

PROJETO GENOMA: *Fingerprinting* Aplicado às Ciências Criminais

Daniele Rodrigues Gonçalves

Graduanda em Tecnologia em Processos Químicos,
Faculdades Integradas de Três Lagoas – FITL/AEMS

Éder Aparecido Van Der Laan

Graduando em Tecnologia em Processos Químicos,
Faculdades Integradas de Três Lagoas – FITL/AEMS

Geise Correia dos Santos

Graduanda em Tecnologia em Processos Químicos,
Faculdades Integradas de Três Lagoas – FITL/AEMS

Deigilam Cestari Esteves

Biomédica; Mestre em Meio Ambiente – UNOESTE
Docente das Faculdades Integradas de Três Lagoas – FITL/AEMS

RESUMO

O projeto genoma humano foi um marco na biologia molecular, com o envolvimento de diversas áreas. O presente trabalho busca apresentar o avanço do projeto genoma, sob o prisma do estudo do *fingerprinting*, através da análise de artigos científicos, revistas digitais especializadas, legislação pertinente e obras literárias e demonstrar sua importância na área científica, base para grandes progressos em âmbito forense, possibilitando a identificação de um suspeito por prática criminosa; na credibilidade do reconhecimento de paternidade, em que as chances de erro são quase inexistentes; no reconhecimento de vítimas de catástrofes e mapeamento de genes com impressão de doenças hereditárias, sendo salutar a discussão proposta.

PALAVRAS-CHAVE: projeto genoma; *fingerprinting*; DNA; forense.

INTRODUÇÃO

Foram estudos integrados que culminaram na proposição do DNA como material genético, envolvendo o bacteriologista Avery, o bacteriologista MacLeod e o biólogo e microbiologista McCarty, que publicaram em 1944 informações que expressavam sobre a natureza química do princípio transformante (BATISTETI et al., 2009).

Em meados de 1950, Watson e Crick acenderam uma nova era na ciência, com o modelo proposto da dupla hélice de ácido desoxirribonucléico (DNA), envolvendo pesquisadores como Watson e Franklin, elencando uma verdadeira revolução na investigação científica relacionada às ciências da vida, sendo de grande importância no século passado para história da medicina. A molécula de dupla hélice

de DNA apresenta o genoma de todos os organismos multicelulares, que contém todos os nosso material hereditário, genes.

Os primórdios do projeto genoma humano (PGH) são de 1990, e em 2003 foi dado como encerrado, cinquenta anos depois do descobrimento da dupla hélice de DNA, o sequenciamento do genoma humano, foi outro grande acontecimento que chamou a atenção da comunidade científica. Com essa descoberta abriram-se passagens para biologia molecular, no que sinalizou para novos horizontes (WILKIE, 1994).

Com o PGH houve um grande avanço no estudo do genoma humano, sendo que um dos principais foi sequenciar e mapear, através da descoberta de como as características físicas e a pré-disponibilidade às determinadas doenças são herdadas, entre gerações e na identificação de pessoas através do DNA, que é encontrado nas amostras de pele, cabelo, saliva, entre outros (SANTOS, 2006).

O PGH era liderado por Watson, chefe dos Institutos Nacionais de Saúde dos EUA (NIH), realizada pelo setor público dos EUA, envolvendo países com programas totalmente desenvolvidos ao PGH, Alemanha, Austrália, Brasil, Canadá, China, Coréia, Dinamarca, Estados Unidos, França, Holanda, Israel, Itália, Japão, México, Reino Unido, Rússia, Suécia e União Europeia, em 2001 com a entrada de uma empresa privada voltando o interesse apenas aos genes envolvidos com a cura de doenças, houve aceleração no processo de sequenciamento (COLLINS, 2003).

Desde a descoberta do estudo da estrutura do genoma humano, houve uma intensa busca em tentar descobrir qual era a constituição da estrutura genética humana e os fatores que contribuíam para o processo de hereditariedade, mas só a partir do projeto genoma humano é que muitos dados foram descobertos, esse projeto teve a participação de vários países e uma empresa privada, criado por um antigo membro do PGH. Com o passar do tempo e evolução da tecnologia, na área da genética, constantes descobertas fornece respaldo para diversas áreas como de biotecnologia e forense, em uma dessas descobertas foi através do DNA *fingerprinting* (WILKIE, 1994).

A evolução do PGH abrangeu as áreas onde a sua aplicabilidade é crucial. Como na identificação de um criminoso e vítimas de acidente fatal, ou como auxílio na investigação de um crime, através das amostras encontradas no local, utilizando o DNA *fingerprinting*, que é simplesmente uma estrutura química, com

características únicas de cada indivíduo, em materiais como tecidos humanos, cabelo, sangue ou em outras, mas são muito raro de ser encontrados na formas perfeitas, já que em sua grande maioria são encontrados contaminados, dificultando o trabalho da de identificação como o da perícia criminal (JASANOFF, 2006; LYNCH et al., 2008; ANSELMO; JACQUES, 2012).

Este artigo teve por objetivo demonstrar o avanço do projeto genoma, sob a ótica do estudo do *fingerprinting*, muito utilizado na perícia científica, sendo a base para grandes progressos de âmbito forense, possibilitando a identificação de indivíduos suspeitos de ações criminosas, na credibilidade do reconhecimento de paternidade, em que as chances de erro são quase inexistentes; no reconhecimento de vítimas de catástrofes e mapeamento de genes com impressão de doenças hereditárias, sendo salutar a discussão proposta.

2 METODOLOGIA

A metodologia utilizada na realização do artigo foi através de pesquisa bibliográfica, em artigos e revistas digitais especializadas no assunto, contidos nas bibliotecas virtuais *Scielo* (*Scientific Electronic Library Online*) e *Lilacs* (Literatura Latino-Americana e do Caribe em Ciências da Saúde), na legislação e em alguns livros dessa área científica. O estudo do Finger printing tendo como base o Projeto Genoma Humano, sigla PGH, foi utilizado com a base da pesquisa, realizada entre março e junho de 2016.

3 PROJETO GENOMA HUMANO

O projeto genoma humano (PGH) é considerado o projeto científico mais audacioso do século XXI, cujo objetivo principal é o sequenciamento e a análise de cada um dos genes que há no DNA humano, colocando todos os resultados em um mapa genético. Alguns pesquisadores tinham uma necessidade de estudar quais genes estavam envolvidos na formação de doenças que preocupava toda a população na década de 80, como: distrofia muscular, anemia falciforme, fibrose cística e alguns tipos de tumores (WILKIE, 1994).

O PGH teve início em 1990, com a finalidade de compreender o código genético humano e suas modificações, e no ano de 2003 foi concluído o

sequenciamento das 3 bilhões de bases contidas no DNA humano. Seus objetivos na saúde era melhorar e sintetizar os métodos usados para os diagnósticos das doenças que são genéticas, prevenir as doenças multifatoriais e a otimização dos tratamentos terapêuticos (SANTOS, 2006).

No início da década 1990, essa área do DNA começou a ser utilizada na identificação humana. Essas curtas repetições de arranjos no Genoma humano, apresentam uma variedade de tamanhos na população, sendo assim tal análise permite discriminar pessoas ou a linhagens das pessoas. A análise STRs é realizada através de amplificação do material genético recolhido das amostras específicas. O material colhido é amplificado e a análise é feita em sequenciadores automáticos, que mediante eletroforese capilar, que separa as diferentes composições no qual se denominam alelos, dos locais que foram amplificados. Assim se estabelece o perfil genético. Como os alelos são propagados pela herança genética, podem ser feitas vinculações genéticas (GARRIDO, 2014).

Uma das mutações mais comuns se falando em material genético, que ocorrem dentro das estruturas genéticas originais, é as que incidem nas sequências de nucleotídeos com alteração de uma das bases (*single nucleotide polymorphism* - SNP). Isso acontece em torno de um por cento dos 1000 nucleotídeos (sendo que 3,2 milhões de alterações, já foram descobertas). Com um número incrível de possíveis combinações de SNPs individualizando os possíveis resultados. Este último se manifesta de modo fenotípica, tanto uma resposta diferenciada a determinados tipos de estilos de vida como para os medicamentos e alimentos (LAPUNZINA, 2012).

O genoma é o agrupamento que contém uma completa informação de um certo organismo, que é contido no seu DNA ou até mesmo no seu RNA que é no acontecimento de alguns vírus. Sendo o DNA uma macromolécula orgânica que tem a informação contida em sua sequência de bases nitrogenadas que são: Adenina, Timina, Guanina e Citosina; assim, essa informação, é oferecido a célula, na forma de um RNA mensageiro, que é uma pequena imitação de uma certa quantidade do DNA total e o RNA será decodificado e transposto em forma de proteína, que estará contida no citoplasma da célula (NELSON, 2002).

Somente através de um estudo do genoma humano poderemos localizar a crescente sequência de DNA, nos quais são associados os riscos patológicos, como

o diabetes, depressão, alguns tipos de câncer e doenças cardiovasculares entre outros. Em muitos casos esses fatores são ocasionados devido as suas modificações genéticas. E em outros casos a fatores ambientais (JACOB, 1998).

Sendo um atributo intransmissível de cada pessoa, o genoma humano por sua vez é um elemento fundamental da humanidade. Assim ele carece de ser amparado e respeitado como sendo uma característica individual e específica, por fim são atributos e únicos, que tem um enorme valor na natureza humana (CLOTET, 1997).

Com o conhecimento e a divulgação, e a saída de um dos coordenadores do PGH para a criação de uma empresa privada, especializada também na área de sequenciamento genético humano, iniciou-se uma competição que teve como consequência, o encurtamento do prazo de finalização do projeto. Os resultados finais do sequenciamento do genoma foram conferidos aos dois consórcios, o público e privado (*Celera Genomics*), em junho de 2000 (DAVIES, 2001).

A participação do Brasil no projeto genoma, mesmo com toda a infraestrutura de pesquisa que justificaria uma participação mais efetiva, esteve totalmente excluído do PGH. Como reação, os países resolveram criar uma organização chamada Programa Latino-Americano do Genoma Humano, com a finalidade de garantir aos cientistas e empresas de biotecnologia que foram excluídos acesso aos dados produzidos pelo projeto global PGH (OLIVEIRA, 1997).

3.1 Fingerprinting

O estudo do DNA tem hoje o objetivo de localizar pessoas e identificá-las, sendo utilizado na busca por suspeitos, identificação das vítimas de crimes e acidentes fatais, e também para estabelecer o vínculo de parentesco entre pessoas, inclusive sobre o teste de paternidade (WILLIAMS; JOHNSON, 2004).

A alta eficiência do DNA como método para identificar indivíduos está na sua individualização. Identificar pessoas através do uso do DNA é possível devido ao estudo de amplas zonas genômicas, que são chamados de DNA não codificante, onde aparecem sequências, que acredita-se ser individual de cada um, determinando uma impressão digital genética, composição biológica única de cada pessoa, exceto gêmeos monozigóticos, pois através da visão genética são apenas um (WILLIAMS; JOHNSON, 2004).

Ao comparar a impressão digital podemos ver se as amostras biológicas são de pessoas diferentes ou da mesma, e se existe semelhança biológica entre os padrões analisados (WILLIAMS; JOHNSON, 2004).

O genoma humano e o próprio DNA não codificante, poderão, no futuro, estar relacionados ao conhecimento sobre doenças e indícios de comportamentos (WILLIAMS; JOHNSON, 2004).

Segundo Simon Cole (2002) ex-agente policial americano, perito em sociologia da ciência forense, o DNA é um poderoso meio que a ciência possui para atestar veracidade de fatos.

Segundo Foucault (1987), o uso do corpo é estritamente burocrático e político, pois tem a capacidade de examinar, colher e reduzir uma amostra biológica ao seu considerado “essencial”. Essa é conduzida através da diretriz da purificação, presente na extração de um perfil de DNA na execução laboratorial. Possui o objetivo de especificar o corpo identificável, desenvolvendo uma relação entre identificação e associação, estabelecendo assim, formas de controle e ordem social (WILLIAMS; JOHNSON, 2008).

Incluir o grupo étnico na informação recolhida sobre os indivíduos onde o perfil de DNA entra na base de dados contraria a convergência atual vigorada na legislação portuguesa, no quesito prevenir a discriminação ou “racialização da sociedade”, vista, por exemplo, nos dados estatísticos criminais, onde é apenas registrado a nacionalidade e não a etnia ou fenótipo do indivíduo (CUNHA, 2010).

Importante frisar que em um estudo feito no século XX em uma prisão em Portugal, onde foi observado que as categorias de raça e etnia não são relevantes para identificação ou intervenção policial conduzida a determinados grupos sociais, porém ela se torna mais importante quando se trata determinados bairros urbanos vistos como “classes perigosas” (CUNHA, 2010).

Em meados do século XIX, a maior preocupação dos estados em todo lugar é em como identificar os criminosos. Desde essa época, com o início de uma movimentação silenciosa das ciências biológicas, no qual se utilizam várias formas de separação utilizando a observação e as medidas do corpo, essas práticas foram evoluindo para as mais apuradas técnicas científicas, que se inclui a datiloscopia (identificação por impressão digital) ou a antropometria (identificação pelas medidas físicas do corpo humano) entre outras (GARCIA, 2008).

Alphonse Bertillon, criminalista e policial da França, tornou-se muito famoso quando, no final do século XIX, mediu o comprimento dos ossos usando o sistema antropométrico, com a finalidade de impor individuais identidades (ADEY, 2004; AAS, 2006).

Hoje se tem infraestruturas e sistemas mais intrincados de identificação e informações, que são utilizados também na identificação civil, que são muito comuns nos aeroportos e alguns são até em métodos de biometria, no qual adequa-se o reconhecimento dos indivíduos pelas suas características físicas, como a retina, impressão digital, perfil de DNA e o reconhecimento facial (ADEY, 2004; AAS, 2006).

Algumas bases de dados de informação genética contêm entre instituições a pessoas, e devido a esse modo originam certas redes de tecnociência e alguns centros de cálculos, de acordo com Bruno Latour (1987), no qual evidenciam o crescimento do volume da vigilância burocrática, como sendo um aparato de bio vigilância com decorrências impactantes no ato de governo da população e da identidade dos que são alvos para apreensão por cárcere privado, armazenamento, assim como na apuração de informações (FROIS, 2008).

Afirmar que o DNA é uma tecnologia completamente infalível na identificação de um indivíduo, exige cautela, na medida em que a possibilidade em achar uma amostra biológica, que não esteja contaminada, compromete a coleta quando sua origem, inviabilizando qualquer tipo de investigação (PODLAS, 2006).

Logo, a possibilidade de resolver uma caso de crime ou até mesmo de obter uma condenação, tendo como base provas que foram resultante de uma análise de perfis de DNA é relativa, tornando as discussões sobre os limites desse tipo de provas, intensas, devido aos potenciais riscos de erros laboratoriais (*Nuffield Council on Bioethics*, 2007), sendo considerada como a tecnologia que em geral é a mais viável do que qualquer tipo de prova (JASANOFF, 2006; LYNCH ET AL., 2008).

As apresentações dos resultados, como por exemplo, aos genes associados às características, através de muitos estudos pertencendo ao mesmo grupo investigado familiar, indivíduos que possuíam os marcadores genômicas e apresentava as características, e indivíduos que tinham os marcadores genômicos, mas que não apresentavam (LEROY, 1999).

A principal finalidade era debater o alinhamento entre política e biologia, plasmado na codificação genética, que podemos considerar a base no

conhecimento de identidade (GARLAND, 2001). Baseia-se em um método onde a identidade é transformada em código numérico, onde a biologia toma lugar da biografia e os registros o lugar da experiência (FROIS, 2008).

Através da cor, linguagem corporal, gênero e aparência, o corpo humano permite a identificação dos indivíduos. Porém o perfil de DNA nos possibilita um novo método para identificar os indivíduos, que consome menos tempo, a linguagem binária de uns e zeros que praticamente não permite negociações e resistências (AAS, 2006). A identidade humana atribuída ao perfil de DNA se fundamenta em um código binário, negativo e positivo, verdadeiro e falso, que causa a ilusão de certeza, a eliminação da dúvida, e a noção da tecnologia (AAS, 2006).

Os primeiros que armazenaram dados nos bancos de perfis genéticos forenses foram os Estados Unidos da América (EUA) e o Reino Unido. Em 1994, criou-se o banco de perfil genético no Reino Unido, no qual foi nomeado *UK National DNA Database* (NDNAD) (WALLACE, 2006).

Já nos EUA, em 1994 o *Federal DNA Identification Act*, autorizava o FBI (Agência Federal de Investigação) a ligar o *National DNA Index System* (NDIS) e no de 1998 o *Combined DNA Index System* (CODIS) foi estabelecido e se permitiu prosseguir com comparações de perfis genéticos de amostras com perfis genéticos que são pré-existent no NDIS. Essas comparações chegam no total de 50 Estados dos EUA, no que se permite rapidamente encontrar e identificar criminosos que já são reincidentes e já estão no banco de dados (BUTLER, 2005).

Baseados nos dados que a INTERPOL analisou, cerca de 63 países já obtêm o banco de dados de perfis genéticos. Entretanto, a legislação impõe que os perfis genéticos e as comparações no banco de dados apresentam diferenças entre si. Como por exemplo, em alguns países, somente os criminosos que são condenados são incluídos no banco de dados, e em outros somente são adicionados ao banco de dados devido a crimes específicos (INTERPOL, 2012).

Em 2012 foi divulgada a Lei 12.654/2012. Essa lei alterou dispositivos de identificação criminal e de execução penal, vindo a obrigar a coleta e o armazenamento de perfis genéticos nos bancos de dados para identificar os criminosos (ANSELMO; JACQUES, 2012).

Em compatibilidade com a lei acima mencionada, tornou-se obrigatória a identificação do perfil, fazendo a extração do DNA, pelas técnicas que são

adequadas e não causam dor aos condenados, por qualquer tipo de crime praticado, seja dolosamente, de natureza grave e violência contra pessoa, ou por todo tipo dos crimes previstos no art. 1º da lei nº 8.072, de 25 de julho de 1990. Esta limitação se segue o exemplo da lei portuguesa, que fora aprovada no ano de 2008, pelo qual só será anexado os dados genéticos dos condenados por crimes dolosos, que acarreta mais de 3 anos de pena (MACHADO, 2011).

Para melhor compreensão, importa relatar o caso Maryland Vs. King que ocorreu em 2013, cujo réu foi condenado por cometer um estupro em 2003. Sua identificação como responsável foi atribuída após sua prisão por aterrorizar algumas pessoas com uma arma (GRAZINOLI; LEAL, 2012).

No momento da identificação criminal com a tipagem e o arquivo no banco de perfil genético, notou-se uma grande semelhança ao comparar com um perfil genético em evidencia de um crime sexual ocorrido a 10 anos atrás (GRAZINOLI; LEAL, 2012).

No decorrer dessas discussões o réu apelou para a 4ª ementa da constituição dos Estados Unidos da América que se refere ao direito de segurança da pessoa, casa e documentos contra buscas e apreensões que sejam ilegais. No dia 03 de julho de 2013, a suprema corte, do caso do estado de Maryland contra Alonso Jay Junior, julgou a obrigação da coleta das amostras biológicas para armazenar (tipagem) no banco de perfil genético (GRAZINOLI; LEAL, 2012).

A legislação brasileira se mostra bastante abrangente, pois garante que todas as amostras que estão contidas no banco de dados são secretas e que os marcadores genéticos que são utilizados para determinar estes perfis não irão poder revelar traços que demonstram comportamento das pessoas, exceto no caso de determinação genética do gênero (BRASIL, 2012).

As informações que são inseridas no banco de dados por meio do software CODIS, é introduzido na forma de sequencias no DNA, que são denominadas microsatélites (SRT – *Short Tandem Repeat*) (GARRIDO, 2014).

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O PGH foi e ainda é considerado o mais audacioso projeto científico do século XXI, por ter como principal objetivo mapear, sequenciar e analisar cada um dos genes que estão contidos no DNA humano.

Com o estudo do genoma, foram possíveis muitas descobertas na área do DNA humano, desde características físicas até o código genético existente no DNA de cada indivíduo. Foi possível também, a descoberta de doenças que vem da herança genética de cada família.

Com o sucesso obtido no sequenciamento do código genético do DNA, foi possível identificar a Impressão Digital contida no DNA humano, possibilitando a criação de um banco de dados, contendo informações do código genético de cada indivíduo, sendo útil para a identificação do autor de um crime, quando na cena do delito encontra-se sangue ou vestígios de pele, ou ainda no caso de estupro realizar a coleta de amostra para sequenciar o DNA e descobrir o código genético cruzando com as informações registradas no banco de dados e determinar o, então, acusado. Apesar da notável importância para investigações, a utilização desse método só foi aplicada 10 anos após seu desenvolvimento em laboratório com o advento da Lei 12.654/2012.

Como um todo, o armazenamento dessas informações deve-se submeter a uma legislação específica, que é concebido e aplicado em devida proporção. Mantendo cautela na manipulação desses dados que contém informações únicas e precisas.

REFERÊNCIAS

ADEY, P. Secured and sorted mobilities: examples from the airport. *Surveillance and Society*, v. 1, n. 4, p. 500-519, 2004.

ANSELMO, M.A.; JACQUES, G.S. Banco de perfil genético deve se tornar realidade no país. *Revista Consultor Jurídico*, 2 de junho de 2012.

AAS, K. The body does not lie: identity, risk and trust in techno culture. *Crime, Media, Culture*, v. 2, n. 2, p. 143-158, 2006.

A descoberta do DNA e o projeto genoma. *Rev. Assoc. Med. Bras.*, São Paulo, v. 51, n. 1, p. 1. 2005. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0104-42302005000100001&lng=en&nrm=iso>. Acesso em: 20 jun. 2016.

BRASIL. Lei n. 12.654, de 28 de maio de 2012. Altera as Leis n. 12.037, de 1º de outubro de 2009, e 7.210, de 11 de julho de 1984 - Lei de Execução Penal, para prever a coleta de perfil genético como forma de identificação criminal, e dá outras providências. Brasília, DOU de 29.5.2012.

BUTLER, J.M. Forensic DNA Typing: Biology, Technology and Genetics of STRs Markers. Elsevier Academic Press, 2. ed., 2005.

CALDEIRA, A. M. A. org. Ensino de ciências e matemática, II: temas sobre a formação de conceitos [online]. BATISTETI, C.B; ARAUJO, E.S.N.N.; CALUZI, J.J.; A formação de conceitos no ensino de biologia e química. Algumas interpretações historiográficas sobre a natureza química do princípio transformante no ensino; São Paulo: Editora UNESP; São Paulo: Cultura Acadêmica, 2009. 287 p. ISBN 978-85-7983-041-9. Available from SciELO Books <<http://books.scielo.org>>

CUNHA, M. I. Race, crime and criminal justice in Portugal. In A. Kalunta-Crompton (ed.), Race, Crime and Criminal Justice: International Perspectives, Nova Iorque, Palgrave MacMillan, p. 144-161, 2010.

COLE, S. Suspect Identities: a History of Fingerprinting and Criminal Identification, Harvard, Harvard University Press, 2002.

CLOTET, J. Bioética como ética aplicada e genética. Bioética, v. 5, n. 2, p. 173-183, 1997.

COLLINS, F. S. Genomics: the coming revolution in medicine. From Global Agenda, the magazine of the World Economic Forum Annual Meeting, 2003.

DAVIES, K. Decifrando o genoma: a corrida para desvendar o DNA humano. Rio de Janeiro, Cia das Letras, 2001.

FOUCAULT, M. On governmentality. Ideology and Consciousness, v. 6, p. 5-26, 1987.

FROIS, C. Vigilância e identidade: para uma nova antropologia da pessoa. In C. Frois (org.), A Sociedade Vigilante: Ensaio sobre Identificação, Vigilância e Privacidade, Lisboa, Imprensa de Ciências Sociais, p. 175-191, 2008.

GARCIA, J. L. A automobilização da ciência para a criação de aparelhos de identificação e de coacção estatal em finais do século XIX. In C. Frois (org.), A Sociedade Vigilante: Ensaio sobre Identificação, Vigilância e Privacidade, Lisboa, Imprensa de Ciências Sociais, p. 43-65, 2008.

GARLAND, D. The Culture of Crime Control. Oxford, Oxford University Press, 2001.

GARRIDO, R. G.; RODRIGUES, E. L. Ciência Forense. Da cena do crime ao laboratório de DNA. Rio de Janeiro, Ed. Projeto Cultural. p. 256, 2014.

GRAZINOLI, R. G.; LEAL, E. R. O Banco de Perfis Genéticos Brasileiro Três Anos após a Lei nº 12.654. Rev. Bioética y Derecho n. 35, p. 94-107, 2015. Disponível em:

<http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1886-58872015000300009&lng=es&nrm=iso>. Acesso em 25 de junho de 2016.

INTERPOL. Global DNA Profiling Survey Results, 2012.

JASANOFF, S. Just evidence: the limits of science in the legal process. *Journal of Law, Medicine & Ethics*, v. 34, n. 2, p. 328-341, 2006.

JACOB, F. O rato, a mosca e o homem. São Paulo: Companhia das Letras, p. 107, 1998.

LAPUNZINA, P.D. Genética molecular en el libro Asesoramiento genético en la práctica médica. Editorial Médica Panamericana. Madrid, España. p.71-89, 2012.

LATOUR, B. Centres of calculation. In *Science in Action: How to Follow Scientists and Engineers through Society*, Cambridge, MA, Harvard University Press, p. 215-257, 1987.

LE ROY, I. Quantitative Trait Loci (QTL) Mapping. In Jones, B. C. e Mormede, P. (ed.). *Neurobehavioral Genetics: Methods and Applications*. Boca Ratón: CRC Press, p. 69-91, 1999.

LYNCH, M., et al. *Truth Machine. The Contentious History of DNA Fingerprinting*, Chicago, University of Chicago Press, 2008.

MACHADO, H. Construtores da bio(in)segurança na base de dados de perfis de ADN. *Etnográfica*, v. 15, n. 1, p. 153-166, 2011.

NELSON, D. L.; COX, M. X. Leningher - *Princípios de Bioquímica*. 3ª ed. São Paulo: Sarvier, 2002.

OLIVEIRA, F. Uma visão feminista sobre os megaprojetos da genética humana PGH e PDGH. *Bioética*, v. 5, n. 2, p. 263-172, 1997.

PODLAS, K. The CSI effect: exposing the media myth. *Fordham Intellectual Property, Media and Entertainment Law Journal*, 16, p. 429-465, 2006.

SANTOS, F. M. NASCIMENTO LC. Perspectivas historicas del Proyecto Genoma y la evolución de la enfermería. *Rev. bras. enferm.* v. 59, n.3, p. 358-361, 2006.

WILKIE, T. Tradução Luiza, M. *Projeto Genoma Humano: um conhecimento perigoso*. 1.ed. Rio de Janeiro: Jorge Zahar, v. 85, n. 7110, p.293-7, 1994.

WILLIAMS, R., JOHNSON, P., e MARTIN, P. Genetic information and crime investigation, University of Durham, 2004. Available from <<http://www.dur.ac.uk/resources/sass/sociology/Genetic%20Information%20&%20Crime%20Investigation.pdf>>. Acesso em: 16 mai 2016.

WILLIAMS, R., e JOHNSON, P. Genetic Policing: The Use of DNA in Criminal Investigations, Cullompton, Willan Publishing, 2008.

WALLACE, H. The UK National DNA Database: Balancing crime detection, human rights and privacy. EMBO Rep.v.7, n. special, p. 26-S30, 2006.