

MICROBIOLOGIA FORENSE NA SUCESSÃO MICROBIANA: ESTUDOS PRÉ-CLÍNICOS

BENTO.L.E.R. F.¹; DUARTE.A.S.²

Palavras-chave: Modelos Animais. Necrobioma. Tanatomiobioma.

INTRODUÇÃO

A estimativa precisa do Intervalo Pós-Morte (IPM) é um dos pilares mais desafiadores da ciência forense, fornecendo informações cruciais para a reconstrução de eventos em uma investigação criminal (Henssge; Madea, 2007). Diante das limitações dos métodos tanatológicos clássicos, a busca por novos biomarcadores que ofereçam um "relógio biológico" mais duradouro e preciso tornou-se uma prioridade na pesquisa forense (Deel *et al.*, 2021).

As comunidades de microrganismos associadas à decomposição cadavérica, coletivamente conhecidas como necrobioma, emergiram como uma ferramenta de investigação de grande potencial. O princípio fundamental por trás dessa abordagem é que, após a morte do hospedeiro e a cessação da homeostase, as comunidades microbianas sofrem uma sucessão ecológica padronizada e temporalmente previsível. Estudos pioneiros demonstraram que a composição e a abundância relativa de bactérias e fungos mudam de maneira consistente ao longo das diferentes fases da decomposição, refletindo a disponibilidade de nutrientes e as alterações físico-químicas do cadáver (Metcalf *et al.*, 2016; Javan *et al.*, 2016).

Esta sucessão microbiana é a base da tanatomiobiologia, uma subdisciplina da microbiologia forense focada em utilizar o necrobioma para fins periciais. A análise se concentra tanto nos microrganismos endógenos, que se translocam a partir do trato gastrointestinal para outros órgãos (*thanatomiobiome*), quanto nos microrganismos

¹ Lucas Emanuel Ryan Fagundes Bento. Acadêmico do Curso de Bacharelado em Biomedicina da Faculdade de Apucarana – FAP. Apucarana – PR. 2025

² Andréa Sabag Duarte. Orientadora. Especialista. Docente do Curso de Bacharelado em Biomedicina da Faculdade de Apucarana – FAP. Apucarana – PR. 2025.

exógenos, provenientes do ambiente circundante, como o solo (*epinecrotic microbiome*) (Hyde *et al.*, 2013; Cobaugh *et al.*, 2015).

OBJETIVO

O objetivo deste trabalho é analisar, através de uma revisão de literatura, como os estudos pré-clínicos validam o uso da tanatomiobiologia para estimar o intervalo pós-morte. A análise busca evidenciar as alterações microbianas iniciais e o uso de modelos computacionais para essa predição.

METODOLOGIA

Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, realizada a partir de artigos científicos originais publicados nas bases de dados Scopus, PubMed, Scielo e Google Acadêmico. A busca utilizou os descritores "thanatomiobiome", "necrobiome", "forensic microbiology" e "postmortem interval", com um recorte temporal de 2015 a 2024. A análise foi direcionada para sintetizar os principais achados sobre a sucessão microbiana em estudos pré-clínicos, excluindo teses, monografias, trabalhos publicados em anais e trabalhos que não apresentassem relação com os objetivos da pesquisa.

DESENVOLVIMENTO

A análise dos estudos pré-clínicos selecionados revela as duas faces complementares da tanatomiobiologia: a base biológica da sucessão microbiana e a aplicação de modelos computacionais para traduzir essa biologia em uma estimativa forense. Os modelos animais, murino e suíno, desempenham papéis distintos, porém convergentes, nesse processo de validação.

O estudo de Martínez Aragonés *et al.* (2022), utilizando o modelo murino, focou nas críticas primeiras 12 horas pós-morte. A escolha desse modelo se justifica por permitir um controle experimental rigoroso, ideal para investigar mecanismos fundamentais. Os resultados demonstraram que o relógio microbiano começa a funcionar imediatamente, com um aumento inicial de bactérias aeróbicas no intestino

que consomem o oxigênio residual. Esta mudança inicial no ambiente físico-químico desencadeia uma cascata de alterações na comunidade microbiana, marcando o início da sucessão ecológica.

Por outro lado, o trabalho de Belk *et al.* (2018) utilizou o modelo suíno, escolhido por suas notáveis semelhanças anatômicas, fisiológicas e de microbiota com humanos, conferindo uma maior aproximação com a realidade forense. Os autores descreveram a sucessão microbiana em tecidos e no solo ao longo das diferentes fases de decomposição, destacando a variação na abundância de filos dominantes como Firmicutes e Bacteroidetes. A principal inovação do estudo, no entanto, foi a aplicação de algoritmos de machine learning. Essa abordagem se mostrou capaz de correlacionar os complexos padrões microbianos com o IPM, demonstrando que é possível construir modelos preditivos de alta acurácia a partir desses dados biológicos. Os achados-chave de ambos os estudos estão sintetizados no quadro 1.

Quadro 1 – Síntese dos achados dos estudos pré-clínicos analisados

Referência (Autor, Ano)	Modelo Experimental	Tipo de Amostra/Ambiente	Principais Gêneros/Filos Identificados (e Fase Associada)
Martínez Aragonés <i>et al.</i> (2022)	Murino (camundongo)	Intestino (ceco)	Fase Fresca (0-12h): Diminuição da diversidade alfa. Aumento de <i>Enterobacteriaceae</i> e <i>Lachnospiraceae</i> ; decréscimo de <i>Bacteroidaceae</i> .
Belk <i>et al.</i> (2018)	Suíno (<i>Sus scrofa domestica</i>)	Tecidos diversos e solo	Fases Múltiplas: Predominância e variação de <i>Firmicutes</i> e <i>Bacteroidetes</i> . Aplicação de <i>Random Forest</i> para correlação com IPM/ADD.

Fonte: elaborado pelos autores (2025).

Os estudos pré-clínicos, embora fundamentais, não podem ser vistos de forma os estudos pré-clínicos, embora fundamentais. Eles fornecem um alicerce que deve ser contextualizado pelos grandes desafios da microbiologia: a variabilidade entre indivíduos e a influência do ambiente.

Primeiramente, a extrapolação para humanos é complexa. O trabalho de base The Human Microbiome Project Consortium (2012) revelou que o microbioma *ante-mortem* é altamente personalizado. As imensas características individuais representam um fator que pode mascarar o processo universal da sucessão pós-morte. É aqui que o papel dos modelos animais se torna fundamental: eles permitem

estudar o processo de forma controlada, estabelecendo uma linha de base antes de se enfrentar a complexidade humana.

Em segundo lugar, a decomposição é um processo ecológico que depende do local onde ocorre. Pesquisas filogenéticas, como a de Von Mering *et al.* (2007), demonstram que diferentes ambientes (solo, água, etc.) selecionam comunidades microbianas distintas. Isso implica que um modelo preditivo de IPM treinado em um ecossistema específico não pode ser universalmente aplicado. A validação em modelos animais em múltiplos ambientes é, portanto, indispensável para construir os bancos de dados que alimentarão os futuros algoritmos forenses.

CONCLUSÕES

A análise dos estudos pré-clínicos de Belk *et al.* (2018) e Martínez Aragonés *et al.* (2022) evidencia que os modelos animais são ferramentas complementares e essenciais para a tanatomiologia. O modelo murino permite a elucidação detalhada de mecanismos nas fases iniciais, enquanto o modelo suíno oferece uma maior aproximação da realidade forense humana, sendo ideal para o treinamento de modelos preditivos.

Embora a validação em humanos seja o objetivo final, os estudos pré-clínicos fornecem o alicerce indispensável sobre o qual a área deve ser construída. Eles permitem controlar a imensa variabilidade individual e ambiental, fatores identificados pela pesquisa como fundamentais em microbioma. Conclui-se que os estudos pré-clínicos são o caminho mais seguro e preciso para fortalecer a construção de um "relógio microbiano" preciso, consolidando a tanatomiologia como uma ferramenta de grande valor na estimativa do intervalo pós-morte e, assim, respondendo ao objetivo proposto neste trabalho.

REFERÊNCIAS

BELK, A. et al. Microbiome data accurately predicts the postmortem interval using random forest regression models. *Genes*, v. 9, n. 2, p. 104, 2018.
DOI: <https://doi.org/10.3390/genes9020104>.

COBAUGH, K. L. et al. Microbial ecology of the decomposition of two human cadavers in a natural terrestrial environment. *Forensic Science International*, v. 253, p. 1-8, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2015.05.019>.

DEEL, H. L. et al. The Thanatomiobiome: A Review of the Postmortem Microbiome and its applications in Forensic Science. *Forensic Science International*, v. 320, 110708, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2021.110708>.

HENSSGE, C.; MADEA, B. Estimation of the time since death. *Forensic Science International*, v. 165, n. 2-3, p. 182-184, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.05.017>.

HYDE, E. R. et al. The living dead: bacterial community structure of a cadaver at the onset and end of the bloat stage of decomposition. *PLoS ONE*, v. 8, n. 10, e77733, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0077733>.

JAVAN, G. T. et al. The thanatomiobiome: a missing piece of the microbial puzzle of death. *Frontiers in Microbiology*, v. 7, p. 225, 2016. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00225>.

MARTÍNEZ ARAGONÉS, P. et al. Dynamic Changes of the Gut Microbiota in the First 12 Hours Postmortem in a Mouse Model. *Journal of Forensic Sciences*, v. 67, n. 4, p. 1585-1594, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/1556-4029.15026>.

METCALF, J. L. et al. Microbial community assembly and metabolic function during mammalian corpse decomposition. *Science*, v. 351, n. 6269, p. 158-162, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aad2646>.

THE HUMAN MICROBIOME PROJECT CONSORTIUM. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, v. 486, n. 7402, p. 207-214, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature11234>

VON MERING, C. et al. Quantitative phylogenetic assessment of microbial communities in diverse environments. *Science*, v. 315, n. 5815, p. 1126-1130, 2007. Disponível em: <https://escholarship.org/uc/item/6s11w80v>. Acesso em: 15 ago. 2025.