

Ano VII, v.1 2026 | submissão: 14/05/2026 | aceito: 17/05/2026 | publicação: 20/05/2026

## Comparação entre os métodos *short in tandem repeats* (str) e *single nucleotide variants* (snv) em genética forense para a identificação de indivíduos

*Comparison between short tandem repeat (STR) and single-nucleotide variant (SNV) methods in forensic genetics for individual identification.*

Comparación entre métodos de repeticiones cortas en tándem (STR) y variantes de nucleótidos simples (SNV) en genética forense para la identificación de individuos

Isabela Lopes da Silva<sup>1</sup>

Ligia Canongia de Abreu Cardoso Duarte<sup>2</sup>

### RESUMO

**Introdução:** A genética forense desempenha um papel fundamental na identificação de indivíduos em investigações criminais, recorrendo a marcadores genéticos de elevado poder discriminatório. Este estudo teve como objetivo comparar os métodos baseados em Short Tandem Repeats (STRs) e Single Nucleotide Variants (SNVs), avaliando sua eficácia, aplicabilidade e limitações no contexto da identificação humana. **Métodos:** Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, com buscas realizadas entre agosto de 2025 e julho de 2026 nas bases de dados PubMed, Biblioteca Virtual em Saúde, Scielo e Google Scholar. Foram utilizados descritores combinados por operadores booleanos, sem restrição de idioma, considerando artigos publicados entre 2021 e 2026. Após a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, 10 estudos foram selecionados para análise. **Resultados:** Os resultados evidenciaram que os STRs permanecem como padrão-ouro na genética forense devido ao seu alto poder discriminatório e à ampla padronização. Em contrapartida, os SNVs demonstraram vantagens importantes na análise de DNA degradado e em amostras com baixa quantidade de material genético. Observou-se também que tecnologias como o sequenciamento em massa em paralelo aumentam a sensibilidade e a precisão das análises. Além disso, a análise de regiões flangeadoras de SNPs mostrou potencial para ampliar o poder de discriminação genética. Os estudos indicaram, ainda, que a combinação entre STRs e SNVs melhora significativamente os resultados em diferentes contextos forenses. **Considerações finais:** Conclui-se que a integração entre STRs e SNVs representa a estratégia mais eficaz para a identificação humana na genética forense.

**Descritores:** *Human genetics, Forensic genetics, Genetic markers, Single Nucleotide Variants (SNVs), Short Tandem Repeats (STRs), Sequence analysis, DNA.*

## 1 INTRODUÇÃO

No que diz respeito à identificação de indivíduos — autores de crimes ou vítimas —, é essencial o uso de técnicas eficazes para comprovar a participação de cada indivíduo nesse contexto; por conseguinte, a genética tem se mostrado uma ciência eficaz para fundamentar tais provas. Antes do uso de DNA, nos casos criminais, muitos suspeitos deixaram de ser presos ou foram condenados erroneamente, pois não se utilizavam técnicas exatas para solucionar os casos e recorriam a testemunhas ou impressões digitais, porém, no decorrer dos anos, foi notório que esse tipo de prova nem sempre é confiável. Porém, esse cenário mudou com a implementação de técnicas genéticas na ciência forense (Barbosa, 2018).

A genética forense consiste no uso técnico-científico de conhecimentos e métodos genéticos, validados como ferramenta de acesso a informações derivadas da materialidade, com potencial de

Ano VII, v.1 2026 | submissão: 14/05/2026 | aceito: 17/05/2026 | publicação: 20/05/2026

relevância para a investigação que a questionou. Para isso, a aplicação de marcadores genéticos trouxe maior precisão na associação de vestígios biológicos a indivíduos, contribuindo para investigações criminais e análises de parentesco e identificação de vítimas em desastres (Dias, 2020).

Atualmente, dois tipos de marcadores genéticos dominam a ferramenta forense: os *Short Tandem Repeats* (STRs), amplamente empregados em painéis de identificação humana, e os *Single Nucleotide Variants* (SNVs), que têm ganhado espaço em função de sua abundância no genoma e da possibilidade de análise em amostras degradadas (Weir, 2015).

Tais microssatélites divergem em suas características. Os STRs são altamente polimórficos, ou seja, apresentam variabilidade no número de repetições, o que faz com que cada indivíduo tenha um perfil único, proporcionando alto poder discriminatório e sendo necessários para a identificação de apenas alguns loci. Já os SNVs são mais abundantes no genoma e destacam-se por apresentarem menor taxa de mutação, além de permitirem a tipagem em fragmentos curtos de DNA, o que é útil em materiais degradados (Pedroza, 2025).

O presente estudo tem como objetivo comparar os métodos baseados em marcadores STR (Short Tandem Repeats) e SNV (Single Nucleotide Variants) quanto à eficácia, aplicabilidade e limitações na identificação de indivíduos no contexto da genética forense, considerando os avanços recentes nas tecnologias de genotipagem e de sequenciamento. Além disso, busca-se descrever os fundamentos moleculares desses marcadores, analisar suas vantagens e desvantagens em diferentes cenários — como amostras degradadas, vestígios biológicos e testes de parentesco — e avaliar o potencial dos SNVs como ferramenta complementar ou alternativa aos STRs na rotina pericial.

## 2 METODOLOGIA

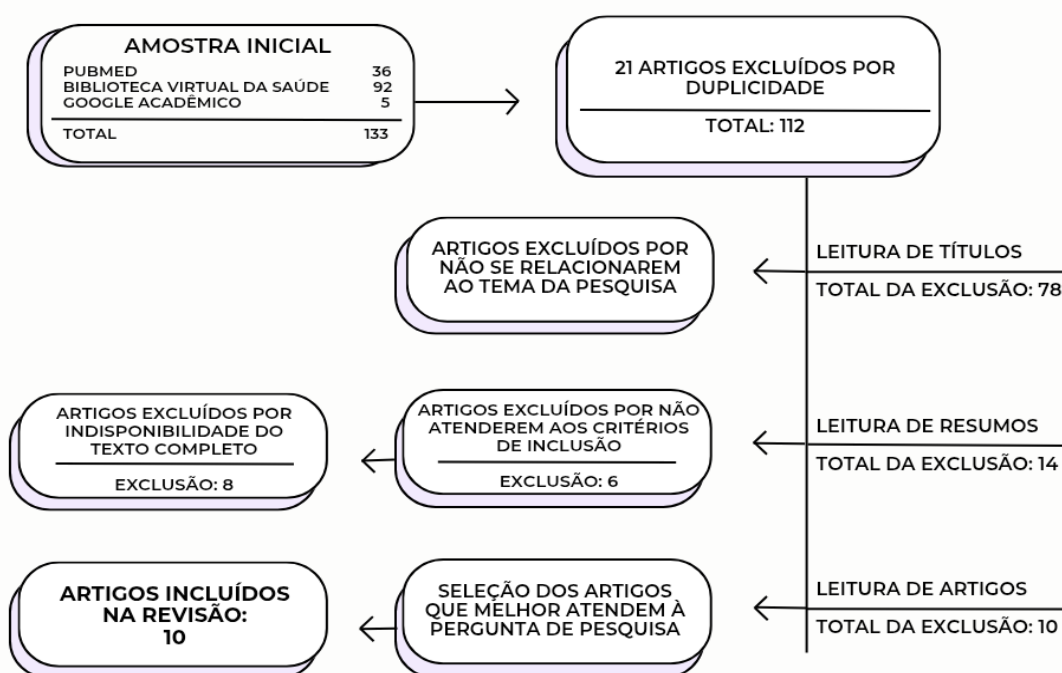
O presente estudo consiste em uma revisão integrativa da literatura. A coleta de referências foi realizada no período de agosto de 2025 a julho de 2026, por meio de buscas estruturadas nas bases de dados PubMed, Biblioteca Virtual em Saúde (BVS), SciELO e Google Scholar, bem como em sites de órgãos oficiais e de sociedades científicas. Não houve restrição de idioma, sendo selecionados artigos publicados entre 2021 e 2026. Para isso, foram utilizados os seguintes descritores, obtidos a partir da busca nos Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) e nos Medical Subject Headings (MeSH): Human genetics, Forensic genetics, Genetic markers, Single Nucleotide Variants (SNVs), Short Tandem Repeats (STRs), Sequence analysis, DNA, combinados entre si com o conector booleano AND. Exemplos de combinações estruturadas incluem: *Human genetics AND Forensic genetics*, *SNVs AND STRs*, *Genetic markers AND Sequence analysis*, *DNA*.

Os critérios de inclusão consideraram artigos disponíveis na íntegra que abordam a utilização de marcadores genéticos (SNVs e STRs) aplicados à genética forense, com ênfase em estudos de identificação de indivíduos, na avaliação da confiabilidade dos métodos e em análises comparativas. Como critérios de exclusão, não foram considerados artigos duplicados, de acesso restrito ou que tratem de aplicações de marcadores genéticos voltadas exclusivamente a áreas distintas da genética forense e que não envolvam identificação humana.

### 3 RESULTADOS

A partir da busca estruturada realizada nas bases de dados PubMed, Biblioteca Virtual em Saúde e Google Acadêmico, foram identificados 133 estudos. Desses, 21 foram excluídos por duplicidade, restando 112 estudos para análise. Após a leitura dos títulos, 78 artigos foram excluídos por não se relacionarem ao tema proposto. Na etapa de leitura dos resumos, 14 estudos foram excluídos por não atenderem aos critérios de inclusão ou por indisponibilidade do texto completo, totalizando 20 artigos para leitura na íntegra. Após a leitura completa, foram selecionados 10 artigos que melhor atenderam à pergunta de pesquisa, compondo o corpus final da análise (Figura 1).

Figura 1. Fluxograma de seleção dos artigos, 2026.



Fonte: Autor próprio, 2026.

Ano VII, v.1 2026 | **submissão: 14/05/2026** | **aceito: 17/05/2026** | **publicação: 20/05/2026**

Entre os 10 artigos selecionados para esta revisão, foram examinadas as evidências científicas sobre genética forense, estabelecendo-se um levantamento do emprego das técnicas de SNP e STR para a identificação de indivíduos. Os principais pontos investigados envolveram a consolidação dos marcadores STR como padrão-ouro da investigação forense no que tange à identificação de indivíduos, as vantagens da utilização de SNV para identificar seres humanos quando a amostra biológica coletada está em estado degradado ou com quantidade reduzida de DNA, e a complementaridade entre as técnicas.

As principais características dos estudos selecionados, bem como seus objetivos e desfechos, são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Características dos artigos científicos selecionados, segundo título, autores, ano de publicação, objetivos e resultados, 2026.

<b>Título</b>	<b>Autores</b>	<b>Ano</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Resultados</b>
Exploring Y-chromosomal STRs and SNPs for forensic and genetic insights in the Jiangsu Han population	LI <i>et al.</i>	2025	Elucidar a estrutura genética paterna de determinada população, expandir o banco de dados genéticos e fornecer dados precisos para o avanço da pesquisa forense e da genética humana.	Tecnologias como STR e SNP aumentaram a precisão na identificação humana, inclusive em amostras degradadas. Além disso, passou a permitir a interferência de características fenotípicas e da ancestralidade.
Preparing for shotgun sequencing in forensic genetics – Evaluation of DNA extraction and library building methods	KAMPMANN <i>et al.</i>	2025	Avaliar o sequenciamento de genoma único (SGS) na genética forense, considerando seu desempenho com DNA extraído por quatro métodos amplamente utilizados.	A combinação entre métodos de extração e preparo de biblioteca influencia diretamente a qualidade do shotgun sequencing, sendo a associação entre EZ1 e EZ2, com biblioteca de dupla fita, a mais eficiente, permitindo a obtenção de muitos marcadores genéticos forenses de alta qualidade.

Analysis of Human Degraded DNA in Forensic Genetics	ZUPANIČ PAJNIČ	2025	Soluções para a análise de DNA degradado por meio de sequenciamento paralelo massivo (MPS) e de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) como marcadores poderosos, complementando ou substituindo a análise tradicional de STR em amostras comprometidas.	STR, SNP e NGS atuam de forma complementar para melhorar os resultados, especialmente em amostras de DNA degradado.
Forensic applications of compound genetic markers: trends and future directions	SHABALALA <i>et al.</i>	2025	Explorar o desenvolvimento de marcadores compostos padrão, suas aplicações, vantagens e limitações e discutir o uso de tecnologias de sequenciamento de nova geração para a integração desses marcadores.	Os marcadores compostos apresentam maior potencial para aplicações forenses. Esta revisão destaca os tipos de marcadores compostos e compara sua sensibilidade à dos marcadores genéticos individuais.
Dense single-nucleotide polymorphism testing revolutionizes the scope and degree of certainty for source attribution in forensic investigations	MANDAPE <i>et al.</i>	2024	Descrever os marcadores SNP, suas características e os avanços tecnológicos que possibilitam análises de alto rendimento e facilitam métodos alternativos de atribuição de origem.	SNPs funcionam melhor do que os métodos tradicionais em situações difíceis e ampliam o potencial de investigação.
An overview of autosomal STRs and identity SNPs in a Norwegian population using massively parallel sequencing	AGUDO <i>et al.</i>	2024	Caracterizar as frequências alélicas de 27 loci aSTR para avaliar a vantagem discriminatória de formatos alternativos baseados em sequência (SB) em relação à nomenclatura tradicional baseada em comprimento (LB).	Marcadores STR autossômicos e SNP analisados por sequenciamento massivo paralelo apresentam alta variabilidade genética na população estudada, conferindo alto poder discriminatório para fins de investigação forense.

<p>Forensic identity SNPs: Characterization of flanking region variation using massively parallel sequencing</p>	<p>DAVENPORT <i>et al.</i></p>	<p>2023</p>	<p>Caracterizar variações em regiões flanqueadoras de SNPs informativos de identidade forense, utilizando a tecnologia de Sequenciamento Paralelo Massivo (MPS).</p>	<p>A análise das regiões flanqueadoras dos SNPs aumentou o poder de discriminação genética ao identificar novos alelos, reduzindo a probabilidade de coincidência. A inclusão dessas variações torna alguns loci de SNPs mais informativos do que os marcadores STR, preservando amplicons menores para amostras de DNA degradado.</p>
<p>Concordance study on Y-STRs typing between the SeqStudio™ genetic analyzer for HID and the MiSeq™ FGx forensic genomics system</p>	<p>SOLDATI <i>et al.</i></p>	<p>2023</p>	<p>Validar a concordância entre os resultados de genotipagem de Y-STRs obtidos por meio do sistema de eletroforese capilar (CE) e do sistema de sequenciamento paralelo massivo (MPS).</p>	<p>Alta concordância na designação de alelos, mostrando que o sequenciamento paralelo massivo (MPS) produz perfis confiáveis; porém, o sistema de eletroforese capilar (CE) demonstrou um equilíbrio alélico superior ao MPS nos loci de múltiplas cópias.</p>
<p>Application Progress of Massively Parallel Sequencing Technology in STR Genetic Marker Detection</p>	<p>TAO <i>et al.</i></p>	<p>2022</p>	<p>Revisar as principais tecnologias de sequenciamento paralelo massivo (MPS) aplicadas à detecção de STR na genética forense, incluindo plataformas, ferramentas, desempenho, estudos populacionais e iniciativas internacionais.</p>	<p>A tecnologia MPS aplicada a STR apresenta alta sensibilidade, confiabilidade e compatibilidade com métodos tradicionais, além de aumentar o poder discriminatório ao identificar mais variações genéticas. Também melhora a análise de amostras degradadas, embora ainda enfrente desafios.</p>

A novel computational strategy to predict the value of the evidence in the SNP-based forensic mixtures	PASCALI	2021	Introduzir e validar uma nova metodologia computacional (NITZq) que permite a análise simultânea de centenas de SNPs e marcadores STR em uma única reação e calcula o peso da evidência em misturas complexas de DNA.	O método NITZq mostrou-se mais confiável do que os métodos tradicionais, pois reduz falsas inclusões, respeita princípios forenses e melhora a precisão na interpretação quantitativa das evidências.
--	---------	------	---	---

Fonte: Autor próprio, 2026.

#### 4 DISCUSSÃO

Os estudos analisados demonstram uma evolução significativa nas técnicas de identificação genética forense, com destaque para a consolidação dos STR como padrão-ouro e a crescente valorização dos SNP como ferramenta complementar. Nesse contexto, Mandape et al. (2024) evidenciaram que os SNPs apresentam desempenho superior em situações complexas, ampliando o poder investigativo em comparação com métodos tradicionais, enquanto Li et al. (2025) reforçam que a combinação entre STR e SNP aumenta a precisão da identificação, inclusive em amostras degradadas.

Corroborando esses achados, Agudo et al. (2024) demonstraram que tanto STR quanto SNP analisados por sequenciamento massivo apresentam alto poder discriminatório, destacando a eficiência dessas tecnologias na identificação individual. De forma complementar, Zupanič Pajnič (2025) ressalta que a integração entre STR, SNP e tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS) potencializa os resultados, especialmente em amostras degradadas, evidenciando a importância da abordagem combinada.

Por outro lado, estudos como o de Soldati et al. (2023) mostram que, embora o sequenciamento paralelo massivo (MPS) produza resultados confiáveis, a eletroforese capilar ainda apresenta vantagens, como um melhor equilíbrio alélico em determinados loci, o que indica que as técnicas tradicionais ainda têm relevância. Em consonância, Tao et al. (2022) destacam que o MPS aumenta a sensibilidade e o poder discriminatório dos STR, mas ainda enfrenta desafios, especialmente na análise de dados.

Além disso, Davenport et al. (2023) demonstraram que a análise de regiões flangeadoras de SNP aumenta significativamente o poder de discriminação genética, podendo, em alguns casos,

**Ano VII, v.1 2026 | submissão: 14/05/2026 | aceito: 17/05/2026 | publicação: 20/05/2026**

superar o dos STR. Já Shabalala et al. (2025) apontam que marcadores compostos representam uma tendência promissora, com maior sensibilidade em comparação aos marcadores isolados. Complementarmente, Kampmann et al. (2025) evidenciaram que a qualidade dos resultados depende diretamente dos métodos de extração e de preparo das amostras, reforçando a importância da padronização metodológica.

Por fim, Pascali (2021) introduziu uma abordagem inovadora para a análise de misturas de DNA baseada em SNP, demonstrando maior confiabilidade e menor número de falsas inclusões em comparação com métodos tradicionais. Em conjunto, os estudos analisados indicam que, embora os STR permaneçam essenciais na prática forense, os SNP e as novas tecnologias vêm ampliando significativamente as possibilidades de análise, sugerindo um cenário de complementaridade entre os métodos.

## **CONSIDERAÇÕES FINAIS**

O presente estudo permitiu compreender que os marcadores STR continuam sendo fundamentais na genética forense devido ao seu alto poder discriminatório e à ampla validação científica. No entanto, evidenciou-se que os SNPs vêm ganhando destaque, especialmente em situações envolvendo DNA degradado ou amostras com baixa quantidade de material genético, respondendo à pergunta de pesquisa ao demonstrar que ambos os métodos são eficazes, porém mais eficientes quando utilizados de forma complementar.

A relevância deste estudo para a biomedicina está diretamente relacionada ao avanço das técnicas de análise genética, o que contribui para o aprimoramento dos métodos de identificação humana e para o fortalecimento da atuação do biomédico na área forense. Para a sociedade, esses avanços representam maior confiabilidade nas investigações criminais, redução de erros judiciais e maior precisão na identificação de indivíduos, o que impacta diretamente na promoção da justiça.

Além disso, a análise dos estudos permitiu observar que a incorporação de novas tecnologias, como o sequenciamento em massa em paralelo, amplia significativamente as possibilidades da genética forense, embora ainda existam desafios técnicos e analíticos a serem superados. Dessa forma, o problema inicial foi solucionado ao evidenciar que não há substituição entre STR e SNP, mas sim uma integração estratégica entre essas metodologias.

Contudo, é necessário que haja mais pesquisas sobre este tema, de modo que novas perspectivas sejam exploradas, especialmente no que diz respeito à padronização de técnicas, à análise de dados complexos e à aplicação prática dessas tecnologias em larga escala. O avanço contínuo dessas pesquisas será essencial para consolidar o uso dessas ferramentas na rotina forense.

## REFERÊNCIAS

- AGUDO, Maria Martin et al. An overview of autosomal STRs and identity SNPs in a Norwegian population using massively parallel sequencing. **Forensic Science International: Genetics**, v. 71, p. 103057, 2024.
- BARBOSA, R. P.; ROMANO, L. H. História e importância da genética na área forense. **Revista Saúde em Foco**, v. 10, p. 300-307, 2018.
- BATISTA, Ana Carolina Campos et al. Identificação Genética: Contribuição dos Marcadores STR e dos Bancos de Perfis Genéticos nas Investigações Forenses. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics**, v. 12, n. 2, p. 105–124, 2024.
- DA SILVA LEITE, Viviane et al. Uso das técnicas de biologia molecular na genética forense. **Derecho y Cambio Social**, v. 10, n. 34, p. 21, 2013.
- DAVENPORT, Lucinda, et al. Forensic identity SNPs: Characterization of flanking region variation using massively parallel sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 2023, vol. 64, p. 102847.
- DECANINE, Daniela. O papel dos marcadores moleculares na genética forense. **Rev. Bras. Crimin.**, v. 5, n. 2, p. 18-27, 2016.
- DIAS FILHO, C. R.; MENEZES, M. A. M.; FRANCEZ, P. A. C. História da Genética Forensic. In: DIAS FILHO C. R. et al. (org.) Introdução à Genética Forense. Campinas: Millennium, 2020.
- KAMPMANN, Marie-Louise et al. Preparing for shotgun sequencing in forensic genetics—Evaluation of DNA extraction and library building methods. **Forensic Science International: Genetics**, v. 76, p. 103234, 2025.
- KIM, Jaehee; ROSENBERG, Noah A. Record-matching of STR profiles with fragmentary genomic SNP data. **European Journal of Human Genetics**, v. 31, n. 11, p. 1283–1290, 2023.
- LI, Min, et al. Exploring Y-chromosomal STRs and SNPs for forensic and genetic insights in the Jiangsu Han population. *BMC Genomics*, 2025, vol. 26, no 1, p. 440.
- MACHADO, Ana Paula; EHRHARDT, Alexandre. Análise Comparativa Entre Marcadores Microssatélites STR e Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNP) Usados na Área Forense: Revisão de Literatura. **Saúde e Desenvolvimento Humano**, v. 6, n. 1, p. 49–56, 2018.
- MANDAPE, Sammed N. et al. Dense single-nucleotide polymorphism testing revolutionizes the scope and degree of certainty for source attribution in forensic investigations—Croatian **medical journal**, v. 65, n. 3, p. 249–260, 2024.
- PASCALI, Vincenzo L. A novel computational strategy to predict the value of the evidence in the SNP-based forensic mixtures. *PLoS One*, 2021, vol. 16, no 10, p. e0247344.
- PEDROZA MATUTE, Sharlize; IYAVOO, Sasitaran. Implementation of NGS and SNP microarrays in routine forensic practice: opportunities and barriers. **BMC Genomics**, v. 26, n. 1, p. 541, 2025.
- RAMÍREZ, Jorge Ruiz. **Development and validation of large-scale SNP sets for forensic purposes**. 2025. Tese de Doutorado. Universidade de Santiago de Compostela.
- SHABALALA, Sthabile; ISMAIL, Nuhaa; GHAI, Meenu. Forensic applications of compound genetic markers: trends and future directions. **Science & Justice**, v. 65, n. 5, p. 101301, 2025.
- SILVA, Ricardo Henrique Alves da. **Estudo da frequência alélica de cinco loci STR do cromossomo X na população do Estado de São Paulo e de sua contribuição para a identificação humana**. 2007. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.
- SOLDATI, Giulia, et al. Concordance study on Y-STRs typing between the SeqStudio™ genetic analyzer for HID and the MiSeq™ FGx forensic genomics system. *Mol Biol Rep*. 2023
- SOUSA, Gabriela Schroeder de. Métodos biomoleculares para análise de DNA em cenas de crime. 2023.
- TAO, Rui-Yang, et al. Application Progress of Massively Parallel Sequencing Technology in STR



**Ano VII, v.1 2026 | submissão: 14/05/2026 | aceito: 17/05/2026 | publicação: 20/05/2026**

Genetic Marker Detection. *Fa yi xue za zhi*, 2022, vol. 38, no 2, p. 267-279.

WEIR, Bruce S.; ZHENG, Xiuwen. SNPs e SNVs na ciência forense. **Forensic Science International: Genetics Supplement Series**, v. 5, p. e267-e268, 2015.

ZUPANIČ PAJNIČ, Irena. Analysis of human degraded DNA in forensic genetics. **Genes**, v. 16, n. 11, p. 1375, 2025.