

SEGUNDO CICLO DE ESTUDOS
CRIMINOLOGIA

**GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE:
REFLEXÕES SOBRE OS DESAFIOS
DE UMA NOVA ESTRATÉGIA
INVESTIGATIVA**

Isabela Bastos de Assis

M

2022



FACULDADE DE DIREITO

**DISSERTAÇÃO DE CANDIDATURA AO GRAU DE MESTRE EM CRIMINOLOGIA
SUBMETIDA À FACULDADE DE DIREITO DA UNIVERSIDADE DO PORTO**

**ORIENTADORA – PROFESSORA DOUTORA SANDRA OLIVEIRA E SILVA
UNIVERSIDADE DO PORTO**

**CO-ORIENTADORA - PROFESSORA DOUTORA HELENA MACHADO
UNIVERSIDADE DO MINHO**



“esta é
uma carta de amor
há muito devida
para cada uma
& toda
mulher
que percorreu
esses campos
antes de mim
&
fez
o caminho
suave o bastante
para que eu
o atravessasse e
chegasse
ao lado
aonde eles não poderiam
nunca ir.

por isso
devo muito
a vocês.

- mas devo algumas coisas a mim mesma também.”

Amanda Lovelace

AGRADECIMENTOS

Entre os fins e recomeços que compõem essa formidável vida, mais uma exaustiva e maravilhosa jornada chega ao fim... E o sentimento que invade a minha alma é a gratidão, especialmente àqueles que me acompanharam e me apoiaram nesse caminho.

Aos meus pais, Cláudia e Paulo Cesar, agradeço por serem minhas raízes mais magníficas, por me concederem o grandioso presente que é a vida, por serem meus melhores amigos e por me presentearem todos os dias com esse amor tão divino, que eterniza na minha alma o quão especial é a nossa família.

À minha avó Zélia, agradeço por ser meu eterno exemplo de amor e força. Aos meus padrinhos, tios e primos, agradeço o carinho e as orações. Aos meus ancestrais, agradeço a oportunidade de resgate.

Aos meus queridos amigos, agradeço por poder compartilhar as dores e delícias da minha caminhada com pessoas tão admiráveis, das quais tenho profundo orgulho de chamar de amigos. Um especial agradecimento aos meus amados companheiros de mestrado, Bárbara, Carla, Letícia, Yolanda, Inês, Kelvin, Vitor e Diego. No meu Brasil, dedico um agradecimento cheio de saudade para Matheus, Clara, Thainá, Raphael, Daniel, Lucas, Paula e Bruna. Em Portugal, agradeço especialmente a Natália, Luan, Mayoí, Marcelo, João, Juliana e Khristopher. Y en Jerez de la Frontera, agradezco de corazón a Sara, Mariana, Elena, Nora y a mi Familia Medina, Lucy, Katherine, Diego e Matthew.

Ao programa de mobilidade Erasmus+ e à Comissão Europeia, agradeço a excelente oportunidade de desenvolver esta dissertação junto à renomada Faculdade de Direito da Universidade de Cádiz, na Espanha.

Por fim, mas não menos importante, dedico um agradecimento especial, repleto de admiração, à minha orientadora, Professora Doutora Sandra Oliveira e Silva, e à minha co-orientadora, Professora Doutora Helena Machado, pelos ensinamentos, pela dedicação e pelo apoio durante essa jornada.

Muito obrigada!

RESUMO

Em 2018, os holofotes da mídia concentraram as atenções na elucidação do caso *Golden State Killer*, alcunha atribuída ao suspeito que aterrorizou o estado da Califórnia, nos Estados Unidos da América, entre as décadas de 1970 e 1980. Os crimes variaram entre furtos, violências sexuais e homicídios e, após mais de trinta anos sem ser identificado, Joseph James DeAngelo finalmente saiu das sombras do anonimato, por intermédio de uma nova estratégia investigativa: genealogia genética forense.

Com objetivo de produzir inteligência investigativa, esta moderna técnica envolve análise do genoma humano a partir de tecnologias automatizadas em extensos repositórios genéticos com finalidade recreativa e buscas genealógicas. Integrada aos métodos investigativos tradicionais, a genealogia genética forense (FGG) almeja identificar pessoas de interesse a partir da construção da sua árvore genealógica e do reconhecimento dos indivíduos que a compõem.

Embora mostre-se como uma estratégia promissora, o progresso da FGG como um método investigativo legítimo, válido e justo ainda encontra alguns obstáculos e requer aperfeiçoamentos. Emergem preocupações nos mais variados aspectos que envolvem esta técnica, e, por isso, faz-se necessário desenvolver uma investigação ampliada e reflexiva sobre os principais desafios da FGG, no intuito de garantir sua apropriada evolução e padronização.

A presente dissertação manifesta como objetivo principal examinar as características e investigar os principais desafios enfrentados pela genealogia genética forense, no intuito de contribuir para a construção do enquadramento teórico e bibliográfico sobre o tema. No intuito de desenvolver este estudo com êxito, a metodologia aplicada foi a pesquisa bibliográfica e documental, de caráter exploratório e descritivo.

Fundamentada em uma análise crítica e reflexiva, desafios jurídico-legais, técnicos e bioéticos foram identificados. Conclui-se que a integração entre os debates acadêmico, forense, jurídico, legislativo, técnico e social é imprescindível para a construção do enquadramento regulatório apropriado para a genealogia genética forense e sua consolidação como estratégia investigativa legítima, válida, confiável e eficiente, com especial consideração aos seus impactos atuais e futuros, que vão além da esfera individual e abarcam todo um emaranhado familiar.

Palavras-chave: genealogia genética forense; genética forense; ADN; companhias de testagem genética DTC; bases de dados genéticos recreativas; investigação criminal.

ABSTRACT

Back in 2018, media spotlight had turned to the elucidation of the case Golden State Killer, alias assigned to the suspect that terrorized the State of California, USA, between the 70's and 80's. Amongst the allegedly committed crimes were theft, sexual violence and homicides, and after 30 years without identification, Joseph James DeAngelo was finally brought out from the shadows in 2018, thanks to a whole new investigative strategy: forensic genetic genealogy.

With the main goal to produce investigative intelligence, this modern technique revolves around the analysis of human genome, originated from automated technologies in extensive genetic repositories of recreational purposes and genealogical research. When integrated to the traditional investigation methods, forensic genetic genealogy aims to identify people of interest from their family trees and recognition of individuals that are a part of it.

Even though it is regarded as a promising strategy, FGG's progress as a valid, legitimate, and fair investigation method, it still faces some challenges and requires further improvement. Concerns rose in several different aspects that involve the use of this technique, and therefore, requiring a broad and reflexive investigation about the main challenges of FGG, in order to guarantee an adequate maturation and standardization.

This essay expresses as its main objective, to examine the specifics and delve into the main challenges faced by forensic genetic genealogy, focusing in adding value in building up a theoretical and bibliographic framing for the subject. Aiming to develop this study with success, the applied methodology was bibliographic and documentary research, of exploratory and descriptive nature.

Based on critical and reflexive analysis, technical, bioethical, and legal challenges were identified. The conclusion is that integration between academic, forensic, legal, legislative, technical, and social debates is essential to develop an appropriate regulatory framing to forensic genetic genealogy and cement it as a legitimate, valid, reliable, and efficient investigation strategy, with special consideration to its present and future impacts that go beyond one individual's surroundings and encompass an entire family tangle.

Keywords: forensic genetic genealogy; forensic genetics; DNA; DTC DNA testing companies; genetic genealogy database; criminal investigation.

LISTA DE ABREVIATURAS

ADN	Ácido Desoxirribonucleico
ARN	Ácido Ribonucleico
CODIS	Combined DNA Index System
CSI	Crime Scene Investigation
DTC	Direct-To-Consumer
ECHR	European Court of Human Rights
ECPA	Electronic Communications Privacy Act
EUA	Estados Unidos da América
FBI	Federal Bureau of Investigation
FGG	Forensic Genetic Genealogy
GINA	Genetic Information Nondiscrimination Act
GPS	Global Positioning System
GSK	Golden State Killer
HIPAA	Health Insurance Portability and Accountability Act
HLA	Human Leukocyte Antigen
IGG	Investigative Genetic Genealogy
INTERPOL	International Criminal Police Organization
ISO	International Organization for Standardization
LEM	Law Enforcement Matching
LRFS	Long-Range Familial Searches
MLP	Multi-Locus Probe
NDIS	National DNA Index System
NDNAD	UK National DNA Database
NGS	Next-Generation Sequencing
ONU	Organização das Nações Unidas
PCR	Polymerase Chain Reaction
RGPD	Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados
SNP	Single Nucleotide Polymorphisms
STR	Short Tandem Repeat
UE	União Europeia

ÍNDICE GERAL

AGRADECIMENTOS	ii
RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
LISTA DE ABREVIATURAS	v
ÍNDICE GERAL	vi
INTRODUÇÃO	8
CAPÍTULO 1: A GENÉTICA FORENSE E O SISTEMA DE JUSTIÇA CRIMINAL	13
1.1 A revolução técnico-científica: das primeiras descobertas ao perfil genético	13
1.2 As bases de dados de ADN e o acervo genético mundial	18
1.3 As quatro fases da genética forense: novas tecnologias e o futuro	22
CAPÍTULO 2: O CASO “GOLDEN STATE KILLER”: HOLOFOTES SOBRE A GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE	28
2.1 <i>The Golden State Killer</i> – estudo do caso	28
2.2 A ascensão da genealogia genética como instrumento forense	30
2.3 Bases de dados genéticos forenses e <i>direct-to-consumer</i> : o que as diferencia?	35
2.3.1 Finalidade, controle e regulação	35
2.3.2 Método técnico-científico de análise genética	40
2.4 (In)congruências entre genealogia genética forense e pesquisa familiar	41
CAPÍTULO 3: DILEMAS DA GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE – UM ENQUADRAMENTO LEGAL, JURÍDICO E TÉCNICO	44
3.1 A proteção de dados genéticos – panorama jurídico-legal comparativo	44
3.1.1 Estados Unidos da América	46
3.1.2 União Europeia	50

3.2 Direitos e garantias em espectro: a integração entre privacidade e consentimento	58
3.3 A genealogia genética forense perante os tribunais	65
3.4 As controvérsias técnico-científicas e os possíveis erros associados	69
CAPÍTULO 4: O ESCRUTÍNIO BIOÉTICO SOBRE A GENEALOGIA GENÉTICA INVESTIGATIVA E O DISCERNIMENTO CRÍTICO PARA O FUTURO	
4.1 <i>Dataveillance</i> – a vigilância genética na sociedade dos “mega dados”	74
4.2 “Hereditariedade criminal” – o risco de um novo determinismo biogenético	77
4.3 Equidade diante das disparidades raciais e étnicas - otimismo ou ilusão?	80
4.4 O presente e o futuro da genealogia genética forense – ponderações críticas sobre seu aperfeiçoamento	81
CONCLUSÃO	88
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	94
ANEXO 1	105

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 1. As quatro fases das inovações tecnológicas da genética forense e seus impactos.....	23
Tabela 2. Quadro comparativo com detalhamento de características relevantes de quatro companhias DTC e a empresa GEDmatch	38

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Etapas básicas para uma investigação criminal com a aplicação da genealogia genética forense	34
Figura 2. Árvore genealógica e os graus de parentesco, conforme expectativa da quantidade de ADN compartilhada	70

INTRODUÇÃO

Em expansão a nível global, a genealogia genética forense vem consolidando sua atuação como uma eficiente ferramenta de auxílio para investigações criminais. A elucidação bem-sucedida do caso *Golden State Killer* (GSK), a partir da identificação do suspeito Joseph James DeAngelo, cujos crimes em série aterrorizaram o estado da Califórnia (EUA) entre as décadas de 1970 e 1980, concentrou as atenções da mídia, das forças policiais e da comunidade em geral, no intento de compreender mais profundamente este novo método investigativo. A genealogia genética forense (em inglês, *forensic genetic genealogy* - FGG) é uma técnica interdisciplinar que combina uma moderna análise do genoma humano com tecnologias de processamento de dados em repositórios computadorizados e automatizados, em união à busca genealógica, por métodos tradicionais e genéticos, cujo objetivo é identificar indivíduos por intermédio da reconstrução das suas linhagens ancestrais e de sua árvore genealógica (Dowdeswell, 2022).

A partir de 2018, a aplicação da genealogia genética forense cresceu exponencialmente e o número de casos resolvidos multiplicaram. Embora mostre-se como uma técnica promissora, o progresso da FGG como um método investigativo legítimo, válido e justo ainda encontra alguns obstáculos e requer aperfeiçoamentos. Emergem preocupações nos mais variados aspectos que envolvem esta técnica, e, por isso, faz-se necessário desenvolver uma investigação ampliada e reflexiva sobre os principais desafios da FGG, no intuito de garantir sua apropriada evolução e padronização. A relevância deste tema fundamenta-se, igualmente, na rápida propagação internacional da FGG, que, apesar de apresentar uma concentração nos Estados Unidos da América (EUA), seu alcance já engloba outros países, sobretudo pela significativa ampliação e maior diversidade na composição das bases de dados genéticos recreativas, alicerces das buscas familiares da FGG.

A eleição do tema está justificada, primeiramente, no seu enquadramento teórico ainda embrionário. A genealogia genética forense é uma nova estratégia de investigação criminal cuja aplicação de modo sistemático foi iniciada somente a partir do ano de 2018, e, isto posto, urge potencializar o debate acadêmico sobre a FGG, sob uma apreciação crítica, no intuito de neutralizar as potenciais falhas e preencher as lacunas científicas. Atenta-se à concentração predominante de estudos sobre o tema nos EUA, o que revela a necessidade de ampliar esta apreciação para distintas jurisdições a nível global, com especial foco, neste trabalho, na conjuntura da União Europeia. Este aglomerado de distintos e integrados ordenamentos jurídicos apresenta particularidades e regramentos que devem determinar as diretrizes de

adequação diante da inserção paulatina da FGG no cenário europeu, sobretudo para alcançar um equilíbrio saudável entre o controle social e a salvaguarda de direitos fundamentais dos cidadãos e residentes.

Considera-se, portanto, a genealogia genética forense como um novo e revolucionário capítulo da história da genética forense, cujos desdobramentos e potenciais impactos para o futuro merecem pronta apreciação. Unindo análises no campo do Direito e da Criminologia, esta dissertação manifesta como objetivo geral examinar as características e investigar os principais desafios enfrentados pela genealogia genética forense, no intuito de contribuir para a construção do enquadramento teórico e bibliográfico sobre o tema. Nesse sentido, entende-se que este estudo, por meio da produção de uma base conceitual consolidada, ostenta o potencial de auxiliar futuras investigações científicas, bem como concentrar informações relevantes sobre a temática, a fim de instruir profissionais e cidadãos interessados. A partir do objetivo geral, originam-se os seguintes objetivos específicos:

- Expor uma análise histórica do progresso da genética forense para compreender o ponto de inserção da genealogia genética forense neste processo histórico;
- Compreender as características da genealogia genética forense e suas peculiaridades, sob uma perspectiva comparativa;
- Identificar os relevantes desafios legais, jurídicos, técnicos e bioéticos que emergem da aplicação da estratégia investigativa FGG;
- Reunir recomendações substanciais para o aperfeiçoamento da genealogia genética forense e de seu enquadramento regulatório, no cenário atual e para o futuro;

No intuito de cumprir, com êxito, os objetivos supracitados, a metodologia aplicada no presente estudo foi a pesquisa bibliográfica e documental. A pesquisa bibliográfica é primordial para qualquer estudo científico, uma vez que figura como o primeiro passo para examinar o fenômeno em voga, revisar a literatura associada já existente e garantir a relevância e originalidade de uma investigação (Gómez-Luna et al., 2014). Embora seja a etapa inicial para a generalidade de estudos, a pesquisa bibliográfica manifesta-se como uma alternativa metodológica autônoma, qualificada e indicada para a realização de estudos que se propõem a analisar variadas propriedades e perspectivas sobre um tópico ou problema. Com a finalidade de aprimoramento e atualização dos conhecimentos acerca de uma determinada temática, a pesquisa bibliográfica apoia-se em fontes bibliográficas e literatura científica já existentes, utilizando como instrumento livros, artigos científicos, publicações periódicas (jornais e

revistas), teses, dissertações, leis, entre outros; fontes que devem ser confiáveis e selecionadas com extrema cautela, para evitar a reprodução de erros e contradições (Gil, 2002).

O desenho metodológico fundamentado na pesquisa bibliográfica e documental apresenta, nesta dissertação, caráter exploratório e descritivo, visto que objetiva explicitar e aprimorar ideias e conceitos sobre o tema, além de detalhar aspectos característicos do fenômeno – genealogia genética forense (Gil, 2002). Esta abordagem possui como vantagem permitir a cobertura ampliada de um fenômeno, sobretudo quando os dados necessários para a pesquisa estão dispersos em fontes de variados âmbitos (e.g., legislativo, técnico, criminológico). A pesquisa foi realizada por intermédio do mapeamento e da interpretação das informações obtidas, sem, entretanto, restringir-se à mera repetição, visto que se fundamenta em reflexões críticas, o que permite novos enfoques e abordagens, e, conseqüentemente, conclusões inovadoras (Gil, 2002; Marconi & Lakatos, 2003). Nesse modelo, o planejamento e estratégias ganham maior flexibilidade e, assim, afastaram a pretensão de esgotar as fontes de informação, bem como a pretensão de construir teorias de generalização.

Dentre as diversas opções metodológicas oferecidas nos campos de estudo da Criminologia e do Direito, a pesquisa bibliográfica e documental com abordagem exploratória e descritiva foi escolhida com a finalidade de colaborar para a aprimoramento da composição teórica e bibliográfica sobre a genealogia genética forense, o qual ainda é considerado incipiente. Em conformidade com os passos arrolados por Gómez-Luna et al. (2014) e por Souza et al. (2021) como necessários para a evolução da pesquisa bibliográfica, a presente dissertação foi desenvolvida a partir da definição do problema, que engloba a escolha do tema, um levantamento bibliográfico preliminar e a delimitação do problema em si, o qual deve permitir a criação de um cenário amplo e a retroalimentação da investigação. Em seqüência, cumpriram-se os seguintes três passos: busca, organização e análise das informações.

No primeiro passo, a busca por informações engloba o processo de aprofundamento e ampliação do levantamento bibliográfico, com a seleção estruturada de material informativo, que foi selecionado com base em seu reconhecimento científico, com preferência a livros e artigos revisados e publicados em jornais e revistas científicas de renome (em destaque, *Forensic Science International: Genetics*). A segunda etapa consistiu em organizar os dados reunidos, através do resumo e divisão das informações em subcategorias de exploração e de análise, de acordo com os objetivos específicos deste estudo. Por fim, a terceira etapa compreende a análise e interpretação das informações reunidas, a partir do processo de integração, comparação e reflexão crítica sobre os dados, com intuito de delinear a estruturação

e redação dos resultados encontrados de modo detalhado e substancial, para que, dessa forma, sejam cumpridos exitosamente os objetivos desta pesquisa.

Neste seguimento, a presente dissertação foi dividida em quatro capítulos. O primeiro capítulo expõe o progresso histórico da genética forense, a partir da descoberta revolucionária da existência do ácido desoxirribonucleico (ADN) e o início da sua aplicação no contexto forense. Abordam-se pontos marcantes do desenvolvimento dos estudos genéticos, bem como do desenvolvimento de tecnologias associadas. Tais progressos contribuíram para a consolidação da genética forense, que, na década de 1990, evidenciou a técnica de análise genética STR (*short tandem repeat* – em português, Repetições Curtas em Tandem) como “padrão-ouro” do perfilamento genético. Em união com a evolução técnico-científica, deu-se início à criação e à expansão, a nível internacional, das bases de dados genéticos forenses, presentes, atualmente, em mais de 70 países e com crescente integração advinda do compartilhamento transfronteiriço das informações genéticas (INTERPOL, 2019). Em avanço, mudanças significativas na genética forense permitem a produção de inteligência por intermédio de novas tecnologias e técnicas que permitem a análise mais ampla e profunda do genoma humano; análises que não estão restritas aos sistemas informativos submetidos ao Estado, mas ampliam o acesso policial a biobancos de diversas finalidades, com especial destaque para as bases de dados genéticos recreativas e a genealogia genética forense.

Fundamentado no caso *Golden State Killer* como paradigma, o capítulo 2 adentra o estudo pormenorizado da genealogia genética forense. Discorre-se sobre a reviravolta causada pela exitosa identificação do suspeito Joseph James DeAngelo, acusado de crimes de furto, violência sexual e homicídios em série, os quais permaneceram sem solução até a utilização da FGG em 2018. Em seguimento, o capítulo aborda as principais características da genealogia genética e da sua aplicação no contexto forense, descrevendo as etapas necessárias para a apropriada execução desse método. Para além, apresenta-se, de modo comparativo, as distinções mais significativas entre as bases de dados genéticos forenses estatais e as bases de dados genéticos recreativas, criadas e administradas por empresas comerciais privadas. Por fim, ressaltam-se as importantes diferenças entre a genealogia genética forense e a pesquisa familiar (em inglês, *familial searching*), realizada a partir dos repositórios genéticos estatais.

O terceiro capítulo, por sua vez, engloba uma análise holística acerca da genealogia genética forense, ao investigar os principais desafios associados a esta técnica investigativa. Inicia-se com a exposição do enquadramento legal relacionado à proteção de dados, em especial aos dados genéticos sensíveis, com base em duas perspectivas: Estados Unidos da América e

União Europeia. Neste seguimento, em observação aos direitos e garantias envolvidos nesse cenário, a privacidade e o consentimento emergem como pontos de extrema relevância para assegurar o legítimo desempenho da FGG. Este desempenho está diretamente conectado com a influência dos resultados obtidos por meio da genealogia genética forense no sistema judicial criminal, a figurar como parte integrante da evidência genética, não mais restrita ao âmbito nacional, mas sim alcançando distintas jurisdições a nível global. Outro aspecto decisivo é a legitimidade técnico-científica, o que engloba a validade da análise genética aplicada, confiabilidade das informações interrelacionadas, qualificação dos laboratórios e profissionais envolvidos, segurança computacional, entre outros parâmetros.

O quarto e último capítulo ressalta, primeiramente, uma perspectiva criminológica dos dilemas bioéticos identificados em associação a genealogia genética forense. Baseado em uma interpretação reflexiva e crítica, investiga-se a recíproca interferência entre os avanços técnico-científicos, a governança da criminalidade e as dinâmicas sociais, bem como, a partir de uma visão especulativa, conjectura-se futuros desdobramentos motivados pela convergência deste emaranhado de temáticas com a genealogia genética forense, especialmente sobre determinismo biogenético, estigmatização coletiva, “vigilância de dados” (em inglês, *dataveillance*), disparidades raciais e étnicas, entre outros tópicos associados. A parte final desta investigação visa descrever características do percurso da genealogia genética forense até o momento, a partir de dados empíricos inaugurais sobre o tema, e, sobretudo, aprofundar as reflexões críticas com base na reunião de recomendações teóricas para o aperfeiçoamento, standardização e acompanhamento do progresso da genealogia genética forense como método investigativo.

Com apoio e financiamento da Comissão Europeia (União Europeia), por intermédio do programa Erasmus+, a presente dissertação visa contribuir para a construção do arcabouço teórico e regulatório da genealogia genética forense.

CAPÍTULO 1: A GENÉTICA FORENSE E O SISTEMA DE JUSTIÇA CRIMINAL

1.1 A REVOLUÇÃO TÉCNICO-CIENTÍFICA: DAS PRIMEIRAS DESCOBERTAS AO PERFIL GENÉTICO

A descoberta revolucionária da existência do ácido desoxirribonucleico (ADN) é um marco histórico para o mundo científico. Evidente é a importância deste composto químico pertencente à composição dos cromossomos e que codifica, em cada célula do corpo humano, as características genéticas do indivíduo. A extensa e complexa evolução destes conhecimentos culminou na criação da genética forense, a aplicação da genética com o propósito de estudar características herdadas por meio de análises de variações inter- e intraespecíficas em populações, com objetivo de resolução de conflitos jurídico-legais (Carracedo, 2015).

Com o desenvolvimento dos estudos genéticos e, em especial, da genética forense, mostra-se necessário destacar alguns dos principais pontos marcantes desta história. Em 1900, a descoberta dos grupos sanguíneos ABO por Karl Landsteiner deu início à solidificação da base científica para identificação humana e à era científica da genética forense. Dez anos depois, Edmond Locard, um criminologista francês, criou o Princípio de Troca (em inglês, *Locard's Exchange Principle*), resumido na frase “todo contato deixa um vestígio”. Thomas Hunt Morgan, em 1926, propôs a Teoria dos Genes e a Teoria Cromossômica da Hereditariedade, descrevendo as estruturas celulares responsáveis pela hereditariedade. Em 1953, Francis Crick e James Watson descobriram a estrutura helicoidal da molécula de ADN, composta por duas cadeias polinucleotídicas dispostas em dupla hélice, o que permitiu o desenvolvimento da pesquisa genética a nível molecular (Chengtao, 2018).

Reconhece-se que há quatro fases na evolução da genética forense, relacionadas ao uso de marcadores morfológicos, citológicos, bioquímicos e moleculares. Em princípio, os estudos de polimorfismos (ou marcadores genéticos) proteicos, conhecidos também como polimorfismos clássicos, foram difundidos por meio das pesquisas de polimorfismos de grupos sanguíneos ABO, de proteínas de complexo de histocompatibilidade (HLA), de imunoglobulinas e outras proteínas plasmáticas ou das hemácias. Alguns destes polimorfismos clássicos foram aplicados em investigações criminais e civis, especialmente exames de exclusão de paternidade (Dias Filho, Menezes, & Francez, 2021).

Considerando os relevantes aprimoramentos nos estudos genéticos, destaca-se a importância das descobertas científicas a partir da década de 1950. Com ênfase, a reconhecida revolução da genética forense teve início em 1985 com a descoberta de Alec Jeffreys e seus

colegas da Universidade de Leicester (Reino Unido), os quais observaram a existência de polimorfismos do tipo minissatélite. Tais fragmentos representam diferentes combinações de elementos repetitivos do ADN, únicos para cada indivíduo e, por isso, seriam ideais para identificar indivíduos e linhagens de parentesco. Consiste na técnica MLP (*multi-locus probe*), que usa uma “tesoura” química para dissolver o ADN em fragmentos (Lynch, 2003). Nomeada como “impressão digital” genética (em inglês, *DNA fingerprinting*) por Jeffreys, Wilson & Thein (1985), esta técnica proporcionaria um método poderoso para testagem de paternidade ou maternidade, bem como para a aplicação forense.

As vantagens para obtenção e análise relacionadas a esta nova tecnologia genética, quando comparada com a análise de polimorfismos proteicos (e.g. tipos sanguíneos ABO), são destacáveis. A possibilidade de encontrar ADN em todos os fluidos do corpo e tecidos biológicos humanos (e.g. sangue, saliva, sêmen, cabelo, pele e ossos) expande a vantagem sobre os marcadores genéticos proteicos, restritos apenas às células relacionadas àquela proteína em voga. Apresenta, ainda, maior variabilidade, alta estabilidade química e pode ser analisado a partir de material biológico mínimo ou degradado (Carracedo, 2015).

Neste ponto, merece igual destaque na evolução da genética forense a descoberta de Kary Mullis, em 1985: a técnica conhecida como Reação em Cadeia da Polimerase (em inglês, *Polymerase Chain Reaction – PCR*). Para a biologia molecular, esta inovação permitiu a rápida clonagem *in vitro* e a análise mais sensível do ADN por meio de um método de amplificação seletiva de uma determinada sequência-alvo de ADN a partir de ADN total previamente extraído e quantificado. Todos os tipos de marcadores moleculares podem ser detectados em um pequeno tempo, a partir de pequenas quantidades de amostras, amostras antigas, contaminadas ou já decompostas, o que transformou a área forense e a análise de vestígios de crimes (Koch & Andrade, 2008).

A partir destas notáveis transformações, a identificação humana por meio da genética passou a ser largamente aplicada para investigações criminais, tanto para incriminar culpados, quanto para exonerar inocentes, para identificar cadáveres e restos mortais, para testagens de paternidade e maternidade, análises médicas, entre outras funções. Esta descoberta é considerada por diversos autores como a descoberta mais significativa de identificação humana da era moderna. A “impressão digital” genética, reconhecida como perfil de ADN, tem sido considerada a “figura-chave” nos progressos da ciência forense, devido à sua capacidade de contribuir para as práticas policiais por seu distinto grau de “objetividade” e “neutralidade” advindo da autoridade técnico-científica (Machado & Granja, 2021).

Solidificou-se como uma preocupação estatal fundamental a necessidade de identificar os indivíduos, a figurar como uma maneira de coordenação e controlo populacional. O processo de identificação, que busca individualizar uma pessoa por meio do conjunto de caracteres que a distingue das demais (França, 2001), deve respeitar requisitos técnicos que são:

- Unicidade - elementos ou conjunto de sinais escolhidos devem permitir a distinção de um indivíduo dos outros;
- Imutabilidade - o que se usa para identificar um indivíduo tem que ser imutável, ou seja, não pode sofrer mudanças devido a ação da idade ou de doenças;
- Praticabilidade - deve haver uma possibilidade de uso prático, compatível com custo, facilidade de obtenção etc.;
- Classificabilidade - deve haver uma possibilidade de classificação dos dados coletados.

Tendo em vista os critérios supracitados, os métodos de identificação mais confiáveis e utilizados atualmente são a impressão digital, a arcada dentária e o perfil genético (ADN).

Na apuração forense, busca-se responder às sete perguntas do Heptâmetro de Quintiliano (O quê? Quando? Onde? Quem? Como? Por quê? Com que meios?) e, considerando a necessidade de indícios de materialidade e autoria, emerge a importância da genética forense como ferramenta para a fundamental resposta ao “Quem?” (Dias Filho et al., 2021). A interação entre a ciência e justiça cria uma co-construção social da narrativa criminal e, de acordo com a análise de cinco casos criminais ocorridos em Portugal que utilizaram tecnologia relacionada ao ADN, Filipe Santos (2014) construiu uma tipologia composta de quatro “funções” que descrevem o uso das análises genéticas no contexto investigativo e tais funções merecem destaque:

- Função Exploratória: fase inicial da investigação criminal, na qual há a primeira abordagem em busca de vestígios biológicos que possam apresentar células nucleares, tais como sangue, saliva, esperma, raízes capilares, entre outros, bem como averiguar, inicialmente, indícios e depoimentos;
- Função Assertiva: as análises de ADN fornecem confirmações laboratoriais com base na cientificação da narrativa criminal (e.g. confirmação da combinação dos vestígios recolhidos na cena do crime com o perfil genético do autor já confesso dos homicídios);

- Função Incriminatória: depois de confirmada a presença dos vestígios, o foco é compreender a conexão entre os vestígios obtidos, o(s) suspeito(s) e a(s) vítima(s), dentro das possíveis circunstâncias criminais;
- Função Exculpatória: em conjunto com a função exploratória, é possível estabelecer presenças e ausências de possíveis suspeitos, bem como está relacionada à degradação dos vestígios e aos limites práticos da biologia forense, que resultam em respostas inconclusivas.

Nesse ponto, ressalta-se a primeira investigação criminal baseada na “impressão digital” genética (ou perfil genético). Em 1986, na Inglaterra, Colin Pitchfork foi condenado por dois crimes de estupro e homicídio. Nesta história, o primeiro ponto a frisar: verificou-se que os dois assassinatos, com diferença de três anos, foram cometidos pelo mesmo indivíduo, em razão da combinação (ou *match*) entre os perfis genéticos encontrados nas cenas dos crimes. Segundo ponto: foi solicitada a intervenção do geneticista Alec Jeffreys, criador da técnica, para analisar o ADN e, com isso, Richard Buckland, o suspeito que havia inicialmente confessado os crimes, foi excluído como culpado, pois não havia compatibilidade entre os perfis de ADN, o que demonstrou o poder da genética forense de não somente incriminar, mas também absolver inocentes. O terceiro ponto relevante foi a realização da primeira testagem genética em massa (em inglês, *mass screening* ou *DNA dragnets*), a qual contou com cerca de 5.000 homens para doação voluntária, entretanto sem sucesso. O caso foi solucionado após a descoberta de que Colin Pitchfork havia forjado sua doação de material genético e, após essa frustrada evasão, a combinação positiva do seu perfil genético guiou o suspeito à confissão do cometimento dos crimes (Hindmarsh & Prainsack, 2010; Jobling & Gill, 2004; Oosthuizen & Howes, 2022; Rocha, 2014).

As inovações científicas possuem, de forma inerente, um carácter social, visto que a evolução técnico-científica traz consigo propriedades, funções e consequências sociais. Em destaque, a genética forense, com a união entre o conhecimento científico, as expectativas sociais e os sistemas jurídicos civil e criminal (Wienroth, Morling & Williams, 2014). Nesse sentido, Lynch & McNally (2009) criaram o termo “biolegalidade” (em inglês, *biolegality*), para caracterizar esta interdependência das normas técnico-científicas e as normas legais, no contexto da genética forense e suas inovações e sua descrição apurada merece destaque:

“Biolegalidade refere-se a como os desenvolvimentos no conhecimento e na técnica biológica estão em sintonia com os requisitos e restrições do sistema de justiça criminal, enquanto as instituições legais antecipam, permitem e reagem a esses

desenvolvimentos. Este processo contínuo redefine os direitos e o status do corpo suspeito e a identidade e credibilidade das provas criminais.” (tradução livre)

Nesse sentido, após a elucidação da primeira investigação criminal com base na “impressão digital” genética e nos conhecimentos biomoleculares, o caso Colin Pitchfork, a aplicação da genética forense expandiu-se rapidamente ao redor do mundo e alcançou um status extraordinário. Entretanto, durante a década de 1990, a figura do perfilamento genético como evidência jurídico-forense foi alvo de inúmeras avaliações críticas e controvérsias, em especial acerca de sua validade, confiabilidade, credibilidade e admissibilidade nos tribunais (Lynch, Cole, McNally & Jordan, 2010).

Esse período de avaliação e ponderação ficou conhecido como “*DNA wars*” (em português, “Guerra Genética”). Os analistas questionavam as premissas probabilísticas e os métodos estatísticos usados para estimar as combinações, bem como avaliavam os limites entre a ciência e a lei. As preocupações estavam voltadas, igualmente, para o controle de qualidade e padronização dos processos laboratoriais, participação de profissionais com pouco ou nenhum treinamento técnico e a confiabilidade dos procedimentos de coleta da amostra, preservação, possíveis contaminações etc. (Lynch, 2003).

Ainda neste contexto de controvérsias sobre a aceitabilidade das evidências genéticas, vale ressaltar os três modelos-chave de interpretação acerca da interação entre as tecnologias de ADN e o sistema legal. Tais modelos foram identificados por C. Corns (1990) no panorama australiano e, conforme abordagem de Oosthuizen & Howes (2022), resumem os principais tópicos do debate - modelo legal, modelo científico e modelo libertário:

- Modelo legal: identificar o impacto das novas técnicas de análise de ADN nas investigações criminais e nos julgamentos em tribunal, especialmente em relação ao poder policial e uso das evidências genéticas como forma de declarar culpados e controlar a criminalidade, poder este que deveria ser gerenciado através da legislação.
- Modelo científico: procedimentos de coleta e testagem, teorias probabilísticas, e possíveis falhas técnicas são o cerne deste modelo, preocupado com o viés científico das evidências genéticas e a validação dos seus procedimentos e métodos.
- Modelo libertário: o objetivo deste modelo era medir os potenciais benefícios do perfilamento genético em contraponto com os potenciais riscos e violações aos

princípios tradicionais da justiça criminal, aos direitos fundamentais do acusado e aos direitos humanos.

A evolução do debate sociojurídico e dos métodos técnicos de extração, análise e exposição dos resultados contribuíram para a aceitação do perfilamento genético baseada num consenso internacional. Em meados da década de 1990, os sistemas de justiça criminal do Reino Unido, dos Estados Unidos da América e outros países europeus convergiram em um novo sistema de análise de ADN, a conhecida técnica STR (*short tandem repeat* – em português, Repetições Curtas em Tandem), que se divide em seis fases: amostragem, extração, quantificação, amplificação, separação e interpretação. A partir deste processo, com auxílio do método PCR para a amplificação do material genético obtido numa amostra, pode-se criar um perfil de ADN através do sistema STR, o que foi admitido internacionalmente nos tribunais como uma evidência forense válida, simbolizando a padronização dos métodos de identificação genética forense (Lynch, 2003; Oosthuizen & Howes, 2022; Wienroth et al., 2014).

Gradualmente, a evidência forense por ADN baseada no perfilamento genético com a técnica STR tornou-se o “padrão-ouro” nos campos técnico-científico e jurídico-legal. Segundo concepção de Lynch (2003), esta evidência genética foi considerada “objetiva”, no tocante à sua credibilidade e validade, com base na combinação entre sistemas automatizados, estatísticas expressivas, resultados gráficos e procedimentos burocráticos. A legitimidade alcançada pelo uso das análises de ADN e do perfil genético como evidência forense pode ser compreendida pela explanação destacável de Machado (2019):

“O ADN é uma estrutura biológica tida como única em cada indivíduo. O pressuposto teórico da unicidade genética tem vindo a transformar o ADN, nas sociedades ocidentais modernas, numa espécie de insígnia da essência humana. O seu potencial de individualização tem alimentado estratégias estatais de governabilidade, vigilância e controlo de determinados indivíduos e populações.” (p. 1)

1.2 AS BASES DE DADOS DE ADN E O ACERVO GENÉTICO MUNDIAL

Em análise ao panorama histórico, a partir do final do século XX, o desenvolvimento tecnológico da vigilância social dividiu-se em quatro campos fundamentais: redes interconectadas de partilha de informação; o poder de processar, manusear, transmitir e armazenar dados; a transformação de computadores em aparelhos de visualização, simulação e

processamento de dados; e o surgimento das tecnologias de localização geográfica em tempo real, como o *Global Positioning System- GPS* (Graham, 1998). Com sincronicidade, a ampliação do uso das análises de ADN no campo forense fez surgir uma nova demanda de controlo social: a criação de uma estrutura de coleta, armazenamento e compartilhamento dessas identidades genéticas (Oosthuizen & Howes, 2022).

A partir disso, deu-se início ao desenvolvimento e à expansão, a nível global, das bases de dados de perfis genéticos. É imprescindível destacar os países precursores desse movimento. Primeiramente, em 1995, na Inglaterra e no País de Gales, foi criado o *UK National DNA Database* (NDNAD), a seguir, Nova Zelândia (1996), Países Baixos (1997), Áustria (1997) e Alemanha (1998) e outros. A aprovação do *Federal DNA Identification Act*, em 1994, autorizou a criação da base de dados genéticos nos Estados Unidos da América. A *National DNA Index System* (NDIS) contém as informações genéticas a nível nacional, com contribuição dos laboratórios forenses federais, estaduais e locais, e foi implementada em 1998, no mesmo ano da criação da primeira versão do *software* CODIS (*Combined DNA Index System*), sistema que, atualmente, é utilizado, a nível internacional, por mais de cinquenta países (FBI, 2022; Machado e Granja, 2021).

Em menos de trinta anos, o desenvolvimento das bases de dados genéticos e sua relevância para a investigação criminal foram intensificados vertiginosamente. Em destaque no cenário atual, as duas principais bases de dados genéticos. Nos Estados Unidos da América, até outubro de 2021, a *National DNA Index* (NDIS) já possuía mais de 20 milhões de perfis de ofensores, dentre eles ofensores condenados (14,836,490), suspeitos presos (4,513,955) e perfis forenses (1,144,255), além de ter auxiliado em mais de 574,343 investigações criminais (CODIS - NDIS Statistics, 2022). A base de dados genéticos do Reino Unido (NDNAD), cuja manutenção e operação custa, aproximadamente, 2,5 milhões de libras por ano, está composta por mais de 6 milhões de perfis de ADN e é o maior repositório genético da Europa, com proporção de, aproximadamente, 10% da sua população total inserida neste banco de dados em 2020 (Machado & Granja, 2022; National DNA Database Statistics, 2022).

Conforme relatório publicado pela INTERPOL (2019), 89 países participantes reportaram o uso do perfil genético em investigações policiais e 70 países reportaram possuir uma base de dados de ADN, dentre eles, 40 países do continente europeu, região que reúne mais de 14 milhões de perfis genéticos armazenados. O banco de dados genéticos da INTERPOL, criado em 2002, conecta informações genéticas a nível internacional. Armazena mais de 247.000 perfis e fundamenta-se nas principais diretrizes de combate a crimes graves

(e.g., homicídio e violência sexual), identificação de ofensores recorrentes, eliminação de condenações criminais errôneas e combate específico aos crimes transnacionais, como, por exemplo, tráfico de pessoas e terrorismo (ENFSI, 2020; INTERPOL, 2022).

No contexto forense, tais repositórios armazenam, gerenciam e comparam os perfis genéticos extraídos da coleta de vestígios em cenas de crime e da(s) vítima(s), bem como da coleta direta do material biológico de suspeitos e criminosos condenados. Argumentos a favor destas bases de dados genéticos defendem o aumento da confiança no sistema de justiça criminal em razão do poder de prevenir e dissuadir a criminalidade, principalmente pela capacidade de proporcionar identificações ou exonerações com robustez e rapidez, evidências forenses com credibilidade e investigações criminais mais efetivas. Concomitantemente, emergem preocupações éticas, legais e sociais com o uso de informações genéticas, relacionadas a direitos individuais e coletivos, com destaque à autonomia, à liberdade, à privacidade, à segurança e à justiça (Oosthuizen & Howes, 2022; Wienroth et al., 2014).

Para além da proteção de direitos fundamentais, deve-se manter a atenção ao mito da infalibilidade do perfil de ADN. O status de “neutralidade” e “objetividade” alcançado pela ciência forense, especialmente no tocante à identificação humana por ADN, contribuiu para a difusão desta crença nos âmbitos social e técnico-jurídico. Não se olvida que o processo de perfilamento genético e de gerenciamento das bases de dados englobam diversos atores sociais (e.g., peritos forenses, policiais, operadores judiciários) e diferentes procedimentos técnicos-científicos, jurídicos e burocráticos. Por isso, essa aura de infalibilidade deve ser controlada por garantias específicas de qualidade dos métodos e dos profissionais envolvidos, para evitar que possíveis erros técnicos e processuais possam alterar a correta condução de investigações criminais e valoração de provas perante o tribunal (Machado & Granja, 2021).

Uma dimensão extremamente relevante no panorama global das bases de dados genéticos é a legislação regente em cada país. A base legal estabelece o propósito e a finalidade daquele repositório, determina permissões ou restrições de quem pode acessar tais informações e define os níveis de proteção dos dados genéticos. Outro enquadramento legislativo significativo são os critérios de inclusão e remoção dos perfis nas bases de dados. Com este foco, destaca-se a análise legislativa de 22 países da União Europeia, realizada por Filipe Santos, Helena Machado e Susana Silva (2013), de acordo com os critérios de inclusão e remoção de perfis. A partir desta observação, foi possível identificar dois grupos distintos: países com efeitos expansivos e países com efeitos restritivos.

De acordo com esta dicotomia, os países identificados com legislação restritiva foram Alemanha, Bélgica, Espanha, França, Países Baixos, Hungria, Irlanda, Itália, Luxemburgo, Portugal e Suécia, aqueles que apresentaram, por exemplo, condições de inclusão atreladas ao cometimento de crimes mais graves e à potencial ou efetiva condenação com pena de prisão. Em contraponto, Áustria, Dinamarca, Escócia, Eslováquia, Estônia, Finlândia, Letônia, Lituânia e Reino Unido (Inglaterra e País de Gales) foram considerados países com legislação expansiva. Estes possuem critérios de inclusão com poucas limitações, a englobar indivíduos que cometeram crimes de baixa ofensividade e até meros suspeitos, além de reter os perfis genéticos armazenados por períodos muito longos (alguns com remoção somente após a morte do ofensor condenado), o que resulta em uma maior proporção da população nacional inserida nos bancos de perfis genéticos destes países (Machado & Granja, 2021; Santos et al., 2013).

Nesse sentido, surgiu uma série de questões jurídico-legais polêmicas acerca da administração e constante alargamento das bases de dados genéticos estatais. Com especial destaque, o posicionamento expansionista do Reino Unido foi refletido em grandes investimentos em sua base nacional de dados de ADN (*National DNA Database – NDNAD*), desde a criação em 1995. Entretanto, a NDNAD sofreu uma importante mudança normativa em 2008. Dois indivíduos (entre eles, uma criança de onze anos) apresentaram uma queixa contra o Governo do Reino Unido ao Tribunal Europeu de Direitos Humanos (em inglês, *European Court of Human Rights – ECHR*), o que iniciou o processo conhecido como ‘*S & Marper v. UK*’. Após uma detenção que não resultou em acusação, tampouco condenação, em 2001, o requerimento de eliminação dos registros de impressões digitais e amostras biológicas dos indivíduos foi negado pelas autoridades responsáveis. O recurso apresentado à Câmara dos Lordes (*House of Lords*) concluiu que, apesar da possível violação de privacidade, a retenção das informações era benéfica à sociedade (Machado & Granja, 2021).

O Tribunal Europeu de Direitos Humanos discordou unanimemente deste entendimento. O Reino Unido foi considerado o único Estado Membro do Conselho da Europa que permitia expressamente a retenção sistemática e indefinida de perfis de ADN e amostras biológicas de pessoas absolvidas ou não mais consideradas suspeitas. Acolhida a alegação de violação do artigo 8º (direito ao respeito pela vida privada e familiar) da Convenção Europeia de Direitos Humanos (1950), o Tribunal decidiu que, apesar de serem legítimos o combate e a prevenção da criminalidade, a retenção constituía uma “interferência desproporcional com o direito dos arguentes ao respeito a vida privada e não deve ser considerada como necessária em uma sociedade democrática” (Conselho da Europa, 2008). Dessa maneira, esta decisão tornou-

se um parâmetro de enquadramento normativo para a legislação dos Estados-membro do Conselho da Europa, da União Europeia e outros países que igualmente respeitam a decisão sobre a retenção de perfis genéticos de pessoas inocentes e o balanço entre interesses públicos e privados (Wallace, Jackson, Gruber, & Thibedeau, 2014; Williams & Wienroth, 2017).

Embora ainda existam divergências legislativas e procedimentais entre os países, a União Europeia acompanhou a forte tendência mundial de compartilhamento de informações genéticas. Diante da intensificação da criminalidade transfronteiriça e do terrorismo, restou urgente a expansão da vigilância e monitoramento supranacional. Em resposta, a União Europeia criou um sistema automatizado para partilha de impressões digitais, informações sobre veículos motorizados e informações genéticas, tratado conhecido como Convenção de Prüm (2005). Em 2008, a criação e manutenção de uma base de dados genética tornou-se obrigatória para todos os Estados-membros, no intuito de alcançar a uniformização legislativa e técnico-científica (EU Council – Decisões 2008/615/JHA e 2008/616/JHA) (Machado, 2019).

Ao observar este panorama, pode-se concluir que vivemos a “era da genética” na investigação criminal (Cole, 2001). Existe uma convicção generalizada de que as tecnologias genéticas forenses possibilitam o encontro de uma “verdade absoluta e irrefutável” na identificação de criminosos. Esta modalidade de governança legitima-se pelo recrutamento de conhecimentos especializados na área da ciência e do direito e a ordem social segue orientações normativas provenientes desses saberes científico-jurídicos que, por sua vez, se apresentam como ferramentas imprescindíveis para assegurar o progresso da sociedade e a segurança e tranquilidade públicas (Maciel & Machado, 2014).

1.3 AS QUATRO FASES DA GENÉTICA FORENSE: NOVAS TECNOLOGIAS E O FUTURO

A genética forense evoluiu de maneira admirável nas últimas décadas e este progresso está longe do fim. A descoberta do ADN, a inovadora “impressão digital” genética de Alec Jeffreys, o perfil de ADN como evidência forense de grande peso nos tribunais, a perpassar pela criação das bases de dados genéticos, a níveis nacional e internacional, são pontos marcantes desta trajetória. No intuito de escrutinar estes avanços da ciência genética, Matthias Wienroth, Niels Morling e Robin Williams (2014) identificaram as “quatro fases da genética forense”, ao observar suas inovações tecnológicas e o impacto jurídico, social e ético de cada uma delas. Em complemento, inúmeros estudos permitiram o aprimoramento desta observação, com realce ao

resumo estrutural de Rafaela Granja e Helena Machado (2022), o qual agregou as principais transformações técnico-científicas, éticas, sociais e legais (vide Tabela 1).

Tabela 1. *As quatro fases das inovações tecnológicas da genética forense e seus impactos*

Fases	Tecnologias genéticas	Aplicações	Controvérsias	Transformações
Primeira fase	Descoberta da “impressão digital” genética, por Alec Jeffreys (Reino Unido, 1984)	Em 1988, Colin Pitchfork foi a primeira pessoa condenada por meio do uso da evidência de ADN	“DNA wars”, debates sobre a construção e combinação de perfis genéticos, estimativas sobre a probabilidade de um <i>match</i> , interpretação de perfis contaminados e incompletos	Necessárias adaptações dos conhecimentos e técnicas biológicas aos requerimentos e restrições do sistema judicial criminal e reação do sistema legal com mudanças para se adequar a estes desenvolvimentos
	Estágios iniciais de pesquisa do potencial poder da genética para individualizar pessoas	Trabalhos experimentais no uso de perfilamento genético em casos criminais	Preocupação com a mística da “infallibilidade” da evidência de ADN	Redefinição dos direitos e do status do “corpo suspeito”; redefinição do conceito de evidência criminal
Segunda fase	Estabelecimento, expansão e uso, no contexto criminal, das bases de dados genéticos forenses	Comparação entre os perfis de ADN extraídos de vestígios de cenas de crime com os perfis inseridos nos bancos genéticos forenses, em busca de uma combinação positiva e identificação do suspeito.	Preocupações cívicas e éticas sobre quais pessoas deveriam ter seus perfis criados, eventualmente pesquisado e por quanto tempo; potencial estigmatização de minorias raciais e étnicas e de determinadas nacionalidades.	Mudanças legislativas para acomodar a criação das bases de dados genéticos forenses, nacionais e computadorizadas

Tabela 1. *(continuação)*

	Intercâmbio transnacional de dados de ADN	Intercâmbio recíproco e automatizado de perfis genéticos entre jurisdições para comparação	Preocupações com privacidade e transparência relacionadas a este intercâmbio; risco de “falso positivo” diante da grande quantidade de perfis e diferentes métodos de perfilamento; ausência de harmonização, padronização e de fiscalização ética transnacional	Legislação da União Europeia acerca do intercâmbio de dados entre diferentes jurisdições; regulações sobre a proteção de dados
Terceira fase	Pesquisa familiar nas bases de dados de ADN forenses	Buscas especulativas nos bancos forenses estatais por suspeitos criminais através de parentesco genético (combinação parcial)	Recursos temporal, econômico e humano necessários para buscas, revisar e refinar a seleção e acompanhamento da ampla gama de potenciais suspeitos; Controvérsias sobre privacidade genética, vazamento de informações e reprodução de desigualdades sociais.	Mudanças legislativas para acomodar a pesquisa familiar e a fenotipagem forense de ADN

Tabela 1. (continuação)

	Fenotipagem forense de ADN	Inferência das características humanas visíveis externamente – cor dos olhos, do cabelo, da pele – e ancestralidade biogeográfica do material genético atribuído a um indivíduo suspeito	Preocupações relacionadas a coletivização da suspeição e renovação de formas de estigmatização e criminalização de determinados grupos; Controvérsias sobre a confiabilidade, utilidade e legitimidade	Crescente relevância das companhias que comercializam a fenotipagem de ADN
Quarta fase	“Sequenciamento de Nova Geração”	Sequenciamento do genoma completo e/ou abordagem direcionada com sequenciamento de ADN ou ARN	Questionamentos sobre a validação estatística, computacional, ética, legal, econômica e técnica	Expansão nos níveis de amplitude e profundidade das informações genéticas que não possui acomodação na legislação atual na maioria das jurisdições; Urgência para a definição de diretrizes e regras claras
	Pesquisa familiar em bases de dados genéticos recreativas – genealogia genética forense	Busca por familiares de possíveis suspeitos nas bases de dados de ADN comerciais e privadas	Sérios riscos para a confiabilidade pública da genética forense	Uso de distintos biobancos (pesquisa, clínico, recreativo) para investigações criminais conduz a novos perigos éticos e sociais

Elaborada e traduzida pela autora, adaptado de Machado, H., & Granja, R. (2022). *Genetic Surveillance and Crime Control: Social, Cultural and Political Perspectives*. Taylor & Francis.

A primeira fase teve início com a descoberta das “impressões digitais” genéticas de Alec Jeffreys e, a partir disso, acompanhou o desenvolvimento das tecnologias de ADN e o fortalecimento de seu uso forense. O cerne desta fase está relacionado à complexa avaliação da evidência genética e de suas circunstâncias técnicas, sobretudo sua credibilidade perante o sistema jurídico criminal e a necessária regulação legislativa. A segunda fase contempla a

criação e expansão global das bases de dados genéticos, que, desde 1995, tornaram-se peças-chave do controlo social. Apesar dos frequentes questionamentos entre impactos benéficos *versus* potenciais riscos, o mais recente desdobramento desta fase foi a possibilidade de compartilhamento transnacional destas informações genéticas.

Esta estrutura que, até este ponto, possibilitou um resumo do progresso histórico da genética forense, segue e adentra a terceira fase. Diante das limitações do perfilamento genético tradicional, nos momentos em que, com a ausência de uma combinação positiva (um *match*), há um bloqueio que impede a continuidade das investigações criminais, emergiram novas tecnologias de ADN que permitem ir além. Representam uma mudança significativa na utilização das análises genéticas, pois almejam a produção de inteligência útil para as investigações criminais, bem como alteram o foco da individualização específica para a identificação coletiva, processo descrito por Simon Cole (2018) como a “convergência da identificação individual e coletiva” (Granja, 2021; Machado e Granja, 2022).

Dentre as novas tecnologias de ADN, duas despontam com importância: a fenotipagem forense de ADN e a pesquisa familiar nos bancos de dados genéticos forenses. A primeira tecnologia em destaque, em inglês *forensic DNA phenotyping*, pode ser considerada um conjunto de técnicas que explora os componentes do genótipo humano para inferir características físicas visíveis externamente nos humanos (e.g. cor de olhos, cabelo, pele), além de analisar os marcadores genéticos para identificar ancestralidade biogeográfica. Dessa maneira, pode-se inferir a qual grupo de pessoas com determinada característica ou descendência aquele perfil de ADN em voga pertence. Entretanto, o uso desta técnica traz consigo sérios desafios éticos, os quais perpassam pela elevada expectativa social que ignora o caráter probabilístico (e não de certeza) dos resultados da fenotipagem; a definição de populações através de suas características físicas e a construção de estereótipos de “raça” e “etnia”, que podem conduzir à discriminação de grupos vulneráveis; e, ainda, a possível diminuição do valor jurídico do depoimento das testemunhas oculares nos tribunais, em prol da “testemunha biológica” (em inglês, *biological witness*) (Kayser, 2015) (Granja, 2021; Machado e Granja, 2022; Wienroth, 2014).

A segunda tecnologia em destaque é a pesquisa familiar (em inglês, *familial searching*), que é a busca por combinações parciais dentro das bases de dados genéticos forenses, para identificar possíveis correspondências de parentesco familiar biológico daquele perfil de ADN não identificado. Nomeada “correspondência parcial” por Sara Debus-Sherrill e Michael Field (2019), esta técnica foi utilizada pela primeira vez em 2002, no Reino Unido, e

expandiu rapidamente a nível mundial, sendo aprovada legalmente em países como, por exemplo, Países Baixos, França, Alemanha, Nova Zelândia e nos EUA, Califórnia, Colorado, Nova York e outros estados, apesar da ausência de unanimidade. Em contraste, há proibições expressas do uso desta técnica (e.g. Canadá), em razão das inúmeras controvérsias legais, éticas e sociais que podem ser resumidas em três pilares principais: privacidade genética, divulgação de informação e reprodução de desigualdades sociais. A expansão dos limites das bases de dados forenses exponencia a vigilância genética indireta e envolve, involuntariamente, pessoas em investigações criminais simplesmente por sua associação genética, o que pode reforçar perigosas teorias biogenéticas sobre propensão criminal intrafamiliar (Machado e Granja, 2021).

A terceira fase, segundo Wienroth e seus colegas (2014) afirmam, proporcionou novas fontes biológicas (ou bioinvestigativas), que introduziram ao debate sobre as análises genéticas no contexto forense a possibilidade de exame do genoma humano por completo, para além da técnica STR de perfilamento de ADN. Este ponto de virada introduz a quarta fase, na qual as investigações criminais teriam o apoio da chegada da técnica NGS (*Next-generation sequencing*) (ou sequenciamento “*massive parallel*”), análises que beneficiariam o acesso a informações genéticas com rapidez, eficiência, sensibilidade e profundidade. Para além, outra característica da quarta fase são os limites embaçados entre a genética médica e a genética forense, diante do alargamento exponencial das bases de dados médicas e recreativas e sua disponibilidade ao acesso policial (Machado e Granja, 2021).

Neste ponto, destaca-se o argumento exposto por Rafaela Granja (2021), ao afirmar que a quarta fase não é mais uma mera expectativa para o futuro, e está sim se consolidando de maneiras inesperadas, seguindo uma trajetória intermediária e com novos desdobramentos. E, aqui, merece atenção uma nova técnica de análise genética que desde 2018 vem causando grandes debates sociojurídicos e bioéticos: a pesquisa familiar de longo alcance em bancos de dados recreativos. Também conhecida como genealogia genética forense (em inglês, *forensic genetic genealogy – FCC*), esta técnica busca, em bases de dados genéticas não-forenses, combinações para o perfil de ADN do possível suspeito, por intermédio de correspondências diretas ou ligações biogenéticas de parentesco.

No próximo capítulo, com base no famoso caso *Golden State Killer*, aprofundar-se-á a exploração sobre esta técnica, avaliando as principais diferenças entre as bases de dados genéticos forenses e recreativas e, mais à frente, a investigação dos principais dilemas legais, sociais e bioéticos relacionados à genealogia genética forense.

CAPÍTULO 2: O CASO “GOLDEN STATE KILLER”: HOLOFOTES SOBRE A GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE

2.1 THE GOLDEN STATE KILLER – ESTUDO DO CASO

A população dos Estados Unidos da América (EUA), mais precisamente da Califórnia, viveu em clima intenso de medo durante mais de uma década, após o aparecimento de um assaltante, estuprador e assassino em série. Entre os anos de 1974 e 1986, furtos a residências, mais de 45 (quarenta e cinco) crimes de violação sexual e, pelo menos, doze homicídios foram contabilizados e atribuídos a um único ofensor. Os três surtos de crimes identificados em diferentes áreas da Califórnia nesta época culminaram na atribuição dos apelidos diversos, tais como *East Area Rapist*, *Original Night Stalker* e a alcunha mais famosa, dada pela jornalista Michele McNamara, *The Golden State Killer* (Machado & Granja, 2021).

Ainda na década de 1980, extraiu-se uma amostra de sémen do agressor após o exame em uma das vítimas e assim seu material biológico foi obtido. Entretanto, nenhuma combinação genética foi encontrada naquele momento e o trabalho investigativo tradicional não resultou na elucidação do caso, tampouco em novas pistas. A conduta criminosa investigada, que havia começado com furtos reiterados, em poucos anos escalou em sua severidade para violações sexuais, atingindo seu auge nos cruéis homicídios. E assim, tais crimes mantiveram-se sem solução por, aproximadamente, quarenta anos (Kennett, 2019; Wickenheiser, 2019).

Crimes antigos e sem solução, amplamente conhecidos como “casos frios” (em inglês, *cold cases*), tornaram-se foco em diversas *task-forces* nas últimas décadas, especialmente em razão do avanço técnico-científico. Os crimes relacionados ao *Golden State Killer* foram reavaliados na busca de novas pistas, sem, todavia, encontrar suspeitos compatíveis. Destaca-se que, por muitos anos, a investigação seguiu os passos básicos de busca de perfis genéticos no sistema CODIS/NDIS, dos EUA, através do qual a descoberta de uma combinação positiva na base de dados estatal poderia ter revelado uma suspeita em potencial, o que não ocorreu (Katsanis, 2020).

Entretanto, em 2017, o caso ganhou desdobramentos inéditos com a aplicação de uma nova tecnologia: a genealogia genética. Do material genético coletado no curso da investigação criminal, foi gerado um perfil genético com genoma completo, o qual foi inserido, por intermédio da criação de um perfil de usuário falso, numa base de dados de ADN *on-line* de acesso público conhecida como *GEDmatch*. Descreve-se como um website gratuito de análises e comparações genéticas, que fornece pesquisa genética genealógica para qualquer cidadão que

tenha realizado, anteriormente, uma testagem de seu ADN autossômico por intermédio de uma companhia de testes genéticos fornecidos diretamente ao consumidor (DTC – em inglês, *direct-to-consumer*), a destacar *AncestryDNA*, *23andMe*, *MyHeritage* e *FamilyTreeDNA* (Davidowitz, 2019; GEDmatch, 2022).

A partir da inserção dessa informação genética na base de dados *GEDmatch*, buscava-se reduzir a vastidão de possibilidades ao criar a árvore genealógica do ADN do suspeito. E assim, foi possível encontrar um provável primo de quarto grau, que permitiu a reconstrução das ligações familiares na linhagem de ascendentes em comum, com ajuda complementar de outras fontes, tais como redes sociais e registros civis disponíveis. Após um trabalho de mais de quatro meses, os investigadores puderam restringir os possíveis suspeitos a três homens com características que coincidiam e permitiam o cometimento dos crimes (Wickenheiser, 2019).

Após a exoneração de dois suspeitos iniciais, a terceira pista identificou como principal suspeito um policial aposentado, Joseph James DeAngelo Júnior. Por preencher todos os requisitos de gênero, idade, localização geográfica e descrição física na época dos crimes, DeAngelo foi colocado sob vigilância. Assim, a força policial pôde obter seu material genético “descartado”, sem o conhecimento e consentimento do suspeito (em inglês, *surreptitious collection of DNA*), método de produção de provas aceito juridicamente nos Estados Unidos da América. Em 24 de abril de 2018, o resultado da testagem direta entre o perfil genético do suspeito e o perfil genético de DeAngelo confirmou a combinação positiva, o que o levou à prisão. Em 2020, em seu julgamento, declarou-se culpado por treze homicídios de primeiro-grau e 50 violações sexuais, além de furtos e sequestros, sendo condenado a onze penas de prisão perpétua (Davidowitz, 2019; Scudder et al., 2019).

Para o desenvolvimento deste processo investigativo complexo e inovador, a força policial responsável contou com o auxílio do trabalho da genealogista Bárbara Rae-Venter. Por “fornecer às forças policiais a ferramenta mais revolucionária desde o advento da testagem genética forense na década de 1980” (p. 1) (tradução livre), Rae-Venter despontou como uma das 100 pessoas mais influentes do mundo, pela revista *Time100* de 2019 (Holes, 2019). Seu trabalho vem sendo aplicado em múltiplas investigações criminais desde então, em busca de suspeitos e vítimas sem identificação, entre casos antigos sem solução (*cold cases*) e casos ainda em andamento, além de proporcionar treinamento de agentes das forças policiais e judiciárias (Kennett, 2019).

O caso *Golden State Killer* foi considerado um dos eventos científicos que marcaram o ano de 2018, segundo a revista *Nature* (Abbott et al., 2018). A cobertura mediática e

empolgação social acerca deste desfecho criminal fizeram emergir, igualmente, atenção pública para o uso desta nova técnica de análise genética e seus desdobramentos técnico-científicos, sociais e bioéticos. Por isso, é extremamente relevante avaliar de forma ampla e crítica tal método de investigação criminal, e o primeiro passo para o desenvolvimento deste debate é compreender o que é, de fato, a genealogia genética.

2.2 A ASCENSÃO DA GENEALOGIA GENÉTICA COMO INSTRUMENTO FORENSE

Em menos de uma década, o aprimoramento das tecnologias de ADN permitiu o crescimento exponencial das bases de dados mantidas por companhias que oferecem testagem genética direta-ao-consumidor. Somente no ano de 2017, estima-se que tais empresas, conhecidas como DTC (em inglês, *direct-to-consumer*), duplicaram o número de testes realizados e, somente nos Estados Unidos da América, a proporção já era de 1 em cada 25 adultos com acesso às suas informações genéticas (Regalado, 2018). Essas companhias proporcionam aos seus clientes variados serviços baseados na análise destrinchada do seu genoma e, a partir disso, informações relacionadas à saúde, raízes biogeográficas e, em especial, a busca por conexões familiares desconhecidas (Greytak, Moore & Armentrout, 2019).

Dessa maneira, empresas como *AncestryDNA*, *23andMe*, *MyHeritage* e *FamilyTreeDNA* desenvolveram e gerenciam suas próprias bases de dados genéticos, que somavam juntas mais de 30 milhões de perfis no ano de 2020 (Samuel & Kennett, 2021). Propósitos clínicos, de pesquisa ou recreativos podem variar entre as bases de dados e, dependendo do objetivo, serão armazenados diferentes tipos de dados genéticos, os quais estarão acompanhados de informações pessoais relevantes. Para além, tais dados poderão fornecer uma ampla gama de informações genéticas relacionadas (ou não) a questões médicas, tanto do indivíduo fornecedor do material biológico, quanto de seus familiares.

Dentre tais propósitos, ressalta-se a genealogia genética. A genealogia tradicional é praticada por muitos séculos, a partir de registros documentais e histórias familiares contadas através das gerações. Entretanto, a possibilidade de saber mais profundamente sobre a ancestralidade através da análise do ADN alastrou a curiosidade por essa ciência. Vale destacar o crescimento notável do interesse na genealogia, a qual tornou-se, em 2014, nos EUA, o segundo *hobby* mais popular (em primeiro lugar, a jardinagem), e a segunda categoria de sítios eletrônicos mais visitados, perdendo apenas para a pornografia (Rodrigues, 2014). A confecção da árvore genealógica de um indivíduo é realizada por intermédio, inicialmente, da avaliação

do material genético enviado, por espontânea vontade, para tais companhias de testagem através de um *kit* de coleta biológica, que pode ser comprado pela internet facilmente e por um valor cada vez mais acessível (Davidowitz, 2019).

A vultosa popularidade alcançada por estas bases de dados genéticas recreativas possui grande fundamento no interesse dos consumidores na busca de conexões familiares desconhecidas. Os testes genéticos tornaram-se mais acessíveis ao público geral muito em razão da drástica redução dos custos relacionados com os métodos técnico-científicos utilizados para esta análise laboratorial. Isto conduziu ao rápido crescimento de tais bases de dados, o que, conseqüentemente, permite a descoberta de graus de parentesco ainda mais distantes. Estima-se que, por intermédio da tecnologia locus autossômico (em inglês, *autosomal loci*), o número de ligações familiares identificáveis aumentou exponencialmente, com possibilidade de alcançar cerca de 1.000 primos de quarto grau e mais de 5.000 primos de quinto grau (Court, 2018).

Faz-se necessário frisar que, para a construção de uma árvore genealógica fidedigna, a análise genética deve ser complementada e legitimada através de outros métodos. Nesse sentido, destaca-se a técnica de “triangulação”, que é o emprego de variadas fontes de pesquisa para obter resultados com validade externa (Wise, 2009). Após uma ou mais combinações positivas entre o material biológico em análise e perfis já disponível na base de dados recreativa é realizada a verificação de um ascendente em comum, que poderá ser próximo ou distante na linhagem familiar. Em seguida, os genealogistas trabalham por longos períodos para combinar as informações genéticas de ancestralidade com inúmeras informações complementares disponíveis, tais como certidões de nascimentos, casamentos e óbitos, registros eleitorais e militares, censos, documentos digitalizados e, mais recentemente, redes sociais (Brown, 2020; Moore, 2016; Kling, Phillips, Kennett & Tillmar, 2021).

Para a comunidade de pesquisa genealógica, esta metodologia é conhecida como Pesquisa Familiar de Longo Alcance (em inglês, *long-range familial searches* – LRFS), enquanto para as forças policiais e alguns cientistas criminais, Genealogia Genética Investigativa ou Genealogia Genética Forense (em inglês, *investigative genetic genealogy* – IGG e *forensic genetic genealogy* – FGG) (Brown, 2020; Samuel & Kennett, 2020). A partir deste ponto, a atenção será dirigida para a aplicação da genealogia genética no contexto forense criminal. As técnicas de genética genômica forense apresentam, atualmente, uma exploração mais abrangente dos marcadores genéticos informativos, com uma análise do genoma humano

que permite um aumento do volume de dados e das informações inerentes, a figurar como um especial componente de investigações criminais e processos jurídicos (Scudder et al., 2019).

Ainda de acordo com Scudder e colegas (2019), a mais recente aplicação da genética genômica é a genealogia genética forense e a busca por um suspeito envolve três conceitos de análise de dados interrelacionados: (1) uso de genotipagem de alta densidade, (2) genealogia exploratória e (3) uso de conjunto de dados disponíveis publicamente. O primeiro conceito engloba a obtenção de informações genéticas através da análise de, em alguns casos, até um milhão de marcadores de ADN, tecnologia conhecida como *microarray-based DNA*. Esta tecnologia está diretamente associada ao conceito de “identidade por descendência”, técnica que compara segmentos de ADN em dados genéticos de alta densidade com o propósito de determinar um ancestral em comum. A finalidade principal é buscar associações genéticas, as quais são determinadas pela quantidade de ADN compartilhado entre dois indivíduos, cuja medição é apresentada pela unidade “centiMorgan” (cM), e quanto maior o número de centiMorgans, maior será a proximidade do parentesco. Expande-se, assim, a capacidade de identificar combinações para muito além dos familiares próximos, sendo possível encontrar milhares de parentes distantes (Erlich et al., 2018; US Department of Justice, 2019).

O segundo conceito está relacionado com as conexões de possível parentesco encontradas a partir das análises de ADN. Tais buscas são realizadas dentro das bases de dados genéticas proporcionadas pelo mercado genealógico recreativo *on-line*, que oferece a oportunidade de identificar indivíduos por meio da construção de árvores genealógicas, com um número significativo de familiares. Esta construção é possível através da utilização de outras ferramentas e fontes para afunilar a busca de apenas um suspeito. Para além do uso da técnica conhecida como “triangulação”, supramencionada, outras fontes são utilizadas, tal como depoimento de testemunhas ou vítimas com informações físicas do suspeito procurado (e.g. sexo, idade), que podem facilitar a identificação de um indivíduo dentro de uma extensa árvore genealógica.

O terceiro conceito está intimamente conectado com o conceito anterior e engloba o acesso público a informações genéticas. Atualmente, há milhões de resultados de testes genéticos digitalizados e publicados em bases de dados de genealogia genética ao redor do mundo, disponibilizados ao acesso aberto e gratuito, por espontânea vontade de seus respectivos donos. O principal exemplo é a base de dados gratuita, *on-line* e recreativa *GEDmatch*. Criada por dois genealogistas, Curtir Rogers e John Olsen, promove uma gama de ferramentas para análise de combinações genéticas e interpretação de informações

genealógicas, e, em 2022, já contém mais de 1,4 milhão de usuários (GEDmatch, 2022; Katsanis, 2020; Kennett, 2019; Scudder et al., 2019). Diante deste mar de informações genéticas, a genealogia genética forense vem sendo fortemente utilizada como método investigativo para gerar pistas de suspeitos de crimes.

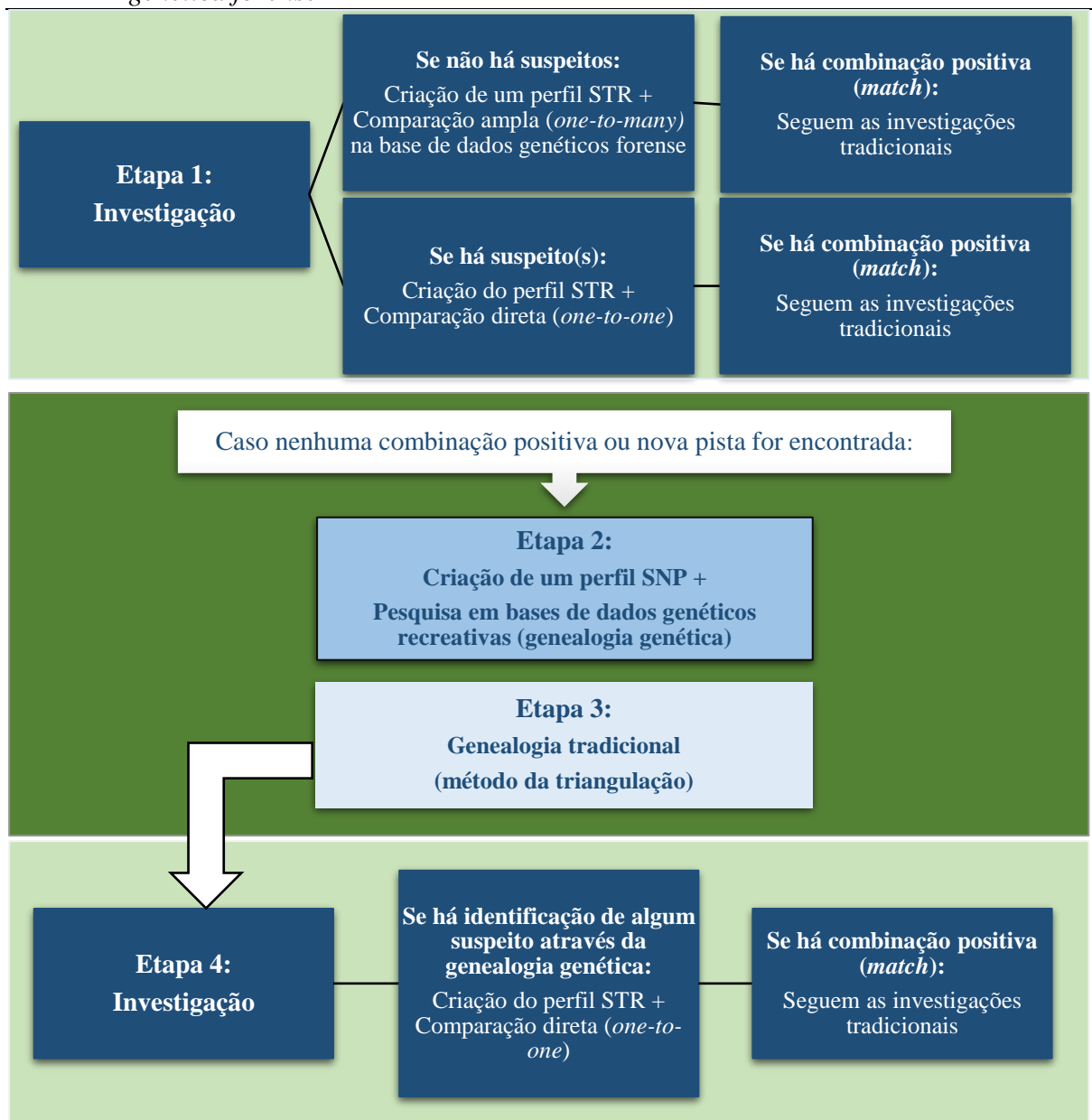
A relevante contribuição da genealogia genética forense tornou-se mundialmente notória com a elucidação do caso *Golden State Killer*, na Califórnia (EUA), entretanto este não foi o primeiro caso no qual esta técnica foi utilizada. Bryan P. Miller foi preso sob acusação de uma série de assassinatos em Phoenix (EUA) e esta foi a primeira investigação criminal a aplicar a genealogia genética forense na América do Norte, no ano de 2015, por intermédio do trabalho da cientista forense Collen Fitzpatrick (Dowdeswell, 2022). O caso *Buckskin Girl* foi, por sua vez, o primeiro caso de sucesso na identificação de uma vítima de crime, cujo cadáver foi encontrado em 1981 e apenas em 2018 foi devidamente identificado pelo *DNA Doe Project* como Marcia L. King (DNA Doe Project, 2018; Erlich, Shor, Pe'er & Carmi, 2018; Greytak & Armentrout, 2019).

Nos EUA, até novembro de 2019, pelo menos 78 investigações criminais ou casos de identificação de restos mortais reportaram seu encerramento bem-sucedido por intermédio da genealogia genética forense (vide Anexo 1). Pode-se observar que o primeiro caso foi solucionado em 2015, entretanto a técnica FGG ganhou força somente a partir de 2018, ao expandir sua atuação por múltiplas jurisdições do país e permitir a elucidação de distintas espécies de ocorrências, tais como identificação de restos mortais, suicídios e investigações criminais. Dentre os crimes, a esmagadora maioria envolve homicídios e violências sexuais, considerados de maior ofensividade e gravidade, entretanto crimes de roubo e agressão foram igualmente elencados. O laboratório *Parabon NanoLabs* e o *DNA Doe Project* lideram significativamente a execução do método, aplicado, sobretudo, para *cold cases* e com crescente resolução de investigações recentes ou em andamento (e.g., ocorrência criminal em 2018 e anúncio da identificação no mesmo ano) (Katsanis, 2020).

Esta incorporação progressiva demanda a criação de diretrizes para a aplicação da técnica no âmbito das investigações criminais. Com destaque, o protocolo estabelecido pelo Departamento de Justiça dos Estados Unidos da América e outros órgãos estatais para a aplicação do método FGG. Quando material biológico do ofensor (e.g. sangue, sêmen) é encontrado na cena do crime ou na vítima, um laboratório forense credenciado deverá gerar um perfil de ADN conhecido como “amostra forense”, o qual poderá ser comparado diretamente com um suspeito já existente ou inserido no sistema CODIS para comparação geral. Na

ausência de combinação, é possível, em determinados casos, a realização da pesquisa familiar na base de dados genéticos forense (a qual será abordada com mais detalhes à frente). Se não há êxito nestes dois passos iniciais, um laboratório privado, tal como *Parabon NanoLabs*, poderá gerar, a partir do material biológico, um perfil compatível que será inserido em uma ou mais bases de dados genéticas recreativas (vide Figura 1) (Guerrini, Wickenheiser, Bettinger, McGuire & Fullerton, 2021; Katsanis, 2020; SWGDAM, 2020).

Figura 1. *Etapas básicas para uma investigação criminal com a aplicação da genealogia genética forense*



Legenda: ■ Investigação policial tradicional ■ Genealogia Genética Forense

Elaborado pela autora, adaptado de Guerrini, C. J., Wickenheiser, R. A., Bettinger, B., McGuire, A. L., & Fullerton, S. M. (2021). Four misconceptions about investigative genetic genealogy. *Journal of Law and the Biosciences*, 8(1).

E, em resumo, o que é a genealogia genética forense? É a técnica que envolve a extração do ADN suspeito da cena do crime ou do exame de corpo-delito da vítima e a criação de um perfil genético, que é inserido numa base de dados genéticos fornecedora de serviços de análise e comparação genealógica. O algoritmo fará uma busca por perfis com segmentos de ADN em comum e, quanto maior o número de coincidências, mais próximo é o parentesco. A partir disso, os genealogistas utilizam registros públicos de diversas fontes para criar árvores genealógicas pelas linhagens materna e paterna, que podem incluir milhares de conexões familiares. Em seguida, os métodos de investigação tradicional são retomados, na tentativa de selecionar indivíduos que coincidam com as informações de idade, sexo, localização geográfica, acesso à cena do crime etc. Diante da convergência em um grupo familiar reduzido ou em uma única pessoa, a testagem direta do material genético e a comparação das informações complementares deverão ser realizadas para definir a inclusão ou a exclusão daquele indivíduo na investigação criminal e, com êxito, identificar corretamente o suspeito de crimes (García, 2021).

A expansão da indústria genética recreativa, gerenciada por imponentes empresas privadas detentora de grande massa de dados genéticos, permitiu o uso de tais informações em benefício das forças policiais e atividades forenses. Esta exploração investigativa diluiu os limites anteriormente determinados para coleta, armazenamento e análise de dados genéticos no âmbito da genética forense (Granja, 2021). E, por isso, emerge a necessidade de elencar as principais distinções entre as bases de dados forenses e as bases de dados recreativas (DTC).

2.3 BASES DE DADOS GENÉTICOS FORENSES E *DIRECT-TO-CONSUMER*: O QUE AS DIFERENCIA?

2.3.1 FINALIDADE, CONTROLE E REGULAÇÃO

A evolução da genética forense apresenta como um de seus marcos principais a criação das bases de dados forenses. A partir da década de 1990, os avanços da tecnologia de ADN permitiram o desenvolvimento do perfilamento genético e a possibilidade de armazenar tais dados de forma massiva. Estes sistemas automatizados proliferaram ao redor do mundo e estão submetidos à legislação relacionada de cada ordenamento jurídico interno, a qual determina os propósitos, que poderão variar entre identificação civil, identificação criminal e pesquisa científica, usos, permissões de acesso, critérios de inserção e exclusão de perfis, entre outras especificidades.

No contexto da sociedade de “vigilância máxima”, os bancos de perfis genéticos forenses possuem como objetivo apoiar o sistema jurídico criminal e investigativo de cada Estado. Para além, a expansão do compartilhamento transfronteiriço destas informações demonstra a crescente integração em prol do combate à criminalidade organizada a nível internacional, numa tendência de generalização e harmonização. O principal exemplo é o sistema Prüm, a rede pan-europeia criada para trocar dados armazenados nacionalmente pelos Estados-membros da União Europeia, em especial os dados genéticos (Machado & Granja, 2021).

Nesse sentido, as bases de dados genéticos forenses estão sob administração e controle do Estado. As atividades associadas devem estar previamente estabelecidas, de maneira sólida, na legislação e política nacionais, as quais deverão ser criadas ou adaptadas em diversos níveis (local, estadual, regional ou nacional). As diretrizes, conceitos, procedimentos técnicos e jurídicos, mecanismos de proteção dos direitos fundamentais dos indivíduos e de proteção dos dados pessoais deverão ser expressamente determinados, bem como regulamentos profissionais, treinamento e atualização dos funcionários envolvidos e padrões de qualidade e de eficácia (Ramjee & Ringrose, 2020).

O gerenciamento de qualidade desses sistemas é um fator essencial para a manutenção e bom funcionamento das bases de dados genéticos. Profissionais de diversas áreas são envolvidos nesta bolha, tais como peritos forenses, médicos legais, forças policiais, legisladores, promotores, juízes, advogados, entre outros. A cadeia de custódia de um vestígio encontrado na vítima ou na cena de crime engloba uma ampla gama de normas e métodos padronizados, especialmente em relação ao credenciamento de laboratórios, em muitos casos submetidos ao *International Standards Organization - ISO Standard 17025*. O estrito respeito ao padrão de qualidade visa manter a legitimidade e transparência do uso das bases de dados genéticos, e, em destaque, a validade e credibilidade das combinações genéticas extraídas desses sistemas, que poderão figurar como fundamento probatório para uma eventual condenação diante do tribunal (INTERPOL, 2022).

Deve-se ter atenção, igualmente, ao funcionamento prático das bases de dados genéticos forenses. Comumente, há dois caminhos possíveis. O primeiro está diretamente relacionado com uma investigação criminal, na qual foi obtido um material biológico não-identificado como vestígio e dele será extraído o perfil genético mediante análise laboratorial. Este perfil será comparado com todos os perfis que compõem aquele sistema, em busca de uma combinação positiva (em inglês, *match*). Com êxito, ao encontrar um *match*, as forças policiais

poderão usá-lo como fundamento para avançar na investigação criminal, complementando esta pista com outros métodos forenses e, futuramente, poderá ser apresentado como uma prova na fase de instrução do processo penal.

O segundo caminho está relacionado aos critérios de inserção de perfis genéticos nas bases de dados forenses, estipulados pela legislação de cada Estado. Conforme abordado no Capítulo I, a manutenção e expansão de bases de dados genéticos estatais é uma tendência global e a maioria dos países já possuem seu próprio sistema automatizado, no intuito de combater a criminalidade, identificar e punir ofensores e dissuadir futuros crimes. Nesse sentido, as legislações vêm convergindo na aprovação da inserção do perfil genético de indivíduos condenados criminalmente. Apesar das inúmeras controvérsias éticas e variações legislativas (restritivas e expansivas) (Santos, Machado & Silva, 2013), entende-se que há certa harmonia internacional em prol da coleta de material biológico e do armazenamento do perfil genético daqueles que cometeram determinados crimes, e, em alguns países, meros suspeitos ou detidos.

Por sua vez, as bases de dados genéticas recreativas são administradas por grandes corporações privadas, com propósito de oferecer serviços de análise e interpretação genética para o público geral. Para alcançar destaque dentro do nicho de mercado, há um constante esforço para promover produtos inovadores e atrativos, no intuito de conquistar mais consumidores e, ao mesmo tempo, descobrir formas de reduzir seus custos de produção. Não é diferente para as companhias DTC, que seguem esta lógica de mercado e, na última década, lograram muito êxito em identificar o crescente interesse social na genética e na genealogia, sobretudo no conhecimento de seus próprios genes e o que eles podem revelar, bem como proporcioná-lo de forma mais acessível e de mais fácil compreensão.

Nesse sentido, as bases de dados genéticos administradas por tais companhias privadas não seguem os mesmos preceitos legalmente estritos que os bancos de dados forenses estatais. Uma divergência relevante está conectada com a regulação legislativa e parâmetros técnicos para as atividades de tais empresas privadas. É notório que há uma esfera de autodeterminação concedida às empresas privadas, que se reflete na escolha de diretrizes técnicas e administrativas particulares. Limitações e critérios representam, no cenário estatal, um esforço para balancear os direitos individuais e a persecução criminal desempenhada pelas forças policiais do Estado (Murphy, 2018). *A priori*, essa precaução não se aplicaria igualmente às organizações não-estatais, porém, o uso das bases de dados recreativas para investigações criminais pelo Estado altera este panorama.

Para compreender de maneira mais profunda a citada esfera de autodeterminação inerente às companhias privadas, destacam-se algumas variações entre as quatro principais empresas DTC (*23andme*, *Ancestry.com*, *FTDNA* e *MyHeritage*) e *GEDmatch* (vide Tabela 2). Embora diversas similaridades técnicas e administrativas sejam identificáveis, as diferenças merecem atenção, visto que cada empresa poderá, por exemplo, determinar em quais países fornecerá seus serviços, qual espécie de *microarrays* (em português, microarranjo de ADN) será utilizado para analisar as amostras biológicas – o que influenciará na variação da quantidade de SNP autossômicos analisados -, e, em especial, a determinação independente se permitirá o acesso policial a sua base de dados genéticos.

Tabela 2. *Quadro comparativo com detalhamento de características relevantes de quatro companhias DTC e a empresa GEDmatch*

	23andMe	Ancestry.com	FTDNA	GEDmatch	MyHeritage
Fundação da companhia	2006	1996	2000	2010	2003
Propósitos principais	Médico Genealogia Ancestralidade	Genealogia Ancestralidade	Genealogia Ancestralidade	Genealogia Ancestralidade	Genealogia Ancestralidade
Venda de testes genéticos	Sim	Sim	Sim	Não	Sim
Recepção de amostras das forças policiais	Não	Não	Sim	Sim	Não
Disponibilidade internacional	52 países	89 países	Global, exceto Sudão e Irã	Global	Global, exceto Israel, Irã, Líbia, Sudão, Somália, Coreia do Norte, Líbano e Síria
Dimensão da base de dados	+12.2 milhões	+21 milhões	+2 milhões	+1.4 milhões	~6 milhões
Método de coleta da amostra de ADN	Amostra de saliva	Amostra de saliva	Zaragatoa bucal	n/a	Zaragatoa bucal
Armazenamento da amostra ADN	Sim, por tempo indeterminado	Sim, por tempo indeterminado	Sim, por 25 anos, no mínimo	n/a	Sim, por tempo indeterminado
<i>Microarrays</i> ou <i>Chip</i> usado	<i>Customised Illumina GSA</i>	<i>Customised Illumina OmniExpress</i>	<i>Customised Illumina GSA</i>	n/a	<i>Customised Illumina GSA</i>

Tabela 2. (continuação)					
Número de SNPs autossômicos analisados	630,132	637,639	612,272	n/a	576,157

Elaborada pela autora, adaptado da Tabela Comparativa de Testagem Autossômica de ADN, criada por Tim Janzen, em ISOGG Wiki (2022): https://isogg.org/wiki/Autosomal_DNA_testing_comparison_chart
n/a: não aplicável

Dessa forma, é urgente e necessária a ponderação relacionada à criação e implementação extensiva de normas, padrões de qualidade e parâmetros para o prosseguimento adequado da genealogia genética forense. Debates acadêmicos destacam que a reduzida normatização acerca dos procedimentos técnico-científicos, do credenciamento dos profissionais genealogistas e dos laboratórios privados, e de outras diretrizes podem influenciar negativamente a validade e legitimidade das informações extraídas das bases recreativas. E a preocupação não se limita a nível nacional, visto que tais empresas expandem, de forma notável, seus serviços para diversos países, o que expõe, num panorama internacional, a necessidade de padronização e estabelecimento da jurisdição correta para reger a investigação criminal e, posteriormente, o processo penal.

Outro ponto destacado por Murphy (2018) refere-se à falta de transparência e responsabilidade. Afirma que a recusa das forças policiais em revelar ao público-geral em quais termos e condições conduziram certas investigações criminais, bem como as taxas de sucesso ou fracasso relacionadas à aplicação da genealogia genética forense reduzem a credibilidade do uso deste método. A escassez de dados concretos e fidedignos sobre a aplicação da FGG conduz à insuficiência informativa da sociedade, e, conseqüentemente, a impossibilidade de desenvolver uma opinião pública fiável sobre o tema. Para além, o autor destaca que milhares de pessoas inocentes são elencadas em árvores genealógicas e tornam-se alvo suspeito para as forças policiais. Isso faz emergir preocupações acerca da privacidade e outros direitos fundamentais daqueles que escolheram compartilhar seu ADN com desejo de apenas conhecer mais sobre sua própria genética e que, de forma inconsciente, podem inserir a si mesmos e seus familiares em tramas de investigações criminais como uma “testemunha biológica” (Kayser, 2015).

Dilemas sociais, legais e bioéticos que envolvem a genealogia genética forense serão destrinchados de maneira mais aprofundada no próximo capítulo. Entretanto, neste ponto, faz-se necessário destacar mais uma divergência essencial entre as bases de dados genéticos forenses e as bases recreativas: as técnicas de análise genética aplicadas em cada sistema.

2.3.2 MÉTODO TÉCNICO-CIENTÍFICO DE ANÁLISE GENÉTICA

Em meados da década de 1990, a evolução dos métodos técnicos de análise genética permitiu a conquista de uma harmonia técnico-jurídica, a nível internacional, que estabeleceu a técnica STR (em inglês, *autosomal short tandem repeat*) como “padrão-ouro” do perfilamento genético. Ao longo das últimas duas décadas, aplica-se este método nas tradicionais análises genéticas forenses para investigações criminais, por meio da criação do perfil de ADN extraído dos vestígios de material biológico encontrado em vítimas e cenas de crimes, bem como é utilizado para identificação de restos mortais, testes de paternidade e exoneração de inocentes acusados criminalmente de forma errônea. Para além, as bases de dados genéticos forenses fundamentam-se nesta técnica para a criação dos perfis de ADN que serão inseridos e comparados dentro destes sistemas em busca de um *match* (Kayser & Knijff, 2011).

No tocante às especificações técnicas, o perfilamento genético por STR é extraído por meio de, aproximadamente, 20 marcadores polimórficos contidos no genoma humano. Essa análise é realizada pelo método PCR, com a ampliação dos microssatélites autossômicos, conhecidos como “genes-lixo” (em inglês, *junk genes*), por estarem localizados nas regiões não-codificantes do genoma. As partes não-codificantes do ADN possibilitam a diferenciação entre os indivíduos, por sua natureza única e irrepetível, com exceção apenas de irmãos gêmeos homozigóticos, e, por isso, apresentam imensa importância para a identificação humana e para a genética forense. Enquanto isso, as regiões codificantes são compostas por diferentes genes que definirão os traços biológicos interiores e exteriores de cada indivíduo humano, com destaque para o fenótipo, bem como apresentarão informações médicas sobre doenças genéticas, predisposições psicológicas, entre outras (Brown, 2020; Gonçalves, 2015; Machado & Granja, 2021; Rocha, 2014).

Diferente do perfilamento genético STR forense, a genealogia genética forense faz uso de uma outra espécie de análise de ADN: os marcadores polimórficos de nucleotídeos únicos (SNP, em inglês, *Single Nucleotide Polymorphisms*). As investigações criminais realizadas através das bases de dados comerciais recreativas, administradas por empresas privadas que fornecem testagem genética *direct-to-consumer*, terão acesso aos perfis dos usuários de tais serviços. Estes perfis são gerados por meio da ampla análise do genoma, por até um milhão de *microarrays* (ou *chips*) (Greytak et al., 2019; Kennett, 2019).

Em uma análise comparativa, relevantes diferenças inerentes às práticas de testagem genética de cada empresa com serviços recreativos são reveladas. Companhias privadas possuem parâmetros de autonomia para estabelecerem seus próprios procedimentos técnicos,

treinamento de equipes de genealogistas e diretrizes laboratoriais, o que pode gerar certa dissonância na criação dos perfis SNP de seus usuários. Em contraste, a técnica STR de análises tradicionais é aplicada por laboratórios forenses devidamente credenciados, os quais necessitam seguir diretrizes legislativas e técnicas standardizadas, a níveis nacional e internacional, bem como cumprir padrões de controle de qualidade, o que garante a obtenção de perfis genéticos homogêneos e comparações mais lineares (Machado & Silva, 2022).

Outro ponto de divergência é o potencial informativo de cada análise genética. A técnica STR utiliza marcadores genéticos situados na parte não-codificante do genoma humano, por isso, permite a identificação humana sem, entretanto, fornecer informações genéticas densas. Em contraponto, o método SNP faz uso de milhares de marcadores polimórficos espalhados por todo o genoma, nas regiões não-codificantes e codificantes, o que amplia consideravelmente o acesso ao conteúdo do ADN. Assim, pode-se estimar diversas características da aparência da pessoa de interesse com a fenotipagem forense de ADN (FDP, do inglês, *forensic DNA phenotyping*) (e.g., ancestralidade biogeográfica, idade e aparência - cor dos olhos, do cabelo e da pele). Para além, a riqueza de dados obtidos engloba informações médicas e patologias genéticas, bem como a ancestralidade familiar, o que permite o desenvolvimento da genealogia genética e a identificação de relações de parentesco a níveis mais distantes (Granja, 2021; Murphy, 2018).

Por fim, explanadas as principais distinções entre as bases de dados genéticos forenses e as bases de dados recreativas, esta investigação alcança um ponto de virada significativa. Os sistemas automatizados estatais de informações genéticas aliado à técnica STR proporcionam, para além da busca tradicional por uma combinação genética total, um mecanismo de busca por perfis com combinação parcial. Este mecanismo é conhecido como Pesquisa Familiar (em inglês, *familial searching*), e mostra-se necessário esclarecer o que a distingue da genealogia genética forense.

2.4 (IN)CONGRUÊNCIAS ENTRE GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE E PESQUISA FAMILIAR

A pesquisa familiar (em inglês, *familial searching*) é um método de busca alternativo, realizado dentro das bases de dados genéticos forenses estatais. Diante da ausência de uma combinação total (um *match*) do perfil de ADN da pessoa de interesse (o suspeito, nas investigações criminais) com um perfil contido no sistema forense, pode-se fazer uma nova busca, na qual a procura está voltada para possíveis combinações parciais (em inglês, *partial*

matching), que, se existirem, podem indicar um vínculo familiar próximo entre os sujeitos combinados. O uso desta técnica foi identificado, primeiramente, no Reino Unido, em 2002 e, desde então, expandiu-se para o mundo (Granja, 2021; Murphy, 2018).

Ainda que duas décadas tenham decorrido, há diversas correntes legislativas e entendimentos acadêmicos sobre a pesquisa familiar, o que se apresenta nas divergências entre países sobre a autorização ou não da aplicação desta busca. Enquanto Países Baixos, França, Alemanha e Nova Zelândia são exemplos de Estados que adotaram este método investigativo e inclusive desenvolveram respectiva legislação para regulamentar sua aplicação, Canadá e alguns estados dos Estados Unidos da América, tais como Maryland e Washington DC, proibiram a pesquisa familiar (Katsanis, 2020; Machado & Granja, 2021). Embora o debate sobre este método esteja em voga ao longo dos últimos anos, ainda há poucos estudos empíricos sobre o tema, entretanto, destaca-se o estudo comparativo do uso da pesquisa familiar no Reino Unido e na Polônia, no qual as autoras concluem que as particularidades da aplicação da pesquisa familiar englobam a ideia de legitimidade do uso das tecnologias genéticas, de riscos sociais e da transparência Estatal (Granja & Machado, 2019).

Apesar da semelhança, faz-se necessário ter atenção às divergências entre a pesquisa familiar e a genealogia genética forense. A divergência técnica é um marco essencial, que reside na maneira de criação dos perfis genéticos. Para a pesquisa familiar, aplica-se a técnica STR, em análise às regiões não-codificantes do ADN, seguindo os trâmites técnico-científicos estabelecidos para o perfilamento genético das bases de dados forenses. A busca na pesquisa familiar é realizada por um algoritmo que identificará, a partir das restritas informações inerentes ao perfil STR, apenas ligações de parentesco próximas (e.g. pais, filhos e irmãos). A genealogia genética investigativa, por sua vez, examina as bases de dados genéticos recreativas, submetidas ao domínio de companhia privadas, as quais realizam o perfilamento genético de seus usuários por intermédio do método de análise SNP, explorando de maneira mais completa o genoma humano e, conseqüentemente, alcançando uma gama maior de informações e ampliando exponencialmente a possibilidade de encontrar parentes distantes.

Por ser realizada dentro das bases de dados genéticos forenses estatais, a pesquisa familiar está sujeita aos parâmetros estipulados pelas legislações nacionais e internacionais e deve estar em conformidade com a regulação de controlo de qualidade, privacidade e critérios padronizados. No intuito de maximizar sua utilidade e minimizar os impactos negativos, merecem destaque quatro critérios aplicados, em geral, para o uso da pesquisa familiar no sistema CODIS (EUA): 1. Esse método deve ser usado apenas para perfis extraído na cena do

crime com fonte única; 2. A pesquisa está limitada às investigações de crimes graves e com violência, tais como homicídios, violência sexual e sequestros; 3. Todas as outras técnicas tradicionais de investigação devem ser esgotadas previamente; e 4. O promotor de justiça deverá estar de acordo com a persecução a partir das pistas e informações obtidas em cada caso concreto (SWGAM, 2020).

Em contraponto, há diversos questionamentos sobre a escassez de regulação legislativa e de padronização técnica acerca do método de busca aplicado na genealogia genética investigativa, que conduz a aparente carência de transparência e responsabilidade (Murphy, 2018). Para além, faz-se necessário explorar a aura de problematizações e incertezas que envolvem a genealogia genética investigativa, em especial no tocante à proteção legal dos dados genéticos, aos direitos fundamentais dos usuários cujos perfis estão inseridos nas bases de dados recreativas, ao riscos técnico-científicos associados que podem conduzir a erros e outras controvérsias.

CAPÍTULO 3: DILEMAS DA GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE – UM ENQUADRAMENTO LEGAL, JURÍDICO E TÉCNICO

O ADN apresenta uma definição única do ser humano. Com exceção dos irmãos gêmeos univitelinos, o ADN é um mapa exclusivo, no qual constam uma vasta gama de informações, não somente sobre o indivíduo em particular, mas também sobre sua ancestralidade, suas ligações familiares e herança para futuras gerações (King, 2019). Diante de tamanha relevância, urge refletir sobre as controvérsias que envolvem a genealogia genética forense. A análise do conjunto informativo contido no genoma humano e seu uso nas investigações criminais afloram questionamentos que merecem pronta atenção.

3.1 A PROTEÇÃO DE DADOS GENÉTICOS - PANORAMA JURÍDICO-LEGAL COMPARATIVO

A proteção de dados tornou-se uma preocupação prioritária nos últimos anos a nível global. Os standards de regulação estão em constante desenvolvimento e enrijecimento, em resposta à exponencial evolução tecnológica e digital da última década, especialmente relacionada ao processamento de dados. De maneira geral, pode-se definir como “dados pessoais” as informações, sinais e indicações relacionadas a um indivíduo identificado ou identificável (titular dos dados). Tais dados pessoais variam de informações mais simples, como o nome completo, passando por dados de localização geográfica, identificadores *on-line* (endereço de IP ou *cookies*) e fatores específicos, que englobam, em destaque, os dados genéticos do indivíduo (Voigt & Von dem Bussche, 2017).

Em particular referência às informações genéticas, ressalta-se a Declaração Universal sobre o Genoma Humano e os Direitos Humanos, adotada pela Conferência Geral da Organização das Nações Unidas para a Educação, Ciência e Cultura (UNESCO), em 1997. A promulgação deste documento reflete a conjuntura científica e política que envolvia as inovações genéticas, no intuito de estabelecer diretrizes normativas para equilibrar a aplicação de tais projetos científicos e os direitos humanos fundamentais, declarando o genoma humano como patrimônio da humanidade. Em 1998, na Resolução 53/152, a Assembleia Geral da Organização das Nações Unidas (ONU) endossou o regramento, o qual já previa cláusulas de proteção dos dados genéticos e de seu titular:

“Artigo 6

Nenhum indivíduo deve ser submetido a discriminação com base em características genéticas, que vise violar ou que tenha como efeito a violação de direitos humanos, de liberdades fundamentais e da dignidade humana.

Artigo 7

Dados genéticos associados a indivíduo identificável, armazenados ou processados para uso em pesquisa ou para qualquer outro uso, devem ter sua confidencialidade assegurada, nas condições estabelecidas pela legislação.

Artigo 8

Cada indivíduo terá direito, conforme a legislação nacional ou internacional, à justa indenização por qualquer dano sofrido resultante, direta ou indiretamente, de intervenção sobre seu genoma.” (UNESCO, 1997)

No mesmo sentido, em 2004, a Conferência Geral da UNESCO aprovou, por unanimidade, a Declaração Internacional sobre os Dados Genéticos Humanos. Sua finalidade era estender a aplicação da Declaração de 1997 e garantir a proteção dos direitos humanos no tocante à recolha, tratamento, utilização e conservação das informações genéticas, sob os imperativos de liberdade, igualdade, justiça e solidariedade. O documento aborda a importância da obtenção do “consentimento prévio, livre, informado”, os esforços necessários dos Estados para proteger a vida privada dos indivíduos, a confidencialidade dos dados e a promoção de políticas transparentes e eticamente aceitáveis, a nível global. Destacam-se, ainda, a exposição dos motivos pelos quais a identidade genética é tão relevante:

“Artigo 3º: Identidade da pessoa

Cada indivíduo tem uma constituição genética característica. No entanto, não se pode reduzir a identidade de uma pessoa a características genéticas, uma vez que ela é constituída pela intervenção de complexos factores educativos, ambientais e pessoais, bem como de relações afectivas, sociais, espirituais e culturais com outros indivíduos, e implica um elemento de liberdade.

Artigo 4º: Especificidade

(a) A especificidade dos dados genéticos humanos decorre do facto de:

- (i) Serem preditivas de predisposições genéticas dos indivíduos;

(ii) poderem ter um impacto significativo sobre a família, incluindo a descendência, ao longo de várias gerações, e em certos casos sobre todo o grupo a que pertence a pessoa em causa;

(iii) poderem conter informações cuja importância não é necessariamente conhecida no momento em que são recolhidas as amostras biológicas;

(iv) poderem revestir-se de importância cultural para pessoas ou grupos.

(b) É necessário prestar a devida atenção ao carácter sensível dos dados genéticos humanos e garantir um nível de protecção adequado a esses dados e às amostras biológicas.” (UNESCO, 2004).

Portanto, o papel fundamental desempenhado pela informação genética no solucionamento do caso *Golden State Killer* direciona a atenção para o enquadramento legal e jurídico que abrange tais dados pessoais. Tendo em vista que a investigação criminal aplicou o método de genealogia genética forense e foi desenvolvida nos Estados Unidos da América, analisar-se-á a conjuntura normativa deste país em relação à protecção de dados genéticos, bem como observar-se-á o panorama legal aplicado na União Europeia, com destaque ao Regulamento Geral sobre a Protecção de Dados (RGPD).

3.1.1 ESTADOS UNIDOS DA AMÉRICA

A bem-sucedida aplicação da genealogia genética forense em diversas investigações criminais, sobretudo na contribuição crucial para a elucidação de *cold cases*, trouxe à luz a necessidade de adequar esse método às normas jurídicas. Nos EUA, a identificação do assassino e violador em série, que aterrorizou o estado da Califórnia por mais de uma década (1974-1986), conhecido como *Golden State Killer*, ressaltou a complexidade legal relacionada aos dados genéticos e a protecção oferecida pela Quarta Emenda na era digital (Court, 2018).

Desde 1791, o direito estadunidense possui como pilar fundamental a Constituição conhecida como *Bill of Rights*, com suas dez Emendas. O principal referencial normativo a ser destacado é a Quarta Emenda, a qual garante o direito à protecção de pessoas, patrimónios, documentos e pertences, em face de buscas e apreensões (*searches and seizures*) não razoáveis. Determina, ainda, a necessidade de um mandado prévio expedido por uma autoridade independente e imparcial (*warrant*) e fundamentado em uma causa provável (*probable cause*), caracterizada quando os fatos e circunstâncias conhecidos são suficientes para garantir a um

indivíduo de razoável cautela está consciente que há um crime em andamento (Wanderley, 2019).

No tocante à cobertura desta Emenda Constitucional ao específico acesso das forças policiais aos dados pessoais genéticos disponibilizados em bases de dados recreativas, há complexidade na devida proteção, em razão das rápidas transformações da tecnologia relacionada ao ADN e da dificuldade de as normas legais acompanharem essas mudanças. Segundo Ramjee e Ringrose (2020), as problemáticas legais podem ser divididas em quatro categorias principais: 1. O direito individual à privacidade e como o acesso policial às informações genéticas pode violar as proteções concedidas pela Quarta Emenda contra buscas e apreensões ilegais; 2. A Teoria da exteriorização a terceiros (em inglês, *third-party doctrine*), segundo a qual há maior proteção das informações e comunicações que não foram compartilhadas com outros; 3. A admissibilidade dos perfis genéticos processados por laboratórios não-credenciados como provas razoáveis; e 4. A padronização e normatização acerca da evidência eletrônica.

A Quarta Emenda estadunidense determina que os mandados prévios devem ser justificados por uma causa provável e devem descrever especificamente o lugar no qual ocorrerá a busca, bem como o indivíduo ou material que será apreendido. No âmbito da genealogia genética forense, as buscas realizadas dentro das bases de dados não-forenses, tal como o sistema mantido pela empresa *GEDMatch*, vasculham milhões de perfis genéticos de usuários. Às forças policiais era permitido investigar este oceano de indivíduos sem a apresentação de um mandado prévio, e, conseqüentemente, sem o embasamento da especificidade e causa provável.

A proteção da Quarta Emenda apresentava a referida exceção em sua aplicação para materiais ou dados compartilhados voluntariamente por seu titular com um terceiro elemento. Denominado “Teoria da exteriorização a terceiros” (em inglês, *third-party doctrine*), este entendimento jurídico defende que, ao compartilhar as informações, o indivíduo não deveria apresentar expectativas de proteção à privacidade daquele dado, e, por isso, as buscas e apreensões realizadas pelas forças estatais poderiam ser feitas sem a necessidade de um mandado prévio e específico. Estreitando o cenário, as informações genéticas compartilhadas voluntariamente com as companhias DTC de testagem e interpretação genética, com foco na genealogia, não estariam englobadas na proteção plena da Quarta Emenda (Ram, Guerrini & McGuire, 2018; Ramjee & Ringrose, 2020).

A Suprema Corte dos Estados Unidos da América exerce papel fundamental na composição do ordenamento jurídico do país. De família jurídica de tradição inglesa, o sistema estadunidense é *Common Law*, cujo direito é jurisprudencial, prático e casuístico, fundamentado em precedentes jurisprudenciais vinculantes, dos quais são extraídos os princípios e normas que guiarão as futuras decisões judiciais (Salles, 2019). Nesse sentido, duas decisões da Suprema Corte merecem destaque por contribuírem com o estabelecimento das balizas da Quarta Emenda e dos limites da privacidade das informações compartilhadas no campo da Teoria da exteriorização a terceiros: ‘*Maryland v. King*’ e ‘*Carpenter v. United States*’ (Ramjee e Ringrose, 2020).

Em 2013, o julgamento contencioso da Suprema Corte no caso ‘*Maryland v. King*’ decidiu que a coleta de ADN, via cotonete bucal, de um indivíduo detido é um procedimento policial legítimo e razoável sob a Quarta Emenda, desde que embasado com uma prisão por causa provável de uma ofensa mais grave. Além disso, o perfil genético para o sistema CODIS pode ser criado a partir deste material biológico, perfil do tipo STR (advindo da parte não-codificante do ADN e que, conforme a decisão, não revela traços genéticos e informações médicas substanciais), entretanto sua inclusão no sistema estaria condicionada à formalização da denúncia criminal. Um ponto relevante desta decisão é a confirmação de que a coleta de material biológico é uma espécie de busca sob a Quarta Emenda, porém a necessidade de um mandado prévio foi afastada, visto que as expectativas de privacidade dos indivíduos detidos são reduzidas. Em contraponto, os usuários das testagens genéticas comerciais para genealogia não se enquadram na referida restrição de privacidade e o perfil genético componente das bases recreativas são extraídos de variadas partes do genoma, através da análise SNP, a qual disponibiliza informações genéticas substanciais, tais como predisposições genéticas e conexões familiares.

O julgamento do caso ‘*Carpenter v. United States*’, em 2018, agravou a erosão da *Third-party Doctrine* (Zabel, 2019), ao demonstrar maior preocupação com o alargamento da vigilância estatal. A Suprema Corte redesenhou conceitos de privacidade e proteção de dados ao determinar que há violação da Quarta Emenda nos casos de acesso a dados de comunicações em posse de terceiros (fornecedores do serviço), sem um mandado de busca prévio, visto que tais registros revelam continuamente a localização física do telemóvel de um indivíduo. Dois pontos destacados foram as expectativas de privacidade sobre a localização e movimentação físicas e sobre a privacidade das informações compartilhadas com terceiros voluntariamente, o que conduz aos questionamentos sobre a razoável (e até mais forte) expectativa de privacidade

dos dados genéticos armazenados nas bases de dados recreativas, ainda que o titular tenha compartilhado com as companhias privadas. Para além, importa dar destaque às expectativas daqueles que não consentiram diretamente em compartilhar seu ADN, porém são identificados em buscas de genealogia genética forense apenas por suas ligações familiares, sem fundamento em um mandado de busca específico e com causa provável (Ramjee e Ringrose, 2020).

Sob a ordem constitucional estadunidense, os dados genéticos, em geral, recebem proteção de leis federais. O Ato de Não-Discriminação de Informação Genética (em inglês, *Genetic Information Nondiscrimination Act – GINA*), assinado em 2008, visa definir padrões de privacidade e proteger indivíduos contra discriminação advinda de empregadores e seguradoras no âmbito das informações genéticas de saúde. A Lei de Portabilidade e Responsabilidade de Seguro de Saúde (em inglês, *Health Insurance Portability and Accountability Act - HIPAA*), de 1996, é um conjunto de normas que rege a proteção da privacidade das informações médicas sensíveis, especialmente o uso e divulgação sem consentimento do titular. A Lei de Privacidade de Comunicações Eletrônicas (em inglês, *Electronic Communications Privacy Act – ECPA*), de 1986, permite o acesso policial mediante uma ordem judicial baseada em causa provável e na crença na produção de evidências de um crime federal. Por fim, o Certificado de Confidencialidade (em inglês, *Certificate of Confidentiality*) concede certo grau de proteção aos dados de pesquisas científicas biomédicas, especialmente aqueles que são liberados a terceiros e poderiam identificar um ou mais indivíduos participantes (Ram, Guerrini & McGuire, 2018; Ramjee e Ringrose, 2020; Scudder, McNevin, Kelty, Funk, Walsh & Robertson, 2019).

A legislação federal fundamental acerca da proteção dos dados genéticos e da privacidade dos seus titulares, em geral, não são aplicáveis às companhias comerciais de testagem e interpretação genética, tampouco aos perfis contidos nestas bases de dados recreativas. Após a elucidação da identificação do *Golden State Killer*, restou evidente que tais serviços estavam regulados por escassas normas gerais, submetidos à atuação das forças policiais sem controle externo. Embora ainda haja uma flagrante carência de proteção legal direcionada ao acesso das forças policiais às informações genéticas em sistemas não-forenses, a gradual alteração no entendimento da Suprema Corte estadunidense acerca da privacidade dos dados compartilhados com terceiros e o fortalecimento da proteção de direitos fundamentais dada pela Quarta Emenda, em especial a liberdade contra a vigilância estatal intrusiva, conduzem a uma maior atenção à regulamentação e ao controle criterioso da

genealogia genética forense no ordenamento jurídico dos Estados Unidos da América (Greely, 2020; King, 2019; Ram et al., 2018; Skeva, Larmuseau, & Shabani, 2020).

3.1.2 UNIÃO EUROPEIA

A proteção de dados genéticos não se mostra como uma preocupação tão recente na conjuntura europeia. Em destaque, a Directiva 95/46/CE, aprovada em 24 de outubro de 1995, normatizou o processamento de dados pessoais e a livre circulação dessas informações na União Europeia, ao apresentar uma série de princípios que fundamentavam, de forma mais efetiva, aqueles anteriormente contidos na Convenção de Proteção de Dados do Conselho da Europa (1981) (Conselho da Europa, 2008). A finalidade desta Diretiva era garantir um processamento legal e justo dos dados pessoais por meio da tecnologia de informação, aplicável somente aos dados identificáveis, direta ou indiretamente, bem como determinar que o uso de tais informações fosse condizente com o propósito para o qual foram recolhidas e que seu armazenamento fosse mantido somente pelo tempo necessário (Shabani & Borry, 2018).

A partir de 2009, as reformas legislativas apresentaram-se como uma tentativa de acompanhar as novas tecnologias científicas. Além disso, havia uma busca por uma maior efetividade da legislação protecionista, diante da ausência de harmonia e consistência ao redor da União Europeia, em razão da transposição nos ordenamentos internos de cada Estado-membro, que resultou em 27 diferentes versões da Directiva. Após anos de negociação, o Conselho, o Parlamento e a Comissão da União Europeia conciliaram uma abordagem comum e, em 2015, convergiram em um acordo para o novo regramento de proteção de dados. Em maio de 2016, o texto oficial do novo Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados na União Europeia - RGPD (Regulamento (UE) 2016/679) foi publicado e a legislação iniciou sua vigência em maio de 2018 (Shabani & Borry, 2018).

Primeiramente, destaca-se a previsão específica acerca dos dados genéticos a figurar como uma novidade no Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados (2016). A legislação anterior, a Directiva 95/46/CE, apresentava como definição de dados pessoais qualquer informação relativa a uma pessoa singular identificada ou identificável, por intermédio de “um número de identificação ou um ou mais elementos específicos da sua identidade física, fisiológica, psíquica, económica, cultural ou social” (Artigo 2º. A). O Regulamento de 2016 incluiu a expressa menção aos dados genéticos (Artigo 4.1), os quais foram definidos como “dados pessoais relativos às características genéticas, hereditárias ou adquiridas, de uma pessoa singular que deem informações únicas sobre a fisiologia ou a saúde dessa pessoa singular e que

resulta designadamente de uma análise de uma amostra biológica proveniente da pessoa singular em causa” (Artigo 4.13).

Para além, o Regulamento estabelece, em seu Artigo 9º, as categorias especiais de dados pessoais, dentre as quais constam os dados genéticos. Importante ressaltar que o tratamento de tais informações sensíveis está proibido, entretanto, o Artigo 9.2 apresenta exceções a esta regra, das quais destacam-se as alíneas ‘a’ e ‘e’. A primeira refere-se ao consentimento explícito dado pelo titular dos dados para o tratamento destes, enquanto a última traz a possibilidade de tratamento dos dados que tenham sido manifestamente tornados públicos pelo seu titular. *A priori*, identifica-se uma relação entre estes dois dispositivos e as bases de dados genéticas recreativas, com considerações acerca do consentimento e do compartilhamento das informações genéticas, a partir do envio espontâneo do material biológico do titular às companhias de testagem genética e a publicação dos resultados em websites públicos *on-line*, como *GEDmatch*.

Entretanto, ao estreitar a análise à genealogia genética forense, controvérsias afloram sobre a proteção destes dados genéticos. Conforme exposto por Samuel, Howard, Cornel, Van El, Hall, Forzano & Prainsack (2018), apesar de determinar princípios, normas e direitos a nível geral, o RGPD (2016) não seria especificamente aplicável ao processamento de dados para propósitos de investigação criminal por autoridades competentes, o que não garante a proteção nos casos em que o interesse público fosse comprometido. Esta excepcionalidade está determinada na Consideração nº 19 do Regulamento, conforme texto a seguir:

“(19) A proteção das pessoas singulares em matéria de tratamento de dados pessoais pelas autoridades competentes para efeitos de prevenção, investigação, deteção e repressão de infrações penais ou da execução de sanções penais, incluindo a salvaguarda e a prevenção de ameaças à segurança pública, e de livre circulação desses dados, é objeto de um ato jurídico da União específico. O presente regulamento não deverá, por isso, ser aplicável às atividades de tratamento para esses efeitos. Todavia, os dados pessoais tratados pelas autoridades competentes ao abrigo do presente regulamento deverão ser regulados, quando forem usados para os efeitos referidos, por um ato jurídico da União mais específico, a saber, a Diretiva (UE) 2016/680 do Parlamento Europeu e do Conselho (1). Os Estados-Membros podem confiar às autoridades competentes na aceção da Diretiva (UE) 2016/680 funções não necessariamente a executar para efeitos de prevenção, investigação,

deteção e repressão de infrações penais ou da execução de sanções penais, incluindo a salvaguarda e a prevenção de ameaças à segurança pública, de modo a que o tratamento dos dados pessoais para esses outros efeitos, na medida em que se insira na esfera do direito da União, seja abrangido pelo âmbito de aplicação do presente regulamento. [...]” (União Europeia, 2016)

Ressalta-se, igualmente, que o Regulamento traz, em seu Artigo 23.1, a possibilidade de tais obrigações e direitos protecionistas serem limitados por medida legislativa da União Europeia ou dos Estados-Membros, diante de “medida necessária e proporcionada” para assegurar “a prevenção, investigação, deteção ou repressão de infrações penais, ou a execução de sanções penais, incluindo a salvaguarda e a prevenção de ameaças à segurança pública” (alínea ‘d’). Além disso, atenção deve ser dada à Consideração nº 50 do RGPD, a qual aborda a alteração da finalidade primária da recolha e do tratamento dos dados:

“(50) [...]

Caso o titular dos dados tenha dado o seu consentimento ou o tratamento se baseie em disposições do direito da União ou de um Estado-Membro que constituam uma medida necessária e proporcionada, numa sociedade democrática, para salvaguardar, em especial, os importantes objetivos de interesse público geral, o responsável pelo tratamento deverá ser autorizado a proceder ao tratamento posterior dos dados pessoais, independentemente da compatibilidade das finalidades. Em todo o caso, deverá ser garantida a aplicação dos princípios enunciados pelo presente regulamento e, em particular, a obrigação de informar o titular dos dados sobre essas outras finalidades e sobre os seus direitos, incluindo o direito de se opor. A indicação pelo responsável pelo tratamento de eventuais atos criminosos ou ameaças à segurança pública e a transmissão dos dados pessoais pertinentes, em casos individuais ou em vários casos relativos ao mesmo ato criminoso ou ameaça à segurança pública, a uma autoridade competente deverão ser consideradas como sendo do interesse legítimo do responsável pelo tratamento. Todavia, deverá ser proibido proceder à transmissão no interesse legítimo do responsável pelo tratamento ou ao tratamento posterior de dados pessoais se a operação não for compatível com alguma obrigação legal, profissional ou outra obrigação vinculativa de confidencialidade.” (União Europeia, 2016)

Em análise aos dispositivos destacados do Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados (RGPD), conclui-se que, embora este documento normativo determine princípios e direitos básicos relacionados à proteção dos dados pessoais, há lacunas relevantes no tocante à genética forense. Primeiramente, a não-aplicação específica desta legislação às circunstâncias de investigação criminal abre brechas para a violação dos direitos do titular dos dados genéticos, tais como o direito à notificação e o pleno respeito ao consentimento. Sobre o consentimento, Skeva, Larmuseau & Shabani (2020) destacam que a terminologia usada no Regulamento – ‘a indicação de eventuais atos criminosos ou ameaças à segurança pública’ – visa providenciar a base legal para futuros processamentos distintos, e até incompatíveis, com a finalidade para qual a coleta original dos dados foi destinada. Para além, o documento permite que a União Europeia ou os Estados-Membros, com base no conceito vago de “medida necessária e proporcionada numa sociedade democrática”, possam restringir obrigações e direitos do titular dos dados (e.g., direito de acesso, de retificação, de oposição e de apagamento dos dados – “direito de ser esquecido”).

Em conjunto com o Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados (RGPD), apresenta-se a Directiva (UE) 2016/680 do Parlamento Europeu e do Conselho, de 27 de abril de 2016. Este documento normativo possui especialidade na proteção de dados pessoais das pessoas envolvidas em ações penais ou investigações criminais, no intuito de elevar o nível de garantias em razão do contexto policial e judiciário, bem como harmonizar as regras de cooperação e livre circulação de dados entre as autoridades responsáveis nos Estados-Membros da União Europeia. Destaca, igualmente, a rápida evolução tecnológica e a globalização, que permitem “o tratamento de dados pessoais numa escala sem precedentes para o exercício de funções como a prevenção, investigação, deteção ou repressão de infrações penais e a execução de sanções penais”.

Em análise à genealogia genética forense, faz-se necessário destrinchar de maneira mais crítica a regência legislativa aplicável e seus desdobramentos no contexto europeu. Inicialmente, cabe revisar que a genealogia genética forense é um método investigativo em expansão, que vem sendo aplicado com frequência nos últimos anos, e que ganhou holofotes após a identificação do *Golden State Killer*, na Califórnia (EUA), em 2018. Por meio desta técnica, a busca por pistas de um suspeito é iniciada com a criação de um perfil genético com a tecnologia SNP, adequado para ser, então, inserido em bases de dados genéticos recreativas, geridas por companhias comerciais privadas que oferecem serviços de testagem e interpretação

genética. O intuito principal é identificar familiares próximos ou distantes a partir do perfil genético do suspeito, e, assim, construir uma árvore genealógica que permita, em conjunto com a técnica de triangulação (análise de outras fontes de dados), identificar corretamente o suspeito em voga.

O primeiro ponto em questão é analisar a aplicação da legislação da União Europeia sobre tais companhias comerciais privadas. As empresas de maior relevância no mercado de serviços genéticos possuem origem nos Estados Unidos da América, por exemplo, *GEDmatch*, *23andMe*, *Ancestry* e *FamilyTree DNA* (Skeva et al., 2020), e, por isso, é necessária a reflexão se o direito europeu deve ser aplicado. Enquanto a Directiva (UE) 2016/680 não se aplica ao tratamento de dados pessoais efetuado no exercício de atividades não sujeitas à aplicação do direito da União (Artigo 2º, nº3, alínea ‘a’), o Regulamento Geral (2016/679) determina que o âmbito de sua aplicação é mais extensivo, ao englobar atividades realizadas dentro e fora da União, bem como proteger os dados de titulares residentes no território da União, quando há oferta de bens ou serviços, conforme determina o artigo 3º:

“1. O presente regulamento aplica-se ao tratamento de dados pessoais efetuado no contexto das atividades de um estabelecimento de um responsável pelo tratamento ou de um subcontratante situado no território da União, independentemente de o tratamento ocorrer dentro ou fora da União.

2. O presente regulamento aplica-se ao tratamento de dados pessoais de titulares residentes no território da União, efetuado por um responsável pelo tratamento ou subcontratante não estabelecido na União, quando as atividades de tratamento estejam relacionadas com:

a) A oferta de bens ou serviços a esses titulares de dados na União, independentemente da exigência de os titulares dos dados procederem a um pagamento;

b) O controlo do seu comportamento, desde que esse comportamento tenha lugar na União.

3. O presente regulamento aplica-se ao tratamento de dados pessoais por um responsável pelo tratamento estabelecido não na União, mas num lugar em que se aplique o direito de um Estado-Membro por força do direito internacional público.”
(União Europeia, 2016)

Entende-se, a partir do exposto, que, embora as empresas comerciais de serviços genéticos não possuam origem ou estabelecimento no território da União Europeia, ainda é possível aplicar a legislação protetiva do Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados e garantir direitos aos cidadãos e residentes da União.

Ressalta-se, ainda, um tópico de extrema importância: o titular de dados. A pessoa singular identificada ou identificável cujas informações pessoais são o objeto de proteção, bem como seus direitos relacionados a tais dados. Aborda-se, inicialmente, a distinção estabelecida pela Directiva, em seu Artigo 6º, das diferentes categorias de titulares de dados:

“Os Estados-Membros preveem que o responsável pelo tratamento estabeleça, se aplicável, e na medida do possível, uma distinção clara entre os dados pessoais de diferentes categorias de titulares de dados, tais como:

- a) Pessoas relativamente às quais existem motivos fundados para crer que cometeram ou estão prestes a cometer uma infração penal;
- b) Pessoas condenadas por uma infração penal;
- c) Vítimas de uma infração penal ou pessoas relativamente às quais certos factos levam a crer que possam vir a ser vítimas de uma infração penal; e
- d) Terceiros envolvidos numa infração penal, tais como pessoas que possam ser chamadas a testemunhar em investigações penais relacionadas com infrações penais ou em processos penais subsequentes, pessoas que possam fornecer informações sobre infrações penais, ou contactos ou associados de uma das pessoas a que se referem as alíneas a) e b).”

Esta diferenciação entre titulares mostra-se controversa. O conceito vago de “motivos fundados”, a ideia questionável de estar “prestes a cometer uma infração penal” e o apartamento das pessoas condenadas por uma infração penal demonstram efeitos punitivistas nesta legislação. No âmbito da genealogia genética forense e na hipótese de aplicação desta Directiva, as justificativas para a busca investigativa nas bases de dados recreativas poderiam variar desde a concepção de “motivos fundados”, na crença de que um suspeito cometeu uma infração penal, perpassando por “terceiros envolvidos numa infração penal”, que possam fornecer informações sobre infrações penais, bem como “contactos ou associados” de uma pessoa considerada infratora ou suspeita. Dessa maneira, o foco não estaria somente na busca do suspeito

diretamente, mas também seus familiares estariam abarcados como “testemunhas biológicas” (Kayser, 2015).

Esta adequação legislativa e definição de titular de dados é relevante sobretudo pela conjuntura de direitos que as acompanha. No tocante ao consentimento, embora sejam previstas possibilidades de alteração da finalidade consentida originalmente, o RGPD determina maior salvaguarda, visto que a manifestação deve ser de vontade livre, específica, informada e explícita e o tratamento dos dados pessoais será considerado lícito e legítimo a partir do consentimento do titular, em especial para afastar a proibição de tratamento de dados pessoais sensíveis (e.g., dados genéticos). Esta defesa é limitada sob a aplicação da Directiva 2016/680, diante da possibilidade de supressão da necessidade do livre consentimento do titular perante uma obrigação prevista legalmente, com destaque para os testes de ADN no âmbito de investigações penais (Consideração nº 35).

Para além da restrição aplicada ao consentimento, o titular de dados pessoais submetido à Directiva 2016/680 terá outros direitos limitados. Conforme seu Artigo 15º, os Estados-Membros podem adotar medida legislativas para limitar, total ou parcialmente, o direito de acesso às informações retidas, se e enquanto a limitação constituir uma medida necessária e proporcionada numa sociedade democrática, para: a) Evitar prejudicar os inquéritos, as investigações ou os procedimentos oficiais ou judiciais; b) Evitar prejudicar a prevenção, deteção, investigação ou repressão de infrações penais ou a execução de sanções penais; c) Proteger a segurança pública; d) Proteger a segurança nacional; e) Proteger os direitos e as liberdades de terceiros. Não somente o direito ao acesso aos dados, mas também poderão ser determinadas limitações nos direitos à informação, à retificação, à limitação do tratamento e ao esquecimento, o que facilita a expansão do poder das tecnologias na segurança pública e levanta desafios éticos relacionados à privacidade e transparência no tratamento destes dados (Neiva & Machado, 2021).

Aborda-se, para além, outro ponto de questão: o responsável pelo tratamento. No âmbito da Directiva (UE) 2016/680, suas regras aplicam-se ao tratamento de dados pessoais realizado pelas autoridades competentes para efeitos de prevenção, investigação, deteção ou repressão de infrações penais ou execução de sanções penais, incluindo a salvaguarda e prevenção de ameaças à segurança pública (Artigo 1, nº 1). Define-se “autoridade competente” como uma autoridade pública competente ou qualquer outro organismo ou entidade designados pelo direito de um Estado-Membro para exercer a autoridade pública e os poderes públicos (Artigo 3º, nº 7). Para além, esta definição está intrinsecamente conectada com o conceito de

“responsável pelo tratamento”, cuja definição é “a autoridade competente que, individualmente ou em conjunto com outras, determina as finalidades e os meios de tratamento dos dados pessoais” (Artigo 3º, nº 8).

Urge destacar que, de acordo com a Consideração nº 11 e com o Artigo 9º.1 da Directiva, tais autoridades competentes podem ser entidades ou organismos designados pelo Estado-Membro para exercer tal autoridade. Todavia, caso sua função de tratamento dos dados não seja originalmente destinada para efeitos de prevenção, investigação, deteção ou repressão de infrações penais, aplicar-se-á o Regulamento (UE) 2016/679. Nos casos em que a recolha dos dados pessoais é realizada para outros efeitos e, em seguida, o tratamento é feito a fim de dar cumprimento a uma obrigação legal a que está submetido, o RGPD será a regência, e, a partir disso, pode-se entender que, nos casos em que uma empresa comercial privada coleta e trata dados genéticos de seus clientes, com o propósito primário de identificar conexões familiares, ainda que posteriormente as forças policiais utilizem este serviço para encontrar novas pistas ou identificar suspeitos numa investigação criminal, dever-se-á aplicar o Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados (RGPD).

Notória se mostra a necessidade de desenvolver o debate sobre a regência legislativa da genealogia genética forense no âmbito europeu. Ainda que a ampla maioria dos casos investigados e companhias comerciais estejam centralizados nos Estados Unidos da América, este método investigativo está em rápida expansão a nível internacional (Skeva et al., 2020). Diferente do ordenamento jurídico estadunidense, para o qual o processamento de dados é legal até que seja proibido expressamente, para a União Europeia, o tratamento de tais informações pessoais é proibido até que seja legalmente autorizado (Dove, 2018). Em destaque, um duplo homicídio cometido na Suécia, Estado-Membro da UE, em 2004, foi elucidado, quinze anos depois, graças à aplicação da genealogia genética forense, que alcançou dois irmãos e possibilitou a combinação integral de um deles e sua posterior confissão do cometimento dos crimes (Tillmar, Fagerholm, Staaf, Sjölund, & Ansell, 2021).

Portanto, não se pode mais ignorar a aplicação desta técnica investigativa no âmbito europeu. Neste trabalho, entende-se que, enquanto não há uma abordagem legal mais específica acerca deste tema, a resposta adequada é submeter as etapas da genealogia genética forense, sobretudo a regência dos dados pessoais gerenciados pelas companhias comerciais de serviços de testagem genética, ao Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados (RGPD), de maneira plena e com especial prudência. O impacto das buscas forenses nas bases de dados genéticos comerciais, privadas e recreativas, com objetivo de auxiliar investigações criminais merece

urgente atenção pelas autoridades legislativas da União Europeia, no intuito de garantir a necessária proteção dos dados pessoais de seus cidadãos e residentes, além de perseguir uma harmonização eficaz com direitos e garantias fundamentais.

3.2 DIREITOS E GARANTIAS EM ESPECTRO: A INTEGRAÇÃO ENTRE PRIVACIDADE E CONSENTIMENTO

As considerações acerca da proteção legal das informações genéticas, caracterizadas como dados pessoais sensíveis, vão além e alcançam a preocupação com a privacidade. Ao figurar como um direito fundamental, a privacidade no âmbito da genealogia genética forense engloba não somente o titular dos dados genéticos, mas inclui as informações de seus familiares. Para além, o respeito ao direito à privacidade está intrinsecamente relacionado a obtenção do consentimento livre, espontâneo e necessário e, diante do cenário exposto pelas investigações criminais realizadas a partir das bases comerciais recreativas, faz-se necessário analisar os questionamentos emergentes.

As controvérsias associadas à privacidade no panorama genético estão ganhando complexidade, especialmente pela riqueza de informações obtidas através do ADN de um indivíduo. Com a evolução constante das tecnologias e técnicas relacionadas às análises genéticas, há uma maior preocupação sobre o futuro incerto, um grande medo do desconhecido (Naveed, Ayday, Clayton, Fellay, Gunter, Hubaux, & Wang, 2015). As impressionantes descobertas científicas permitem o alargamento das possibilidades, as quais ainda não foram exploradas em sua totalidade. É desarrazoado, portanto, imaginar que a competência e utilidade das informações genéticas já foram plenamente mensuradas.

No âmbito da genealogia genética forense, os riscos suscitados pelo acesso das forças policiais são uma flagrante consequência da evolução técnico-científica. O tópico apresenta uma ampla gama de riscos abstratos e centrados no futuro (King, 2019), os quais estão em pauta de debates mais vigorosos desde o solucionamento dos crimes atribuídos ao *Golden State Killer*, em 2018. Esta investigação criminal, que estava há cerca de quarenta anos sem desfecho, ganhou os holofotes ao identificar o ofensor em série com a produção de novas pistas através do uso desta moderna tecnologia de ADN.

Naquele momento, tal êxito forense expôs o método baseado nas buscas em extensas bases de dados genéticos recreativas, com fins privados e comerciais. Tais pesquisas apresentam-se como uma maneira de contornar protocolos já debatidos e estabelecidos acerca das bases de dados genéticos forenses submetidos ao controle estatal e administrados com a

finalidade direta de auxiliar investigações forenses (Machado & Granja, 2021). Destaca-se que o uso das bases recreativas para fins investigativos, além de possuir poucas restrições e supervisão normativa, desvirtua sua finalidade original, bem como expõe a extensa lista de usuários a severos riscos, dentre eles, a violação da sua privacidade.

Em análise ao panorama normativo europeu, a Carta dos Direitos Fundamentais da União Europeia (2012/C 326/02) determina, em seu Artigo 7º, o respeito pela vida privada e familiar e, no Artigo 8º, o direito à proteção dos dados pessoais e que tais informações recebam um processamento legal, para fins específicos e com o consentimento da pessoa interessada ou com outro fundamento legítimo previsto por lei. O direito à privacidade e o direito à proteção das informações pessoais estão estreitamente conectados, com especial atenção aos dados pessoais sensíveis e à privacidade genética. A partir desta normativa basilar, para além da abordagem legal da proteção dos dados pessoais já debatida anteriormente, é possível extrair outros relevantes tópicos de análise: a privacidade e o consentimento, a níveis individual e familiar.

A unicidade e riqueza informacional do genoma humano permite, a partir de sua análise, a identificação de indivíduo e, ademais, a identificação de suas conexões familiares. Como um dos principais serviços, as companhias de testagem e interpretação genética oferecem a busca por familiares próximos e distantes em suas bases de dados. A construção da árvore genealógica é a peça-chave da genealogia genética forense, visto que, a partir dela, as forças policiais poderão encontrar pistas para identificar um indivíduo suspeito, tal como no caso *Golden State Killer*. O acesso policial a tais sistemas é, entretanto, questionável, diante da possibilidade de transgredir a privacidade do usuário de tais serviços, bem como a privacidade de seus familiares indiretamente.

Nesse sentido, ressaltam-se as preocupações acerca da exposição da vida privada e familiar diante de uma investigação genética. É sabido que as relações familiares vão além dos vínculos puramente genéticos, entretanto, uma análise aprofundada pode revelar eventos familiares até então desconhecidos ou ocultados. Adoção, infidelidade, violação sexual, doação de esperma e outros eventos podem ser identificados durante a construção da árvore genealógica e, de modo forçado, tais detalhes familiares desagradáveis, anteriormente encobertos, podem ser expostos para os indivíduos envolvidos e para terceiros, tais como os genealogistas e os oficiais das forças policiais (Greely, 2020; Naveed et al., 2015; Samuel & Kennett, 2021).

Os eventos mencionados poderão, ainda, exercer um papel crucial no desenvolvimento adequado da investigação criminal. Lacunas e erros na identificação dos membros de determinada estrutura familiar, advindos tanto da análise genética, quanto da análise de fontes complementares (método da triangulação), poderão convergir em potenciais identificações imprecisas. Tais falhas podem estar relacionadas a combinações positivas falsas, parentescos mal atribuídos e outros fatores, apresentando como consequência a rotulação de um indivíduo inocente como suspeito de um crime, colocando-o sob vigilância e intrusão policial em sua vida privada. Esse enquadramento resulta numa evidente violação do direito à privacidade e gera um estado de angústia e estresse para o indivíduo e seus familiares, bem como motiva uma descrença social nas ações investigativas (Kennett, 2019).

No intuito de preservar com mais firmeza a privacidade dos usuários e seus familiares, uma série de direitos são garantidos aos titulares no âmbito da proteção de dados. Na União Europeia, é garantido o direito de requerer informações concisas, transparentes, inteligíveis e de fácil acesso, com linguagem clara e simples, sobre o processamento dos dados e sobre a espécie de dados retidos, bem como o titular possui o direito de acesso, de retificação, de apagamento, de portabilidade e de oposição, conforme artigos 12º ao 22º do Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados - RGPD (União Europeia, 2016). As empresas privadas responsáveis pelo tratamento dos dados genéticos possuem o dever legal e ético de fornecer ao titular o conhecimento de como é feito o processamento, com quem essas informações são compartilhadas e sob que circunstâncias (Skeva et al., 2020).

Faz-se um alerta a respeito da preocupação com o compartilhamento das informações genéticas. É sabido que, em algumas investigações criminais, tal como o caso *Golden State Killer*, o perfil genético do suspeito foi inserido nas bases de dados recreativas por intermédio de um perfil falso. Isto é, o material biológico coletado e atribuído, *a priori*, ao ofensor foi transformado em um perfil de ADN compatível com os parâmetros dos sistemas comerciais e, através de um perfil sem qualquer identificação das autoridades responsáveis ou da origem daquele ADN, inserido nas bases recreativas (Skeva et al., 2020). Indubitavelmente, essa vulnerabilidade a perfis falsos expôs uma grave falha na proteção dos dados genéticos dos usuários, o que quebra a confiabilidade das empresas responsáveis, bem como revela uma prática policial reprovável.

Nesse sentido, é importante refletir sobre possíveis restrições aplicáveis ao acesso policial às bases recreativas. As considerações debatidas acerca da Quarta Emenda estadunidense e a necessidade de um mandado prévio e baseado em uma causa provável para

realizar buscas e apreensões alcançam o panorama normativo europeu. Entende-se como prudente que o compartilhamento das informações genéticas com as forças policiais esteja em conformidade com a legislação, condicionado ao requerimento de autoridades competentes com a apresentação de documentos oficiais, tais como intimação ou mandado judicial. Apresenta-se como uma medida adequada de limitação e supervisão externa das ações investigativas, a equilibrar, de forma proporcional, a persecução penal e os direitos dos cidadãos envolvidos (Skeva et al., 2020).

Com íntima conexão com a privacidade, o consentimento é um tópico de extrema importância para o processamento dos dados genéticos e para a genealogia genética forense. Esta manifestação deve ser emitida por vontade livre, específica, informada e explícita do titular dos dados, para que o tratamento de seus dados seja legítimo. O funcionamento válido dos bancos de dados biomédicos e de saúde está fundamentado na necessidade do consentimento em sua plenitude. Por outro lado, os biobancos forenses, espalhados a nível global num contexto de segurança pública, desprezam a necessidade do consentimento livre, diante de legislações nacionais que impõem a doação obrigatória de material biológico para indivíduos condenados criminalmente (e.g., Brasil, Portugal, Reino Unido) (Samuel & Kennett, 2021).

Assim sendo, o enquadramento do consentimento referente às bases de dados genéticos recreativas merece exploração. No tocante à genealogia genética forense, as informações colhidas originalmente pelas companhias comerciais para genealogia não são caracterizadas como biomédicas, visto que não são submetidas a exames de saúde ou identificação de enfermidades genéticas, e sim apresentam a finalidade de encontrar familiares próximos ou distantes. Exclui-se, igualmente, a caracterização desses dados como forenses submetidos ao controle estatal direto, apesar do seu uso secundário no auxílio de investigações criminais (Samuel & Kennett, 2020). Embora exista esse limbo referente ao propósito original, a principal preocupação deve estar focada no fortalecimento da exigência do consentimento livre e bem-informado dos usuários, especificamente para a permissão do acesso policial aos seus dados e para a realização das buscas investigativas.

Para ampliar a análise, deve-se considerar que o consentimento referente à partilha e tratamento dos dados genéticos é baseado numa decisão individualizada do usuário que escolhe compartilhar seu ADN. Entretanto, no contexto da genealogia genética, o consentimento individual não reflete as escolhas dos familiares daquele usuário, os quais poderão ser identificados através das bases de dados, sem consentir expressamente para isso. Nesse sentido, há uma negligência das questões sociais, coletivas, econômicas, políticas e, inclusive, forenses

associadas (Machado & Silva, 2009; Samuel & Kennett, 2021). Assim, identifica-se uma ofensa ao direito de escolha dos indivíduos que não estão cientes da possibilidade de serem identificados por intermédio do ADN de um familiar, visto que seus dados genéticos são disponibilizados indiretamente e tratados sem o seu consentimento prévio, informado e expresso, o que é agravado quando são subjugados à uma investigação criminal genealógica.

O estudo empírico realizado por Erlich, Shor, Pe'er & Carmi (2018) investigou a probabilidade de identificação de um indivíduo através da genealogia genética. A análise de 1.28 milhões de indivíduos inseridos em bases de dados recreativas revelou que cerca de 60% das buscas apresentaram a identificação de um familiar (primo de terceiro grau ou um parente mais próximo). Para além, os pesquisadores constataram que a inserção de apenas 2% da população geral já permitiria combinações entre primos de terceiro grau para, aproximadamente, qualquer pessoa. Mais específico, um sistema com cerca de 3 milhões de indivíduos dos Estados Unidos da América com descendência europeia permitiria a combinação com primos de, pelo menos, terceiro grau para 99% da população. Considerando o crescimento exponencial das bases recreativas e, conseqüentemente, do número de combinações familiares identificáveis, o debate acerca do respeito ao consentimento e à privacidade dos familiares que não concordaram voluntariamente em compartilhar seu ADN deve averiguar procedimentos efetivos de proteção, especialmente no contexto forense.

No tocante às relações diretas entre os usuários e as companhias privadas, em sua maior parte, são guiadas por condições acordadas entre as partes. Aparecem similaridades nas diretrizes gerais sobre a coleta e processamento dos dados pessoais compartilhados para empresas como Facebook, Google, companhias telefônicas e de cartões de crédito (Greely, 2020). Da mesma maneira, as companhias de testagem e interpretação genéticas oferecem seus serviços enquadrados em seus 'Termos de Uso' e políticas gerais de funcionamento, os quais são apresentados aos usuários e submetidos ao seu consentimento. Um ponto abordado por Court (2018) destaca a importância da apresentação nítida e inteligível dos benefícios e riscos associados ao compartilhamento dos dados genéticos, os quais não devem estar diluídos ou ocultados nas letras pequenas dos termos e condições.

A transparência no tratamento dos dados genéticos é um tópico essencial para a concretização da legitimidade desse processo. Um ponto de destaque é o devido esclarecimento sobre a política de partilha dos dados genéticos entre as companhias privadas que gerenciam as bases recreativas e terceiros. Esta partilha pode incluir a doação ou venda das informações genéticas para empresas farmacêuticas e de biotecnologia, pesquisadores universitários, entre

outros interessados na riqueza informacional que o genoma humano armazenado em extensas bases de dados pode proporcionar para o bem-estar comum (e.g., avanços na medicina e saúde pública) e para interesses lucrativos privados (Greely, 2020). Para além, o compartilhamento dos dados com forças policiais, ao permitir seu acesso aos sistemas privados por meio do *upload* de vestígios genéticos suspeitos, ganhou atenção nos últimos anos com o fortalecimento da genealogia genética forense como método investigativo.

Após a explosão mediática do caso *Golden State Killer*, voltaram-se as atenções para a permissibilidade e regulação do acesso policial às bases de dados genéticos recreativas. A partir de 2018, as empresas especializadas em serviços de testes e recursos genéticos atualizaram seus termos de uso e políticas internas em resposta aos questionamentos sobre a privacidade e proteção de seus usuários. E, diante da ausência de um regramento geral, cada empresa reagiu de maneira distinta: algumas permitiram expressamente o acesso policial, enquanto outras impuseram como condição uma ordem judicial. Em 2019, a título de exemplo, o presidente da empresa *FamilyTreeDNA*, Bennett Greenspan, admitiu publicamente que permitiu o acesso do FBI (*Federal Bureau of Investigation* – EUA) à sua base de dados, a partir da inserção de perfis genéticos extraídos de vestígios de cenas de crimes e cadáveres, sem informar ou requerer consentimento de seus clientes (Machado & Granja, 2021).

No intuito de compreender melhor essas alterações, importa destacar a análise realizada por Skeva e colegas (2020) das políticas das 22 companhias e bases de dados genéticos. Quatro companhias (*23andMe*, *Ancestry*, *FamilyTreeDNA* e *Helix*) apresentaram informações sobre o requerimento das forças policiais para uso das informações, além de condicionarem a revelação de informações pessoais e genéticas de qualquer usuário à uma ordem escrita e advinda de processo legal válido. Em destaque, a empresa *FamilyTreeDNA* estabeleceu o *Law Enforcement Matching* (LEM), a identificação prévia dos perfis criados pelas forças policiais, bem como, a partir de março de 2019, disponibilizou aos usuários a possibilidade de ocultar seu perfil para as buscas policiais (*opt-out*). Ressalta-se que os usuários residentes na União Europeia, cujo perfil fora criado antes da implementação do LEM, foram ocultados automaticamente da pesquisa policial, em respeito às normativas europeias e ao Regulamento Geral sobre Proteção de Dados (2016), com a possibilidade de alteração dessa opção (García, 2021; Samuel & Kennett, 2020).

Com especial significância nesse ramo, observa-se a base de dados genéticos pública que possibilitou o solucionamento do caso GSK: *GEDmatch*. Inicialmente, sua política de privacidade e termos de uso eram abertos e flexíveis ao acesso policial, entretanto, após receber

críticas pelo uso da genealogia genética forense para investigações de crimes de menor potencial ofensivo, em maio de 2019, *GEDmatch* alterou seus termos de serviço. Definiu-se uma lista de crimes violentos que permitem o acesso policial (homicídio, homicídio culposo, estupro agravado, roubo ou agressão agravadas e identificação de restos mortais), bem como os usuários poderiam alterar a pré-seleção (*opt-out*) e permitir expressamente a busca do seu perfil pelas forças policiais. Por fim, em seus termos, a *GEDmatch* determina uma abordagem especial para os residentes na União Europeia, reafirmando a adequação às normas do Regulamento Geral sobre Proteção de Dados (2016) (GEDmatch, 2021; Greely, 2020; Machado & Granja, 2021; Skeva et al., 2020).

Uma preocupação importante abordada por Skeva e colegas (2020) está relacionada a verdadeira compreensão dos usuários diante das constantes e relevantes alterações dos termos de uso e políticas de privacidade. Essa busca por conformidade pode gerar questionamentos acerca do quão bem-informados estão os clientes sobre o processamento dos dados e seus direitos, especialmente em relação ao acesso policial às suas informações. As empresas consideram a manutenção do perfil na base de dados como consentimento aos novos termos, visto que entendem ser de responsabilidade do usuário manter-se informado sobre as atualizações. Questiona-se, todavia, de que maneira essa atribuição de responsabilidade para os consumidores atinge o consentimento prévio, informado e expresso. Segundo Ramjee e Ringrose (2020), a solução não deve repousar somente na educação dos usuários ou no investimento das companhias em novos termos de privacidade, mas sim numa intervenção governamental que construa um enquadramento legal e ético generalizado.

Samuel e Kennett (2021) abordam o debate relacionado ao consentimento como prática não-estandardizada, principalmente no contexto da genealogia genética forense. Ao englobar propósito, alcance e nível de informação necessário, os autores destacam três tipos de consentimento: 1. Específico (necessária renovação em cada procedimento); 2. Amplo (permissão única que cobre toda a pesquisa); e 3. Dinâmico (permite a alteração das preferências ao longo do tempo). Os resultados da pesquisa empírica indicam a reverência à necessidade do consentimento e a discordância com a ideia de que o consentimento individual deve atuar como uma “panaceia ética”. Esta conclusão abrange a preocupação com os direitos dos familiares não-usuários, o dever das empresas e instituições de fornecer informações atualizadas, esclarecedoras e acessíveis, bem como a necessidade de normativas éticas gerais e apropriadas.

O consentimento está intimamente conectado à confiança depositada nas empresas comerciais de serviços genéticos e, para a genealogia genética forense, nas forças policiais. Mostra-se essencial a consolidação de uma política de solidariedade entre os entes envolvidos, de acordo com princípios de respeito, transparência e receptividade (Machado & Silva, 2015). Por parte das companhias privadas, é necessária a divulgação ampla, acessível e de fácil compreensão das informações relevantes sobre o processamento dos dados genéticos e eventuais alterações nos termos e políticas de serviços, a fim de garantir o consentimento pleno e válido. Por parte dos usuários, deve-se manter a atenção e a busca por esclarecimentos, a fim de avaliar continuamente o propósito daquele acordo privado. Por fim, por parte das forças policiais, fornecer auxílio na instrução da população em geral e, especificamente, dos usuários submetidos às buscas nas bases de dados sobre os riscos e benefícios da genealogia genética forense, a respeitar plenamente a privacidade e o arbítrio do indivíduo e de seus familiares.

Para garantir a transparência e retidão na aplicação da genealogia genética forense, alguns procedimentos expositivos devem ser padronizados e integrados. Considerando que a relação entre as companhias privadas e as forças policiais não está inteiramente regulada por padrões de qualidade e diretrizes normativas, a estratégia elementar para fortalecer a legitimidade deste método investigativo é difundir ao máximo as informações associadas, por intermédio, por exemplo, de informes públicos periódicos. *23andMe*, *Ancestry* e *Helix* são exemplos de empresas que já estabeleceram relatórios quadrimestrais ou anuais (Skeva et al., 2020). Todavia, tais informes autorrelatados devem apresentar indicadores padronizados, a incluir o detalhamento sobre o algoritmo, o tipo de sequenciamento genético aplicado para a criação dos perfis, as medidas de predição e probabilidade, entre outros.

O objetivo principal é fortalecer a confiabilidade do funcionamento das bases de dados genéticos recreativas, com a redução de erros e inconformidades que possam gerar resultados incorretos e, conseqüentemente, falhas na condução da investigação criminal (Ramjee et al., 2020). No mesmo sentido, as autoridades competentes deveriam emitir relatórios regulares para publicizar taxas de sucesso e fracasso, número de casos solucionados, empresas e profissionais envolvidos e outros dados acerca da aplicação da genealogia genética forense. Dessa maneira, melhorar-se-ia a transparência, responsabilidade e confiabilidade do método ao proporcionar informações relevantes que poderiam ser avaliadas e fiscalizadas por terceiros interessados.

3.3 A GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE PERANTE OS TRIBUNAIS

Faz-se necessário, a partir desse ponto, abordar uma outra vertente relevante no contexto da genealogia genética forense: o ADN como prova processual nos tribunais. Desde a década de 1990 do século XX, a prova de ADN se consolidou, apesar das controvérsias, nos tribunais da maioria dos países Europeus e da América do Norte (Hindmarsch e Prainsack, 2010). Contudo, isso aconteceu por referência à prova de identificação criminal obtida através do perfil genético (alcançada por via de comparação com perfis depositados em bases de dados genéticas forenses tuteladas pelo Estado ou por comparação direta entre um perfil obtido por colheita de material biológico de suspeito ou arguido e material biológico recolhido de cena de crime ou corpo da vítima). Em relação à prova obtida por via de genealogia genética forense, o debate académico, legal e jurídico está ainda em fase embrionária.

Com o desenvolvimento de uma sociedade “geneticizada” e tecnológica, a inteligência investigativa proporcionada pelas evidências genéticas ganhou um papel fundamental no contexto forense, diante da ampla expectativa sobre a capacidade das provas de ADN em responder questões relevantes para a investigação criminal de maneira rápida, clara e precisa (Williams & Wienroth, 2017). O potencial probatório da genética e das tecnologias associadas fortalecem a “fascinação científica” da sociedade e, no âmbito judicial, legitima um peso valorativo acrescido às evidências científicas, em comparação às outras evidências “convencionais”, tais como testemunhas e suas possíveis mentiras ou falhas de memória (Gennari, 2018).

Além do potencial técnico-científico em si, os holofotes mediáticos e as representações televisivas ficcionais constroem um fenômeno social denominado “efeito CSI”. O retrato heroico apresentado por populares séries e filmes policiais criam uma ideia utópica acerca das tecnologias de identificação genética, que simboliza a confiabilidade das máquinas e a infalibilidade das evidências genéticas. Embora não exista um consenso sobre a natureza do “efeito CSI”, a literatura relacionada associa a construção dessa ideologia não somente por séries e filmes, mas também por jornalistas, advogados, juízes, promotores públicos e policiais, os quais moldam a percepção pública sobre os procedimentos tecnológicos investigativos e sobre a “excepcionalidade” do ADN como figura promissora na investigação criminal (Williams & Wienroth, 2017; Machado & Granja, 2021).

O objetivo central dos estudos sobre o “efeito CSI” é compreender a influência dessa alegoria científica na sociedade em geral, e, principalmente, no panorama judicial. Considerando que a narrativa ficcional não representa estritamente a realidade dos procedimentos investigativos, esse enviesamento pode originar consequências preocupantes,

especialmente quando se transforma em decisões judiciais. Jurados e juízes são, primariamente, indivíduos suscetíveis a esta ideologia de superioridade e eficiência técnico-científica, o que pode ocasionar em uma valoração desproporcional das evidências genéticas em um processo judicial, bem como em uma decisão parcial e injusta (Gennari, 2018; Machado & Granja, 2021; Williams & Wienroth, 2017). Dessa forma, ressalta-se a extrema importância da transparência, da padronização e do cuidado com o processamento das evidências genéticas, desde a cadeia de custódia até a apresentação ao tribunal, para garantir a legitimidade e a validade dessa prova científica, a qual poderá alterar os rumos de um julgamento diante da grande influência ficcional no inconsciente coletivo.

Para além, a significância da evidência genética, especialmente aquela obtida por intermédio da genealogia genética forense, transcende o panorama nacional, diante de seus efeitos globais. As bases de dados recreativas apresentam uma expansão considerável a nível mundial, englobando mercados consumidores de inúmeros países e usuários de diversas nacionalidades. Ressalta-se que, com o aumento da quantidade de informações genéticas inseridas em tais sistemas, maior será a probabilidade de identificar familiares (próximos e distantes) com precisão, e, ao incluir indivíduos de diferentes origens geográficas, rompem-se as fronteiras nacionais. Em conjunto, a internacionalização do controle da criminalidade faz emergir preocupações sobre o alcance internacional da genealogia genética forense, o embaçamento dos limites de jurisdições competentes e as consequências éticas (Scudder et al., 2019).

A decisão individual de compartilhar o ADN em uma base de dados recreativa pode gerar efeitos abrangentes. Familiares residentes em diferentes países e sem qualquer interação direta e consciente com as companhias de testagem genética podem ser identificados através das buscas genealógicas e, assim, envolvidos em investigações de crimes cometidos em um país distinto (Kennett, 2019). Conforme destaque de Scudder e colegas (2019), ainda que estas conexões de parentesco sejam prontamente desconsideradas como suspeitas, há um risco de manutenção de tais registros em sistemas policiais e seu uso de maneira inadequada posteriormente. Emergem, ainda, questões sobre as possíveis consequências transnacionais, como a condenação de um indivíduo à pena de morte em um país com esta política (e.g., Estados Unidos da América), fundamentada pela identificação de um familiar residente em outro país e que não apoia a aplicação das penas capitais, o que poderia ser considerado um ultraje ético para os envolvidos.

Nesse sentido, importa refletir sobre a diluição dos marcos de jurisdição competente para investigar e julgar. Embora o número de usuários ainda seja maior nos Estados Unidos da América, os serviços de testagem genética já se tornaram uma febre mundial e, conseqüentemente, as buscas policiais abrangem mais nacionalidades, adentrando distintas jurisdições. O uso da genealogia genética forense como método investigativo não atingiu um consenso internacional de aprovação e regulação, e, no intuito de garantir a legitimidade do procedimento e de seus resultados, a determinação da competência das autoridades policiais para realizarem a investigação criminal e do juízo para julgar o processo penal em voga deverá ser prioritária, para que, a partir disso, as normativas e procedimentos vinculados sejam devidamente estabelecidos e respeitados no decorrer dos trâmites jurídicos.

Com atenção ao cenário europeu, o compartilhamento transfronteiriço de informações genéticas já é uma realidade, fundamentada na estrutura e procedimentos estabelecidos no Sistema Prüm (Machado & Granja, 2021). Este intercâmbio está voltado para as bases de dados genéticos forenses, administradas por autoridades estatais, para combater a criminalidade internacional com base na troca de formas especiais de inteligência investigativa (Williams & Wienroth, 2017). Essa concepção de integração e internacionalização do controle da criminalidade converge com o movimento expansionista da genealogia genética forense, sobretudo com o aumento do número de usuários provenientes do continente europeu nas bases de dados recreativas.

Após o sucesso na identificação de quatro entre dez doadores voluntários, o estudo empírico realizado por Jim Thomson e colegas (2020) concluiu que, embora ainda exista uma super-representação de usuários estadunidenses nos sistemas, há um evidente potencial para identificar indivíduos de fora dos Estados Unidos da América. Todos os voluntários eram residentes no Reino Unido por, pelo menos, três anos e, a partir do uso da genealogia genética forense, foi possível identificar quatro deles por indicadores como o nome ou como um conjunto de irmãos, com destaque para a identificação de um voluntário com linhagem indiana.

Diante das circunstâncias individuais favoráveis, a probabilidade da correta identificação de europeus aumenta expressivamente, também em razão das origens ancestrais, do processo de colonização europeia na América a partir do século XVI e dos fluxos migratórios internacionais. Assim sendo, a aplicação estendida e habitual da genealogia genética forense desponta para um futuro cada vez mais próximo e, concomitantemente, os reflexos de seus resultados chegarão de modo brusco aos tribunais, os quais necessitarão de diretrizes para lidar adequadamente com esta nova realidade.

3.4 AS CONTROVÉRSIAS TÉCNICO-CIENTÍFICAS E OS POSSÍVEIS ERROS ASSOCIADOS

Os debates relacionados à aplicação da genealogia genética forense como método estandardizado de investigação criminal abrangem diversos pontos controversos e um deles é o elemento técnico. A utilização forense de informações genéticas coletadas essencialmente para fins recreativos e armazenadas em bases de dados genéticos administradas por empresas privadas faz emergir questionamentos acerca da confiabilidade e validade dos resultados alcançados por intermédio deste método. Diferente dos protocolos e regras estabelecidos em consenso para a manutenção das bases de dados forenses e estatais, a genealogia genética forense ainda carece de normatização de seus procedimentos técnicos para atingir uma uniformização de processos e resultados.

Nesse sentido, existem múltiplas possibilidades de erros no campo técnico-científico. A construção da árvore genealógica é uma etapa fundamental no processo investigativo genealógico e depende não somente das combinações genéticas identificadas, mas também das informações complementares disponíveis e reunidas para análise. Para obter sucesso, a técnica da triangulação necessita combinar diversas fontes de informações para identificar corretamente os indivíduos dentro de uma família, entretanto, pode-se encontrar diversos obstáculos. Registros públicos indisponíveis, incompletos ou incorretos, por exemplo, ausência de dados sobre imigrantes, paternidades atribuídas erroneamente, arquivos danificados ou ocultados, poderão conduzir a investigação criminal a graves equívocos (Greytak & Moore, 2018; Greytak, Moore & Armentrout, 2019).

Outro ponto relevante da genealogia genética forense é a necessária identificação de familiares de diferentes graus de parentesco. A construção do perfil genético é realizada através da técnica SNP (em inglês, *Single Nucleotide Polymorphisms*), isto é, a análise dos marcadores polimórficos de nucleotídeos únicos. A partir disso, o algoritmo do sistema automatizado de dados genéticos fará um rastreo por combinações, representadas pelo compartilhamento de tais marcadores entre diferentes perfis. Diante de uma combinação, a variação da quantidade de marcadores compartilhados indicará o grau de proximidade daquela conexão familiar. Todavia, além dos múltiplos níveis de parentesco possíveis, cada nível contém muitos tipos de ligação, por exemplo, um familiar identificado como pertencente ao segundo grau poderá ser avô/avó, tio/tia, sobrinho/sobrinha, neto/neta ou meio-irmão/meia-irmã do indivíduo em referencial

(vide Figura 2). Isto posto, quanto mais distante é grau de parentesco, maiores são as chances de identificações e correlações incorretas (Greytak & Moore, 2018; Greytak et al., 2019).

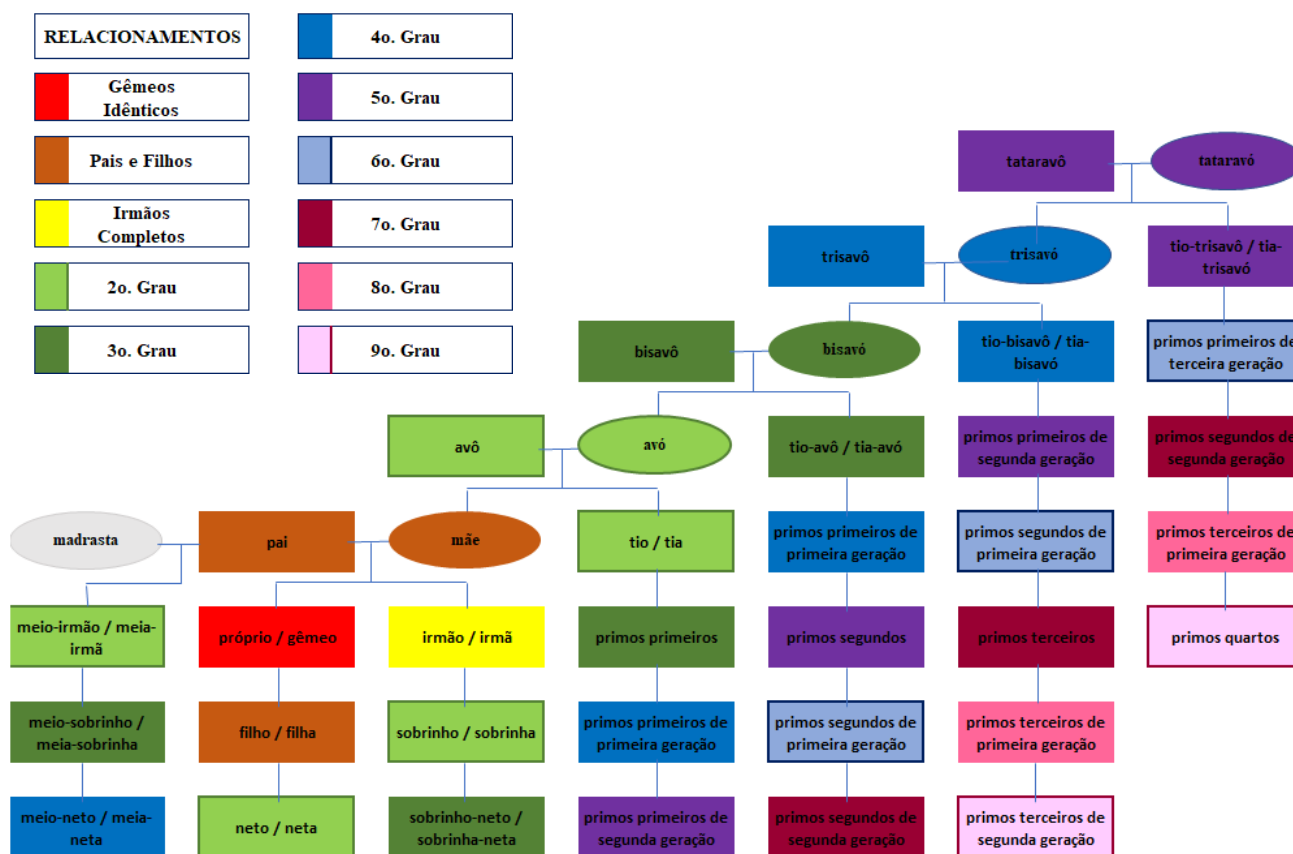


Figura 2. Árvore genealógica e os graus de parentesco, conforme expectativa da quantidade de ADN compartilhada. Cada grau de parentesco é definido em referência ao quadrante vermelho “próprio/gêmeo”.

Elaborada pela autora, adaptado de Greytak, E. M., Moore, C., & Armentrout, S. L. (2019). Genetic genealogy for cold case and active investigations. *Forensic science international*, 299, 103-113.

Pesquisadores da Universidade da Califórnia realizaram um estudo com dados simulados e demonstraram que os protocolos algorítmicos usados no estado da Califórnia apresentam uma alta probabilidade de identificar uma combinação familiar de primeiro grau (aproximadamente 80%-99%). Entretanto, a confiabilidade da identificação de parentes mais distantes diminui, diante da probabilidade substancial de erro, a citar como exemplo uma possível combinação falsa num grau de distância maior que o primeiro grau (Rohlf, Murphy, Song & Slatkin, 2013). Tais inexatidões possuem origem nos algoritmos utilizados para analisar as combinações genéticas, visto que são fundamentados no cálculo da razão (*ratio*) de probabilidade extraídas de dados simulados, no qual há uma comparação entre probabilidades de relação ou não-relação familiar entre genótipos e a criação de um índice de parentesco como guia interpretativo (Ramjee & Ringrose, 2020).

O compartilhamento de determinada quantidade de ADN entre indivíduos nem sempre indica o mesmo resultado. Existem influências externas e progressas que podem alterar os níveis de parentesco e duas merecem destaque: endogamia e colapso de pedigree. Populações fundadas por um número restrito de indivíduos podem apresentar uma baixa diversidade genética e elevado parentesco de ascendentes, e isso pode ter origem na endogamia (ou consanguinidade), prática caracterizada pela reprodução entre indivíduos de uma mesma linhagem familiar ou um grupo isolado geneticamente, bem como pelo colapso de pedigree, que, por sua vez, está relacionado ao casamento e reprodução entre as mesmas famílias durante muitas gerações. As referidas práticas resultam na considerável inflação da quantidade de ADN compartilhado entre os familiares descendentes e, conseqüentemente, podem dissimular e confundir a análise genealógica genética numa investigação criminal (García, 2021; Greytak & Moore, 2018; Greytak et al., 2019).

No domínio das bases de dados recreativas, a construção do perfil genético a partir da análise SNP difere em pontos significativos dos perfis de ADN criados para alimentar as bases de dados forenses (STR). Primeiramente, as companhias privadas de testagem genética recebem de seus clientes uma significativa quantidade de amostra de material biológico (e.g., saliva) de alta qualidade e de fonte única e conhecida. Enquanto isso, as amostras forenses são obtidas, comumente, em pequenas quantidades de ADN degradado, possivelmente contaminadas com o material genético de outros indivíduos, por exemplo, da vítima (Greytak et al., 2019; Machado & Granja, 2021).

A quantidade e qualidade da amostra obtida influencia diretamente na análise genética e em seus resultados. Para a extração de um perfil SNP, requer-se o mínimo de 20 ng de ADN, enquanto, em muitos casos, os vestígios forenses de ADN obtidos são 1 ng ou menos. Para além da quantidade, o sucesso da análise depende, igualmente, de outros fatores associados. A existência de degradação ou mistura são fatores importantes para a análise, bem como a fonte do material genético, que, para uma melhor *performance*, as origens ideais são sémen, sangue ou ossos (Guerrini, Wickenheiser, Bettinger, McGuire & Fullerton, 2021). A título de exemplo, no caso *Golden State Killer*, os vestígios genéticos do ofensor foram obtidos a partir de amostras de sémen coletadas em exames das vítimas, entre as décadas de 1970 e 1980. A construção do perfil SNP deste ofensor precisou enfrentar alguns níveis de deduções, diante da limitada quantidade de amostra, da contaminação de fontes e da possível degradação das amostras ao longo das décadas (Phillips, 2018).

A própria técnica STR, largamente estabelecida para a criação dos perfis genéticos das bases de dados estatais a nível global, vem sendo aperfeiçoada, a fim de aumentar a sensibilidade para análise de amostras degradadas e em pequena quantidade, a citar como exemplo, a extração de ADN a partir de objetos tocados (e.g., munições, batom usado, comida mordida) (Kayser & De Knijff, 2011). Entretanto, conforme palavras de Chris Phillips (2018), “[p]odemos estar testemunhando o surgimento da genealogia genômica como um campo completamente novo na genética forense – que usa o bloco de haplótipo estendido, não STRs, como o marcador forense de escolha” (tradução livre). Essa transformação é relevante por diversas razões, em especial pelo acesso policial à uma gama extensa de informações genéticas disponibilizadas pela análise SNP do genoma humano.

Todavia, o salto tecnológico necessário para criar o perfil SNP, com o aumento exponencial de marcadores polimórficos a serem examinados, não foi acompanhado pelos laboratórios forenses oficiais, os quais ainda não possuem integralmente a estrutura bioinformática e competências técnico-analíticas requeridas para implementar essa mudança (Phillips, 2018; Scudder, Daniel, Raymond & Sears, 2020). Portanto, as autoridades estatais seguem dependentes da tecnologia e dos serviços oferecidos por profissionais autônomos, laboratórios privados, tal como *Parabon NanoLabs*, e das bases de dados genéticos administradas por companhias comerciais privadas (Ramjee & Ringrose, 2020). Dessa forma, para o desenvolvimento da genealogia genética forense como método investigativo, mostra-se necessária uma reformulação completa dos critérios e padrões técnicos, profissionais e regulatórios estabelecidos anteriormente para o perfilamento genético.

Por fim, um aspecto técnico determinante para o desenvolvimento adequado deste novo método forense é a segurança computacional das bases de dados genéticos recreativas. O vazamento de tais informações sensíveis pode ter origem em falhas internas nas configurações dos sistemas eletrônicos, profissionais negligentes, ataques de *hackers*, entre outros. As consequências se agravam perante a violação do direito à privacidade e à proteção de dados sensíveis, e, com a possibilidade de re-identificação dos dados genômicos, o uso discriminatório dessas informações é um risco iminente, sobretudo no contexto empregatício ou na concessão de seguros de saúde, além de comprometer a validade dos resultados de uma investigação criminal (Berkman, Miller & Grady, 2018; García, 2020; Kennett, 2019; Naveed et al., 2015).

Em destaque, a possibilidade de falhas e violações de privacidade foram identificadas no sistema da empresa *GEDmatch*. Os riscos à segurança dos dados cresceram à medida em que seu sistema informacional se expandiu, expondo suas fragilidades na prevenção a ataques

de *hackers* e o fraco protocolo de mitigação de danos (Kennett, 2019). E tais previsões se concretizaram em 2020, quando uma brecha no sistema *GEDmatch* permitiu o acesso das forças policiais às informações genéticas de todos os usuários, inclusive aqueles que escolheram ocultar seus perfis para os fins investigativos, evidenciando uma grave violação de privacidade (Murphy, 2020). Embora não tenha sido possível mensurar com exatidão quais informações foram expostas, estima-se que três principais tipos de dados foram alvo do ataque: 1. genótipos SNP que não estavam disponíveis *on-line*; 2. número dos *KITs* e as associações genéticas relacionadas a cada um deles; e 3. nomes e endereços de *e-mail* dos usuários (Kling et al., 2021). Para além, outras falhas já permitiram, por exemplo, a divulgação imprópria de dados sobre um “informante genético”, após sua identificação ser revelada em um mandado de busca e apreensão (Kennett, 2019).

A genealogia genética forense apresenta uma contínua dependência do desenvolvimento de soluções tecnológicas para a proteção informacional. Apresentam-se como opções técnicas na construção de *softwares* a criptografia e a ofuscação, mecanismos que criam um código-fonte para dificultar o entendimento e impossibilitar o uso das informações, caso ocorra um vazamento dos dados (Naveed et al., 2015). Mais especificamente, os protocolos de de-identificação aplicados às bases de dados genéticos recreativas prezam pela viabilidade segura do acesso. A “tokenização” (em inglês, *tokenization*) é um processo aplicado às sequências genéticas, que consiste em substituir um elemento confidencial por um equivalente denominado “token”, sem valor extrínseco ou explorável, e, assim, alcançar a pseudonimização das informações genéticas, isto é, impossibilitar a associação daquele dado genético, direta ou indiretamente, a um indivíduo, senão pela junção a uma informação adicional apartada (Ramjee & Ringrose, 2018).

O fortalecimento de tais técnicas de segurança informacional visa impedir a identificação indesejada dos titulares dos dados genéticos, preservar sua privacidade e afastar as ameaças associadas. Ameaças que vão além dos referidos pontos legais, jurídicos e técnicos, ao revelar consideráveis preocupações vinculadas aos aspectos bioéticos que afloram da integração entre ciência, família e controlo social, promovida pela genealogia genética forense. Em seguimento, abordar-se-á esta conjuntura de inquietações éticas e, a partir de dados empíricos relacionados ao método FGG, sintetizar-se-á, sob uma ótica reflexiva, uma série de recomendações para o progresso adequado desta ferramenta investigativa.

CAPÍTULO 4: O ESCRUTÍNIO BIOÉTICO SOBRE A GENEALOGIA GENÉTICA INVESTIGATIVA E O DISCERNIMENTO CRÍTICO PARA O FUTURO

4.1 DATAVEILLANCE – A VIGILÂNCIA GENÉTICA NA SOCIEDADE DOS “MEGA DADOS”

Um dos principais desafios da ciência é explicar as causas do crime. Neurobiologia, Psicologia, Psiquiatria, Sociologia, Biologia e diversas outras especialidades investigam incessantemente os motivos que conduzem um indivíduo à conduta antissocial, e, mais especificamente, as possíveis predisposições biológicas para isso. Dentro desse contexto, a Genética desponta como uma área promissora dentre os estudos da “Biocriminologia” para revelar tais razões, e para além da análise individualizada, de acordo com Helena Machado (2017), “a família surge como um elemento mediador entre o biológico e o social, que tanto é utilizado para reforçar a ideia de hereditariedade biológica como para matizar pressupostos deterministas pela inovação dos fatores sociais de risco”. Do exame intrínseco do ADN ao papel interrelacional do indivíduo dentro de uma rede familiar, o entrecruzamento da família e a criminalidade é um tópico evidenciado num contexto biossocial, no qual a ciência e a política se constroem mutuamente.

Nessa construção integrada entre ciência e política, emerge a conexão entre poder, controle e vigilância. Democracias liberais estão constantemente testemunhando o desenvolvimento de novos regimes de controle, especialmente relacionados à criminalidade, e a disseminação das redes de vigilância nas mais diversas esferas da vida privada e da vida social foi objeto de atenção de Nikolas Rose, o qual, ainda no início do século XXI, já havia percebido a “securitização da identidade” como uma estratégia de controle (Rose, 2000a). Para esta identidade – personalidade, capacidades, paixões e as forças mobilizadoras -, buscam-se explicações em termos biológicos, sobretudo pela configuração genética, com especial atenção para o comportamento criminal (Rose, 2000b). Portanto, esta relação poder-controle-vigilância é explicitada em novos formatos, no contexto forense atual: o poder soberano estatal, em busca do controle da criminalidade, expande suas estratégias, as quais, acompanhadas pelos avanços técnico-científicos, aprofundam o monitoramento dos indivíduos por intermédio de diversas ferramentas, dentre elas a vigilância genética.

O papel do ADN no controlo da sociedade contemporânea guia a organização de diversas estruturas estatais, fundamentadas na biociência e em dispositivos tecnológicos que tomam como foco o corpo humano. Tal vigilância genética reflete a postura antecipatória da

sociedade de risco (Beck, 1944; Giddens, 1990; Wiedemann, 2021), na qual destacam-se dois vetores significativos para o controle social e a gestão da confiança pública pelo Estado: inovações tecnológicas e científicas aplicáveis ao sistema de justiça criminal e, por outro lado, acumulação, informatização e obtenção de quantidades maciças de dados sobre os cidadãos (Machado & Granja, 2021). E não restrito, o caráter permanente e contínuo da vigilância genética é potencializado, ao expandir-se de maneira ostensiva a nível global, com o compartilhamento transfronteiriço de informações biométricas.

Em busca de novas estratégias de inteligência, a vigilância social foi expandida em projetos tecnológicos de recolha em massa de dados, em destaque os dados genéticos e seu processamento em bases de dados estruturadas e sistematizadas. Inicialmente com o perfilamento genético e as bases de dados genéticos forenses estatais, a governança do crime nas sociedades contemporâneas ganhou novos caminhos com o desenvolvimento de modernas biotecnologias genéticas e seus frutos. Ao lado da fenotipagem forense de ADN (FDP, do inglês, *forensic DNA phenotyping*) e da pesquisa familiar nas bases de dados genéticos forenses (em inglês, *familial searching*), a genealogia genética forense (FGG) é um exemplo da expansão significativa do escopo e do impacto da vigilância genética, ao estender a rede de pessoas que podem ser inspecionadas (Machado & Granja, 2021). A aplicação da genealogia genética como método investigativo é possível e oportuna em razão da concentração maciça de dados pessoais, sobretudo genéticos, contidos nas bases de dados recreativas comerciais, que permite a identificação de suspeitos a partir de suas conexões familiares.

Nesse sentido, emerge a “vigilância de dados” (em inglês, *dataveillance*), definida por Roger Clarke (1988) como “o uso sistemático de sistemas de dados pessoais em investigações e monitoramento de ações ou comunicações de uma ou mais pessoas”, patrulhamento que se apoia em avanços tecnológicos como *Big Data* (em português, mega dados). Entende-se *Big Data* como o fenômeno que, a partir da tecnologia digital, coleta, armazena e analisa um conjunto massivo de dados, com elevado nível de completude e com origem em diversas fontes; área do conhecimento que vem passando por largas sofisticações com o desenvolvimento da Internet e das tecnologias informáticas. Com uma essência baseada em três “V” – volume, velocidade e variedade -, seus resultados revelam crescente importância à serviço da segurança pública, da vigilância e da investigação criminal, visto que pode apresentar uma natureza preditiva e antecipatória do risco, bem como produzir inteligência forense (Chan & Moses, 2015; Ferguson, 2017; Machado & Granja, 2021; Neiva, 2021).

Embora o objetivo seja legítimo para a garantia da segurança e o auxílio do controle da criminalidade, receios associados ao *Big Data* perpassam pela possibilidade de fragilizar princípios fundamentais das sociedades democráticas, e, por isso, seu uso exige (re)formulação de regras éticas, legais e sociais (Neiva, 2021; Neiva & Machado, 2021). Deve estar adequado aos princípios da legalidade, da responsabilidade e da transparência (Moses & Chan, 2014), bem como prezar pela qualidade dos dados analisados, observando as importantes características da integridade dos dados: precisão, completude, consistência, uniformidade e validade (Ramjee & Ringrose, 2020; Scudder et al., 2019). Assim, evitam-se erros e enviesamento do algoritmo, e, conseqüentemente, discriminação e violação de direitos fundamentais, tais como liberdade, privacidade e proteção dos dados pessoais (Neiva et al., 2022). Não se olvida que a análise massiva de dados genéticos pode produzir dois impactos negativos, ao perpetuar vulnerabilidades e desigualdades sociais por acentuar a vigilância sobre determinados indivíduos e grupos estigmatizados, bem como ampliar as redes de controlo social já existentes, intensificando o monitoramento contínuo da população no geral (Neiva, 2021).

O crescimento da retórica da “lei e ordem” está legitimando a excedida implementação das tecnologias de dados de ADN, em direção a uma vigilância policial agressiva e absoluta, com o aumento do risco não somente para indivíduos e grupos socialmente vulneráveis (minorias raciais e religiosas, imigrantes, pobres etc.), mas para toda a população, submetida às tensões da integração entre poder estatal, controle social e vigilância genética (Ferguson, 2017). Destaca-se o fortalecimento da vigilância genética e seus potenciais desvirtuamentos, pelas palavras de Martins, Granja e Machado (2017):

“Em particular, os dados evidenciam como a monitorização transnacional de “populações suspeitas” através de tecnologias de ADN envolve a produção de uma ampla gama de “novas” formas de controlo social que atuam sob o auxílio da neutralidade da ciência e tecnologia. Não obstante o seu carácter inovador, estas tecnologias acabam, contudo, por (re)construir categorias que agregam novas e “velhas” formas de suspeição e discriminação.” (p. 9)

O monitoramento dos corpos por intermédio do fluxo de informações genéticas está diretamente relacionado com a genealogia genética forense. A rápida expansão das bases de dados de ADN recreativas e o uso desse oceano de dados genéticos em investigações criminais manifesta uma nova camada de inquietação ética. No tocante à FGG, esta vigilância genética, como um viés do *dataveillance*, torna-se mais fluída, omnipresente e oculta, a observar a possibilidade de identificar indivíduos e conexões familiares a partir de seus dados pessoais, de forma extensiva e, em muitos casos, sem o consentimento expresso e informado das pessoas

envolvidas nas investigações criminais. Essa instrumentalização do genoma humano em favor da governança do crime, a partir de dados recolhidos com outras finalidades, poderá, a médio-longo prazo, contribuir para o enrijecimento contínuo da vigilância estatal e para a construção de novos grupos sob suspeição e discriminação, mais especificamente, grupos familiares.

4.2 “HEREDITARIEDADE CRIMINAL” – O RISCO DE UM NOVO DETERMINISMO BIOGENÉTICO

A evolução das tecnologias de análise genética e seu enraizamento no âmbito investigativo trazem à superfície uma série de riscos associados a este escrutínio policial. A genealogia genética forense é um exemplo das novas biotecnologias que alimentam o debate científico e ético sobre a interferência em investigações criminais e o reforço de ameaças já relacionadas anteriormente com os bancos genéticos estatais, entre as quais estão a discriminação, marginalização e criminalização de determinados indivíduos e grupos (Duster, 2004; Machado & Granja, 2022). Ademais, um perigo diretamente relacionado à genealogia genética forense é a estigmatização de grupos familiares inteiros, submetidos à perícia genética justificada por um ADN suspeito, alastrando, assim, a perseguição criminal a todo um emaranhado de parentescos.

Esta estigmatização familiar em união com a “genetização” do comportamento criminal pode legitimar a retomada alarmante de algumas teorias biodeterministas. Cabe citar, como referência, a eugenia. No início do século XX, surgiu um movimento de pensamento, científico e social, no seio da alta sociedade estadunidense, que, com base em premissas do darwinismo social, no princípio da hereditariedade e em probabilidades estatísticas, oferecia explicações científicas para questões sociais, defendendo a eliminação biológica daqueles indivíduos considerados incapazes e malquistos. A partir da análise dos padrões reprodutivos, a eugenia (termo derivado do grego “bem-nascido”) defendia a erradicação de “maus” genes, a partir de segregação social, controle de natalidade, formações familiares impostas, esterilização forçada, e até eutanásia. Esta busca radicalizada por um “melhoramento” da espécie humana tentava impedir novas gerações de pessoas pobres, com deficiências físicas ou mentais, de minorias raciais e étnicas, entre outras características desprezadas, que eram compreendidas, em sua maioria, como herança genética (Duster, 2004; Levine, 2017; Quevedo, 2021; Williams, 2020).

Esta higiene racial, capacitista e estratificada foi uma vivência recente e reprovável na história internacional. Embora as teorias eugênicas tenham caído no obscurantismo científico

(Machado, 2015), o desenvolvimento de novas tecnologias científicas permitiu que a busca por predisposições biológicas para determinadas características e comportamentos fosse realizada no campo da genética. Desde a década de 1980, estudos entre genética e criminologia almejam a identificação de genes específicos que aumentam a propensão de um indivíduo a condutas antissociais e, a partir do século XXI, o grande salto nas tecnologias biométricas permitiu o avanço das teorias biogenéticas, atualmente sofisticadas a nível molecular. Cabe ressaltar que a espécie humana carrega a mesma sequência em 99,9% dos genes, apresentando apenas uma pequena fração com distinções entre as pessoas, chamadas “polimorfismos genéticos”. É nessa parte singular do genoma que reside o foco sobre o comportamento desviante, o qual é influenciado pela interação dos genes com os fatores de risco do ambiente social e os traços psicológicos do indivíduo (Barnes, Boutwell & Beaver, 2015; Machado & Granja, 2021).

Com especial visibilidade, inúmeras pesquisas científicas foram desenvolvidas nas duas últimas décadas com objetivo de compreender o efeito do gene MAO-A no comportamento humano. A ausência ou baixa eficiência deste gene, apelidado “gene guerreiro”, origina uma desregulação nos níveis de serotonina e outros neurotransmissores, o que promove uma predisposição a depressão, atos de violência e outros comportamentos de risco (e.g., alcoolismo, abuso de drogas, impulsividade) (Machado, Samorinha & Santos, 2017). Para além, conforme destaque de Adrian Raine (2008), homens com um polimorfismo variante do gene MAO-A apresentam uma redução de determinadas estruturas do cérebro conectadas às emoções, o que conduz à conclusão de que anormalidades genéticas podem resultar em anormalidades no cérebro, que, por sua vez, podem resultar em anormalidades emocionais/cognitivas/comportamentais, dentre elas, a conduta criminosa.

Teorias biogenéticas como esta podem resultar na estigmatização de indivíduos e grupos específicos, que podem ser reduzidos a um diagnóstico genético. Por outro lado, a apresentação de testes genéticos como estratégias de defesa perante o sistema judicial criminal pode mitigar os princípios da autonomia da vontade, racionalidade e culpabilidade, ao servir como uma “explicação” para determinado comportamento criminoso e, conseqüentemente, a mitigação da reponsabilidade, com base em uma composição genética determinista. “Um gene mau é um gene mau”, disse Debbie Beatty, uma das juradas que julgou e atenuou a culpa de David B. Waldroup, em 2009, acusado de duplo homicídio, no primeiro caso da história da justiça criminal dos EUA no qual um teste genético associado à disfunção do gene MAO-A foi usado com sucesso para atestar a suscetibilidade para o desvio antissocial e reduzir a pena do acusado (Machado, Samorinha & Santos, 2017).

A exposição destes exemplos práticos visa ilustrar teorias e práticas biogenéticas, passadas e ainda em progresso, que revelam diferentes facetas da conexão entre genética, comportamento antissocial e estigmatização coletiva. O conceito de biossocialidade criado por Paul Rabinow (1996) aborda essa conexão, pelo resumo de Rafaela Granja (2017), “a biossocialidade diz respeito à formação de relações sociais e à produção de configurações identitárias técnico-científicas com base em condições biológicas”. No tocante à genealogia genética forense, deve-se manter atenção aos riscos associados, visto que os avanços técnico-científicos no campo biogenético abrem horizonte para o desenvolvimento de novos estudos criminológicos, cujo objetivo é identificar, através do ADN, genes relacionados com o comportamento criminal, e, para mais, investigar a relevância da correlação entre herança genética, criminalidade e família (Granja, 2017).

Desenvolvendo uma visão especulativa para o futuro, a relação entre a biologia do comportamento criminal e os interesses privados das empresas DTC pode conduzir a novos e irrefletidos desdobramentos da genealogia genética forense. Tais companhias podem desenvolver, com objetivos de lucro, novos serviços e testagens genéticas com a promessa de identificar genes que possam, por exemplo, revelar disfunções no gene MAO-A e detectar, com base em teorias biodeterministas predisposições ao comportamento antissocial. Ademais, a incipiente regulação normativa pode admitir que os dados genéticos contidos nas gigantescas bases recreativas, com altíssima riqueza informacional do genoma humano, sejam compartilhados, de forma gratuita ou remunerada, com possíveis interessados nestas informações genéticas, em destaque pesquisadores de diferentes áreas de estudos, especialmente da Criminologia, cujo intuito poderia ser desenvolver estudos biogenéticos sobre a conduta antissocial a partir dos dados genéticos de amplo alcance populacional, e, em específico, a partir da identificação de indivíduos e ligações familiares sob suspeição criminal.

A nível interpessoal, a genealogia genética forense, ao fundamentar-se nas conexões de parentesco para identificar suspeitos, enfrenta a possibilidade de estender o estigma desviante aos familiares identificados por intermédio desse método investigativo. Esta preocupação já vem sendo observada no universo relacionado à pesquisa familiar (*familial searching*), que, ao buscar combinações parciais de ADN (geralmente pais, filhos/as ou irmãos/ãs), almeja identificar suspeitos por intermédio de indivíduos com perfis de ADN já inseridos nos repositórios estatais (Granja, 2017). Similarmente, o aproveitamento das associações genéticas para o auxílio investigativo é identificado na FGG, que vai além ao expandir de maneira significativa o potencial de identificação de ligações de parentesco.

Revela-se, portanto, um acréscimo no risco de reforçar perspectivas que indicam prevalência do comportamento criminal em determinadas famílias, num panorama de hereditariedade e padrões intergeracionais; acréscimo no risco de enrijecer a marginalização e a vigilância sobre grupos associados geneticamente com um indivíduo suspeito; e acréscimo no risco de despersonalizar indivíduos e famílias e reduzi-los à sua constituição biogenética.

Observando a “biologia da culpabilidade”, Nikolas Rose (2006) ressalta a nova configuração do controle na biopolítica, que se tornou a “política molecular”, e resume a preocupação de sociólogos sobre o desenvolvimento de estudos contemporâneos sobre as (in)capacidades humanas, sob o viés biogenético, com a advertência dos perigos de um novo determinismo – “geneticismo” – fundamentado numa falsa, porém sedutora mística sobre o poder dos genes. A identificação do “risco genético” (Williams & Wienroth, 2017) para auxiliar o controle da criminalidade pode beneficiar-se, de muitas maneiras, do acesso às bases de dados genéticos recreativas, pela riqueza de informações genéticas e capacidade de alcançar um número ainda maior de indivíduos por relações de parentesco. A genealogia genética forense, sob a ótica criminológica, poderá servir como base para o (re)surgimento de teorias biodeterministas para o comportamento desviante, sobretudo aquelas que envolvem paradigmas de linhagem familiar, bem como pode apresentar traços de estigmatização de grupos de parentesco em razão da mera conexão genética, fundamentados no determinismo biológico, na política molecular e na “hereditariedade criminal” (Granja, 2017).

4.3 EQUIDADE DIANTE DAS DISPARIDADES RACIAIS E ÉTNICAS - OTIMISMO OU ILUSÃO?

Em observação à genealogia genética forense, coloca-se em evidência uma das principais diferenças entre os bancos de dados genéticos forenses e as bases recreativas: a composição racial e étnica. Normas legais semelhantes ao redor do mundo determinam que os bancos de dados forenses devem ser alimentados, majoritariamente, com perfis genéticos de indivíduos suspeitos e condenados criminalmente.

As notórias disparidades identificadas no seio do sistema judicial criminal são refletidas nas altas taxas de encarceramento de minorias raciais e étnicas, o que, conseqüentemente, desequilibra a formação dos bancos genéticos estatais tradicionais (Scudder, 2019). Nos Estados Unidos da América, a título de exemplo, em 2010, 27% do total de adultos presos eram pessoas negras, enquanto a população negra compunha apenas 12% da população estadunidense (Ramjee & Ringrose, 2020). Em 2020, a probabilidade de um homem

negro com idade entre 18 e 19 anos ser preso era 12.5 vezes maior que a probabilidade de um homem branco na mesma faixa etária (U.S. Department of Justice, 2021). Dessa forma, a super-representação das populações negra e latina fortalece um viés discriminatório sobre determinados grupos sociais minoritários.

Em contraste, parte da literatura ressalta uma ideia otimista baseada na possibilidade de as bases de dados genéticos recreativas serem um contrabalanço para essas disparidades. No panorama investigativo, o enviesamento racial e étnico presente nos bancos forenses seria equilibrado pela super-representação de indivíduos com ancestralidade europeia, principalmente do norte da Europa, contida nas bases de dados recreativas. A expansão do alcance policial aos perfis genéticos de pessoas caucasianas e com melhores condições financeiras, bem como de seus familiares e antepassados, é vista como um método fértil de remediar tais discrepâncias (Court, 2018; Erlich et al., 2018; García, 2020; Greytak et al., 2019; Machado & Granja, 2021; Ram et al., 2018).

Não obstante, autores dissonantes afirmam que o puro aumento do número de perfis caucasianos pesquisáveis não reduz efetivamente o policiamento e vigilância excessivos sobre as minorias raciais e étnicas. Embora seja notória a melhora na identificação criminal de indivíduos euro-descendentes com a expansão de informações genéticas disponibilizadas, as disparidades discriminatórias presentes no sistema judicial criminal, reconhecidas mundialmente, não serão neutralizadas de forma automática (Ramjee & Ringrose, 2020; Machado & Silva, 2022). O enviesamento das buscas genéticas estatais seguirá atento às comunidades estigmatizadas e a super-representação de determinados grupos merece uma avaliação crítica, sobretudo no que toca à discriminação, vigilância e negligência estatal.

4.4 O PRESENTE E O FUTURO DA GENEALOGIA GENÉTICA FORENSE – PONDERAÇÕES CRÍTICAS SOBRE SEU APERFEIÇOAMENTO

A contribuição da genealogia genética forense para a resolução bem-sucedida de investigações criminais é manifesta e promissora. A indicação de possíveis suspeitos e exoneração de inocentes, especialmente nas investigações dos *cold cases*, que por décadas não encontraram desfecho, revelam um caráter restaurativo e esperançoso para a sociedade em geral, que, diante dos êxitos na persecução penal, deposita mais confiança nos métodos policiais e no sistema judicial criminal. Diante da total ausência de pistas ou de um oceano de indivíduos sob suspeita, a FGG oferece um estreitamento das possibilidades ao revelar novos caminhos de investigação, especialmente para crimes graves, como homicídio e violência sexual,

contribuindo para a governança e controle do crime e para a prevenção de novas ocorrências de vitimação e consequentes danos emocionais, físicos e sociais (García, 2021; Greytak et al., 2019; Kennett, 2019; Skeva et al., 2020; Williams & Wienroth, 2017).

Ressalta-se a densa pesquisa de Tracey Leigh Dowdeswell (2022), na qual reuniu e descreveu as principais características dos casos solucionados com a aplicação da genealogia genética forense até 31 de dezembro de 2020. A partir de informações disponíveis publicamente, a citar mais de 880 artigos, publicações em *blogs*, comunicados de imprensa e registros judiciais, a revisão sistemática da autora reuniu 436 casos individuais e produziu um abundante conjunto de dados e resultados. Numa análise global, 431 casos foram localizados nos Estados Unidos da América, 3 no Canadá e 2 na Suécia. Em destaque, 350 dos casos referem-se a investigações criminais, em sua maioria relacionadas aos crimes de homicídio e violência sexual, e 82 casos de identificação de restos mortais. Restrito aos EUA, 43 dos 50 estados conduziram investigações com FGG, a maior parte na Califórnia, e 75% dos crimes cometidos apresentavam a violência sexual como motivação principal. Ademais, identificaram-se casos com falhas processuais e consequentes prisões e condenações injustas, dentre os quais 4 indivíduos foram condenados erroneamente em juízo por crimes solucionados posteriormente por meio da FGG.

Para além, 84% das vítimas eram do sexo feminino, dentre as quais 49% possuíam ancestralidade europeia e 29% pertenciam a grupos considerados vulneráveis (idade igual ou menor a 19 anos; idade igual ou maior a 65 anos; deficiências físicas ou mentais; trabalho em prostituição; e pessoas transgênero). Enquanto isso, a esmagadora maioria dos suspeitos era de indivíduos do sexo masculino (89%), jovens (com idade abaixo de 35 anos), com ancestralidade europeia (79%), e mental e fisicamente saudáveis na época do cometimento dos crimes. Uma informação interessante revelada foi que 11% dos suspeitos foram membros de uma força de segurança pública (militares, policiais ou bombeiros), status e habilidades que podem ter afastado suspeitas e subjugado vítimas; característica apresentada por Joseph DeAngelo, a.k.a *Golden State Killer*, que era um oficial da polícia na época do cometimento dos crimes.

Sob uma ótica favorável e otimista, a genealogia genética apresenta, desde a sua inserção no contexto forense como um método de investigação criminal, resultados encorajadores. Transparece o papel crucial da FGG na elucidação de crimes de grave ofensividade (homicídio e violência sexual), sobretudo ao alcançar indivíduos com significativo nível de perigosidade e socialmente privilegiados. Considerando tal repercussão bem-sucedida, uma pesquisa com 1,587 respondentes revelou que a maioria apoia a genealogia genética

forense (79%) e a divulgação das informações obtidas através dos testes genéticos DTC para as forças policiais (65%), porém este suporte se fortalece quando relacionado a crimes violentos (80%), crimes contra crianças (78%) e pessoas desaparecidas (77%) (Guerrini, Robinson, Petersen & McGuire, 2018). Reforçando esta perspectiva de aprovação, o estudo qualitativo de Samuel & Kennett (2020), com 45 entrevistas voltadas para o contexto britânico, demonstrou largo apoio dos participantes, sobretudo usuários das bases de dados recreativas, para a utilização da FGG para investigações de crimes graves. Entretanto, os dois estudos citados apresentam questionamentos e reflexões sobre este apoio; uma confiança sem objeções pode estar relacionada à falta de informação sobre os riscos associados ao método FGG, porém, para alguns entrevistados, preocupações éticas e sociais emergiram, especialmente sobre a necessidade de uma supervisão regulatória apropriada.

Considerando as ponderações expostas, o avanço progressivo da genealogia genética forense como um método investigativo legítimo, eficaz e justo deve atentar-se aos aperfeiçoamentos necessários. Para auxiliar neste amadurecimento, destacam-se os três valores basilares da responsabilidade social no uso de inovações tecnológicas – Confiabilidade, Utilidade e Legitimidade (em inglês, *Reliability, Utility, LEgitimacy* – RULE), a citar as palavras de Wienroth (2020), “[d]eliberação democrática sobre as inovações tecnológicas requerem um debate público bem informado, transparente e inclusivo, especialmente – como é o caso da genética forense – quando é acompanhado do uso de conhecimentos científicos e inovações socio-tecnológicas que se valem das ciências da vida e continuamente coproduzem a identidade social, o corpo como um dado e a própria vida” (tradução livre). Nesse sentido, emerge o essencial discernimento crítico para enraizar as bases da genealogia genética forense em solo fértil, principalmente almejando o equilíbrio sadio entre os objetivos e práticas da governança estatal do crime e os direitos fundamentais dos cidadãos envolvidos.

Com intuito de amplificar e atualizar os debates multidisciplinares relacionados à genética forense no sistema judicial criminal, Samuel, Howard, Cornel, Van El, Hall, Forzano & Prainsack (2018) pontuam novas e importantes questões para reflexão. O desenvolvimento de novas tecnologias de ADN de alto rendimento a nível informacional (em destaque, *next-generation sequencing* – NGS – e *massive parallel sequencing* – MPS) já adentram o âmbito forense, ao permitirem uma análise profunda do genoma humano e a extração de informações relevantes para gerar inteligência em investigações criminais. A fenotipagem forense do ADN e a genealogia genética forense são exemplos da aplicação prática desta evolução técnico-científica, que pode conduzir a uma substituição gradativa do perfilamento genético por análise

STR, padronizado internacionalmente, e, diante dessas previsões, faz-se necessário elaborar, desde já, um enquadramento normativo e ético para adequar estas modernas práticas forenses.

Nesse sentido, requer-se cautela especial para salvaguardar as informações genéticas contidas nas crescentes bases de dados genéticos não-forenses, que armazenam milhões de perfis genéticos com diversos propósitos (médico, pesquisa científica, recreativo etc.). Estes dados genéticos não estão isolados, visto que são parte integrante de um ecossistema mais amplo composto por diversas fontes de dados – biométricos, de domínio público e privado, entre outros. O largo armazenamento de dados e a combinação entre as variadas fontes emergem como uma eficiente ferramenta, promovida pela evolução tecnológica de fenômenos como *Big Data*, *data mining* e processamento automatizado, entretanto, não se pode olvidar que tal sistema integrado de análise de dados traz consigo inúmeros questionamentos éticos, sobretudo quando seus resultados são aplicados para auxiliar investigações criminais. Por esta razão, a regulamentação legal, técnica e ética é essencial, com especial atenção aos mecanismos de proteção de dados e do direito à privacidade, não somente no âmbito nacional, mas também a nível internacional, considerando o compartilhamento transfronteiriço de informações genéticas (Samuel et al., 2018).

Estes tópicos estão diretamente relacionados com a genealogia genética forense, técnica que auxilia a identificação de suspeitos a partir de informações de ADN e de outras fontes complementares, concentradas em repositórios automatizados, privados e com finalidade recreativa, que utilizam processamento de dados de alto nível tecnológico para identificar associações familiares. A comercialização da ciência forense revela a convergência entre os interesses comerciais privados de grandes empresas e a aplicação de suas tecnologias no contexto forense (Samuel et al., 2018). A rápida evolução técnico-científica financiada por empresas que visam o lucro não são acompanhadas em par de igualdade pelas estruturas estatais, o que mantém uma dependência de funções públicas a estas empresas provedoras. Críticas surgem diante da ausência de organismos públicos competentes para o estabelecimento de padrões de implementação e validação dessas tecnologias, relacionados com padrões de qualidade, mecanismos de responsabilidade, legitimidade e transparência, formação profissional e credenciamento adequados, estímulo ao debate sobre quando aplicar tais tecnologias, seus benefícios, limitações e incertezas.

Com foco no cenário australiano, Scudder, Daniel, Raymond & Sears (2020) estabeleceram recomendações para um enquadramento adequado da genealogia genética forense. Embora o método FGG seja usado, *a priori*, para apenas produzir inteligência nas

investigações criminais, os autores destacam que é necessária a determinação de padrões de qualidade para fundamentar a aplicação deste método e a validade dos seus resultados, sobretudo para garantir a consistência das informações obtidas e, assim, evitar consequências danosas (e.g., violação de privacidade, prisões injustas, perda de recursos e tempo). Defendem que esta técnica deve ser aplicada somente após a exaustão dos métodos investigativos tradicionais (inclusive a pesquisa familiar nas bases de dados forenses), bem como deve estar adequada aos princípios éticos e normativos nos âmbitos nacional e internacional. Um componente crucial é o treinamento, proficiência e credenciamento dos genealogistas genéticos envolvidos no processo, visto que neste campo profissional ainda há grande carência de regulamentação. Com atenção ao tópico “custos *versus* benefícios”, a FGG, como um amplo conjunto de procedimentos, requer investimentos consideráveis, sobretudo para aquisição, validação e implementação das tecnologias e mão-de-obra especializadas.

Inserindo o debate no panorama europeu, o informe publicado pelo *UK Biometrics and Forensics Ethics Group* (2020) analisa a viabilidade da genealogia genética como método investigativo. Primeiramente, destaca a adequação ao princípio da legalidade, com sua expressa determinação normativa, em referência ao Artigo 8º (direito ao respeito pela vida privada e familiar) da Convenção Europeia de Direitos Humanos (1950). O método FGG deve ser usado como ferramenta forense somente se comprovada sua fundamentação em evidências seguras, verificadas por organizações independentes, e se comprovado que os métodos forenses tradicionais já estabelecidos não são mais adequados e/ou efetivos. Caso os critérios de necessidade e proporcionalidade sejam comprovados empiricamente, é indispensável a construção de regras para coleta e uso desta informação genética (transferência, duração da retenção, destruição de amostra biológica, do perfil genético e dos dados genealógicos), acompanhado das salvaguardas normativas. Os genealogistas envolvidos devem comprovar as competências e conhecimentos necessários, unido ao desenvolvimento de credenciamento específico para esta atividade e a criação de um organismo profissional associado, que assegure a qualidade dos resultados, a determinação de um código de conduta profissional e garantir a confidencialidade e privacidade das informações.

Outras propostas diretas para o melhoramento da genealogia genética como ferramenta investigativa merecem atenção. Determinar a aplicação da FGG somente para investigações de crimes de maior ofensividade (sobretudo homicídios, violência sexual e agressão agravada) e para identificação de restos mortais e condicionar a aplicação dessa técnica a um mandado judicial ou autorização do órgão competente (SWGDM, 2020). Fortes

diretrizes éticas para evitar o mau uso, com especial cuidado para garantir o consentimento informado. Mecanismos para garantir a transparência dos procedimentos utilizados, dos resultados e dos impactos, para preservar a confiança pública no sistema de justiça criminal (Berkman, Miller & Grady, 2018). Equipes laboratoriais, genealogistas, oficiais das forças de segurança, juízes e promotores devem receber treinamento qualificado sobre esta técnica e seus desdobramentos, enquanto o público em geral deve receber informações esclarecedoras e completas sobre os riscos, benefícios e limitações da FGG, a fim de evitar frustrações de expectativas (Scudder, Daniel, Raymond & Sears, 2020).

Os aspectos técnicos da genealogia genética forense apresentam igual relevância para um desenvolvimento apropriado. Recomenda-se que a identificação de um indivíduo obtida por intermédio da FGG deve ser, posteriormente, verificada e confirmada por uma comparação direta tradicional com a análise STR. Ao fim do processo, o perfil genético criado e inserido nas bases de dados recreativas deve ser eliminado. Para reduzir o risco de dados irregulares, as companhias DTC deveriam assinalar, de forma criptografada, os arquivos que contenham os resultados genéticos disponibilizados aos consumidores, pois, assim, terceiros poderão autenticar a validade de tal arquivo (Erlich, Shor, Pe'er & Carmi, 2018). As tecnologias e algoritmos usados devem ser validados de modo técnico e científico, possibilitando a reprodução dos resultados, e os laboratórios e profissionais escolhidos devem apresentar reputação ilibada e seguir corretamente os protocolos e boas práticas (García, 2020; SWGDAM, 2020).

Para compreender o desempenho atual e embasar prognósticos, é necessária a recolha de métricas referenciadas, sobretudo para a avaliação da necessidade e proporcionalidade. Consoante as indicações do Departamento de Justiça dos EUA, deve-se recolher, em informes anuais, as seguintes informações: a) tipo de crime investigado; b) se a amostra biológica era forense ou referencial; c) para as amostras forenses, o tipo, quantidade, condições e concentração (e.g., fonte única, contaminado, degradado etc.); d) se a FGG resultou em um perfil identificável; e) descrição do laboratório/companhia DTC e do(s) serviço(s) usados para a busca; f) se a investigação resultou em alguma prisão baseada, em parte, no uso da FGG; e g) o valor total usado para conduzir cada investigação FGG.

Assim sendo, o discernimento crítico e o acompanhamento da evolução da genealogia genética forense são fundamentais para o garantir sua adequada aplicação. Mostra-se essencial fomentar o debate sobre este método, não somente no âmbito acadêmico ou forense, mas atraindo a comunidade em geral, visto que os serviços de testagem genética estão acessíveis e

muito atrativos, o que conduzirá a um crescimento ainda mais significativo das bases de dados genéticos recreativas e, dessa maneira, o alcance da genealogia genética forense será impulsionado de modo contundente, principalmente a nível global. A integração entre forças policiais, empresas privadas, cientistas, mídia e a sociedade traz consigo uma gama de riscos associados, com destaque às ameaças bioéticas, que exigem cautela na aplicação da FGG e dedicação no desenvolvimento de um conjunto argumentativo consistente e na construção de estruturas sólidas e promissoras para legitimar o futuro desta ferramenta investigativa.

CONCLUSÃO

A elaboração da presente dissertação manifestou como objetivo central examinar as características e investigar os principais desafios enfrentados pela genealogia genética forense, no intuito de contribuir para o avanço e aprimoramento dos fundamentos teóricos e bibliográficos acerca do tema. No intuito de cumprir este propósito, a metodologia escolhida foi a pesquisa bibliográfica e documental, a partir da qual esquadrinhou-se, de modo extenso e aprofundado, distintos aspectos descritivos e debates baseados nas inconsistências e controvérsias que emergem do tópico em estudo. Entende-se que a construção de um bloco consistente de informações, fundamentado em uma análise histórica, descritiva, crítica e reflexiva, fomentará novas investigações científicas, bem como proporcionará à sociedade maior instrução e esclarecimento.

A contemplação do processo histórico da genética forense permitiu compreender o ponto no qual se encaixa a genealogia genética forense. Fundamentado no trabalho de Wienroth, Morling e Williams (2014), as “quatro fases da genética forense” serviram como base para a observação histórica dos avanços da genética forense nesta dissertação, com atenção às inovações tecnológicas associadas e o impacto jurídico, social e ético. A primeira fase engloba a descoberta das “impressões digitais” genéticas de Alec Jeffreys (1985) e a consolidação da sua credibilidade como evidência genética. A segunda fase envolve a criação e expansão global das bases de dados genéticos forenses e seus benefícios e riscos.

A terceira fase discorre sobre o surgimento de novas tecnologias, consideradas fontes biológicas (ou bioinvestigativas) que produzem inteligência útil para investigações criminais: a fenotipagem forense de ADN (em inglês, *forensic DNA phenotyping*) e a pesquisa familiar nas bases de dados genéticos forenses (em inglês, *familial searching*). Este caminho conduz à quarta fase, caracterizada pelo exame rápido, eficiente, sensível e profundo do genoma humano, bem como pelo embaçamento dos limites entre informações genéticas forenses e não-forenses, e é desta fase que emerge a genealogia genética forense (em inglês, *forensic genetic genealogy* - FGG), caracterizada pelo acesso policial às bases de dados de ADN comerciais e privadas em busca da identificação de suspeitos em investigações criminais.

A genealogia genética forense ganhou notoriedade pública após permitir, em 2018, a identificação de Joseph James DeAngelo como o ofensor apelidado *Golden State Killer* e, com isso, solucionar crimes em série de grave ofensividade que estavam há mais de trinta anos sem solução. A partir desse marco histórico, a estratégia FGG vem sendo aplicada em um número

exponencial de casos, sobretudo casos antigos (*cold cases*), e seu objetivo é produzir inteligência investigativa ao estreitar os rumos possíveis e revelar novas pistas. Caracteriza-se a genealogia genética forense como uma técnica que envolve, como primeira etapa, a criação de um perfil genético adequado a partir da coleta do material biológico do suspeito e sua posterior inserção em bases de dados genéticos recreativas, nas quais o algoritmo automatizado fará uma busca por perfis que compartilhem segmentos de ADN em comum.

Identificadas tais combinações genéticas, estima-se o grau de parentesco de cada conexão e, de maneira integrada, aplica-se o método da “triangulação”, que consiste em uma análise genealógica baseada em distintas fontes de informações (e.g., certidões de nascimento, casamento e óbito, registros militares e eleitorais, redes sociais). Assim, o propósito é a construção da árvore genealógica da pessoa de interesse, com a determinação dos indivíduos associados geneticamente àquele grupo familiar, para que, dessa maneira, seja possível restringir em poucas alternativas (ou em uma única alternativa) a identificação do suspeito. Em conjunto, os métodos tradicionais de investigação filtrarão tais possibilidades baseados nas informações complementares obtidas durante a investigação policial, tais como a idade, sexo, localização geográfica, entre outras características que incluem ou excluem indivíduos da lista de suspeitos.

Esse método de investigação criminal é possibilitado pela popularidade significativa dos serviços de testagem genética, que variam entre análises médicas, identificação de raízes biogeográficas e, em especial, a busca por conexões familiares. Tais serviços são oferecidos por companhias comerciais privadas conhecidas como DTC (em inglês, *direct-to-consumer*), que administram suas próprias bases de dados genéticos, nomeadas “recreativas”, e que juntas já somam mais de 30 milhões de perfis. Além destas, merece destaque a base de dados *GEDmatch*, que oferece ferramentas de análise genética e interpretação de dados genealógicos e que foi decisiva para a elucidação do caso GSK.

Nesta dissertação, as principais diferenças entre as bases recreativas e os repositórios genéticos forenses foram abordadas. Perpassam pelas distintas finalidades, a regulação normativa aplicável a cada uma e os responsáveis pelo controle administrativo. Ademais, identificou-se a utilização de diferentes métodos de análise genética: o perfilamento genético forense aplica a técnica STR (em inglês, *autosomal short tandem repeat*), estandardizada internacionalmente como “padrão-ouro”, enquanto o perfil de ADN adequado para as bases de dados genéticos recreativas utilizam a técnica SNP (em inglês, *single nucleotide polymorphisms*), a partir da qual extrai-se uma extensa gama de informações genéticas.

Outro ponto relevante abordado nesta dissertação foi o esclarecimento das principais distinções entre a genealogia genética forense e a pesquisa familiar (em inglês, *familial searching*). Para a pesquisa familiar, aplicam-se os trâmites técnico-científicos e normativos estabelecidos para o perfilamento genético das bases de dados forenses, tendo em vista que é realizada a busca por combinações parciais (*partial matching*), no intuito de identificar ligações de parentesco próximas (e.g. pais, filhos e irmãos). A genealogia genética investigativa, por sua vez, examina as bases de dados genéticos recreativas, submetidas ao domínio de companhia privadas, as quais realizam o perfilamento genético de seus usuários por intermédio do método de análise SNP, explorando de maneira mais completa o genoma humano e, conseqüentemente, alcançando uma gama maior de informações e ampliando de modo exponencial a possibilidade de encontrar parentes distantes.

O desenvolvimento da parte fundamental desta dissertação perpassou pela identificação dos desafios mais relevantes enfrentados pela genealogia genética forense em seu caminho à estabilização harmônica como método investigativo legítimo, eficaz e justo. Estes marcos de inquietação frisados pela literatura científica estão distribuídos por diversos domínios, em especial aspectos legislativo, jurídico, técnico e bioético. A observação destes desafios conduziu a uma conclusão basilar que abarca as propriedades da FGG de maneira geral: as autoridades estatais competentes devem desenvolver prontamente um enquadramento regulatório adequado e específico para embasar os avanços da genealogia genética forense como estratégia investigativa.

No intuito de contribuir para a elaboração deste enquadramento regulatório adequado e específico, resumir-se-ão aos principais desafios identificados e as recomendações associadas. Perante uma avaliação objetiva, a presente dissertação entende que, para equilibrar a defesa dos direitos e garantias fundamentais e o progresso tecnológico das ferramentas de investigação criminal, a genealogia genética forense deve ser submetida à determinação de padrões de qualidade para fundamentar sua aplicação e validar seus resultados, bem como seu avanço deve ser aferido por meio da coleta de dados métricos que permitam avaliar seu desempenho e embasar prognósticos. Ademais, o método FGG deve usado somente se comprovada sua fundamentação em evidências empíricas seguras, verificadas por supervisão externa de organizações independentes.

Cumpridos os critérios de necessidade e proporcionalidade, esta técnica deve ser aplicada somente após a exaustão dos métodos investigativos tradicionais e deve estar condicionada a investigações de crimes de maior ofensividade (sobretudo homicídio e violência

sexual) e para identificação de restos mortais. Além, entende-se prudente submeter a aplicação da genealogia genética forense a um mandado judicial ou autorização do órgão competente, que conceda embasamento jurídico e maior legitimidade ao procedimento. É indispensável, ainda, a construção de regras para coleta e uso desta informação genética (transferência, duração da retenção, destruição de amostra biológica, do perfil genético e dos dados genealógicos), acompanhado das salvaguardas normativas.

É imprescindível garantir a proteção dos dados pessoais, sobretudo as informações genéticas, a partir da criação de normas legais orientadas especificamente para a genealogia genética forense e suas particularidades. As referidas normas devem estar em conformidade com princípios éticos e garantias fundamentais advindas do ordenamento jurídico interno e do direito internacional. Na conjuntura da União Europeia, observa-se uma significativa preocupação com a proteção de dados e, nesse sentido, a estratégia ideal é desenvolver diretrizes normativas específicas para a genealogia genética forense, a estender e consolidar as salvaguardas determinadas pelo Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados (2016). Para além, o método FGG deve estar adequado ao princípio da legalidade, com a sua expressa autorização normativa, em referência ao Artigo 8º (direito ao respeito pela vida privada e familiar) da Convenção Europeia de Direitos Humanos (1950).

O direito à proteção de dados e o direito à privacidade estão estreitamente conectados, com especial atenção aos dados pessoais sensíveis e à privacidade genética. A unicidade e riqueza informacional do genoma humano permite a identificação do indivíduo e de suas conexões familiares, por isso o direito fundamental à privacidade deve ser considerado para além do viés individualizado, abarcando todo o seu agrupamento familiar. Para além, poderá revelar, de modo forçado, eventos familiares até então desconhecidos ou ocultados (adoção, infidelidade, violação sexual, doação de esperma e outros eventos), o que pode figurar como uma violação do direito à privacidade, e, ainda, conduzir a falhas no processo de construção da árvore genealógica, à criação de um estado de angústia e estresse para o indivíduo e seus familiares e à descrença social nas ações investigativas.

Vinculado a isso, o fortalecimento da exigência do consentimento livre e bem-informado dos usuários cujos perfis estão inseridos nas bases de dados recreativas é necessário, especificamente para a permissão do acesso policial aos seus dados e para a realização das buscas investigativas. Esta manifestação deve ser emitida por vontade livre, específica, informada e explícita do titular, para que o tratamento de seus dados seja legítimo. No contexto da genealogia genética forense, deve-se considerar não somente o consentimento individual,

mas também as escolhas dos familiares daquele usuário, os quais poderão ser identificados através das bases de dados. No intuito de evitar potenciais ofensas ao direito dos indivíduos envolvidos no método FGG, recomenda-se a criação de fortes diretrizes éticas, com especial cautela para a divulgação ampla, acessível e de fácil compreensão das informações relevantes sobre o processamento dos dados genéticos e sobre a genealogia genética forense, a fim de garantir o consentimento legítimo, válido e informado.

Considerando a influência da ideologia de superioridade e eficiência técnico-científica no sistema de justiça criminal pode conduzir à valoração desproporcional das evidências genéticas. Por isso, atenta-se à importância da transparência, da padronização e do cuidado com o processamento das evidências genéticas, inclusive daquelas informações obtidas por meio da FGG, para garantir a legitimidade e a validade dessa prestigiada prova processual. Outro desafio jurídico é a crescente transcendência internacional e a diluição dos limites entre jurisdições. A expansão considerável, a nível mundial, das buscas policiais realizadas pela FGG abrange indivíduos e famílias de diferentes nacionalidades e origens geográficas. A internacionalização do controle da criminalidade rompe fronteiras e, para garantir a validade do método FGG e de seus resultados, é prioritária a determinação da competência das autoridades policiais para realizar a investigação criminal e do juízo para julgar o processo penal em voga, para que, a partir disso, as normativas e procedimentos vinculados sejam devidamente estabelecidos e respeitados no decorrer dos trâmites jurídicos.

Existem múltiplas possibilidades de erros no campo técnico-científico da genealogia genética forense, a qual ainda requer regulação apropriada para atingir uma uniformização de procedimentos e resultados. Este salto tecnológico não foi acompanhado pela estrutura bioinformática e competências técnico-analíticas dos laboratórios forenses oficiais, o que mantém a dependência estatal dos serviços oferecidos por profissionais autônomos, laboratórios privados e das bases de dados genéticos recreativas. Além da constante avaliação “custos *versus* benefícios”, recomenda-se o treinamento e credenciamento dos genealogistas genéticos envolvidos no processo, que devem comprovar as competências necessárias. As tecnologias e algoritmos usados devem ser validados de modo técnico e científico, possibilitando a reprodução dos resultados, e os laboratórios e profissionais escolhidos devem apresentar reputação ilibada e seguir corretamente os protocolos e boas práticas. Além disso, equipes laboratoriais, genealogistas, oficiais das forças de segurança, juízes e promotores devem receber treinamento qualificado sobre a técnica FGG e seus desdobramentos.

Outro aspecto técnico determinante é a segurança computacional das bases de dados genéticos recreativas. O vazamento de informações sensíveis pode ter origem em falhas internas nas configurações dos sistemas eletrônicos, profissionais negligentes, ataques de *hackers*, entre outros. Apresentam-se como opções técnicas na construção de *softwares* a criptografia e a ofuscação, mecanismos que criam um código-fonte para autenticar a validade de um documento e dificultar o entendimento e uso das informações, caso ocorra um vazamento dos dados. Além disso, a “tokenização” (em inglês, *tokenization*) é um processo adequado para ser aplicado às sequências genéticas, pois consiste em substituir um elemento confidencial por um equivalente denominado “token”, sem valor extrínseco ou explorável, e, assim, alcançar a pseudonimização das informações genéticas.

O discernimento reflexivo acerca da evolução da genealogia genética forense deve estar, igualmente, alicerçado nas perspectivas bioéticas e sociais. A exploração de tal panorama identificou a consolidação do entrecruzamento da família e da criminalidade, num contexto biossocial. Destacou-se a “vigilância de dados” (*dataveillance*) (Clarke, 1988), em aliança à expansão do monitoramento genético e às novas tecnologias de processamento de dados, como *Big Data*. Ademais, numa ótica reflexiva e especulativa, a presente dissertação expôs facetas do “geneticismo” (Rose, 2006), a partir de teorias criminológicas biodeterministas, que revelam pontos de conexão entre genealogia genética forense, comportamento antissocial e estigmatização familiar. Por fim, abordou-se as expectativas, consideradas neste estudo como ilusórias, relacionadas à genealogia genética forense e seu potencial de contrabalancear disparidades raciais e étnicas do sistema de justiça criminal e neutralizar a super-representação de determinadas minorias sociais nas bases de dados genéticos forenses.

A presente dissertação conclui que a genealogia genética forense é uma estratégia investigativa promissora, que já apresenta resultados significativos no auxílio da governança da criminalidade. Entretanto, a entusiasmada evolução não deve impedir ou neutralizar as ponderações críticas sobre o necessário aperfeiçoamento deste método. Nesse sentido, é imprescindível fomentar o debate acadêmico, forense, jurídico, legislativo, técnico e, sobretudo, social, com a finalidade de determinar as diretrizes mais apropriadas para a consolidação da genealogia genética forense como uma técnica padronizada de investigação criminal. Assim, poder-se-á garantir legitimidade, validade, confiabilidade e eficiência ao procedimento, em alerta constante para os riscos e controvérsias associados, na construção de densas raízes que permitam o desenvolvimento de uma estrutura frutífera para genealogia genética forense.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

- Abbott, A., Callaway, E., Castelvechi, D., Else, H., Gibney, E., Ledford, H., ... & Witze, A. (2018). *2018 in news: The science events that shaped the year*. *Nature*, 564(7736), 314-317.
- Amankwaa, A. O., & McCartney, C. (2019). *The effectiveness of the UK national DNA database*. *Forensic Science International: Synergy*, 1, 45-55.
- Barnes, J. C., Boutwell, B. B., & Beaver, K. M. (2015). *Contemporary biosocial criminology: A systematic review of the literature, 2000–2012*. *The handbook of criminological theory*, 4, 75-99.
- Beck, U. (1944). *Risk society: Towards a new modernity*. London: Sage Publications.
- Berkman, B. E., Miller, W. K., & Grady, C. (2018). *Is it ethical to use genealogy data to solve crimes?*. *Annals of internal medicine*, 169(5), 333-334.
- Brown, T. R. (2020). *Why We Fear Genetic Informants: Using Genetic Genealogy to Catch Serial Killers*. *Columbia Science and Technology Law Review*, 21(1).
- Carracedo, A. (2015). *Forensic genetics: history*. *Forensic Biology*, 19.
- Chan, J., & Moses, L. B. (2015). *Is Big Data challenging criminology?* *Theoretical Criminology*, 20(1), 21-39. <https://doi.org/10.1177/1362480615586614>
- Chengtao Li (2018) *Forensic genetics*, *Forensic Sciences Research*, 3:2, 103-104, DOI: 10.1080/20961790.2018.1489445
- Clarke, R. (1988). *Information technology and dataveillance*. *Communications of the ACM*, 31(5), 498-512.
- CODIS – NDIS Statistics - FBI (2022). Acedido em 28 mar. 2022. Disponível em <https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>
- Cole, S. (2018). *Individual and collective identification in contemporary forensics*. *BioSocieties*, 1-26. <https://doi.org/10.1057/s41292-018-0142-z>
- Cole, S. (2001), *Suspect Identities: A History of Fingerprinting and Criminal Identification*, Harvard University Press.
- Conselho da Europa. (2008). Julgamento – caso “S. e Marper v. Reino Unido”: aplicações nº 30562/04 e nº 30566/04 (04/12/2008). Disponível em: [S. AND MARPER v. THE UNITED KINGDOM \(coe.int\)](https://www.coe.int/t/doh/hudoc/doc/cjjudgments/cjjudgments.asp?i=12000)
- Convenção Europeia de Direitos Humanos. (1950). Conselho da Europa. Disponível em: https://www.echr.coe.int/documents/convention_por.pdf
- Corns, C. (1990). *DNA is watching*. *Arena* 92, 26–28.

- Court, D. S. (2018). *Forensic genealogy: Some serious concerns*. *Forensic Science International: Genetics*, 36, 203-204.
- Davidowitz, S. (2019). *23andEveryone: Privacy Concerns with Law Enforcement's Use of Genealogy Databases to Implicate Relatives in Criminal Investigations*. *Brook. L. Rev.*, 85, 185.
- Debus-Sherrill, S., & Field, M. B. (2019). *Familial DNA searching – An emerging forensic investigative tool*. *Science & Justice*, 59(1), 20-28. <https://doi.org/10.1016/j.scijus.2018.07.006>
- Dias Filho, C. R., Menezes, M. A. M., Abdon, P., & Francez, C. (2021). *História da Genética Forense*.
- DNA Doe Project. (2018). *Buckskin Girl: Success Stories*. Disponível em: <https://dnadoeproject.org/case/buckskin-girl/>. Acesso em 25 de abril de 2022.
- Dove, E. S. (2018). *The EU general data protection regulation: implications for international scientific research in the digital era*. *Journal of Law, Medicine & Ethics*, 46(4), 1013-1030.
- Dowdeswell, T. L. (2022). *Forensic genetic genealogy: A profile of cases solved*. *Forensic Science International: Genetics*, 58, 102679.
- Duster, T. (2004). *Backdoor to eugenics*. Routledge.
- ENFSI. (2020). *ENFSI survey on DNA databases in Europe*. Disponível em [http:// ENFSI-survey-DNA-database-Europe-2020.pdf](http://ENFSI-survey-DNA-database-Europe-2020.pdf)
- Erlich, Y., Shor, T., Pe'er, I., & Carmi, S. (2018). *Identity inference of genomic data using long-range familial searches*. *Science*, 362(6415), 690-694.
- Europeia, U. (2007). *Carta dos direitos fundamentais da União Europeia*. *DIREITO E DEMOCRACIA*, 457.
- Federal Bureau of Investigation - FBI (2022). Acedido em 23 mar. 2022. Disponível em [Combined DNA Index System \(CODIS\) — FBI](#)
- Ferguson, A. G. (2017). *The Rise of Big Data Policing*. New York University Press.
- França, G. V. D. (2001). *Medicina Legal*. 9ª edição. Koogan, 2, 35.
- García, Ó. (2021). *Forensic genealogy. Social, ethical, legal and scientific implications*. *Spanish Journal of Legal Medicine*, 47(3), 112-119.
- GEDmatch. (2021). *GEDmatch.com Terms of Service and Privacy Policy*. Disponível em: <https://www.gedmatch.com/terms-of-service-privacy-policy>.

- GEDmatch. (2022). Acesso em 10 abril 22. Disponível em: <https://www.gedmatch.com/about-us>
- Gennari, G. (2018). *Even judges are CSI fans*. *Forensic science international*, 292, e1-e2.
- Giddens, A. (1990). *The consequences of modernity*. Cambridge: Polity Press.
- Haggerty, K. D., & Ericson, R. V. (2000). The surveillant assemblage. *The British Journal of Sociology*, 51(4), 605-622. <https://doi.org/10.1080/00071310020015280>
- Gil, A. C. (2002). *Como elaborar projetos de pesquisa* (Vol. 4, p. 175). São Paulo: Atlas.
- Gómez-Luna, E., Fernando-Navas, D., Aponte-Mayor, G., & Betancourt-Buitrago, L. A. (2014). *Metodología para la revisión bibliográfica y la gestión de información de temas científicos, a través de su estructuración y sistematización*. *Dyna*, 81(184), 158-163.
- Gonçalves, A. R. R. (2015). *Base de dados de perfis de ADN em Portugal: passado, presente e futuro*. (Dissertação de Mestrado, Instituto de Ciências de Abel Salazar da Universidade do Porto).
- Graham, S. (1998). *Spaces of surveillant simulation: new technologies, digital representations, and material geographies*. *Environment and Planning D: Society and Space*, 16(4), 483-504.
- Granja, R. (2017). *Crime e família no entrecruzamento da genética e do controlo social: Velhas e novas racionalidades científicas*. *Genética e cidadania*, 35-52.
- Granja, R. (2021). *Long-range familial searches in recreational DNA databases: Expansion of affected populations, the participatory turn, and the co-production of biovalue*. *New Genetics and Society*, 40(3), 331-352.
- Granja, R., & Machado, H. (2019). *Ethical controversies of familial searching: The views of stakeholders in the United Kingdom and in Poland*. *Science, Technology, & Human Values*, 44(6), 1068-1092.
- Greely, H. T. (2020). *The future of DTC genomics and the law*. *Journal of Law, Medicine & Ethics*, 48(1), 151-160.
- Greytak, E. M., Moore, C., & Armentrout, S. L. (2019). *Genetic genealogy for cold case and active investigations*. *Forensic science international*, 299, 103-113.
- Greytak, E., & Moore, C. (2018). *Closing cases with a single SNP array: Integrated genetic genealogy, DNA phenotyping, and kinship analyses*. In *International Symposium on Human Identification*.

- Guerrini, C. J., Robinson, J. O., Petersen, D., & McGuire, A. L. (2018). *Should police have access to genetic genealogy databases? Capturing the Golden State Killer and other criminals using a controversial new forensic technique*. PLoS biology, 16(10), e2006906.
- Guerrini, C. J., Wickenheiser, R. A., Bettinger, B., McGuire, A. L., & Fullerton, S. M. (2021). *Four misconceptions about investigative genetic genealogy*. Journal of Law and the Biosciences, 8(1).
- Hayward, K. (Ed.). (2017). *Cultural Criminology: Theories of Crime*. Routledge.
- Hindmarsh, R., & Prainsack, B. (Eds.). (2010). *Genetic suspects: Global governance of forensic DNA profiling and databasing*. Cambridge University Press.
- Holes, P. (2019). Barbara Rae-Venter. Time 100 Most Influential People 2019. Times. <https://time.com/collection/100-most-influential-people-2019/5567712/barbara-raeventer/>
- INTERPOL (2019). Acedido em 28 mar. 2022. Disponível em <https://www.interpol.int/content/download/15469/file/INTERPOL%20Global%20DNA%20Profiling%20Survey%20Results%202019.pdf>
- INTERPOL (2022). Acedido em 28 mar. 2022. Disponível em <https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/DNA>
- INTERPOL. (2022). Best Practice Principles: Recommendations for the Establishment of a National DNA Database.
- Jeffreys, A. J., Wilson, V., and Thein, S. L. (1985). *Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA*. Nature 314, 67–73. doi: 10.1038/314067a0
- Jobling, M. A., & Gill, P. (2004). *Encoded evidence: DNA in forensic analysis*. Nature Reviews Genetics, 5(10), 739-751.
- Joh, E. E. (2014). *Policing by numbers: big data and the Fourth Amendment*. Wash. L. Rev., 89, 35.
- Katsanis, S. H. (2020). *Pedigrees and perpetrators: Uses of DNA and genealogy in forensic investigations*. Annual review of genomics and human genetics, 21, 535-564.
- Kayser, M. (2015). *Forensic DNA phenotyping: Predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes*. Forensic Science International: Genetics, 18, 33-48. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.02.003>
- Kayser, M., & De Knijff, P. (2011). *Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology*. Nature Reviews Genetics, 12(3), 179-192.

- Kennett, D. (2019). *Using genetic genealogy databases in missing persons cases and to develop suspect leads in violent crimes*. *Forensic Science International*, 301, 107-117.
- King, J. (2019). “*It’s Not Personal*” — *DNA, Privacy, And Direct To Consumer Genetic Testing*. *The Center for Internet and Society at Stanford Law School*. Disponível em: <http://cyberlaw.stanford.edu/blog/2019/11/%E2%80%9Cit%E2%80%99s-not-personal%E2%80%9D-%E2%80%94dna-privacy-and-direct-consumer-genetic-testing>
- Kling, D., Phillips, C., Kennett, D., & Tillmar, A. (2021). *Investigative genetic genealogy: Current methods, knowledge and practice*. *Forensic Science International: Genetics*, 52, 102474.
- Koch, A., & Andrade, F. M. D. (2008). *A utilização de técnicas de biologia molecular na genética forense: uma revisão*. *Rbac*, 40(1), 17-23.
- Levine, P. (2017). *Eugenics: a very short introduction* (Vol. 495). Oxford University Press.
- Lynch, M. (2003). *God’s signature: DNA profiling, the new gold standard in forensic science*. *Endeavour*, 27(2), 93-97.
- Lynch, M., & McNally, R. (2009). *Forensic DNA databases and biolegality: the co-production of law, surveillance technology and suspect bodies*. In *The Handbook of Genetics & Society* (pp. 309-327). Routledge.
- Lynch, M., Cole, S., McNally, R., & Jordan, K. (2008). *Truth machine: The contentious history of DNA fingerprinting*. Chicago: University of Chicago Press.
- Machado, H. (2015). *Genética e suspeição criminal: reconfigurações atuais de coprodução entre ciência, ordem social e controle*. *Ciencia, identificação e tecnologias de governo*, 38-55.
- Machado, H. (2017). «*Genótipos de difícil socialização*»: *Crime, genética, neurociências e ethos científico*. *Genética e cidadania*, 53-67.
- Machado, H., & Granja, R. (2021). *Genética forense e governança da criminalidade*. Edições Húmus.
- Machado, H., & Granja, R. (2022). *Genetic Surveillance and Crime Control: Social, Cultural and Political Perspectives*. Taylor & Francis.
- Machado, H., & S. Silva. (2009). “*Informed Consent in Forensic DNA Databases: Volunteering, Constructions of Risk and Identity Categorization*.” *BioSocieties* 4 (4): 335–348. doi:10.1017/ S1745855209990329.
- Machado, H., & S. Silva. (2015). “*Public Participation in Genetic Databases: Crossing the Boundaries Between Biobanks and Forensic DNA Databases through the Principle of*

- Solidarity.*” *Journal of Medical Ethics* 41 (10): 820–824. doi:10.1136/medethics-2014-102126.
- Machado, H., & Silva, S. (2022). *Investigative Genetic Genealogy: An Ethical and Privacy Assessment Framework Tool Is Needed.* *Forensic Science Review*, 34(1), 17-19.
- Machado, H., Samorinha, C., & Santos, F. (2017). *Genes maus, genes bons: Rumos da justiça personalizada e desafios à cidadania.* *Genética e cidadania*, 15-34
- Machado, H. (2019). *Geopolítica do DNA.* Dicionário Alice.
- Maciel, D., & Machado, H. (2014). *Biovigilância e governabilidade nas sociedades da informação.* Base de Dados genéticos Forenses. Tecnologias de Controlo e Ordem Social. Coimbra: Coimbra Editora, 141-166.
- Marconi, M. D. A., & Lakatos, E. M. (2003). *Fundamentos de metodologia científica.* Editora Atlas.
- Martins, M., Granja, R., & Machado, H. (2017). *Risco, segurança e criminalidade: o suspeito "transnacional"*. In IX Congresso Português de Sociologia: Portugal, território de territórios (p. COM0041). Associação Portuguesa de Sociologia.
- Meyer-Lindenberg, A., Buckholtz, J. W., Kolachana, B., R. Hariri, A., Pezawas, L., Blasi, G., ... & Weinberger, D. R. (2006). *Neural mechanisms of genetic risk for impulsivity and violence in humans.* *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(16), 6269-6274.
- Moore, C. (2016). *The history of genetic genealogy and unknown parentage research: An insider's view.* *Journal of Genetic Genealogy*, 8(1), 35-37.
- Moses, L. B., & Chan, J. (2014). *Using big data for legal and law enforcement decisions: Testing the new tools.* *University of New South Wales Law Journal*, the, 37(2), 643-678.
- Murphy, E. (2018). *Law and policy oversight of familial searches in recreational genealogy databases.* *Forensic science international*, 292, e5-e9.
- Murphy, H. (2020). *Why a data breach at a genealogy site has privacy experts worried.* *New York Times*, 1.
- National DNA Database Statistics, Q3 2021 to 2022. (2022). Home Office - GOV.UK. Acedido em 28 mar. 2022. Disponível em https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1051113/NDNAD_Website_statistics_Q3.ods
- Naveed, M., Ayday, E., Clayton, E. W., Fellay, J., Gunter, C. A., Hubaux, J. P., ... & Wang, X. (2015). *Privacy in the genomic era.* *ACM Computing Surveys (CSUR)*, 48(1), 1-44.

- Neiva, L. (2021). *Big data e vigilância policial: desafios éticos, legais e sociais*. Crime e Tecnologia: Desafios Culturais e Políticos para a Europa. 65-90.
- Neiva, L., & Machado, H. (2021). *Big Data na investigação criminal: “Imaginário Europeu” e orientações para o futuro*.
- Neiva, L., Granja, R., & Machado, H. (2022). *Big Data applied to criminal investigations: expectations of professionals of police cooperation in the European Union*. Policing and Society, 1-13.
- Oosthuizen, T., & Howes, L. M. (2022). *The development of forensic DNA analysis: New debates on the issue of fundamental human rights*. *Forensic Science International: Genetics*, 56, 102606.
- Phillips, C. (2018). *The Golden State Killer investigation and the nascent field of forensic genealogy*. *Forensic Science International: Genetics*, 36, 186-188.
- Prainsack, B. (2010). *Key issues in DNA profiling and databasing: Implications for governance*. In R. Hindmarsh & B. Prainsack (Eds.), *Genetic suspects: Global governance of forensic DNA profiling and databasing* (pp. 153-174). Cambridge: Cambridge University Press.
- Quevedo, J. V. (2021). *Eugenia - Dicionário Criminológico*. 2.ed. Porto Alegre: Editora Canal de Ciências Criminais. Disponível em: <https://www.crimlab.com/dicionario-criminologico/eugenia/77>. ISBN 978-65-87298-10-8.
- Rabinow, P. (1996). *Essays on the anthropology of reason*. Princeton, NJ: Princeton University Press
- Raine, A. (2008). *O crime biológico: implicações para a sociedade e para o sistema de justiça criminal*. *Revista de Psiquiatria do Rio Grande do Sul*, 30, 5-8.
- Ram, N., Guerrini, C. J., & McGuire, A. L. (2018). *Genealogy databases and the future of criminal investigation*. *Science*, 360(6393), 1078-1079.
- Ramjee, D., & Ringrose, K. (2020). *The Challenges of Forensic Genealogy: Dirty Data, Electronic Evidence, and Privacy Concerns*. *Denv. L. Rev.*, 98, 157.
- Regalado, A. (2018). *2017 was the year consumer DNA testing blew up*. Disponível em: <https://www.technologyreview.com/2018/02/12/145676/2017-was-the-year-consumer-dna-testing-blew-up/>. Acesso em 25 de abril de 2022.
- Rocha, D. R. J. A. (2014). *A Lei n.º 5/2008, de 12 de Fevereiro: uma análise bibliográfica e documental ao (in)sucesso da base de dados de perfis de ADN*. (Dissertação de Mestrado, Faculdade de Direito da Universidade do Porto).

- Rodriguez, G. (2014). How genealogy became almost as popular as porn. TIME. com. Available online: <http://time.com/133811/how-genealogy-became-almost-as-popular-as-porn/>(accessed on 24 November 2014).
- Rohlf, R. V., Murphy, E., Song, Y. S., & Slatkin, M. (2013). *The influence of relatives on the efficiency and error rate of familial searching*. PloS one, 8(8), e70495.
- Rose, N. (2000a). *Government and control*. British journal of criminology, 40(2), 321-339.
- Rose, N. (2000b). *The biology of culpability: Pathological identity and crime control in a biological culture*. Theoretical criminology, 4(1), 5-34.
- Rose, N. (2006). *The Politics of Life Itself — Biomedicine, Power, and Subjectivity in the Twenty-First Century*. Princeton University Press: Princeton, NJ.
- Salles, B. M. (2019). *Acesso à justiça e equilíbrio democrático: intercâmbios entre Civil Law e Common Law* (Tese de doutoramento, Università Degli Studi Di Perugia).
- Samuel, G., & Kennett, D. (2020). *The impact of investigative genetic genealogy: perceptions of UK professional and public stakeholders*. Forensic Science International: Genetics, 48, 102366.
- Samuel, G., & Kennett, D. (2021). *Problematizing consent: searching genetic genealogy databases for law enforcement purposes*. New Genetics and Society, 40(3), 284-304.
- Samuel, G., Howard, H. C., Cornel, M., Van El, C., Hall, A., Forzano, F., & Prainsack, B. (2018). *A response to the forensic genetics policy initiative's report "Establishing Best Practice for Forensic DNA Databases"*. Forensic Science International: Genetics, 36, e19-e21.
- Santos, F. (2014). *As funções do DNA na investigação criminal—estudo de cinco casos em Portugal*. Base de Dados Genéticos Forenses. Tecnologias de Controlo e Ordem Social. Coimbra: Coimbra Editora, 197-228.
- Santos, F., Machado, H., & Silva, S. (2013). *Forensic DNA databases in European countries: is size linked to performance?*. Life Sciences, Society and Policy, 9(1), 1-13.
- Scudder, N., Daniel, R., Raymond, J., & Sears, A. (2020). *Operationalising forensic genetic genealogy in an Australian context*. Forensic science international, 316, 110543.
- Scudder, N., McNevin, D., Kelty, S. F., Funk, C., Walsh, S. J., & Robertson, J. (2019). *Policy and regulatory implications of the new frontier of forensic genomics: direct-to-consumer genetic data and genealogy records*. Current Issues in Criminal Justice, 31(2), 194-216.

- Scudder, N., McNevin, D., Kelty, S. F., Funk, C., Walsh, S. J., & Robertson, J. (2019). *Policy and regulatory implications of the new frontier of forensic genomics: direct-to-consumer genetic data and genealogy records*. *Current Issues in Criminal Justice*, 31(2), 194-216.
- Shabani, M., & Borry, P. (2018). *Rules for processing genetic data for research purposes in view of the new EU General Data Protection Regulation*. *European Journal of Human Genetics*, 26(2), 149-156.
- Skeva, S., Larmuseau, M. H., & Shabani, M. (2020). *Review of policies of companies and databases regarding access to customers' genealogy data for law enforcement purposes*. *Personalized medicine*, 17(2), 141-153.
- Sousa, A. S., de Oliveira, G. S., & Alves, L. H. (2021). *A pesquisa bibliográfica: princípios e fundamentos*. *Cadernos da FUCAMP*, 20(43).
- SWGDM - Scientific Working Group on DNA Analysis Methods. (2020). *Overview of Investigative Genetic Genealogy*.
- Thomson, J., Clayton, T., Cleary, J., Gleeson, M., Kennett, D., Leonard, M., & Rutherford, D. (2020). *An empirical investigation into the effectiveness of genetic genealogy to identify individuals in the UK*. *Forensic Science International: Genetics*, 46, 102263.
- Tillmar, A., Fagerholm, S. A., Staaf, J., Sjölund, P., & Ansell, R. (2021). *Getting the conclusive lead with investigative genetic genealogy—A successful case study of a 16 year old double murder in Sweden*. *Forensic science international: genetics*, 53, 102525.
- U.S. Department of Justice (2021). *Prisoners in 2020 – Statistical Tables*. Bureau of Justice Statistics.
- UK Biometrics and Forensics Ethics Group. (2020). *Should we be making use of genetic genealogy to assist in solving crime? A report on the feasibility of such methods in the UK*.
- UNESCO - Organização das Nações Unidas para a Educação, a Ciência e a Cultura. (1997). *Declaração universal sobre o genoma humano e os direitos humanos*. Disponível em: [Declaração Universal sobre o Genoma Humano e os Direitos Humanos: da teoria à prática - UNESCO Digital Library](#)
- UNESCO - Organização das Nações Unidas para a Educação, a Ciência e a Cultura. (2004). *Declaração internacional sobre os dados genéticos humanos*. Unesco. Disponível em: [declaracao_inter_dados_genericos.pdf \(saude.gov.br\)](#)
- União Europeia. (2016). *Diretiva (UE) 2016/680 do Parlamento Europeu e do Conselho, de 27 de abril de 2016, relativa à proteção das pessoas singulares no que diz respeito ao*

- tratamento de dados pessoais pelas autoridades competentes para efeitos de prevenção, investigação, deteção ou repressão de infrações penais ou execução de sanções penais, e à livre circulação desses dados, e que revoga a Decisão-Quadro 2008/977/JAI do Conselho. Disponível em: [EUR-Lex - 32016L0680 - EN - EUR-Lex \(europa.eu\)](#)
- União Europeia. (2016). Regulamento (UE) 2016/679 do Parlamento Europeu e do Conselho, de 27 de abril de 2016. Relativo à proteção das pessoas singulares no que diz respeito ao tratamento de dados pessoais e à livre circulação desses dados e que revoga a Diretiva, 95, 46. Disponível em: [REGULAMENTO \(UE\) 2016/ 679 DO PARLAMENTO EUROPEU E DO CONSELHO - de 27 de abril de 2016 - relativo à proteção das pessoas singulares no que diz respeito ao tratamento de dados pessoais e à livre circulação desses dados e que revoga a Diretiva 95/ 46/ CE \(Regulamento Geral sobre a Proteção de Dados\) \(europa.eu\)](#)
- US Department of Justice. (2019). Interim Policy – Forensic Genetic Genealogical DNA Analysis and Searching. Disponível em: [United States Department of Justice Interim Policy: Forensic Genetic Genealogical DNA Analysis and Searching](#)
- Voigt, P., & Von dem Bussche, A. (2017). *The EU general data protection regulation (GDPR). A Practical Guide*, 1st Ed., Cham: Springer International Publishing, 10(3152676), 10-5555.
- Wallace, H. M., Jackson, A. R., Gruber, J., & Thibedeau, A. D. (2014). *Forensic DNA databases–Ethical and legal standards: A global review*. Egyptian Journal of Forensic Sciences, 4(3), 57-63.
- Wanderley, G. A. (2019). *A Quarta Emenda e o controle judicial da atividade policial: busca e apreensão e stop and frisk na jurisprudência da suprema corte estadunidense*. Revista de Direito Brasileira, 24(9), 341-364.
- Wickenheiser, R. A. (2019). *Forensic genealogy, bioethics and the Golden State Killer case*. Forensic science international: Synergy, 1, 114-125.
- Wiedemann, A. (2021). *O discurso mediático e a construção social do crime: conexões entre mídia, pânico moral e tecnologias de controlo*. Crime e Tecnologia: Desafios Culturais e Políticos para a Europa. 239-255.
- Wienroth, M. (2020). *Value beyond scientific validity: let's RULE (Reliability, Utility, LEgitimacy)*. Journal of Responsible Innovation, 7(sup1), 92-103.

- Wienroth, M., Morling, N., & Williams, R. (2014). *Technological innovations in forensic genetics: social, legal and ethical aspects. Recent Advances in DNA & Gene Sequences* (Formerly Recent Patents on DNA & Gene Sequences), 8(2), 98-103
- Williams, C. (2020). *A study of the United States influence on German eugenics* (Tese de doutoramento, East Tennessee State University).
- Williams, R., & Wienroth, M. (2017). *Social and ethical aspects of forensic genetics: a critical review*. Forensic science review.
- Wise, J. (2009). *The new scientific eyewitness: The role of DNA profiling in shaping criminal justice*. VDM Verlag Dr Müller.
- Zabel, J. (2019). *The killer inside us: Law, ethics, and the forensic use of family genetics*. Berkeley J. Crim. L., 24, 47.

Anexo 1

Tabela. Casos solucionados com auxílio da FGG e divulgados publicamente de janeiro 2015 a novembro 2019 nos Estados Unidos da América

Ano da ocorrência	Data do anúncio da identificação	Tipo de caso	Pessoa identificada	Jurisdição (Estado)	Responsável pela FGG
1992-1993	jan/15	Homicídio	Bryan P. Miller	Arizona	DNA Doe Project
1981	mar/18	Restos mortais não-identificados	Marcia King	Ohio	DNA Doe Project
1974-1986	abr/18	Homicídio e violência sexual	Joseph James DeAngelo	Califórnia	Barbara Rae-Venter
1987	mai/18	Homicídio	William E. Talbott II	Washington	Parabon NanoLabs
2001	mai/18	Suicídio	Lule Stevik	Washington	DNA Doe Project
1981	jun/18	Homicídio	James O. Earhart	Texas	Parabon NanoLabs
1986	jun/18	Homicídio e violência sexual	Gary Charles Hartman	Washington	Parabon NanoLabs
1992	jun/18	Homicídio	Raymond C. Rowe	Pensilvânia	Parabon NanoLabs
2002	jun/18	Suicídio	Robert Ivan Nichols	Ohio	DNA Doe Project
1988	jul/18	Homicídio e violência sexual	John D. Miller	Indiana	Parabon NanoLabs
2016	jul/18	Homicídio	Matthew N. Dessault	Rhode Island	Parabon NanoLabs
2018	jul/18	Violência sexual e roubo	Spencer G. Monnett	Utah	Parabon NanoLabs
2006-2008	ago/18	Violência sexual	Darold W. Bowden	Carolina do Norte	Parabon NanoLabs
2009	ago/18	Homicídio	Michael F.A. Henslick	Illinois	Parabon NanoLabs
1982	set/18	Restos mortais não-identificados	James R. Curry	Nevada	DNA Doe Project
1991-2006	set/18	Violência sexual	Roy C. Waller	Carolina do Norte	Forças policiais

Tabela. Continuação

1999	set/18	Homicídio e violência sexual	Luke E. Fleming	Florida	Parabon NanoLabs e Barbara Rae-Venter
2007-2011	set/18	Violência sexual	Marlon M. Alexander	Maryland	Parabon NanoLabs
1990	out/18	Homicídio e violência sexual	Michael W. DeVaughn	Mississippi	Parabon NanoLabs
1990	out/18	Homicídio e violência sexual	Edward K. Renegar	Arkansas	Parabon NanoLabs
1990-1998	out/18	Homicídio e violência sexual	Robert Eugene Brashers	Carolina do Sul	Parabon NanoLabs
1973	nov/18	Homicídio	John Arthur Getreu	California	Parabon NanoLabs
1997	nov/18	Homicídio	Jerry Lee	Georgia	Parabon NanoLabs
2001	nov/18	Homicídio e roubo	Benjamin I. Holmes	Florida	Parabon NanoLabs e Forças policiais
2007	nov/18	Homicídio	David Malbrito	California	Parabon NanoLabs e Barbara Rae-Venter
2010	nov/18	Homicídio e roubo	Frederick Frampton Jr.	Maryland	Parabon NanoLabs
1979	dez/18	Homicídio	Jerry Lynn Burns	Iowa	Parabon NanoLabs
1987	dez/18	Restos mortais não-identificados	Tracey C. Hobson	California	DNA Doe Project
2014	dez/18	Restos mortais não-identificados	Alfred J. Fuller	Maine	DNA Doe Project
2015-2018	dez/18	Roubo	Christopher Q. Williams	Texas	Parabon NanoLabs
1979	jan/19	Homicídio	Jerry Walter McFadden	Texas	Parabon NanoLabs
1983	jan/19	Violência sexual	William L. Nichols	Florida	Parabon NanoLabs
1990	jan/19	Homicídio	Russell A. Guerrero	California	Parabon NanoLabs

Tabela. Continuação

1995-1998	jan/19	Violência sexual	Kevin Konther	California	Força policial
2006	jan/19	Homicídio	Zachary A. Bunney	California	Parabon NanoLabs
2006	jan/19	Restos mortais não-identificados	Dana Lynn Dodd	Texas	DNA Doe Project
1955	fev/19	Restos mortais não-identificados	Não divulgado	Wisconsin	DNA Doe Project
1977	fev/19	Homicídio	Joseph Holt	California	Parabon NanoLabs
1988	fev/19	Homicídio e violência sexual	Brian Keith Munns	Carolina do Sul	Parabon NanoLabs
1993	fev/19	Homicídio e violência sexual	Steven Downs	Alaska	Parabon NanoLabs
1993	fev/19	Homicídio e violência sexual	Jerry Westrom	Minnesota	Parabon NanoLabs
2016	fev/19	Violência sexual	Jesse Bjerke	Virgínia	Parabon NanoLabs
1971	mar/19	Restos mortais não-identificados	Annie Lehman	Oregon	DNA Doe Project
1973	mar/19	Homicídio e violência sexual	Cecil Stan Caldwell	Montana	Parabon NanoLabs
1976	mar/19	Homicídio	Raymond Vannieuwenhoven	Wisconsin	Parabon NanoLabs
1979	mar/19	Homicídio	Paul Jean Chartrand	California	Força policial
1981	mar/19	Infanticídio	Theresa Bentaas	Dakota	Parabon NanoLabs
1984	mar/19	Homicídio	Thomas L. Garner	Florida	Parabon NanoLabs
1987-1994	mar/19	Homicídio e violência sexual	Kenneth E. Day	Virgínia	Parabon NanoLabs
1999	mar/19	Homicídio	Coley McCraney	Alabama	Parabon NanoLabs
2015	mar/19	Restos mortais não-identificados	Darlene W. Norcross	Ohio	DNA Doe Project

Tabela. Continuação

2016	mar/19	Restos mortais não-identificados	Hassan A. Alkebu-Lan	Virgínia	Parabon NanoLabs
1972	abr/19	Homicídio e violência sexual	Terrence Miller	Washington	Deb Stone
1977-1978	abr/19	Homicídio e violência sexual	Arthur Rudy Martinez	Califórnia	Parabon NanoLabs
1990	abr/19	Infanticídio	Brook Graham	Carolina do Sul	Parabon NanoLabs
1994	abr/19	Homicídio e violência sexual	Richard E. Knapp	Washington	Parabon NanoLabs
2018	abr/19	Agressão	Não divulgado	Utah	Parabon NanoLabs
1972	mai/19	Homicídio e violência sexual	Jeffrey Lynn Hand	Indiana	Parabon NanoLabs
1976	mai/19	Homicídio	Eddie Lee Anderson	Flórida	FBI Unidade de Investigação Genealógica
1987	mai/19	Homicídio e violência sexual	Frank Wypych	Washington	Parabon NanoLabs
1996	mai/19	Homicídio e violência sexual	Brian L. Drippi	Idaho	Parabon NanoLabs
1998	mai/19	Homicídio	John Russel Whitt	Carolina do Norte	Barbara Rae-Venter
1985	jun/19	Restos mortais não-identificados	Roger Kelso	Maryland	Parabon NanoLabs
1987	jun/19	Homicídio	Michael Whyte	Colorado	Parabon NanoLabs
1992-1994	jun/19	Violência sexual	Mark Manteuffel	Califórnia	Parabon NanoLabs
2007	jun/19	Restos mortais não-identificados	Dana Nicole Lowrey	Ohio	DNA Doe Project
1981	jul/19	Restos mortais não-identificados	Louise V. P. Fleser	Ohio	DNA Doe Project

Tabela. Continuação

1999	jul/19	Restos mortais não-identificados	Tina L. Cabanaw	Indiana	Parabon NanoLabs
1983	ago/19	Violência sexual	Timothy Norris	Florida	Parabon NanoLabs
1972	set/19	Homicídio e violência sexual	Jake Edward Brown	California	Parabon NanoLabs
1978	set/19	Homicídio e violência sexual	Donald F. McQuade	Alaska	Parabon NanoLabs
2006	set/19	Homicídio	Robert Hayes	Florida	Parabon NanoLabs
2015	set/19	Restos mortais não-identificados	Não divulgado	Washington	DNA Doe Project
1991	out/19	Homicídio	Patrick Nicholas	Washington	Parabon NanoLabs
1993	out/19	Violência sexual	Jeffrey King	Delaware	Parabon NanoLabs
1999-2002	out/19	Homicídio e violência sexual	Nickey Stane	California	Parabon NanoLabs
2017	out/19	Violência sexual	Mason Hall	Pensilvânia	Parabon NanoLabs
1980	nov/19	Restos mortais não-identificados	Sandra R. Morden	Washington	Parabon NanoLabs

Elaborada pela autora, adaptado de Katsanis, S. H. (2020). Pedigrees and perpetrators: Uses of DNA and genealogy in forensic investigations. *Annu Rev Genomics Hum Genet*, 21, 535-64.