

AVALIAÇÃO ESTATÍSTICA DO ÍNDICE DE LIGAÇÃO GENÉTICA COMO PROVA CIENTÍFICA NO CONTEXTO JURÍDICO PARA DEMONSTRAR A CONEXÃO HEREDITÁRIA BIOLÓGICA ENTRE MÃE, FILHO E O SUPOSTO PAI, FUNDAMENTADA EM PESQUISA POR ELETROFORESE

Mariana Medeiros Candeloro¹
Paula Battistetti Medeiros Frohlich²

RESUMO: A ausência de reconhecimento paterno é um problema grave no Brasil. Segundo dados do IBGE, aproximadamente 30% das crianças registradas no Brasil não têm um pai identificado. Além do apoio emocional e financeiro de seus tutores, essas crianças necessitam de reconhecimento formal. O avanço de várias técnicas em biologia molecular permitiu uma compreensão mais aprofundada dos testes de DNA para identificação de paternidade e maternidade, oferecendo diversos benefícios para uma definição mais precisa do perfil genético dos indivíduos. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi comparar a distribuição de alelos entre indivíduos distintos e demonstrar, estatisticamente, a importância da análise genética por meio de eletroforese como um instrumento de prova científica para evidenciar a relação genética entre duas pessoas. Neste estudo, a representação visual por meio de autorradiografias de géis (eletroforese) foi utilizada para inferir a conexão biológica entre mãe, criança e suposto pai. Esse método foi desenvolvido para ilustrar como a herança é deduzida por meio do DNA, que é responsável por determinar os laços de parentesco biológico entre indivíduos. Pelas razões expostas, conclui-se que a prova pericial de exame de DNA, prevista nos artigos 158.º a 184.º do Código Penal, que abrange as principais perícias específicas, como a perícia forense, foi um meio competente para resolver o problema associado à semelhança genética. Dessa forma, gerou recursos extremamente importantes para a oferta do Ministério Público, indicando que o suposto pai é o pai biológico e que os alelos compartilhados pela sequência combinada (pb) 10/08/25/52/58 confirmam que ele não pode ser 99,999% excluído como pai biológico. Essa conclusão foi alcançada por meio de análise estatística dos resultados, baseada na avaliação da tipagem genética TRIO (mãe, filho e suposto pai), utilizando como referência o tamanho do fragmento do segmento de DNA. Isto permitiu obter provas claras que demonstram a compatibilidade da suposta sequência genética do pai com a amostra biológica da criança. Pai, filho e mãe têm, portanto, os meios legais e científicos para buscar com segurança a verdade biológica por meio do judiciário.

Palavras-chave: Eletroforese, compartilhamento de DNA, prova de relação genética, parentesco biológico.

¹Advogada: marianamcaneloro@outlook.com;

²Advogada: paulinhabattistetti@hotmail.com

STATISTICAL EVALUATION OF THE GENETIC LINKAGE INDEX AS SCIENTIFIC EVIDENCE IN A LEGAL CONTEXT TO DEMONSTRATE THE BIOLOGICAL HEREDITARY CONNECTION BETWEEN MOTHER, CHILD, AND THE ALLEGED FATHER, BASED ON ELECTROPHORESIS RESEARCH.

ABSTRACT: The absence of paternal recognition is a serious problem in Brazil. According to IBGE data, approximately 30% of children registered in Brazil do not have an identified father. In addition to the emotional and financial support of their guardians, these children need formal recognition. Advances in various molecular biology techniques have allowed for a deeper understanding of DNA testing for paternity and maternity identification, offering several benefits for a more precise definition of individuals' genetic profiles. Therefore, the objective of this study was to compare the distribution of alleles between different individuals and to statistically demonstrate the importance of genetic analysis using electrophoresis as a scientific proof tool to demonstrate the genetic relationship between two people. In this study, visual representation through gel autoradiographs (electrophoresis) was used to infer the biological connection between mother, child, and alleged father. This method was developed to illustrate how inheritance is deduced through DNA, which is responsible for determining the biological kinship ties between individuals. For the reasons stated, it is concluded that the expert DNA test, provided for in articles 158 to 184 of the Penal Code, which covers the main specific expert analyses, such as forensic expertise, was a competent means to resolve the problem associated with genetic similarity. In this way, it generated extremely important resources for the Public Prosecutor's Office, indicating that the alleged father is the biological father and that the alleles shared by the combined sequence (pb) 10/08/25/52/58 confirm that he cannot be 99.999% excluded as the biological father. This conclusion was reached through statistical analysis of the results, based on the evaluation of the TRIO genetic typing (mother, child, and alleged father), using the size of the DNA segment fragment as a reference. This allowed for obtaining clear evidence demonstrating the compatibility of the alleged genetic sequence of the father with the biological sample of the child. Father, child, and mother therefore have the legal and scientific means to safely seek the biological truth through the judiciary.

Keywords: Electrophoresis, DNA sharing, proof of genetic relationship, biological kinship.

INTRODUÇÃO

A ausência de reconhecimento paterno é um problema grave no Brasil. Segundo dados do IBGE, aproximadamente 30% das crianças registradas no Brasil não têm um pai identificado. Além do apoio emocional e financeiro de seus tutores, essas crianças necessitam de reconhecimento formal.

O desenvolvimento de diversas técnicas em biologia molecular possibilitou uma melhor compreensão dos testes de DNA para a identificação de pais e mães, trazendo várias vantagens para uma definição mais segura do perfil genético dos indivíduos. Atualmente, graças a uma ideia inovadora de Alec Jeffreys, surgida há 25 anos, é viável desafiar o ditado popular e verificar com exatidão se os filhos de nossos filhos são de fato nossos netos. O que parecia impossível em 1985, quando Jeffreys apresentou a técnica, tornou-se uma prática comum.

O sequenciamento de DNA é um método que determina a ordem dos nucleotídeos – adenina, timina, guanina e citosina (A, T, G, C) – em uma amostra de material genético. Há várias abordagens disponíveis, cada uma oferecendo seus próprios benefícios e desvantagens. As técnicas de sequenciamento de DNA são recursos fundamentais em diversas áreas. Diferentes campos científicos, como arqueologia, antropologia, genética, biotecnologia, biologia molecular e ciências forenses, estão obtendo vantagens com essas metodologias, entre outras. A análise do DNA propiciou avanços significativos na confirmação de parentesco, pois sua utilização no sistema judiciário tem sido crucial nas determinações feitas pelos tribunais nacionais. A identificação de indivíduos, impulsionada por inovações na engenharia genética e no mapeamento do DNA, proporciona evidências com uma precisão de 99,99% na confirmação da linhagem genética. De acordo com os autores (Miyajima, Daruge, Daruge Jr., 2001; Frari et al., 2008; Shambulingappa, 2012), os exames de DNA atualmente disponíveis são bastante confiáveis e são reconhecidos como evidências válidas em processos judiciais, com o que concordam CANDELORO et al. (2019; 2020).

Conseqüentemente, com a implementação do teste de DNA, tornou-se possível determinar com precisão a paternidade, a maternidade e provas relacionadas à participação masculina em crimes. Indiscutivelmente, o setor jurídico, em sua totalidade, está se beneficiando desse tipo de investigação, em particular a Medicina Legal, que desempenha um papel crucial na elucidação de eventos e na verdade dos fatos. Assim, o entendimento dessa questão será extremamente útil para que os profissionais do direito, em várias áreas de especialização, possam dispor de mais uma ferramenta eficiente para o exercício profissional. Quando aplicado em ambientes forenses, o exame de DNA tem se mostrado uma fonte sólida de evidências, capaz de incriminar uma pessoa que poderia ser inocente ou libertar alguém que poderia ser culpado. Dessa forma, como afirmam os autores Farah (1997) e Sobrinho (2003), esse conhecimento científico foi incorporado ao sistema jurídico, encontrando uso nas áreas do direito de família e penal, especialmente em casos de investigação de paternidade, identificação de restos humanos e elucidação de crimes, conforme já foi mencionado. O estudo sobre DNA e sua aplicação no contexto forense é extremamente útil para a definição da paternidade, particularmente em situações onde o possível pai veio a falecer.

No campo do direito penal, o uso do DNA se torna possível por meio da Criminalística Biológica, que se dedica à avaliação e verificação de vestígios biológicos, como é frequente em casos que envolvem manchas de sangue e sêmen. Essa investigação permite a análise comparativa das informações genéticas das substâncias localizadas em vítimas e suspeitos. As amostras que geralmente são analisadas em laboratórios forenses englobam: sangue (seja líquido ou como manchas secas), sêmen (obtido de exsudato vaginal, roupas íntimas ou manchas), pelos (onde o DNA está concentrado na raiz) e objetos que podem conter saliva (mesmo que a saliva em si não tenha células, ela pode incluir células epiteliais da boca, que possuem DNA). De acordo com Almeida (2001); Alberts et al. (2010); Candeloro et al. (2019),

o DNA, conhecido como ácido desoxirribonucleico, é o componente fundamental do material genético humano, encontrado no núcleo celular e formando os cromossomos. Cada pessoa possui 46 pares de cromossomos, com metade herdada da mãe e a outra metade do pai (AMABIS & MARTHO, 2019). Portanto, os genes compõem os cromossomos e são responsáveis pelas características genéticas dos indivíduos (MOORE, 1986; LINHARES, 2009; LOPES, 2010; SCHUHMACHER, 2012).

Embora a análise do polimorfismo do DNA seja atualmente considerada uma prova significativa, ela não deve ser encarada como um fato inquestionável, a ponto de o juiz se basear exclusivamente em seus resultados, pois isso pode substituir perigosamente a avaliação crítica do magistrado por uma única evidência. Nesse contexto, é crucial que os juízes exercitem cautela e não desconsiderem outros elementos de prova, uma vez que a avaliação das evidências deve considerar todas elas, integrando-as com outros aspectos probatórios. Assim, no domínio do direito penal, os autores Candeloro et al. (2020) apontaram que, apesar da falta de publicações sobre o assunto, a abordagem biológica focada na identificação de semelhanças genéticas e a utilização de testes de DNA aprimoraram as investigações, fornecendo evidências científicas fundamentadas na precisão das técnicas utilizadas. Assim, o objetivo deste estudo foi comparar a distribuição de alelos entre indivíduos diferentes e mostrar, de forma estatística, a relevância da análise genética por eletroforese como um instrumento de prova científica para comprovar a ligação genética entre duas pessoas.

MATERIAL E MÉTODOS

O propósito da pesquisa foi gerar dados que possam ser utilizados na solução de uma questão específica, tornando mais fácil entender como o perfil genético pode ser usado como prova na determinação da paternidade. Com relação aos objetivos, ela é categorizada como descritiva, comparativa e exploratória, pois busca analisar as bandas de DNA. Isso implica que o estudo investiga se os alelos obrigatórios do pai que aparecem no perfil do filho se alinham com os alelos que constam nos perfis do suposto pai e da suposta mãe.

No que diz respeito aos métodos utilizados, é um estudo descritivo, pois envolve realizar uma revisão de literatura conforme orientações de Gil e Minayo, abrangendo as principais aplicações do DNA na produção de evidências forenses. Para isso, são consultados livros, artigos científicos, dissertações e recursos disponíveis online.

A análise dos dados foi realizada por meio da estatística descritiva. Foram avaliados os resultados de 18 bandas, incluindo 10 da mãe, 10 da criança e 10 do suposto pai, visando comparar as probabilidades associadas ao conteúdo das bandas, com o intuito de estabelecer a proporção de relacionamentos biológicos.

O mapeamento do DNA, comumente conhecido como impressão digital de DNA ou tipagem de DNA, é uma técnica utilizada para identificar um indivíduo ao confrontar seu DNA com uma amostra de referência já conhecida. Essa abordagem baseia-se no princípio de que o DNA de cada pessoa é único, exceto no caso dos gêmeos idênticos.

Mapeamento de DNA:

1. Coleta da amostra de DNA

Uma quantidade pequena de células é recolhida de uma pessoa, geralmente a partir da mucosa da boca, do sangue ou de outros fluidos corporais. Depois, essa amostra é enviada a um laboratório para que o DNA seja extraído.

2. Extração e Amplificação do DNA

A extração de DNA é efetuada na amostra celular com o intuito de isolar e purificar o DNA. Para isso, é preciso quebrar as membranas celulares e remover proteínas, além de outros elementos das células. O resultado desse processo é uma amostra de DNA que está concentrada. Este procedimento também serve para identificar a sequência de nucleotídeos do DNA, que é formada pelas bases nitrogenadas adenina, guanina, citosina e timina.

3. Amplificação de DNA

A amostra de DNA coletada é muito pequena para uma avaliação direta, portanto, é necessário aumentá-la para criar milhões de cópias de trechos específicos do DNA. Essa amplificação é realizada por meio de uma técnica chamada reação em cadeia da polimerase, ou PCR. A PCR utiliza enzimas especializadas e variações de temperatura para gerar múltiplas cópias das regiões do DNA que são significativas.

4. Eletroforese em gel

Os fragmentos de DNA amplificados são organizados de acordo com seu tamanho utilizando um método denominado eletroforese em gel. Nesse procedimento, os fragmentos de DNA são colocados em um gel de agarose, e uma corrente elétrica é aplicada. Os fragmentos menores se movem mais rapidamente pelo gel, enquanto os maiores se deslocam mais devagar.

5. Observação e Estudo

Após a conclusão da eletroforese, o gel recebe um corante específico que se acopla ao DNA. Sob iluminação ultravioleta, os fragmentos de DNA se tornam perceptíveis, formando linhas no gel. Cada pessoa possui um padrão de linhas único, chamado de perfil de DNA.

6. Comparação

O perfil de DNA da criança é comparado com uma amostra de referência, que pode ser a da mãe e a do suposto pai. Quando os padrões de linhas coincidem, isso sinaliza que as amostras de DNA pertencem ao mesmo indivíduo. Em contraste, se houver diferenças nos padrões de linhas, isso indica que as amostras são de pessoas distintas. Portanto, o perfil da criança é examinado em relação ao da mãe e ao do suposto pai. Considerando que recebemos 50% do DNA de cada um dos pais, as linhas de DNA da criança devem coincidir com o perfil do pai biológico.

7. Análise Estatística

Em investigações forenses, as estatísticas ajudam a determinar a chance de dois perfis de DNA serem idênticos por sorte. Esse procedimento envolve calcular a ocorrência de variações particulares do DNA, chamadas de alelos, na população. Uma elevada probabilidade de correspondência fornece provas sólidas de que as amostras de DNA pertencem à mesma pessoa.

8. Estratégia para o Teste de paternidade

A eletroforese, uma técnica vital em testes de paternidade, é utilizada para separar fragmentos de DNA conforme seu tamanho em um gel, produzindo um padrão de bandas (impressão digital genética). Após a amplificação do DNA da mãe, da filha e do possível pai, a aplicação de uma corrente elétrica separa esses fragmentos, permitindo que se comparem as bandas da filha que provêm da mãe com aquelas que devem vir do pai biológico. O valor pb, que aparece ao lado das bandas, representa o número de pares de bases por fragmento de DNA, que é único para cada indivíduo. Para verificar se a criança é realmente filha do casal, é fundamental comparar as bandas e as áreas que mostram as ligações maternas e paternas. É essencial lembrar que uma criança recebe 50% de seu DNA da mãe e 50% do pai. Ao realizar a comparação das bandas de DNA, observa-se que os alelos paternos necessários que estão no perfil dos filhos (banda) correspondem aos alelos que aparecem no perfil do suposto pai e da suposta mãe. Levando em conta que estamos examinando a representação visual através de autorradiografias de géis para deduzir a relação biológica entre mãe, filha e o suposto pai. Para isso, foram obtidas amostras da mãe, da filha e do suposto pai, e o DNA foi extraído e ampliado usando a técnica de PCR. As informações coletadas, apresentadas na estrutura da Figura 1, ilustram a distribuição das características observadas e possibilitam a síntese dos dados alélicos dos três indivíduos, além das ligações de parentesco biológico entre eles.

9. Tipagem genética de indivíduos baseada na eletroforese

A Ilustração (Figura 1) demonstra a herança genética de uma mãe, de uma criança e do suposto pai. À esquerda, uma faixa numerada representa os genes alelos, que estão associados ao legado hereditário, ajudando a elucidar a ligação genética entre mãe, filha e suposto pai, sendo este um critério chave para a classificação do grau de semelhança. Os dados coletados foram organizados em tabelas para facilitar a compreensão das relações de parentesco biológico entre o trio: mãe, filha e suposto pai. As autorradiografias de géis de agarose oferecem uma visualização célere da composição genética de cada indivíduo. As faixas retangulares escuras representam as bandas que indicam o DNA ou os alelos correspondentes à mãe, à filha e ao suposto pai. O comprimento das moléculas de DNA, alinhado com as bandas, é geralmente expresso em pares de bases (pb). O padrão de associação das bandas observado no gel é uma ferramenta crucial para determinar se a composição genética da criança decorre da fertilização do óvulo da mãe pelo espermatozoide do suposto pai. Dessa forma, a criança apresenta apenas metade do total de bandas em posições específicas que se relacionam com as bandas da mãe, enquanto a outra metade deve corresponder às bandas do suposto pai. Assim, a combinação dos perfis genéticos de todos os envolvidos confirma a paternidade. No caso, para a avaliação do índice de identificação foi considerado um único parâmetro: verificou-se a proporção x de marcadores alélicos de 3 a 88 que são compartilhados entre os perfis genéticos (padrão) previamente obtidos dos indivíduos: criança em relação ao Pai e à Mãe. O índice final de compartilhamento de marcadores alélicos será proporcional quando calculado para os pares Pai e Mãe.




Tipagem genética para investigação de vínculo biológico (Perfil Eletroforético)					
Identificação	Pb	Bandas	Mãe	Criança	Suspeito
Distribuição alélica compartilhada pelo trio: Mãe, Criança e Susposto Pai	88	████████	████████		
	85	████████	████████	████████	
	74	████████			████████
	65	████████	████████	████████	
	63	████████	████████		
	58	████████		████████	████████
	52	████████		████████	████████
	47	████████			████████
	43	████████	████████	████████	
	38	████████	████████		████████
	31	████████	████████	████████	
	25	████████	████████	████████	████████
	23	████████	████████	████████	
	15	████████			████████
	13	████████	████████	████████	
	10	████████		████████	████████
8	████████		████████	████████	
5	████████	████████	████████		
3	████████			████████	

Figura 1. Bandas do gel de eletroforese que compara o DNA da criança com o DNA do Pai e da Mãe. Faixas numeradas e marcadas, respectivamente, de 3 pb a 88 pb (alelos) são associadas ao conjunto de características hereditárias ou padrões fenotípicos da Mãe e do Pai. (Fonte: Os autores, 2026).

9. A precisão do exame de paternidade

Os testes de paternidade, sejam eles trios ou duos, proporcionam resultados com uma certeza que pode atingir 99.999% na validação da paternidade e 100% na sua rejeição. A precisão dos resultados depende do tipo de teste realizado e da qualidade das amostras coletadas. Nos exames de reconstrução genética, o grau de certeza pode variar, uma vez que leva em consideração o número de indivíduos envolvidos e o nível de parentesco entre eles.

10. Especialistas

Os profissionais encarregados de apresentar e interpretar os resultados dos testes de DNA precisam ser adequadamente qualificados. Não existe um critério rigorosamente definido de conhecimento ou formação que uma testemunha deva possuir para ser considerada um especialista. O que realmente importa é se essa pessoa tem conhecimento suficiente para demonstrar que sua opinião ou inferência ajudará o juiz a chegar à verdade. A identificação do DNA pode incluir depoimentos sobre achados laboratoriais, a interpretação estatística desses achados e os princípios fundamentais da biologia molecular, o que pode exigir conhecimentos em várias disciplinas. Quando esse conhecimento é insuficiente, pode ser necessário contar com mais de um especialista para fornecer testemunho.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com Franca (1998), as primeiras investigações em genética molecular voltadas para a identidade tiveram seu início em 1953, quando os cientistas James Watson e Francis Crick desvendaram a configuração de dupla hélice do DNA, que é fundamental para o

patrimônio genético. Entretanto, apenas a partir de 1980 começaram a surgir novas metodologias para identificar as características singulares de cada indivíduo no DNA. Em 1985, Alec Jeffreys criou sondas moleculares radioativas que conseguem localizar regiões extremamente sensíveis do DNA, possibilitando assim a elaboração de perfis genéticos exclusivos, que ele chamou de “impressão digital” dos seres vivos. Nos termos do art. 3º, II, da Lei nº 8.974, de 5 de janeiro de 1995, “ácido desoxirribonucleico (DNA) é material genético que abriga informações que determinam os traços hereditários transmissíveis à descendência”. Essa legislação regulamenta os incisos II e V do § 1º do artigo 225 da Constituição Federal de 1998, estabelece diretrizes para a utilização das técnicas de engenharia genética e a liberação no ambiente de organismos geneticamente modificados, confere ao Poder Executivo a autoridade para instituir, no âmbito da Previdência da República, a Comissão Técnica Nacional de Biossegurança e adota outras medidas (ALMEIDA, 2001).

Os fragmentos originados da digestão por enzimas de restrição podem ser examinados por meio da técnica de eletroforese em agarose. Eletroforese é o método pelo qual fragmentos de DNA de tamanhos variados são separados. O DNA é inserido em um poço do gel (com aparência semelhante à gelatina) e este é exposto a um campo elétrico. O DNA se desloca em direção ao polo positivo, já que a molécula de DNA possui carga negativa devido à presença de grupos fosfato. Durante a corrida eletroforética, os fragmentos menores movem-se com mais agilidade comparados aos fragmentos maiores e, assim, a localização relativa dos fragmentos no gel depende de seus tamanhos. Após a corrida eletroforética, é necessário tratar o gel com um corante específico para a visualização dos fragmentos de DNA. É fundamental lembrar que mãe, filho(a) e suposto pai têm um perfil genético único. Nesse sentido, a eletroforese tem sido cada vez mais incorporada à rotina laboratorial por oferecer dados valiosos sobre cada indivíduo (MCPHERSON, 2011).

Na Figura 2, podem-se notar as conexões biológicas que envolvem o trio: mãe, filha e o suposto pai, os quais parecem compartilhar traços semelhantes, consequência da herança genética de ancestrais comuns. Contudo, ao analisarmos mais detalhadamente o perfil dos três indivíduos, constatamos que eles não são idênticos; ao contrário, há diferenças biológicas entre eles. Tais diferenças refletem modificações na sequência de nucleotídeos do DNA que não apresentam efeitos patológicos diretos, onde, geralmente, o alelo modificado possui uma frequência na população superior a 1%. Para entendermos mais sobre essa variação, é essencial primeiro esclarecer alguns conceitos. O fundamental é chamado de fórmula genética, ou seja, os dados que possibilitam a identificação de um indivíduo. Ao examinar o trio de indivíduos nas Figuras 1 e 2, identificamos três fórmulas genéticas distintas relacionadas a 18 bandas específicas; neste caso, o perfil de bandas é o que distingue cada indivíduo. Essas variações nos tamanhos de bandas (pb) que determinam o perfil dos três indivíduos são conhecidas como alelos. Assim, na Figura 2, visualizamos, respectivamente, a identidade genética da mãe, da filha e do suposto pai. No lado esquerdo, onde se vê uma régua numerada, estão representados os alelos, referentes ao patrimônio hereditário, que buscam esclarecer a relação dos alelos entre mãe, filha e suposto pai.

Na configuração da eletroforese em gel de agarose (Figura 2), são apresentadas as principais características a serem levadas em conta na análise do DNA relacionada ao Pai, Mãe e Criança. Cada banda (pb) é representada por linhas destacadas com retângulos de cores específicas: amarelo para a mãe, azul para o pai em questão e amarelo/azul para a criança. Essencialmente, essas análises envolvem o padrão de características que refletem o genótipo de cada indivíduo. Os segmentos preenchidos nas cores azul e amarelo simbolizam os genes alelos que foram herdados. Assim, o genótipo do pai é evidenciado pelos retângulos coloridos em azul, enquanto o da mãe é mostrado em amarelo. Para identificar a existência de uma associação biológica entre o padrão genotípico dos ascendentes (Pai e Mãe) e a amostra da descendente, foram consideradas as intersecções dos alinhamentos, relacionadas aos marcadores alélicos

com as faixas de mesmo número na coluna vertical numerada de 3 a 88, juntamente com as linhas horizontais de igual numeração. Essas informações serviram como referência para mostrar as posições dos genes que identificam os genótipos da Mãe e do Pai. Para avaliar o grau de parentesco com a criança, foi realizada uma verificação da incidência de bandas (marcadores alélicos). Sendo coincidentes as bandas do pai (azul), da mãe (amarelo) e da criança (amarelo/azul), a paternidade e a maternidade foram conclusivas.

Ao examinar as bandas do gel de eletroforese que compara o DNA da criança com o DNA do pai e da mãe, observou-se que, na primeira coluna, estão organizados os fragmentos representativos de um gel de agarose dispostos por ordem de tamanho (Pb), com a variação de tamanho dos fragmentos entre 3 e 88 pares de nucleotídeos (Pb). Isso mostra 19 marcadores alélicos padrão (bandas) relacionados a sequências hipervariáveis, os quais correspondem às identificações genótípicas presentes no Pai, Mãe e na criança, servindo como critérios cruciais para elucidar a relação dos genes na classificação do grau de parentesco entre eles. Esses marcadores alélicos são baseados na identificação de segmentos do DNA cujas sequências repetitivas de nucleotídeos são exclusivas para cada indivíduo, sendo transmitidas de pais para filhos conforme a herança mendeliana. A segunda coluna representa o padrão eletroforético de todos os indivíduos envolvidos, onde os fragmentos de DNA se organizam em faixas por ordem de tamanho. Cada uma das três colunas verticais subsequentes refere-se a uma amostra de DNA para comparação, simulando o padrão eletroforético do Pai, Mãe e Criança, onde os fragmentos de DNA se distribuem em faixas por ordem de tamanho, apresentando apenas variações em seu comprimento, herdadas de maneira mendeliana, com cada um desses fragmentos denominados como alelo.

Com base nas informações apresentadas, foram identificadas um total de 19 bandas de imagens (Marcadores alélicos): 3/5/8/10/13/15/23/25/31/38/43/47/52/58/63/65/74/85/88. A partir desse conjunto de imagens de bandas, é possível notar que cada indivíduo analisado é reconhecido por dez imagens de bandas. Esse padrão de dez bandas investigado é único para cada pessoa e reflete seus grupos genéticos ou sua identidade genética. Os marcadores alélicos que evidenciam relações entre as oito pessoas examinadas sob a perspectiva genealógica foram destacados artificialmente em azul para os paternos e em amarelo para os maternos, a fim de facilitar a visualização (Figura 2). Os marcadores alélicos (Pb) foram utilizados para designar as diferentes variantes de um gene que ocupam a mesma posição em cromossomos homólogos presentes nos indivíduos: Pai, Mãe e filho, pertencentes a uma mesma linhagem. Essa diversidade de marcadores alélicos (bandas) é que determina as distintas características entre esses indivíduos, ou seja, é a responsável por gerar variações fenotípicas entre eles.

Os segmentos de DNA que se organizam em faixas segundo a disposição numérica de tamanho nas colunas (Figuras 1 e 2), têm como objetivo elucidar as identidades genótípicas de cada um dos indivíduos, fator determinante na classificação do grau de parentesco. É relevante destacar que cada indivíduo possui uma combinação genética singular, o que possibilita uma distinção clara entre eles. Assim, o Pai está associado aos marcadores alélicos cujos tamanhos dos fragmentos variaram entre pares de bases nucleotídicas de 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74, enquanto a Mãe possui os tamanhos 5/13/23/38/43/63/65/85/88 e a criança, 8/10/13/25/31/43/52/58/65/85. A interpretação biológica desses códigos determina a identidade genética de um indivíduo. Portanto, o simples código do DNA permite uma vasta gama de arranjos, sujeitos à quantidade e à ordem de bases nitrogenadas, que formam um gene e que se manifestam em uma característica.

Quando olhamos para os números (marcadores alélicos) que mostram a identidade genética de cada pessoa, vemos que esses marcadores (bandas ou genes) são únicos para cada indivíduo, por isso são chamados de impressão digital de DNA ou impressão digital genética. Assim, cada pessoa possui um conjunto único de marcadores alélicos e recebe esse conjunto de seus pais. Em suma, podemos dizer que esses conjuntos de marcadores alélicos se referem aos

genes encontrados em um indivíduo e que são herdados de forma mendeliana. Considerando que representam uma determinada região do genoma, apresentam apenas diferenças no comprimento (pb) e são herdados de forma mendeliana, cada um deles pode ser chamado de alelo (MEDEIROS et al. 2021). Em outras palavras, podemos chamar de genótipo o termo utilizado para nos referir à constituição genética de um indivíduo. Assim, determinar o perfil genético significa identificar um conjunto específico de marcadores genéticos que são únicos e inconfundíveis para um determinado indivíduo, tal como as impressões digitais das pessoas. Com base em um perfil genético, uma pessoa pode ser identificada de forma única.

Assim, ao analisar os resultados do teste de DNA, constatou-se que cinco das faixas da mãe, apresentadas nas caixas amarelas, correspondem às da criança, enquanto uma faixa corresponde à do suposto pai. Por outro lado, cinco das dez faixas (marcadas em azul) do suposto pai coincidem com as faixas da criança. A coluna do suposto pai, marcada com faixas azuis, e a coluna do filho, que apresenta faixas amarelas e azuis, mostram os alelos de ambos os indivíduos em cada marcador genético (pb). Nesse contexto, as faixas azuis relacionadas às bandas 8/10/25/52/58 pb do suposto pai apresentaram semelhança de 50,0% dos alelos com as faixas do filho, representadas pelos números 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74. Além disso, as faixas amarelas ligadas às faixas (bp) 13/31/43/65/85 que vêm da mãe, também foram encontradas na composição genética da criança.






















































Tipagem genética para investigação de vínculo biológico (Perfil Eletroforético)					
Identificação	Pb	Bandas	Mãe	Criança	Suspeito
Distribuição alélica compartilhada pelo trio: Mãe, Criança e Suposto Pai	88				
	85				
	74				
	65				
	63				
	58				
	52				
	47				
	43				
	38				
	31				
	25				
	23				
	15				
	13				
10					
8					
5					
3					

Figura 2. Mapa de localização dos alelos relativos ao caso que envolve mãe, criança e o suposto pai. Faixas numeradas (pb) e marcadas em amarelo e azul (alelos) são associadas ao conjunto de características hereditárias ou padrões fenotípicos, respectivamente, da Mãe e do Pai. (Fonte: Os autores, 2026).

A Tabela 2 mostra detalhes sobre a identificação dos alelos, incluindo alelos iguais, a contagem e a porcentagem de alelos compartilhados entre a criança, o suposto pai e a mãe

biológica. Dessa forma, ao realizar um exame que inclui a mãe, a criança e o suposto pai, é possível determinar exatamente qual alelo veio da mãe e qual foi transmitido pelo pai. Vale ressaltar que as características genéticas da criança são recebidas em partes iguais dos pais. Observando os valores dos marcadores alélicos para a identificação paterna exigida (Pai) nas posições 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74 e da criança em 8/10/13/25/31/43/52/58/65/85, podemos confirmar que os marcadores 8/10/25/52. Portanto, o pai está incluído. Desta forma, a ascendência da criança, que é determinada pelas leis genéticas, pode ser atribuída a este Pai. Observando os valores dos marcadores alélicos para a identificação materna necessária (Mãe: 5/13/23/38/43/63/65/85/88) e para a criança (8/10/13/25/31/43/52/58/65/85), podemos confirmar que os alelos marcadores 13/31/43/65/8. Portanto, a maternidade também está incluída.




A possível identificação genética atribuída à criança como uma filha biológica desse casal, seria dada pela combinação de cinco dos dez marcadores genéticos paternos (3/8/10/15/25/38/47/52/58/74) e de cinco dos dez marcadores genéticos maternos (5/13/23/38/43/63/65/85/88).

Assim, quando se compara cada marcador genético existente no genótipo dessa mãe aos da criança, observou-se a inclusão genética. Essa inclusão ocorre pela existência de marcadores genéticos do DNA semelhantes ao dessa mãe na identificação genética dessa criança. Dessa forma, a filiação dessa criança, estabelecida pelas leis de genética, pode ser atribuída a essa progenitora.

Desta forma, é preciso considerar que a criança detém 50% de seu DNA de sua mãe e 50%, de seu pai. Logo, ao realizar as comparações das bandas de DNA, pode-se constatar que os marcadores alélicos paternos obrigatórios presentes no perfil da criança (banda) se alinham com os marcadores alélicos visualizados no perfil do suposto pai e da suposta mãe.

Observe que os alelos identificados como (pb) 8/10/25/52/58, que deveriam ser herdados do pai, encontram correspondência com o suposto genitor sob investigação. Adicionalmente, somente cinco dos dezenove alelos analisados apresentaram concordância. Isso ocorre porque certos alelos podem ser frequentes em uma população, fazendo com que diversas pessoas ostentem alelos idênticos mesmo sem qualquer vínculo genético. Sendo assim, são calculados o índice de paternidade e o índice de paternidade cumulativa. Em alguns laboratórios, também se oferece a frequência do alelo paterno, isto é, a ocorrência (em termos estatísticos) de um alelo específico (neste caso, o alelo paterno obrigatório) em uma determinada região (como um estado ou país). Essa computação demonstra a incidência daquele alelo em relação à população.

Tabela 1. Comparação dos marcadores alélicos vinculados ao conjunto de traços hereditários comuns entre a mãe biológica, o pai em questão e a criança. (Fonte: Os autores, 2026).

Indivíduos analisados		Identificação alélica obtida	Alelos compartilhados / criança	Nº alelos compartilhados com a criança	%	Índices de inclusão
	Mãe	5/13/23/31/38/43/63/65/85/88	13/31/43/65/85	5	50,0%	99,999%
	Suposto Pai	3/8/10/15/25/38/47/52/58/74	8/10/25/52/58	5	50,0%	99,999%
	Criança	8/10/13/25/31/43/52/58/65/85	[Dados ocultos]			

No caso referente à paternidade da criança, também foi elaborado um diagrama de Venn (Figura 3), que é uma representação que possibilita visualizar conjuntos, especialmente ao identificar alelos exclusivos de cada conjunto e a área compartilhada entre o pai, a mãe e a criança, comparando a relação de parentesco entre eles por meio dos marcadores alélicos que identificam cada indivíduo e que são herdados de maneira mendeliana. É interessante observar que, mesmo os filhos não apresentando em sua identificação genotípica os marcadores alélicos associados, tanto ao suposto pai quanto à possível mãe, foram incluídos ao modelo.

Conforme as leis estabelecidas pela genética, a prole possui duas cópias de DNA, uma herdada da mãe e outra herdada do pai. Assim, comparando os valores dos marcadores alélicos da identificação genotípica no quadrado azul, à esquerda, que representa o conjunto de alelos do suposto (Pai) 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74 com os valores no círculo amarelo, à direita, que representa o conjunto de alelos da (Mãe) 5/13/23/38/43/63/65/85/88 e a área central, destacada pelo círculo preto, onde o quadrado azul e o círculo amarelo se sobrepõem, evidenciando a união de alelos de ambos no conjunto de alelos da (Criança) 8/10/13/25/31/43/52/58/65/85, corresponde à interseção dos alelos (pb) atribuídos ao suposto pai, à mãe biológica e presentes na criança.

Dessa forma, é possível verificar que a região em destaque corresponde à interseção dos alelos (pb) 8/10/25/52/58, atribuídos ao suposto pai, e os alelos (pb) 13/31/43/65/85, atribuídos à mãe, que estão contidos no conjunto da criança.

Nesta ótica, os marcadores genéticos (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74 identificados na criança são originados pela junção do material genético paterno no espermatozoide, com uma mescla de alelos (pb) 8/10/25/52/58, e do material genético materno no óvulo, codificado pela série de alelos (pb) 13/31/43/65/85 durante a concepção. Assim sendo, o DNA da criança será estabelecido pela série conjugada de alelos (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74.

No âmbito jurídico, a exibição do perfil genético como prova geralmente vem com informações numéricas, indicando que a criança apresenta 50,0% de marcadores genéticos essenciais vindos do DNA paterno via espermatozoide e outros 50,0% de marcadores genéticos essenciais oriundos do DNA materno por meio do óvulo, ratificando a participação de ambos os ascendentes no perfil genético infantil.

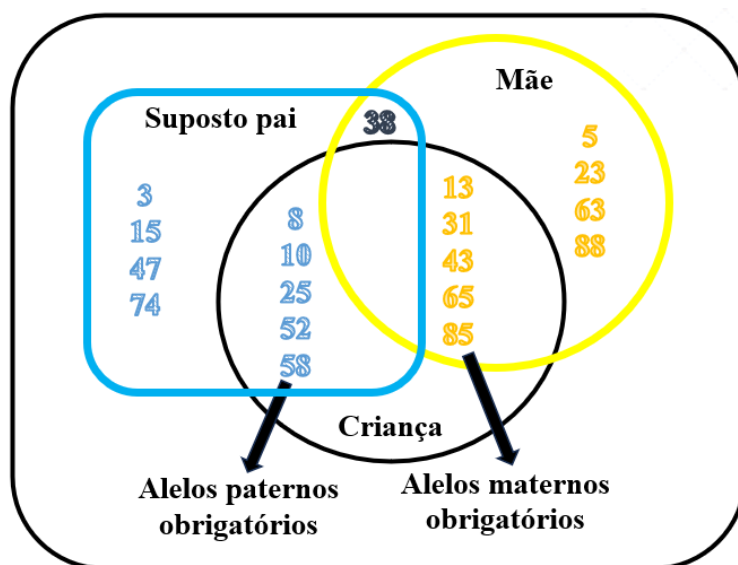


Figura 3. Representação gráfica da relação genética de filiação, mostrando a interseção entre os conjuntos de alelos do suposto pai, da mãe biológica e da criança por meio de um diagrama de Venn. (Fonte: Os autores, 2026).

Conforme Trent (1995), o DNA humano é constituído por aproximadamente 3 bilhões de pares de bases que formam uma sequência singular para cada indivíduo. Deste total, cerca de 70% estão relacionados à codificação de genes ou a atividades vinculadas à regulação da expressão gênica, enquanto os 30% restantes correspondem a sequências repetitivas de DNA, aparentemente sem função estipulada, chamadas de DNA lixo. O DNA carrega não apenas as instruções para sua própria duplicação, mas também os sinais necessários para a duplicação cromossômica, além de exercer papel vital na divisão e separação celular. Nos seres humanos, o DNA está ordenado em 46 cromossomos, dispostos em 23 pares, sendo 22 deles formados por autossomos e um par correspondente aos cromossomos sexuais. Cada pessoa recebe um conjunto de cromossomos da mãe e outro do pai. A maioria das células humanas contém esse material genético integral, com exceção dos gametas, que possuem apenas metade do DNA. Isso outorga a cada indivíduo um código genético singular, decorrente de variações na sequência do DNA, as quais são responsáveis pelas distinções entre as pessoas. Ainda assim, aproximadamente 99,999% do DNA humano são idênticos entre os indivíduos, sendo as ínfimas diferenças genéticas as responsáveis por características pessoais únicas. A molécula de DNA (ácido desoxirribonucleico) cumpre uma função primordial ao conter as instruções imprescindíveis para o desenvolvimento, funcionamento e procriação dos organismos. Por este motivo, sua composição difere entre as pessoas, assegurando a diversidade genética.

Na Tabela 2, considerando que o DNA é igual em todas as células do organismo, exceto nas células reprodutivas (óvulos e espermatozoides), que detêm metade do DNA de uma célula somática, é factível determinar o grau de semelhança entre os alelos ou bandas ligadas ao suposto pai e aos da criança. Para tanto, confronta-se individualmente a formulação genética da criança, demarcada pela sequência de união de alelos (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74, com a fórmula genética do suposto pai, delimitada pelos alelos correspondentes às faixas numéricas (pb) 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74, e com a da mãe biológica, cujos alelos se encontram expressos pelas faixas numéricas (pb) 5/13/23/38/43/63/65/85/88. De acordo com Medeiros, Alves e Kimura (2024), todos os indivíduos de uma mesma espécie compartilham os mesmos caracteres, o que faz com que a divergência observada entre eles seja uma manifestação da chamada variação fenotípica. Essa diferença pode ser atribuída a variações no ambiente ao qual essas pessoas são expostas ou a diferenças em suas composições genéticas. Por outro lado, a divergência genética surge de mudanças nas composições genéticas resultantes de mutações. Esse tipo de divergência é um fenômeno comum entre as espécies biológicas e afeta praticamente todas as características de uma espécie.




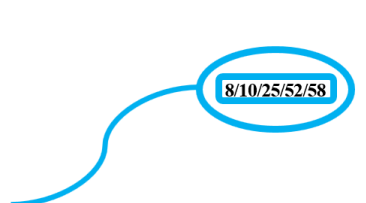
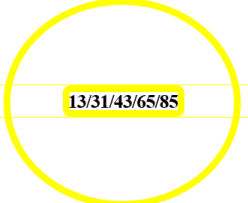
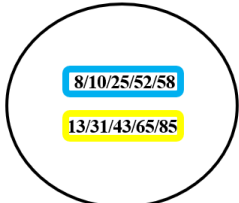
Sob a ótica molecular, em nível particular, a junção aleatória de alelos durante a formação das gametas (segregação independente e crossing-over) e a fecundação sem rumo garantem que cada novo ser seja geneticamente singular, exceto nas situações de gêmeos idênticos. Para discernir uma ligação biológica entre a constituição genética do filho, da genitora e do possível pai, consideram-se o pareamento e o alinhamento dos alelos compartilhados com os mesmos números entre o espermatozoide e o óvulo, por serem células haploides. O espermatozoide do suposto genitor e o óvulo da genitora fornecem os alelos para o zigoto do possível descendente em cada célula diploide. Desta forma, ao avaliar os padrões do teste de DNA do trio (genitora, filho e suposto pai), é factível determinar precisamente qual alelo é herdado de cada ascendente. É crucial ressaltar que os alelos determinantes para o desenvolvimento do filho são adquiridos igualmente do pai e da mãe. Note que a sequência de combinação de alelos (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74 demonstra aproximadamente 50% de afinidade com a do suposto pai, cujos alelos são (pb) 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74, denotando um elo biológico muito forte. Assumindo que a tipagem de DNA do suposto pai investigada se aproxima à da criança em cerca de 50% dos alelos, estamos avaliando a semelhança genética,

ou seja, quantos alelos nas sequências de DNA são mútuos entre eles (Tabela 1). Quanto maior o percentual de afinidade, mais próximas geneticamente estão essas pessoas.

A genotipagem de DNA consiste essencialmente em examinar a sequência e/ou o comprimento de uma amostra de DNA em locais específicos. Assim, o perfil genético encontrado na criança é igual em 50,0% ao do pai suspeito, isso pode significar que ocorreu um acoplamento de igualdade de perfis ao acaso entre esse suposto pai e a mãe biológica (Tabela 2).

De acordo com DISPAN (1993), para diferenciar um indivíduo de outro, analisa-se o genoma diploide (2n), que abrange os genótipos completos, no exemplo em questão, a mãe (pb) 5/13/23/38/43/63/65/85/88, a criança (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74 e o suposto pai (pb) 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74 (Tabela 2). Por outro lado, o poder de exclusão leva em conta o genoma haploide (n), ou seja, examina-se a presença ou falta do alelo paterno necessário, sendo que diferentes genótipos podem ter esse alelo paterno exigido. Portanto, o poder de exclusão tende a ser inferior ao poder de discriminação.

Tabela 2. Formulação genética da criança identificada no zigoto pelos alelos (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74, indicando que houve emparelhamento oriunda do processo de fecundação do espermatozóide de alelos (pb) 8/10/25/52/58 com o óvulo de alelos (pb) 13/31/43/65/85. (Fonte: Os autores, 2026).

Suposto Pai	X	Mãe	=	Criança
 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74	X	 5/13/23/31/38/43/63/65/85/88	=	 8/10/13/25/31/43/52/58/65/85
 8/10/25/52/58	X	 13/31/43/65/85	=	 8/10/25/52/58 13/31/43/65/85
(n) Célula haplóide = Espermatozóide	X	(n) Célula haplóide = Ovulo	=	(2n) Célula diplóide = Zigoto

Segundo Nucci (2016), prova é tudo o que será utilizado para cooperar na construção da convicção da autoridade julgadora, e isso pode ser entendido como o ato de provar (instrução de prova); meios de prova, que são ferramentas para demonstrar a verdade; e o resultado alcançado pela análise do material probatório, ou seja, o efeito ou resultado da prova do que se afirma. Santos (1952) salientou que, no entendimento popular, a palavra "prova" é utilizada para indicar a verificação, inspeção, exame, confirmação ou reconhecimento, com base na experiência ou na evidência. Ele ainda aponta que o termo se refere a tudo que pode nos persuadir sobre a existência de um fato, das características — sejam elas positivas ou negativas — de algo, e da precisão de certa informação. Para Simas Filho (1996), mencionado por Frohlich et al. (2020), a prova é a exposição da certeza dos fatos importantes e discutíveis que fundamentam uma alegação ou defesa. Nesse contexto, a prova não é apenas um instrumento de obtenção, mas sim o desfecho que evidencia a autenticidade dos eventos examinados.

No campo da prova, o maior problema está na investigação de crimes. Apesar da autonomia que o Código de Processo Civil confere ao juiz na área da prova, o problema para o juiz reside no seguinte ponto: como, em caso de suspeita de filiação, provar a ligação entre esse facto e o vínculo biológico à filiação. Cientificamente (Tabelas 1 e 2), ao combinar os alelos da criança (pb) que são 8/10/13/25/31/43/52/58/74 com os supostos dados do pai que são (pb) 3/8/10/15/25/38/47/52/, são observadas 5 correspondências (pb). Pode-se concluir que o DNA

tanto do suposto pai quanto da criança apresenta alelos com (pb) idênticos em 10/08/25/52. O pai em questão não pode, portanto, ser excluído como pai biológico, pois é evidente que o material genético obtido do sujeito é compatível com o material genético desta criança. A inclusão da mãe biológica é considerada muito relevante e fortalece os resultados do exame de DNA. Por esse motivo, o Código DNA recomenda sempre que a mãe participe de qualquer teste de DNA de paternidade.

É importante ressaltar também que durante o processo de fertilização (Tabela 2), os alelos (pb) de dois indivíduos, a mãe 5/13/23/38/43/63/65/85/88 e o pai 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74, combinam-se aleatoriamente para formar novos conjuntos de genes. 8/10/13/25/31/43/52/58/74 em cada célula. Esta série de genes 8/10/13/25/31/43/52/58/74 é exclusiva da criança que foi concebida. No cenário apresentado, a formação do genótipo de uma criança é resultado da herança igualitária dos pais, o que cria ligação genética. Quando esta associação é documentada no relatório de paternidade, representa a contribuição de 50% dos alelos (pb) recebidos da mãe e 50% dos alelos (pb) recebidos do pai (Tabela 1).

A base biológica para a resolução deste caso assenta no fato de cada pessoa ser o resultado da união de dois gametas (n), um materno (óvulo) e outro paterno (espermatozoide), originando uma célula, o zigoto (2n), a partir da qual se desenvolvem os vários milhares de milhões de células que constituem o organismo humano. Cada indivíduo herda, portanto, informações genéticas de ambos os pais, e cada célula possui essa informação. A investigação biológica do vínculo genético consiste, portanto, na análise da herança genética que a criança herdou da mãe e do parentesco do pai.

No caso da filiação observada na Tabela 2, o espermatozóide que fecundou o óvulo com ligação (pb) 31/13/43/65/85 teve ligação (pb) 8/10/25/52/58, produzindo um filho com constituição genética (pb) igual a 10/8/13/25/52/58. Portanto, foi comprovado que essa criança era parente direto de sangue em primeiro grau desse suposto pai e mãe. Como diz o artigo 1.591 do Código Civil: “Parentes em linha reta são pessoas que se relacionam entre si na relação de ascendentes e descendentes.

O grau de parentesco indica a proximidade do relacionamento. Quanto menor o grau, mais próximo é o parente e, portanto, alguns direitos são preferidos a outros mais distantes, como no caso dos direitos de herança. Vale lembrar que parentes de primeiro grau são aqueles que compartilham metade dos seus genes. Do ponto de vista jurídico, as relações criadas pelos contratos legais e pela lei são consideradas relações genéticas.

Assim, todas as provas têm o mesmo peso e conduzem o juiz, de acordo com o princípio da crença livremente fundamentada, a uma avaliação e posteriormente a uma conclusão que o aproxima da presunção de verdade.

Ao examinar a Figura 3, constatou-se que o cruzamento exposto reflete apenas a genotipagem dos alelos (pb) compartilhados pelos sujeitos avaliados. Deste modo, o perfil genético demonstrado no infante aponta 50,0% de semelhança com o perfil do alegado genitor. Isso pode sugerir que os alelos comuns (8/10/13/25/31/43/52/58/74) provem deste indivíduo, dependendo da incidência desses alelos na comunidade investigada. Não obstante, também é factível que tal concordância seja efeito de uma coincidência fortuita entre pessoas diferentes. Sob este olhar, pondera-se a chance de um par conjugal no qual o suposto pai detenha os alelos referentes às faixas numéricas (pb) 3/8/10/15/25/38/47/52/58/74, ao passo que a progenitora biológica exiba os alelos relacionados às faixas numéricas (pb) 5/13/23/38/43/63/65/85/88. Antecipa-se que o suposto pai contribua com espermatozoides contendo uma mescla de tamanhos de bandas (pb) 8/10/25/52/58, enquanto a mãe biológica disponibilize óvulos com alelos definidos pela sequência (pb) 13/31/43/65/85.

Na criança, a constituição do DNA é geneticamente determinada pela junção de sequências de alelos (pb) contidos nos gametas masculino e feminino. Assim, espera-se que os

alelos do espermatozoide, definidos pela sequência de junção (pb) 8/10/25/52/58, se unam aos alelos do óvulo, determinados pela sequência de junção (pb) 13/31/43/65/85. Conseqüentemente, o DNA da criança será definido pela sequência juntada de alelos (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74. Deste conjunto total de alelos (pb), metade (50%) é proveniente do pai biológico e a outra metade da mãe biológica. No contexto judicial, a apresentação do perfil genético como prova costuma ser acompanhada de dados numéricos, porém geralmente apenas para ilustração. Isso ocorre porque a consistência da tipagem e o cruzamento dos perfis genéticos (Figuras 1 e 2) já são suficientes para embasar o convencimento necessário. Dessa forma, a paternidade e a maternidade são realidades biológicas, que podem ser confirmadas por métodos capazes de atestar esse vínculo. Assim sendo, os exames de identificação molecular (DNA) são muito úteis para solucionar a investigação, visto que se baseiam na identificação de traços genéticos que, herdados, devem surgir simultaneamente no descendente e em seus progenitores.

Para efeito de avaliação estatística e cálculo do índice de identificação, foi verificada a proporção x de marcadores genéticos (3 a 88 pb) que eram compartilhados entre os perfis genéticos previamente obtidos da criança e os perfis dos responsáveis (supostos pai e mãe). O índice final de compartilhamento de marcadores genéticos será proporcional quando calculado para os pares Pai e Mãe (Tabelas 2 e 3). Nos cenários analisados, o DNA da criança possui 50,0% dos marcadores genéticos herdados do suposto pai e a outra metade herdada da mãe biológica.

O possível perfil genético da criança gerada por esse casal seria dado, portanto, pela combinação de cinco dos 10 marcadores genéticos paternos (3/8/10/15/25/38/47/52/58/74) e cinco dos 10 marcadores genéticos maternos (5/13/23/38/43/63/65/85/8), que poderiam levar ao perfil genético da criança (8/10/13/25/31/43/52/58/74) (Tabela 1). Portanto, o cálculo relacionado ao exame de conexão genética é influenciado pelas frequências alélicas da população analisada. Em um estudo específico do DNA dos indivíduos, foram identificados os seguintes genótipos: mãe (5/13/23/38/43/63/65/85/88), criança (8/10/13/25/31/43/52/58/74) e pai (3/8/10/15/25/38/47/52/58/74) (Figuras 1 e 2 e Tabelas 1 e 2). Esse achado sugere que cinco alelos (pb) vêm do pai. Para cada um deles, três questões são levantadas: primeiro, quais alelos o pai precisa transferir obrigatoriamente? (alelos pb 8/10/25/52/58); segundo, qual é a probabilidade de que o suposto pai tenha transmitido os alelos (pb) 8/10/25/52/58 ao filho? (a chance é de 50,0%); terceiro, qual é a probabilidade de que outro homem tenha passado os alelos (pb) 8/10/25/52/58 e seja o pai biológico da criança, considerando que o suposto pai foi escolhido de forma aleatória? (Frequência alélica de (pb) 8/10/25/52/58 entre a população em questão). Assim, a razão entre a probabilidade de que o suposto pai tenha transmitido os alelos (pb) 8/10/25/52/58 (0,5) e a probabilidade de outro homem ter feito o mesmo (0,1201) resulta no índice de paternidade para esses alelos ($0,5 / 0,1201 = 4,1631$). Este método, conforme Candeloro et al. (2019), é aplicado a um conjunto de quinze STRs, e o resultado da multiplicação dos índices de paternidade de cada locus é denominado índice de paternidade acumulada. Portanto, as conclusões do estudo se fundamentam nas frequências alélicas locais, evidenciando a relevância de se conhecer as frequências alélicas dos STRs utilizados nos testes de paternidade. Usando os genótipos dos participantes da amostra populacional, calcula-se as frequências genotípicas e alélicas, a partir das quais são estimados os parâmetros forenses e de paternidade. Entre os parâmetros forenses, estão a heterozigose esperada, a heterozigose observada, o equilíbrio de Hardy-Weinberg, o conteúdo de informação polimórfica, a probabilidade de coincidência e o poder de discriminação. No que diz respeito aos parâmetros de paternidade, são considerados o poder de exclusão e o índice de paternidade típico.

Assim, o perfil genético de um indivíduo, frequentemente empregado na identificação humana, é construído a partir da junção de vários marcadores alélicos que são recebidos de seus pais. Esses marcadores ou polimorfismos são encarados como variações nas sequências de

DNA entre as pessoas. Deste modo, é viável calcular o tamanho dos fragmentos presentes em cada amostra analisada, através da localização de suas faixas (Figura 1), comparadas com as localizações das faixas da amostra de referência, parecido com o que foi visto na Figura 2.

Com base no mapeamento de alelos em relação ao caso mãe, filho e suposto pai (Figuras 1 e 2, Tabelas 1 e 2) foi possível esclarecer conforme Buttler (2005; 2010); Dolinsky et al (2007); Hartl e Jones (2009); Alberts et al. (2010); Snustad e Simmons (2013); Griffiths et al. (2015); Perfurar (2016); Candeloro et al. (2019); Mattos (2019); Frohlich et al. (2020); Medeiros et al. (2021); Medeiros, Alves e Kimura (2023) que todo organismo possui uma série repetida de nucleotídeos (marcadores alélicos) em seu DNA. E que esta série é única para cada criança e que ela obtém esses marcadores (genes) de seus ancestrais de acordo com padrões mendelianos de transmissão, 50,0% do pai e 50,0% da mãe. É importante ressaltar que os membros da espécie humana compartilham 99,999% do seu genoma (VENTER et al., 2003; ALBERTS et al., 2010; BORGES-OSÓRIO & ROBINSON, 2013).

No que diz respeito à filiação, LOBO (2004) afirma que o estatuto de filiação é uma qualificação jurídica desta relação de parentesco atribuída a alguém, incluindo um complexo de direitos e obrigações mutuamente considerados. Na mesma linha, Gonçalves (2014) argumenta que o parentesco é uma relação de parentesco direta de primeiro grau, além de comentar que é a relação de parentesco mais importante e serve de base para todas as outras. Assim sendo, a Constituição Federal de 1988, a Lei 8.560/92, a Lei 8.069/1990, ECA, a Lei 12.004/09, a Lei 10.406/2002, cuidam-se de instrumentos leis que permitem ao indivíduo conhecer herança genética.

A Lei 8.560/92, instituiu a investigação de paternidade oficiosa, dos filhos havidos fora do casamento, estabeleceu novas diretrizes para o caminhar da investigação de paternidade. Desta forma, o direito concedido em conhecer a verdadeira identidade genética está incluído o exercício pleno do direito de personalidade, que por sua vez, é personalíssimo do investigante.

A expressão ‘filho ilegítimo’ foi substituída por ‘filho havido fora do casamento’ (art. 1º da Lei 8.569/92; CC, art. 1.607, 1.609 e 1.611). Este pode ser reconhecido pelos pais, conjunta ou separadamente (CC, art. 1.607), pessoalmente ou por procurador com poderes especiais. O reconhecimento é ato personalíssimo. Efetuado por um dos pais, só em relação a ele produz efeito, não se dando ao filho reconhecido qualquer direito perante outro genitor.

Cabe dizer ainda que o vínculo de parentesco se estabelece por linhas e a contagem se faz por graus. O parentesco pode se dar por linha reta ascendente ou descendente (artigo 1.591 do Código Civil) ou por linha colateral (artigo 1.592 do Código Civil).

Conforme sedimentado nas leis civis e cuidando-se de entendimento universal na doutrina e na jurisprudência, o direito do uso do nome do pai pelo filho é direito fundamental e não pode ser vedado. Esse direito é decorrente do Princípio da Dignidade Humana, o qual está alçado à Constituição Federal em seu artigo 1º, inciso III.

No cenário mundial, aproximadamente 23 milhões de indivíduos possuem sequências genéticas bastante similares, o que indica uma chance estimada de 1 em cada 100.000 de duas dessas pessoas exibirem perfis comparáveis. Contudo, é fundamental frisar que a probabilidade de duas pessoas apresentarem DNA completamente igual é excepcionalmente baixa (ZAHA, FERREIRA, PASSAGLIA, 2014). Isso ocorre devido à enorme quantidade de arranjos possíveis no genoma humano, proveniente das inúmeras posições dos pares de bases e da complexidade das engrenagens de hereditariedade e diversidade genética.

Além disso, é importante ressaltar que a probabilidade de duas pessoas apresentarem o mesmo DNA é afetada por vários fatores, como herança genética, mutações e a recombinação que acontece durante o processo de reprodução. Assim, mesmo entre irmãos que compartilham os mesmos pais, podem surgir distinções consideráveis no DNA em função desses elementos (SNUSTAD & SIMMONS, 2008). Em resumo, a chance de duas pessoas possuírem um DNA idêntico é extremamente reduzida, quase nula. Isso se justifica pela vastíssima quantidade de

combinações possíveis entre pares de bases no genoma humano, somada aos elementos que incentivam.

O nível de semelhança entre a amostra de DNA do suposto pai e a da criança foi avaliado mediante a comparação pontual entre o perfil genotípico da criança e os perfis genotípicos referentes às amostras da mãe biológica e do provável pai (Figuras 1 e 2, Tabelas 1 e 2). Para corroborar a presença de uma possível ligação biológica entre o genótipo da criança e o do suposto pai, foram examinadas as sobreposições nos alinhamentos dos alelos. Essas sobreposições representam as faixas (ressaltadas em azul) com números correspondentes na coluna vertical, apresentados em pares de bases (pb), cruzando-se com as linhas horizontais de idêntica numeração. Tais sobreposições podem ser consideradas como uma espécie de "marca molecular" (Figuras 1 e 2). Sob o aspecto conceitual, pesquisadores como Butler (2005; 2010); Hartl & Jones (2009); Alberts et al. (2010); Lewontin et al. (2013); Griffiths et al. (2015); Pierce (2016); Oliveira (2018); Frohlich et al. (2020) destacam que as variadas combinações das bases nitrogenadas — adenina, timina, guanina e citosina — são determinantes para as distinções genéticas entre pessoas. Essas informações genéticas singulares são repassadas de uma geração para a seguinte durante a concepção.

Dessa forma, observou-se uma ligação genética parental entre o suposto pai e o infante, amparada pela igualdade dos alelos nas posições (pb) 8/10/25/52/58 de acordo com a Figuras 1 e 2, as Tabelas 1 e 2. Levando em conta esses achados e com o intuito de que a determinação genotípica da amostra do suposto pai exibe uma conexão genética de 50% com os alelos do infante (pb) 8/10/13/25/31/43/52/58/74 (Tabelas 1 e 2), determinou-se que, do ponto de vista da similaridade genética, os exames de DNA executados no escopo da averiguação confirmaram uma chance de parentesco biológico de origem comum acima de 99,999%. Esse indicador reforça o indício de filiação genética, sustentado pelos desfechos demonstrados. Conforme Sérgio Sobrinho (2003), o saber científico foi integrado ao ambiente jurídico, sendo amplamente utilizado em domínios como o direito de família e o direito criminal, em particular em apurações de paternidade, como já referido. Assim, a pesquisa do DNA e sua utilização no âmbito forense cumprem uma função relevante na elucidação da paternidade.

Constatamos que a Estatística Forense consiste na utilização de modelos de probabilidade e técnicas estatísticas para analisar evidências, como, por exemplo, a análise de DNA para confirmar um vínculo biológico. Os juízes usam as razões das probabilidades para fazer inferências ou conclusões e resolver questões jurídicas. Essas deliberações são tão importantes que podem levar à presunção da inocência ou culpabilidade de uma pessoa (FRANCA, 1998). Na Figura 1, ao observar as interseções dos alinhamentos referentes às faixas numeradas na coluna vertical com "pb" e as linhas horizontais de mesma numeração, no patrimônio hereditário da amostra da mãe biológica, foram identificados os alelos (pb) 5/13/23/38/43/63/65/85/88. Adicionalmente, é possível constatar a existência de uma ligação biológica com a criança, evidenciada pela sequência combinada de alelos (pb) 13/31/43/65/85. O exame realizado apontou um índice de 50,0% de probabilidade positiva indicando um grau de afinidade natural entre ambas (Tabela 1).

Para os autores Hartl & Jones (2009); Griffiths et al. (2015); Pierce (2016) a base da variação genética é a ocorrência de mutações. E conforme Simas Filho (1996) a interpretação de uma análise de tipagem de DNA requer um método científico válido para estimar a probabilidade de um indivíduo aleatório, por coincidência, corresponder à amostra forense nos loci examinados. Tais inferências devem se fundamentar nas frequências alélicas de uma população e corresponder a uma hipótese a ser aceita ou refutada (ALMEIDA, 2001; SÉRGIO SOBRINHO, 2003; MARANO et al., 2010).

A declaração de filiação pode ocorrer voluntária ou judicialmente (BORGHI, 1993). Segundo Venosa (2011), os avanços nos testes de DNA e outras técnicas trouxeram uma certeza quase absoluta na determinação da paternidade, transformando as dificuldades do passado na

história na abordagem de questões de afiliação genética. Atualmente, segundo Almeida (2001), o maior desafio dos juízes não está na identificação da paternidade biológica, mas sim na busca da solução mais adequada no contexto das chamadas famílias socialmente afetivas. Segundo Benfica (1992), é evidente que o laudo pericial baseado em testes de DNA alcançou um elevado nível de precisão e confiabilidade, o que permite não só verificar os laços de parentesco, mas também reformular a verdade sobre o parentesco.

Independentemente do foco da pesquisa, é fundamental que sejam utilizadas ferramentas estatísticas adequadas para garantir a eficácia do processo. A identificação precisa requer a compreensão da frequência de ocorrência desses padrões na população analisada. Num contexto forense, a apresentação de um perfil genético de provas é geralmente acompanhada de dados numéricos.

Para que os resultados obtidos em laboratório tenham validade judicial, é necessário que a informação seja analisada estatisticamente, o que permite uma avaliação clara do valor da prova. Para isso, é fundamental compreender a genética populacional, bem como ter acesso a pesquisas que forneçam dados sobre frequências alélicas.

É fundamental levar em conta que na análise de DNA destinada a fins legais, cada etapa do procedimento é muito importante e deve ser devidamente considerada em laudo técnico ou pericial. Os juízes baseiam as suas decisões na robustez da correspondência de ADN, apoiada por análises estatísticas, que ajudam a formular julgamentos em contextos jurídicos.

A descoberta do DNA, juntamente com os princípios constitucionais, particularmente o princípio da dignidade humana, levou o Judiciário a abordar os requisitos investigativos de forma peculiar por meio de presunções legais e atenuantes da coisa julgada. Ressalte-se que, tratando-se de presunção relativa, admite-se prova em contrário, o que não cabe em uma investigação, pois quando se trata de paternidade, a DNA é capaz de descartá-la completamente, ou confirmá-la com margem de erro inferior a um por cento.

CONCLUSÃO

Pelas razões expostas, conclui-se que a prova pericial de exame de DNA fundamentada em pesquisa por eletroforese, prevista nos artigos 158.º a 184.º do Código Penal, que abrange as principais perícias específicas, como a perícia forense, foi um meio competente para resolver o problema associado à semelhança genética. Dessa forma, gerou recursos extremamente importantes para a oferta do Ministério Público, indicando que o suposto pai é o pai biológico e que os alelos compartilhados pela sequência combinada (pb) 10/08/25/52/58 confirmam que ele não pode ser 99,999% excluído como pai biológico. Essa conclusão foi alcançada por meio de análise estatística dos resultados, baseada na avaliação da tipagem genética TRIO (mãe, filho e suposto pai), utilizando como referência o tamanho do fragmento do segmento de DNA. Isto permitiu obter provas claras que demonstram a compatibilidade da suposta sequência genética do pai com a amostra biológica da criança.

Pai, filho e mãe têm, portanto, os meios legais e científicos para buscar com segurança a verdade biológica por meio do judiciário.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBERTS, B; JOHNSON, A; LEWIS, J; RAFF, M; ROBERTS, K; WALTER P. *Biologia Molecular da Célula*, 5ª edição, Porto Alegre: Artmed, 2010.

ALMEIDA, M. C. **Investigação de paternidade e DNA**: aspectos polêmicos. Porto Alegre: Livraria do Advogado, 2001.

AMABIS, J. M.; MARTHO, G. R. *Biologia: Biologia das Populações*. 3. ed. v. 3. São Paulo: Moderna, 2010.

AMABIS, J. M.; MARTHO, G. R. *Fundamentos da Biologia Moderna*. Editora Moderna/4ª Edição. ISBN: 9788516052690. 2019.

BENFICA, F. S. O estudo do DNA e suas aplicações forenses. **Estudos Jurídicos**. São Leopoldo (RS), v. 25, n. 64, p. 50-51, maio/ago. 1992.

BORGES-OSÓRIO, Maria Regina, ROBINSON, WANYCE MIRIAM. **Genética Humana**. [s. l]. Editora Artmed, edição 3, p. 1-784, 2013.

BORGHI, H. Lei nº 8.560 de 29.12.1992 e a ação investigatória de paternidade, de maternidade, o reconhecimento da filiação havida fora do casamento e da união estável. **Revista dos Tribunais**. São Paulo, v. 82, n. 695, p. 51-56, set. 1993.

BUTLER, J. M. *Fundamentals of forensic DNA typing*. Elsevier Academic Press; 2010.

CANDELORO, M. M.; FROHLICH, P. B. M.; KIMURA, M. T.; MEDEIROS, M. O. A tecnologia do DNA e sua importância prática e jurídica na comprovação da paternidade. *Biodiversidade* - n.18, v.3, p. 202, 2019.

CANDELORO, M. M.; FROHLICH, P. B. M.; KIMURA, M. T.; MEDEIROS, M. O. A Importância da tecnologia do DNA e sua influência como agente do direito de contestar as ascendências genética no agronegócio de animais. *Biodiversidade* - v.19, n.2, pág. 196-209. 2020.

DOLINSKY, L C et al. DNA forense. *Saúde Amb. Rev. Duque de Caxias*, 2007, 2(2):11-22.

FARAH, S. B. **DNA**: segredos e mistérios. São Paulo: Sarvier, 1997.

FERREIRA, M. E.; FERNÁNDEZ, J. N.; & GRATTAPAGLIA, D. *Introducción al uso de marcadores moleculares en el análisis genético*. Federal District, Brazil: Embrapa. (1998).

FRANCA, G. V. de. **Medicina Legal**. 6.ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2001.

FRARI, P. et al. A importância do odontologista no processo de identificação humana de vítima de desastre em massa. Sugestão de protocolo de exame técnico-pericial. *Rev. Odonto.*, S Ber Campo, 2008, 16 (31):38-44.

FROHLICH, P. B. M.; CANDELORO, M. M.; KIMURA, M. T.; MEDEIROS, M. O. O DNA como ferramenta de identificação humana e a sua relevância para a atuação jurídica. *Biodiversidade* - v.19, n.1, p. 150-161, 2020a.

FROHLICH, P. B. M.; CANDELORO, M. M.; BASOLI, L. P.; BASOLI, C. B. M.; KIMURA, M. T.; MEDEIROS, M. O. A tecnologia do DNA e sua importância prática e jurídica para contestar a ascendência clandestina de aves silvestres reproduzidas em cativeiro com finalidade comercial. *Biodiversidade* - v.19, n.3, pág. 220-239. 2020b.

GIL, A. C. **Como Elaborar Projetos de Pesquisa**. 4 ed. São Paulo: Editora Atlas, 2009.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S.R.; SUZUKI, D. T.; LEWONTIN, R. C.; GELBART, W.M. *Introdução à Genética*. 8. ed. Rio de Janeiro: G. Koogan, 2006. 743 p. (traduzido por Paulo A. Motta)

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B. **Introdução à genética**. 9ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2009.

GRIFFITHS, A. J. F., WESSLER, S. R., CARROLL, S. B., & DOEBLEY, J. *Introduction to Genetic Analysis* (11th ed.). W. H. Freeman and Company. (2015).

HARTL, D. L., & JONES, E. W. *Genetics: Analysis of Genes and Genomes* (7th ed.). Jones & Bartlett Publishers. (2009).

LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B.; GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R. *Introdução à genética*. 10. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013. 736 p.

LINHARES, S.; GEWANDSZNAFDER, F. *Biologia hoje*. 2.ed. v. 3. São Paulo: Ática, 2010.

LINHARES, Sergio et al. **Biologia**. Volume Único. 1. ed. São Paulo: Editora Ática, 2009.

LOPES, Sonia. **Biologia Essencial**. 1. ed. São Paulo: Editora Saraiva, 2004.

LOPES, Sonia et al. **Bio Volume 2 Ensino Médio**. 1. ed. São Paulo: Editora Saraiva, 2010.

MATTOS, L. R. *Biologia Molecular*. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 2019.

MCPHERSON, R. A. Specific Proteins. In: MCPHERSON, R. A.; PINCUS, M. R. **Henry's Clinical Diagnosis and Management by Laboratory Methods**. 22. ed. Philadelphia, Pa: Elsevier Saunders. p. 259- 272, 2011.

MARANO, L. A. et al. Polimorfismos genéticos e identificação humana: o DNA como prova forense. *Gen. na Escola, Ribeirão Preto*, 2010, 5 (1): 53-56.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. Proposta de modelo didático como facilitador do ensino de Genética de Populações no Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. *Biodiversidade* - v.20, n.2, pág. 215 – 235. (2021).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. Utilização prática de um modelo didático simulando uma técnica de bandas do DNA para estudo comparativo do

vínculo genético humano aplicado aos estudantes de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. *Revista Biodiversidade* - v.20, n.3, pág. 49 - 71. (2021).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Utilização prática de um modelo didático simulando aplicações do sequenciamento de DNA e sua importância no reconhecimento das relações de parentesco entre bebês recém-nascidos e parturientes. *Revista Biodiversidade* - v.22, n.4, pág. 65 – 86. (2023).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Imagens de autorradiografias dos géis de agarose simulando diagnósticos clínico-moleculares que podem ser aplicados em forma de um modelo didático para contextualizar a influência genética nos fenótipos da visão. *Revista Biodiversidade* - v.23, n.2, - pág. 138 – 157. (2024).

MINAYO, M. C. S. *Interdisciplinariedade: Uma questão que atravessa o saber, o poder e o mundo vivido*. Ribeirão Preto: Vozes, V.24, p.70-77, 1992.

MIYAJIMA, F.; DARUGE, E.; DARUGE JÚNIOR, E. A importância da odontologia na identificação humana: relato de um caso pericial. *Arq Cent Estud Curso Odontol Univ Fed Min. Gerais*; 2001, 37(2): 133-142.

MOORE, J.A Science as a Way of Knowing – Genetics. Texto adaptado **Mendelismo: As Leis da Segregação e da Segregação Independente**. Terceira aula (T3). Texto adaptado. *Amer. Zool.* v. 26: p. 583-747, 1986.

NUCCI, G. de S. *Código de Processo Penal Comentado*. 15 ed. rev. e atual. Rio de Janeiro: Forense, 2016.

PIERCE, B. A. *Genética: um enfoque conceitual*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 758 p, (2004).

PIERCE, B. A. *Genética essencial: conceitos e conexões*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan (2012).

Pierce, B. A. *Genetics: A Conceptual Approach* (6th ed.). W. H. Freeman and Company. (2016).

SÁ, M. F. F. *Manual de Biodireito*. Belo Horizonte: Del Rey, 2009.

SANTOS, M. A. **Prova judiciária no cível e comercial**. 2 ed. São Paulo: Max Limonad, 1952.

SCHUHMACHER, Elcio. **Proposição de Ação Interdisciplinar entre Probabilidade e a Genética**, III Simpósio Nacional de Ensino de Ciência e Tecnologia. Ponta Grossa. 2012.

SÉRGIO SOBRINHO, M. **A identificação criminal**. São Paulo: Revista dos Tribunais, 2003.

SHAMBULINGAPPA, P. Use of DNA technology in Forensic Dentistry. *J. Forense Res.* 2012, 3(7):1-5.

SIMAS FILHO, F. A prova na investigação de paternidade. 5. ed. Curitiba: Juruá, 1996.

SNUSTAD, D. P.; SIMMONS, J. Fundamentos de genética. 4.ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2008. 903 p.

SNUSTAD, D. P.; SIMMONS, M. J. Fundamentos da Genética. Cláudia Lúcia Caetano de Araújo [tradução]. 6. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan. (2013).

TRENT, R. J. **Introdução à medicina molecular**. Tradução Paulo Armando Motta. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1995.

VENTER, J. C. A part of the human genome sequence. *Science*, California, v. 299, p. 1183-1184, 2003.

ZAHA, A.; FERREIRA, H. B.; PASSAGLIA, L. M. P. *Biologia Molecular Básica*. 5ª ed. Porto Alegre: Artmed. 2014.