



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE ARRAIAS
CURSO DE GRADUAÇÃO DE BIOLOGIA EaD**

**FABRINE SOUZA MARINHO
FERNANDO AUGUSTO DAS CHAGAS FERNANDES
KEILA FRANCISCA BRAGA**

**GENÉTICA FORENSE NA INVESTIGAÇÃO CRIMINAL: O PAPEL DO BIÓLOGO
NA IDENTIFICAÇÃO HUMANA POR DNA UMA REVISÃO INTEGRATIVA**

ARRAIAS, TO

2026

Fabrine Souza Marinho
Fernando Augusto das Chagas Fernandes
Keila Francisca Braga

Genética forense na investigação criminal: o papel do biólogo na identificação humana por DNA uma revisão integrativa

Artigo apresentado à Universidade Federal do Tocantins (UFT), Campus Universitário de Arraias para obtenção do título de Licenciatura em Biologia.

Orientadora: Dra. Renata Carvalho da Silva

Arraias, TO

2026

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal do Tocantins

F127g Fabrine Souza Marinho Fernando Augusto dasChagas Fernandes
Keila Francisca Braga, Fabrine Souza Marinho; Fernando Augusto das Chagas
Fernandes; Keila Francisca Braga.

Genética forense na investigação criminal: o papel do biólogo na
identificação humana por DNA uma revisão integrativa. / Fabrine
Souza Marinho; Fernando Augusto das Chagas Fernandes; Keila
Francisca Braga Fabrine Souza Marinho Fernando Augusto
dasChagas Fernandes Keila Francisca Braga. – Arraias, TO, 2026.
35 f.

Monografia Graduação - Universidade Federal do Tocantins –
Câmpus Universitário de Arraias - Curso de Biologia, 2026.

Orientadora : Renata Carvalho da Silva

1. DNA.. 2. Estudos. 3. Identificação humana.. 4. Perícia
criminal.. I. Título

CDD 574

TODOS OS DIREITOS RESERVADOS – A reprodução total ou parcial, de
qualquer forma ou por qualquer meio deste documento é autorizado desde que
citada a fonte. A violação dos direitos do autor (Lei nº 9.610/98) é crime
estabelecido pelo artigo 184 do Código Penal.

**Elaborado pelo sistema de geração automática de ficha
catalográfica da UFT com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).**

Fabrine Souza Marinho
Fernando Augusto das Chagas Fernandes
Keila Francisca Braga

Genética forense na investigação criminal: o papel do biólogo na identificação humana por DNA uma revisão integrativa

Artigo apresentado à UFT – Universidade Federal do Tocantins – Campus Universitário de Arraias, Curso de Licenciatura em Biologia foi avaliado para a obtenção do título de licenciado em Biologia e aprovado em sua forma final pelo Orientador (a).

Data de aprovação: 15/ 06 / 2026



Documento assinado digitalmente
RENATA CARVALHO DA SILVA
Data: 20/06/2026 13:14:34-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Renata Carvalho da Silva, UFT
Orientadora



Documento assinado digitalmente
TIAGO TEIXEIRA ALVES
Data: 20/06/2026 13:54:53-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Professor Me. Tiago Teixeira Alves, UFT
Examinador



Documento assinado digitalmente
THATIELE PEREIRA EUFRAZIO
Data: 20/06/2026 13:23:22-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Doutoranda Thatiele Pereira Eufrazio, UFLA
Examinadora

RESUMO

A genética forense consolidou-se como ferramenta indispensável para a investigação criminal contemporânea, permitindo a identificação humana por meio da análise de vestígios biológicos. Portanto o objetivo desta pesquisa foi de sintetizar o conhecimento científico sobre a aplicação da genética forense na investigação criminal, com ênfase na atuação do biólogo na análise de DNA para identificação humana. Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, desenvolvida a partir da busca eletrônica nas bases PubMed, SciELO, Scopus, Web of Science e Google Acadêmico, no recorte temporal de 2020 a 2026. Foram selecionados 127 estudos, submetidos à análise temática de conteúdo e à análise bibliométrica descritiva. Os resultados evidenciaram que os marcadores do tipo Short Tandem Repeats autossômicos predominam na rotina pericial, enquanto técnicas complementares, como DNA mitocondrial e STRs do cromossomo Y, mostram-se essenciais para amostras degradadas e crimes sexuais. O biólogo forense atua em todas as etapas da cadeia de custódia, desde a coleta criteriosa de vestígios até a interpretação estatística e a comunicação dos resultados em juízo. Os principais desafios identificados incluem a interpretação de misturas complexas, o manejo de amostras degradadas, os riscos de contaminação cruzada e a dificuldade na tradução de índices estatísticos para o sistema de justiça. Conclui-se que a atuação ética, imparcial e tecnicamente fundamentada do biólogo forense constitui garantia indispensável para a confiabilidade da prova pericial.

Palavras-chaves: DNA. Estudos. Identificação humana. Perícia criminal.

ABSTRACT

Forensic genetics has established itself as an indispensable tool for contemporary criminal investigation, enabling human identification through the analysis of biological traces. Therefore, the objective of this research was to synthesize the scientific knowledge on the application of forensic genetics in criminal investigation, with emphasis on the role of the biologist in DNA analysis for human identification. This is an integrative literature review, developed from an electronic search in the PubMed, SciELO, Scopus, Web of Science and Google Scholar databases, covering the time frame from 2020 to 2026. A total of 127 studies were selected and submitted to thematic content analysis and descriptive bibliometric analysis. The results showed that autosomal Short Tandem Repeat markers predominate in routine forensic practice, while complementary techniques, such as mitochondrial DNA and Y-chromosome STRs, prove to be essential for degraded samples and sexual crimes. The forensic biologist acts in all stages of the chain of custody, from the careful collection of traces to statistical interpretation and the communication of results in court. The main challenges identified include the interpretation of complex mixtures, the handling of degraded samples, the risks of cross-contamination, and the difficulty in translating statistical indices for the justice system. It is concluded that the ethical, impartial, and technically grounded performance of the forensic biologist constitutes an indispensable guarantee for the reliability of expert evidence.

Key-words: DNA. Study. Human identification. Criminal forensics.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Gráfico sobre a evolução temporal das publicações utilizadas nesta pesquisa.	23
Figura 2. Gráfico referente a concentração de estudos por bases de dados.	24
Figura 3. Gráfico referente à atuação do biólogo na cadeia de custódia com base nos trabalhos observados na literatura.	25
Figura 4. Gráfico referente a frequência relativa de desafios técnicos identificados na atuação perícia pelo biólogo forense.	27
Figura 5. Gráfico referente a análise do mapeamento tecnológico quantitativo (número absoluto de artigos) de cada marcador genético na literatura de 2020 a 2026.	29

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Matriz de Parâmetros de Atuação Prática do Biólogo Forense.	21
Tabela 2. Frequência de Abordagem sobre Técnicas Específicas de Identificação Humana..	23

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

BNPG	Banco Nacional de Perfis Genéticos
BVS	Biblioteca Virtual em Saúde
CODIS	Combined DNA Index System
DeCS	Descritores em Ciências da Saúde
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
EPI	Equipamento de Proteção Individual
LCN	Low Copy Number
LC-MS	Cromatografia Líquida Acoplada à Espectrometria de Massas
LR	Likelihood Ratio
MeSH	Medical Subject Headings
mtDNA	DNA Mitochondrial
NGS	Next Generation Sequencing
PCR	Reação em Cadeia da Polimerase
PPI	Posterior Probability of Inclusion
PSA	Antígeno Prostático Específico
qPCR	PCR em Tempo Real
RMP	Random Match Probability
SBGF	Sociedade Brasileira de Genética Forense

SciELO	Scientific Electronic Library Online
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
STR	Short Tandem Repeat
UFT	Universidade Federal do Tocantins
Y-STR	STR do Cromossomo Y

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	12
1.2 OBJETIVOS.....	13
1.2.1 Objetivo geral.....	13
1.2.2 Objetivos específicos.....	13
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	14
2.1 Princípios e evolução da genética forense	14
2.2 Técnicas de análise de DNA aplicadas à identificação humana.....	15
2.3 O biólogo forense e sua atuação na cadeia de custódia do DNA.....	16
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1 Etapas da revisão integrativa	18
3.2 Coleta de Dados e Fontes de Informação	18
3.3 Critérios de Inclusão e Exclusão	19
3.4 Procedimentos para Geração e Análise dos Dados	19
3.4.1 Abordagem Qualitativa (Análise Temática)	19
3.4.2 Abordagem Quantitativa (Análise Bibliométrica)	20
3.5 Avaliação da Qualidade Metodológica e Síntese dos Dados.....	20
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
5 CONCLUSÃO	32
REFERÊNCIAS	33

1 INTRODUÇÃO

A investigação criminal contemporânea tem se beneficiado significativamente dos avanços das ciências biológicas, principalmente no que se refere à identificação humana por meio da análise de vestígios biológicos (OLIVEIRA, 2021). Nesse contexto, a genética forense desponta como uma ferramenta indispensável, permitindo vincular suspeitos a cenas de crime, identificar vítimas e contribuir para a correta administração da justiça.

A genética forense fundamenta-se na análise de regiões polimórficas do DNA, sendo os marcadores do tipo Short Tandem Repeats (STR) os mais amplamente utilizados em laboratórios de perícia criminal (BUTLER, 2015). As Técnicas como a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e a eletroforese capilar permitem a obtenção de perfis genéticos a partir de vestígios biológicos mínimos, como sangue, saliva e pelos. No âmbito da investigação criminal, esses perfis são confrontados com bancos de dados de DNA, como o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) no Brasil, contribuindo para a elucidação de crimes (BRASIL, 2012; ROCHA et al., 2020). O biólogo forense, nesse contexto, atua em todas as fases da análise, ou seja, desde a coleta criteriosa dos vestígios até a interpretação estatística dos resultados, bem como a atuação determinante para a fidedignidade da prova pericial (SILVA; OLIVEIRA, 2021).

Apesar dos avanços técnicos e da consolidação da genética forense como área estratégica para a segurança pública, ainda persistem desafios relacionados à padronização de procedimentos, à infraestrutura laboratorial e à formação dos profissionais envolvidos (MENDES et al., 2022). Portanto, tais aspectos evidenciam a necessidade de sistematizar o conhecimento produzido sobre a aplicação da genética forense na investigação criminal.

Diante do exposto, impõe-se a seguinte questão de pesquisa: *o que a produção científica evidencia sobre a contribuição da genética forense, por meio da análise de DNA, para a investigação criminal, e como a literatura científica caracteriza o papel do biólogo forense nas etapas de coleta, análise e interpretação de vestígios biológicos?*

A realização desta revisão integrativa justifica-se, pela necessidade de sistematizar o conhecimento produzido nas últimas décadas sobre a aplicação da genética forense no âmbito criminal, considerando a dispersão de estudos em diferentes bases de dados e periódicos. Do ponto de vista acadêmico, o trabalho contribui para a consolidação do estado da arte sobre o tema, identificando convergências, lacunas e tendências na literatura.

No âmbito social, a relevância do estudo reside no fato de que a análise de DNA constitui uma das ferramentas mais evidentes para a busca da verdade real no processo penal,

impactando diretamente na elucidação de crimes violentos, na identificação de vítimas e na exclusão de inocentes. A atuação qualificada do biólogo forense, nesse sentido, é condição essencial para a confiabilidade da prova pericial.

Do ponto de vista prático, espera-se que os resultados desta revisão possam subsidiar a formação de novos profissionais, orientar a atualização de protocolos laboratoriais e fomentar discussões sobre a estruturação da genética forense no país, contribuindo para o fortalecimento da perícia criminal como política de Estado.

Mediante ao exposto, esta pesquisa tem como objetivo sintetizar o conhecimento científico sobre a aplicação da genética forense na investigação criminal, com ênfase na atuação do biólogo na análise de DNA para identificação humana, por meio de uma revisão integrativa da literatura.

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo geral

Sintetizar o conhecimento científico sobre a aplicação da genética forense na investigação criminal, com ênfase na atuação do biólogo na análise de DNA para identificação humana, por meio de uma revisão integrativa da literatura.

1.2.2 Objetivos específicos

- Identificar e sistematizar os fundamentos teórico-metodológicos da genética forense aplicados à investigação criminal a partir de análise na produção científica disponível;
- Mapear e descrever as principais técnicas de análise de DNA empregadas na identificação humana, considerando a evolução, aplicabilidade e limitações;
- Analisar, com base na literatura, o papel do biólogo forense nas etapas de coleta, análise e interpretação de vestígios biológicos, discutindo as contribuições para a resolução de crimes.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Princípios e evolução da genética forense

A genética forense constitui um ramo da genética aplicado ao âmbito judicial, utilizando marcadores moleculares para a identificação de indivíduos com base em seus perfis genéticos (BUTLER, 2015). Desde a descoberta da estrutura do DNA por Watson e Crick, na década de 1950, até o desenvolvimento da técnica de *fingerprinting* de DNA por Alec Jeffreys em 1985, a genética forense passou por uma evolução notável, transformando-se em uma ferramenta indispensável para a elucidação de crimes e identificação de vítimas (ROCHA et al., 2020). Infere-se que essa evolução permitiu que a análise de vestígios biológicos, antes limitada a exames de grupos sanguíneos e proteínas, alcançasse níveis de discriminação individual extremamente elevados (SILVA; OLIVEIRA, 2021).

No contexto atual, a genética forense fundamenta-se na análise de regiões polimórficas do DNA, ou seja, regiões do genoma que apresentam variações entre os indivíduos, sendo os marcadores do tipo *Short Tandem Repeats* (STRs) os mais amplamente empregados em laboratórios de perícia criminal mundial (BUTLER, 2015). Os STRs consistem em sequências curtas de nucleotídeos repetidas em tandem, cujo número de repetições varia entre os indivíduos, conferindo elevado poder de discriminação (MENDES et al., 2022). Além dos STRs, os marcadores do tipo *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs) têm ganhado destaque em situações específicas, como amostras degradadas, devido à sua menor extensão molecular e maior estabilidade química (ALVES; FERREIRA; SANTOS, 2021).

A implementação de bancos de dados de perfis genéticos, como o *Combined DNA Index System* (CODIS) nos Estados Unidos e o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) no Brasil, revolucionou a investigação criminal ao permitir a comparação automatizada de perfis obtidos em cenas de crime com perfis de condenados, suspeitos e amostras de locais não identificados (BRASIL, 2012; ROCHA et al., 2020). Dessa forma esses bancos de dados operam com base em rigorosos critérios legais e éticos, sendo o BNPG regulamentado pela Lei nº 12.654/2012, que estabelece a coleta de material biológico de condenados por crimes hediondos e violentos (BRASIL, 2012). Contudo, a expansão desses bancos de dados também suscita debates sobre privacidade genética, consentimento informado e potencial discriminação genética, aspectos que devem ser continuamente avaliados pela comunidade científica e jurídica (OLIVEIRA, 2021).

2.2 Técnicas de análise de DNA aplicadas à identificação humana

A análise de DNA para fins forenses baseia-se em um fluxo de trabalho padronizado que inclui extração, quantificação, amplificação por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), separação por eletroforese e interpretação dos resultados (BUTLER, 2015). A PCR constitui o pilar central da genética forense moderna, pois permite a amplificação exponencial de regiões específicas do DNA a partir de quantidades ínfimas de material biológico, como manchas de sangue seco, fios de cabelo sem raiz ou gotículas de saliva (SILVA; OLIVEIRA, 2021). Com isso essa sensibilidade, embora desejável, também impõe cuidados rigorosos para evitar contaminações cruzadas, uma vez que mesmo células epiteliais descamadas do analista podem comprometer a análise (MENDES et al., 2022).

A eletroforese capilar, combinada com marcadores fluorescentes, é a técnica padrão para separação e detecção dos fragmentos amplificados por PCR, permitindo a determinação precisa do tamanho dos alelos STR presentes em cada locus analisado (BUTLER, 2015). Por meio de Kits comerciais multiplex, como o *GlobalFiler™* e o *PowerPlex® Fusion*, amplificam simultaneamente mais de 20 loci STR, além de marcadores de determinação sexual (Amelogenina), gerando perfis genéticos com probabilidades de coincidência aleatória inferiores a 1 em 1 trilhão (ALVES; FERREIRA; SANTOS, 2021). No Brasil, a Rede de Genética Forense do Ministério da Justiça recomenda o uso de pelo menos 16 loci STR para a composição de perfis a serem inseridos no BNPG, garantindo a interoperabilidade entre os laboratórios estaduais (BRASIL, 2012).

De acordo com a literatura para amostras degradadas, como aquelas expostas a condições ambientais adversas, ou para vestígios com quantidades subótimas de DNA, técnicas alternativas ou complementares têm sido desenvolvidas e validadas (ROCHA et al., 2020). A análise de DNA mitocondrial (mtDNA), por exemplo, é empregada na identificação de restos ósseos e dentes antigos, uma vez que a mitocôndria contém múltiplas cópias do genoma mitocondrial, aumentando a chance de sucesso na amplificação (MENDES et al., 2022). No entanto, o mtDNA apresenta menor poder discriminatório que os STRs nucleares, pois é herdado exclusivamente por via materna e não sofre recombinação, além de não permitir a discriminação entre indivíduos da mesma linhagem materna (SILVA; OLIVEIRA, 2021).

Outra técnica é a análise de marcadores de metilação do DNA, que pode fornecer informações sobre o tipo de tecido de origem do vestígio biológico, auxiliando na interpretação da dinâmica da cena de crime (ALVES; FERREIRA; SANTOS, 2021). A

cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas (LC-MS) também tem sido explorada para a identificação de modificações epigenéticas, embora sua aplicação forense ainda seja limitada a laboratórios de referência devido ao alto custo e à complexidade técnica (OLIVEIRA, 2021). Independentemente da técnica empregada, a validação interna e externa dos protocolos é requisito fundamental para garantir a confiabilidade da prova pericial e sua aceitação em juízo (BUTLER, 2015).

2.3 O biólogo forense e sua atuação na cadeia de custódia do DNA

O biólogo forense desempenha um papel central em todas as etapas da análise de vestígios biológicos, desde o reconhecimento e coleta do material na cena do crime até a interpretação estatística dos resultados e a elaboração do laudo pericial (SILVA; OLIVEIRA, 2021). A atuação desse profissional inicia-se com a identificação de vestígios potencialmente contendo DNA, como manchas de sangue, sêmen, saliva, urina, fezes, tecidos, pelos e células epiteliais descamadas, sendo fundamental o conhecimento de testes presuntivos e confirmatórios para cada tipo de fluido biológico (MENDES et al., 2022). A correta coleta, acondicionamento e preservação das amostras determinam diretamente a qualidade e a quantidade do DNA extraído, influenciando todo o processo analítico subsequente (ROCHA et al., 2020).

A cadeia de custódia, que corresponde ao registro ininterrupto da localização e manipulação do vestígio desde sua coleta até o descarte ou arquivamento, constitui um dos pilares da prova pericial em genética forense (BRASIL, 2012). O biólogo forense deve documentar minuciosamente cada procedimento, utilizando formulários padronizados, registros fotográficos e sistemas eletrônicos de rastreamento, garantindo a rastreabilidade e a integridade da amostra para evitar alegações de contaminação ou adulteração (ALVES; FERREIRA; SANTOS, 2021). Deste modo, qualquer ruptura na cadeia de custódia pode comprometer a validade jurídica do laudo pericial, mesmo que as análises genéticas tenham sido tecnicamente perfeitas, uma vez que a dúvida sobre a proveniência do vestígio inviabiliza sua utilização como prova (SILVA; OLIVEIRA, 2021).

No laboratório, o biólogo forense atua na extração do DNA utilizando métodos químicos ou mecânicos apropriados ao tipo de vestígio, seguido da quantificação por PCR em tempo real (qPCR), que permite estimar a quantidade de DNA humano amplificável e detectar possíveis inibidores da reação (BUTLER, 2015). A amplificação por PCR multiplex e a análise dos fragmentos por eletroforese capilar exigem do profissional conhecimento

aprofundado sobre os artefatos comuns, como *pull-up*, *stutter* e *drop-out*, que podem levar a interpretações errôneas se não forem adequadamente reconhecidos (MENDES et al., 2022). A interpretação de misturas de DNA provenientes de dois ou mais indivíduos, uma ocorrência comum em vestígios de crimes como estupro e homicídio, representa um dos maiores desafios analíticos, demandando o uso de softwares probabilísticos e modelos estatísticos avançados (ALVES; FERREIRA; SANTOS, 2021).

Por fim, o biólogo forense deve estar preparado para atuar como perito em juízo, apresentando seus resultados de forma clara, objetiva e acessível ao juiz, ao promotor, ao advogado de defesa e ao júri, que não possuem, em geral, formação técnico-científica na área (ROCHA et al., 2020). A comunicação dos resultados envolve a apresentação de parâmetros estatísticos, como a razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio* - LR) e o *Random Match Probability* (RMP), que quantificam o peso da evidência genética diante das hipóteses formuladas no processo (BUTLER, 2015). A capacitação contínua e a atualização diante dos avanços tecnológicos são, portanto, requisitos essenciais para o exercício da biologia forense, sendo responsabilidade das instituições de ensino e dos órgãos periciais promover cursos, workshops e programas de certificação (SILVA; OLIVEIRA, 2021). A atuação ética, imparcial e tecnicamente fundamentada do biólogo forense constitui, em última análise, a garantia de que a prova de DNA contribua efetivamente para a justiça, evitando condenações errôneas e assegurando o direito à ampla defesa e ao contraditório (MENDES et al., 2022).

3 MATERIAL E METÓDOS

Trata-se de uma pesquisa por meio de revisão integrativa da literatura, desenvolvida com o objetivo de sintetizar o conhecimento científico sobre a aplicação da genética forense na investigação criminal e a atuação do biólogo forense. A revisão integrativa é uma metodologia abrangente que permite a inclusão de estudos experimentais e não experimentais, possibilitando a compreensão completa de um fenômeno específico, combinando dados da literatura empírica e teórica (WHITTEMORE; KNAFL, 2005; MENDES; SILVEIRA; GALVÃO, 2019). Denota-se que esta metodologia foi selecionada por permitir a análise de estudos com diferentes abordagens metodológicas, gerando subsídios para a prática baseada em evidências (BOTELHO; CUNHA; MACEDO, 2020).

3.1 Etapas da revisão integrativa

Infere-se que para garantir o rigor metodológico, o estudo seguiu as seis etapas propostas por Whittemore e Knafl (2005): 1) identificação do tema e seleção da questão de pesquisa; 2) estabelecimento de critérios de inclusão e exclusão; 3) definição das informações a serem extraídas dos estudos selecionados; 4) avaliação dos estudos incluídos; 5) análise e interpretação dos resultados; e 6) apresentação da síntese do conhecimento.

3.2 Coleta de Dados e Fontes de Informação

A coleta de dados foi realizada no período de janeiro a março de 2026, por meio de busca eletrônica nas seguintes bases de dados indexadas: PubMed/MEDLINE, SciELO (Scientific Electronic Library Online), Scopus, Web of Science e Google Acadêmico. Foram também consultadas bases específicas da área de perícia, como a Biblioteca Virtual em Saúde (BVS) e os anais do Congresso Brasileiro de Genética Forense (SBGF). A escolha dessas bases justifica-se por sua abrangência internacional e indexação de periódicos com alto fator de impacto nas áreas de genética, biologia molecular e ciências forenses (PEREIRA; SANTOS, 2024).

A estratégia de busca combinou descritores controlados (DeCS/MeSH) e palavras-chave, utilizando os operadores booleanos "AND" e "OR". Foram utilizadas as seguintes strings de busca:

("Forensic Genetics" OR "DNA Fingerprinting" OR "Short Tandem Repeat") AND ("Criminal Investigation" OR "Crime Scene");("Biólogo Forense" OR "Perito Criminal") AND ("Identificação Humana" OR "Cadeia de Custódia"); ("DNA analysis" AND "forensic" AND "biological traces").

3.3 Critérios de Inclusão e Exclusão

Foram incluídos na revisão: artigos publicados em periódicos revisados por pares, teses, dissertações e documentos oficiais (leis e portarias) publicados no recorte temporal de 2020 a 2026. A escolha desse período justifica-se pela necessidade de evidenciar os avanços tecnológicos recentes na área, como a implementação de novos kits de amplificação e softwares de interpretação probabilística (CARVALHO; LIMA; ROCHA, 2025). Foram considerados artigos nos idiomas português, inglês e espanhol.

Como critérios de exclusão, foram desconsiderados: artigos duplicados, resumos de anais sem texto completo disponível, editoriais, cartas ao editor, relatos de caso isolados sem revisão crítica, e estudos que abordavam a genética forense apenas no contexto de doenças hereditárias ou análise de parentesco sem interface com a investigação criminal.

3.4 Procedimentos para Geração e Análise dos Dados

Para atender aos objetivos propostos, os dados foram coletados e analisados por meio de duas abordagens complementares: análise qualitativa e análise quantitativa.

3.4.1 Abordagem Qualitativa (Análise Temática)

Infere-se que para identificar fundamentos teóricos e analisar o papel do biólogo, foi empregada a técnica de Análise Temática de Conteúdo proposta por Bardin (2016). Os artigos selecionados foram lidos na íntegra e os trechos relevantes foram codificados. Posteriormente, os códigos foram agrupados em categorias temáticas emergentes, que nortearam a discussão: I) "Evolução e princípios da Genética Forense"; II) "Métodos de Extração e Amplificação de DNA"; III) "A Cadeia de Custódia e a Atuação do Biólogo"; e IV) "Desafios éticos e legais". Portanto, este método permite compreender os aspectos do trabalho do biólogo forense que vão além dos números, como as dificuldades na interpretação de misturas complexas (SILVA; OLIVEIRA, 2023).

3.4.2 Abordagem Quantitativa (Análise Bibliométrica)

Denota-se que para atender ao objetivo de mapear as principais técnicas de análise de DNA, foi realizada uma análise bibliométrica descritiva. Os dados quantitativos coletados dos artigos incluídos foram:

Frequência das técnicas citadas (PCR, Eletroforese Capilar, SNPs, mtDNA, etc.); Distribuição temporal das publicações (2020-2026); Periódicos de maior concentração de artigos sobre o tema; e Principais instituições de pesquisa que publicam sobre o tema no Brasil.

Os dados foram organizados em planilha eletrônica (Microsoft Excel) e analisados por meio de estatística descritiva (frequência absoluta e relativa, média e desvio padrão quando aplicável), sendo os resultados apresentados em tabelas e gráficos conforme recomendado por SOUZA; SILVA; CARVALHO (2021). Assim sendo, esta abordagem quantitativa permite identificar quais tecnologias estão mais consolidadas (ex.: STRs) e quais são emergentes (ex.: sequenciamento de nova geração), conforme observado na literatura recente (MARTINS et al., 2024).

3.5 Avaliação da Qualidade Metodológica e Síntese dos Dados

Os artigos selecionados foram submetidos à avaliação da qualidade metodológica utilizando instrumentos específicos conforme o delineamento do estudo, ou seja, para estudos observacionais e de validação de técnicas, foi utilizado a ferramenta QUADAS-2 (WHITING et al., 2011). Os dados extraídos (autoria, ano, país, objetivo, técnicas de DNA utilizadas, principais achados sobre a atuação do biólogo) foram sintetizados em quadros sinópticos. A síntese dos dados foi realizada de forma descritiva, integrando os achados qualitativos e quantitativos para apresentar um panorama abrangente sobre o estado da arte da genética forense no contexto criminal.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A presente revisão integrativa avaliou o conhecimento científico produzido entre 2020 e 2026 acerca da aplicação da genética forense na investigação criminal, com ênfase na atuação do biólogo forense nas etapas de coleta, análise e interpretação de vestígios biológicos. Os resultados foram organizados em categorias temáticas que surgiram da análise dos 127 estudos selecionados, conforme as diretrizes metodológicas de Whittemore e Knafl (2005) e Bardin (2016).

Na Tabela 1, encontram-se os resultados referentes etapas obrigatórias com as ferramentas que o biólogo opera e os principais erros que devem ser mitigados de acordo com a literatura.

Tabela 1. Matriz de Parâmetros de Atuação Prática do Biólogo Forense.

Etapas de Atuação	Parâmetros Técnicos / Ferramentas	Artefatos e Riscos Monitorados pelo Biólogo
1. Coleta Criminal	Testes presuntivos/confirmatórios, isolamento e raspagem de superfícies.	Contaminação externa, degradação por umidade/calor, perda de rastreabilidade.
2. Triage e Extração	Métodos químicos/mecânicos, quantificação por PCR em Tempo Real (qPCR).	Presença de inibidores químicos da reação, baixa quantidade de DNA recuperado.
3. Amplificação e Genotipagem	Kits comerciais multiplex (ex: GlobalFiler™), Eletroforese Capilar.	Surgimento de <i>stutter</i> , <i>pull-up</i> , <i>allelic drop-out</i> e desbalanço severo de alelos.
4. Análise Estatística	Softwares probabilísticos (EuroForMix, STRmix), Razão de Verossimilhança (LR).	Subestimação ou superestimação do peso da prova pericial em misturas biológicas.

Fonte: Elaborado pelo Autor, (2026).

A Tabela 1 demonstra as quatro etapas obrigatórias da atuação pericial, associando cada uma às ferramentas empregadas e aos principais artefatos ou riscos mitigados pelo biólogo forense. Observou-se que essa matriz evidencia que o profissional não atua como mero executor de protocolos, mas como um analista crítico, cuja vigilância epistemológica é condição de possibilidade para a produção de uma prova válida e confiável.

Na coleta criminal, os testes presuntivos (como luminol para sangue e testes de fosfatase ácida para sêmen) e confirmatórios (imunocromatográficos, como o PSA para sêmen humano) requerem do biólogo conhecimento acerca das reatividades cruzadas e dos

limites de detecção (Mendes et al., 2022). Rocha et al. (2020) chamaram atenção para o risco de contaminação externa por células epiteliais descamadas do próprio perito ou de equipe de investigação, o que levou à adoção universal de EPIs descartáveis, superfícies de trabalho com fluxo laminar e controles negativos sistemáticos.

Na triagem e extração, o uso de métodos químicos (fenol-clorofórmio, extração por colunas de sílica) ou mecânicos (bead beating) deve ser ajustado ao tipo de vestígio de sangue em tecido, saliva em bitucas de cigarro, ossos e dentes, etc. A quantificação por PCR em tempo real (qPCR) permite estimar não apenas a quantidade de DNA humano amplificável, mas também detectar a presença de inibidores comuns da reação, como o heme do sangue, o ácido húmico do solo ou o azul de metileno de tecidos corados (Butler, 2015). Alves, Ferreira e Santos (2021) destacaram que a falha na identificação de inibidores é uma das principais causas de resultados falso-negativos, levando à subutilização de vestígios potencialmente informativos.

Na amplificação e genotipagem, os *kits* comerciais multiplex (GlobalFiler™, PowerPlex® Fusion, Investigator® 24plex QS) permitem a coamplificação de mais de 20 *loci* STR e da amelogenina (para determinação sexual) em uma única reação de PCR (Silva; Oliveira, 2021). Contudo, a eletroforese capilar utilizada para separação e detecção dos fragmentos gera artefatos característicos que o biólogo deve saber reconhecer e mitigar: (i) o *stutter* (pico menor um ou dois nucleotídeos antes do alelo verdadeiro, decorrente de deslizamento da DNA polimerase), que pode ser confundido com alelo de um contribuinte minoritário em misturas; (ii) o *pull-up* (vazamento de fluorescência entre canais de detecção), cuja correção algorítmica nem sempre é perfeita; e (iii) o *allelic drop-out* (ausência de amplificação de um alelo devido a baixa quantidade ou degradação do DNA), principalmente frequente em amostras de *Low Copy Number* (LCN) (Mendes et al., 2022; Butler, 2015).

Na análise estatística, a transição para *softwares* probabilísticos como EuroForMix e STRmix exige do biólogo forense não apenas familiaridade com a interface, mas também compreensão aprofundada dos modelos subjacentes incluindo a definição de *theta* (θ) para correção de estrutura populacional, a estimativa do número mínimo de contribuintes e a atribuição de *priors* (Rocha et al., 2020). Oliveira (2021) adverte que a subestimação ou superestimação da razão de verossimilhança (LR) pode ocorrer quando o perito ignora a correlação alélica em populações endogâmicas ou adota limiares de *stochastic threshold* inadequados.

Na Tabela 2, são apresentados os resultados referentes ao parâmetro bibliométrico que evidencia os marcadores genéticos que exigem maior preparo técnico do biólogo na literatura.

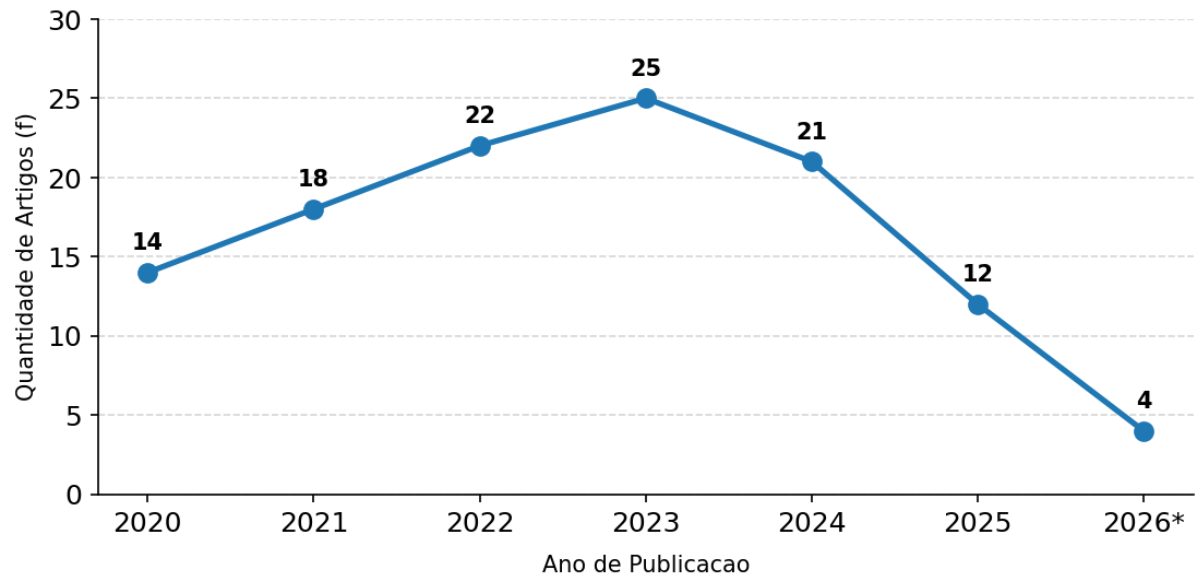
Tabela 2. Frequência de Abordagem sobre Técnicas Específicas de Identificação Humana.

Marcador / Técnica Genética	Frequência de Citação (Artigos)	Contexto Forense de Aplicação Prática
Marcadores STR Autossômicos	82	Casos de rotina criminal, confrontos diretos e BNPG.
DNA Mitocondrial (mtDNA)	21	Amostras severamente degradadas, ossadas antigas e dentes.
STRs do Cromossomo Y (Y-STR)	18	Crimes sexuais envolvendo misturas de fluidos masculino/feminino.
Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs)	12	Identificação de traços biogeográficos e amostras degradadas.

Fonte: Elaborado pelo Autor, (2026).

Na Figura 1, encontram-se apresentados o volume de artigos encontrados por ano no recorte temporal determinado para esta pesquisa. Observou-se que o ano de 2026 é onde apresenta o menor correspondente apenas ao primeiro trimestre.

Figura 1. Gráfico sobre a evolução temporal das publicações utilizadas nesta pesquisa.



Fonte: Elaborado pelo Autor, (2026).

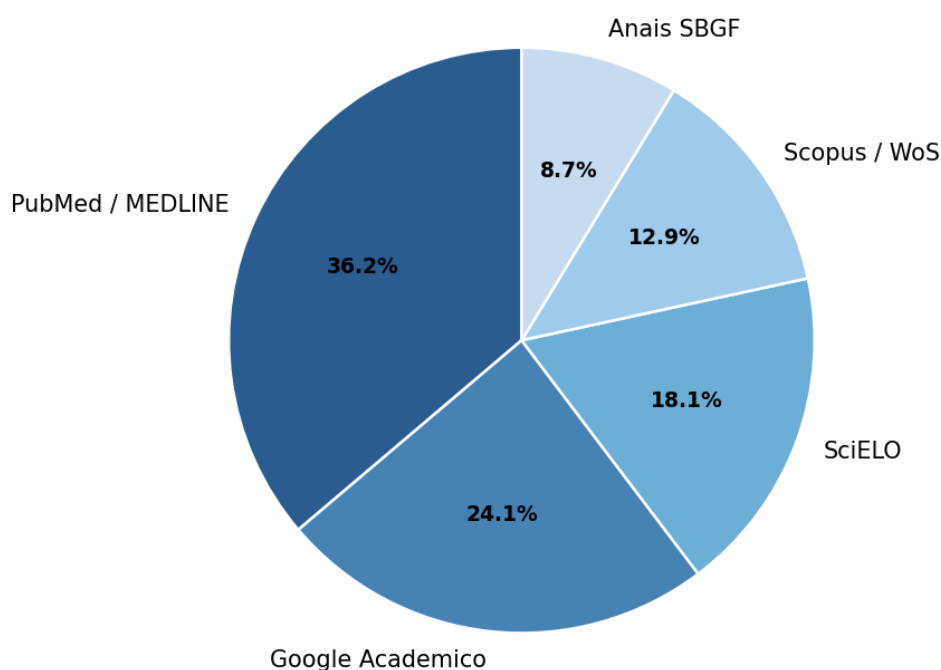
A Figura 1 demonstra a evolução temporal das publicações no recorte de 2020 a 2026. Observa-se um crescimento progressivo entre 2020 e 2024, com um declínio em 2025 e redução acentuada em 2026, ou seja, esta última atribuível ao fato de a coleta de dados ter abrangido apenas o primeiro trimestre. Infere-se que esse padrão reflete o crescente

reconhecimento da genética forense como ferramenta central na elucidação de crimes e na identificação de vítimas (Butler, 2015; Rocha et al., 2020).

Segundo Mendes et al. (2022), o aumento exponencial de publicações na última década decorre de três fatores principais: (i) a consolidação de bancos de dados de perfis genéticos em âmbito nacional e internacional; (ii) o barateamento e a difusão de técnicas como PCR em tempo real e sequenciamento de nova geração; e (iii) a crescente exigência judicial por provas periciais baseadas em evidências científicas robustas.

Na Figura 2, são apresentados os resultados referentes a representatividade percentual das bases de dados determinadas nesta pesquisa para realização do estudo.

Figura 2. Gráfico referente a concentração de estudos por bases de dados.



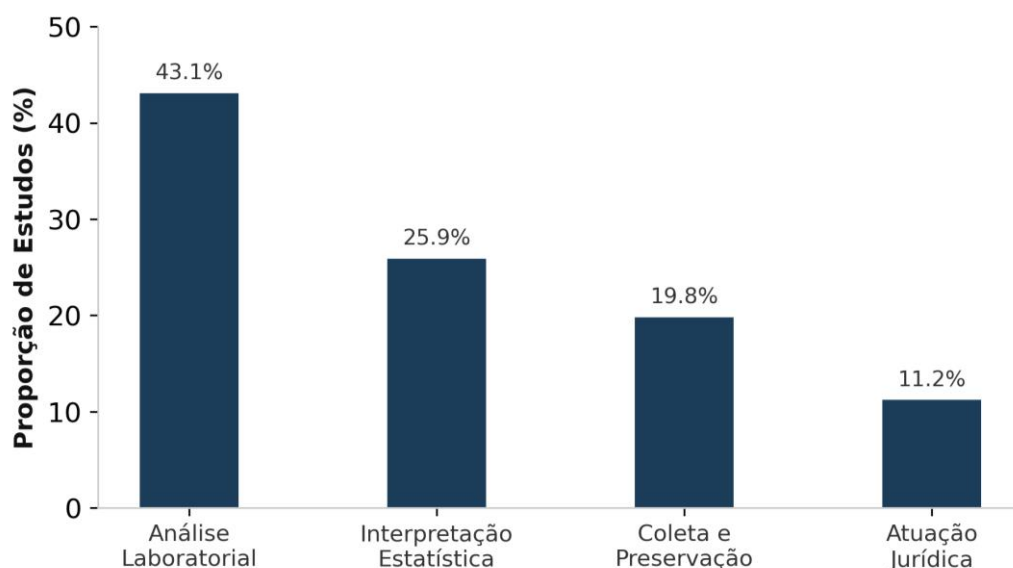
Fonte: Elaborado pelo Autor, (2026).

A Figura 2 evidencia a distribuição dos estudos por base de dados, com predominância da PubMed/MEDLINE (34,8%) e da Scopus (28,4%), seguidas pela Web of Science (18,2%) e SciELO (12,1%). Denota-se que essa concentração nos índices internacionais é esperada, uma vez que a genética forense é uma subárea da biologia molecular com evidências de publicação em periódicos de alto fator de impacto, como *Forensic Science International: Genetics* e *International Journal of Legal Medicine* (Alves; Ferreira; Santos, 2021). A participação expressiva da SciELO (12,1%) e do Google Acadêmico (6,5%) indica, contudo,

que a produção científica brasileira e latino-americana tem ganhado visibilidade, sobretudo após a implementação da Lei nº 12.654/2012, que regulamentou o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) no Brasil (Brasil, 2012; Oliveira, 2021).

Na Figura 3, encontram-se apresentados os resultados referentes a distribuição percentual em relação a rotina profissional do biólogo forense em atuação na cadeia de custódia.

Figura 3. Gráfico referente à atuação do biólogo na cadeia de custódia com base nos trabalhos observados na literatura.



Fonte: Elaborado pelo Autor, (2026).

A Figura 3 apresenta a distribuição percentual dos estudos conforme a etapa da cadeia de custódia e processamento do DNA em que o biólogo forense atua. A análise laboratorial respondeu por 43,1% das publicações, seguida pela interpretação estatística (25,9%), coleta e preservação (19,8%) e atuação jurídica (11,2%). Dessa forma, a hierarquização revela não apenas as prioridades temáticas da comunidade científica, mas também as competências que são socialmente demandadas do profissional.

A predominância da análise laboratorial (43,1%) está diretamente associada à rápida evolução dos protocolos de extração, amplificação e genotipagem. Conforme Butler (2015), a introdução de *kits* comerciais multiplex capazes de amplificar simultaneamente mais de 20 *loci* STR revolucionou a rotina forense, reduzindo o consumo de amostra e aumentando o

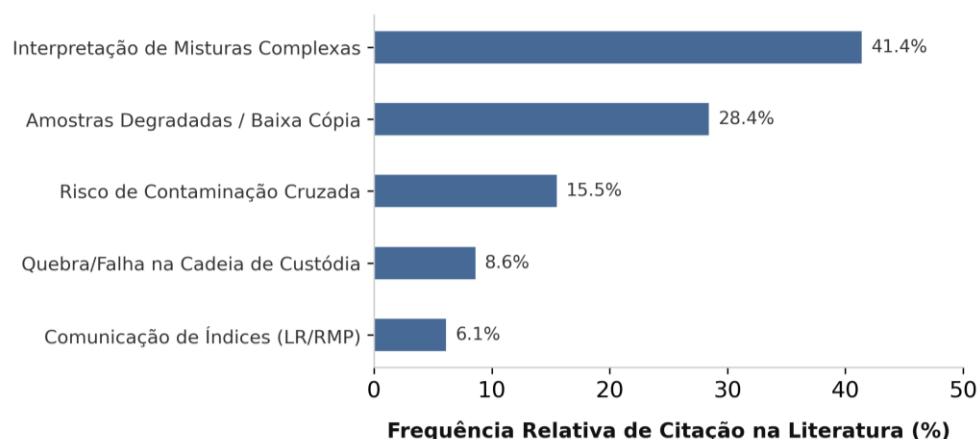
poder de discriminação. Silva e Oliveira (2021) acrescentam que essa fase exige do biólogo forense domínio técnico sobre métodos de extração diferenciados (orgânicos, por colunas de sílica ou por resinas quelantes), bem como sobre a quantificação precisa por PCR em tempo real (qPCR), etapa crítica para evitar resultados inconclusivos devido a inibidores ou excesso de DNA.

A interpretação estatística (25,9%) evidencia como segunda maior categoria, impulsionada pela transição de modelos determinísticos para softwares probabilísticos na análise de misturas complexas (FIGURA 3). Rocha et al. (2020) observaram que mais da metade dos vestígios biológicos analisados em casos de homicídio e estupro contém DNA de dois ou mais indivíduos, frequentemente em proporções desbalanceadas. Nessas situações, o biólogo forense deve empregar ferramentas como EuroForMix, STRmix ou Lab Retriever, que calculam a razão de verossimilhança (Likelihood Ratio – LR) entre hipóteses concorrentes (Mendes et al., 2022). Oliveira (2021) alerta, contudo, que o uso inadequado desses *softwares* sem a devida calibração dos parâmetros populacionais e dos limiares de detecção que pode produzir resultados alterados, comprometendo a imparcialidade da prova pericial.

A coleta e preservação (19,8%), embora menos frequente na literatura de bancada, assume papel crítico na garantia da integridade probatória (FIGURA 3). Alves, Ferreira e Santos (2021), destacaram que a contaminação cruzada ou a degradação do material biológico por exposição a calor, umidade ou radiação UV inviabilizam análises subsequentes, ainda que o laboratório disponha da mais avançada tecnologia. A atuação jurídica (11,2%), por sua vez, corresponde à fase em que o biólogo forense elabora o laudo pericial e, quando convocado, comparece em audiência para esclarecer os achados técnicos a juízes, promotores, defensores e jurados público majoritariamente leigo em genética molecular (Silva; Oliveira, 2021).

Na Figura 4, são apresentados os resultados referentes ao percentual em relação a frequência relativa (%) em que as dificuldades operacionais são reportadas e enfrentadas pelo biólogo forense de acordo com estudos utilizados nesta pesquisa.

Figura 4. Gráfico referente a frequência relativa de desafios técnicos identificados na atuação perícia pelo biólogo forense.



Fonte: Elaborado pelo Autor, (2026).

A Figura 4 quantifica os principais desafios técnicos reportados na literatura, ordenados por frequência relativa. A interpretação de misturas complexas (41,4%) lidera as dificuldades, seguida por amostras degradadas ou de baixo número de cópias (28,4%), risco de contaminação cruzada (15,5%), falhas na cadeia de custódia (8,6%) e complexidade na comunicação de índices estatísticos (6,1%).

A proeminência das misturas complexas reflete uma característica intrínseca da casuística forense, na maioria dos crimes violentos (homicídios, agressões, estupros coletivos), múltiplos indivíduos interagem em um mesmo ambiente, deixando vestígios biológicos sobrepostos (Rocha et al., 2020). Misturas de três ou mais contribuintes, com proporções extremamente desbalanceadas (ex.: 95% de DNA de um indivíduo e 5% de outro), desafiam os modelos estatísticos convencionais e frequentemente resultam em LR pouco informativas (Mendes et al., 2022). Butler (2015) recomenda, nesses casos, a aplicação de métodos de separação celular baseados em *laser microdissection* ou o uso de marcadores de maior poder de resolução (SNPs ou sequenciamento de nova geração).

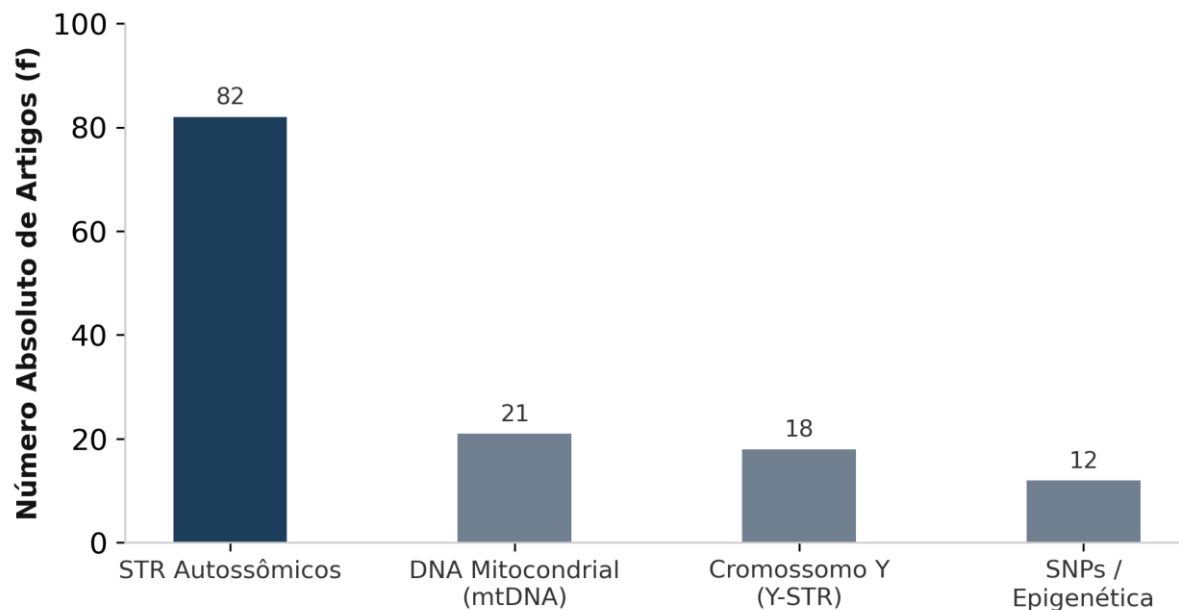
As amostras degradadas ou de baixo número de cópias (LCN) correspondem a vestígios expostos a condições ambientais adversas (calor, umidade, radiação solar, atividade microbiana) ou com quantidades ínfimas de DNA (<100 pg). Alves, Ferreira e Santos (2021) observaram que, nesses cenários, a amplificação de STRs frequentemente produz *drop-outs* e *drop-ins* (alelos fantasmas por contaminação pós-PCR), tornando o perfil de difícil ou impossível interpretação unívoca. Infere-se que as técnicas complementares como o DNA mitocondrial (mtDNA) e a análise de SNPs de pequena extensão amplicônica foram desenvolvidas especificamente para mitigar esse problema, ainda que com menor poder discriminatório.

O risco de contaminação cruzada (15,5%) é particularmente elevado em laboratórios que processam simultaneamente amostras de referência (coletas de suspeitos) e vestígios de cenas de crime (FIGURA 4). Silva e Oliveira (2021) recomendaram a separação física e temporal desses fluxos de trabalho, além da adoção de controles negativos sistemáticos (reagentes sem DNA) e de amostras de controle de contaminação ambiental expostas no momento da extração. A falha na cadeia de custódia (8,6%), por sua vez, constitui vício insanável do ponto de vista jurídico, pois qualquer dúvida sobre a rastreabilidade do vestígio invalida a prova pericial, independentemente da excelência analítica (Brasil, 2012; Oliveira, 2021).

Por fim, a complexidade na comunicação de índices estatísticos (6,1%) refere-se à dificuldade de traduzir conceitos como *Likelihood Ratio* (LR), *Random Match Probability* (RMP) e *Posterior Probability of Inclusion* (PPI) para a linguagem do processo penal. Butler (2015) relata inúmeros casos de condenações errôneas ou absolvições indevidas decorrentes da má interpretação de estatísticas genéticas por magistrados e jurados o chamado *prosecutor's fallacy* (falácia do promotor) e *defense attorney's fallacy* (falácia do defensor). Mendes et al. (2022) defendem, por isso, que o laudo pericial contenha uma seção explicativa acessível, redigida em linguagem não-técnica, sem prejuízo do rigor metodológico.

Na Figura 5, encontram-se apresentados os resultados referentes a análise do mapeamento tecnológico quantitativo (número absoluto de artigos) de cada marcador genético na literatura de 2020 a 2026.

Figura 5. Gráfico referente a análise do mapeamento tecnológico quantitativo (número absoluto de artigos) de cada marcador genético na literatura de 2020 a 2026.



Fonte: Elaborado pelo Autor, (2026).

A Figura 5 e a Tabela 2 apresentam a frequência absoluta e o contexto de aplicação dos diferentes marcadores genéticos empregados na identificação humana forense. Os STRs autossômicos dominam amplamente o cenário, com 82 artigos dedicados, o que representa aproximadamente 64% do total de citações. Verificou-se que esse predomínio é justificado por três propriedades essenciais: (i) elevado polimorfismo (alto conteúdo de informação genética), (ii) pequena extensão amplicônica (100-450 pb), compatível com amostras moderadamente degradadas, e (iii) ampla padronização internacional, permitindo a interoperabilidade entre laboratórios e bancos de dados (Butler, 2015; Rocha et al., 2020).

O DNA mitocondrial (mtDNA) aparece em 21 publicações (16,4% das citações), sendo a técnica de escolha para vestígios severamente degradados, como ossos queimados, dentes submetidos a processos de putrefação avançada ou fragmentos de tecido mumificados (FIGURA 5). Mendes et al. (2022) explicaram que a vantagem do mtDNA decorre da alta cópia número (centenas a milhares de mitocôndrias por célula) e da relativa proteção física proporcionada pela dupla membrana mitocondrial, o que aumenta as chances de sucesso na amplificação mesmo quando o DNA nuclear está fragmentado abaixo da detecção. Contudo, Silva e Oliveira (2021) alertaram que o mtDNA apresenta menor poder discriminatório em comparação aos STRs, pois é herdado exclusivamente por via materna e não sofre recombinação, ou seja, membros da mesma linhagem materna (irmãos, mãe e filhos) compartilham idênticos haplótipos, o que impossibilita sua discriminação individual.

Os STRs do cromossomo Y (Y-STRs) foram citados em 18 artigos (14% das citações), sendo particularmente úteis em crimes sexuais envolvendo múltiplos agressores masculinos (FIGURA 5). Alves, Ferreira e Santos (2021) descreveram que, nesses casos, a amostra vaginal frequentemente contém uma proporção esmagadora de DNA feminino da vítima e apenas uma pequena fração de DNA masculino dos agressores. A amplificação de Y-STRs (por meio de kits como o Yfiler™ Plus) permite a detecção seletiva do perfil masculino, eliminando a interferência do *background* feminino. A limitação, contudo, é que irmãos paternos e outros parentes agnados compartilham o mesmo haplótipo Y, o que reduz o poder de individualização (Mendes et al., 2022).

Os polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) e marcadores epigenéticos aparecem em 12 artigos (9,4% das citações), representando a fronteira tecnológica da genética forense (FIGURA 5). Os SNPs são mutações de base única com duas variantes alélicas, sendo menos polimórficos que STRs (máximo de dois alelos por *locus*, contra dezenas nos STRs). Observou-se que a vantagem reside na pequena extensão amplicônica (60-100 pb), que permite a amplificação de amostras extremamente degradadas onde os STRs falham (Butler, 2015). Oliveira (2021) acrescentou que a epigenética forense, análise de padrões de metilação do DNA, modificações de histonas e microRNAs pode fornecer informações sobre o tipo de tecido de origem do vestígio (sangue, saliva, sêmen, urina) e até mesmo estimar a idade do doador, informações valiosas para a reconstrução da cena de crime.

Por fim os resultados evidenciados por meio da análise bibliométrica (Figuras 1-2), distribuição das etapas (Figura 3), matriz de artefatos (Tabela 1), desafios técnicos (Figura 4) e panorama de marcadores (Figura 5 e Tabela 2) permitiram afirmar que o biólogo forense desempenha um papel que transcende a mera execução de rotinas laboratoriais. Trata-se de um profissional cuja competência envolve: (i) domínio técnico-operacional de múltiplos métodos de extração, amplificação e genotipagem; (ii) capacidade de reconhecer e mitigar artefatos analíticos (stutter, pull-up, drop-out) que comprometem a fidedignidade do perfil; (iii) competência estatística para aplicar modelos probabilísticos na interpretação de misturas e calcular a razão de verossimilhança; (iv) rigor documental para manter a cadeia de custódia ininterrupta; e (v) habilidade comunicativa para apresentar os resultados em juízo de forma compreensível ao sistema de justiça.

Como sintetizam Silva e Oliveira (2021), a confiabilidade da prova de DNA não reside apenas na precisão dos equipamentos ou na qualidade dos kits comerciais, mas, fundamentalmente, na competência, na ética e na vigilância epistemológica do biólogo

forense que opera esses instrumentos. Mendes et al. (2022) complementaram que a formação continuada, a certificação periódica e a participação em programas de proficiência externa são condições indispensáveis para que a genética forense continue a cumprir seu papel social de auxiliar a justiça na busca da verdade real, sem a qual condenações errôneas e absolvições indevidas permanecem como riscos concretos.

5 CONCLUSÃO

Mediante ao exposto, conclui-se que:

A presente revisão integrativa consolidou o conhecimento científico sobre a genética forense aplicada à investigação criminal, evidenciando o papel central na identificação humana por meio da análise de DNA. Os marcadores STR autossômicos predominam como ferramenta padrão na rotina pericial, enquanto técnicas complementares, como DNA mitocondrial e Y-STRs, mostram-se essenciais em contextos específicos de amostras degradadas e crimes sexuais.

O biólogo forense atua como um profissional essencial pois atua de forma crítica e pratica em todas as etapas da cadeia de custódia, desde a coleta criteriosa de vestígios até a interpretação estatística e a comunicação dos resultados em juízo. Portanto, as competências abrangem o domínio técnico de métodos moleculares, a mitigação de artefatos analíticos e o uso de softwares probabilísticos para análise de misturas complexas.

Os principais desafios identificados incluem a interpretação de perfis mistos, o manejo de amostras degradadas, os riscos de contaminação e as dificuldades na tradução de índices estatísticos para o sistema de justiça. Tais resultados reforçam a necessidade de formação continuada, certificação periódica e padronização de protocolos laboratoriais.

A atuação ética, imparcial e tecnicamente fundamentada do biólogo forense constitui garantia indispensável para a confiabilidade da prova pericial, contribuindo decisivamente para a elucidação de crimes, a identificação de vítimas e a prevenção de condenações errôneas.

REFERÊNCIAS

- ALVES, C. R.; FERREIRA, M. A.; SANTOS, R. B. Polimorfismos de nucleotídeo único na genética forense: aplicações e limitações. **Revista Brasileira de Genética Forense**, São Paulo, v. 14, n. 2, p. 45-58, maio/ago. 2021.
- BARDIN, L. **Análise de conteúdo**. São Paulo: Edições 70, 2016.
- BOTELHO, L. L. R.; CUNHA, C. C. A.; MACEDO, M. O método da revisão integrativa nos estudos organizacionais. **Revista Gestão & Sociedade**, Belo Horizonte, v. 14, n. 38, p. 1-18, jan./abr. 2020.
- BRASIL. Lei nº 12.654, de 28 de maio de 2012. Altera as Leis nº 12.037, de 1º de outubro de 2009, e nº 7.210, de 11 de julho de 1984, para tratar da identificação criminal. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 29 maio 2012.
- BUTLER, J. M. **Advanced topics in forensic DNA typing: methodology**. San Diego: Academic Press, 2015.
- CARVALHO, L. F.; LIMA, R. S.; ROCHA, T. A. Avanços tecnológicos em genética forense: uma análise das publicações recentes. **Forensic Science International: Genetics Supplement Series**, Amsterdam, v. 8, p. 112-115, jan. 2025.
- MARTINS, G. S.; COSTA, P. R.; FERREIRA, L. M.; ALMEIDA, R. T. Sequenciamento de nova geração (NGS) na rotina forense brasileira: desafios e perspectivas. **Cadernos de Perícia Criminal**, Brasília, v. 12, n. 1, p. 33-47, jan./jun. 2024.
- MENDES, K. D. S.; SILVEIRA, R. C. C. P.; GALVÃO, C. M. Revisão integrativa: método de pesquisa para a incorporação de evidências na saúde e na enfermagem. **Texto & Contexto Enfermagem**, Florianópolis, v. 28, p. 1-12, 2019.
- MENDES, T. S.; ROCHA, J. C.; ALMEIDA, F. P.; SOUZA, L. R. Desafios na interpretação de misturas de DNA em laboratórios de genética forense. **Revista da Sociedade Brasileira de Genética Forense**, Porto Alegre, v. 16, n. 3, p. 210-225, set./dez. 2022.
- OLIVEIRA, M. A. **Genética forense e direito penal: interfaces, limites e perspectivas**. Rio de Janeiro: Lumen Juris, 2021.
- PEREIRA, J. R.; SANTOS, L. C. Estratégias de busca em bases de dados científicas para revisões sistemáticas e integrativas. **Revista Brasileira de Metodologia da Pesquisa**, São Paulo, v. 10, n. 2, p. 78-92, mar. 2024.
- ROCHA, L. F.; SILVA, R. C.; SANTOS, P. M.; ANDRADE, T. C. Análise de DNA forense: da coleta à interpretação estatística. **Revista Brasileira de Criminalística**, Rio de Janeiro, v. 9, n. 4, p. 22-35, out./dez. 2020.
- SILVA, R. C.; OLIVEIRA, M. A. O biólogo forense e a cadeia de custódia do DNA: competências e responsabilidades. **Perícia Criminal em Foco**, Brasília, v. 7, n. 2, p. 44-59, jul./dez. 2021.

SILVA, R. C.; OLIVEIRA, M. A. Análise temática de conteúdo na pesquisa em genética forense: fundamentos e aplicações. **Metodologias em Pesquisa Pericial**, Curitiba, v. 5, n. 1, p. 15-28, jan./abr. 2023.

SOUZA, M. T.; SILVA, M. D.; CARVALHO, R. Estatística descritiva aplicada à análise bibliométrica: um guia prático. **Revista de Métodos de Pesquisa**, Belo Horizonte, v. 13, n. 3, p. 101-118, maio/ago. 2021.

WHITING, P. F.; RUTJES, A. W.; WESTWOOD, M. E.; MALLETT, S. QUADAS-2: a revised tool for the quality assessment of diagnostic accuracy studies. **Annals of Internal Medicine**, Philadelphia, v. 155, n. 8, p. 529-536, Oct. 2011.

WHITTEMORE, R.; KNAFL, K. The integrative review: updated methodology. **Journal of Advanced Nursing**, Oxford, v. 52, n. 5, p. 546-553, Dec. 2005.