

## Análogos da falácia do advogado e do promotor no teste de paternidade

A.M. dos Santos Silva <sup>a,b\*</sup>, V. Q. Balbino <sup>b</sup>, M. T. C. Muniz <sup>a</sup>, R. S. Moura-Neto <sup>c</sup>

*a* Grupo de Pesquisa Genética Humana e Animal, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Pernambuco (PE), Brasil

*b* Laboratório de Bioinformática e Biologia Evolutiva, Centro de Biociências, Universidade Federal de Pernambuco, Pernambuco (PE), Brasil

*c* Instituto de Biologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro (RJ), Brasil

\*Endereço de e-mail para correspondência: [abigail.marcelino@gmail.com](mailto:abigail.marcelino@gmail.com)

Recebido em 19/09/2023; Revisado em 04/06/2024; Aceito em 29/08/2024

### Resumo

A falácia é um assunto que qualquer geneticista forense deve estar a par, já que a sua ocorrência implica deturpação das evidências forenses apresentadas no tribunal. Ela geralmente é cometida pelos advogados, promotores, júri e juiz, e pode confundir o geneticista forense em seu testemunho no tribunal, caso não estejam atentos aos princípios de interpretação das evidências. As falácias mais comuns são a do advogado e a do promotor, as quais são bem abordadas na literatura em relação a um tribunal criminal de um caso forense de violências como assassinato, por exemplo. Porém, há uma deficiência de análogos destas falácias nos casos forenses de paternidade. Este trabalho é uma iniciativa de abordar este assunto nos casos envolvendo testes de paternidade, os quais estão no âmbito cível e em menor frequência, no criminal. Primeiro serão abordados aspectos gerais das estatísticas Bayesianas e frequentista na paternidade. E depois baseados nestes conceitos, as falácias mais comuns: promotor e do advogado em tribunais de casos de paternidade fazendo analogia com termos já comuns nas falácias de tribunais de casos de âmbito criminal. Deste modo, foi esclarecido que raciocínios errados na interpretação de evidências forenses na investigação de paternidade podem trazer consequências de favorecimentos de acusação ou defesa assim como no âmbito criminal forense. Também foi visto que há conceitos que facilitam a detecção das falácias, ao esclarecer aspectos estatísticos da técnica padrão ouro baseada em DNA autossômico. Concluiu-se que há a falácia do advogado e do promotor não somente no âmbito criminal, já bem explorado na literatura, mas também na investigação de paternidade.

*Palavras-Chave:* Falácia; Investigação de paternidade; *Random man not excluded*; Genética Forense; Estatística.

### Abstract

The fallacy is a subject that any forensic geneticist must be aware of, as its occurrence implies misrepresentation of the forensic evidence presented in court. It is generally committed by lawyers, prosecutors, jury and judge, and can confuse the forensic geneticist in their testimony in court, if they are not aware of the principles of interpreting evidence. The most common fallacies are that of the lawyer and that of the prosecutor, which are well addressed in the literature in relation to a criminal court in a forensic case of violence such as murder, for example. However, there is a deficiency of analogues of these fallacies in forensic paternity cases. This work is an initiative to address this issue in cases involving paternity tests, which are in the civil sphere and, less frequently, in the criminal sphere. First, general aspects of Bayesian and frequentist statistics on paternity will be addressed. And then based on these concepts, the most common fallacies: prosecutor and lawyer in courts of paternity cases making analogies with terms already common in fallacies of courts of criminal cases. In this way, it was clarified that incorrect reasoning in the interpretation of forensic evidence in paternity investigations can have consequences for favoring the prosecution or defense, as well as in the forensic criminal context. It was also seen that there are concepts that facilitate the detection of fallacies, by clarifying statistical aspects of the gold standard technique based on autosomal DNA. It was concluded that there is the fallacy of the lawyer and the prosecutor not only in the criminal sphere, already well explored in the literature, but also in paternity investigation.

*Keywords:* Fallacy; Paternity investigation; *Random man not excluded*; Forensic Genetics; Statistic.

## 1. INTRODUÇÃO

Na sua rotina o geneticista forense pode estar sujeito a se deparar com vários tipos de falácias, incluindo as mais comuns que são a do promotor e a do advogado. Tais falácias normalmente se referem a um ambiente de tribunal criminal ligado a casos envolvendo amostras de crimes, i.e., de suspeitos, de vítimas, amostras de referência e amostras de locais de crime [1,2]. Mas as falácias também podem acontecer em tribunal de um caso de paternidade, no qual, por exemplo, o suposto pai acha que a criança não é seu filho biológico e, portanto, não quer assumir os deveres de pai. Numa situação como esta contaria com advogado, o ministério público e juiz, além do acusado, que seria o suposto pai, e dos queixosos, que seriam a mãe e a criança. E este tribunal também está sujeito a falácia. O objetivo deste trabalho é apresentar um tema com deficiência na literatura forense que é a possibilidade da falácia no tribunal em casos de investigação de paternidade por meio de uma analogia com as falácias mais comuns já exaustivamente descritas na literatura nos casos forenses criminais de violência como assassinato e suas consequências. Também a possibilidade de detectar a falácia e de apresentar posicionamento em um tribunal mediante domínio de conceitos dentro da estatística de identificação humana forense. A seguir serão apresentadas as falácias do advogado e do promotor em um tribunal de caso de paternidade, fazendo analogia com situações de tribunal criminal de casos como assassinatos ou outras violências que deixem vestígios biológicos em um local de crime, cujas falácias são muito bem abordadas na literatura em relação a um tribunal de casos de paternidade.

## 2. TESTE DE PATERNIDADE: UMA CATEGORIA DE IDENTIFICAÇÃO HUMANA

A identificação humana nada mais é do que um conjunto de procedimentos sistematizado cuja finalidade é buscar a identidade de um indivíduo. A genética forense está dentre diversas áreas forenses que buscam a identificação humana, via método DNA forense. Neste campo científico, a identificação humana se divide em duas categorias: identificação forense e investigação de paternidade (teste de paternidade).

A identificação forense ou teste de identificação forense corresponde a comparação de perfis genéticos encontrados em uma amostra biológica de referência e questionada, oriundas por exemplo de um suspeito do crime e do local do crime, em um caso criminal de violência corporal [3]. Porém, a evidência científica genética por si só não pode dar suporte à uma hipótese de acusação em um caso criminal. Ela deve ser considerada juntamente com as circunstâncias (evidências não científicas) do caso criminal. Isso porque o fato de uma

amostra biológica originada de um suspeito estar na cena do crime não implica necessariamente a sua participação no crime. O juiz deve utilizar evidências científicas genéticas junto com as não genéticas (isso é claramente abordado no Tópico 3 ) para tomada de decisão.

Já o teste de paternidade ou teste de identificação de paternidade consiste na busca de correspondência do alelo paterno da criança com, pelo menos, um alelo de cada marcador do perfil genético do suposto pai. Analogamente a um caso criminal de violência corporal, a criança seria a amostra questionada e a amostra do suposto pai a de referência. Ambas as categorias de identificação humana ainda podem ter uma subcategoria – mistura e pessoas desaparecidas. Em poucas palavras, a primeira subcategoria se refere a casos nos quais há mistura de perfis genéticos em amostra questionada, o que dificulta estabelecer a quantidade de perfis genéticos assim como discriminar cada um deles. E a segunda subcategoria corresponde a busca de correspondências de perfis encontrados em amostras de pessoas não identificadas vivas ou em restos mortais (em casos criminais ou não) com perfis de amostras de referências oriundas de um objeto de uso pessoal do desaparecido (referência direta) ou de um parente próximo do desaparecido (referência indireta).

O teste de paternidade lida principalmente com a investigação de paternidade. Casos de maternidade, paternidade sem a mãe e complexos (nos quais há ausência do suposto pai) são variações [4].

Os marcadores genéticos mais utilizados são os microssatélites autossômicos, que são codominantes, altamente polimórficos e são o padrão ouro do teste de paternidade e de identificação humana. Utiliza-se um grupo multiplex normalmente com cada marcador genético em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) e em equilíbrio de ligação entre si. Os exemplos deste artigo se baseiam nestes marcadores.

## 3. ESTATÍSTICA FORENSE: MODELO FREQUENCISTA E BAYESIANO

Normalmente os casos forenses surgem com questionamento que leva ao estabelecimento de uma hipótese principal e uma alternativa. Nos casos contenciosos, a hipótese principal seria uma acusação. Em um caso de paternidade a acusação seria: o suposto pai de fato é o pai da criança, o que chamamos de hipótese de acusação ( $H_p$  ou  $H_1$ ). Uma hipótese alternativa também é considerada a fim de manter a imparcialidade, que seria um outro homem na população é o pai da criança. Esta seria a hipótese de defesa ( $H_d$  ou  $H_2$ ). Inclusive esta consideração é um dos três princípios de interpretação de evidência [3]. Na criminalística seriam,  $H_p$ : o suspeito de fato originou o

perfil genético encontrado no local do crime e  $H_d$ : outro homem da população não relacionado ao suspeito deixou o perfil genético no local do crime.

Na abordagem frequencista, em um caso criminal, o foco é buscar: a probabilidade de uma outra pessoa na população ter originado o perfil genético contido na amostra questionada caso ela não tenha vindo do suspeito. A ideia frequencista aborda a contagem relativa dos perfis genéticos na população, a partir de um banco de dados genéticos populacionais que nada mais é do que uma amostra populacional de perfis genéticos para um conjunto de marcadores moleculares genéticos. Segue-se o mesmo raciocínio do cálculo das frequências alélicas populacionais. Então se um perfil tem  $P=0,00001$  (estimada por amostragem populacional) pode ser interpretado como 1 chance em 1 milhão de encontrar uma pessoa com este perfil.

Na visão Bayesiana, a probabilidade é condicional e é representada pelas *odds* do teorema de Bayes as quais são constituídas de probabilidades *a posteriori*, Razão de verossimilhança (RV) e probabilidades *a priori* [4] como na **Equação 1**.

$$\frac{P(H_1|evidência)}{P(H_2|evidência)} = \frac{P(evidência|H_1)}{P(evidência|H_2)} \times \frac{P(H_1)}{P(H_2)} \quad (1)$$

Que verbalmente seus termos correspondem ao **Equação 2**, respectivamente.

$$odds \text{ a posterior} = RV \times odds \text{ a priori} \quad (2)$$

Estas *odds* da **Equação 2** deixam bem claro o papel do geneticista forense assim como o do júri no tribunal em termos de interpretação de evidências. O papel do júri pode ser representado em fazer a seguinte pergunta: Qual a probabilidade da hipótese dada a evidência? Essa pergunta é bem representada pelas *odds a posteriori* nas quais as hipóteses ( $H_1$  e  $H_2$ ) estão condicionadas à evidência (e.g. correspondência entre o perfil da amostra questionada de DNA e o do perfil da amostra de referência). Ou seja, o júri vai decidir qual é a hipótese verdadeira ( $H_1$  ou  $H_2$ ) baseando-se nas evidências (juntamente com informações circunstanciais do caso forense, as evidências não científicas). Inclusive, estas informações circunstanciais poderiam ser representadas na **Equação 1** por “I” (como o foco deste trabalho é falácias relativas à evidências científicas genéticas e as não científicas não são o material de análises do geneticista forense, o “I” foi ocultado nas demais citações da fórmula das odds a posteriori) :

$$\frac{P(H_1|evidência,I)}{P(H_2|evidência,I)} = \frac{P(evidência|H_1,I)}{P(evidência,I|H_2,I)} \times \frac{P(H_1|I)}{P(H_2|I)}$$

Já o papel do cientista forense está bem representado na RV, onde a evidência é quem está condicionada às hipóteses  $H_1$  e  $H_2$ . Ou seja, a pergunta do geneticista forense seria: Qual a probabilidade da evidência de fato a ser, dada a hipótese (considerando cada uma das hipóteses)? O geneticista forense tem as evidências como material de trabalho, e mais especificamente a evidência científica DNA baseada nas análises de perfis genéticos presentes em amostras biológicas para um conjunto de marcadores moleculares. Ele vai averiguar, baseado nos conhecimentos científicos e metodológicos, a possibilidade de por exemplo em um caso de identificação humana, encontrar correspondências de perfis genéticos considerando que o perfil da amostra questionada foi originado do doador do perfil de referência ( $H_1$ ) ou não ( $H_2$ ). A RV é a mesma para casos de paternidade também.

As *odds a priori* no teste de paternidade e na maioria dos testes de identificação humana são iguais a 1 [5]. E então as *odds a posteriori* (que se referem as probabilidades das hipóteses dadas as evidências) é igual a razão de verossimilhança. Considere um caso de paternidade no qual  $G_M=18/19$ ,  $G_C=18/18$  e  $G_{SP}=15/18$  são os genótipos da mãe, criança e suposto pai para um certo marcador. O alelo paterno da criança é 18, cuja frequência na população é  $f_{18}=0,16522$ . A RV fica como apresentada na **Equação 3**.

$$\frac{P(H_1|evidência)}{P(H_2|evidência)} = RV = \frac{1}{2P_{18}} = \frac{1}{2 \times 0,16522} = 3,0263 \quad (3)$$

A interpretação é que a evidência é 3,0263 vezes mais provável se o suposto pai é o pai biológico da criança em comparação com a alternativa não relacionada, ou seja do que se o pai biológico da criança é um indivíduo não relacionado ao suspeito. A RV se refere a evidência dada a hipótese e pode assumir valor de 0 a  $+\infty$ . Sendo as *odds a posteriori* igual a RV na paternidade e tendo esta uma interpretação diferente das *odds a posteriori* pois se referem a probabilidade das hipóteses dado a evidências pode-se concluir também assim: a probabilidade de que o suposto pai seja o pai da criança é 3,0263 maior do que a probabilidade de que um homem não relacionado seja o pai. A razão de verossimilhança também chamada de Índice de paternidade (IP) pode ser apresentada na forma de probabilidade *a posteriori* Bayesiana (Probabilidade de paternidade-PP) por Essen-Möller índice W (do alemão, *Wahrscheinlichkeit*) [6-8] desde que se tenha uma probabilidade *a priori*. Considerando esta igual a 0,5, ou seja, já que as *odds a priori* é igual a 1, a  $RV = 3,0263$

calculada previamente pode ser convertida para probabilidade *a posteriori* (Equação 4).

$$P(\text{evidência}) = \frac{P(H_1)P(H_1)}{P(H_1)P(H_1) + P(H_2)P(H_2)} =$$

$$\frac{P(H_1) \times 0,5}{P(H_1) \times 0,5 + P(H_2) \times 0,5} = W = \frac{P(\text{evidência}|H_1)}{P(H_1) + P(H_2)} =$$

$$\frac{RV}{RV+1} = \frac{3,0263}{3,0263+1} = 0,7516$$

(4)

O índice W pode assumir valor de 0 a 1, ou seja, de 0 a 100% e por isto mesmo é mais fácil de interpretar em relação à RV. Mas em compensação exige citar o valor de probabilidades *a priori*, a não ser que tenha citado que utilizou o índice W de Essen-Möller. E a visão frequencista da paternidade? Será apresentada no próximo tópico.

#### 4. RMNE: UM ANÁLOGO DO MODELO ESTATÍSTICO FREQUENCISTA NA IDENTIFICAÇÃO FORENSE APLICADO NA IDENTIFICAÇÃO DE PATERNIDADE

A abordagem frequencista também existe na paternidade. Ela é utilizada pelo geneticista forense no laudo técnico-científico em alguns países, como os EUA, quando o caso de paternidade é criminal [9,10]. No lugar de se utilizar a razão de verossimilhança, ou IP, e a probabilidade Bayesiana de paternidade, busca-se a frequência populacional de pais em potencial não excluídos (RMNE – *Random man not excluded*) [4, 10-12] também chamada de  $PE_{\text{caso específico}}$ . Esta probabilidade é usada para vislumbrar se encontrar o pai verdadeiro pode ser fácil ou difícil [9,12,13].

O método RMNE é uma estimativa da fração de homens na população que carrega o(s) alelo(s) obrigatório(s) da criança e poderia, portanto, ser o pai biológico. Diferentemente do índice de paternidade, a informação genética do suposto pai não é considerada, e sim o alelo (ou possíveis alelos) de origem paterna da criança [9,10,12]. Considerando um caso no qual a criança e a mãe têm genótipos  $G_C=A_iA_i$  e  $G_M=A_iA_i$  e um outro caso cujos genótipos são  $G_C=A_iA_i$  e  $G_M=A_iA_k$ . Um homem aleatório sem o alelo  $A_i$  (ou seja, ambos os alelos não são  $A_i$ ) então será excluído. Assim, considerando que a frequência do alelo  $A_i$  é  $p_i=0,00988$ , a probabilidade de RMNE se apresenta como na Equação 5 [10, 14, 15].

$$RMNE = 1 - PE_{\text{caso específico}} =$$

$$1 - (1 - p_i)^2 = 1 - (1 - 0,00988)^2 =$$

$$1 - 0,98034 = 0,01966$$

(5)

Enquanto em um caso com  $G_M=A_iA_j$  e  $G_C=A_iA_j$ , no qual a mãe é uma heterozigota igual ao filho e frequência de  $A_j$  é  $p_j=0,27225$  a RMNE pode ser representada com a Equação 6.

$$RMNE = 1 - PE_{\text{caso específico}} =$$

$$1 - (1 - p_i - p_j)^2 = 1 - (1 - 0,00988 - 0,27225)^2 =$$

$$1 - 0,51534 =$$

$$0,48466$$

(6)

Considerando que os marcadores moleculares genéticos usados se encontram em EHW ( $PE_{\text{caso específico}}$  considerando endocruzamento como citado em Weir, 2005 [16]). Numa identificação forense é análogo a um caso criminal com genótipo do local do crime  $G_C=A_iA_i$  em um certo caso forense e um outro caso com  $G_C=A_iA_j$ . Na identificação forense as frequências genotípicas  $p_i^2=0,00988^2=0,000098$  e  $2p_i p_j=2 \times 0,00988 \times 0,27225=0,00538$  equivalem analogicamente a RMNE no teste de identificação de paternidade, em população em EHW. Os testes de paternidade mostram resultados menos individualizantes em relação aos testes de identificação forense. Neste a unidade de comparação é a frequência de um genótipo (que é o genótipo testado) enquanto naquele a unidade de comparação inclui mais de um genótipo.

Estes valores frequencistas nos relatórios técnicos científicos finais no tribunal podem levar a interpretações erradas, pois seus termos não deixam explícita a condicionalidade. Tentar resumir o resultado do laudo técnico científico é muito comum entre os membros do tribunal e levam à omissão de informações de modo que favoreça a acusação ou a defesa. Este erro é muito cometido por promotores e advogados, respectivamente. Este erro corresponde à falácia, que é um raciocínio errado com aparência de verdadeiro. A seguir as falácias mais comuns no caso de paternidade serão apresentadas.

#### 5. FALÁCIA DO PROMOTOR

A falácia do promotor, é utilizada com intenção de dar suporte a acusação com base em provas frágeis. Ela também é chamada de condicional transposta.

Considere uma RMNE de um teste de paternidade igual a 0,02 por exemplo para um certo marcador genético, cuja probabilidade é baseada na estimativa de proposições na população que possui o alelo paterno (ou possíveis alelos paternos). Não seria nada estranho uma declaração como: A chance de observar este genótipo SE o pai é alguém não relacionado ao suposto pai é de 2 em 100. Pode-se tentar reinterpretar essa declaração ao dizer algo

como: A chance de que o pai biológico da criança seja outra pessoa é de 2 em 100 e logo há 98% de chance de o suposto pai ser de fato o pai biológico da criança. Na declaração observa-se o foco na evidência e na condicionalidade à  $H_d$ , o que não acontece com a reinterpretção que é uma falácia. A possibilidade de declarar o resultado de um laudo em probabilidade não é baseada no IP e sim na probabilidade *a posteriori* alcançada pelo índice  $W$  de Essen Möller. Considerando um caso de paternidade com  $G_C=A_iA_i$ ,  $G_M=A_iA_k$  e  $G_{SP}=A_iA_j$  cujo alelo paterno  $A_k$  tem frequência de 0,00988,  $RV= \frac{1}{2} \times 0,00988= 50,60729$  e consequentemente  $W= 0,98062$  ou 98,062%. Apesar da coincidência com o valor citado na falácia, um valor não tem a ver com o outro pois este tem fundamento teórico enquanto na falácia foi um raciocínio errado sem levar em conta condicionalidade. O fato da  $RV$  e o valor  $W$  ou probabilidade de paternidade ser baseado em estatística Bayesiana diminui a chance de falácia, mas não garante isso. Pela  $RV$  vê-se que a evidência é 50 vezes mais provável se o suposto pai é o pai biológico da criança do que se outro indivíduo não relacionado ao suspeito o fosse. E isto não equivale a: é 50 vezes mais provável que o suposto pai seja o pai biológico da criança do que outra pessoa não relacionada. A partir deste valor  $W$ , poder-se-ia fazer uma declaração como: Há 98% de chance de o suposto pai ser o pai da criança dados os dados genéticos assumindo probabilidades *a priori* de 0,5. Ou ainda, a probabilidade do suposto pai da criança, a qual assumiu-se como 0,5 antes de considerar os perfis genéticos, é de 0,98 após a genotipagem. E isto não equivale a: Existe 98% de chance de o suposto pai ser o pai da criança e logo apenas 2% de outro homem não relacionado ser o pai biológico. É uma falácia, primeiro porque Essen- Möller corresponde a  $P(H_p|E)$  e segundo porque não se refere a probabilidades exaustivas e sim condicionais. A fórmula de Essen-Möller é baseada apenas em verossimilhanças e não em probabilidades exaustivas.

## 6. FALÁCIA DO ADVOGADO

É utilizada para dar suporte à improbabilidade de um evento, negligenciando informações disponíveis que o torna mais provável. É mais comumente cometido pelo advogado de defesa. Ele atribui probabilidade de culpa da evidência baseando-se nas frequências de perfis genotípicos que possuem alelos paterno obrigatórios da criança (ou possíveis alelos paternos), de modo que todos com tais perfis tivessem uma probabilidade igual a do suposto pai de ser o pai biológico da criança.

O fato de alguém ter o mesmo perfil do suposto pai não implica que tenha a mesma chance do suposto pai de ser de fato o pai da criança (considerar o contrário cometeria falácia do réu). O DNA por si só não nos dá esta informação. Os marcadores utilizados não têm ligação

alguma com caracteres ou comportamento do indivíduo. No RMNE está implícito que há uma condicionalidade de  $H_d$ . Um caso forense criminal só é iniciado por uma acusação. Se não fosse esta, não faria sentido a sua existência. E então seria injusto incriminar alguém apenas pelo fato de ter o mesmo perfil genotípico. Digamos que o RMNE é de 2 em 100. Então se na população a qual o suposto pai pertence tem 1000000 de pessoas logo há 20000 pessoas na cidade com perfil genético contendo o alelo paterno (ou os possíveis alelos paternos, caso a mãe e filho sejam heterozigotos iguais) considerando um certo marcador genético. É como se estivesse atribuindo probabilidade 1/20000 de cada uma das pessoas ser o culpado.

Baseando-se no valor  $W$  do tópico anterior, pode-se pensar erradamente que as duas hipóteses  $H_p$  e  $H_d$  são exaustivas e logo há 2% de chance de outro homem não relacionado ao suspeito ser o pai da criança e se apegar a este valor como forma de dar suporte à defesa. Mas como já foi explicado, esta interpretação é errada, pois os 98% se referem apenas a  $P(\text{evidência}|H_p)$ .  $H_p$  e  $H_d$  tratam-se apenas de uma hipótese principal do caso forense e uma alternativa, respectivamente, e portanto não são eventos exaustivos.

## 7. OUTRAS CONSIDERAÇÕES RELATIVAS À POSSÍVEIS INTERPRETAÇÕES EQUIVOCADAS DAS EVIDÊNCIAS PELO TRIBUNAL

Além de lidar com as falácias do advogado e do promotor, alguns pontos (apresentados a seguir) devem ser considerados pelo geneticista forense ao escrever o laudo técnico ou fazer declarações das evidências científicas de forma inequívoca:

### 7.1. Aplicação errônea do valor RMNE

Caso o valor do RMNE seja muito baixo a ponto de corresponder em valor absoluto a uma única pessoa, pode-se ter a tendência de um membro do tribunal já acusar o suspeito, argumentando que só há uma pessoa na população com aquele perfil. Este raciocínio não é correto pois a proporção genotípica é estimada. Ela pode na verdade corresponder a média dentro de uma distribuição de probabilidades [17].

### 7.2. Escolha de banco de dados genéticos populacionais

Quanto à escolha do banco de dados para estimativa das frequências genotípicas e alélicas, nenhum teste de paternidade pode ser impossibilitado de fazer se o banco de dados não corresponde às populações dos pais do suposto pai, por exemplo. A população do suposto pai é que deve

ser levada em conta e não a do *pedigree*, independentemente de ser nativo ou imigrante (por exemplo, se o suposto pai for italiano, deve-se utilizar um banco de dados da população italiana, e se possível de uma região da Itália mais específica a qual pertence, independentemente da nacionalidade dos demais parentes investigados). Ou seja, a hipótese  $H_d$  e as circunstâncias do caso de da paternidade em si é quem definirá a população, cabendo ao geneticista forense averiguar baseado em sua especialidade. E não é necessário fazer uma amostragem da população cada vez que vai fazer um teste de paternidade pois o EHW garante a durabilidade do banco de dado pelo menos por uma geração. Uma população em EHW para um certo marcador genético não tem influência significativa de algum evento relativo a forças evolutivas como fluxo gênico ou migração e efeito gargalo recente de grande intensidade que possam levar a variações significativas das frequências alélicas e genotípicas no modelo de EHW na geração seguinte.

### 7.3. *Laudo de teste com ausência do suposto pai*

É um erro apontar no laudo um nome à paternidade baseada em teste complexo (ausência do suposto pai). Teste como meia-irmandade ou aqueles nos quais investigados parentes diretos como os pais ou irmãos declarados do suposto pai, deve ter conclusão se referindo aos seus parentes e nunca aos ausentes do exame. A única evidência avaliada é a genética via perfis genéticos. Como não se tem perfis dos ausentes não é possível fazer conclusão se referindo a estes. Isto está subentendido no terceiro princípio de interpretação de evidências [3], na qual a interpretação científica deve ser condicionada não apenas pelas hipóteses, mas também pelas circunstâncias.

Levando em conta as circunstâncias do caso forense propriamente (declarações de grau de parentesco dos indivíduos investigados entre outras informações) assim como as do laboratório: equipamentos, sistema de marcadores genéticos, banco de dados, a conclusão final será a mesma em qualquer lugar do mundo.

### 7.4. *Exame de paternidade com a ausência da mãe*

Em testes de paternidade com ausência da mãe deve ter muito cuidado ao declarar sua conclusão, inclusive uma não exclusão. Por exemplo, em situações nas quais o suposto pai da criança é parente próximo da mãe e em testes de meia irmandade com possibilidade de suas mães serem a mesma pessoa. Nesta última situação a não exclusão pode ser devido à meia-irmandade materna e não à paterna. Por isso que, sempre que possível, incluir marcadores de linhagem mitocondrial (e adicionalmente pode-se utilizar marcadores de linhagem do cromossomo X em algumas situações específicas como em testes de

meia irmandade supracitado neste tópico. Mas nem sempre é possível alcançar um resultado conclusivo devido ao particular modo de herança do cromossomo X) em casos de paternidade com ausência da mãe (do inglês, *motherless case*), para possibilidade de uma conclusão com informação adicional de linhagem.

### 7.5. *Limitações dos marcadores genéticos*

Apesar dos marcadores codominantes microssatélites autossômicos serem o padrão ouro tanto para teste de identificação de paternidade como de identificação forense, eles têm limitações. Estes marcadores são limitados a investigar parentescos próximos (pais, filhos e irmãos) ou seja são informativos em heredogramas que abrangem poucas gerações [18,19]. Quando se deseja rastrear por linhagem materna ou paterna parentes abrangendo mais gerações estes marcadores são analisados em conjunto com marcadores de linhagem haploides, DNA mitocondrial e cromossomo Y, respectivamente. Tem como limitação também a impossibilidade de distinguir gêmeos univitelinos e na conclusão de disputa de paternidade de uma criança entre dois parentes próximos como pai e filho. Neste último é necessário teste de linhagem adicional com marcadores X-STR, por exemplo.

## 8. DISCUSSÃO

Os geneticistas forenses devem estar muito atentos ao testemunharem no tribunal ou ao montarem um laudo técnico, deixando muito bem claras as hipóteses consideradas - Suposto pai *versus* homem não relacionado, ou ainda Suposto pai *versus* parente do suposto pai, e assim por diante. Na conclusão deve-se destacar as condicionalidades das evidências assim como as circunstâncias do caso forense. Normalmente, diferentemente da identificação forense, o resultado é liberado na forma de probabilidade *a posteriori*, desde que as probabilidades *a priori* sejam citadas. Mas isso não pode nos deixar esquecer que ela está somente baseada nas evidências do DNA.

Ao apresentar o RMNE deve-se deixar claro que há um desperdício de informação em um teste de paternidade, já que para seu cálculo apenas os genótipos da mãe e da criança são necessários. Ela é um parâmetro populacional voltado a um caso de paternidade específico bastante importante para prever o número de não excluídos esperados em um banco de dados/população [15].

A falácia está muito mais tendenciosa na interpretação de um valor frequencista, como o RMNE, inclusive as falácias mais comuns, a do promotor e a do advogado) e também a atribuição de paternidade para uma única pessoa na população. Isto porque não incluem condicionalidade em seu modelo. Mas a falácia pode

acontecer a nível de RV (falácia do promotor) e probabilidade *a posteriori* (falácia do promotor e a do advogado). Apesar da apresentação da evidência DNA por probabilidade ter uma interpretação mais fácil em relação a RV, Boettcher (2002) [20] chega a citar que alguns tribunais recomendavam que a estatística de DNA fosse apresentadas na forma de índice de paternidade e não de probabilidade de paternidade, cuja interpretação desta é mais propensa a falácia, inclusive a do promotor e a do advogado (apesar de o autor ter se equivocado na definição do IP, o que foi percebido em [15]).

Apesar de desde a década de 80 ser um assunto discutido intensamente na área de identificação forense no âmbito criminal [4, 21, 22], há uma deficiência de trabalhos de falácia na paternidade. Os trabalhos apenas citam a possibilidade da falácia do promotor e do advogado se baseando em referências da área de criminalística [15, 20]. Em alguns artigos intitulados com a palavra falácia, esta tem um sentido diferente do que foi visto neste trabalho ao ser referida como a formulação do IP igual a uma RV [24-26]. Aickin (1984) [27] descreve falácias distintas das apresentadas aqui, as quais são mais aplicáveis com a metodologia de teste de paternidade da época, como sorologia e HLA, os quais têm um menor poder de exclusão e inclusão em relação ao sistema de marcadores autossômicos STRs que são utilizados hoje [28, 29].

## 9. CONCLUSÃO

As falácias do promotor e do advogado não apenas acontecem no âmbito criminal como também em casos de investigação de paternidade. As falácias do promotor e do advogado bem como outros raciocínios errados na interpretação de evidências forenses e falta de clareza nos laudos de paternidade podem trazer consequências de favorecimento da acusação ou defesa em casos forenses de paternidade assim como pode acontecer nos casos criminais envolvendo investigação de suspeito. Por isso é de suma importância tornar esse conhecimento acessível tanto para o geneticista forense como para os membros do tribunal.

O domínio de metodologias da estatística forense frequencista e Bayesiana, objetividade ao se referir aos investigados de investigação de paternidade e os conhecimentos relativos a limitações e escolhas de banco de dados e marcadores moleculares genéticos são ferramentas indispensáveis para o geneticista forense. Com o domínio delas é possível o geneticista forense detectar e lidar com as falácias do advogado e do promotor e outros erros de raciocínio na interpretação das evidências do tribunal e elaborar tanto laudos técnicos como declarações de forma mais objetiva.

A possível ocorrência da falácia no raciocínio dos membros do tribunal perante evidências forenses está

ligada à subjetividade humana. Logo, além de dominar conceitos, metodologias e limitações para a identificação e interpretação da evidência forense, é necessário ter a competência em detectá-la e utilizar uma comunicação mais compreensível pelo tribunal. Este artigo pode ser uma orientação estatística genética forense alternativa para o geneticista forense que deseja aprimorar sua competência em lidar com falácia de forma resolutiva em testemunho no tribunal, declarações e elaboração de laudo-técnico científico. Vale ressaltar que o controle e garantia de qualidade, tanto dos métodos estatísticos como de todos os métodos de etapas que antecedem [requisição do exame, coleta, obtenção dos perfis genéticos (extração, quantificação, detecção e nomeação dos alelos)] e vem após a estatística (elaboração e entrega do laudo) são indispensáveis para a credibilidade do trabalho do geneticista forense.

Espera-se que este trabalho alerte o geneticista forense da possibilidade de lacuna na comunicação com o tribunal e contribua na sua competência em lidar com esta situação adversa ao apresentar as evidências forenses.

## AGRADECIMENTOS

Gostaríamos de agradecer à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Nível Superior (CAPES-Brasil) pelo financiamento da bolsa de pós-doutorado dando assim oportunidade à dedicação na pesquisa acadêmica, inclusive ao avanço e fortalecimento da pesquisa teórica na área de genética forense, ainda muito escassa no Brasil. Também em especial a Revista Brasileira de Criminalística pela oportunidade de divulgar este trabalho e ao mesmo tempo também contribuir no avanço e fortalecimento da área de pesquisa teórica de genética forense no país.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] H.C. Lee; E.M. Pagliaro. Forensic Evidence and Crime Scene Investigation. *J Forensic Investigation* **1(1)**: 5 (2013).
- [2] T. Tvedebrink; J. Bright; J.S. Buckleton; J.M. Curran; N. Morling. The effect of wild card designations and rare alleles in forensic DNA database searches. *Forensic Science International: Genetics* **16**: 98–104 (2015).
- [3] I.W. Evett; B.S. WEIR. *Interpreting DNA evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists*, Sinauer Associates, United States of America (1998) cap. 2 e 9.
- [4] J. Buckleton; T. Clayton; C. Triggs. *Parentage Testing*, in: *Buckleton, J. S., Triggs, C. M., Walsh, S. J (eds.), Forensic DNA Evidence Interpretation*, CRC Press, United States of America (2005).

- [5] I.W. Evett; B.S. Weir. *Interpreting DNA evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists, Sunderland: Sinauer, United States of America* (1998) cap. 1.
- [6] E. Essen-Möller. Die Beweiskraft der Ähnlichkeit im Vaterschaftsnachweis. Theoretische Grundlagen, *Mitteilungen der Anthropologische Gesellschaft (Wien)* **68**: 9-53 (1938).
- [7] T. Egeland; B. Kulle; R. Andreassen. Essen-Möller and identification based on DNA, *Chance* **19** (2): 27-31 (2006).
- [8] D.W. Gjertson; C.H. Brenner; M.P. Baur; A. Carracedo; F. Guidet; J.A. Luque; R. Lessig; R. Mayr; V.L. Pascali; M. Prinz; P.M. Schneider; N. Morling. ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing. *Forensic Science International: Genetics* **1**(3): 223-231 (2007).
- [9] M.S. Schanfield. *Parentage Testing*, in: Siegel, J.; Saukko, P. (eds.), *Encyclopedia of Forensic Sciences*, Academic Press, London (2000).
- [10] W.K. Fung; Y.-Q. Hu. *DNA: Statistical Analysis*, in: Payne-James, J. & Byard, R. W. (eds.) *Encyclopedia of Forensic and Legal Medicine*, Elsevier: Second Edition, United States of America (2016).
- [11] M. Bodner; I. Bastisch; J.M. Butler; R. Fimmers; P. Gill; L. Gusmão; N. Morling; C. Phillips; M. Prinz; P.M. Schneider; W. Parson. Recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on quality control of autosomal Short Tandem Repeat allele frequency databasing (STRidER). *Forensic science international: Genetics* **24**: 97–102 (2016).
- [12] N. Rasool; W. Hussain. ForeStatistics: A windows-based feature-rich software program for performing statistics in Forensic DNA analysis, Paternity and relationship testing. *Forensic Science International* **307**: 110142 (2020).
- [13] J.C. Lee; L. Tsai; A. Linacre; H. Hsieh. Distribution of paternity index and random man not excluded values from a simulated parentage testing study. *Forensic Science Journal* **9**(1): 9-18 (2010).
- [14] W. K. FUNG; Y. CHUNG; D. WONG. Power of exclusion revisited: probability of excluding relatives of the true father from paternity. *International Journal of Legal Medicine* **116**(2): 64-67 (2002).
- [15] J. BUCKLETON; S. WASH. Comment on presentation of DNA data in cases of disputed paternity by Barry Boettcher. *Australian Journal of Forensic Sciences* **37**: 37-40 (2005).
- [16] B.S. Weir. *Box 7.1, Chapter 07, in: DNA evidence Forensic Interpretation. J. Buckleton, J. S., Triggs, C. M., Walsh, S. (eds.), CRC Press, United States of America* (2005) 220-221.
- [17] W. EVETT; B.S. WEIR. *Interpreting DNA evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists. Sinauer Associates, United States of America* (1998) cap.3.
- [18] M. Kayser. Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview. *Hum Genet* **136**: 621–635 (2017).
- [19] U.A. Perego; M. Bodner; A. Raveane; S.R. Woodward; F. Montinaro; W. Parson; A. Achilli. Resolving a 150-year-old paternity case in Mormon history using DTC autosomal DNA testing of distant relatives. *Forensic Science International: Genetics* **42**: 1-7 (2019).
- [20] B. Boettcher. Presentation Of Dna Data In Cases Of Disputed Paternity. *Australian Journal of Forensic Sciences* **31**: 89-90 (2002).
- [21] W.C. Thompson; E.L. Schumann. Interpretation of statistical evidence in criminal trials -The prosecutors fallacy and the defence attorneys fallacy. *Law and Human Behavior* **ZZ**: 167-187 (1987).
- [22] W. Evett; B.S. Weir. *Interpreting DNA evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists. Sinauer Associates, United States of America* (1998) cap. 9.
- [23] J.A. Buckleton. *Framework for Interpreting Evidence*, in: Buckleton, J. S.; Triggs, C. M., Walsh, S. J (eds.), *Forensic DNA Evidence Interpretation*, CRC Press, 2005.
- [24] C.C. Li; A. Chakravarti. Basic Fallacies in the Formulation of the Paternity Index. *Am J Hum Genet* **37**: 809-818 (1985).
- [25] C.C. Li; A. Chakravarti. Some Fallacious Thinking About The Paternity Index: A Reply To Dr. Jack Valentin S Comments. *Am. J. Hum. Genet.* **38**(4): 586-589 (1986).
- [26] J. Valentin. Some Fallacious Thinking About The Paternity Index. *Am. J. Hum. Genet.* **38**(4): 582-589 (1986).
- [27] M. Aickin. Some fallacies in the computation of paternity probabilities. *American journal of human genetics* **36**(4): 904–915 (1984).
- [28] J. Valentin. Exclusions and Attributions of Paternity: Practical Experiences of Forensic Genetics and Statistics. *Am J Hum Genet* **32**: 420 - 431 (1980).
- [29] Z. Grubic; K. Stingl; N. Martinez; B. Palfi; V. Brkljacic-Kerhin; A. Kastelan. STR and HLA analysis in paternity testing. *International Congress Series* **1261**: 535–537 (2004).