

# Você sabia que um teste de ancestralidade pode ajudar a identificar uma pessoa desaparecida ou o autor de um crime?

**Cintia Fridman<sup>1</sup>,  
Meira Aurea Mendes Menezes<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Depto de Medicina Legal, Bioética, Medicina do Trabalho e Medicina Física e Reabilitação da Faculdade de Medicina da USP, São Paulo, SP

<sup>2</sup>Associação Nacional Peritos Criminais Federais

Autor para correspondência – cfridman@usp.br

**Palavras-chave:** genealogia genética investigativa, identificação humana, SNP, ancestralidade, genética forense

Os testes de ancestralidade têm se tornado cada vez mais populares e são oferecidos por empresas privadas ao redor do mundo, tornando a prática da genealogia genética um dos principais meios para a construção de árvores genealógicas e busca por parentes. Desde 2018, essa abordagem tem sido utilizada, principalmente nos Estados Unidos, como uma ferramenta de ajuda em investigações para identificação de restos mortais não identificados e autores de crimes violentos, e passou a ser conhecida como Genealogia Genética Investigativa. Este artigo apresenta um panorama geral de como são realizados os testes e seu uso na prática forense.

O interesse e a curiosidade em conhecer nossas origens estão presentes na espécie humana há séculos e, até hoje, as pessoas se utilizam da genealogia para montar suas árvores familiares (ou árvores genealógicas). E o que é a genealogia? É o campo de estudo da origem e da ligação de parentesco entre as pessoas, por meio de informações contidas em registros pessoais, certidões (nascimento, óbito, casamento etc.), censo, cartões de imigração, notícias em jornais, revistas, mídias sociais, entre outros.

Com o rápido avanço tecnológico, principalmente com o desenvolvimento de ferramentas de biologia molecular e bioinformática, a genealogia “clássica” ganhou um novo incremento pelo qual é possível conhecer a origem genética de uma pessoa a partir da análise de **marcadores genéticos** de ancestralidade. Para se ter uma ideia da popularização dessa ferramenta, no início do século essas análises eram realizadas apenas nos laboratórios de pesquisa, mas hoje é possível comprar testes de ancestralidade pela *Internet* e coletar seu próprio material biológico de forma indolor e no conforto de casa.

## Testes de ancestralidade direto ao consumidor e busca por parentes

Os chamados testes de ancestralidade direto ao consumidor, também conhecidos como testes de ancestralidade DTC (do in-

glês *Direct to Consumer*), são oferecidos por diferentes empresas. Esses exames trazem como resultado principal a composição de ancestralidade global de cada indivíduo, que reflete a história familiar de cada um. A ancestralidade global é usualmente medida usando marcadores genéticos distribuídos em cromossomos autossômicos que podem sofrer recombinação a cada meiose. Assim, podemos concluir que cada um de nós é uma espécie de mosaico de marcadores genéticos herdados de nossos ancestrais, em diferentes proporções.

Atualmente, os testes de ancestralidade são realizados por meio da análise de um conjunto de aproximadamente 700-900 mil marcadores do tipo **SNP, polimorfismo** de nucleotídeo único, (do inglês *Single Nucleotide Polymorphism*). Informações mais detalhadas sobre como são realizados os testes de ancestralidade foram publicadas anteriormente na *Genética na Escola* (v. 17, n. 2, 2022).

A partir da análise desses milhares de marcadores é possível verificar, além da informação de ancestralidade global, a probabilidade e o grau de parentesco entre duas pessoas que tenham feito o teste. Isso só é possível porque quanto mais próximo o parentesco, maior a quantidade de material genético compartilhado entre os indivíduos. É fácil entender que cada um de nós compartilha 50% do DNA com a nossa mãe e 50% com o nosso pai, 25% de DNA com nossos avós, 12,5% com nossos bisavós, 6,25% com nossos trisavós e assim por diante. Contudo, temos que lembrar que esses compartilhamentos também ocorrem com parentes da mesma geração ou parentes mais distantes. Ou seja, compartilhamos trechos do nosso

**Marcador genético** - segmento de DNA localizado em um determinado local do cromossomo que apresenta variações de nucleotídeos que podem ser usadas para estudar as diferenças entre os indivíduos e ajudar a identificá-los.

**SNP** - tipo de polimorfismo que ocorre como uma variação na sequência de DNA que altera um determinado nucleotídeo – adenina (A), timina (T), citosina (C) ou guanina (G). Estima-se que ocorra 1 SNP a cada 1.000 nucleotídeos.

**Polimorfismo** - termo usado para descrever a situação de um locus no qual ocorre variação na sequência de nucleotídeos e uma das variantes da sequência tem frequência populacional de ao menos 1% na população.

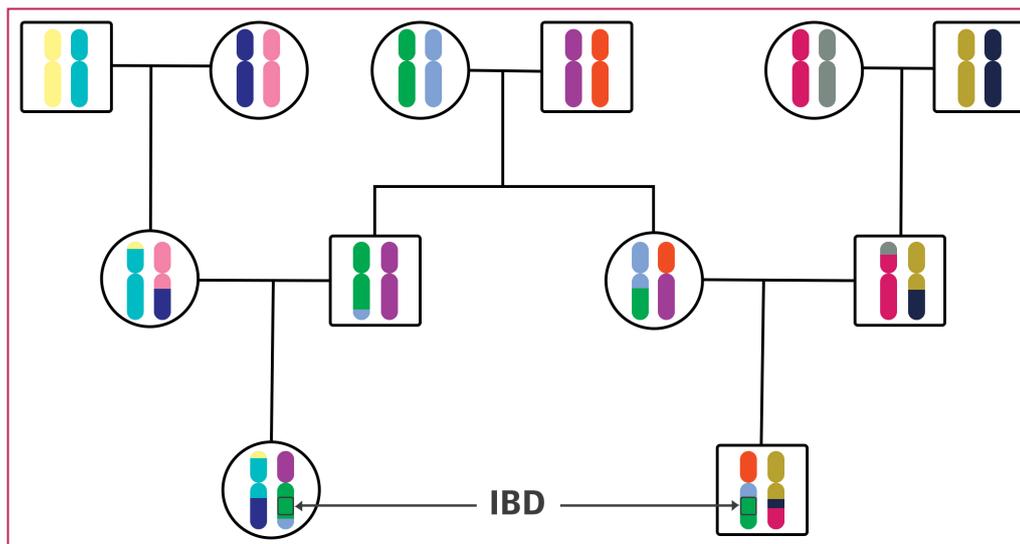
DNA também com nossos irmãos, primos (de diferentes graus ou gerações), meios-irmãos, tios, tios-avós, sobrinhos etc.

Assim, como as empresas que oferecem os testes de ancestralidade DTC também conseguem comparar os nossos resultados com os resultados de outros usuários, temos chance de encontrar possíveis parentes. Cada empresa utiliza seu próprio algoritmo para fazer essa comparação, mas, de um modo geral, elas usam não só a quantidade de SNPs individuais compartilhados, mas também a quantidade total de SNPs agrupados em um mesmo segmento cromossômico, ou seja, um trecho de DNA em comum entre os possíveis parentes.

O método de análise para deduzir esta relação genética é determinar se os segmentos de

DNA são compartilhados por herança de um ancestral comum, ou seja, se esses segmentos são idênticos por descendência (IBD) (do inglês *Identical-By-Descent*) (Figura 1), o que significa que cada indivíduo herdou o segmento de DNA de um ancestral comum sem qualquer recombinação. Segmentos IBD são identificados quando todos os alelos/genótipos no segmento de um cromossomo são idênticos.

Uma vez que os eventos de recombinação genética tendem a misturar os segmentos de DNA ao longo das gerações, quanto mais longos os segmentos cromossômicos compartilhados, maior a probabilidade de os indivíduos compartilharem um ancestral comum recente, ou seja, de serem parentes mais próximos.



**Figura 1.** Esquema representando segmentos de DNA compartilhados a partir da herança de avós, por 3 gerações. Segmento IBD é o segmento de DNA comum que foi herdado do ancestral comum mais recente (nesse exemplo, a avó).

Entretanto, essas análises têm limitações. A comparação de DNA autossômico de uma pessoa com o DNA autossômico de ancestrais de gerações anteriores pode não indicar um número grande de ancestrais dos quais não se herdou nenhum segmento de DNA de comprimento significativo.

Ou seja, uma vez que os indivíduos herdam apenas uma pequena porção de seu DNA de cada um de seus trisavós, por exemplo, primos descendentes desse mesmo ancestral podem não herdar os mesmos segmentos de DNA, o que pode levar a resultados não informativos.

## Como são apresentados os resultados de parentesco?

A maioria das empresas mostra os resultados de possíveis parentescos em formato de uma lista hierárquica, ou seja, indivíduos que compartilham maior quantidade de DNA são mostrados no topo da lista. Na lista constam informações como o nome da pessoa com quem houve algum compartilhamento de DNA, seu *e-mail* e a quantidade de DNA compartilhado em *centimorgans* - cM (cM é uma unidade de medida para a frequência de recombinação genética, ou seja, uma unidade de mapa cromossômico; em média, 1 cM corresponde a aproximadamente 1 milhão de pares de bases). Em boa parte dos casos, são disponibilizadas ferramentas gratuitas para ajudar na inferência do grau de parentesco, visualização dos segmentos compartilhados em cada cromossomo e construção de árvores genealógicas. Com isso, no caso de interesse dos usuários, é possível entrar em contato para aprofundar a confirmação de parentesco e troca de informações familiares. Vale ressaltar que, em nenhum momento, é possível ter acesso aos dados genéticos dos outros usuários, apenas a informação da quantidade de DNA compartilhado em cM.

Entretanto, a predição de parentesco baseada na quantidade de DNA compartilhado deve ser interpretada com cuidado, uma vez que diferentes graus de parentescos podem ter a mesma quantidade média de cM compartilhados. Por exemplo, a média total de cM para um grau de parentesco de tia/tio é de aproximadamente 1740 cM, que é o mesmo para um parentesco de sobrinha/sobrinho. Portanto, informações complementares, como a idade das pessoas, podem ajudar a distinguir qual parentesco é o mais provável. Ferramentas gratuitas como o *Shared cM Project* e o *cM Explainer*<sup>TM</sup> (da empresa My Heritage) podem auxiliar nessas predições.

Como já é possível imaginar, o uso dessas informações genéticas auxilia a montagem das árvores familiares com mais detalhes, aumen-

tando a possibilidade de incluir um número maior de indivíduos. Essa prática é conhecida como Genealogia Genética. Esse novo ramo da Genética tem se popularizado cada vez mais e tem sido usado para diferentes finalidades como: entretenimento familiar, busca de parentes desconhecidos, busca da família biológica por indivíduos adotados ou concebidos por doação de gametas, entre outros casos.

Outra limitação da pesquisa por parentes nesses bancos de dados é que uma pessoa está limitada a apenas encontrar correspondências de DNA no banco de dados da empresa na qual eles testaram. Uma alternativa é carregar os dados brutos de DNA obtidos de uma empresa de testes na plataforma de outra que permita o *upload*.

Atualmente, existem dois principais bancos de dados norte-americanos “abertos”: o *GEDMatch* e o *FTDNA* (*FamilyTree DNA*), que oferecem a possibilidade para os clientes compartilharem seus resultados realizados por qualquer empresa, permitindo, assim, ampliar a busca por familiares entre clientes de empresas diferentes, inclusive em outros países.

Estima-se que o *GEDMatch* tenha aproximadamente 1,4 milhões de usuários (sendo cerca de 1% desse total de usuários brasileiros), enquanto o *FTDNA* tem por volta de 1,7 milhões de usuários.

## O que isso tudo tem a ver com criminosos ou pessoas desaparecidas?

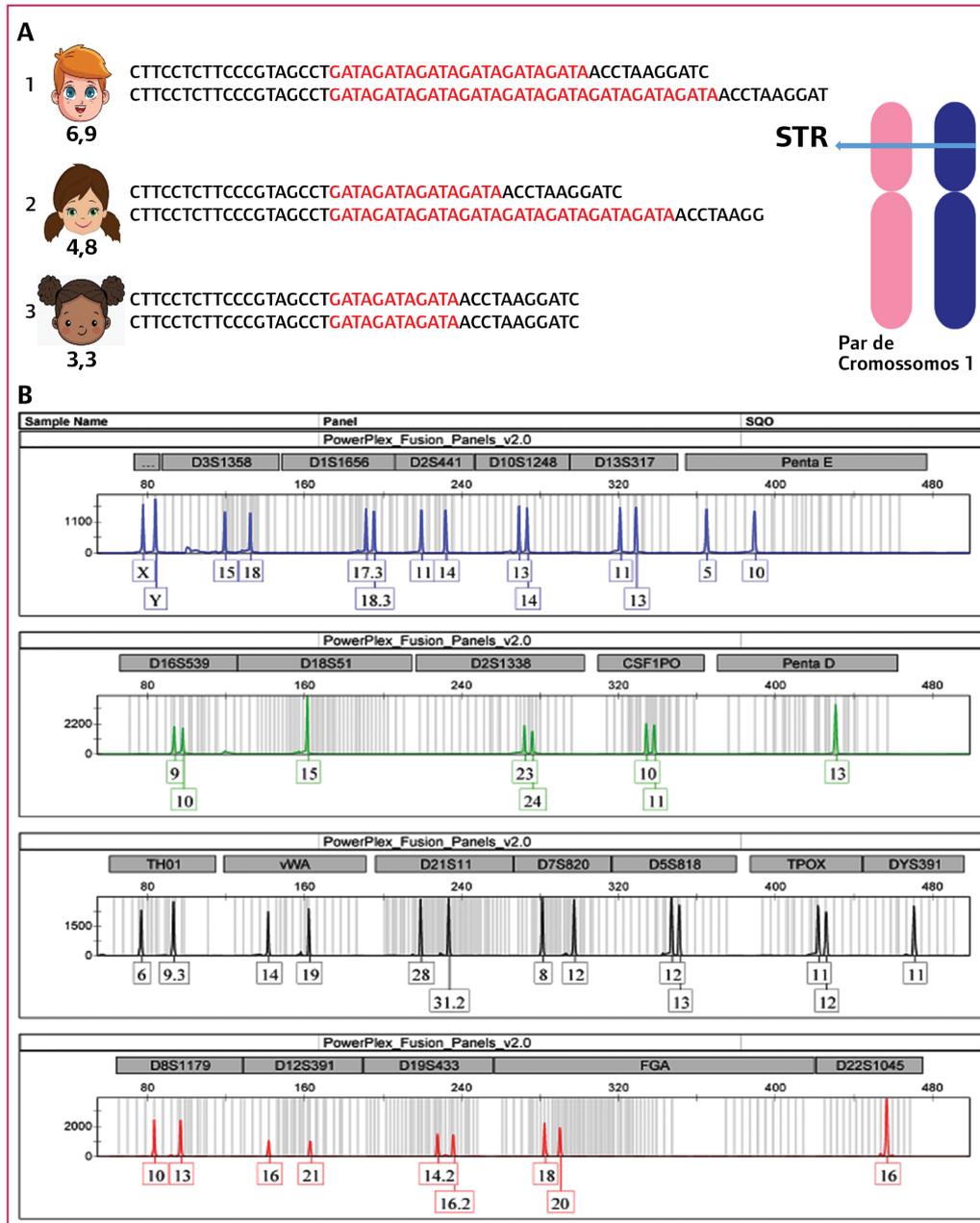
A identificação forense por DNA é um processo estritamente comparativo e se baseia no uso de 16-27 marcadores genéticos do tipo STR (do inglês *Short Tandem Repeats*), que são pequenas repetições em tandem de 4-6 pares de bases que, em conjunto, formam o que conhecemos como perfil de DNA (ou perfil de STR) (Figura 2). Esses perfis são gerados a partir de amostras desconhecidas (amostras questionadas) que podem ser originadas de vestígios (amostras biológicas) deixados em

locais pelos autores de crimes, ou de amostras de restos mortais desconhecidos, por exemplo. O perfil STR da amostra questionada é então comparado com perfis STR de amostras de referência que, a depender do caso, podem ser, por exemplo, de suspeitos apontados numa investigação, de familiares de pessoas desaparecidas ou bancos de dados de perfis de DNA usados pela perícia. Esses bancos de dados de perfis de DNA são normalmente

compostos de perfis STR de infratores condenados e outros perfis forenses desconhecidos oriundos de vestígios coletados em cenas de crimes. Esse é o procedimento tradicional/oficial das perícias que envolvem a análise genética de vestígios. Nas situações em que não há perfis de referências para comparação, ou as buscas nos bancos de perfis genéticos não trouxeram resultado positivo, os casos permanecem sem solução.

**Figura 2.**

(A) Exemplo de um STR, localizado em um determinado par de cromossomos, em que cada indivíduo apresenta um número de repetições da sequência GATA (em vermelho), para cada um dos cromossomos do par. Cada indivíduo é representado pelo número de repetições que apresenta em cada STR do par cromossômico (nesse exemplo, o indivíduo 1 é heterozigótico 6,9 e o indivíduo 3 é homozigótico com 3 repetições GATA). (B) Exemplo de um perfil genético masculino (XY) com 23 marcadores STR. Cada barra cinza contém o nome de um STR e os respectivos "alelos". Cada "alelo" é nomeado a partir do número de repetições que a pessoa apresenta. Considerando que cada indivíduo herda um "alelo" paterno e um "alelo" materno, é possível observar marcadores em heterozigose (2 "alelos" de tamanhos diferentes; por exemplo, o STR denominado de Penta E) e outros em homozigose (2 "alelos" de mesmo tamanho; por exemplo, o STR denominado de D18S51, com dois "alelos" 15). Por configuração desse programa de análise, quando os dois "alelos" possuem o mesmo número de repetições como, por exemplo, 15 no STR D18S51, apenas um número é indicado. Convém destacar que está se usando o termo "alelo" para indicar fragmentos de DNA com diferentes comprimentos devido à variação no número de repetições das sequências dos STRs, ainda que muitos STRs estejam localizados fora dos genes e essa variação não se enquadre na definição convencional de alelo.



Em 2018, investigadores americanos usaram, pela primeira vez, os bancos de dados de genealogia para auxiliar a investigação de um caso que estava sem solução desde a década

de 1970, na Califórnia (EUA). O caso que colocou essa estratégia em evidência, em termos de uso forense, ficou conhecido como o caso do *Golden State Killer*.

Joseph James DeAngelo foi um assassino e estuprador responsável pela morte de 12 vítimas e pelo estupro de outras 50 na Califórnia durante as décadas de 70 e 80. Ainda sem saber que se tratava de uma mesma pessoa, a polícia cunhou diversos nomes para o assassino, como “Golden State Killer”, “East Area Rapist” e “Original Night Stalker”. Apesar do grande esforço das autoridades, o caso ficou sem solução por mais de 40 anos até o momento da identificação de DeAngelo como autor dos crimes, por meio do uso da genealogia genética investigativa. O perfil STR de DeAngelo já havia sido analisado a partir de vestígios coletados em algumas das vítimas e colocado no banco de perfis genéticos dos EUA, mas nunca houve resultado positivo de identificação.

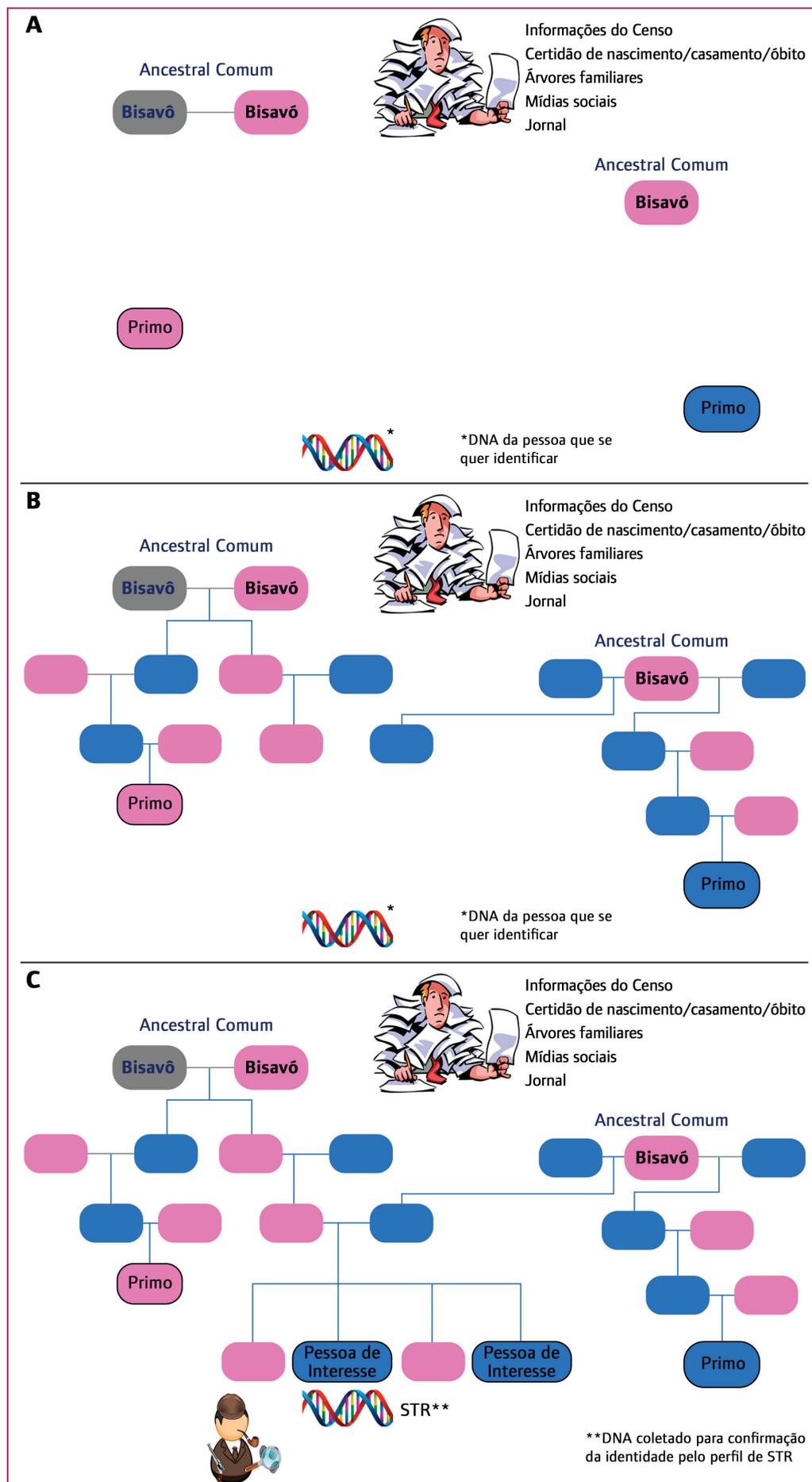
Uma alíquota de uma das amostras de DNA do criminoso foi submetida a um teste de ancestralidade DTC e seu resultado depositado no banco de dados *GEDMatch*, para seguir o fluxo de busca por indivíduos que poderiam possuir algum laço de parentesco com a amostra do assassino. Foi construída, então, uma árvore genealógica a partir de resultados obtidos de compartilhamento de DNA da amostra do criminoso com indivíduos cadastrados na base do *GEDMatch* e que poderiam ser seus primos de 3º ou 4º graus. Dessa análise, foram localizados possíveis suspeitos, que diante de informações como idade, local de moradia na época dos crimes, entre outros, poderiam ser o criminoso da Califórnia. Um dos suspeitos era DeAngelo, que passou a ser investigado pela polícia. A partir de amostras de DNA coletadas do suspeito e análise do perfil de STR foi possível relacionar os vestígios das cenas dos crimes com DeAngelo. Assim que foi apontada essa correspondência, DeAngelo foi preso, acusado de todos os crimes citados e, após confessar os crimes para escapar da pena de morte, foi condenado à prisão perpétua em agosto de 2020.

Assim, iniciou-se a era do que hoje é conhecido como Genealogia Genética Investigativa (GGI). Usada hoje em diversos países, a GGI pode ser definida como o uso da genealogia genética para auxiliar na identificação de indivíduos que deixaram vestígios em uma cena de crime, de um resto mortal não identificado ou mesmo de uma pessoa viva sem

identidade conhecida. Ou seja, com o uso da GGI é possível buscar de forma mais ampla, em plataformas comerciais de genealogia genética, por parentes que compartilham segmentos de DNA com o DNA oriundo de uma amostra desconhecida.

Similar à construção das nossas árvores genealógicas, por meio do uso de registros públicos, os genealogistas criam redes familiares (ou árvores familiares) que, associadas às informações de DNA compartilhado fornecidas pelas bases de dados, reduzem o rol de indivíduos que podem ser aquele a ser identificado.

O processo de construção da árvore familiar é realizado em duas fases. A primeira é quando são identificados os ancestrais comuns mais recentes (MRCAs, do inglês *Most Recent Common Ancestors*) entre a amostra a ser identificada e as pessoas que compartilharam resultados do seu DNA na lista dos bancos de dados comerciais. Nos bancos também estão listados nomes e *e-mails*, e, portanto, registros e documentos podem identificar seus ancestrais; por exemplo, os MRCAs entre dois primos de segundo grau serão seus bisavós (Figura 3A). A segunda fase é descendente, que vai construir a árvore genealógica a partir do(s) MRCAs, preenchendo vários ramos dessa árvore, formando redes familiares e procurando uma interseção entre as árvores como, por exemplo, um casamento entre o lado da mãe e o lado do pai da família da pessoa a ser identificada. Ou seja, trata-se de uma busca entre os descendentes dos ancestrais comuns identificados no primeiro estágio (Figuras 3B e 3C). Esse processo pode levar a uma identidade em potencial do desconhecido, ou reduzi-la a um grupo de pessoas dentro de uma família. O grupo de indivíduos apontados como tendo a possibilidade de ser a pessoa que se busca identificar pode, então, ser reduzido usando informações como a idade, sexo, ou o local de moradia, até que se possa, eventualmente, localizar um único indivíduo ou alguns irmãos. Dessa(s) pessoa(s) é então coletada uma nova amostra de DNA para realização do perfil de STR tradicionalmente usado na área forense, que é então utilizado para confirmar ou refutar o potencial candidato como a identidade da amostra biológica desconhecida.



**Figura 3.**

Construção da árvore familiar a partir do resultado de comparação genética entre o DNA de uma amostra desconhecida com o banco de genealogia genética. **(A)** A partir da definição de possível grau de parentesco (nesse exemplo, seriam primos em segundo grau), o genealogista identifica, por meio de registros e documentos, os bisavôs (ancestrais comuns mais recentes) dos indivíduos listados. **(B)** A partir dos bisavôs, são construídas as árvores com os descendentes. **(C)** O genealogista localiza uma lista de possíveis indivíduos que possam ser a pessoa que deixou a amostra desconhecida. Por meio de investigação policial convencional, eventualmente, chega-se ao suposto indivíduo, cujo DNA é coletado para processamento do perfil de STR, que é comparado ao perfil de STR original do vestígio, para confirmação da identidade. Portanto, o perfil de STR é realizado apenas quando há a indicação de algum indivíduo que possa ser aquele que se quer identificar.

Após a imensa repercussão do caso do *Golden State Killer*, mostrando o potencial dessa nova ferramenta para a área forense, as empresas que oferecem os testes de ancestralidade e os bancos de dados *GEDMatch* e *FTDNA* realizaram uma revisão em seus regulamentos e termos de uso.

Basicamente, as principais empresas, incluindo aquelas que oferecem os testes de ancestralidade no Brasil, restringiram o acesso de instituições policiais às suas bases de dados, a não ser que haja um mandado judicial para o caso a ser investigado. Por outro lado, o *GEDMatch* e o *FTDNA* criaram um sistema conhecido como *opt-in/opt-out*, que dá ao usuário a opção de ter (*opt-in*) ou não (*opt-out*) seu perfil comparado aos inseridos pelas instituições policiais para investigações envolvendo crimes hediondos, como estupro e homicídios. É possível mudar de opção dentro das plataformas a qualquer momento, sendo que desde dezembro de 2021 as investigações para identificação de restos mortais não identificados foram retiradas da opção de *opt-out*. Isso significa que todos os perfis colocados nessas plataformas estarão disponíveis para esse tipo de investigação. A partir de 2021, o banco de dados *GEDMatch* lançou um serviço pago, com uma entrada na plataforma exclusiva para uso das forças policiais, laboratórios forenses e genealogistas que trabalham nas investigações, denominada *GEDMatch PRO*, garantindo, dessa maneira, que haja uma declaração de que aquele perfil é referente a uma amostra desconhecida.

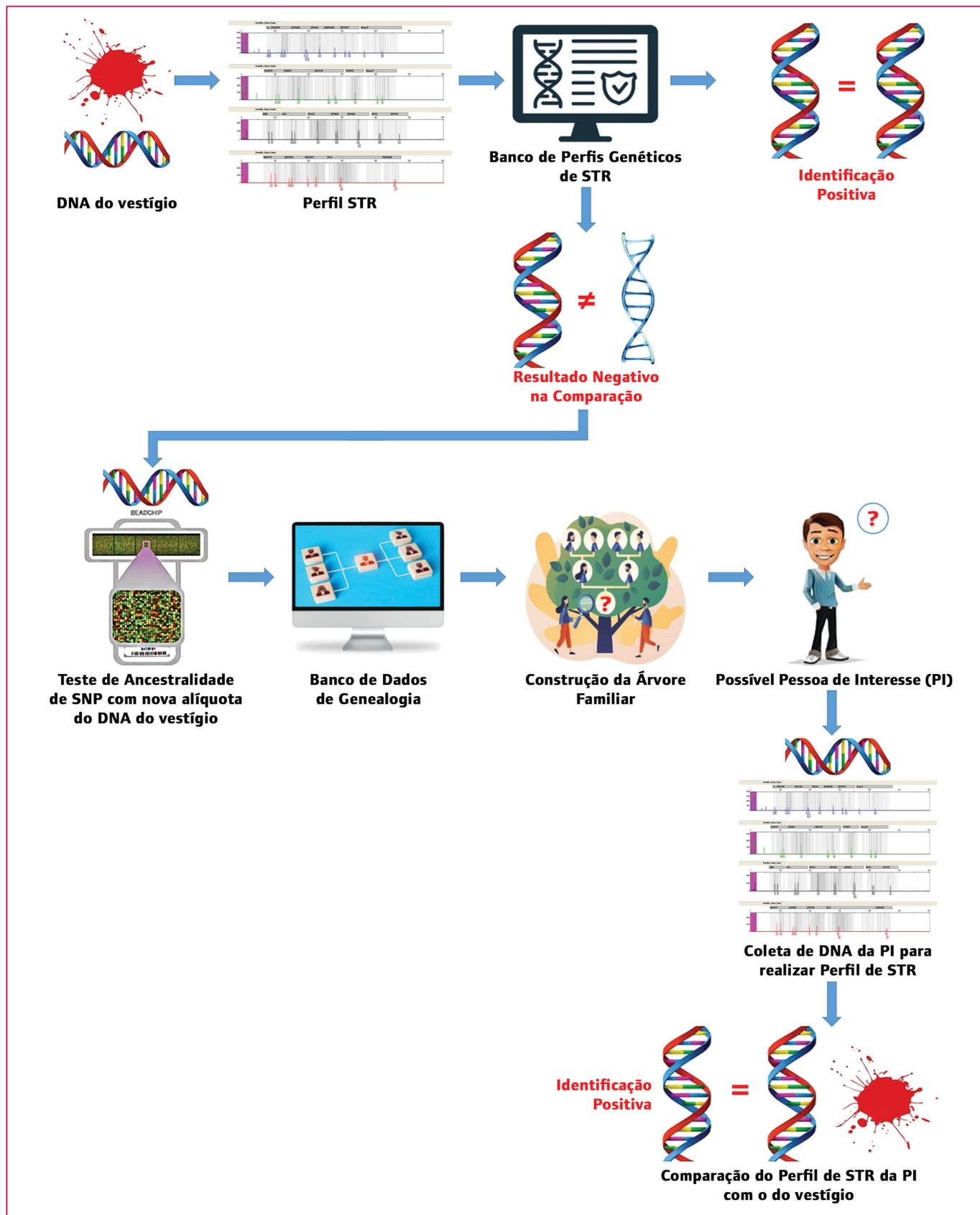
É importante ressaltar que a GGI é uma ferramenta de investigação e não de identificação, uma vez que ela vai fornecer pistas, a partir da construção das árvores familiares, de quem poderia ser a pessoa a ser identificada. Muitas vezes, a pesquisa genealógica vai indicar mais de um indivíduo como sendo o possível “doador” daquela amostra biológica, sem ter o poder de definir a identidade (como por exemplo, dois irmãos com idades próximas).

A confirmação de identidade só será definitiva a partir da comparação do perfil de marcadores STR autossômicos entre o suspeito e o vestígio, ou entre familiares e o resto mortal não identificado. Nos laboratórios forenses, a rotina padrão empregada, e validada, é a análise do perfil genético gerado por um conjunto de 16-27 marcadores autossômicos do tipo STRs. Esse conjunto de marcadores STRs permite a individualização de uma amostra, com alto grau de discriminação, garantindo que os perfis obtidos possuam uma mesma origem (com exceção de gêmeos monozigóticos). As etapas usadas para identificação, incluindo o uso da GGI, estão resumidas na Figura 4.

Nos EUA, desde a divulgação da possibilidade do uso das plataformas de genealogia genética para finalidades forenses em 2018, mais de 500 casos já foram reportados, casos estes em que as identificações só puderam ser realizadas por meio do uso da Genealogia Genética Investigativa (tanto casos de identificação de criminosos, quanto de restos mortais), reforçando cada vez mais a potência dessa ferramenta. Dentre os casos resolvidos, há também relato de duas exonerações (libertação de indivíduos que haviam sido condenados por crimes que não tinham cometido), em que os verdadeiros criminosos só puderam ser identificados com o auxílio da GGI. Estima-se que, até julho de 2023, mais de 42 milhões de pessoas já tenham realizado testes de ancestralidade DTC ao redor mundo. Apesar disso, ainda existe uma super-representação de indivíduos de ancestralidade predominantemente europeia, o que é um fator limitante para a identificação de pessoas de outras origens.

Com o aumento crescente do uso da GGI, empresas e laboratórios privados que prestam serviço para as forças policiais americanas têm buscado desenvolver metodologias capazes de extrair DNA e realizar a **genotipagem** de milhares de SNPs em amostras forenses, que normalmente são desafiadoras na questão quantidade e qualidade de DNA, já que são amostras ínfimas e muitas vezes com certo grau de degradação.

**Genotipagem** - processo de identificação das variantes genéticas de determinados marcadores genéticos ou polimorfismos.



**Figura 4.**

Etapas usadas para identificação, mostrando o fluxo tradicional com a análise de perfil STR e comparação com os bancos de perfis genéticos da perícia. No caso de identificação positiva nesses bancos, o caso segue para instâncias judiciais. Nos casos com resultados negativos na comparação com os bancos oficiais, existe a possibilidade do caso seguir para análise de Genealogia Genética Investigativa, realizando os testes de ancestralidade com uso dos marcadores SNPs. A confirmação da identidade será realizada no final com a realização do perfil STR, caso seja apontada alguma pessoa após a pesquisa genealógica.

## Aspectos legais do uso da GGI

Apesar do número crescente de **cold cases** que vêm sendo resolvidos com o uso da GGI, na maioria dos países ainda não existe uma legislação específica sobre o tema.

Nos Estados Unidos, local onde a GGI começou e é mais usada, apenas os estados de Maryland, Montana e Utah apresentam leis que regulamentam o seu uso. Em adição, o Departamento de Justiça americano (DOJ) e o Grupo de Trabalho Científico sobre Métodos de Análise de DNA (SWGDM) publicaram, em 2019 e 2020 respectivamente, orientações sobre o uso da GGI.

Alguns pontos importantes colocados nesses documentos são: apenas crimes graves e violentos (tais como homicídio, agressão sexual) e a identificação de restos mortais humanos devem ser considerados para a utilização da genealogia genética investigativa, quando forem casos sem resolução por outras abordagens; uma pesquisa nos bancos de perfis genéticos oficiais da perícia deve ser realizada antes do uso da GGI; as amostras de DNA selecionadas para GGI devem ser de uma única fonte e não de mistura de mais de um indivíduo; uma vez que uma pessoa de interesse seja identificada após a análise de STRs, os dados dela devem ser eliminados do(s) banco(s) de genealogia; prisões não serão realizadas apenas com as informações da GGI.

Alguns países, como a Alemanha, vedaram o uso da GGI. Em outros, como Reino Unido, Polônia e Espanha, não existe restrição legal e a ferramenta vem sendo usada em casos de repercussão, assim como no Canadá, Austrália e Suécia que também vêm trabalhando na regulação do tema.

No Brasil, o debate sobre essa nova ferramenta também é incipiente e não chegou aos órgãos de perícia oficiais, muito menos aos legisladores, estando hoje restrito a projetos de pesquisa acadêmicos, como o projeto “ELPIS”, uma parceria firmada entre a USP e a Fundação Justiça pela Ciência em 2021. O

projeto visa subsidiar a elaboração de protocolos e critérios objetivos para o uso de Genealogia Genética Investigativa (GGI) com a finalidade de apoio à identificação de pessoas não identificadas, desaparecidas e de restos mortais não identificados na população brasileira.

## Considerações finais

A genética forense é um campo bem estabelecido e que revolucionou as investigações forenses desde a implantação dos perfis de DNA com o uso de marcadores STR e os bancos de perfis genéticos na década de 1990. É natural, portanto, que na medida em que o conhecimento e a tecnologia avançam, novas ferramentas e abordagens surjam para incrementar e auxiliar casos ainda sem solução. Nesse sentido, a Genealogia Genética Investigativa tem se mostrado bastante promissora como ferramenta de auxílio para a identificação humana, com resultados concretos em casos não solucionados. A GGI expande o campo da genética forense, mas não substitui a genotipagem tradicional por marcadores STR; ao invés disso, ela a complementa. Entretanto, para sua implementação ainda são necessárias pesquisas, estruturação de bases de dados locais, assim como considerações éticas e legais para que sejam estabelecidos protocolos confiáveis, que visam proteger a segurança pública e individual de todos os envolvidos.

## Para saber mais

- BONAMIN, P. H. C. et al. Perspective on the use of investigative genetic genealogy in Brazil. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, v.8, p. 208-209, 2022.
- GLYNN, C. L. Bridging Disciplines to Form a New One: The Emergence of Forensic Genetic Genealogy. *Genes* (Basel), v.13, n. 8, p.1381, 2022.
- GREYTAK, E. M. et. al. Genetic genealogy for cold case and active investigations. *Forensic Sci Int*, v. 299, p. 103-113, 2019.
- KLING, D. et al. Investigative genetic genealogy: Current methods, knowledge and practice. *Forensic Sci Int Genet*, v. 52, 102474, 2021.

**Cold cases** - casos criminais não solucionados pelas técnicas investigativas e forenses disponíveis, cuja investigação pode ser reaberta diante de uma nova tecnologia ou evidência.