



4º CONGRESSO ALAGIPE DE CÂNCER DE PULMÃO

31 DE JULHO E
1º DE AGOSTO DE 2026
RITZ LAGOA DA ANTA
MACEIÓ/AL

REALIZAÇÃO:



ORGANIZAÇÃO:



ACURÁCIA DIAGNÓSTICA DA METILAÇÃO DO DNA TUMORAL CIRCULANTE NA DETECÇÃO PRECOCE DO CÂNCER DE PULMÃO: REVISÃO SISTEMÁTICA DA LITERATURA

4º CONGRESSO ALAGIPE DE CÂNCER DE PULMÃO, 4ª edição, de 31/07/2026 a 01/08/2026
ISBN dos Anais: 978-65-5465-188-2

MORAES; Aldrey Luzia Souza¹, CASADO; Carolina Barbosa², SOUSA; João Gabriel Albuquerque de³, CORRÊA; Melkzedek Sales⁴, LOUREIRO; Natália Araújo⁵, OLIVEIRA; Alex Sidney dos Santos⁶

RESUMO

INTRODUÇÃO O câncer de pulmão é a principal causa de morte por câncer no mundo, com cerca de 1,8 milhão de óbitos anuais. O diagnóstico tardio em estágios avançados limita a sobrevida em cinco anos a 10-15%, ao passo que a detecção em estágio I pode elevá-la a 70%. A tomografia de baixa dose (TCBD) apresenta limitações, como alta taxa de falsos-positivos na diferenciação de nódulos malignos e benignos. O DNA tumoral circulante (ctDNA) metilado surge como biomarcador epigenético não invasivo, detectável em plasma. A hipermetilação de genes supressores de tumor, como SHOX2, RASSF1A e SEPT9, constitui evento precoce e estável na carcinogênese pulmonar. **OBJETIVO** Avaliar as evidências sobre a acurácia diagnóstica da metilação do ctDNA na detecção precoce do câncer de pulmão, com foco em sensibilidade, especificidade e área sob a curva ROC (AUC). **METODOLOGIA** Trata-se de uma revisão sistemática conduzida conforme PRISMA. Pesquisas realizadas no PubMed, Scopus e Web of Science com os descritores: Lung Neoplasms, Circulating Tumor DNA, methylation e Early Detection of Cancer. Incluíram-se estudos originais em humanos, publicados de 2020 a 2025, disponíveis integralmente em português, inglês ou espanhol, que avaliassem metilação do ctDNA com desfechos diagnósticos quantificáveis. Excluíram-se revisões, meta-análises, cartas ao editor, relatos de caso e estudos exclusivamente prognósticos. **RESULTADOS E DISCUSSÃO** Seis estudos originais foram incluídos, totalizando 2.607 participantes. Os biomarcadores mais estudados foram SHOX2, RASSF1A, PTGER4 e painéis multigênicos. Gu *et al.* (2025) demonstraram que a combinação SHOX2 e RASSF1A (ensaio LungMe) em lavado brônquico alcançou AUC de 0,967, sensibilidade de 95,3% e especificidade de 97,8% em 173 pacientes. Wang *et al.* (2023) desenvolveram o ensaio LunaCAM em plasma (n=685), com AUC de 0,90 para rastreamento (sensibilidade 90,6%) e AUC de 0,81 para diagnóstico diferencial com patologias benignas (especificidade 83,3%). Hu *et al.* (2023) avaliaram um painel de 7 regiões diferencialmente metiladas em plasma, com AUC de 0,97, sensibilidade de 89% e especificidade de 94% na coorte de descoberta, replicados em validação independente. Ji *et al.* (2024) confirmaram, em

¹ UNIMA/AFYA, aldreylsmoraes@gmail.com

² UNIMA/AFYA, carolbcasado@hotmail.com

³ UNIMA/AFYA, jgalbuquerqueousa@gmail.com

⁴ UNIMA/AFYA, mknil2002@gmail.com

⁵ UNIMA/AFYA, natalialoureiro.medicina@gmail.com

⁶ UNIMA/AFYA, alex.sidney@outlook.com

240 pacientes com amostras de células esfoliativas brônquicas, que o ensaio combinado de metilação superou a imunohistoquímica convencional, com incremento de 13 pontos percentuais na sensibilidade para estágios iniciais. Zhang *et al.* (2025) e Liu *et al.* (2024) corroboraram que a metilação combinada de SHOX2 e RASSF1A supera marcadores séricos como CEA e CYFRA 21-1. As principais limitações incluem heterogeneidade de plataformas, predominância de coortes asiáticas e ausência de padronização nos limiares de positividade. **CONCLUSÃO** A metilação do ctDNA apresenta acurácia elevada para detecção precoce do câncer de pulmão, com desempenho superior aos marcadores séricos convencionais. Painéis multigênicos envolvendo SHOX2 e RASSF1A destacam-se como os mais promissores. A integração desses biomarcadores ao rastreamento por TCBD representa abordagem complementar com potencial clínico real. Estudos prospectivos multicêntricos com populações diversas são necessários para validação e implementação nos programas de rastreamento.

PALAVRAS-CHAVE: Biópsia líquida, Biomarcadores epigenéticos, Câncer de pulmão, Diagnóstico precoce, Metilação do DNA

¹ UNIMA/AFYA, aldreylsmoraes@gmail.com

² UNIMA/AFYA, carolbcasado@hotmail.com

³ UNIMA/AFYA, jgalbuqueresousa@gmail.com

⁴ UNIMA/AFYA, mknil2002@gmail.com

⁵ UNIMA/AFYA, natalialoureiro.medicina@gmail.com

⁶ UNIMA/AFYA, alex.sidney@outlook.com