segundo estudos, a perspectiva para os SNP's nos próximos anos é a

identificação de mais oito a doze marcadores de identificação individual que auxiliem nas investigações e análises futuras.

Apesar das limitações evidentes, o futuro da identificação forense se encontra nos SNP's, com o potencial necessário para se tornar a forma mais precisa de identificação, com características fenotípicas que incluem doenças específicas e detalhamento de características e padrões exclusivos de cada indivíduo. É importante ressaltar, que, para a maior precisão, confirmação de suspeitos e provas legais, vários aspectos devem ser testados e levados em consideração, não apenas um tipo de análise, ao menos, enquanto os SNP's ainda estão sendo descobertos.

REFERÊNCIAS

BARBOSA, R. F. **Sistemas de identificação humana no âmbito criminal**. 2013. Graduação em nível de especialização em segurança pública – UEPB – Universidade Estadual da Paraíba, CCJ - Centro de Ciências Jurídicas, Campina Grande, 2013. Disponível em:

<<http://dspace.bc.uepb.edu.br/jspui/bitstream/123456789/11024/1/PDF%20-%20Rodolfo%20Barbosa%20de%20Freitas.pdf>>. Acesso em: 10 out. 2022.

BIANCALANA R. C. et al. Determinação do sexo pelo crânio: etapa fundamental para a identificação humana. **Revista Brasileira de Criminalística**, Ribeirão Preto, v. 4, n. 3, p. 38-43, dez. 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v4i3.98>. Acesso em 17 maio 2023.

BORGES, C. H. S.; MACEDO, L. C. Infertilidade masculina decorrente de microdeleções no cromossomo Y. **Reprodução & Climatério**, Maringá, v. 31, n. 3, p. 169-174, dez. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.recli.2015.12.006>. Acesso em: 11 jun. 2023.

CAETANO, A. R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, p. 64-71, jul. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982009001300008>. Acesso em: 05 maio 2023.

CAMPOS, J. O. **A Utilização de Marcadores Moleculares Aplicados na Identificação Humana**. Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado em biomedicina) – Faculdade de Ciências da Educação e Saúde, Centro Universitário de Brasília, Brasília, 2015. Disponível em: <https://repositorio.uniceub.br/jspui/handle/235/6872>. Acesso em: 11 jun. 2023.

DECORTE, R. Genetic identification in the 21st century – Current status and future developments. **Forensic Science International: Genetics**, Leuven, v. 201, p. 160 – 164, set. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2010.02.029>. Acesso em 5 jun. 2023.

FALEIRO, F. G. **Marcadores Genético-Moleculares**: aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos. 1ª edição. Planaltina: Embrapa, 2007. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/570287/1/faleiro-01.pdf>. Acesso em: 04 jul. 2007.

FBI (Federal Bureau of Investigation). **Frequently Asked Questions on CODIS and NDIS**. Washington, D.C, 2005. Disponível em: <https://www.fbi.gov/how-we-can-help-you/dna-fingerprint-act-of-2005-expungement-policy/codis-and-ndis-fact-sheet>. Acesso em: 10 jun. 2023.

FIGUEIREDO, R. F. **Estudo de SNPs do Cromossomo Y na População do Estado do Espírito Santo, Brasil**. Pós-graduação (Mestrado em Biociências e Biotecnologia Aplicadas à Farmácia) – Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Araraquara, 2012. Disponível em: https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/87818/figueiredo_rf_me_arafcf.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em 10 jun. 2023.

FREITAS, R. B. **Sistemas de Identificação Humana no Âmbito Criminal**. 2013. Trabalho de conclusão de curso (Pós-graduação em nível de especialização em Segurança Pública) – Centro de Ciências Jurídicas, Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande, 2013. Disponível em: <https://dspace.bc.uepb.edu.br/jspui/bitstream/123456789/11024/1/PDF%20-%20Rodolfo%20Barbosa%20de%20Freitas.pdf>. Acesso em: 04 jul. 2023.

FURTADO, I. A Biometria em Anatomia Humana. Considerações sobre a Evolução do Conceito e Atualidade do Método. **Revista da Associação dos Médicos Estomatologistas Portugueses**. [S.l.], n. 1, p. 22 – 24, mar. 2010. Disponível em: <https://www.estomatologia.org/_files/ugd/699dd1_24e29123be77412d816203fc2bc140e37.pdf#page=22>. Acesso em: 10 out. 2022.

GUERREIRO, I.L.; SAMPAIO, C. G. Papiloscopia forense e revelação de impressões digitais na cena de um crime: uma ferramenta para o ensino de química com enfoque CTS. **Research, Society and Development**, [S.l.], v. 8, n. 9, p. e03891229, jun. 2019. DOI: <https://doi.org/10.33448/rsd-v8i9.1229>. Acesso em 28 abr. 2023.

KALIL, S. ESTUDO DAS APLICAÇÕES FORENSES DO DNA NA OBTENÇÃO DA IDENTIFICAÇÃO HUMANA. 2017. Graduação em Biomedicina – Centro Universitário de Brasília Faculdade de Ciências da Educação e Saúde, Brasília. 2017. Disponível em: <<https://core.ac.uk/download/pdf/185257495.pdf>>. Acesso em: 10 out. 2022.

KAYSER, M. Forensic DNA Phenotyping: Predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes. **Forensic Science International: Genetics**, Rotterdam, v. 18, p. 33 – 48, set. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.02.003>. Acesso em: 05 jun. 2023.

KIESLER, K. M.; BORSUK, L. A. et al. US Population Data for 94 Identity-Informative SNP Loci. **Genes**, Gaithersburg, v. 14, n. 5, p. 1071, maio 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes14051071>. Acesso em: 18 maio 2023.

MARANO, L. A.; SIMÕES, A. L.; OLIVEIRA, S. F. de; MENDES-JUNIOR, C. T. Polimorfismos genéticos e identificação humana: o DNA como prova forense. **Genética na Escola**, São Paulo, v. 5, n. 1, p. 53–56, 2010. DOI: 10.55838/1980-3540.ge.2010.94. Disponível em: <https://geneticanaescola.emnuvens.com.br/revista/article/view/94>. Acesso em: 5 jun. 2023.

MARTIN, L. C. **Identificação de SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) no gene colina monooxigenase relacionado ao metabolismo da glicina betaína em *Eucalyptus***. 2010. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas – Genética) – Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho”, instituto de biociências, Botucatu, 2010. Disponível em: https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/92452/martin_lc_me_botib.pdf;jsessionid=F623C9EB30F88925E9A5B325226B6EF7?sequence=1. Acesso em 04 jul. 2023.

MARTINAZZO, C.J. Identidade Humana: Unidade e Diversidade Enquanto Desafios para uma Educação Planetária. **Revista Contexto & Educação**, Ijuí, v. 25, n. 84, p. 31-50, jun. 2013. <https://doi.org/10.21527/2179-1309.2010.84.31-50>. Acesso em: 11 out. 2022.

MORITA, A. et al. Genotyping of triallelic SNPs using TaqMan® PCR. **Molecular and Cellular Probes**, Tokyo, v. 21, n. 3, p. 171-176, nov. 2006. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0890850806000776#preview-section-cited-by>. Acesso em: 04 jul. 2023.

OLDONI, F.; KIDD, K. K.; PODINI, D. Microhaplotypes in forensic genetics. **Forensic Science International: Genetics**, Washington, D.C., v.38, p. 54-69, out. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.09.009>. Acesso em: 15 maio 2023.

ONOFRI, V.; ALESSANDRINI, F.; TURCHI, C.; PESARESI, M.; BUSCEMI, L.; TAGLIABRACCI, A. Development of multiplex PCRs for evolutionary and forensic applications of 37 human Y chromosome SNPs. **Forensic Sci. Int.**, Ancona, v.157, p.23-35, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2005.03.014>. Acesso em: 11 jun. 2023.

PAJNIČ, I. Z.; LESKOVAR, T; ČREŠNAR, M. Improving kinship probability in analysis of ancient skeletons using identity SNPs and MPS technology. **International Journal of Legal Medicine**, [S.l.], maio 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00414-023-03003-3>. Acesso em: 5 jun. 2023.

PAKSTIS, A. J; SPEED, W. C.; FANG, R. et al. SNPs for a universal individual identification panel. **Human Genetics**, [S.l.], v. 127, p. 315-324, mar. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00439-009-0771-1>. Acesso em: 15 maio 2023.

PINHEIRO, F. M. Criminalística Biológica. In: CORTE-REAL, F. e col. **Princípios da Genética Forense**. Coimbra: Imprensa da Universidade de Coimbra, 2015. p. 41-71. DOI: <http://dx.doi.org/10.14195/978-989-26-0957-7>. Acesso em: 22 abr. 2023.

SHASTRY, B. S. SNPs: Impact on Gene Function and Phenotype. In: KOMAR, A. A. **Methods in Molecular Biology: Single Nucleotide Polymorphisms**. 2ª edição.

Totowa: Humana Press, p. 3-22, 2009. DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-60327-411-1_1. Acesso em: 05 maio 2023.

SLATKIN, M. Linkage disequilibrium – understanding the evolutionary past and mapping the medical future. **Nature Reviews: Genetics**, California, v. 9, p. 477-485, jun 2008. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrg236>. Acesso em: 15 maio 2023.

SOBRINO, B. et al. **SNPs in forensic genetics: a review on SNP typing methodologies**. [S.l.], Elsevier, 2005.

DOI:<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.10.020>. Acesso em: 23 abr. 2023.

SUKHUMSIRICHART, W. Polymorphisms. In: Liu, Y. **Genetic Diversity and Disease Susceptibility**. Jiangsu: IntechOpen, 2018. p. 1 – 23. DOI: <http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.76728>. Acesso em: 11 jun. 2023.

UDAYANGANI, S. Diference Between Transition and Transversion. **Difference Between**. [S.l.], mar. 2017. Disponível em:

<https://www.differencebetween.com/difference-between-transition-and-vs-transversion/>. Acesso: 5 jun. 2023.

ZOLET, A. C. T. et al. Polimorfismo de Nucleotídeo único (SNP): metodologias de identificação, análise e aplicações. In: ZOLET, A. C. T. et al. **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. p. 132–166. Disponível em: <http://hdl.handle.net/10183/206114> Acesso em: 26 abr. 2023.