UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO

CENTRO DE CIÊNCIAS DA SAÚDE

CURSO DE ODONTOLOGIA

RAONI STING SANTOS DE SENA

O DNA NA ODONTOLOGIA FORENSE

Recife

2023

RAONI STING SANTOS DE SENA

O DNA NA ODONTOLOGIA FORENSE

Trabalho apresentado à Disciplina de Trabalho de Conclusão de Curso 2 como parte dos requisitos para conclusão do Curso de Odontologia do Centro de Ciências da Saúde da Universidade Federal de Pernambuco.

Orientador: Prof. Dr. Rogério Dubosselard Zimmermann

Coorientador(a): Prof.(a) Dr.(a) Ivoneide Maria de Melo Zimmermann

Recife

2023

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do programa de geração automática do SIB/UFPE

SENA, RAONI STING SANTOS DE.
O DNA NA ODONTOLOGIA FORENSE / RAONI STING SANTOS DE SENA. - Recife, 2023.
37 p.

Orientador(a): ROGÉRIO DUBOSSELARD ZIMMERMANN
Cooorientador(a): IVONEIDE MARIA DE MELO ZIMMERMANN
Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Ciências da Saúde, Odontologia - Bacharelado, 2023.
Inclui referências, anexos.

1. Odontologia Forense. 2. DNA. I. ZIMMERMANN, ROGÉRIO DUBOSSELARD . (Orientação). II. ZIMMERMANN, IVONEIDE MARIA DE MELO. (Coorientação). IV. Título.

610 CDD (22.ed.)

RAONI STING SANTOS DE SENA

O DNA NA ODONTOLOGIA FORENSE

Trabalho apresentado à Disciplina de Trabalho de Conclusão de Curso 2 como parte dos requisitos para conclusão do Curso de Odontologia do Centro de Ciências da Saúde da Universidade Federal de Pernambuco.

Aprovada em: 20/09/2023**.**

BANCA EXAMINADORA

Paloma Rodrigues Genu
Nome do primeiro avaliador/
UFPE

Rogério Dubosselard Zimmermann
Nome do segundo avaliador/
UFPE

AGRADECIMENTOS

Ao Deus único e incomparável, pois sem ele nada sou.

À minha mãe, Fabiana, que – desde o meu nascimento – por mim tudo faz.

Ao meu pai, Nemézio, que sempre me proveu e incentivou.

Às minhas irmãs, por nunca me fazerem sentir sozinho.
E, em especial, à minha irmã Rafaelly, que me inspirou a escolher tal carreira.

À minha namorada, Taciana, pelos inúmeros motivos para sorrir, pelo amor.

Aos meus professores, pelos ensinamentos.

Ao meu orientador, Rogério Dubosselard Zimmermann,
e à minha coorientadora, Ivoneide Maria de Melo Zimmermann,
pelo exemplo de profissionalismo, pelos motivos de admiração.

Aos meus amigos, por facilitarem essa jornada.

Aos pacientes, pois foram cruciais em meu aprendizado.

RESUMO

A identificação humana engloba aspectos legais, humanitários e sociais, sendo fundamental na resolução de crimes e/ou questões judiciais e em casos de desastres em massa. A análise de ácido desoxirribonucleico (DNA), aliada às investigações policiais, serve como uma ferramenta crucial em tal processo. Dentes, saliva e até mesmo osso alveolar são fontes de onde o DNA pode ser extraído para essa análise. Assim, a odontologia forense, reforça a necessidade do conhecimento genético nessa atividade. O objetivo deste estudo foi verificar a importância e aplicabilidade do DNA na identificação humana, através da odontologia forense. O presente trabalho é uma revisão integrativa da literatura realizada nas bases de dados MEDLINE (BVS), LILACS (BVS) e IBECS (BVS). A pesquisa foi realizada de março a junho de 2023, com lapso temporal aplicado para busca de artigos publicados nos últimos 5 anos, utilizando os descritores "Forensic Dentistry" e "DNA", combinados através do operador booleano AND. Um total de 41 artigos foram identificados da literatura através de tal busca, dos quais 10 compuseram a amostra dos revisados neste trabalho, após o emprego dos critérios de inclusão e exclusão. Foi apurada a existência de distintos métodos de biologia molecular, aplicáveis à odontologia forense, capazes de gerar perfis genéticos, importantes auxiliares na identificação humana, por meio de DNA dentário, salivar e de osso alveolar.

Descritores: Forensic Dentistry; DNA.

ABSTRACT

Human identification encompasses legal, humanitarian, and social aspects and is crucial in solving crimes and/or legal issues and in cases of mass disasters. Deoxyribonucleic acid (DNA) analysis, combined with police investigations, serves as a crucial tool in this process. Teeth, saliva, and even alveolar bone are sources from which DNA can be extracted for this analysis. Thus, forensic dentistry reinforces the need for genetic knowledge in this activity. The aim of this study was to assess the importance and applicability of DNA in human identification through forensic dentistry. The present work is an integrative literature review conducted using the MEDLINE (VHL), LILACS (VHL), and IBECS (VHL) databases. The research was conducted from March to June 2023, with a time frame applied to search for articles published within the last 5 years, using the descriptors "Forensic Dentistry" and "DNA," combined through the boolean operator AND. A total of 41 articles were identified in the literature through this search, of which 10 comprised the sample reviewed in this study, following the application of inclusion and exclusion criteria. The existence of different molecular biology methods applicable to forensic dentistry was found, capable of generating genetic profiles, which are important aids in human identification through dental, salivary, and alveolar bone DNA.

Descriptors: Forensic Dentistry; DNA.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	**8**
2. MATERIAIS E MÉTODOS	**10**
2.1 Desenho do estudo	10
2.2 Estratégia de busca	10
2.3 Critérios de elegibilidade	11
2.4 Seleção das publicações e extrações de dados	11
3. RESULTADOS	**12**
4. DISCUSSÃO	**20**
4.1 PERFIL BIOLÓGICO	20
4.2 TIPOS DE ANÁLISES	21
4.3 FONTES DE DNA	24
4.3.1 Dentes	24
4.3.2 Saliva	26
4.3.3 Osso alveolar	28
4.4 FATORES POST-MORTEM	29
4.4.1 Intervalo post-mortem	29
4.4.2 Condições adversas	30
5. CONCLUSÃO	**32**
6. REFERÊNCIAS	**33**
7. ANEXO A - NORMAS DA REVISTA	**36**

INTRODUÇÃO

Motivos legais, humanitários e sociais estão envolvidos no contexto geral da identificação humana, fundamentando toda a estrutura relacionada a esse procedimento. É considerado uma das etapas-chave em relação às pessoas desaparecidas e consiste em uma série de etapas com o objetivo de encontrar particularidades únicas dos indivíduos para estabelecer sua identidade. Entre essas características, as impressões digitais, o perfil genético e os dados médicos e odontológicos são considerados as informações mais confiáveis cientificamente. Quanto à análise odontológica legal, esta é uma abordagem que se faz necessária principalmente em casos de restos mortais, corpos queimados, vítimas de desastres em massa, entre outros[1,2].

Em casos de cadáveres sem parâmetros de avaliação, o teste de ácido desoxirribonucleico (DNA) é o único método disponível para identificação. O DNA do período pós-morte tem uma vida limitada, dependendo de fatores como: as condições ambientais e sua proteção contra agentes destrutivos. Visto que os elementos dentais são conservados por tecidos epitelial, conjuntivo, muscular e ósseo circundantes, os dentes podem ser a única fonte preservada de DNA em algumas ocorrências, devido à rápida decomposição dos demais tecidos em condições adversas[2, 3, 4].

Uma vez que a tipagem de DNA é usada para a identificação humana, amostras – como ossos e dentes – podem ser obtidas de restos putrefatos, após um desastre, durante investigações criminais e na resolução de disputas de paternidade envolvendo pessoas falecidas; ou, também, a partir de material fluido, como a amostra salivar encontrada em marcas de mordidas de crimes violentos, como crimes sexuais e homicídios, em que é preciso

identificar/confirmar suspeitas[5, 6].

Vale salientar, ainda, que os testes bioquímicos são rodeados por questionamentos. Isso se dá porque a análise de DNA não literalmente identifica um único indivíduo, mas sim fornece a probabilidade estatística de incluí-lo ou excluí-lo de um universo restrito. Por isso, a biologia molecular tem avançado a fim de utilizar técnicas diversas para o refino dessas estimativas. Como exemplo, atualmente, é constatada uma relação direta entre a idade cronológica e os níveis de metilação em sítios de citosinas-fosfato-guaninas (CpG) específicos, e isso têm tornado possível o desenvolvimento de estimadores de idade chamados de "relógios epigenéticos"[2, 7].

Frente ao exposto, o objetivo do presente trabalho é verificar a importância e aplicabilidade do DNA na identificação humana, através da odontologia forense.

MATERIAIS E MÉTODOS

Desenho do estudo

Trata-se de uma revisão integrativa da literatura baseada em uma busca criteriosa de bibliografia científica. Foi realizada com base na metodologia PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta Analyses*) e consistiu em seis etapas: (I) o estabelecimento da pergunta norteadora da revisão bibliográfica; (II) a busca de estudos científicos em bases de dados informatizadas; (III) a seleção de estudos por meio de critérios de inclusão e exclusão, análise de títulos e resumos, e leitura de artigos completos; (V) extração e discussão dos resultados; e (VI) epítome de conhecimento.

Após a determinação do tema do estudo, para a elaboração da pergunta norteadora, adotou-se a estratégia PICO (População/Intervenção/Comparação/*Outcomes*-Desfecho). A população envolveu "humanos", a intervenção compreendeu "técnicas de DNA na odontologia forense", não se aplicou comparação e o desfecho foi "a importância e aplicabilidade do DNA". Dessa forma, fica estruturada a seguinte pergunta norteadora: "Qual a importância e aplicabilidade do DNA na identificação humana por meios odontológicos?".

Estratégia de busca

A busca dos estudos ocorreu entre os meses de março a junho de 2023, nas seguintes bases de dados: MEDLINE (BVS), LILACS (BVS) e IBECS (BVS).

Os termos de busca utilizados nesta revisão integrativa foram obtidos através de consulta aos Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) da Biblioteca Virtual em Saúde (BVS), sendo eles: *Forensic Dentistry* e *DNA*.

Utilizou-se a seguinte estratégia de busca: "Forensic Dentistry" AND "DNA".

Critérios de elegibilidade

Foram incluídos artigos que abordaram de forma clara adequação à pergunta norteadora (via estratégia PICO). A busca utilizou filtros de data e idioma, selecionando artigos publicados nos últimos cinco anos, nos idiomas português e inglês. Os critérios de exclusão utilizados foram: monografias, trabalhos de conclusão de curso e teses, além de artigos que não abordassem diretamente a temática proposta na pesquisa.

Seleção das publicações e extrações de dados

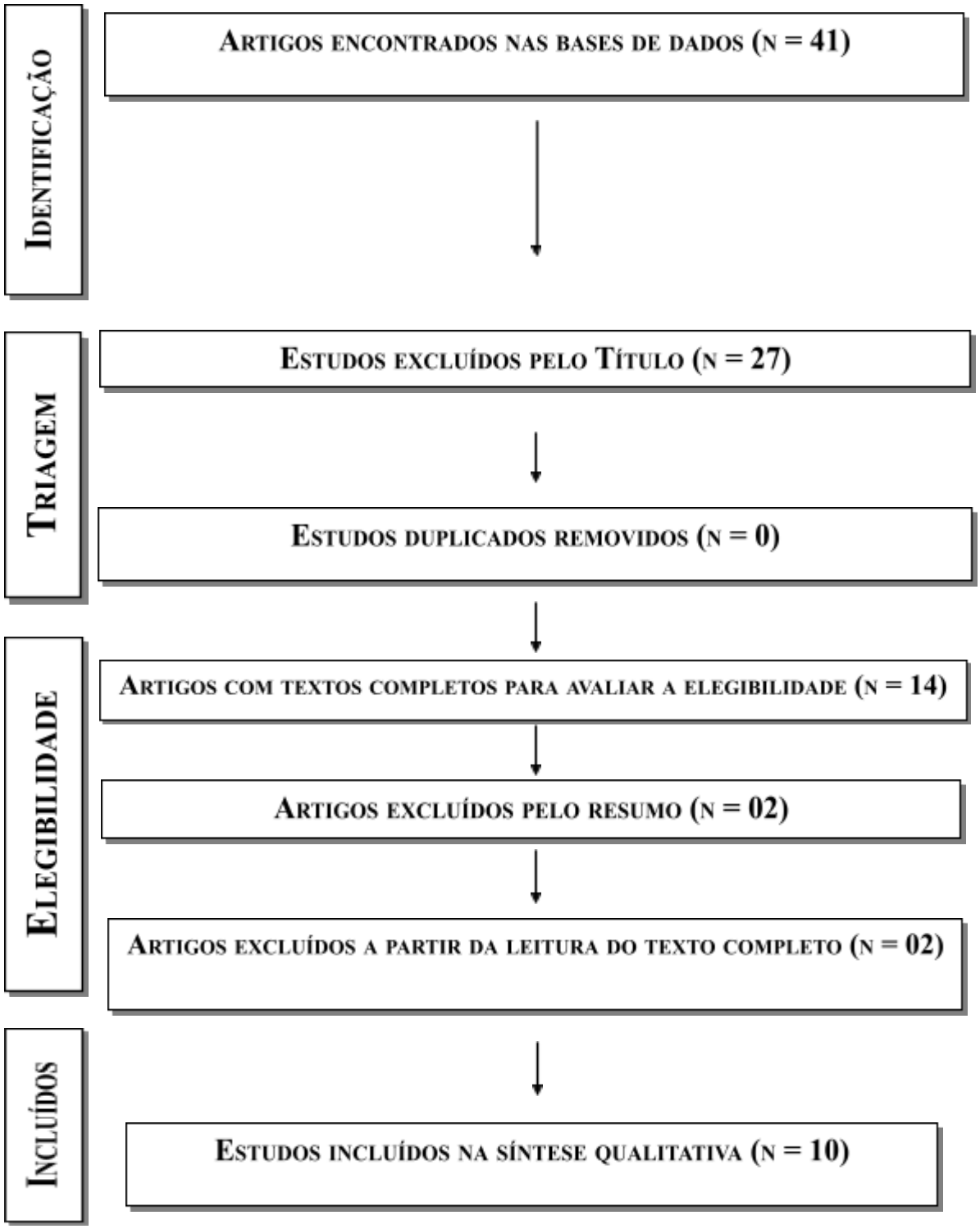
A escolha dos estudos ocorreu inicialmente pelo título. Em seguida, através da leitura dos resumos, todos os trabalhos que preencheram os critérios de inclusão foram selecionados para leitura do texto completo. A partir da leitura completa, houve a exclusão dos estudos que não contemplaram o proposto na pesquisa, cuja coleta de dados foi baseada no objetivo já exposto. A extração dos dados está sumarizada a seguir, no Quadro 1.

RESULTADOS

Combinando-se os métodos de busca estabelecidos, a pesquisa bibliográfica revelou 41 artigos, a Figura 1 demonstra o processo de seleção dos estudos, detalhando os métodos de elegibilidade empregados. Na primeira seleção dos artigos, a partir da leitura de títulos, foram excluídos 27 artigos da pesquisa em base de dados. Seguido da análise pela leitura de resumos (n = 14), aplicando os critérios de inclusão e exclusão, restaram 12 artigos para leitura na íntegra, de onde 10 foram selecionados para compor esse estudo ao responder à pergunta norteadora. Destaca-se que os estudos selecionados foram publicados entre os anos de 2018 e 2021.

Figura 1. Fluxograma PRISMA

(Bases de dados, artigos incluídos, artigos excluídos para a revisão da literatura).



Fonte: Autores, 2023.

Quadro 1. Distribuição dos estudos por Título, Autores (Data), Periódico; Objetivos e Resultados.

Título	Autores (Data)	Periódico	Objetivos	Resultados
Comparative evaluation of different human dental tissues and alveolar bone for DNA quantity and quality for forensic investigation	Gawali R, Kaur A, Shukla M, Ganatra H, Ekka MM, Patel BC (2021)	**Forensic Science International**	Avaliar a quantidade e qualidade do DNA da polpa, cemento, dentina e osso alveolar para análise de marcadores STR, mtDNA e sexuais.	Entre todos os tecidos dentários estudados, a dentina se mostrou a fonte de DNA de melhor qualidade para genotipagem de STR, seguida pela polpa com quantidade variável entre os tipos de dentes, enquanto o cemento permaneceu consistentemente abaixo da média. No entanto, o osso alveolar não apenas apresentou resultados acima da média em termos de qualidade e quantidade, mas também se mostrou tão bom, senão melhor, que o cemento em termos de resistência e disponibilidade de DNA. Todos os tecidos estudados também demonstraram assertividade adicional na determinação do sexo usando marcadores como AMEL e SRY por eletroforese em gel, contornando assim a necessidade de kits caros de determinação de sexo/STR.
Dental Forensic Kit (DFK®) and Quick Extract™ FFPE DNA extraction kit, a new workflow for obtaining dental DNA for	Inostroza C, Carrasco P, Godoy M, Gatti G, Paulino B (2020)	**Journal of Forensic and Legal Medicine**	Desenvolver um fluxo de trabalho inovador para otimizar a extração de DNA dentário.	O fluxo de trabalho foi útil na obtenção de DNA dentário e perfis genéticos parciais e completos, a partir dos dentes de ambos os grupos de estudo. O kit DFK® funcionou em um tratamento conservador dos dentes, gerando tecidos dentários (polpa e cemento), e o kit FFPETM

human genetic identity				para extração de DNA foi um método muito acessível, rápido e fácil para a obtenção de DNA dentário genômico.
Deoxyribonucleic Acid Extraction and Quantification from Human Saliva Deposited on Foods with Bitemarks	Musse JO, Marques JAM, Remualdo V, Pitlovanciv AK, da Silva CAL, Corte-Real F, *et al.* (2019)	**The Journal of Contemporary Dental Practice**	Avaliar o potencial de recuperação de DNA de marcas de mordida em pedaços de queijo, utilizando diferentes tipos de coleta, para quantificação de DNA.	A análise comparativa do potencial de recuperação de DNA nos quatro *swabs* nos permitiu inferir que as coletas na região central da mordida foram as que apresentaram a melhor reprodutibilidade, extraindo uma concentração mais alta de DNA, sendo que o *swab* estava seco no centro da mordida, o que resultou em melhores resultados. Os resultados comprovaram a eficácia da técnica de *swab* duplo para a coleta de materiais genéticos em marcas de mordida; no entanto, no contexto utilizado, uma única coleta no centro da mordida seria suficiente, otimizando os recursos e o tempo necessários para a análise.
DNA methylation levels and telomere length in human teeth: usefulness for age estimation	Márquez-Ruiz AB, González-Herrera L, Luna J de D, Valenzuela A (2020)	**International Journal of Legal Medicine**	Medir os níveis de metilação de locais específicos de CpG localizados nos genes ELOVL2, ASPA e PDE4C, a fim de avaliar suas correlações com a idade em amostras de dentes, além de desenvolver modelos preliminares de previsão de idade, a fim de avaliar a	Sugerem que o comprimento dos telômeros pode ter utilidade limitada como marcador suplementar para a estimativa de idade baseada na metilação do DNA em amostras de dentes, uma vez que contribuiu pouco para a melhoria dos erros de previsão dos modelos. Além disso, mesmo em idades mais avançadas, a metilação do DNA pareceu ser mais informativa na previsão da idade do que o comprimento dos telômeros quando ambos os biomarcadores foram avaliados separadamente.

			precisão de ambos os biomarcadores juntos e separadamente na estimativa da idade a partir de dentes para fins forenses.	
Effect of postmortem interval and conditions of teeth on STR based DNA profiling from unidentified dead bodies	Kumar N, Aparna R, Sharma S (2021)	**Journal of Forensic and Legal Medicine**	Investigar e analisar o papel dos dentes na identificação humana em contextos forenses, a partir da realização de perfis de DNA usando análise de repetições curtas em tandem (STR).	Resultados completos foram obtidos para 83 perfis, enquanto perfis parciais foram obtidos para 10 perfis e 2 perfis não forneceram resultados úteis. porcentagem de perfis de DNA obtidos de dentes de corpos não identificados em estágio avançado de decomposição, decompostos, frescos e parcialmente decompostos foi variável, enquanto os dentes recuperados de corpos esqueletizados e parcialmente queimados apresentaram perfis de DNA completos (100%). Quando o exame post-mortem foi realizado no mesmo dia, após o primeiro dia e após dois dias, a maioria dos perfis gerou resultados de 100%, além de alguns perfis parciais e nenhum resultado. Amostras obtidas após 3 dias do post-mortem, no entanto, forneceram perfis bem-sucedidos.
Factors affecting dental DNA in various real post-mortem conditions	Mansour H, Krebs O, Pinnschmidt HO, Griem N, Hammann-Ehrt I, Püschel K (2019)	**International Journal of Legal Medicine**	Avaliar o efeito de fatores ante e post-mortem no DNA dentário em casos forenses reais.	O intervalo post-mortem (IPM) é o fator mais importante e influente na quantificação do DNA dentário ($p < 0.001$). O período de tempo dos primeiros 10 dias após a morte produziu os melhores resultados de DNA de todas as amostras dentárias analisadas. Dentes extraídos de

				corpos queimados e frescos renderam a maior quantidade de DNA, enquanto corpos exumados esqueletizados resultaram na menor quantidade de DNA. De fato, condições secas e em ambientes internos demonstraram resultados melhores do que aqueles em água, ao ar livre ou enterrados no solo. Por outro lado, fatores ante-mortem, incluindo sexo, idade, tipo de dente e porções da raiz do dente, não revelaram efeito significativo na quantidade de DNA dentário obtido. Fatores post-mortem, incluindo IPM, condições post-mortem e ambientes circundantes relevantes, exercem uma influência substancial na quantidade de DNA dentário obtido.
New aspects of dental implants and DNA technology in human identification	Mansour H, Sperhake JP, Bekaert B, Krebs O, Friedrich P, Fuhrmann A, *et al.* (2019)	**Forensic Science International**	Apresentar uma nova estratégia que utiliza cada abordagem forense possível na identificação, quando os dados de referência não estão disponíveis, pelo menos nas primeiras etapas do processo de investigação.	Demonstram que investigações abrangentes de implantes orais que incluam a extração de implantes e medidas microscópicas detalhadas podem levar à identificação de seus números de lote, apesar do grande número de sistemas de implantes fabricados e distribuídos globalmente. Os dados salvos pelos fabricantes de implantes dentários podem ser muito úteis e representar dados de referência adicionais para a identificação dentária, quando os registros dentários ante-mortem ainda estão ausentes. Além disso, as análises de metilação de DNA e de DNA mitocondrial podem apoiar o progresso da investigação.

Salivary signature in forensic profiling: A scoping review	Kapoor P, Chowdhry A (2018)	**Journal of Forensic Dental Sciences**	Identificar de forma abrangente o papel da saliva na identificação comparativa e reconstrutiva, além de propor o conceito de assinatura salivar (SS) na área forense.	O modelo de SS foi baseado no microbioma salivar e biomarcadores que, juntos, fornecem informações relevantes sobre estilo de vida, padrões comportamentais, ritmos circadianos, geolocalização, convivência de indivíduos, intervalos pós-morte, doenças sistêmicas e orais ou cânceres, além do fluxo e composição salivar.
Técnicas de identificação humana em Odontologia Legal	Gioster-Ramos ML, Silva ECA, Nascimento CR, Fernandes CM da S, Serra M da C (2021)	**Research, Society and Developme nt journal**	Analisar, através de revisão de literatura, algumas técnicas utilizadas pela Odontologia Forense em identificação humana.	Exceto pela abordagem que faz uso das marcas de mordida, a qual apenas se destina a situações em que é necessário excluir a identificação, todas as outras técnicas provaram ser eficazes na identificação de indivíduos, seja de forma independente ou quando combinadas com outros métodos. Cada técnica apresenta suas próprias vantagens, desvantagens, limitações em relação à sua aplicação e indicações específicas que devem ser avaliadas caso a caso, levando em consideração os materiais disponíveis para a comparação entre registros ante-mortem e post-mortem. Portanto, é de extrema importância que os profissionais da área odontológica que atuam em clínicas odontológicas preencham e mantenham devidamente arquivados os registros dos pacientes.
When forensic odontology met biochemistry:	Adserias-Garriga J, Thomas C, Ubelaker DH, C. Zapico S (2018)	**Archives of Oral Biology**	Descrever as contribuições tanto da	A odontologia forense oferece uma maneira rápida de identificar com base em características dentárias.

Multidisciplinary approach in forensic human identification			odontologia forense quanto da biologia molecular/bioquímica para a identificação humana, demonstrando como uma abordagem multidisciplinar pode levar a uma identificação mais eficaz e eficiente.	Avanços na bioquímica estão melhorando a análise de DNA para determinar o perfil biológico. A parceria entre odontologia forense e bioquímica está impulsionando o avanço da ciência forense.

Fonte: Autores, 2023.

DISCUSSÃO

A cavidade oral é conhecida por resistir e preservar seus componentes, especialmente os dentes, contra influências externas. As estruturas sólidas na boca, tanto os tecidos moles quanto os duros, são ricas em células – que contém DNA genômico (gDNA ou apenas DNA) e DNA mitocondrial (mtDNA) – nucleadas[8].

Na ciência forense, o perfil de DNA emergiu como o novo padrão-ouro e desempenha um papel importante na identificação biológica de corpos usando análise de repetições curtas em tandem (STR), análise de DNA mitocondrial (mtDNA), análise de cromossomo Y, análise de cromossomo X e análise de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs)[9].

A análise dessas fontes de DNA, especialmente dos loci STR, proporciona informações cruciais para a Justiça e a sociedade em casos de identificação de indivíduos, sendo aplicada em situações em que outras formas de identificação podem ser limitadas ou inexistentes[10].

PERFIL BIOLÓGICO

No processo de identificação humana, é necessária a reconstrução de um perfil biológico a partir de identificadores em ossos e dentes. É ressaltado que a perfilação biológica (para determinação de idade, ancestralidade, origem geográfica, sexo, ocupação, hábitos, entre outros) é uma etapa essencial na investigação científica, além de que o uso do DNA é fundamental para esse propósito. Desse modo, a odontologia forense, em conjunto com outros ramos da ciência (como a genética), trabalha de forma ímpar na identificação humana; e os dentes têm se mostrado uma excelente fonte de DNA, o que possibilita a sua utilização nesse processo[9, 10, 11, 12].

Em casos que a identificação comparativa não é possível, visto que não há um suspeito para isso, a saliva também tem sido usada para o perfil biológico, a fim de determinar características pessoais de indivíduos numa identificação reconstrutiva[13].

Dessa forma, os dados fornecidos pela análise de DNA são auxiliares na identificação humana. E, por meio dessa inferência genética, trata-se de um recurso facilitador na investigação, pois limita o "pool populacional"[14].

Em suma, a perfilação biológica usando DNA por meios odontológicos foi demonstrada como algo principal na ciência forense para fins de identificação humana. Logo, uma metodologia não destrutiva de extração de DNA é promissora, rápida e eficaz para casos críticos[9].

TIPOS DE ANÁLISES

A análise de STR é um método comum de biologia molecular usado para comparar repetições de alelos em loci específicos no DNA entre amostras. É uma técnica amplamente utilizada na identificação humana, pois auxilia tal processo a partir da comparação de duas (ou mais) amostras biológicas. Assim, via kits de STR e softwares estatísticos, oferece eficiência e confiabilidade para tal processo[9, 11].

As análises de DNA mitocondrial e polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), por sua vez, têm sido desenvolvidas e aplicadas para estimar a ancestralidade[11]. Já as análises de cromossomo Y e de cromossomo X dizem respeito à identificação do sexo do indíviduo[9].

Logo, além da genotipagem convencional de STR autossômicas, para comparação (se há correspondência em bancos de dados genéticos de pessoas desaparecidas ou afins, a depender do caso policial), a estimativa de idade com base na metilação do DNA (mDNA) e a avaliação da ancestralidade biogeográfica com base na sequência do DNA mitocondrial (mtDNA) junto com o haplótipo Y podem criar um cenário definitivo na investigação forense[14].

Visto que o estudo molecular – em sua essência complementar à metodologia de identificação humana – tem sido aplicado para estimativas de ascendência e avaliação da idade, a literatura demonstra, através da análise de DNA pulpar, uma alta correlação

inversa entre o comprimento dos telômeros e o envelhecimento. Seguindo o método de Southern blot da biologia molecular, essa técnica pode ser aplicada em casos forenses[11]. Além do que, devido ao aumento recente do conhecimento em epigenética, vários estudos de metilação do DNA relataram modelos de previsão de idade (com base em diferentes genes, tecidos, tecnologias de detecção e análises estatísticas de previsão de idade), com precisões preditivas inferiores a 5 anos. Logo, a relação entre a metilação do DNA e a idade cronológica tem sido um indicador promissor para as estimativas forenses, sendo considerada o biomarcador mais informativo para previsão de idade[15]. Mansour *et al*. (2019b)[14] afirmaram que a mDNA demonstrou um desvio absoluto na estimativa de idade cronológica na faixa de 3 a 5 anos, sendo, então, uma previsão com pequena margem de erro.

Márquez-Ruiz *et al.* (2020)[15] investigaram a viabilidade e a precisão da metilação do DNA como método de estimativa da idade em amostras dentais humanas (n = 65, dentes permanentes saudáveis de doadores com idades entre 15 e 85 anos), visando sua aplicação na identificação. A partir disso, mediram os níveis de metilação de sítios CpG específicos localizados nos genes ELOVL2, ASPA e PDE4C para avaliação de suas correlações. Foi encontrada uma correlação negativa entre a metilação e a idade para o único sítio CpG no gene ASPA; no entanto, essa correlação não foi estatisticamente significativa ($r = -0{,}206$, $p > 0{,}05$). Em contraste, a metilação dos sítios CpG nos genes ELOVL2 e PDE4C estava positivamente correlacionada com a idade. Acrescentaram ainda que, sobre a sua amostra, a metilação do DNA é mais informativa do que o comprimento dos telômeros para estimar a idade.

A amplificação dos genes AMEL, por sua vez, pode ser utilizada para a determinação do sexo. O gene amelogenina no cromossomo X tem 106 pares de bases de comprimento, enquanto o mesmo gene no cromossomo Y tem 112 pares de bases. Desse modo, o homem não apresenta pares idênticos, enquanto a mulher sim[11]. Visto que tanto o mtDNA quanto o cromossomo Y humano possuem características especiais (por serem alossomos, ligados ao sexo), a origem de linhagem – inferência de ancestralidade genética – usando o mtDNA (para a materna) e o haplótipo Y (para a paterna) pode ser

reconstruída através das análises bioquímicas. Também, os cromossomas alossomos podem inferir informações suplementares durante análises moleculares, visto que ambos os sexos descendem de diferentes histórias demográficas, e tanto o haplótipo Y quanto o mtDNA se caracterizam por alto polimorfismo em diferentes populações. Isso, por sua vez, sugere que informações extras (para as investigações policiais) podem ajudar a resolver casos de identificação humana[11,14].

Adserias-Garriga *et al.* (2018)[11] citam que a amplificação da sequência repetitiva centromérica alfoide específica do cromossomo Y (DYZ3), por reação em cadeia da polimerase (PCR), gera uma análise precisa para a determinação de sexo. Essa região (DYZ3) do cromossomo Y e o cromossomo em si são exclusivos dos indivíduos do sexo masculino. Logo, quando os cromossomos são amplificados por meio da técnica de PCR, a presença dessa sequência (DYZ3) indica o sexo masculino, enquanto a ausência indica o sexo feminino. É ressaltado que essa análise é aplicável tanto em tecidos pulpares quanto em tecidos duros em algumas condições. Embora, às vezes, os tecidos pulpares não sejam suficientes para a determinação de sexo por meio dessa análise de DNA, apenas os tecidos duros. Diferentemente, Mansour *et al.* (2019b)[14], em seu trabalho, trouxeram como resultado – de um caso de corpo não identificado, encontrado próximo à margem leste do rio Elba (Alemanha) – a evidência do haplogrupo mitocondrial U5b; acrescentando que esse haplogrupo, como regra, é originalmente encontrado na Europa. Dessa forma, tal corpo sem identificação não poderia dizer respeito a uma indivíduo "estrangeiro" (originário e com ancestrais próximos de outro continente; por exemplo, americano). Assim, demonstrou-se mais uma utilidade da genética no processo de identificação humana.

Os resultados de Márquez-Ruiz *et al.* (2020)[15] indicaram não haver diferenças significativas ($p > 0,05$) na comparação dos níveis médios de metilação do DNA entre sexos ou tipos de dentes em nenhum dos sítios CpG analisados em sua pesquisa. Já quanto ao quesito de comprimento de telômeros (outro biomarcador de envelhecimento analisado), os resultados mostraram: a) não foram encontradas diferenças significativas quando o comprimento relativo médio dos telômeros foi comparado entre os sexos ($p >$

0,05); b) foi observado um comprimento relativo significativamente maior em molares ($p < 0,001$).

FONTES DE DNA

Dentes

A singularidade das características anatômicas, histológicas, físicas e químicas dos tecidos dentários é útil para a aquisição crucial de provas oriundas dos dentes em investigações de identificação. Mesmo nas condições em que os dentes não possam ser empregados de maneira satisfatória em comparações de identificação dentária (devido à ausência ou insuficiência de registros ante-mortem), os dentes apresentam vantagens como fonte de DNA para identificação genética. Afinal, quando contrastados com os tecidos moles, que degradam-se de forma acelerada, os dentes mantêm uma maior resistência e estabilidade de material[16]. Assim, paralelamente às investigações dentárias convencionais, o DNA dentário representa uma evidência forense ideal e confiável para identificação humana[14].

O DNA dentário pode ser recuperado mesmo em restos humanos mais antigos. Como dito, devido à sua estrutura única, os tecidos dentários são mais resistentes às mudanças ambientais e demonstram degradação de DNA mais lenta ao longo do tempo, até quando comparados com restos de esqueletos. Assim, faz-se uma fonte valiosa de informação em casos de ossadas ou restos humanos. Entretanto, condições como o estado dos dentes, a progressão da idade e a umidade local influenciam nessa análise[9,10].

Ademais, Adserias-Garriga *et al.* (2018)[11] apontaram no estudo a possibilidade de determinação do sexo a partir da polpa e quantidades mínimas de dentina. Entretanto, a eficiência do isolamento do DNA dependia do dente analisado, destacando os molares com os melhores resultados. Márquez-Ruiz *et al.* (2020)[15] sugerem, por sua vez, a viabilidade da abordagem genética, independentemente do tipo de dente analisado, mas ressaltam que os resultados apresentados em seu estudo devem ser considerados com cautela, visto o tamanho limitado da amostra de incisivos, caninos e pré-molares da

pesquisa.

Gawali *et al.* (2021)[12] atestaram em estudo – de análise comparativa da quantidade e qualidade do DNA entre três diferentes tipos de dentes (molares, caninos e incisivos) – o que Kumar *et al.* (2021)[9] puderam também afirmar: a quantidade e a qualidade do DNA obtido variam de acordo com os tecidos dentários, sendo o cemento celular uma das fontes mais confiáveis de DNA nuclear se o tecido pulpar tiver sido perdido. É visto na literatura, então, que a presença cementária proporciona melhores resultados na quantidade e qualidade de DNA. Isso se dá porque o cemento apresenta células-alvo para o DNA nuclear: os cementócitos. Esses são protegidos de vários fatores por se encontrarem bem preservados em lacunas (na matriz do cemento)[12].

A polpa dentária, por sua vez, é rica em células com núcleos e, portanto, possui uma quantidade substancial de DNA. No entanto, ela é suscetível à degradação ou deterioração devido a fatores ambientais, cáries e o processo de envelhecimento. Por outro lado, o esmalte dentário, composto principalmente por minerais, não contém DNA devido à sua natureza acelular. Já a dentina, apesar de não conter células nucleadas, pode aprisionar células odontoblásticas durante o desenvolvimento dentário; além de conter processos odontoblásticos ricos em mitocôndrias e fibras nervosas, o que a torna uma fonte potencial de mtDNA[12,15].

Gawali *et al.* (2021)[12], em seu estudo acerca dos tecidos dentários de dez (10) amostras de dentes sem osso alveolar (quatro molares, três incisivos e três caninos) e dez (10) amostras de dentes com ossos alveolares inseridos, constataram que – embora a dentina seja geralmente considerada uma fonte de DNA nuclear de baixa quantidade, todas as amostras de dentina produziram quantidades suficientes de DNA para gerar um perfil completo de STR – apenas 10,9% dos alelos heterozigotos apresentaram baixo *Peak Height Ratio* (PHR < 0,7), razão entre picos do heterozigoto, que delimita a qualidade do DNA nuclear. Sendo assim, 89,1% dos alelos heterozigotos dos perfis de STR observados na dentina apresentaram boa qualidade de DNA nuclear.

Dentre as amostras analisadas, todas as de cemento produziram DNA nuclear

amplificável suficiente. Além disso, 60% das amostras produziram mais de 100 ng/µL de DNA nuclear, sendo o cemento dos molares o que apresentou a maior concentração de DNA por µL (quando comparado a incisivos e caninos). Por outro lado, 38% dos loci heterozigotos apresentaram PHR baixo (< 0,7), fazendo do DNA do cemento o de menor qualidade dentre os dos outros tecidos estudados[12].

Saliva

Para Gioster-Ramos *et al*. (2021)[10], a saliva desempenha um papel importante em casos policiais pelo fato de ser encontrada em vítimas de vários crimes violentos, além de potencialmente recuperada e digitalizada por meio de marcas de mordidas, pontas de cigarro, selos postais, envelopes, comestíveis, etc. De semelhante modo, Musse *et al.* (2019)[17] afirmam que – visto que as marcas de mordidas são frequentemente encontradas em casos de violência física, sexual e homicídio – o estudo das impressões dentárias na odontologia legal – através de evidências físicas (análise métrica e sobreposição de imagens) e biológicas (análise genética) – mostrou-se cada vez mais importante.

Assim, as abordagens de análise genética têm uma valiosa contribuição à investigação policial[16]. Atualmente, com os avanços na tecnologia biomolecular que melhoraram o isolamento do DNA humano em manchas de saliva seca, é trazida na literatura a importância da coleta de saliva para estudo comparativo do DNA de suspeitos[10,16]. Kapoor e Chowdhry (2018)[13] afirmaram que devido à facilidade de disponibilidade salivar e métodos baratos de coleta e não invasivos, esta tem sido o meio de escolha entre todos os fluidos corporais em investigações forenses. Somado a isso, a preservação e o isolamento do DNA salivar proporcionam uma flexibilidade de trabalho clínico e laboratorial em um baixo custo[17].

As etapas da análise do microbioma salivar envolvem coleta, sequenciamento e interpretação dos dados. Primeiramente, a coleta da amostra de saliva é realizada a partir de diferentes fontes, como mordidas, *lip prints* ou mesmo objetos próximos ao local de crime. A amostra é então preservada para garantir a integridade do DNA

presente nela[13]. Musse *et al*. (2019)[17] observaram, através de revisão bibliográfica, a ocorrência de evidência biológica – de ácido desoxirribonucleico (DNA) salivar – em diversos alimentos encontrados em cenas do crime: maçãs, queijos, chocolates, laranjas, pepinos, biscoitos, tortas, chicletes, pães e outros. Além disso, é sabido que a mDNA do DNA salivar pode fornecer a idade de uma pessoa com aproximadamente 5 anos de precisão[13]. É dito também que, por conta das dificuldades de comparação física do local de uma lesão cutânea às arcadas dentárias do suspeito, a análise de DNA na saliva faz-se, assim, uma excelente alternativa de identificação[17].

Outrossim, foi sugerido o conceito de assinatura salivar (SS) a partir de técnicas de sequenciamento de última geração, como o sequenciamento de 16S rRNA e Sequenciamento Completo de Genoma (WGS), utilizadas para identificar a distribuição taxonômica das bactérias presentes na saliva. Isso é feito com o objetivo de classificar e comparar diferentes tipos de bactérias, podendo oferecer informações valiosas sobre a composição microbiana única de cada indivíduo. Em suma, essa nova área de pesquisa salivar (relacionada ao estudo do microbioma humano), vê que: o DNA microbiano presente na secreção salivar, quando combinado com biomarcadores e com uma documentação devida, pode fornecer informações vitais sobre o estilo de vida do suspeito, coabitação e condição médica; o que auxilia nas investigações criminais. Visto que a odontologia forense inevitavelmente usa os dentes para a reconstrução do perfil de indivíduos por meio da avaliação de idade e gênero, isso pode ser fortalecido ainda mais pela assinatura salivar, para determinar um perfil biológico completo do indivíduo. Embora a análise do microbioma salivar ofereça um potencial promissor na odontologia forense, algumas limitações devem ser consideradas. A vasta diversidade dos microbiomas salivares pode apresentar desafios estatísticos na identificação individual. Além disso, há um longo caminho a ser percorrido na exploração de biomarcadores específicos para diferentes doenças sistêmicas e orais[13].

Musse *et al*. (2019)[17], em sua pesquisa sobre a recuperação de DNA em marcas de mordida, utilizaram 80 *swabs* em diferentes tipos de coleta – úmidos da periferia da mordida (WP); secos da periferia da mordida (DP); úmidos do centro da mordida (WC);

e secos do centro da mordida (DC) – para a quantificação de DNA salivar presente em pedaços de queijo (n = 20, para cada tipo de coleta), mordidos pelo mesmo indivíduo. Seus resultados apontaram que, em análise comparativa, as coletas na região central da mordida (DC e WC) foram as que apresentaram melhor reprodutibilidade (maior concentração de DNA extraído). Em contraste, os *swabs* na periferia da mordida, mostraram coeficientes de variação significativos quando comparados com os centrais: WC = 9,51%, DC = 7,31%, WP = 17,47% e DP = 39,04%, calculados a partir de softwares estatísticos de escalas logarítmicas e utilizando-se do artifício matemático de coeficiente de correlação de postos de Spearman. Ademais, foi exprimida a eficácia da técnica de *swabs* duplos para a coleta de materiais genéticos em marcas de mordida. Quando se tratando de mordidas em alimentos, uma única coleta no centro da marca – visto que o *swabs* seco no centro da mordida obteve melhores resultados – seria suficiente, otimizando os recursos e o tempo necessário para a análise.

Osso alveolar

O osso alveolar passa por um constante remodelamento durante e após o desenvolvimento do dente, isso resulta em um maior número de células osteoclásticas multinucleadas, sendo, portanto, uma boa fonte de DNA nuclear[12]. Gawali *et al*. (2021)[12] citam o seu estudo como o primeiro da literatura a mostrar efetivamente que o osso alveolar ligado aos dentes humanos pode ser usado para perfil de STR em casos forenses.

Foram avaliados um total de quatorze (14) amostras de osso alveolar (maxila e mandíbula) em que, a partir daí, foi relatado que o DNA do osso alveolar não é afetado pela idade avançada de um indivíduo, pois as amostras de homens de 69 a 78 anos apresentaram perfis completos de STR[12].

A confiabilidade dos dados para o DNA do osso alveolar se deu por meio de 68% dos loci totais apresentarem mais de 1.000 unidades de fluorescência relativa (RFU), uma medida da intensidade de fluorescência emitida pelos marcadores de DNA durante a análise, o que sugere uma detecção quantitativa robusta e confiável desses alelos ao

explorar a qualidade dos picos dos perfis de STR[12].

FATORES POST-MORTEM

Intervalo post-mortem

Mansour *et al.* (2019a)[16] discorrem, por sua vez, que os fatores ante-mortem (sexo, idade, tipo e porção do dente) não apresentaram relações significativas no que se refere ao rendimento de DNA dentário, diferentemente dos fatores post-mortem (*post-mortem interval* ou intervalo post-mortem - PMI ou IPM, condição póstuma e ambiente); demonstraram no estudo altas concentrações de DNA em corpos (queimados ou frescos) cujos PMIs não excederam 1-2 dias. De modo concordante, Kumar *et al.* (2021)[9] mostraram, nos resultados de sua pesquisa, que quando a análise foi realizada no mesmo dia ou após um dia (PMI < 2), a maioria dos perfis genéticos gerou resultados completos (perfil de 100%), enquanto amostras obtidas após dois dias apresentaram alguns perfis parciais. Vale salientar, porém, que dentes intactos enviados para análise resultaram em perfis completos, mesmo além de quatro dias após a morte.

Inostroza *et al*. (2020)[8] trouxeram resultados de amostras (medidas com qPCR – PCR quantitativo em tempo real) com valores de quantidade de DNA entre 0,001–134 µg/µL, numa pesquisa em 11 dentes de doadores de ambos os sexos (7 homens e 4 mulheres), com idades entre 18 e 54 anos e PMI dos dentes de 7 dias a 18 anos. Desse modo, seus resultados sugeriram também uma relação inversamente proporcional entre o PMI e a pontuação STR. Sendo assim, a causa da morte e o intervalo pós-morte são prováveis fatores-chave a serem considerados na análise bioquímica de um elemento dental de um cadáver humano[11].

A pesquisa de Mansour *et al.* (2019a)[16] analisou 95 dentes de 39 corpos, que foram submetidos a diferentes condições pós-mortem em casos reais de trabalho forense. O grupo estudado era formado por 29 homens e 10 mulheres, com idades variando de 22,3 a 85,3 anos. O PMI variou amplamente, de 1 dia a aproximadamente 70 anos. Dos elementos em questão foram realizadas 179 extrações de DNA para avaliação em várias

condições reais. Em seus resultados, calculados a partir de softwares estatísticos de escalas logarítmicas e utilizando-se do artifício matemático de coeficiente de correlação de postos de Spearman, foi apresentada uma correlação negativa considerável entre o intervalo pós-mortem e a quantificação de DNA ($r = -0.68$, $p < 0.001$). A maior quantidade de DNA da pesquisa em questão foi observada em amostras dentárias representando o menor PMI (≤ 10 dias): média de concentração de DNA de 1227,9pg/100 mg/µL. A concentração de DNA diminuiu substancialmente a partir do grupo 2 (após 10 dias de PMI): média de 9,5pg/100 mg/µL para o grupo 2 (10 < PMI ≤ 100 dias); 4,2pg/100 mg/µL para o grupo 3 (100 < PMI ≤ 1000 dias); e 1,4pg/100 mg/µL para o grupo 4 (PMI > 1000 dias). Assim, o DNA isolado de amostras dentárias com mais de 10 dias de PMI apresentava-se vulnerável a danos consideráveis.

Condições adversas

Em casos de impactos violentos e explosões de acidentes aéreos, atos terroristas e desastres naturais, muitas vezes os corpos das vítimas ficam expostos a condições adversas por longos períodos de tempo e passam por uma decomposição acelerada. Assim, os tecidos disponíveis para análise de material biológico geralmente se limitam a ossos e/ou dentes[8]. Mansour *et al.* (2019a)[16] citaram que o DNA dentário obtido de dentes armazenados em solo por mais de 6 semanas sofreu uma diminuição considerável na concentração: redução maior que 90%[3,16]. Em concordância, os melhores resultados foram observados em corpos que permaneceram em ambientes secos, relativamente afastados de produtos químicos ambientais e exposição à luz ultravioleta (UV), onde não se espera mudanças drásticas no pH, umidade ou temperatura (em comparação com ambientes externos)[1,16].

Em situações de incêndio, ao se refletir acerca das condições circunstanciais relacionadas, normalmente é possível a descoberta dos corpos queimados pouco tempo após a morte. Dessa forma, apesar do grave grau de danos causados pelo fogo, os corpos examinados revelaram um estado relativamente bom das raízes dos dentes. A preservação das raízes é explicada devido à proteção anatômica proporcionada pelos

ossos alveolares circundantes e outros componentes de suporte do periodonto, tal como pelas estruturas musculares orais próximas[16].

Kumar *et al.* (2021)[9] realizaram a perfilação de DNA de noventa e cinco dentes (n = 95) de corpos de pessoas não identificadas recuperados em diferentes condições. A maioria dos corpos foi recuperada em condições de decomposição avançada, parcialmente decompostos, frescos, esqueletizados, em estágio avançado de decomposição e parcialmente queimados, respectivamente. Através da análise de STR, a pesquisa acabou por resultar em perfis de DNA completos em 100% dos casos para corpos esqueletizados e parcialmente queimados. Em relação às outras condições, os perfis de DNA obtidos variaram: para corpos em decomposição avançada, 71% apresentaram perfis completos, 24% perfis parciais e 5% sem resultados; para corpos decompostos, 87% apresentaram perfis completos, 8% perfis parciais e 5% sem resultados; para corpos frescos, 70% exibiram perfis completos, 20% perfis parciais e 10% sem resultados; já nos corpos parcialmente decompostos, 91% exibiram perfis completos, 4% perfis parciais e 5% sem resultados.

Já Mansour *et al.* (2019a)[16] apontaram em estudo que: as concentrações mais baixas de DNA foram encontradas em corpos completamente esqueletizados e exumados, ou seja, que foram deixados em seus respectivos ambientes por um longo período após a morte (PMI excede vários anos na maioria dos casos).

CONCLUSÃO

A aplicabilidade do DNA na identificação humana, através da odontologia forense, dá-se a partir de diferentes técnicas de análise do ácido desoxirribonucleico, entre as quais podem ser citadas: STR, mDNA, análise de SNPs e análise de alossomos. Além disso, tem sua importância justificada na obtenção de perfis genéticos completos e únicos, por meio dos recursos bioquímicos odontológicos (via dentária, salivar e de osso alveolar), utilizados como uma peça valiosa na identificação de vítimas em desastres em massa e na resolução policial em casos de crimes violentos.

REFERÊNCIAS

1. Garcia AA, Muñoz I, Pestoni C, Lareu MV, Rodríguez-Calvo MS, Carracedo A. Effect of environmental factors on PCR-DNA analysis from dental pulp. Int J Legal Med [Internet]. 1996;109(3):125–9. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8956985/

2. Corradi LM, Travassos DV, Coste SC, Moura RNV de, Ferreira EF e. Identifying missing people: the contribution of forensic dentistry and DNA. Rev Odontol UNESP [Internet]. 2017;46(6):313–8. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1590/1807-2577.02817

3. Pfeiffer H, Hühne J, Seitz B, Brinkmann B. Influence of soil storage and exposure period on DNA recovery from teeth. Int J Legal Med [Internet]. 1999;112(2):142–4. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10048676/

4. Carrasco P, Inostroza C, Didier M, Godoy M, Holt CL, Tabak J, et al. Optimizing DNA recovery and forensic typing of degraded blood and dental remains using a specialized extraction method, comprehensive qPCR sample characterization, and massively parallel sequencing. Int J Legal Med [Internet]. 2020;134(1):79–91. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1007/s00414-019-02124-y

5. Kaur S, Krishan K, Chatterjee PM, Kanchan T. Analysis and identification of bite marks in forensic casework. Oral Health Dent Manag [Internet]. 2013;12(3). Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24352302/

6. Calacal GC, Apaga DLT, Salvador JM, Jimenez JAD, Lagat LJ, Villacorta RPF, et al. Comparing different post-mortem human samples as DNA sources for downstream genotyping and identification. Forensic Sci Int Genet [Internet]. 2015;19:212–20. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.07.017

7. Dessen E. Editorial. Genet Esc [Internet]. 2022;17(2). Disponível em: https://geneticanaescola.emnuvens.com.br/revista/article/view/434

8. Inostroza C, Carrasco P, Godoy M, Gatti G, Paulino B. Dental Forensic Kit (DFK®) and Quick ExtractTM FFPE DNA extraction kit, a new workflow for obtaining dental DNA for human genetic identity. J Forensic Leg Med [Internet]. 2020;73(101992):101992. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32658750/

9. Kumar N, Aparna R, Sharma S. Effect of postmortem interval and conditions of teeth on STR based DNA profiling from unidentified dead bodies. J Forensic Leg Med [Internet]. 2021;83(102246):102246. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1016/j.jflm.2021.102246

10. Gioster-Ramos ML, Silva ECA, Nascimento CR, Fernandes CM da S, Serra M da C. Técnicas de identificação humana em Odontologia Legal. Res Soc Dev [Internet]. 2021;10(3):e20310313200. Disponível em: http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i3.13200

11. Adserias-Garriga J, Thomas C, Ubelaker DH, C. Zapico S. When forensic odontology met biochemistry: Multidisciplinary approach in forensic human identification. Arch Oral Biol [Internet]. 2018;87:7–14. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1016/j.archoralbio.2017.12.001

12. Gawali R, Kaur A, Shukla M, Ganatra H, Ekka MM, Patel BC. Comparative evaluation of different human dental tissues and alveolar bone for DNA quantity and quality for forensic investigation. Forensic Sci Int [Internet]. 2021;325(110877):110877. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1016/j.forsciint.2021.110877

13. Kapoor P, Chowdhry A. Salivary signature in forensic profiling: A scoping review. J Forensic Dent Sci [Internet]. 2018;10(3):123. Disponível em: http://dx.doi.org/10.4103/jfo.jfds_30_18

14. Mansour H, Sperhake JP, Bekaert B, Krebs O, Friedrich P, Fuhrmann A, et al. New aspects of dental implants and DNA technology in human identification. Forensic Sci Int [Internet]. 2019;302(109926):109926. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1016/j.forsciint.2019.109926

15. Márquez-Ruiz AB, González-Herrera L, Luna J de D, Valenzuela A. DNA methylation levels and telomere length in human teeth: usefulness for age estimation. Int J Legal Med [Internet]. 2020;134(2):451–9. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1007/s00414-019-02242-7

16. Mansour H, Krebs O, Pinnschmidt HO, Griem N, Hammann-Ehrt I, Püschel K. Factors affecting dental DNA in various real post-mortem conditions. Int J Legal Med [Internet]. 2019;133(6):1751–9. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1007/s00414-019-02151-9

17. Musse JO, Marques JAM, Remualdo V, Pitlovanciv AK, da Silva CAL, Corte-Real F, et al. Deoxyribonucleic acid extraction and quantification from human saliva deposited on foods with bitemarks. J Contemp Dent Pract [Internet]. 2019;20(5). Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31316015/

ANEXO A - NORMAS DA REVISTA

REVISTA CIÊNCIA PLURAL

INSTRUÇÕES SOBRE OS MANUSCRITOS

A Revista Ciência Plural-RCP, aceita submissões de artigos originais em português, inglês e espanhol, relatos de experiência, análise documental, revisão integrativa, artigos de revisão sistemática e meta-análise (estudos quantitativos), artigos de revisão sistemática e metassíntese (estudos qualitativos), relatos de casos clínicos e números especiais (anais de eventos). Para ser considerado publicável na RCP em qualquer uma dessas categorias **o artigo deverá ter um mínimo de 10 páginas**, excluindo as Referências (**em número mínimo de 10**). Artigos menores que 10 páginas, segundo nossas diretrizes são considerados Resumos expandidos ou ampliados.

Artigos originais, relatos de experiência, análises documentais, revisões integrativas, revisões sistemáticas com meta-análise e revisões sistemáticas com metassíntese devem apresentar a seguinte estrutura:

- Introdução: deve ser curta, definindo o problema estudado, sintetizando sua importância e destacando as lacunas do conhecimento que serão abordadas no artigo. Seu último parágrafo deve conter os objetivos da pesquisa;
- Revisão ou referencial teórico: deve ter um aporte da literatura pertinente, mostrando casos semelhantes, falando sobre diagnóstico, prognóstico, tratamento etc;
- Metodologia: deve incluir as fontes de dados, a população estudada, amostragem, critérios de seleção, critérios de inclusão, procedimentos analíticos, dentre outros, os quais devem ser descritos de forma compreensiva e completa, mas sem prolixidade;
- Resultados: deve descrever os resultados encontrados incluindo interpretações/comparações;
- Discussão: deve incluir a apreciação dos autores sobre as limitações do estudo, a comparação dos achados com a literatura, a interpretação dos autores sobre os resultados obtidos e suas principais implicações e a eventual indicação de caminhos para novas pesquisas;
- Resultados e Discussão: a Revista Ciência Plural permite que os resultados e discussão sejam escritos num único bloco quando o (s) autor (es) assim o preferir;
- Conclusões: deve conter a síntese dos resultados sem, entretanto, repeti-los. Podem ser apontadas em tópicos ou escritas de forma cursiva;
- **Resumo:** deve ser apresentado no **FORMATO ESTRUTURADO**, com o mínimo de 150 e o máximo de 300 palavras, em cada uma das línguas, contendo **introdução, objetivo, metodologia, resultados e conclusão DESTACADOS EM NEGRITO** no texto do resumo e seus correspondentes nos resumos em inglês (abstract) e resumo em espanhol (resumen). Os textos nos idiomas em inglês e espanhol equivalentes ao ABSTRACT e RESUMEN deverão ser elaborados por um **"Tradutor juramentado"** ou que tenha formação no idioma em apreço, podendo ser professor de escola reconhecida como por exemplo FISK, YAGIZI, dentre outras. Dessa forma o **certificado ou declaração fornecida e assinada pelo tradutor** atestando a devida formação deverá ser inserido como documento anexo na submissão ou na versão final do artigo. **A declaração do tradutor é absolutamente indispensável** para a publicação.
- **Todas as palavras chave** deverão ser incluídas obrigatoriamente nos metadados no momento da submissão.
- Tabelas, gráficos e figuras, ilustrações em geral: **são limitadas a 5 no máximo**, devendo incluir apenas os dados imprescindíveis, evitando-se tabelas muito longas. As figuras não devem repetir dados já descritos nas tabelas. Qualquer ilustração deverá ter após o título, a cidade/estado e ano que foi elaborada.
- Referências: (**mínimo de 10 e máximo de 25 referências,** exceto os casos das revisões integrativas e sistemáticas que poderão ultrapassar o número máximo) devem incluir apenas aquelas estritamente pertinentes e relevantes à problemática abordada. Deve-se evitar a inclusão de número excessivo de referências numa mesma citação. Citações de documentos não publicados e não indexados na literatura científica devem ser evitadas. **Todos os artigos da lista** de Referências **deverão ter o DOI acrescentado no final** das informações do artigo (volume, número, páginas). Na inexistência do DOI, coloca-se a URL do **site onde o artigo está publicado.**

FORMATAÇÃO DO TEXTO

O texto todo deverá seguir o modelo do template no que se refere ao título e formato da fonte.

Título original: em caixa alta, fonte book antíqua, tamanho 18 com no **máximo 20 palavras**;

Título em inglês e espanhol: em caixa baixa, fonte book antíqua, tamanho 14, itálico e também não deverão ultrapassar **20 palavras** cada um;

Corpo do texto: fonte book antiqua, tamanho 12, justificado; espaçamento 1,5 entre linhas;

Resumos (resumo, abstract e resumen): fonte book antiqua, tamanho 12; justificado, **espaçamento simples**. Os resumos em inglês e espanhol deverão ser elaborados por um **"Tradutor juramentado"** e o **certificado ou declaração do tradutor** inserido como anexo na submissão ou na versão final. Os resumos em português e os em língua estrangeira, cada um deverá ter o **mínimo de 150 e o máximo de 300 palavras**. Apenas os resumos e as referências são apresentados em espaço simples.

Margens: 2,5cm (superior, esquerda, inferior e direita);

Condições para submissão

Como parte do processo de submissão, os autores são obrigados a verificar a conformidade da submissão em relação a todos os itens listados a seguir. As submissões que não estiverem de acordo com as normas serão devolvidas aos autores.

- ✔ A contribuição deverá ser original e inédita, e não estar sendo avaliada para publicação por outra revista; caso contrário, deve-se justificar em "comentários ao editor".
- ✔ O arquivo da submissão deverá estar em formato Microsoft Word, seguindo as informações contidas no Template disponível em download.
- ✔ O texto deverá estar em espaço 1,5 e usar fonte 12 Book Antiqua. As ilustrações, sejam figuras, tabelas e gráficos deverão ser inseridas no texto, à medida que forem citadas e não no final do documento na forma de anexos.
- ✔ O texto não deverá conter informações referentes aos autores, garantindo dessa forma a avaliação às cegas. Essas informações deverão ser inseridas nos metadados do artigo durante o processo de cadastro do trabalho no sistema OJS, além da Declaração de Contribuição dos Autores.
- ✔ O artigo está com todas as referências no formato recomendado (VANCOUVER), devidamente citadas no texto, além do seguimento de todas as instruções aos autores.