



**CENTRO UNIVERSITÁRIO DE BRASÍLIA  
FACULDADE DE CIÊNCIAS DA EDUCAÇÃO E SAÚDE  
GRADUAÇÃO EM BIOMEDICINA**

**PAULA PEIXOTO HOFSTATTER**

**IDENTIFICAÇÃO HUMANA POR DNA MITOCONDRIAL**

**Brasília/DF  
2013**

**PAULA PEIXOTO HOFSTATTER**

**IDENTIFICAÇÃO HUMANA POR DNA MITOCONDRIAL**

Trabalho de conclusão de curso, apresentado no formato de artigo científico ao UniCEUB como requisito parcial para conclusão do Curso de Bacharelado em Biomedicina.

Professor Orientador: Dr. Paulo Roberto Queiroz

**Brasília/DF  
2013**

Dedico este trabalho à minha  
família que me apoiou no dia-a-dia  
para a realização e a conclusão do curso.

Agradeço ao meu pai pelo apoio  
na realização de todo o curso.

“Embora ninguém possa voltar atrás e fazer um novo começo,  
qualquer um pode começar agora e fazer um novo fim.”

Chico Xavier

**PAULA PEIXOTO HOFSTATTER\*; PAULO QUEIROZ\*\***

## **RESUMO**

A molécula de DNA tornou-se uma ferramenta fundamental na identificação humana e na investigação criminal. O perfil genético de um indivíduo é definido pela análise do DNA e a combinação de diversos marcadores que são herdados dos pais. Entretanto, em alguns casos, o DNA nuclear não pode ser utilizado e, dessa forma, o DNA mitocondrial passa a ser uma alternativa viável. O objetivo desse trabalho foi apresentar, por meio de uma revisão bibliográfica, o DNA mitocondrial, suas características, funcionalidade e a aplicabilidade na identificação humana. Mostrando, assim, sua importância e vantagens.

**Palavras-chave:** Identificação humana. Genética forense. Haplogrupos. Eva mitocondrial.

\* Graduada em Gestão de Processos Gerenciais pelo Centro Universitário de Brasília – UniCEUB e graduanda do curso de Biomedicina do Centro Universitário de Brasília – UniCEUB.

\*\* Biólogo, Doutor em Biologia Animal pela Universidade de Brasília, UnB, Brasil. Professor do curso de Biomedicina do Centro Universitário de Brasília – UniCEUB.

## 1. INTRODUÇÃO

A identificação é o processo pelo qual se determina a identidade de uma pessoa (FRANÇA, 1998; COTRIM, 2002; GEPIADDE, 2011). Ou, também, pode-se definir a identificação como um conjunto de procedimentos que possibilitam individualizar uma pessoa ou objeto (GEPIADDE, 2011). O conceito de identificação difere da identidade, que é o indivíduo dotado da capacidade de razão, consciência e ação (HALL, 1993).

Existe uma necessidade crescente de se identificar os indivíduos com maior precisão, pois eventos catastróficos, tais como, acidentes, atentados terroristas e desastres naturais requerem que os indivíduos sejam identificados em escala e no menor intervalo de tempo possível. Dessa forma, métodos precisos e rápidos são cada vez mais exigidos e muitos cientistas dedicam-se a desenvolvê-los (REINER, 2003).

No contexto atual, análises baseadas no estudo do DNA (ácido desoxirribonucleico) apresentam potencial de uso na identificação humana, pois esta molécula armazena informações a respeito do indivíduo, permitindo reconhecer e diferenciar os indivíduos (OLIVEIRA, 2009).

Para o estabelecimento do perfil genético do indivíduo são analisados os marcadores genéticos, regiões específicas do DNA que apresentam variação entre as pessoas de uma população (polimorfismo). Tais regiões podem ser analisadas por meio de diferentes técnicas moleculares e utilizadas para estabelecer o perfil de DNA de uma pessoa (ANMARKRUD, 2008).

As mutações adquiridas na sequência de DNA são determinadas por polimorfismos. Quanto maior for o número de alelos alterados maior o polimorfismo naquela sequência. (ANMARKRUD, 2008)

A análise do DNA é utilizada em diversas áreas da atividade humana. Os métodos de identificação humana têm contribuído para a análise de vestígios humanos no âmbito pericial. O perfil de DNA contém informações específicas de cada indivíduo e sua aplicação se dá na busca da identificação do suspeito, identificação de cadáveres em decomposição e carbonizados (SAITOU, 1995).

O DNA mitocondrial é utilizado na identificação humana devido à sua resistência à degradação em relação ao DNA nuclear e pela quantidade de cópias por célula. Uma célula contém centenas ou milhares de mitocôndrias e cada

mitocôndria contém um DNAm, diferente do DNA nuclear que possui apenas um por célula. A herança mitocondrial uniparental é a sua principal característica, ou seja, as moléculas de DNAm são transmitidas única e exclusivamente pela linhagem materna. Assim, quando se tem corpos muito degradados ou ossificação faz-se a análise do DNA mitocondrial comparando-o com irmãos ou com o DNA da mãe, isso porque a herança uniparental faz com que não tenha recombinação gênica. Pode-se utilizar o DNA mitocondrial também para identificar uma população (GINTHER et al., 1992; MORLEY et al., 1999; COBLE et al., 2009).

Essa área de atuação é conhecida como genética forense, ciência forense que utiliza a engenharia genética e a biologia molecular, auxiliando a investigação criminal no esclarecimento de fatos delituosos. A genética forense contribui para uma indicação mais precisa do conceito de identidade pessoal do ponto de vista biológico. No Judiciário a capacidade de caracterizar amostras biológicas na cena do crime permite reconstruir infrações penais, identificar os autores, exonerar os inocentes, reconhecer pessoas desaparecidas, além da identificação de pessoas em desastres em massa e realizar mapeamento de etnias (KOCH, 2002; MATTE, 2007; FRUMKIN, 2010).

A partir dessas informações, o objetivo desse trabalho foi realizar uma revisão bibliográfica a respeito das aplicações do DNA mitocondrial na identificação humana.



## 2. DESENVOLVIMENTO

O genoma humano determina as características do indivíduo, sejam elas biométricas, fisiológicas, bioquímicas, comportamentais e até a susceptibilidade a doenças. A descoberta do DNA se deu pela curiosidade a respeito de como as características são herdadas entre pais e filhos, como também, a respeito da variabilidade entre as espécies, pois as informações que são herdadas e transmitidas ao longo das gerações estão contidas no DNA (ácido desoxirribonucléico) (OLIVEIRA, 2009).

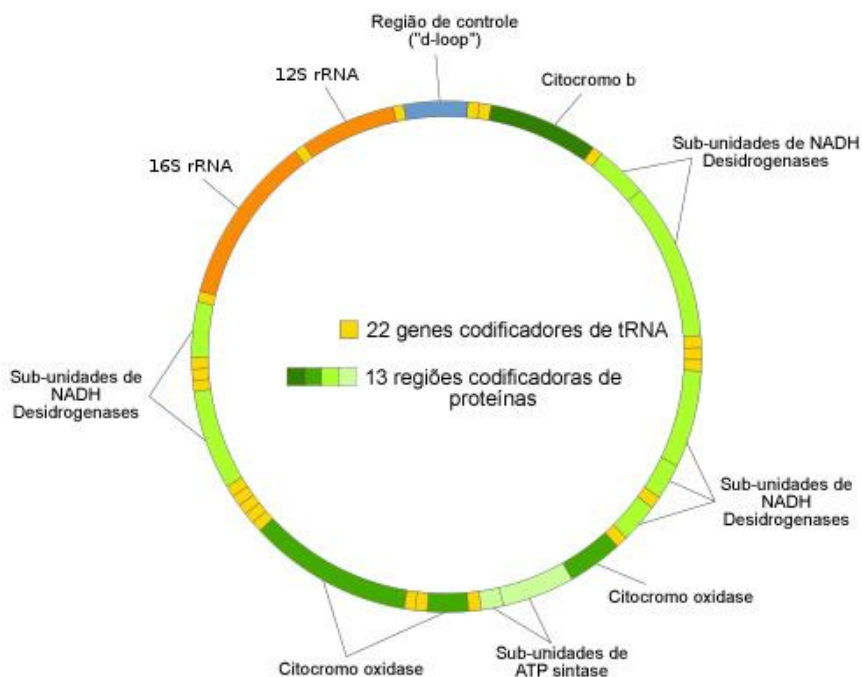
O DNA contém em sua estrutura os genes. Dentro da célula, durante a metáfase, o DNA é observado em uma estrutura cromossomal. Essa estrutura forma o cariótipo. Os genes determinam as características humanas, desde a cor dos olhos até a ativação de uma proteína (VIDEIRA, 2001; REINER, 2003).

O genoma é toda a informação hereditária (genes) codificada no DNA. Ele se subdivide em genoma nuclear e o mitocondrial. Cada um desses genomas encontra-se armazenado em diferentes pontos da célula: genoma nuclear no núcleo e genoma mitocondrial na mitocôndria (TURRINA et al., 2008).

As mitocôndrias começaram a ser estudadas pelas suas funções energéticas (produção de ATP), apoptóticas (morte celular programada) e produção de calor. Recentemente, também passaram a ser estudadas como função evolutiva e em razão das relações filogenéticas entre espécies e populações (ANDERSON et al., 1981; AZEVEDO, 2005).

As mitocôndrias possuem DNA próprio, conhecido como mitocondrial (DNAMt) (Figura 1). Dependendo do tipo celular, uma célula pode conter centenas ou milhares de mitocôndrias e, conseqüentemente, várias moléculas de DNA mitocondrial. A existência de inúmeros DNAMt's por célula pode gerar a heteroplasmia, ou seja, a coexistência de dois ou mais genomas mitocondriais em uma célula ou tecido do mesmo indivíduo, podendo ser de sequência (posições diferenciadas dos nucleotídeos) ou de comprimento (quando ocorre deleções ou inserções de bases nitrogenadas) (MELTON, 2005; HE et al., 2010).

Figura 1- Representação esquemática do genoma mitocondrial. Na figura estão representados os genes que codificam 22 RNA's transportadores, 2 RNA's ribossômicos e os 13 genes envolvidos na fosforilação oxidativa. Está representada a região controle, na qual estão contidas as HVR (Regiões Hipervariáveis).



Fonte: Butler (2005).

Conforme demonstrado na figura acima, o DNA mitocondrial é formado por 16.569 pares de bases e apresenta-se como uma fita dupla circular, sendo uma fita composta por purinas (fita pesada) e outra por pirimidinas (fita leve), 37 genes que codificam proteínas com a função de produção e armazenamento de energia, dentre eles 2 genes codificam os RNA's ribossômicos, 22 RNA's transportadores, que permitem a tradução de proteína na própria organela e 13 genes que codificam as proteínas envolvidas na fosforilação oxidativa: 7 subunidades do complexo NADH desidrogenase, 1 subunidade do citocromo b, 3 subunidades do complexo citocromo c oxidase e 2 subunidades de ATP sintase (BUTLER, 2005).

No DNA mitocondrial existe uma região não codificadora chamada de região controle ou D-loop, local no qual o DNA controla o processo de replicação, transcrição e manutenção da molécula do DNA mitocondrial. A sequência nucleotídica dessa região é chamada de região hipervariável, pois lá ocorre entre 5 a 10 vezes mais de mutações que na região codificante, local onde, devido à seleção natural, são eliminadas as mutações funcionalmente deletérias. Além disso, na

região hipervariável não há a codificação de proteínas, fator que permite acumular mais mutações. Esses polimorfismos que ocorrem nessa região faz com que haja as variações que diferenciam as pessoas umas das outras, local onde faz-se também, estudos de filogenia. A região hipervariável é dividida em região hipervariável I, II e III (HVI, HVII e HVIII, respectivamente). É nessa região que se encontram as diferenças entre indivíduos e a variabilidade populacional (GREENBER et al., 1983; WILSON et al., 1995; AZEVEDO, 2005; ALBERTS, 2008).

A região hipervariável I (HVI) corresponde à porção do DNAm entre as posições 16024 e 16383 pb; A região HVII corresponde à porção 73 e 340 pb e a HVIII localiza-se entre as posições 438 a 576 pb (LUTZ et al., 1997; WARNER et al., 2006).

Para identificar uma população ou grupos de indivíduos é necessária a identificação dos haplogrupos (grupos de haplótipos), sequências de DNA que possuem uma frequência de mutações que dividem a população em uma série de grupos. (PAKERDORF; STONEKING, 2005).

Quanto maior o número de alelos alterados maior será a variabilidade genética. Essas variações existentes do DNA mitocondrial definem as diferenças e semelhanças entre grupos. Essa sequência de variações é comparada com um banco de dados populacional de DNAm, também conhecido como Cambridge Reference Sequence (CRS) (HOLLAND et al., 1993).

Haplótipos são conjuntos de pares de bases (blocos) identificados a partir de um gene devidamente sequenciado. Um haplótipo é uma combinação de alelos em loci adjacentes, que fazem parte do mesmo cromossomo e são transmitidos juntos. Um haplótipo pode ser formado por um ou vários alelos, ou até pelo cromossomo inteiro. Eles permanecem inalterados até que ocorra uma mutação. Por ser uniparental não ocorre recombinação gênica. As mutações que ocorrem ao longo das gerações geram as variações dos haplótipos que se tornam marcadores de linhagem. (TORRONI et al., 2006)

Os SNP's determinam a existência de diferentes haplótipos. Haplótipos pouco frequentes indicam maior probabilidade da amostra observada ser compatível com a amostra de referência. Já, quando o haplótipo é muito frequente, há menor probabilidade de coincidência, já que muitos indivíduos daquela população possuem os mesmos polimorfismos (HOLLAND et al., 1993).

O genoma mitocondrial é de origem única e exclusivamente materna. A

vantagem da herança ser apenas materna é permitir a possibilidade de reconstrução da árvore evolutiva, sem que aja influências paterna e da recombinação existente no DNA nuclear. Seu formato circular fornece uma grande resistência, sendo menos susceptível à degradação (HOPKIN, 1999; SUTOVSKY et al., 2004).

A exclusividade da origem materna se dá primeiramente pelo fato da existência de grande quantidade de moléculas de DNAm<sub>t</sub> no gameta feminino quando comparado ao masculino (100.000 no oócito e 100 a 1500 no espermatozóide). Além disso, quando ocorre a fecundação, não ocorre a entrada das mitocôndrias do espermatozoide no oócito e caso isso ocorra estas são destruídas nos primeiros estádios de desenvolvimento embrionário. Essa herança uniparental faz com que não ocorra recombinação gênica (BUDOWLE et al., 2003).

A técnica molecular utilizada para a análise do DNA mitocondrial é a de PCR (*Polymorphism Chain Reaction* – Reação em Cadeia da Polimerase), método baseado na replicação *in vitro*. Obtêm-se cópias de um fragmento do DNA mitocondrial por meio de sua replicação por uma reação de polimerização em cadeia. Primeiramente ocorre a desnaturação térmica do DNA molde, depois há o anelamento de iniciadores específicos a cada uma das fitas molde e, por último, a polimerização das novas fitas. Esse processo se repete várias vezes (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; JOBIM et al., 2006).

A diferença entre o DNA mitocondrial e o nuclear é a abundância com que aquele é encontrado nas células. Localizado nas diversas mitocôndrias que cada célula possui, pode chegar a 5.000 cópias por célula, além de maior resistência a degradação e alta taxa de mutação (DIMAURO; DAVIDSON, 2005).

A alta taxa de mutação ocorre devido ao fato do DNA estar localizado na mitocôndria, organela cuja principal função é a produção de ATP, gerando radicais livres e um ambiente favorável a mutações, associado à ausência de histonas e limitação do mecanismo de reparo (KUNKEL; LOEB, 1981; GRAY, 1989).

A importância do DNA mitocondrial se dá principalmente na sua aplicação para entender a história das populações e na identificação humana (GINTHER et al., 1992; WILSON et al., 1995b; BUDOWLE et al., 2003; BALOGH et al., 2003; COBLE et al., 2009).

O DNA nuclear é o principal meio utilizado para fornecer informações, tanto em testes rotineiros quanto para identificação humana. Já o DNA mitocondrial é utilizado quando existe uma amostra muito pequena (cabelo, por exemplo) ou quando não se

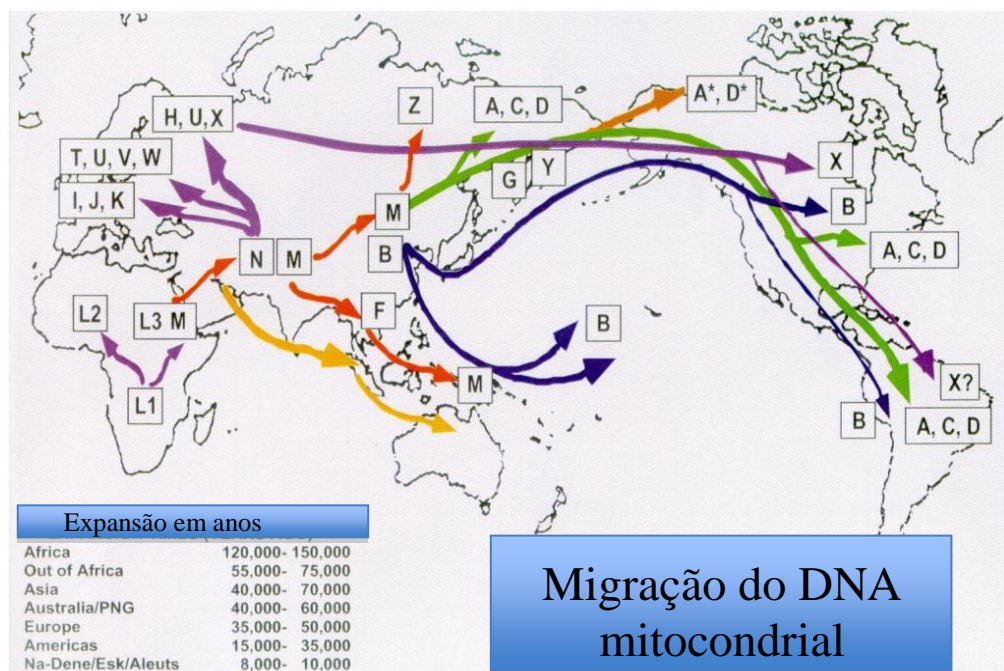
tem material suficiente para análise, como nos casos de corpos degradados (GINTHER et al., 1992; WILSON et al., 1995b; BUDOWLE et al., 2003; BALOGH et al., 2003; COBLE et al., 2009).

Aplicando-se os marcadores moleculares que mostram as variabilidades genéticas entre os indivíduos, pode-se estudar os processos evolutivos dos países e de diversos grupos no mundo. Os marcadores do DNA mitocondrial são excelentes para estudar as árvores da evolução, as diferenças entre as espécies e as mutações que ocorrem e vão definindo características que determinam um grupo (HOLLAND, 1995; CARRACEDO et al., 2005).

A Eva mitocondrial é o nome dado ao ancestral comum da espécie humana. Um mapeamento do DNA mitocondrial de pessoas vindas de diversos grupos totalmente diferentes mostrou que todas as ramificações geradas no mapeamento direcionavam a um ancestral comum, uma mulher africana. Todas as populações possuíam origens múltiplas, menos a população africana (UNDERHILL; KIVISILD, 2007).

A figura 2 mostra o ancestral comum, na África, obtido pela análise de DNA mitocondrial e a provável época em que ocorreram as migrações e transferências do DNA mitocondrial.

Figura 2 – Análises de DNA e distribuição dos principais haplogrupos de DNA mitocondrial com os eventos migratórios dos grupos humanos.



Fonte: SANTOS (2012).

As mutações que definem uma população e suas linhagens partilham de alguns polimorfismos em comuns em sua região hipervariável. Definiu-se, assim, os haplogrupos mitocondriais que foram denominados pela ordem de descoberta de A a Z (Tabela 1).

Tabela 1 – Principais haplogrupos humanos de DNA mitocondrial e sua localização de descoberta.

Haplogrupos	Localização
A	África Ocidental e Meridional.
B	Encontrado na África Subsaariana.
C	Todas as populações fora da África, encontradas na Mongólia, Sibéria Oriental, Polinésia, Aborígenes Australianos e no Continente Americano.
D	Tibete e Japão.
E	Nordeste da África e Oriente Médio.
F	África do Norte e Índia. Deste surgiram os haplogrupos G, H, I, J e K.
G	Surgiu no Oriente Médio e está distribuído na Eurásia até Oceania.
H	Subcontinente Indiano.
I	Europa.
J	Originou do Oriente Médio e encontra-se na Grécia, Itália, Ibéria e Europa Ocidental, Norte da Índia.
K	Irã e Ásia Central. Evoluíram para o L, M e P.
L	Sul da Ásia e adjacências do Mediterrâneo.
M	Sudeste da Ásia, Polinésia, Micronésia, Papua Nova Guiné e Indonésia.
N	Originou na Ásia. Encontrado na Europa Oriental, Báltico e nas regiões Boreais Euroasiáticas, Finlândia até o Vietnã.
O	80% da Ásia Oriental.
P	P, Q e R formaram populações da Europa e da América.
Q	Américas e Norte da Eurásia.
R	Surgiu na Ásia Ocidental.
S	Frequente nos Aborígenes Australianos.
T	Oriente Médio e Europa.
U	Oriente Médio e Europa.
V	Península Ibérica.
W	Pequena distribuição Euroasiática.
X	Euroasiática e um ramo específico nas Américas.
Y	Sibéria Meridional e nas populações Ainus do Japão.
Z	Ásia Oriental, Ásia Central, Norte da Escandinávia e nas populações de origem Saami.

Fonte: S. (1981).

Marcadores genéticos humanos diferenciam uma população da outra através de locais do genoma em que podemos analisar a frequência diferencial ou identificar a ocorrência de um alelo em uma população e em outra não. Os AIMS (Ancestry Informative Markers) ou PSAs (Population-specific Alleles) são marcadores moleculares que possuem grande diferença alélica entre populações, identificando a ausência ou presença de um alelo exclusivo em uma população.

Os SNP's (Polimorfismos de nucleotídeo único) são variações ocasionadas por mutações pontuais no DNA, responsável por quase 90% das variações de sequência em humanos. É o marcador mais comum no genoma humano, o qual consegue ser identificado pelos AIMS (SHRIVER et al., 1997).

A partir das informações geradas pelos AIMS's foi possível relacionar algumas regiões do DNAm para um possível descrição de grupos humanos.

Tabela 2: Comparação entre os artigos publicados a respeito da identificação das populações.

<b>Região</b>	<b>Posição no DNAm</b>	<b>População identificada</b>	<b>Referência</b>
HVI	16223 e 16362	Chineses e Japoneses	Boettcher et al.(1999)
HVI e HVII	L15997-H16391; L048-H408	Rio de Janeiro	Santos; Suellen (2012).
AIMs	TPA25; APO; PV92; ECA; FXIIIB; D,, Sb19.3; AT3-I/D; DRD2TaqI A,B e D; LPL; RB2300; OCA2; GC	Comunidades afro-derivadas brasileiras - Santo Antônio do Guaporé e Santiago do Iguape	Gontijo; Carolina (2008).

Boettcher et al. (1999) relataram polimorfismos de sequência na região HV1 do DNA mitocondrial em populações japonesas e chinesas. Os polimorfismos foram observados nas transições entre C e T e nos nucleotídeos 16223 e 16362.

Aparentemente 2% dessas transições eram características da Ásia Oriental e em 92% dos Africanos. Sendo assim, esse é um dos polimorfismos do DNA mitocondrial da região HV1 característica das populações do Leste Asiático.

Outras substituições de nucleotídeos foram caracterizadas típicas da população da Ásia Oriental. Algumas substituições mostraram diferenças e semelhanças entre os grupos do Leste Asiático como, por exemplo, as substituições nos nucleotídeos 16129 e 16304 distinguem os chineses de outros grupos.

Outro estudo publicado por Santos; Suellen (2012) a respeito da análise da ancestralidade com DNA mitocondrial, teve como objetivo mostrar as populações africanas, européias e ameríndias como ancestrais da população do Rio de Janeiro. Analisaram um total de 142 *loci* polimórficos da região controle do DNA mitocondrial, mas especificamente, nas regiões hipervariáveis HV1 e HV2 de 109 indivíduos não relacionados geneticamente, residentes no Rio de Janeiro, sendo 86 naturais desse estado. Os resultados indicaram 102 haplótipos distintos entre si, mostrando a miscigenação brasileira. Mostrou-se que 60% dos ancestrais eram relacionados com haplogrupos africanos, 25% Americanos e 15% europeus. Ou seja, certifica-se que em relação à ancestralidade maternal a africana é a mais próxima da população do Rio de Janeiro.

Gontijo; Carolina (2008) verificaram o polimorfismo nas comunidades afro-derivadas brasileiras (Santo Antônio do Guaporé e Santiago do Iguape) e comparou com o Distrito Federal por meio de 13 marcadores informativos de ancestralidade (AIMS) autossômicos. As duas comunidades assim como o Distrito Federal mostraram diferenças gênicas e genótípicas de acordo com a diferença estatisticamente significativa ( $F_{st}$ ) refletida pela grande distância geográfica. Observou-se uma grande contribuição africana e ameríndia para a formação das comunidades, esta última dominando. Já a européia teve pouca influência.

Pena et al. (2000) revelaram na revista, *Ciência Hoje*, as linhagens maternas da população brasileira declarados como brancos. O estudo utilizou de 200 brasileiros distribuídos entre Sudeste, Norte, Nordeste e Sul autodeclarados como brancos. O resultado mostrou que 33% de linhagens ameríndias, 28% de africanas e 39% de europeias. Entretanto, não é possível relacionar haplotipos específicos para cada região brasileira apesar da alta diversidade de linhagens de DNA mitocondrial.



### 3. CONCLUSÃO

O DNA mitocondrial apresenta uma diversa aplicabilidade na genética forense, em estudos da história evolutiva humana, diferenciação populacional e identificação humana.

A aplicação do DNA mitocondrial para identificação humana se dá quando não se pode utilizar o DNA nuclear ou em casos em que se pretende obter informações adicionais.

A vantagem do DNA mitocondrial em relação ao DNA nuclear é a quantidade de cópias por célula, a utilização em amostras muito degradadas ou pequenas amostras como cabelo, ossos, dentes, impressões digitais, além da maior resistência que esse apresenta na degradação e possui hereditariedade uniparental.

A hereditariedade uniparental tem aplicabilidade para amostras em que se possa comparar a linhagem materna, como em identificação de desaparecidos, assim como, a evolução do homem determinando a Eva mitocondrial e a diferenciação dos grupos populacionais pelos haplogrupos.

Estudos mostram que as características únicas do DNA mitocondrial possuem cada vez mais uma aplicação na sociedade. E que além de conter informações privilegiadas ainda é essencial para o bom funcionamento do organismo por possuir um papel fundamental na expressão de proteínas e na produção de energia.

## **ABSTRACT**

The DNA molecule has become a fundamental tool in human identification and criminal investigation. The genetic profile of an individual is defined by analyzing the DNA and the combination of several markers that we inherited from our parents. In some cases, however, the nuclear DNA can not be used, thus using the mitochondrial DNA. The aim of this article is to introduce, through a literature review, mitochondrial DNA, its features, functionality and applicability in human identification. Showing thus its importance and benefits.

**Keywords:** Human identification. Forensic genetics. Haplogroups. mitochondrial Eve.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AILLEN, M., *et al.* 1998. Mitochondrial DNA sequencing of shed hairs and saliva on robbery caps: sensitivity and matching probabilities. **J Forensic Sci**, 43(3): 453-464, 1998.

ANDERSON, S.; *et al.* Sequence and organization of the human mitochondrial genome. **Nature**, 9: 457-65, 1981.

ANDREWS, R. M., *et al.* Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. **Nat Genet**, 23 (2): 147, 1999.

BALOGH, M. K., *et al.* STR genotyping and mtDNA sequencing of latent fingerprint on paper. **Forensic Science International**, 137: 188 – 195, 2003.

BANDELT, H. J.; *et al.* Phylogeography of the human mitochondrial haplogroup L3e: a snapshot of African prehistory and Atlantic slave trade. **Ann. Hum. Genet.**, 65: 549-563, 2001.

BUDOWLE, B., *et al.* Mitochondrial DNA regions HVI and HVII population data. **Forensic Sci Int**, 103(1): 23-35, 1999.

BUDOWLE, B.; *et al.* Forensics and mitochondrial DNA: applications, debates, and foundations. **Annu Rev Genomics Hum Genet**, 4: 119-141, 2003.

BUTLER, J. M. Forensic DNA typing: biology, technology, and genetics of STR markers. **Elsevier Academic Press**, 2, 2005.

CANN, R. L., STONEKING, M. e WILSON, A. C. 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. **Nature**, 325(6099): 31-36, 1987.

CARRACEDO A, Sanchez-Diz P. Forensic DNA-typing Technologies: a review. **Methods Mol Biol.**, 297: 1-12, 2005.

COBLE, M. D., *et al.* Mystery solved: the identification of the two missing Romanov children using DNA analysis. **PLoS One**, 4(3): 4838, 2009.

COTRIM, G. **Fundamentos da filosofia: história e grandes temas.** 15ed. São Paulo: Saraiva, 2002.

DIAS, Alfrancio. Dos estudos culturais ao novo conceito de identidade. **Gepiade**, 9(5), 2011.

DIMAURO, S.; DAVIDZON, G. 2005. Mitochondrial DNA and disease. **Ann Med**, 37(3): 222-232, 2005.

ERIKSSON, J.; *et al.* Chromosome analysis confirms highly sex-biased dispersal and suggests a low male effective population size in bonobos. **Molecular Ecology**, 15(4): 939-949, 2006.

FENG, Shi; *et al.* Correlation between increased copy number of mitochondrial DNA and clinicopathological stage in colorectal cancer. **Oncology Letters**, 2: 899-903, 2011.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Brasília, **EMBRAPA-CENARGEN**, 3, 1998.

FRUMKIN, D. *et al.* Authentication of forensic DNA samples. **Forensic Science International: Genetics**, 4: 95–103. 2010.

GAERTNER, Carla; BINSFELD, Pedro. **Técnicas de biologia molecular aplicadas na investigação forense.** 16 páginas. Monografia (pós-graduação em biociências forense). Pontifícia Universidade Católica de Pós-Graduação em Biociências Forense. Goiás, 2007.

GINTHER, C., ISSEL-TARVER, L.; King, M. C. Identifying individuals by sequencing mitochondrial DNA from teeth. **Nat Genet**, 2(2): 135-138, 1992.

GONTIJO, Carolina. **Composição genética de duas populações Afro-derivadas brasileiras inferidas a partir de marcadores informativos de ancestralidade**. 70 páginas. Monografia (pós-graduação em biologia animal). Universidade de Brasília. Brasília, 2008.

GRAY, M. W. Origin and evolution of mitochondrial DNA. **Annu Rev Cell Biol**, 5: 25-50, 1989.

GREENBERG, B. D., NEWBOLD, J. E.; SUGINO, A. Intraspecific nucleotide sequence variability surrounding the origin of replication in human mitochondrial DNA. **Gene**, 21: 33-49, 1983.

HALL, Stuart. Old and new identities, old and new ethnicities. In: King, Anthony D. Culture globalization and the world-system. Londres, **Lacmilan**, 1993.

HE, Y. *et al.* Diversity and reductive evolution of mitochondria among microbial eukaryotes. **Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci**, 365, n 1541: 280-8. 2010.

HOLLAND, MM; et al. Mitochondrial DNA sequence analysis of human remains. **Crime lab Digest**, 22: 109, 1995.

HOPKIN, K. Death to sperm mitochondria. **Sci Am**, 280(3): 21, 1999.

JEFFREYS, A. *et al.* Identification of the skeletal remains of Josef Mengele by DNA analysis. **Forensic Science International**, 56(1): 65-76, 1992.

JOBIM, L. **Identificação Humana pelo DNA in: Identificação Humana**. Milenium, 2, 2006.

KOCH, A.; ANDRADE, F.M. A utilização de técnicas de biologia molecular na genética forense: uma revisão. The use of molecular biology techniques in forensic genetics: a review. **RBAC**, 40(1): 17-23, 2008.

KUNKEL, T. A.; LOEB, L. A. Fidelity of mammalian DNA polymerases. **Science**, 213(4509): 765-767, 1981.

LI, X. *et al.* Mitochondrial DNA and STR analyses for human DNA from maggots crop contents: A forensic entomology case from central-southern China. **Tropical Biomedicine**, 28(2): 333-338, 2011.

LIU, D. Zubakov. Estimating human age from T-cell DNA rearrangements. **Current Biology**, 20(22), 2006.

LUTZ D, WISSER H. J; HEIZMANN J, POLLAK S. A third hypervariable region in the human mitochondrial D-loop. **Human genetics**:101-384, 1997

MATTE, C. H. F.; *et al.* A utilização da análise de DNA em desastres em massa: participação brasileira na identificação dos corpos do incêndio no Paraguai. **Revista do IPG**, 3, 2007.

MELTON, T. Mitochondrial DNA Heteroplasmy. **Forensic Sci Rev**, 16(1), 2004.

MELTON, Terry. Forensic mitochondrial DNA analysis of 691 casework hairs. **J Forensic Sci**, 50(1), 2005.

MEUSNIER, Isabelle; *et al.* A universal DNA mini-barcode for biodiversity analysis. **BMC Genomics**, 9, 2008.

MORLEY, J. M. *et al.* Validation of mitochondrial DNA minisequencing for forensic casework. **Int J Legal Med**, 112(4): 241-248, 1999.

NIDHIMAKI, Yuko; *et al.* Sequence polymorphism in the mtDNA HV1 region in Japanese and Chinese. **Legal Medicine**, 1: 238-49, 1999.

OLIVEIRA, Ana Rita. **Quantificação de ADN nuclear e ADN mitocondrial por PCR em tempo real**. 131 páginas. Dissertação (mestrado em biologia humana e ambiente). Universidade de Lisboa. Lisboa, 2009.

PAKERDORF B, STONEKING M. Mitochondrial DNA and human evolution. **Annu Rev Genomics Hum Genet.**, 6: 165-83, 2005.

PEDROSA, Maria Angélica. **Composição genética de quatro populações remanescentes de quilombos do Brasil com base em microssatélites e marcadores de ancestralidade**. 143 páginas. Dissertação (pós-graduação em biologia molecular). Universidade de Brasília. Brasília, 2006.

PEDROSSIAN, Dulce. O mecanismo da identificação: uma análise a partir da teoria freudiana e da teoria crítica da sociedade. **Inter-Ação: Rev. Fac. Educ.:** 417-442, 2008.

PENA, Sérgio et al. Retrato molecular do brasileiro. **Ciência hoje**, 27(159), 2000.

PEREIRA, Luciana. DNA forense. **Saúde & ambiente em revista**, 2(2), 2007.

PESSOA, Maria. **Importância dos haplogrupos humanos na patologia mitocondrial**. 162 páginas. Dissertação (mestrado em biologia aplicada). Universidade de Aveiro, 2010.

REINER, Tamara. **A utilização do DNA na identificação de pessoas**. 35 páginas. Monografia (Bacharel em biologia). Centro Universitário de Brasília. Brasília, 2003.

REIS, Marcelo; PINTO, Eduardo. **Plex-ID Ibis bioscience, Aumentando a eficiência e poder de resolução para aplicações do DNA forense**. 21 páginas. Monografia (pós-graduação em biociências forenses). Pontifícia Universidade Católica de Goiás. Goiás.

ROBIN, E. D.; WONG, R. 1988. Mitochondrial DNA molecules and virtual number of mitochondria per cell in mammalian cells. **J Cell Physiol**, 136(3): 507-513, 1988.

RODRIGUES, Amélia. **Análise de polimorfismos de DNA em amostras degradadas**. 115 páginas. Dissertação (mestrado em biologia molecular e celular). Universidade de Aveiro, 2008.

ROSA, Artur; PAIVA, Samuel. Marcadores moleculares e suas aplicações em estudos populacionais de espécies de interesse zootécnico. **Embrapa Cerrados**, 1: 2176-5081, 2009.

S., Andreson et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. **Nature**, 290(9): 457-465, 1981. <http://www.mitomap.org/Anderson1981CRS.pdf>

SAITOU, N. A genetic affinity analysis of human populations. **Hum Evol.**, 10(1): 17-33, 1995.

SALAS, Thore. A statistical framework for the interpretation of mtDNA mixtures: forensic and medical applications. **Plos one**, 6, 2011.

SHRIVER, M.D.; *et al.* Ethnic-affiliation estimation by use of population-specific DNA markers. **Am J. Hum Genet**, 60: 957-964, 1997.

SANTOS, Suellen. Estudo da ancestralidade maternal da população do Rio de Janeiro: análise do DNA mitocondrial. 83 páginas. Dissertação (pós-graduação em biociência). Rio de Janeiro, 2012.

STEVENS, Laura. The molecular systematics of blowflies and screwworm flies (Diptera: Calliphoridae) using 28S rRNA, COX1 and EF-1: insights into the evolution of dipteran parasitismo. Uk, **Biosciences**, College of life and environment Science, University of Exeter, 1, 2011.

SUTOVSKY, P.; *et al.* Degradation of paternal mitochondria after fertilization: implication for heteroplasmy, assisted reproductive Technologies and mtDNA inheritance. **Reprod Biomed Online**, 8(1), 2004.



THOMPSON, M. W.; *et al.* **Genética Médica**. Rio de Janeiro, Guanabara Koogan, 5: 339, 1993.

TURRINA, S.; ATZEI, R.; FILIPPINI, G.; LEO, L. De. STR typing of Archival Bouin's fluid-fixed paraffin-embedded tissue using new sensitive redesigned primers for three STR loci (CSF1P0, D8S1179 and D13S317). **Jornal of Forensic and Legal Medicine**, 15: 27 – 31, 2008.

UNDERHILL, PA; KIVISILD, T. Use of chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations. **Annual review of genetics**, 41: 539-64, 2007.

VIDEIRA, P. A. Engenharia Genética: Princípios e aplicações. **Lidel**: 3 – 14, 2011.

WARNER, J.B. *et al.* **Use of sequence variation in three highly variable regions of the mitochondrial DNA for the discrimination of allogeneic platelets**. 46(4): 554-61, 2006.

WILDER, J. A.; *et al.* Global patterns of human mitochondrial DNA and Y chromosome structure are not influenced by higher migration rates of females versus males. **Nature Genetics**, 36: 1122–1125, 2004.

WILSON, M. R.; *et al.* Validation of mitochondrial DNA sequencing for forensic casework analysis. **Int J Legal Med**, 108(2): 68-74, 1995.

LIVEIRA *et al.* **gocheaga**, 2003.