

**MICROBIOLOGIA MOLECULAR DE FUNGOS E VÍRUS NAS
CIÊNCIAS FORENSES: APLICAÇÕES NA DETERMINAÇÃO DA
CAUSA DA MORTE, ESTIMATIVA DO INTERVALO POST-MORTEM
E RASTREAMENTO DE BIOCRIMES**

**MOLECULAR MICROBIOLOGY OF FUNGI AND VIRUSES IN FORENSIC
SCIENCE: APPLICATIONS IN DETERMINING THE CAUSE OF DEATH,
ESTIMATING THE POST-MORTEM INTERVAL, AND INVESTIGATING
BIOCRIMES**

**MICROBIOLOGÍA MOLECULAR DE HONGOS Y VIRUS EN LAS CIENCIAS
FORENSES: APLICACIONES EN LA DETERMINACIÓN DE LA CAUSA DE LA
MUERTE, LA ESTIMACIÓN DEL INTERVALO POST MORTEM Y LA
INVESTIGACIÓN DE DELITOS BIOLÓGICOS**

Rubiane Gomes de Barros¹, Mariana Barros Deuner², Andréa Ramos Rocha³

DOI: 10.54899/dcs.v23i93.6622

Recibido: 10/07/2026 | **Aceptado:** 31/07/2026 | **Publicación en línea:** 13/08/2026.

RESUMO

A microbiologia molecular tem ampliado as possibilidades de investigação nas ciências forenses ao permitir uma caracterização mais detalhada dos microrganismos envolvidos na decomposição cadavérica. Entre esses microrganismos, fungos e vírus vêm sendo investigados como potenciais biomarcadores para estimativa do intervalo post-mortem (IPM), determinação da causa da morte, identificação humana e investigação de biocrimes. Este estudo teve como objetivo reunir e analisar criticamente as evidências disponíveis sobre essas aplicações por meio de uma revisão integrativa da literatura. Foram incluídos artigos científicos originais publicados entre 2019 e 2025, recuperados nas bases PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect e Google Scholar, totalizando dez estudos após a aplicação dos critérios de elegibilidade. As pesquisas voltadas à micologia forense concentraram-se na sucessão das comunidades fúngicas durante a decomposição, indicando associação entre as mudanças observadas na microbiota e a estimativa do IPM. Os estudos sobre virologia forense abordaram principalmente o emprego de técnicas moleculares para o diagnóstico de infecções relacionadas ao óbito, a caracterização do viroma humano e suas possíveis aplicações na identificação individual. Apesar do avanço proporcionado pelas metodologias moleculares, diferenças entre os delineamentos experimentais, as técnicas empregadas e os cenários investigados ainda dificultam a comparação direta dos resultados e limitam sua incorporação à rotina pericial. Em conjunto, os estudos analisados indicam que a microbiologia molecular amplia o conjunto de ferramentas disponíveis para a investigação

¹ Graduanda em Biomedicina, Faculdade Anhanguera de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.
E-mail: rubianegomesbarros@gmail.com

² Graduanda em Biotecnologia, Faculdade Anhanguera de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.
E-mail: marianabarros135@gmail.com

³ Doutora em Biomedicina, Faculdade Anhanguera de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.
E-mail: andrea.rocha@anhanguera.com

médico-legal, embora sua aplicação dependa de protocolos mais padronizados e da validação dos biomarcadores em condições compatíveis com a prática forense.

Palavras-chave: Biologia Molecular. Microbiologia Forense. Micologia Forense. Virologia Forense. Intervalo Post-Mortem.

ABSTRACT

Molecular microbiology has expanded the scope of forensic science research by enabling a more detailed characterization of the microorganisms involved in cadaver decomposition. Among these microorganisms, fungi and viruses have been investigated as potential biomarkers for estimating the postmortem interval (PMI), determining the cause of death, human identification, and investigating biocrimes. The objective of this study was to compile and critically analyze the available evidence on these applications through an integrative literature review. Original scientific articles published between 2019 and 2025 were included, retrieved from the PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect, and Google Scholar databases, totaling ten studies after applying the eligibility criteria. Research focused on forensic mycology concentrated on the succession of fungal communities during decomposition, indicating an association between the observed changes in the mycobiota and the estimation of the postmortem interval (PMI). Studies on forensic virology primarily addressed the use of molecular techniques for diagnosing infections related to death, the characterization of the human virome, and its potential applications in individual identification. Despite the advances brought about by molecular methodologies, differences in experimental designs, the techniques employed, and the scenarios investigated still hinder direct comparison of results and limit their incorporation into routine forensic practice. Taken together, the analyzed studies indicate that molecular microbiology expands the set of tools available for forensic investigation, although its application depends on more standardized protocols and the validation of biomarkers under conditions compatible with forensic practice.

Keywords: Molecular Biology. Forensic Microbiology. Forensic Mycology. Forensic Virology. Postmortem Interval.

RESUMEN

La microbiología molecular ha ampliado las posibilidades de investigación en las ciencias forenses al permitir una caracterización más detallada de los microorganismos implicados en la descomposición cadavérica. Entre estos microorganismos, los hongos y los virus se han estado investigando como posibles biomarcadores para estimar el intervalo post mortem (IPM), determinar la causa de la muerte, identificar a las personas e investigar los delitos biológicos. El objetivo de este estudio fue recopilar y analizar críticamente la evidencia disponible sobre estas aplicaciones mediante una revisión integradora de la literatura. Se incluyeron artículos científicos originales publicados entre 2019 y 2025, recuperados de las bases de datos PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect y Google Scholar, lo que supuso un total de diez estudios tras la aplicación de los criterios de elegibilidad. Las investigaciones centradas en la micología forense se centraron en la sucesión de las comunidades fúngicas durante la descomposición, lo que indica una asociación entre los cambios observados en la microbiota fúngica y la estimación del IPM. Los estudios sobre virología forense abordaron principalmente el uso de técnicas moleculares para el diagnóstico de infecciones relacionadas con la muerte, la caracterización del viroma humano y sus posibles aplicaciones en la identificación individual. A pesar de los avances que

han supuesto las metodologías moleculares, las diferencias entre los diseños experimentales, las técnicas empleadas y los escenarios investigados siguen dificultando la comparación directa de los resultados y limitan su incorporación a la rutina pericial. En conjunto, los estudios analizados indican que la microbiología molecular amplía el conjunto de herramientas disponibles para la investigación médico-legal, aunque su aplicación dependa de protocolos más estandarizados y de la validación de los biomarcadores en condiciones compatibles con la práctica forense.

Palabras clave: Biología Molecular. Microbiología Forense. Micología Forense. Virología Forense. Intervalo Post Mortem.



Esta obra está bajo una [Licencia Creative Commons Atribución- NoComercial 4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)

INTRODUÇÃO

A incorporação de ferramentas da microbiologia molecular à medicina legal tem ampliado significativamente a capacidade de investigação dos eventos relacionados ao óbito, permitindo caracterizar microrganismos associados ao processo de decomposição com elevado grau de precisão. Esse avanço tem impulsionado o desenvolvimento da microbiologia forense, área que investiga a composição e a dinâmica das comunidades microbianas presentes no cadáver e no ambiente de decomposição, buscando identificar biomarcadores capazes de complementar as metodologias tradicionalmente empregadas na perícia criminal (Fu et al., 2019; Procopio et al., 2020; Gemmellaro *et al.*, 2023).

Apesar dos avanços alcançados pela patologia forense, pela entomologia forense e pela genética forense, a determinação da causa da morte e a estimativa do intervalo post-mortem (IPM) ainda representam importantes desafios para a medicina legal, especialmente em casos envolvendo decomposição avançada, exposição prolongada às condições ambientais ou alterações significativas da cena pericial. Nessas circunstâncias, a degradação progressiva dos tecidos e a influência de fatores ambientais podem comprometer a precisão dos métodos convencionais, evidenciando a necessidade de ferramentas complementares capazes de fornecer evidências biológicas adicionais e aumentar a confiabilidade das conclusões periciais (Fu *et al.*, 2019; Procopio *et al.*, 2020).

Entre os diferentes grupos microbianos investigados, os fungos destacam-se por apresentarem sucessão ecológica relativamente previsível durante a decomposição cadavérica. Estudos desenvolvidos em modelos experimentais e em cadáveres humanos demonstram que as

comunidades fúngicas sofrem modificações graduais em resposta às alterações físico-químicas dos tecidos e do ambiente, permitindo identificar padrões associados às diferentes fases da decomposição. Além de seu potencial para auxiliar na estimativa do intervalo post-mortem, a caracterização molecular dessas comunidades pode contribuir para a interpretação das condições ambientais da decomposição, para a reconstrução da dinâmica da cena pericial e para a identificação de biomarcadores aplicáveis às ciências forenses (Fu *et al.*, 2019; Procopio *et al.*, 2020; Gemmellaro *et al.*, 2023; Beaulieu *et al.*, 2025; Piepenbring *et al.*, 2025).

Paralelamente, a virologia forense tem expandido suas aplicações à medida que técnicas moleculares de alta sensibilidade passaram a integrar a rotina das investigações médico-legais. Inicialmente direcionadas à confirmação de infecções em autópsias, essas metodologias passaram a contribuir para o aperfeiçoamento dos protocolos de coleta, para a avaliação da distribuição de vírus em diferentes tecidos e fluidos corporais, para a investigação da participação de agentes virais na causa da morte e, mais recentemente, para o estudo do viroma como fonte potencial de biomarcadores aplicáveis à identificação humana e à estimativa do intervalo post-mortem (Gilsenan-Reed *et al.*, 2020; Tanabe *et al.*, 2022; Plenzig *et al.*, 2023; Graham *et al.*, 2022; Yu *et al.*, 2025).

Embora o número de estudos envolvendo fungos e vírus aplicados às ciências forenses tenha aumentado de forma expressiva nos últimos anos, as evidências permanecem distribuídas entre diferentes linhas de investigação, utilizando modelos experimentais, metodologias moleculares e objetivos distintos. Essa heterogeneidade dificulta a comparação entre os resultados, limita a padronização dos biomarcadores propostos e evidencia a necessidade de sínteses críticas capazes de integrar os conhecimentos produzidos sobre esses dois grupos microbianos em uma perspectiva única voltada à microbiologia molecular aplicada às ciências forenses. Além disso, questões relacionadas à validação dos biomarcadores, à padronização dos protocolos laboratoriais e à aplicabilidade prática dessas ferramentas ainda representam importantes desafios para sua incorporação à rotina pericial (Piepenbring *et al.*, 2025; Yu *et al.*, 2025).

Diante desse cenário, esta revisão integrativa teve como objetivo sintetizar criticamente as evidências científicas recentes sobre a aplicação da microbiologia molecular de fungos e vírus nas ciências forenses, com ênfase em sua utilização na determinação da causa da morte, na estimativa do intervalo post-mortem, na identificação humana e no rastreamento de biocrimes. Ao integrar os resultados dos estudos selecionados, busca-se apresentar uma visão atualizada do

potencial dessas ferramentas, discutir suas limitações metodológicas e apontar perspectivas para sua futura incorporação à prática médico-legal.

METODOLOGIA

O presente estudo caracteriza-se como uma revisão integrativa da literatura, de abordagem qualitativa, desenvolvida com o objetivo de reunir, analisar e sintetizar criticamente as evidências científicas acerca da aplicação da microbiologia molecular de fungos e vírus nas ciências forenses, com ênfase em sua utilização na determinação da causa da morte, na estimativa do intervalo post-mortem (IPM), na identificação humana e no rastreamento de biocrimes.

A presente revisão integrativa foi desenvolvida seguindo as etapas clássicas desse método: definição da questão norteadora, estabelecimento dos critérios de elegibilidade, busca e seleção dos estudos, extração padronizada das informações, análise comparativa das evidências e síntese crítica dos resultados. A adoção desse percurso metodológico permitiu reunir pesquisas com diferentes delineamentos, favorecendo uma visão mais ampla e consistente do conhecimento científico disponível acerca da aplicação da microbiologia molecular de fungos e vírus nas ciências forenses.

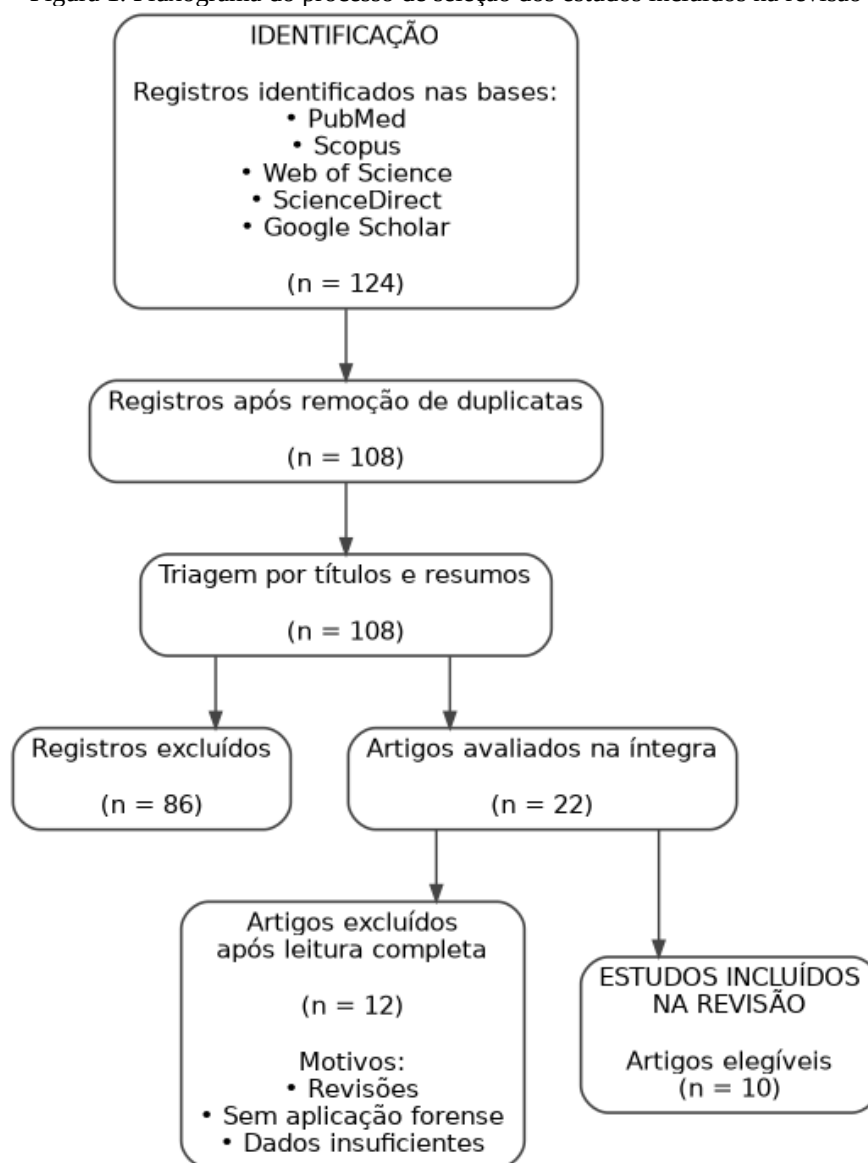
A busca bibliográfica foi conduzida nas bases de dados PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect e Google Scholar, abrangendo artigos publicados entre 2019 e 2025. A estratégia de pesquisa empregou descritores em língua inglesa relacionados ao tema, entre eles *forensic microbiology*, *molecular biology*, *forensic mycology*, *forensic virology*, *postmortem interval*, *cause of death*, *human identification*, *fungal succession*, *metagenomics*, *virome* e *medicolegal autopsy*. Os termos foram combinados por meio dos operadores booleanos AND e OR, respeitando as particularidades de indexação de cada base consultada.

Foram incluídos artigos científicos originais, publicados em periódicos indexados, disponíveis na íntegra e voltados à aplicação de fungos ou vírus nas ciências forenses por meio de técnicas de biologia molecular. A seleção contemplou estudos experimentais, observacionais, retrospectivos, prospectivos e metagenômicos relacionados à decomposição cadavérica, à estimativa do intervalo post-mortem, à investigação da causa da morte, à identificação humana e ao rastreamento de evidências biológicas de interesse forense. Em contrapartida, foram excluídos artigos de revisão, editoriais, cartas ao editor, capítulos de livros, dissertações, teses, resumos de eventos científicos, preprints e demais documentos classificados como literatura cinzenta, assim

como estudos sem relação direta com os objetivos propostos.

A seleção das publicações foi realizada em três etapas. Primeiramente, procedeu-se à leitura dos títulos e resumos para identificar os estudos potencialmente pertinentes. Na sequência, os artigos elegíveis foram avaliados na íntegra, considerando sua aderência ao tema, a consistência metodológica e a contribuição para responder à questão norteadora da revisão. Ao término desse processo, foram selecionados dez estudos, considerados representativos das evidências mais recentes sobre o emprego da microbiologia molecular de fungos e vírus nas ciências forenses. As etapas de identificação, triagem, elegibilidade e inclusão dos estudos estão sintetizadas na Figura 1.

Figura 1. Fluxograma do processo de seleção dos estudos incluídos na revisão



Fonte: Elaborado pelas autoras (2026).

As informações obtidas dos estudos selecionados foram registradas em uma matriz analítica, contemplando autor, ano de publicação, país de origem, objetivo, amostra, delineamento metodológico, técnica molecular empregada, principais resultados e aplicabilidade forense. Com base nessa organização, os dados foram reunidos na Tabela 1, o que possibilitou comparar, de forma sistemática, as características metodológicas e as principais contribuições apresentadas por cada investigação.

Para fins de análise, os estudos foram agrupados em dois eixos temáticos: **(i)** aplicações da micologia molecular na decomposição cadavérica e na estimativa do intervalo post-mortem; e **(ii)** aplicações da virologia molecular na determinação da causa da morte, sucessão viral, identificação humana e rastreamento de biocrimes. A interpretação das evidências foi conduzida de forma descritiva, comparativa e crítica, buscando identificar convergências, divergências, limitações metodológicas e perspectivas para a incorporação dessas ferramentas à prática pericial.

Por tratar-se de uma revisão integrativa desenvolvida exclusivamente a partir de dados secundários disponíveis na literatura científica, sem envolvimento direto de seres humanos, animais ou acesso a informações individualizadas, este estudo não necessitou de apreciação por Comitê de Ética em Pesquisa, conforme a regulamentação vigente.

RESULTADOS

Foram incluídos nesta revisão integrativa dez estudos científicos publicados entre 2019 e 2025, selecionados por atenderem aos critérios de elegibilidade previamente estabelecidos. As investigações contemplaram diferentes aplicações da microbiologia molecular nas ciências forenses, abrangendo a utilização de fungos e vírus na estimativa do intervalo post-mortem, na determinação da causa da morte, na identificação humana e no desenvolvimento de novas ferramentas moleculares para a investigação pericial. As principais características metodológicas e os principais achados dos estudos selecionados encontram-se sintetizados na **Tabela 1**.

Tabela 1. Características dos estudos incluídos na revisão integrativa

Nº	AUTOR /ANO	OBJETIVO	AMOSTRA	TÉCNICA MOLECULAR	PRINCIPAL ACHADO	APLICAÇÃO FORENSE
1	Fu <i>et al.</i> (2019)	Avaliar a sucessão fúngica durante a decomposição cadavérica.	Carcaças suínas em ambiente interno e externo	HTS + DNA metabarcoding	Sucessão fúngica previsível durante a decomposição	Sucessão fúngica associada ao IPM e ao ambiente de decomposição.
2	Procopio <i>et al.</i> (2020)	Analisar comunidades fúngicas em enterros simulados.	Carcaças suínas enterradas por 1 a 6 meses	DNA metabarcoding	Alterações persistentes das comunidades fúngicas do sol	Alterações fúngicas persistentes em solo de sepultamento simulado.
3	Gemmellaro <i>et al.</i> (2023)	Investigar a sucessão fúngica em carcaças de suínos.	Carcaças de <i>Sus scrofa</i>	DNA metabarcoding	Associação entre espécies e fases da decomposição.	Associação entre comunidades fúngicas e estágios da decomposição.
4	Beaulieu <i>et al.</i> (2025)	Identificar fungos em tecidos humanos em decomposição.	Tecidos humanos em decomposição avançada	Nested PCR + Illumina MiSeq	Identificação de espécies inéditas	Identificação molecular de fungos em restos humanos.
5	Piepenbring <i>et al.</i> (2025)	Caracterizar fungos cultiváveis em cadáveres humanos.	36 cadáveres humanos.	DNA barcoding	Ampliação da diversidade fúngica conhecida	Ampliação dos registros de fungos cultiváveis em cadáveres.
6	Gilsenan-Reed <i>et al.</i> (2020)	Avaliar protocolos de detecção viral em autópsias.	97 autópsias médico-legais.	PCR multiplex	Maior sensibilidade do swab nasofaríngeo	Padronização da coleta para detecção viral post-mortem.
7	Tanabe <i>et al.</i> (2022)	Analisar a distribuição de vírus em tecidos post-mortem.	48 autópsias forenses.	qPCR	Distribuição viral entre tecidos	Distribuição viral em diferentes tecidos e fluidos post-mortem.
8	Plenzig <i>et al.</i> (2023)	Investigar a persistência de vírus em autópsias.	24 autópsias com sintomas respiratórios.	PCR + cultura celular	Persistência de vírus viáveis	Avaliação da presença e infectividade viral em cadáveres.
9	Yu <i>et al.</i> (2025)	Avaliar a sucessão viral durante a decomposição	Cadáveres experimentais de ratos enterrados por 35 dias.	Metagenômica <i>shotgun</i>	Modelo preditivo do IPM	Sucessão viral aplicada à estimativa do IPM.
10	Graham <i>et al.</i> (2022)	Avaliar o viroma cutâneo para identificação humana.	42 voluntários acompanhados durante seis meses.	Metagenômica	Estabilidade do viroma cutâneo	Viroma cutâneo como ferramenta complementar de identificação humana.

Fonte: Elaborado pelas autoras (2026).

Com base na análise das evidências disponíveis, os resultados foram organizados em dois eixos temáticos: **(I)** aplicações da micologia molecular nas ciências forenses e **(II)** aplicações da virologia molecular nas ciências forenses.

Aplicações da Micologia Molecular nas Ciências Forenses

Cinco estudos analisaram a aplicação de fungos como biomarcadores nas ciências forenses, utilizando desde modelos experimentais com carcaças suínas até investigações em cadáveres humanos e em comunidades fúngicas presentes em tecidos e solos relacionados à decomposição. Embora adotassem delineamentos distintos, todos recorreram a técnicas de biologia molecular, como DNA metabarcoding, DNA barcoding, sequenciamento de nova geração e identificação molecular por PCR. Essa diversidade metodológica permitiu caracterizar tanto a composição quanto a dinâmica das comunidades fúngicas ao longo do processo decomposicional.

Os trabalhos de Fu *et al.* (2019) e Procopio *et al.* (2020) convergiram ao demonstrar que as comunidades fúngicas sofrem mudanças sucessivas durante a decomposição, ainda que em modelos experimentais diferentes. Fu *et al.* acompanharam carcaças suínas expostas em ambientes interno e externo e verificaram que as condições ambientais influenciaram a sucessão fúngica, com alterações progressivas na microbiota do cadáver e do solo adjacente. Procopio *et al.*, por outro lado, concentraram a análise em solos de sepultamentos simulados e observaram redução gradual da diversidade fúngica, acompanhada do surgimento de táxons característicos de diferentes períodos decomposicionais.

A mesma tendência foi identificada por Gemmellaro *et al.* (2023). Ao investigar a decomposição de carcaças de *Sus scrofa*, os autores verificaram mudanças graduais na riqueza e na composição das comunidades fúngicas. O aumento da diversidade de espécies nas fases mais avançadas e a associação de determinados grupos fúngicos com estágios específicos da decomposição reforçam o padrão observado nos estudos anteriores.

As pesquisas de Beaulieu *et al.* (2025) e Piepenbring *et al.* (2025) expandiram essa abordagem para cadáveres humanos. Beaulieu *et al.* utilizaram Nested PCR, sequenciamento Illumina MiSeq e DNA barcoding para identificar espécies fúngicas presentes em tecidos em decomposição avançada, registrando microrganismos ainda não descritos nesse contexto. Já Piepenbring *et al.* caracterizaram a diversidade de fungos cultiváveis em trinta e seis cadáveres

humanos, identificando 104 espécies, das quais dezessete representaram registros inéditos para esse tipo de material biológico.

Em conjunto, esses estudos mostram que as técnicas de biologia molecular ampliaram a caracterização das comunidades fúngicas associadas à decomposição, permitindo descrever sua composição, diversidade e distribuição em diferentes cenários experimentais e periciais. As evidências reunidas indicam que essas metodologias podem contribuir para a identificação de biomarcadores relacionados ao processo decomposicional e fornecer informações complementares de interesse médico-legal.

Aplicações da Virologia Molecular nas Ciências Forenses

Cinco estudos exploraram diferentes aplicações da virologia molecular nas ciências forenses. As investigações abrangeram o diagnóstico viral em autópsias médico-legais, a distribuição de vírus em tecidos post-mortem, a persistência de partículas virais após a morte, a sucessão das comunidades virais durante a decomposição e o emprego do viroma humano como ferramenta complementar para identificação individual. Embora os objetivos variassem entre os estudos, todos recorreram a métodos moleculares, incluindo PCR multiplex, PCR em tempo real (qPCR), cultura celular, sequenciamento metagenômico e metagenômica *shotgun*, evidenciando a diversidade de estratégias atualmente disponíveis para a investigação pericial.

Os trabalhos de Gilsenan-Reed *et al.* (2020), Tanabe *et al.* (2022) e Plenzig *et al.* (2023) tiveram como foco os vírus respiratórios em autópsias médico-legais, abordando aspectos distintos desse cenário. Gilsenan-Reed *et al.* compararam diferentes métodos de coleta de amostras biológicas e verificaram maior sensibilidade diagnóstica do swab nasofaríngeo para a detecção desses vírus. Tanabe *et al.* direcionaram a investigação para a distribuição quantitativa viral em tecidos e fluidos corporais, demonstrando que a carga viral variava entre os compartimentos anatômicos avaliados. Já Plenzig *et al.* analisaram, de forma simultânea, a presença de material genético viral e a infectividade das amostras, confirmando a persistência de vírus viáveis em parte do material examinado.

Adotando uma abordagem diferente, Yu *et al.* (2025) investigaram a dinâmica das comunidades virais durante a decomposição cadavérica por meio de metagenômica *shotgun* associada a algoritmos de aprendizado de máquina. Os autores observaram mudanças progressivas na composição do viroma ao longo do intervalo post-mortem e desenvolveram um

modelo preditivo capaz de estimar esse intervalo com elevada precisão a partir da distribuição temporal de diferentes famílias virais.

Complementando essas evidências, Graham *et al.* (2022) avaliaram o potencial do viroma cutâneo como ferramenta para identificação humana. Acompanhando voluntários durante seis meses, os autores observaram que determinadas comunidades virais permaneceram relativamente estáveis ao longo do tempo e apresentaram elevada capacidade de diferenciação entre indivíduos, demonstrando o potencial dessas assinaturas virais como fonte complementar de evidências biológicas para aplicações forenses.

De maneira geral, os estudos demonstram que a incorporação de técnicas de biologia molecular ampliou significativamente a investigação de vírus em contextos médico-legais, permitindo caracterizar sua distribuição em diferentes tecidos, avaliar sua persistência após a morte, descrever alterações temporais das comunidades virais durante a decomposição e explorar o viroma como ferramenta complementar para identificação humana e desenvolvimento de novos biomarcadores aplicáveis às ciências forenses.

DISCUSSÃO

Aplicações da Micologia Molecular na Estimativa do Intervalo Post-Mortem

A sucessão das comunidades fúngicas durante a decomposição cadavérica representa uma das aplicações mais promissoras da microbiologia molecular nas ciências forenses. Os estudos analisados demonstram, de forma consistente, que a composição da micobiota sofre modificações progressivas ao longo do processo decomposicional, acompanhando as alterações físicas, químicas e biológicas dos tecidos. Essa regularidade temporal reforça o potencial dos fungos como biomarcadores complementares para a estimativa do intervalo post-mortem, especialmente em situações nas quais os métodos tradicionalmente empregados apresentam limitações decorrentes do avançado estado de decomposição ou das condições ambientais (Fu *et al.*, 2019; Procopio *et al.*, 2020; Gemmellaro *et al.*, 2023).

Embora todos os estudos apontem para a ocorrência de sucessão fúngica, observa-se importante heterogeneidade quanto aos modelos experimentais empregados, aos ambientes avaliados e às metodologias moleculares utilizadas. Investigações conduzidas em carcaças suínas demonstraram comportamento sucessional semelhante ao observado em estudos realizados com

cadáveres humanos, sugerindo que determinados padrões ecológicos são preservados independentemente do modelo biológico utilizado. Entretanto, fatores como temperatura, umidade, tipo de solo, exposição do cadáver e características ambientais influenciam diretamente a composição das comunidades microbianas, indicando que a interpretação desses biomarcadores deve considerar as particularidades de cada cenário pericial (Fu *et al.*, 2019; Procopio *et al.*, 2020; Beaulieu *et al.*, 2025).

Outro aspecto evidenciado nesta revisão refere-se ao impacto das técnicas de biologia molecular sobre o desenvolvimento da micologia forense. A incorporação do DNA metabarcoding, do DNA barcoding e das plataformas de sequenciamento de nova geração ampliou significativamente a capacidade de identificação das comunidades fúngicas quando comparada aos métodos convencionais baseados exclusivamente em cultivo microbiológico. Como consequência, tornou-se possível detectar espécies anteriormente não descritas em restos humanos, ampliar o conhecimento sobre a diversidade fúngica associada à decomposição e compreender com maior precisão a dinâmica ecológica desses microrganismos (Beaulieu *et al.*, 2025; Piepenbring *et al.*, 2025).

Embora os resultados sejam promissores, a aplicação pericial desses biomarcadores ainda depende de avanços metodológicos. A ausência de protocolos padronizados para coleta, processamento e análise das amostras, somada às diferenças observadas entre populações, condições ambientais e modelos experimentais, dificulta o desenvolvimento de modelos universais para estimativa do intervalo post-mortem. Diante desse cenário, as evidências disponíveis indicam que os fungos devem ser utilizados como ferramentas complementares às metodologias clássicas da medicina legal. Quando interpretados em conjunto com outras evidências biológicas e circunstanciais, podem contribuir para tornar as estimativas periciais mais robustas.

Aplicações da Virologia Molecular na Determinação da Causa da Morte

A incorporação das técnicas de biologia molecular à virologia forense ampliou significativamente a capacidade diagnóstica das investigações médico-legais, sobretudo na identificação de agentes infecciosos potencialmente relacionados à causa da morte. As evidências analisadas demonstram que a utilização de métodos moleculares de alta sensibilidade permitiu não apenas aumentar a detecção de vírus em amostras post-mortem, mas também aperfeiçoar

protocolos de coleta, compreender a distribuição dos agentes virais em diferentes tecidos e avaliar sua persistência após o óbito. Esses avanços ampliam a confiabilidade das análises laboratoriais e fortalecem o papel da virologia como ferramenta complementar à investigação pericial (Gilsenan-Reed *et al.*, 2020; Tanabe *et al.*, 2022; Plenzig *et al.*, 2023).

Os estudos incluídos nesta revisão evidenciam que a qualidade da investigação molecular depende diretamente da seleção adequada das amostras biológicas. A distribuição dos vírus no organismo não ocorre de maneira uniforme, sendo influenciada por fatores relacionados à patogênese da infecção, ao tropismo viral e às alterações decorrentes do processo post-mortem. Dessa forma, estratégias padronizadas de coleta tornam-se fundamentais para minimizar resultados falso-negativos e aumentar a confiabilidade diagnóstica das análises laboratoriais realizadas durante as autópsias médico-legais (Gilsenan-Reed *et al.*, 2020; Tanabe *et al.*, 2022).

A interpretação dos resultados obtidos por técnicas moleculares representa um ponto crítico na virologia forense. A detecção de RNA ou DNA viral, por si só, não permite estabelecer uma relação causal entre o agente infeccioso e o óbito. Os estudos analisados indicam que esses achados precisam ser considerados em conjunto com as informações clínicas, os achados anatomopatológicos, os exames histológicos e as circunstâncias da investigação pericial. Plenzig *et al.* (2023) reforçam essa necessidade ao demonstrar que a presença de material genético viral nem sempre corresponde à existência de partículas virais viáveis, distinção que influencia tanto a determinação da causa da morte quanto as medidas de biossegurança adotadas pelas equipes responsáveis pelas autópsias.

O avanço da virologia forense foi favorecido pela ampla disseminação de técnicas como PCR multiplex, PCR em tempo real e sequenciamento molecular, especialmente durante a pandemia de COVID-19. Esse período impulsionou o aperfeiçoamento de protocolos laboratoriais posteriormente incorporados às investigações médico-legais. Ainda assim, as evidências disponíveis permanecem concentradas, em sua maioria, nos vírus respiratórios. Esse predomínio evidencia uma lacuna na literatura e indica a necessidade de ampliar os estudos envolvendo outros grupos virais de interesse forense, contribuindo para expandir a base de conhecimento e fortalecer a aplicação dessas metodologias em diferentes cenários periciais.

Considerados em conjunto, os estudos mostram que a virologia molecular passou a desempenhar um papel mais amplo do que a simples confirmação laboratorial de infecções. As evidências reunidas apontam sua contribuição para a reconstrução dos eventos relacionados ao óbito, para a avaliação do nexo causal entre infecção e morte e para o aprimoramento da

segurança ocupacional durante os procedimentos periciais. Com isso, a biologia molecular consolida-se como uma ferramenta complementar às abordagens clássicas da medicina legal, ampliando a robustez das investigações forenses.

Genética Viral, Metagenômica e Perspectivas para Identificação Humana e Rastreamento de Biocrimes

Os avanços recentes do sequenciamento de nova geração e das abordagens metagenômicas ampliaram significativamente as possibilidades de aplicação da genética viral nas ciências forenses. Diferentemente das abordagens tradicionalmente direcionadas à identificação de agentes infecciosos específicos, as pesquisas mais recentes passaram a investigar o comportamento das comunidades virais como um todo, permitindo caracterizar padrões ecológicos, temporais e individuais com potencial aplicação na identificação humana e na reconstrução de eventos relacionados ao processo de decomposição (Graham *et al.*, 2022; Yu *et al.*, 2025).

As evidências demonstram que o viroma apresenta comportamento dinâmico durante a decomposição cadavérica, acompanhando as modificações observadas em outras comunidades microbianas que compõem o necrobioma. Essa sucessão temporal permitiu o desenvolvimento de modelos preditivos capazes de estimar o intervalo post-mortem com elevado desempenho, indicando que a análise integrada das comunidades virais pode representar uma nova fonte de biomarcadores para a cronologia da morte. Embora esses resultados ainda dependam de validação em diferentes cenários experimentais, eles demonstram o potencial da metagenômica como ferramenta complementar às abordagens tradicionalmente empregadas na estimativa do intervalo post-mortem (Yu *et al.*, 2025).

A estabilidade observada em determinadas comunidades virais presentes na pele humana amplia as possibilidades de utilização do viroma como marcador biológico complementar para identificação individual. As evidências indicam que algumas assinaturas virais apresentam elevado poder discriminatório e tendem a permanecer relativamente estáveis ao longo do tempo. Essa característica pode favorecer sua aplicação em situações nas quais a análise do DNA humano é limitada pela degradação do material biológico. Apesar desse cenário promissor, Graham *et al.* (2022) destacam que a incorporação dessa abordagem à prática pericial ainda depende de validação multicêntrica e da padronização dos métodos empregados, configurando uma

perspectiva inovadora para a genética forense contemporânea.

As tecnologias moleculares também abrem novas possibilidades para investigações envolvendo agentes biológicos de interesse criminal. Embora os estudos incluídos nesta revisão não tenham abordado diretamente eventos classificados como biocrimes, a elevada capacidade de discriminação das abordagens metagenômicas sugere que assinaturas virais poderão, futuramente, auxiliar no rastreamento molecular de amostras biológicas, na reconstrução de cadeias de transmissão e na caracterização de eventos relacionados à disseminação deliberada de agentes infecciosos. No momento, entretanto, essa aplicação permanece condicionada ao desenvolvimento de protocolos padronizados, à disponibilidade de bancos de dados específicos e à validação dessas metodologias em diferentes contextos periciais.

No conjunto das evidências analisadas, a genética viral desponta como um dos campos mais promissores da microbiologia forense contemporânea. A integração entre sequenciamento de alta resolução, bioinformática e análise metagenômica amplia as possibilidades de utilização das comunidades virais como fonte de evidências biológicas, fortalecendo sua aplicação potencial na identificação humana, na estimativa do intervalo post-mortem e no aperfeiçoamento das investigações médico-legais.

Limitações Metodológicas e Perspectivas Futuras da Microbiologia Molecular Aplicada às Ciências Forenses

Embora as evidências analisadas demonstrem avanços significativos na aplicação da microbiologia molecular às ciências forenses, a incorporação rotineira dessas ferramentas à prática pericial ainda enfrenta importantes desafios metodológicos e operacionais. A principal limitação identificada nesta revisão refere-se à expressiva heterogeneidade dos estudos disponíveis, observada tanto nos delineamentos experimentais quanto nas estratégias de amostragem, técnicas moleculares empregadas, modelos biológicos utilizados e condições ambientais investigadas. Essa diversidade metodológica dificulta a comparação direta entre os resultados, reduz a reprodutibilidade das evidências e limita a construção de protocolos padronizados para utilização em diferentes cenários periciais (Fu *et al.*, 2019; Procopio *et al.*, 2020; Beaulieu *et al.*, 2025; Yu *et al.*, 2025).

Outro aspecto recorrente refere-se à predominância de estudos experimentais desenvolvidos em modelos animais, principalmente utilizando carcaças suínas. Embora esses

modelos apresentem reconhecida relevância científica e permitam controlar variáveis importantes relacionadas ao processo decomposicional, sua extrapolação para cadáveres humanos deve ser realizada com cautela. Os estudos conduzidos em restos humanos demonstram que fatores individuais, ambientais, climáticos e geográficos exercem influência significativa sobre a composição das comunidades microbianas, indicando que a validação dos biomarcadores propostos dependerá da realização de estudos multicêntricos envolvendo diferentes populações, condições ambientais e contextos médico-legais (Beaulieu *et al.*, 2025; Piepenbring *et al.*, 2025).

A rápida evolução das tecnologias de sequenciamento também representa um desafio para a consolidação dessas metodologias na rotina forense. Técnicas como DNA metabarcoding, sequenciamento de nova geração e metagenômica ampliaram expressivamente a capacidade de caracterização das comunidades fúngicas e virais; entretanto, diferenças relacionadas aos protocolos laboratoriais, às plataformas de sequenciamento, aos métodos de processamento bioinformático e aos bancos de dados utilizados ainda dificultam a padronização das análises e a comparação entre investigações conduzidas por diferentes grupos de pesquisa. A ausência de diretrizes metodológicas internacionalmente consolidadas constitui, portanto, um dos principais obstáculos para a aplicação pericial dessas tecnologias.

As limitações identificadas não se restringem aos aspectos técnicos. Grande parte das evidências disponíveis ainda está direcionada à identificação de biomarcadores potenciais, enquanto os estudos dedicados à sua validação clínica e forense em situações reais de investigação permanecem pouco numerosos. A incorporação desses marcadores à prática pericial exige protocolos que comprovem sensibilidade, especificidade, reprodutibilidade e robustez analítica em diferentes condições de decomposição e cenários ambientais. Nesse contexto, o fortalecimento da microbiologia molecular como ferramenta auxiliar da medicina legal depende da produção de evidências obtidas por meio de metodologias mais padronizadas e de estudos de validação multicêntrica.

Mesmo diante dessas limitações, o conjunto dos estudos analisados evidencia o avanço da microbiologia molecular como uma das áreas mais promissoras das ciências forenses. A integração entre micologia, virologia, genética molecular, bioinformática e tecnologias de sequenciamento de alta resolução amplia as possibilidades de obtenção de evidências biológicas aplicáveis à determinação da causa da morte, à estimativa do intervalo post-mortem, à identificação humana e ao rastreamento de agentes biológicos de interesse pericial. À medida que os protocolos laboratoriais sejam padronizados e novos estudos confirmem a aplicabilidade dos

biomarcadores já descritos, essas ferramentas tendem a ser incorporadas de forma mais consistente ao conjunto de metodologias utilizadas na investigação médico-legal contemporânea.

CONCLUSÃO

A presente revisão integrativa permitiu reunir e analisar criticamente as evidências científicas mais recentes acerca da aplicação da microbiologia molecular de fungos e vírus nas ciências forenses, demonstrando que os avanços das técnicas de biologia molecular ampliaram significativamente as possibilidades de utilização desses microrganismos como fontes complementares de evidências periciais. Dessa forma, o objetivo proposto foi alcançado, ao sintetizar os conhecimentos disponíveis sobre sua aplicação na determinação da causa da morte, na estimativa do intervalo post-mortem, na identificação humana e no rastreamento de biocrimes.

A análise dos estudos selecionados mostra que as comunidades fúngicas apresentam sucessão ecológica ao longo do processo de decomposição, enquanto as comunidades virais fornecem informações úteis para a investigação de infecções relacionadas ao óbito, para a caracterização do viroma humano e para a identificação de novos biomarcadores com aplicação forense. Esses achados reforçam que a integração entre microbiologia molecular, genética forense e bioinformática amplia as possibilidades de obtenção de informações biológicas de interesse médico-legal, complementando as metodologias tradicionalmente utilizadas na prática pericial.

Ao mesmo tempo, os estudos revelam que a incorporação rotineira dessas ferramentas ainda enfrenta obstáculos importantes. A diversidade dos delineamentos experimentais, o predomínio de pesquisas realizadas em modelos animais, a falta de protocolos laboratoriais padronizados e a necessidade de validação multicêntrica dos biomarcadores atualmente descritos restringem sua aplicação imediata nos laboratórios forenses. Por essa razão, as metodologias moleculares devem ser interpretadas como recursos complementares às técnicas já consolidadas na medicina legal, até que novos estudos fortaleçam sua validação e ampliem sua aplicabilidade em diferentes contextos periciais.

Os resultados reunidos nesta revisão indicam que a microbiologia molecular ocupa posição de destaque entre as áreas mais promissoras das ciências forenses contemporâneas. A evolução das tecnologias de sequenciamento, da metagenômica e das ferramentas bioinformáticas tende a aprimorar a precisão das investigações médico-legais, favorecendo o desenvolvimento de métodos mais sensíveis, específicos e reprodutíveis. A continuidade das

pesquisas, envolvendo diferentes populações, condições ambientais e cenários periciais, será determinante para a padronização dessas metodologias e para sua consolidação como parte do conjunto de ferramentas empregadas na investigação forense, fortalecendo a produção de evidências científicas e a confiabilidade das conclusões periciais.

REFERÊNCIAS

BEAULIEU, Steven Richard; RIBÉREAU-GAYON, Agathe; DEVÈZE, Theo; FORBES, Shari L.; GERMAIN, Hugo. Molecular identification of fungi associated with advanced decomposition at a human taphonomy facility in Canada. **Forensic Science International**, v. 370, art. 112451, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2025.112451>.

FU, Xiaoliang; GUO, Juanjuan; FINKELBERGS, Dmitrijs; HE, Jing; ZHA, Lagabaiyila; GUO, Yadong; CAI, Jifeng. Fungal succession during mammalian cadaver decomposition and potential forensic implications. **Scientific Reports**, v. 9, art. 12907, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-49361-0>.

GEMMELLARO, M. Denise; LORUSSO, Nicholas Steven; DOMKE, Rachel; KOVALSKA, Kristina M.; HASHIM, Ayesha; AREVALO MOJICA, Maria; O'CONNOR, Amanda Joy; PATEL, Urvi; PATE, Olivia; RAISE, Gloria; SHUMSKAYA, Maria. Assessment of fungal succession in decomposing swine carcasses (*Sus scrofa* L.) using DNA metabarcoding. **Journal of Fungi**, v. 9, n. 9, art. 866, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof9090866>.

GILSENAN-REED, Caitlin; HIGGINS, Geoff; LANGLOIS, Neil. Determining a sampling regime for PCR detection of respiratory tract viral infection at coronial post-mortem examinations. **Forensic Science, Medicine and Pathology**, v. 16, p. 457-462, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12024-020-00273-w>.

GRAHAM, Ema H.; CLARKE, Jennifer L.; FERNANDO, Samodha C.; HERR, Joshua R.; ADAMOWICZ, Michael S. The application of the skin virome for human identification. **Forensic Science International: Genetics**, v. 57, art. 102662, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2022.102662>.

PIEPENBRING, Meike; BASCHIEN, Christiane; HOFFMANN, Luisa; OLESIUK, Martyna; GEHRELS, Doreen; AMENDT, Jens. Exploring the diversity of culturable fungi on corpses for forensic applications. **Mycological Progress**, v. 24, art. 8, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11557-024-02021-8>.

PLENZIG, S.; KETTNER, M.; BERGER, A.; CIESEK, S.; VERHOFF, M. A.; RABENAU, H. F. Respiratory viruses in medicolegal autopsies during the winter season 2021/2022: observations after reduction of coronavirus disease-19 (COVID-19) pandemic restrictions. **International Journal of Legal Medicine**, v. 137, p. 897-902, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00414-023-02974-7>.

PROCOPIO, Noemi; GHIGNONE, Stefano; VOYRON, Samuele; CHIAPELLO, Marco; WILLIAMS, Anna; CHAMBERLAIN, Andrew; MELLO, Antonietta; BUCKLEY, Michael.

Soil fungal communities investigated by metabarcoding within simulated forensic burial contexts. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, art. 1686, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01686>.

TANABE, Momoka; IHAMA, Yoko; *et al.* Quantitative analysis of respiratory viral distribution in forensic autopsy cases. **Forensic Science International**, v. 340, art. 111419, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2022.111419>.

YU, Daijing; MAI, Yaru; ZHANG, Liuyaoxing; XIAO, Yuntian; ZHANG, Meng; SHAO, Bo; CHEN, Boxian; WANG, Tian; ZHANG, Kewen; ZHANG, Liwei; GAO, Niu; ZHANG, Jun; YAN, Jiangwei. Viral community succession during cadaver decomposition and its potential for estimating postmortem intervals. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 91, n. 10, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1128/AEM.01453-25>.