Anais do Congresso Brasileiro de Iniciação Científica

(https://periodicos.unisanta.br/COB)

ISSN 2317-1316

MARCADORES STR NA IDENTIFICAÇÃO HUMANA FORENSE: APLICAÇÕES, POTENCIALIDADES E LIMITAÇÕES

SHORT TANDEM REPEAT MARKERS IN FORENSIC HUMAN IDENTIFICATION: APPLICATIONS, POTENTIAL AND LIMITATIONS

Nicole Pereira Silva da Cruz, Carolina Rodrigues Lincoln de Carvalho.

Universidade Santa Cecília, Bacharelado em Biomedicina
E-mail para contato: nicolepereira2n@gmail.com

RESUMO – A análise de repetições curtas em tandem (STR) é amplamente utilizada na identificação humana forense. Este estudo teve como objetivo discutir as aplicações e limitações dos STR autossômicos e dos STR do cromossomo Y (Y-STR). Realizou-se revisão bibliográfica descritiva e qualitativa, baseada em pesquisas realizadas para o TCC da autora. A literatura evidencia a utilidade dos STR autossômicos na comparação de perfis e na análise de parentesco, enquanto os Y-STR auxiliam na investigação de linhagens paternas e de misturas com DNA feminino predominante. Conclui-se que a confiabilidade dos resultados depende da qualidade das amostras, do controle laboratorial e da interpretação estatística das evidências.

Palavras-chave: genética forense; identificação humana; STR; Y-STR; DNA forense.

ABSTRACT – Short tandem repeats (STRs) are widely used in forensic human identification. This study discusses the applications and limitations of autosomal STRs and Y-chromosome STRs (Y-STRs). A descriptive, qualitative literature review was conducted using sources gathered for the author's undergraduate thesis. The literature highlights the usefulness of autosomal STRs for profile comparisons and kinship analysis, while Y-STRs support paternal lineage investigations and the analysis of mixtures dominated by female DNA. The findings indicate that reliable results depend on sample quality, laboratory controls and appropriate statistical interpretation. Y-STR matches must also be assessed in light of shared paternal haplotypes.

Keywords: forensic genetics; human identification; STR; Y-STR; forensic DNA.

ISSN 2317-1316

1 INTRODUÇÃO

A identificação humana por DNA ocupa posição central na genética forense por permitir a comparação de vestígios biológicos encontrados em contextos criminais com amostras de referência. Entre os marcadores utilizados, as repetições curtas em tandem, conhecidas pela sigla STR (short tandem repeats), são amplamente empregadas porque apresentam variação no número de unidades repetidas entre indivíduos e podem ser amplificadas por reação em cadeia da polimerase (PCR). A análise simultânea de diferentes regiões aumenta a capacidade de discriminação do perfil genético (BUTLER, 2015; DECANINE, 2016).

Os perfis STR podem contribuir para a investigação de crimes, para a análise de vínculos biológicos e para a identificação de pessoas desaparecidas e vítimas de desastres em massa. A aplicação, contudo, não se limita à obtenção de uma correspondência entre perfis: é necessário considerar a qualidade do vestígio, a possibilidade de mistura de contribuintes, a ocorrência de artefatos analíticos e o peso estatístico da evidência no contexto do caso (BUTLER, 2015; BUTLER, 2012).

Além dos STR autossômicos, os marcadores localizados no cromossomo Y (Y-STR) têm aplicação específica em situações que demandam a avaliação do componente masculino de uma amostra. Apesar de sua utilidade, os Y-STR apresentam limitações próprias, especialmente porque homens da mesma linhagem paterna podem compartilhar haplótipos semelhantes. Assim, o objetivo deste artigo é discutir as aplicações e limitações dos STR autossômicos e dos Y-STR na identificação humana forense, com ênfase na interpretação responsável dos resultados (FOROUZESH et al., 2022).

2 MATERIAIS E MÉTODOS

Trata-se de uma revisão bibliográfica de caráter descritivo e qualitativo, derivada do levantamento realizado para o Trabalho de Conclusão de Curso da autora. As buscas foram conduzidas entre maio e setembro de 2026 nas bases PubMed, SciELO, Google Scholar e LILACS, utilizando descritores relacionados à genética forense, ao DNA forense, à identificação humana, aos marcadores STR e à perícia criminal, combinados com os operadores

ISSN 2317-1316

booleanos AND e OR. Foram priorizados artigos em português, espanhol e inglês publicados nos dez anos anteriores à busca, sem excluir obras clássicas consideradas relevantes para a fundamentação da área.

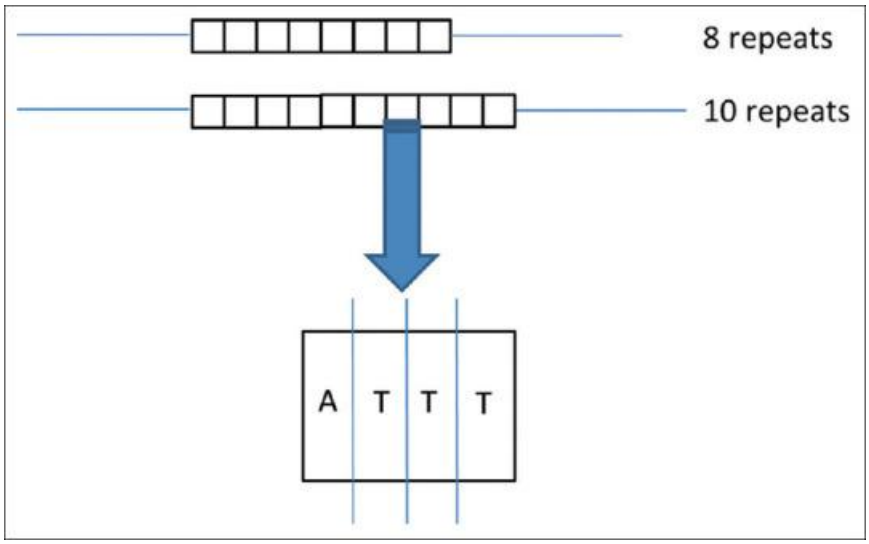
Para este recorte temático, foram considerados os conteúdos relacionados à estrutura e à aplicação dos STR autossômicos, aos Y-STR, à análise de amostras mistas, à identificação por parentesco e às limitações decorrentes da degradação e da baixa quantidade de DNA. A síntese foi realizada de forma narrativa, sem metanálise. A descrição dos critérios de seleção e o número final de estudos utilizados devem ser conferidos pelas autoras com base no levantamento original.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. STR autossômicos: princípio e aplicações

Os STR são regiões do DNA formadas por pequenas unidades de sequência repetidas consecutivamente. O número de repetições pode variar entre pessoas, produzindo alelos distintos em determinados loci. Como cada indivíduo herda material genético de ambos os genitores, a análise de múltiplos loci autossômicos permite construir um perfil que, quando comparado com outros perfis e interpretado por critérios estatísticos adequados, pode apresentar elevado poder de discriminação (Figura 1) (BUTLER, 2015; DECANINE, 2016).

Figura 1: Representação esquemática de um genótipo STR.



ISSN 2317-1316

Na rotina forense, os loci STR são frequentemente amplificados em sistemas multiplex, que permitem analisar diversas regiões na mesma reação de PCR. Após a amplificação, os fragmentos são separados e detectados por métodos como a eletroforese capilar. A análise conjunta de vários loci torna possível comparar vestígios questionados com amostras de referência e avaliar compatibilidades genéticas. A força da evidência, entretanto, deve ser expressa por avaliação estatística e não apenas pela afirmação de que dois perfis são iguais.

Os STR autossômicos também são relevantes para investigações de parentesco. A transmissão mendeliana dos alelos permite avaliar se os perfis observados são compatíveis com uma relação biológica proposta. Em casos de pessoas desaparecidas e desastres com múltiplas vítimas, perfis obtidos de restos mortais podem ser comparados com amostras de referência de familiares. A seleção das amostras e o número de loci avaliados influenciam a capacidade de obter uma conclusão robusta, sobretudo quando o parentesco é distante ou há poucos familiares disponíveis (ZIETKIEWICZ et al., 2012; FUNABASHI et al., 2009).

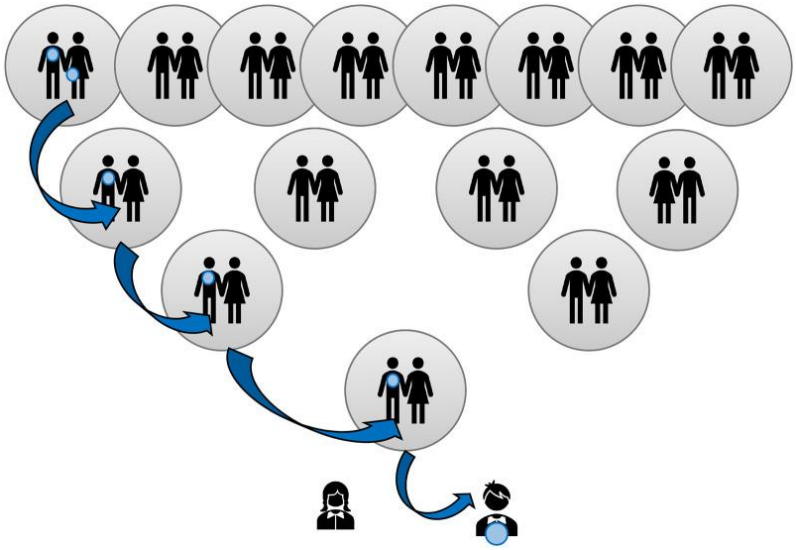
3.2. Y-STR: linhagem paterna e amostras mistas

Os Y-STR são regiões repetitivas localizadas no cromossomo Y e, por isso, são úteis para caracterizar o componente masculino de uma amostra. Sua aplicação é particularmente relevante em investigações de crimes sexuais quando o material biológico contém grande quantidade de DNA feminino, situação na qual o componente masculino pode ficar mascarado na análise de STR autossômicos. A tipagem de Y-STR pode ajudar a revelar esse componente e orientar a investigação, mas não substitui automaticamente outras análises nem resolve, por si só, todas as questões de atribuição individual (FOROUZESH et al., 2022).

Como a maior parte do cromossomo Y é transmitida de pai para filho sem recombinação, os loci Y-STR tendem a ser herdados em conjunto, formando haplótipos. Esse padrão torna os marcadores úteis para rastrear linhagens paternas e comparar indivíduos do sexo masculino. Ao mesmo tempo, representa uma limitação importante: parentes pela linha paterna podem compartilhar haplótipos iguais ou muito semelhantes. Portanto, uma correspondência de Y-STR pode apoiar uma hipótese relacionada a uma linhagem masculina, mas pode não distinguir um indivíduo de seus parentes paternos (Figura 2).

ISSN 2317-1316

Figura 2: Ilustração da herança do cromossomo Y ao longo de quatro gerações



Outra dificuldade ocorre em misturas com material genético de mais de um homem. Embora os Y-STR possam reduzir a interferência do DNA feminino, a presença de múltiplos contribuintes masculinos pode gerar perfis complexos e dificultar a interpretação. O resultado deve ser avaliado em conjunto com os demais elementos do caso, com os controles de qualidade e com os limites do método (FOROUZESH et al., 2022).

3.3. Limitações analíticas e interpretação

A confiabilidade dos perfis STR depende da preservação e da quantidade do DNA disponível. A exposição ambiental, a decomposição e o armazenamento inadequado podem fragmentar o material genético e comprometer a amplificação. Em amostras com pouco DNA, pode ocorrer perda de alelos (allelic dropout), enquanto contaminantes podem inibir a PCR. Esses fenômenos podem produzir perfis parciais ou desequilibrados e precisam ser considerados antes de interpretar uma compatibilidade ou incompatibilidade (BHOYAR; MEHAR; CHAVALI, 2024).

ISSN 2317-1316

As misturas biológicas constituem outro desafio, pois os alelos de dois ou mais indivíduos podem estar presentes na mesma amostra. A interpretação exige avaliar o número provável de contribuintes, as proporções relativas de DNA, os possíveis alelos compartilhados e os artefatos técnicos. Em misturas complexas, uma leitura simplificada pode levar a conclusões excessivas. A existência de um perfil compatível não equivale, isoladamente, à demonstração de quando, como ou por que o material biológico foi depositado (HU et al., 2014).

Dessa forma, a análise deve ser sustentada por procedimentos validados, controles positivos e negativos, prevenção de contaminação, documentação das etapas e manutenção da cadeia de custódia. A interpretação estatística precisa refletir as hipóteses relevantes e as limitações dos dados disponíveis. A tecnologia aumenta a capacidade de análise, mas a confiabilidade depende também da execução técnica, da transparência na comunicação das incertezas e da avaliação crítica da evidência.

3.4. Síntese comparativa

Tabela 1

Aspecto	**STR autossômicos**	**Y-STR**
Principal aplicação	Comparação de perfis individuais e análise de parentesco	Detecção do componente masculino e avaliação de linhagens paternas
Ponto forte	Elevado poder discriminatório ao combinar múltiplos loci	Úteis em misturas com excesso de DNA feminino
Limitação importante	Degradação, baixa quantidade de DNA e misturas complexas	Parentes paternos podem compartilhar haplótipos; misturas de vários homens dificultam a leitura
Cuidado interpretativo	Avaliar estatística, artefatos e possíveis perdas alélicas	Não interpretar a correspondência como individualização exclusiva sem contexto adicional

ISSN 2317-1316

4 CONCLUSÃO

Os STR autossômicos permanecem entre os principais recursos da genética forense por permitirem a análise simultânea de múltiplos loci e apoiarem a comparação de vestígios, a identificação humana e a avaliação de parentesco. Os Y-STR complementam essa abordagem em situações específicas, sobretudo quando é importante investigar o componente masculino de uma mistura ou estudar uma linhagem paterna. Entretanto, a utilidade desses marcadores deve ser considerada em conjunto com suas limitações, como degradação e baixa quantidade de DNA, perda alélica, misturas complexas e compartilhamento de haplótipos entre parentes paternos. Uma correspondência genética, especialmente de Y-STR, não representa, isoladamente, a identificação exclusiva de um indivíduo. Portanto, a confiabilidade da evidência depende da validação dos métodos, da qualidade laboratorial, da interpretação estatística e da manutenção da cadeia de custódia. Estudos futuros podem aprofundar as estratégias de interpretação de misturas e o uso combinado de diferentes marcadores genéticos.

5 DECLARAÇÃO DE USO DE IA

Declaração de Uso de IA: durante a elaboração deste trabalho, utilizou-se a ferramenta ChatGPT como apoio técnico para organização, condensação e adaptação do conteúdo do TCC ao formato de submissão do COBRIC e para revisão de linguagem e formatação. O conteúdo científico foi baseado no TCC e em suas referências, e o texto final foi revisado e validado pelas autoras, que assumem total responsabilidade pelo conteúdo apresentado.

6 REFERÊNCIAS

BHOYAR, L.; MEHAR, P.; CHAVALI, K. Uma visão geral da degradação do DNA e suas implicações em casos forenses. Egyptian Journal of Forensic Sciences, v. 14, art. 15, 2024. DOI: 10.1186/s41935-024-00389-y. [CONFERIR TÍTULO ORIGINAL DA PUBLICAÇÃO.]

BUTLER, J. M. The future of forensic DNA analysis. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, v. 370, n. 1674, art. 20140252, 2015. DOI: 10.1098/rstb.2014.0252.

ISSN 2317-1316

BUTLER, John M. Advanced topics in forensic DNA typing: interpretation. San Diego: Academic Press, 2015.

DECANINE, Daniele. O papel de marcadores moleculares na genética forense. Revista Brasileira de Criminalística, v. 5, n. 2, p. 18-27, 2016. DOI: 10.15260/rbc.v5i2.123.

FOROUZESH, Mehdi; IRANI, Shiva; SOLEIMANI, Azam; MONABATI, Seyed Jalil. Application of Y-STR, DIP-STR and SNP-STR markers in interpretation of forensic genetic profiling: a narrative review. Iranian Journal of Public Health, v. 51, n. 7, p. 1538–1545, 2022. DOI: 10.18502/ijph.v51i7.10087.

FUNABASHI, Karina Silva; MONTEIRO, Ana Carolina; MORAES, Danilo Alves de; ROCHA, Murilo Ramos; MOREIRA, Patricia Cristina Fincatti; IWAMURA, Edna Sadayo Miazato. A importância da identificação humana nos desastres de massa naturais, acidentais ou provocados: uma abordagem multidisciplinar. Saúde, Ética & Justiça, v. 14, n. 2, p. 54–64, 2009. DOI: 10.11606/issn.2317-2770.v14i2p54-64.

MACHADO, Ana Paula; EHRHARDT, Alexandre. Análise comparativa entre marcadores microssatélites STR e polimorfismo de nucleotídeo único SNP usados na área forense: revisão de literatura. Saúde e Desenvolvimento Humano, Canoas, v. 6, n. 1, p. 49-56, 2018. DOI: 10.18316/sdh.v6i1.3929.

PAJNIČ, I. Z. Autosomal STR markers for forensic genetics: applications, challenges, and future directions. Genes, v. 17, n. 3, art. 285, 2026. DOI: 10.3390/genes17030285. [CONFERIR DADOS BIBLIOGRÁFICOS.]

ZIĘTKIEWICZ, E. et al. Current genetic methodologies in the identification of disaster victims and in forensic analysis. Journal of Applied Genetics, v. 53, n. 1, p. 41–60, 2012. DOI: 10.1007/s13353-011-0068-7.