ISSN: 2358-8829

DNA COMO MARCADOR BIOLÓGICO DE IDENTIDADE: FUNDAMENTOS, APLICAÇÕES E DESAFIOS NA IDENTIFICAÇÃO DE INDIVÍDUOS

Gilvan da Silva Monteiro [1]
Fatony Fárah Haidar Ribeiro [2]
Camila Campêlo de Sousa [3]

1 INTRODUÇÃO

A identificação humana constitui uma preocupação histórica das sociedades organizadas, vinculada à garantia de direitos, à aplicação da justiça e à diferenciação individual. Nos séculos XVIII e XIX, o avanço das ciências naturais propiciou o surgimento de abordagens mais sistematizadas, a exemplo da antropometria de Alphonse Bertillon, que utilizava medidas corporais padronizadas. Posteriormente, a datiloscopia desenvolvida por Francis Galton e a caracterização dos grupos sanguíneos pelo sistema ABO consolidaram a transição de métodos à empíricos e descritivos para o campo da comprovação científica.

Contudo, essas técnicas tradicionais possuíam limitações quanto à capacidade de exclusão absoluta e à estabilidade perante vestígios biológicos reduzidos ou degradados. Essa barreira foi superada no século XX com o nascimento da biologia molecular. Em 1953, a elucidação da estrutura em dupla hélice do ácido desoxirribonucleico (DNA) por James Watson e Francis Crick – fundamentada crucialmente nos dados de difração de raios X obtidos por Rosalind Franklin e Raymond Gosling - permitiu compreender como a informação genética é armazenada, replicada e transmitida entre as gerações. O material

[11]Mestrando do Curso de Pós-Graduaçã oem Ensino na Educação Básica–PPEEB da Universidade Federal do Maranhão – UFMA, gilvan.monteiro@discente.ufma.br
[2]Mestranda do Curso de Pós-Graduação em Ensino na Educação Básica–PPEEB da Universidade Federal do Maranhão – UFMA,
3 Profesosra Orientadora Dra. Camila Campêlo de Sousa do Curso de Pós-Graduação em Ensino na Educação Báswica – PPEEB da Universidade Federla do Maranhão – UFMA, camilacampelo@ufma.br

genético passou então a ser concebido como uma “assinatura biológica” individual, presente em praticamente todas as células do corpo humano.

O marco decisivo para a genética forense ocorreu em 198, na Universidade de Leicester, quando o geneticista Sir Alec Jeffreys descobriu que certas regiões não codificantes do DNA contêm repetições em número variável (VNTRs). Jeffreys demonstrou que o número dessas repetições em múltiplos loci genômicos varia amplamente entre os indivíduos, originando um padrão de hipervariabilidade exclusivo para cada ser humano (com exceção de gêmeos monozigóticos). Essa descoberta possibilitou o desenvolvimento da técnica pioneira de “Impressão Digital de DNA” (DNA Fingerprint).

Posteriormente, a introdução da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) por Kary Mullis em 1985 permitiu a amplificação exponencial de sequências genéticas específicas a partir de amostras biológicas mínimas degradadas. Essa inovação promoveu a transição metodológica para análise de Repetições Curtas em Tandem Repeats), estabelecendo padrão internacional de identificação humana em virtude da sua elevada sensibilidade e Antonio

Diante dessa trajetória, o presente estudo parte da hipótese de que o uso do DNA constitui o método mais eficaz e confiável para a identificação individual na contemporaneidade, superando técnicas tradicionais, embora ainda enfrente desafios éticos, legais e estruturais, sobretudo em contextos de desigualdade no acesso à tecnologia. O objetivo central da pesquisa consiste em analisar o uso do DNA na identificação de indivíduos, destacando sua relevância científica, jurídica e social em investigações criminais, testes de paternidade e identificação de vítimas de desastres.

2 METODOLOGIA

A presente pesquisa caracteriza-se como um estudo de abordagem qualitativa, de natureza aplicada e com delineamento bibliográfico-documental. Conforme propõe Antônio Carlos Gil (2008, p. 50), a pesquisa bibliográfica permite explicar um problema a partir de referências teóricas já publicadas. Complementarmente, adota-se as perspectivas de Marli André (2013, p.97), ao enfatizar a importância da análise documental na investigação de práticas institucionais e marcos regulatórios no campo científico.

O percurso metodológico foi estruturado em quatro etapas interdependentes:

1ª Etapa: Levantamento Bibliográfico: Busca sistemática de produções científicas nas bases da SciELO, Pub Med Google Scholar utilizando descritores “DNA Forense”, “Identificação Genética” e “Genética Molecular” em publicações entre 2000 e 2025, seguindo as diretrizes de revisão integrativa de Polit e Beck(2011, p. 145).

2ª Etapa: Categorização de Conteúdo: organização do corpus textual segundo a técnica de análise de conteúdo de Laurence Bardin (2011, p.47) – pré-análise, exploraçaõ do material e tratamento dos resultados -, desdobrada nas categorias: fundamentos moleculares, evolução das técnicas, aplicações forenses e implicações ético-legais.

3ª Etapa: Descrição Técnico-Científica: mapeamento detalhado dos protocolos laboratoriais de extração, qualificação, amplificações por PCR e análise de marcadores STRs, respaldado na literatura especializada de John M. Burtler(2015, p.23).

4ª Etapa: Análise Crítica: avaliação reflexiva dos limites opracionais, riscos de contaminação cruzada e desafios éticos à luz dos apontamentos de Jobling, Gill e Hurles (2013, p. 112)

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 A construção histórica e molecular da genética: do suporte físico à dupla hélice

A compreeensão do ácido desoxirribonucleico (DNA) como repsositório da informação ebiológica resulta de um processo histórico cumulativo e de marcantes rupturas de paradigmas nas ciências biológicas. As bases da heresitariedade foram formuladas inicialmente no século XIX por Gregor Mendel (1866), cujos experimentos com *Pisum Sativun* demonstraram a transmissão de características por unidades discretas, denominadas “fatores”. Embora Mendel não tenha identificado a natureza química ou a estrutura microscópica desses fatores, sua formulação teórica assentou o conceito indispensável da herança particulada.

No século XX, a busca pelo suporte físico do material genético voltou-se inicialmente para as proteínas, dada a sua elevada complexidade estrutural, Contudo, os experimentos de Oswald Avery, Colin MacLeod e Maclyn McCarty (1944), ao investigarem o princípio transformante em Streptococcus pneumoniae, evidenciaram que o DNA – e não as proteínas – era a molécula capaz de alterar de forma permanente o

genótipo bacteriano. Essa constatação foi confirmada por Alfred Hershey e Martha Chase (1952), mediante o uso de bacteriofágos marcados radioativamente, consolidando os ácidos nucleicos como portadores de hereditariedade.

O divisor de águas na biologia molecular ocorreu em 1953, quando James Watosn e Francis Crick propuseram o modelo tridimensional da estrutura em dupla hélice do DNA. Essa formulação fundamentou-se decisivamente nos dados de difração de raios X produzidos por Rosalind Franklin e Raymond Gosling (1953), bem como nos estudos estruturais de Maurice Wilkins, A. R. Stokeset e H. R. Wilson (1953). O modelo tridimensional explicou simultaneamente o armazenamento de informação genética pelo paremaneto complementar das bases nitrogenadas e o mecanismo de replicação semi-conservativa. Como assinalaram Watson et al. (2014), " a molécula de DNA carrega a informação hereditária de forma estável e replicável", o que a qualifica como o marcador biológico por excelência. A articulação desse modelo culminou na proposição do Dogma Central da Biologia Molecular por Francis Crick (1966), descrevendo a direção do fluxo de informação do DNA para o RNA (transcrição) e deste para as proteínas (tradução).

3.2 Poliformismo Genético e a emergência da Impressão Digital do DNA

Enquanto as regiões codificantes do genoevolutiva ma humano apresentam elevada conservação para assegurar a funcionalidade celular, as regiões não codificantes abrigam variabilidade nucleotídica entre os indivíduos. A aplicação dessa hipervariabilidade paar fins de identificação humana foi idealizda em 1984 por Alec Jeffreys, na Universidade de Leicester. Ao analisar o gene da mioglobina, Jeffreys identificou regiões caracterizadas por sequências curtas de nucleotídeos dispostas de forma contígua e repetitiva, denominadas Repetições em Tandem de Número Variável (VNTRs – Varaiable Number Tandem Repeats).

A descoberta das VNTRs permitiu a formulrfismo do método original de "Impressão Digital de DNA" (DNA Fingerprinting), fundamentado na técnica de Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos de Restrição (RFLP). Conforme registram Jeffreys, Wilson e Thein (1985, p.76), "Os padrões de bandas de DNA são altamente específicos para cada indivíduo", produzindo arranjos moleculares únicos análogos a um código de barras; O fluxo analítico do RFLP envolvia a clivagem do DNA por enzimas de restrição, a separação dos fragmentos por eletroforese em gel de agarose, a

ISSN: 2358-8829

transferência para membrana de náilon (Southern blot), a hibridização com sondas multilocus radiotivas e a revelação por autoradiografia em filme de raio-X.

A despeito do poder de dsicrminação inédito, a técnica RFLP apresentava sérias limitações operacionais: exigia grandes volumes de DNA íntegro (alto peso molecular), envolvia reagentes radiotivos e demandava semanas para a emissão de laudos, inviabilizando a análise de vestígios escassos ou degradados.

3.3 Avanços tecnológicos: amplificações por PCR e Genotipagem por STRs

A superação das restrições do método RFLP ocorreu com a criação da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) por karry Mullis em 1985. Como demonstrou Mullis et al. (1986, p.263), "a PCR permite a amplificação exponencial de sequências específicas de DNA in vitro". A tecnologia da PCR revolucionou a genética forense ao viabilizar genotipagens precisas a partir de amostras contendo nanongramas de material genético ou fragmentos parcialmente degradados.

A associação da PCR à análise de marcas mleculares levou à substituição gradual das VNTRs pelas Repetições Curtas em Tandem (STRs – Short Tandem Repeats). Os STRs constituem locos genômicos não codificantes formados por unidades de repetição de 2 a 6 a pares de bases. Por apresentarem tamanho amplicônico reduzido (geralmente inferior a 300 pares de bases), os STRs são amplificados com altas eficiências mesmo em amostras comprometidas. Segundo John M. Butler (2015, p. 12), " a análise de DNA baseada em sistemas multiplex de STRs tornou-se o padrão ouro na ciência forense moderna".

A padronização de conjuntos de locide STRs (como o sistema CODIS) permitiu a automoção da genotipagem por eletroforese capilar e a alimentação de bancoa de dados genéticos populacionais e criminais.

3.4 Cadeia de custódia, Fatores Limitantes e Considerações Bioéticas

A despeito da robustez estatística dos exames genéticos, a obtenção de laudos periciais válidos requer rigoroso controle de qualidade em todas as etapas analíticas. Confrme apontam Mark A. Jobling, Peter Gil e Matthew Hurles (2013, p. 98), " a confiabilidade dos testes de DNA depende diretamente da integridade das amostras

ISSN: 2358-8829

biológicas e da precisão das técnicas laboratoriais empregadas “. Em cenários reais, a presença de inibidores da PCR (como heme e fuligem), a degradação enzimática e o risco de contaminação por DNA exógeno exigem protocolos rigorosos de biosegurança e interpretação probatória embasada em estatística populacional.

Por fim, a consolidaçao da identificação biomolecular ultrapassa o domínio técnico, adentrando discussões éticas e jurídicas. A expansão dos bancos de dados genéticos requer regulamentação capaz de harmonizar o interesse estatal na elucidação de crimes com o respeito às garantias cosntitucionais de intimidade e não autoincriminação. A exigência de equidade no acesso à biotecnologia forense e a proteção contra o uso indevido das informações genômicas constituem premissas indispensáveis para que o avanço científico sirva rigosoramente à promoção da justiça e dos direitos humanos.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os achados da pesquisa a centralidade do DNA como marcador biológico único, cuja aplicabilidade estratégica estende-se da biologia ao ãmbito jurídico, à medicina legal e à segurança pública. Conforme demonstraram Jeffreys, Wilson e Thein (1985), os padrões de bandas gerados na identificação genética possuem caráter altamente específico para cada indivíduo. A evolução metodológica decorrente das contribuições pioneiras de Alec Jeffreys – com a análise de Repetições em Tandem de Número Variável (VNTRs) – aliada à introdução da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) por kary Mullis, promoveu um salto de precisão e sensibilidade, consolidando as Repetições Curtas em Tandem (STRs) como padrão internacional. Nesse contexto, a genotipagem molecular consagrou-se de como o “padrão ouro” da ciência forense contemporânea, mostrando-se decisiva na elucidação de infrações penais, na resolução de litígios de paternidade e na identificação de restos mortais em desastres.

No que tange aos aspectos laboratoriais, a literatura destaca que a eficácia da identificação por DNA fundamenta-se em etapas padronizadas de coleta, extração, quantificação, amplificação por PCR e análise comparativa. No entanto, a análise dos dados revela que a confiabilidade dos testes depende diretamente da integridade das amostras biológicas e da precisão técnica empregada. Em cenários forenses reais, a degradação do material genético e o risco de contaminação cruzada exigem extrema cautela na interpretação dos resultados. Conforme salientam Jobling, Gill e Hurles (2013),

ISSN: 2358-8829

a avaliação dos perfis genéticos deve considerar variáveis contextuais e possiveis margens de erro, uma vez que as falhas na fase pré-analítica ou analítica podem comprometer a valuidade de laudos periciais e judiciais.

Sob a perspectiva socioeconômicas e infraestrutural, a discussão dos resultados aponta a existência de barreiras operacionais expressivas para a plena implementação e consolidação dessa biotecnlogia. O processamento adequado de exames de DNA exige laboratórios dotados de tecnologia avançada, insumos e reagentes de elevado custo, além de profissionais altamente qualificados. Essa exigência metodológica resulta em assimetrias no acesso às ferramentas d agenética forense, gerando desiguladades na dsitribuição e democratização dessas tecnologias de identificação humana, sobretudo em contextos marcados pela limitação de recursos públicos, como ocorre em diversas regiões do Brasil.

Assim, a análise das implicações jurídicas e sociais indica que a expansão dos bancos de perfis genéticos suscita intensos debates éticos quanto à privacidade e á custódia de dados biológicos. Embora o armazenamento de dados genéricos fortaleça o sistema de justiça e otimize a elucidação de conflitos penais, persitem preocupações legítimas quanto ao uso indevido das informações e à eventual violação de garantias individuais. Esses aspectos reiteram a necessidade de um contínuo aprimoramento técnico e da instituição de regulamentações normativas e legais masi rigorosas, que assegurem o uso responsável e seguro do material genético em equilíbrio com a proteção dos direitos fundamentais dos cidadãos.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O percurso analítico deste estudo confirma que a identificação humana por meio do DNA representa uma das maiores revoluções da biotecnologia e da ciência forense contemporânea. A transição histórica de abordagens empíricas e fenotípicas (antropometria, datiloscopia e tipagem ABO), a genotipagem molecular estabeleceu parâmetros inigualáveis de precisão e confiabilidade técnica.

Os achados reafrimam a hipótese de que o DNA constitui o método mais seguro e conclusivo de individualização, cujas contribuições teóricas - de Watson e Crick (dupla

hélice), Alec Jeffreys (VNTRs e DNA Fingerprinting) e Kary Mullis (PCR) – transformaram a atuação do poder judiciário e da perícia biológica.

Todavia, a eficácia do uso do DNA não depende apenas do rigor genético da molécula, mas da superação de desafios operacionais e estruturais. Riscos de contaminação de amostras degradadas, alto custo de infraestutura laboratorial, assimetrias regionais de acesso e debates éticos sobre a privacidade genética em banco de dados evidenciam que a genotipagem forense exige contínuo aperfeiçoamento normativo e padronização metodológica.

Conclui-se que o DNA se consolida como uma ferramenta indispensável na sociedade contemporânea, cuja aplicação deve ser acompanhada por reflexões éticas e políticas públicas que democratizem seu acesso e garantam o uso responsável da tecnologia, alainhando a inovação biotecnológica à defesa intransigente dos direitos humanos e da cidadania.

Palavras-chave: DNA; Identificação genética; Biotecnologia; Genética forense.

REFERÊNCIAS

ANDRÉ, M. E. D. A de. Estudo de campo em pesquisa e avaliação educacional. Brasília: Liber Livro, 2013

AVERY. O. T. MACLEOD, C. M.; MCCAETY, M. Studies on the chemical nature

BARDIN, L. Análise de Conteúdo. São Paulo: Edição 70, 2011.

BUTLER, J. M. Advanced topic forensic DNA typing: interpretation San Diego: Elsevier Academy Press, 2015.

CRICK, Francis. Of molecules and men. Seattle: University of Washington Press, 1996.

FRANKLIN, R.; GOSLING, R. Molecular configuracion insodiun thy monucleate. Nature, London, v. 171, n. 4356, p. 740-741, 1953.

GIL, A. C. Métodos e técnicas de pesquisa social. 6. Ed. São Paulo: Atlas, 2008.

HERSHEY. A. D.; CHASE, M. Independent functions of viral protein and nucleic acid in growth of bacteriophage. Journal of General Physiology, v. 36, n.1, p. 39-56, 1952.

JEFFREYS. A. J.; WILSON, V.; THEIN, S. Individual-specific "fingerprints" of human DNA. Nature, London, v.316, n. 6023, p.76-79,1985.

JOBLING, M. A. GILL, P.; HURLES, M. Humane Evolutionary Genetics, 2. Ed,. New York: Garland Science, 2013.

MENDEL, G. Experiments inplanthy bridization. Procedings of the Natural History Society Of Brunn, v. 4, p. 3-47, 1866.

MULLINS K. B et al. Specif enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology, New York, v. 51, p. 263-273, 1986.

POLIT D.; BECK, C. T. Fundamentos de pesquisa e enfermagem: avaliação de evidências para a prática de enfermagem. 7 ed. Porto Alegre: Artmed, 2011.

WATSN J. D.; CRICK, F. H. C.; Molecular structure of nucleic acids: a structure for deoxyribose nucleic acido, v.171, n. Nature, London, v. 17, n. 4365, p. 737-738, 1953.

WATSON J. D. ET AL. Molecular biology of the gene. 7 ed. Boston: Pearson, 2014.

WILKINS, M. H.F.; STOKES, A. R.; WILSON, H. R.; Molecular structure of de oxypentose nucleics acids. Nature, London, v. 171, n. 4356, p-738-740, 1953.