

MARCADORES GENÉTICOS E SALIVARES NA IDENTIFICAÇÃO HUMANA: AVANÇOS DA ODONTOLOGIA FORENSE EM CENÁRIOS DE DESASTRES

GENETIC AND SALIVARY MARKERS IN HUMAN IDENTIFICATION:
ADVANCES IN FORENSIC ODONTOLOGY IN DISASTER SCENARIOS

Ciências da Saúde • 06/10/2026

REGISTRO DOI: [10.70773/revistatopicos/791104401](https://doi.org/10.70773/revistatopicos/791104401)

Maximiano Guilherme Tenório Albuquerque¹

Gilson Tenório da Silva Filho²

Marcella Adrianny Vieira Lima³

Larissa Rafaella Ferreira Laet Cavalcanti⁴

Rayane Lins de Lima Melo⁵

Mirela Kelly Severina da Silva⁶

Libna Rodolfo Pessoa da Silva⁷

Vitor José dos Santos⁸

RESUMO

A Odontologia Legal e a genética forense desempenham papéis importantes na identificação humana, abrangendo desde cenários de desastres em massa (DVI) até a análise de vestígios em cenas de crime. As estruturas dentárias destacam-se pela resistência a diferentes formas de trauma, sendo relevantes na identificação de vítimas por meio da comparação de registros ante mortem e post mortem. Paralelamente, a saliva e as células epiteliais orais constituem fontes viáveis de DNA humano, inclusive quando recuperadas de superfícies inanimadas ou da pele. Embora a saliva possa apresentar menor rendimento de DNA e maior influência de contaminantes em comparação ao sangue, sua utilização permite a obtenção de perfis genéticos por meio da amplificação de marcadores de repetições curtas em tandem (STRs). Avanços recentes na genética forense também ampliaram as possibilidades de aplicação das matrizes orais por meio de abordagens epigenéticas e moleculares. A análise da metilação do DNA em sítios CpG específicos apresenta potencial para a estimativa da idade e a diferenciação de tecidos, enquanto marcadores de microRNA (miRNA), ferramentas de aprendizado de máquina e diferentes componentes da assinatura salivar vêm sendo investigados para a identificação da origem de fluidos biológicos e obtenção de informações adicionais a partir de vestígios. Assim, a saliva e outras matrizes orais apresentam potencial para complementar os métodos tradicionais de identificação humana e ampliar as informações disponíveis no contexto da investigação forense.

Palavras-chave: Odontologia Legal; Saliva; Genética Forense; Metilação do DNA.

ABSTRACT

Forensic Odontology and forensic genetics play important roles in

human identification, ranging from disaster victim identification (DVI) scenarios to the analysis of trace evidence at crime scenes. Dental structures are characterized by their resistance to different forms of trauma and remain relevant for victim identification through the comparison of ante mortem and post mortem records. Concurrently, saliva and oral epithelial cells represent viable sources of human DNA, including when recovered from inanimate surfaces or human skin. Although saliva may provide lower DNA yields and be more affected by contaminants than blood, its use allows the generation of genetic profiles through the amplification of short tandem repeat (STR) markers. Recent advances in forensic genetics have also expanded the potential applications of oral matrices through epigenetic and molecular approaches. DNA methylation analysis at specific CpG sites shows potential for age estimation and tissue differentiation, while microRNA (miRNA) markers, machine learning tools, and different components of the salivary signature have been investigated for the identification of biological fluid origin and the acquisition of additional information from biological traces. Therefore, saliva and other oral matrices have the potential to complement traditional human identification methods and expand the information available in forensic investigations.

Keywords: Forensic Odontology; Saliva; Forensic Genetics; DNA Methylation.

INTRODUÇÃO

A biologia forense e a Odontologia Legal desempenham papéis fundamentais no processo de identificação humana, especialmente em situações de desastres em massa ou quando os métodos tradicionais, como a dactiloscopia, encontram limitações em razão da decomposição ou da destruição dos tecidos (Pittayapat et al.,

2012). Em catástrofes de grandes proporções, a atuação pericial, orientada por protocolos internacionais e diferentes métodos de identificação, demonstra que a análise das estruturas orais continua sendo uma importante ferramenta para a individualização de vítimas (Prajapati et al., 2018; Pittayapat et al., 2012; Forrest, 2019). Nesse contexto, a cavidade bucal merece atenção não apenas pela resistência dos tecidos dentários, mas também pela presença de diferentes fontes de material biológico, entre elas a saliva e as células epiteliais esfoliadas da mucosa oral (Anzai-Kanto et al., 2005; Khare et al., 2014).

A saliva pode ser encontrada em diferentes superfícies e objetos que tiveram contato com a cavidade oral, como garrafas, copos e outros vestígios, além de poder estar presente diretamente sobre a pele em situações de agressão física, sexual ou de mordedura (Anzai-Kanto et al., 2005; Singh; Mulay, 2025). A recuperação desse material, mesmo quando presente em pequenas quantidades, possibilita a obtenção de DNA e sua posterior análise por técnicas de amplificação, incluindo a reação em cadeia da polimerase (PCR) e a análise de marcadores de repetição curta em tandem (Short Tandem Repeats – STRs) (Anzai-Kanto et al., 2005; Khare et al., 2014). Dessa forma, a saliva representa uma fonte acessível de material genético e pode contribuir para a identificação de vítimas, suspeitos e indivíduos desconhecidos em diferentes situações de interesse forense (Singh; Mulay, 2025).

Apesar dessas possibilidades, o uso de vestígios salivares também apresenta desafios. A qualidade do material genético pode ser afetada pelo tempo, pelas condições de armazenamento e pela exposição a fatores ambientais, além da presença de componentes da própria saliva e de microrganismos da microbiota oral (Khare et

al., 2014; Carvalho et al., 2010). Por esse motivo, a avaliação da qualidade do DNA obtido sob diferentes condições de armazenamento é importante para compreender a viabilidade das amostras e a eficiência de sua amplificação por PCR (Carvalho et al., 2010). Conhecer como esses fatores interferem na preservação do material biológico é essencial para aumentar a confiabilidade dos exames realizados no contexto da Odontologia Legal.

Paralelamente aos métodos tradicionais de análise genética, a genética forense vem incorporando marcadores moleculares e epigenéticos capazes de fornecer informações adicionais a partir das amostras orais (Ambroa-Conde et al., 2022; Liu et al., 2021). Entre essas abordagens, destaca-se a análise dos padrões de metilação do DNA em sítios CpG específicos, que tem sido utilizada no desenvolvimento de modelos para estimativa da idade cronológica a partir da saliva e de células bucais (Ambroa-Conde et al., 2022). Esses padrões de metilação também podem auxiliar na diferenciação da origem de determinados tecidos ou fluidos biológicos, o que pode ser útil quando diferentes materiais estão presentes em uma mesma amostra (Ambroa-Conde et al., 2022).

Outra possibilidade que vem sendo estudada é o emprego de microRNAs (miRNAs) na identificação da origem de fluidos corporais. Essas pequenas moléculas de RNA apresentam padrões de expressão associados a diferentes tecidos e fluidos, incluindo a saliva, e podem complementar a análise convencional do DNA em vestígios encontrados em cenas de interesse forense (Liu et al., 2021). Além disso, a investigação de diferentes componentes da saliva, incluindo biomarcadores genéticos, transcriptômicos e proteômicos, tem ampliado o interesse por essa matriz dentro da genética e da medicina legal (Singh; Mulay, 2025; Kapoor; Chowdhry, 2018).

Diante desse cenário, esta revisão narrativa tem como objetivo analisar o papel da saliva e das matrizes orais na identificação forense e na estimativa etária. Serão abordados aspectos relacionados à obtenção e à análise do DNA presente em vestígios salivares, sua preservação e as limitações associadas ao armazenamento, bem como a contribuição da Odontologia Legal para a identificação de vítimas em desastres em massa. Também serão discutidas abordagens mais recentes, incluindo marcadores epigenéticos, miRNAs e outros biomarcadores salivares, destacando suas aplicações, potencialidades e limitações no contexto da identificação humana.

METODOLOGIA

Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, de caráter descritivo e qualitativo, desenvolvida com o objetivo de reunir e discutir evidências científicas relacionadas à utilização da saliva, das células epiteliais orais e das estruturas odontológicas na identificação forense, no perfilamento genético e na estimativa etária. A busca bibliográfica foi realizada nas bases PubMed, MEDLINE, PubMed Central (PMC), ScienceDirect e Google Acadêmico, utilizando descritores e termos livres em língua inglesa combinados pelos operadores booleanos AND e OR, incluindo “saliva”, “forensic identification”, “DNA extraction”, “forensic odontology”, “disaster victim identification”, “epigenetic age estimation”, “miRNA markers” e “salivary signature”. Foram selecionados dez artigos pertinentes ao escopo da revisão, abrangendo aspectos relacionados à recuperação, qualidade e conservação do DNA salivar, à utilização da saliva como matriz de interesse forense, à atuação da Odontologia Legal na identificação de vítimas de desastres em massa, à estimativa de idade por meio de marcadores epigenéticos e à identificação da

origem de fluidos biológicos por marcadores moleculares. Foram excluídos estudos que abordavam a saliva exclusivamente sob perspectiva patológica, sem relação com aplicações forenses, bem como aqueles que não apresentavam informações suficientes ou relação direta com os objetivos da revisão. Após a seleção, os estudos foram analisados qualitativamente e organizados em quatro eixos temáticos: identificação de vítimas em desastres em massa; recuperação, qualidade e conservação do DNA salivar; aplicações biomoleculares da saliva na investigação forense; e utilização de marcadores epigenéticos, microRNAs e ferramentas computacionais para estimativa etária e identificação da origem de fluidos biológicos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Atuação da Odontologia Legal em Desastres em Massa (DVI)

Em desastres de grande proporção, a identificação das vítimas constitui uma etapa essencial da resposta pericial e depende da combinação de métodos capazes de produzir resultados confiáveis. Nessas situações, podem existir corpos completos, fragmentados ou submetidos a condições que dificultam o reconhecimento convencional. A Odontologia Legal assume papel relevante porque os dentes e outras estruturas orais apresentam relativa resistência à decomposição, ao calor e a diferentes formas de trauma. Por essa razão, os achados odontológicos podem permanecer disponíveis mesmo quando outros elementos utilizados na identificação estão comprometidos (Prajapati et al., 2018; Pittayapat et al., 2012; Forrest, 2019).

O processo de identificação odontológica baseia-se principalmente na comparação entre informações disponíveis antes da morte e os achados obtidos no exame post mortem. Registros clínicos, odontogramas, radiografias, fotografias, modelos e outros documentos podem fornecer características individualizadoras, como restaurações, ausências dentárias, tratamentos endodônticos, próteses e particularidades anatômicas. A qualidade desses registros é, portanto, diretamente relacionada à possibilidade de realizar uma comparação adequada. Quanto maior a quantidade e a qualidade das informações ante mortem, maior tende a ser a capacidade de estabelecer correspondência com os achados post mortem (Forrest, 2019).

A utilização de registros digitais e de recursos de imagem também tem ampliado as possibilidades de documentação e comparação. Sistemas digitais, radiografias e ferramentas de escaneamento podem facilitar o armazenamento e a recuperação de informações odontológicas, além de favorecer a comparação entre diferentes conjuntos de dados. Entretanto, a tecnologia não elimina a necessidade de avaliação pericial criteriosa, pois a interpretação dos achados continua dependente da qualidade dos registros e da experiência dos profissionais envolvidos (Forrest, 2019).

A identificação em desastres deve, portanto, ser compreendida como um processo multidisciplinar. A Odontologia Legal pode atuar conjuntamente com a papiloscopia, a genética forense e outras áreas, permitindo que diferentes evidências sejam confrontadas. Essa integração é particularmente importante quando um único método apresenta limitações. Assim, mesmo com o avanço das técnicas moleculares, a identificação odontológica permanece relevante, sobretudo em situações nas quais as estruturas dentárias

e os registros disponíveis oferecem informações individualizadoras (Prajapati et al., 2018; Pittayapat et al., 2012).

Recuperação, Armazenamento e Qualidade do DNA Salivar

Entre os vestígios biológicos de interesse forense, a saliva apresenta particular relevância pela possibilidade de conter células epiteliais provenientes da mucosa oral. O material pode ser encontrado em objetos que tiveram contato com a boca, como copos e garrafas, e também em superfícies corporais. Essa característica faz com que a saliva possa constituir um vestígio útil em diferentes situações investigativas, inclusive quando não há uma amostra biológica evidente a olho nu (Anzai-Kanto et al., 2005; Singh; Mulay, 2025).

A recuperação de saliva depositada sobre a pele demonstra uma das possibilidades de aplicação desse material. Anzai-Kanto et al. (2005) avaliaram a recuperação de DNA de saliva depositada sobre a pele humana utilizando a técnica do duplo swab. As amostras foram submetidas à extração de DNA e à análise de 15 marcadores STR. Embora a quantidade de DNA recuperada da pele tenha sido inferior à obtida diretamente da saliva, foi possível realizar a tipagem genética em quatro das cinco amostras analisadas, demonstrando a viabilidade da utilização desse tipo de vestígio em procedimentos de identificação forense.

Após a coleta, o DNA presente no material salivar pode ser submetido a técnicas de amplificação, incluindo a reação em cadeia da polimerase (PCR), seguida da análise de marcadores de repetições curtas em tandem (STRs). Esses marcadores são utilizados para a individualização genética e permitem comparar o perfil obtido a partir do vestígio com perfis de referência. Dessa

maneira, mesmo uma quantidade relativamente pequena de material biológico pode apresentar utilidade pericial quando o DNA recuperado possui qualidade suficiente para a análise (Anzai-Kanto et al., 2005; Khare et al., 2014).

Entretanto, quantidade e qualidade do DNA não são necessariamente equivalentes. Ao comparar amostras de sangue total e saliva, Khare et al. (2014) observaram concentração média de $142,5 \pm 44,41 \mu\text{g/ml}$ nas amostras sanguíneas e de $48,4 \pm 8,48 \mu\text{g/ml}$ nas amostras salivares. Apesar do menor rendimento da saliva, o material recuperado foi suficiente para a realização das análises propostas. O resultado demonstra que o potencial forense de uma amostra não deve ser avaliado apenas pela quantidade de DNA obtida, mas também pela possibilidade de produzir um perfil genético utilizável.

A qualidade do DNA salivar, contudo, pode ser afetada pela composição da própria matriz. Khare et al. (2014) observaram que todas as amostras sanguíneas avaliadas apresentaram valores de pureza considerados adequados, enquanto somente 45% das amostras de saliva apresentaram razão OD260/OD280 entre 1,6 e 2,0. Componentes como mucina podem interferir nesse processo. Ainda assim, a amplificação do marcador STR F13 foi obtida em 75% das amostras salivares, e os perfis amplificados apresentaram correspondência com os respectivos perfis sanguíneos dos indivíduos avaliados (Khare et al., 2014).

Outro fator importante é a conservação do vestígio. Depois de depositada em uma superfície, a saliva fica sujeita às condições ambientais e ao período transcorrido até sua coleta. Temperatura, umidade, exposição e condições de armazenamento podem

interferir na preservação do material biológico. A avaliação da qualidade do DNA obtido de saliva armazenada demonstra a importância de procedimentos adequados de conservação para manter a viabilidade da amostra e favorecer sua posterior utilização na identificação (Carvalho et al., 2010).

Dessa forma, a coleta e o acondicionamento constituem etapas tão importantes quanto a etapa laboratorial. Um vestígio inicialmente promissor pode apresentar menor utilidade se houver degradação ou contaminação durante sua manipulação. Na prática forense, a adoção de procedimentos padronizados pode reduzir perdas e aumentar a possibilidade de obtenção de resultados satisfatórios. A saliva, portanto, apresenta vantagens relacionadas à acessibilidade, mas exige atenção às condições de recuperação e preservação (Anzai-Kanto et al., 2005; Carvalho et al., 2010).

Diagnóstico Biomolecular e Assinatura Salivar na Investigação Criminal

O potencial forense da saliva não se limita à obtenção de um perfil genético por meio de STRs. A literatura também apresenta a saliva como uma matriz biológica complexa, composta por diferentes moléculas que podem ser investigadas para além do DNA convencional. A chamada assinatura salivar envolve a análise de componentes relacionados a diferentes áreas, incluindo genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica. Essa diversidade amplia o interesse pela saliva como fonte de informações complementares em investigações forenses (Kapoor; Chowdry, 2018; Singh; Mulay, 2025).

A possibilidade de analisar diferentes componentes da saliva é relevante porque um vestígio pode apresentar informações além da identidade genética de seu doador. Dependendo da abordagem utilizada, biomarcadores podem contribuir para caracterizar a origem do material ou fornecer informações adicionais sobre sua composição. Dessa maneira, a análise da saliva pode ser compreendida como uma estratégia complementar ao perfil genético, especialmente quando o objetivo é interpretar de forma mais ampla o vestígio encontrado em uma cena de interesse criminal (Kapoor; Chowdry, 2018; Singh; Mulay, 2025).

Em uma situação envolvendo um copo, por exemplo, o material salivar presente na superfície pode ser utilizado para obtenção de DNA e, simultaneamente, ser investigado por abordagens destinadas à caracterização de outros componentes. O valor dessa possibilidade está justamente na capacidade de extrair diferentes informações de uma mesma matriz. Entretanto, a presença de determinado biomarcador não deve ser interpretada de maneira isolada, pois a composição da saliva pode variar e os resultados precisam ser avaliados de acordo com o método empregado.

A literatura sobre assinatura salivar também evidencia que a ampliação das informações disponíveis depende do desenvolvimento e da validação de diferentes métodos analíticos. A utilização de múltiplos marcadores pode aumentar a capacidade de caracterização de uma amostra, mas também introduz desafios relacionados à padronização, à interpretação dos resultados e à necessidade de estabelecer parâmetros confiáveis para aplicação pericial (Kapoor; Chowdry, 2018).

Inovações Moleculares: Epigenética, miRNAs e Aprendizado de Máquina

Além da análise convencional do DNA, os estudos selecionados mostram crescimento do interesse por marcadores epigenéticos aplicados às amostras orais. A metilação do DNA em determinados sítios CpG apresenta relação com características biológicas que podem ser exploradas em aplicações forenses, especialmente na estimativa da idade e na diferenciação da origem de determinados tecidos ou componentes biológicos (Ambroa-Conde et al., 2022).

Na estimativa etária, modelos baseados na metilação de genes como ELOVL2, LHFPL4 e PDE4C apresentaram resultados promissores. Ambroa-Conde et al. (2022) avaliaram amostras de saliva e células bucais e observaram erro absoluto médio de aproximadamente 3,54 a 3,66 anos nos modelos estudados. Esses resultados indicam que a análise epigenética pode fornecer uma estimativa da idade cronológica a partir de material oral, constituindo uma informação adicional em situações nas quais a identidade do indivíduo ainda não foi estabelecida.

A estimativa etária apresenta relevância particular quando não existem registros confiáveis ou quando o vestígio é encontrado sem associação imediata a uma pessoa conhecida. Nesses casos, uma faixa etária estimada pode contribuir para direcionar a investigação e auxiliar na seleção de hipóteses de identificação. Entretanto, o resultado deve ser interpretado como estimativa e não como substituto dos métodos de identificação individual. A aplicação pericial exige consideração do erro associado ao modelo e das características da população na qual o método foi desenvolvido ou validado (Ambroa-Conde et al., 2022).

A metilação também pode apresentar utilidade para diferenciação de tecidos. No estudo de Ambroa-Conde et al. (2022), marcadores associados a genes como HUNK e RUNX1 foram avaliados nessa perspectiva, com taxas de classificação superiores a 83%. A possibilidade de diferenciar componentes biológicos pode ser particularmente útil quando uma amostra apresenta composição complexa ou quando é necessário determinar com maior precisão a origem do material encontrado.

Outra linha de investigação envolve os microRNAs (miRNAs), pequenas moléculas de RNA que apresentam padrões de expressão associados a diferentes fluidos corporais. A análise sistemática desses marcadores demonstra que conjuntos de miRNAs podem ser empregados em modelos destinados à identificação da origem de fluidos biológicos. Quando combinados com algoritmos de classificação, esses marcadores podem auxiliar na diferenciação de saliva em relação a outros fluidos e ampliar as informações obtidas a partir de vestígios biológicos (Liu et al., 2021).

A utilização de algoritmos de aprendizado de máquina acrescenta uma dimensão computacional à análise. Em vez de avaliar cada marcador isoladamente, modelos de classificação podem considerar simultaneamente diferentes padrões e identificar combinações associadas a determinados tipos de fluido. Essa estratégia pode ser particularmente útil diante de conjuntos de dados complexos. Seu emprego, contudo, depende de conjuntos de dados adequados, critérios de validação e avaliação de desempenho em amostras independentes (Liu et al., 2021).

A combinação entre marcadores moleculares e ferramentas computacionais representa, portanto, uma das perspectivas de

expansão da genética forense. Em conjunto com a análise de STRs, os marcadores epigenéticos e os miRNAs podem fornecer informações complementares, como estimativa de idade e identificação da origem de fluidos. Essa integração não significa substituir os métodos tradicionais, mas ampliar a quantidade de informações que podem ser obtidas de um vestígio, especialmente quando a quantidade de material disponível é limitada.

Limitações e Perspectivas Futuras

Apesar dos avanços observados, a utilização de matrizes orais na identificação humana ainda apresenta limitações. No caso da saliva, quantidade de material, presença de células epiteliais, contaminação, degradação e condições ambientais podem interferir na recuperação e na qualidade do DNA. Diferentes condições de armazenamento também podem influenciar a estabilidade do material genético, tornando a padronização da coleta, do acondicionamento e do processamento fundamental para resultados confiáveis (Carvalho et al., 2010; Khare et al., 2014).

As abordagens mais recentes também exigem validação antes de sua incorporação ampla à rotina pericial. Modelos de metilação para estimativa da idade e sistemas baseados em miRNAs podem apresentar desempenho diferente conforme a população, o tipo de amostra e as condições experimentais. Por isso, resultados promissores obtidos em estudos controlados devem ser interpretados com cautela quando aplicados a vestígios reais e complexos (Ambroa-Conde et al., 2022; Liu et al., 2021).

Nesse contexto, a integração entre diferentes técnicas representa uma perspectiva importante para o desenvolvimento da

identificação humana. A associação entre características odontológicas, análise convencional de DNA, marcadores epigenéticos e miRNAs pode permitir a obtenção de informações complementares a partir de uma mesma evidência biológica. Em situações de desastre, nas quais os vestígios podem apresentar diferentes graus de preservação e quantidade limitada de material, essa abordagem integrada pode contribuir para aumentar a eficiência e a segurança da identificação (Forrest, 2019; Pittayapat et al., 2012).

De forma geral, as evidências reunidas indicam que a Odontologia Forense tende a se beneficiar da aproximação com a genética e as ciências biomoleculares. A saliva apresenta potencial para fornecer DNA e outros marcadores, enquanto as estruturas dentárias permanecem fundamentais nos processos de identificação de vítimas. A consolidação das novas metodologias dependerá, entretanto, da padronização, da validação científica, do controle de qualidade e da definição de parâmetros que permitam interpretar seus resultados de maneira segura no contexto forense.

Complementaridade entre Identificação Odontológica e Genética Forense

A identificação humana em contexto forense deve ser compreendida como um processo baseado na convergência de evidências. A análise odontológica e a análise genética apresentam fundamentos e tipos de informação distintos, mas podem responder conjuntamente às dificuldades encontradas em situações de grande complexidade.

Enquanto a Odontologia Legal explora características anatômicas e tratamentos registrados durante a vida, a genética forense permite estabelecer correspondências por meio de características moleculares. Essa complementaridade torna-se particularmente relevante em desastres, nos quais o estado dos corpos e a disponibilidade de informações podem variar consideravelmente.

A identificação odontológica apresenta como uma de suas principais vantagens a possibilidade de utilização de informações produzidas durante o atendimento clínico cotidiano. Restaurações, extrações, próteses, tratamentos endodônticos e alterações anatômicas podem permanecer registradas em prontuários e exames de imagem. Quando esses dados são comparados aos achados post mortem, podem contribuir para uma identificação individual. A existência de documentação anterior ao óbito é, portanto, um componente importante para o aproveitamento do método odontológico (Forrest, 2019).

Por outro lado, a ausência de registros ante mortem pode reduzir a capacidade de comparação. Essa situação evidencia a importância da manutenção adequada dos prontuários odontológicos, não apenas para fins clínicos, mas também pelo seu possível valor em procedimentos de identificação humana. Registros incompletos, ilegíveis ou sem documentação radiográfica podem limitar a quantidade de informações disponíveis para o confronto. Assim, a qualidade da documentação odontológica possui repercussões que ultrapassam o atendimento clínico e podem assumir relevância médico-legal.

Em grandes desastres, outro fator que pode comprometer a identificação é a fragmentação ou alteração das estruturas corporais.

Nessas circunstâncias, a resistência relativa dos tecidos dentários pode representar uma vantagem operacional. A análise odontológica pode ser realizada mesmo quando outras estruturas utilizadas na identificação apresentam maior deterioração. A literatura sobre DVI destaca justamente a necessidade de organizar diferentes métodos de identificação de acordo com as condições encontradas em cada ocorrência (Pittayapat et al., 2012; Prajapati et al., 2018).

A genética forense acrescenta outra possibilidade de confirmação. Quando um vestígio biológico adequado é recuperado, seu perfil genético pode ser comparado a amostras de referência ou a outros materiais associados ao indivíduo. A saliva apresenta interesse nesse contexto porque pode permanecer em objetos e superfícies após o contato com a cavidade oral. A recuperação de DNA salivar, portanto, pode complementar a identificação odontológica quando existe material biológico disponível (Anzai-Kanto et al., 2005; Khare et al., 2014).

Essa complementaridade também ajuda a compreender por que nenhum método deve ser considerado universalmente superior. A escolha da estratégia depende da natureza do vestígio, do estado de conservação dos restos mortais, da existência de registros anteriores e da disponibilidade de amostras de referência. A utilização conjunta de diferentes evidências pode aumentar a robustez da conclusão pericial, desde que cada resultado seja interpretado dentro de suas limitações metodológicas (Forrest, 2019).

Aspectos Periciais da Coleta e Preservação de Vestígios Salivares

A utilidade da saliva como fonte de material genético começa antes da análise laboratorial, na etapa de reconhecimento e coleta do vestígio. A identificação de superfícies potencialmente contaminadas por saliva exige atenção às circunstâncias da ocorrência, uma vez que o material pode estar presente em objetos de uso cotidiano ou diretamente sobre a pele. A coleta adequada deve buscar preservar as células disponíveis e minimizar a introdução de material externo que possa comprometer a interpretação posterior.

O estudo de Anzai-Kanto et al. (2005) é particularmente relevante por demonstrar a possibilidade de recuperar DNA de saliva depositada sobre a pele humana. A utilização do duplo swab permitiu recuperar o material e submetê-lo à análise genética. O fato de quatro das cinco amostras terem produzido tipagem genética demonstra que mesmo vestígios depositados sobre uma superfície biológica podem apresentar valor para investigação, embora o rendimento não seja necessariamente equivalente ao de uma amostra salivar obtida diretamente.

A diferença entre quantidade recuperada e qualidade analítica é fundamental para a interpretação de vestígios. Uma amostra pode apresentar quantidade reduzida de DNA e, ainda assim, gerar informação genética suficiente para a análise. Da mesma forma, uma quantidade aparentemente maior não garante necessariamente um resultado satisfatório se houver degradação ou interferência de componentes da matriz. Os resultados de Khare et al. (2014) ilustram essa relação ao demonstrar menor concentração média de DNA na saliva em comparação ao sangue, mas possibilidade de utilização do material nas análises realizadas.

A composição salivar também deve ser considerada. A saliva contém substâncias que podem interferir em etapas de extração e avaliação da pureza do DNA. No estudo de Khare et al. (2014), uma proporção menor das amostras salivares apresentou a faixa de pureza considerada adequada quando comparada às amostras sanguíneas. Ainda assim, parte significativa das amostras permitiu amplificação de marcador STR, evidenciando que parâmetros de pureza devem ser interpretados conjuntamente com o desempenho efetivo da amostra nas etapas subsequentes.

A conservação representa outra variável crítica. Entre a deposição e o processamento laboratorial pode existir um intervalo de tempo durante o qual o vestígio fica exposto a diferentes condições. A preservação inadequada pode favorecer alterações que diminuem a quantidade de DNA recuperável ou comprometem sua qualidade. A avaliação de DNA proveniente de saliva armazenada reforça a importância de condições de conservação adequadas para manter a aplicabilidade do material na identificação forense (Carvalho et al., 2010).

Do ponto de vista pericial, esses fatores demonstram que a interpretação de um resultado negativo deve ser realizada com cautela. A ausência de um perfil genético utilizável não significa necessariamente ausência de contato com saliva. O resultado pode estar relacionado à quantidade de células recuperadas, ao estado de conservação ou à presença de substâncias que dificultaram a análise. Por isso, a avaliação do vestígio deve considerar todo o percurso entre a coleta e o processamento laboratorial.

Da Individualização Genética à Caracterização do Vestígio

Os marcadores STR permanecem importantes porque permitem a obtenção de perfis destinados à individualização genética. Entretanto, a investigação forense contemporânea busca responder não apenas à pergunta sobre quem deixou determinado material, mas também a questões relacionadas à natureza e à origem do vestígio. Essa mudança amplia o interesse por biomarcadores capazes de acrescentar informações ao perfil genético convencional.

A saliva apresenta características que favorecem essa expansão. Por ser uma matriz biologicamente complexa, pode conter DNA, RNA, proteínas e outros componentes passíveis de investigação. Revisões sobre assinatura salivar destacam justamente a possibilidade de utilizar diferentes classes de biomoléculas para obter informações complementares. Dessa maneira, a saliva deixa de ser considerada exclusivamente uma fonte de DNA e passa a ser investigada como uma matriz informacional mais ampla (Kapoor; Chowdry, 2018; Singh; Mulay, 2025).

Essa perspectiva é importante porque a identificação de um indivíduo pode ser apenas uma das etapas da investigação. Em determinadas situações, também pode ser necessário estabelecer a natureza do material encontrado ou diferenciar sua origem biológica. Marcadores moleculares podem contribuir para essa caracterização, reduzindo a dependência de características macroscópicas ou de uma única classe de evidência. A utilização combinada de diferentes marcadores pode, portanto, aumentar a capacidade de interpretação do contexto em que um vestígio foi produzido.

Os avanços descritos para miRNAs exemplificam essa mudança. Esses pequenos RNAs apresentam padrões de expressão que

podem variar entre fluidos corporais. A utilização de conjuntos de miRNAs, associada a métodos de classificação, permite explorar essas diferenças de maneira sistemática. A revisão de Liu et al. (2021) mostra que a identificação de fluidos por miRNAs pode ser integrada a abordagens computacionais, criando modelos capazes de analisar simultaneamente múltiplas características moleculares.

Entretanto, quanto maior o número de variáveis analisadas, maior também pode ser a complexidade da interpretação. Modelos computacionais podem identificar padrões que não são evidentes quando os marcadores são examinados individualmente, mas precisam ser treinados e avaliados de maneira adequada. O desempenho de um algoritmo em um conjunto de dados não garante automaticamente o mesmo desempenho em uma população ou conjunto de amostras diferente. Por isso, validação independente e avaliação de desempenho são componentes essenciais para qualquer aplicação pericial.

Relevância da Estimativa de Idade em Contextos de Identificação

A estimativa da idade constitui uma aplicação particularmente interessante dos marcadores epigenéticos porque pode fornecer uma característica fenotípica aproximada a partir de uma amostra biológica. Em situações nas quais não há informações suficientes para estabelecer imediatamente a identidade de uma pessoa, uma estimativa etária pode auxiliar na construção de hipóteses investigativas. A análise de metilação em sítios específicos permite explorar alterações associadas à idade cronológica e desenvolver modelos preditivos aplicáveis a amostras orais (Ambroa-Conde et al., 2022).

Os resultados de Ambroa-Conde et al. (2022) demonstram a viabilidade dessa abordagem em saliva e células bucais. Os modelos avaliados apresentaram erros absolutos médios próximos de três anos e meio, indicando potencial para produzir estimativas relativamente próximas da idade cronológica. Ainda assim, o valor pericial de uma estimativa deve ser compreendido dentro do intervalo de erro do método. Uma estimativa de idade não equivale a uma identificação individual e deve ser utilizada como informação complementar.

A escolha de marcadores também influencia o desempenho dos modelos. Genes como ELOVL2, LHFPL4 e PDE4C foram utilizados no desenvolvimento das estimativas estudadas. A existência de diferentes marcadores relacionados à idade permite construir modelos que considerem mais de uma região do genoma, potencialmente aumentando a estabilidade da estimativa. Entretanto, a utilização de múltiplos marcadores não elimina a necessidade de verificar o desempenho do modelo em diferentes conjuntos populacionais e condições de análise.

Além da idade, os padrões de metilação podem contribuir para diferenciar determinados componentes biológicos. A avaliação de HUNK e RUNX1 no estudo de Ambroa-Conde et al. (2022) apresentou taxas de classificação superiores a 83%. Essa aplicação demonstra que a epigenética pode fornecer informações sobre o tipo de material presente no vestígio, além de sua possível utilização para estimativa etária.

A associação entre essas duas possibilidades — estimativa de idade e diferenciação de tecidos — aumenta o interesse da epigenética para situações em que o material encontrado é limitado. Um mesmo

vestígio pode, dependendo da metodologia, oferecer informações diferentes que auxiliem a investigação. Essa capacidade de obter múltiplas características a partir de uma pequena quantidade de material constitui uma das principais perspectivas de desenvolvimento da genética forense aplicada às matrizes orais.

Integração das Evidências e Perspectivas para a Odontologia Forense

Considerando os resultados dos estudos analisados, a tendência de desenvolvimento da área aponta para uma integração progressiva entre métodos odontológicos, genéticos e biomoleculares. A identificação de vítimas em desastres continua dependendo de métodos tradicionais consolidados, mas a disponibilidade de técnicas moleculares permite ampliar as possibilidades quando os registros odontológicos são insuficientes ou quando vestígios biológicos adicionais estão disponíveis (Prajapati et al., 2018; Forrest, 2019).

A integração também pode ocorrer dentro de uma mesma amostra. A saliva pode fornecer DNA para análise de STRs, enquanto outros componentes podem ser explorados para caracterização do fluido, estimativa etária ou investigação de padrões moleculares. Essa abordagem amplia o aproveitamento do vestígio e pode ser especialmente útil em cenários nos quais a quantidade de material é pequena. Contudo, cada informação deve ser produzida por metodologia validada e interpretada de maneira independente antes de sua integração à conclusão pericial.

No contexto de desastres, essa estratégia integrada pode ser particularmente importante. Restos mortais podem apresentar

diferentes níveis de preservação e nem sempre existirão registros ante morte suficientes. A associação de achados odontológicos com perfis genéticos e outras informações biomoleculares pode oferecer caminhos adicionais para a identificação. A experiência acumulada em DVI demonstra que a organização dos métodos e a comparação sistemática das informações são fundamentais para produzir resultados confiáveis (Pittayapat et al., 2012; Forrest, 2019).

Apesar do potencial, a incorporação de tecnologias emergentes à rotina pericial deve ocorrer de forma gradual e baseada em evidências. É necessário estabelecer protocolos de coleta, processamento e interpretação, além de avaliar sensibilidade, especificidade, reprodutibilidade e desempenho em diferentes condições. No caso de modelos computacionais e marcadores moleculares, a validação em amostras independentes é especialmente importante para reduzir o risco de resultados superestimados.

Assim, o futuro da Odontologia Forense não está necessariamente na substituição dos métodos tradicionais por tecnologias moleculares, mas na construção de estratégias integradas. A documentação odontológica continuará fornecendo informações individualizadoras; a saliva poderá fornecer DNA e outros biomarcadores; e ferramentas epigenéticas e computacionais poderão acrescentar características como idade estimada e origem do fluido. A combinação dessas evidências, quando sustentada por métodos validados, tende a ampliar a capacidade de investigação e identificação humana.

CONCLUSÃO

A análise integrada da literatura demonstra que a cavidade oral e a saliva apresentam importante potencial de aplicação na Odontologia Legal e na genética forense. Em cenários de desastres em massa, a resistência das estruturas dentárias e a qualidade dos registros odontológicos permanecem fundamentais para a identificação de vítimas, especialmente quando outros métodos encontram limitações.

No âmbito das evidências biológicas, a saliva e as células epiteliais bucais constituem fontes viáveis de DNA humano, inclusive quando recuperadas de superfícies inanimadas ou da pele. Embora a matriz salivar possa apresentar menor rendimento de DNA e maior influência de contaminantes em comparação ao sangue, sua utilização permite a obtenção de perfis genéticos por meio de marcadores STR, desde que sejam adotados procedimentos adequados de coleta, armazenamento e preservação das amostras.

Além disso, o desenvolvimento de abordagens baseadas em epigenética, microRNAs e ferramentas computacionais amplia as possibilidades de utilização da saliva na investigação forense. Marcadores de metilação do DNA podem contribuir para a estimativa da idade e para a diferenciação de tecidos, enquanto os miRNAs e outros componentes da assinatura salivar apresentam potencial para auxiliar na identificação da origem de fluidos biológicos. Apesar dos resultados promissores, essas metodologias ainda dependem de maior validação, padronização e avaliação em diferentes condições e populações. Assim, a saliva deve ser compreendida como uma matriz complementar às técnicas tradicionais de identificação humana, com potencial para ampliar a quantidade e a qualidade das informações obtidas a partir de vestígios biológicos no contexto forense.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMBROA-CONDE, A. et al. Epigenetic age estimation in saliva and in buccal cells. **Forensic Science International: Genetics**, v. 61, p. 102770, 2022.

ANZAI-KANTO, E. et al. DNA extraction from human saliva deposited on skin and its use in forensic identification procedures. **Brazilian Oral Research**, v. 19, n. 3, p. 216-222, 2005.

CARVALHO, S. P. M. et al. Quality evaluation of DNA obtained from stored human saliva and its applicability to identification in Forensic Dentistry. **Revista Odonto Ciência**, v. 25, n. 1, p. 48-53, 2010.

FORREST, A. Forensic odontology in DVI: current practice and recent advances. **Forensic Science Research**, v. 4, n. 4, p. 316-330, 2019.

KAPOOR, P.; CHOWDRY, A. Salivary signature in forensic profiling: A scoping review. **Journal of Forensic Dental Sciences**, v. 10, n. 3, p. 123-127, 2018.

KHARE, P. et al. Quantitative and qualitative assessment of DNA extracted from saliva for its use in forensic identification. **Journal of Forensic Dental Sciences**, v. 6, n. 2, p. 81-85, 2014.

LIU, Y. et al. A systematic analysis of miRNA markers and classification algorithms for forensic body fluid identification. **Briefings in Bioinformatics**, v. 22, n. 4, p. bbaa324, 2021.

PITTAYAPAT, P. et al. Forensic odontology in the disaster victim identification process. **The Journal of Forensic Odonto-Stomatology**, v. 30, n. 1, p. 1-12, 2012.

PRAJAPATI, G. et al. Role of forensic odontology in the identification of victims of major mass disasters across the world: A systematic review. **PLOS ONE**, v. 13, n. 6, e0199791, 2018.

SINGH, G.; MULAY, A. A. Saliva as a diagnostic tool in criminal investigation: A scoping review. IP **International Journal of Forensic Medicine and Toxicological Sciences**, v. 10, n. 2, p. 41-43, 2025.

¹ Bacharelado em Odontologia pelo Centro Universitário Estácio do Recife (UNESA)

² Bacharelado em Odontologia pelo Centro Universitário Estácio do Recife (UNESA)

³ Bacharelado em Odontologia pelo Centro Universitário Estácio do Recife (UNESA)

⁴ Bacharelado em Odontologia pelo Centro Universitário Estácio do Recife (UNESA)

⁵ Bacharelado em Odontologia pelo Centro Universitário Estácio do Recife (UNESA)

⁶ Bacharelado em Odontologia pela Universidade Federal de Pernambuco (UFPE)

⁷ Graduanda em Odontologia pelo Centro Universitário Estácio do Recife (UNESA)

⁸ Bacharelado em Odontologia pelo Centro Universitário Estácio do Recife (UNESA)

