

PÔSTER - ONCOLOGIA

ESTUDO DO PERFIL DE METILAÇÃO DO DNA NO CÂNCER CERVICAL: VARIAÇÕES ASSOCIADAS À PROGRESSÃO DA DOENÇA E SEU VALOR PREDITIVO PARA TERAPIA E PROGNÓSTICO

Arthur Rodrigues Dos Santos (santosarthur710@gmail.com)

Adão Santiago De Sousa Oliveira (adaosantiagodesousaoliveira@gmail.com)

Isadora Maria Rocha Carvalho (doraism20@gmail.com)

Maria Isabelly Rocha Silva (isabellyrocha@ufdpar.edu.br)

Samarithana Veras Fontenele (samarithanaveras@ufdpar.edu.br)

Karina Oliveira Drumond (karinadrumond@gmail.com)

INTRODUÇÃO: O câncer cervical é uma neoplasia maligna que afeta milhares de mulheres em todo o mundo, sendo considerado um problema de saúde pública. Sua principal causa é a infecção persistente pelo papilomavírus humano (HPV), especialmente pelos tipos de alto risco oncogênico. Alterações epigenéticas, como a metilação do DNA, influenciam a expressão gênica ao longo do progresso da doença, contendo um papel crucial na oncogênese do câncer cervical. Essas alterações, mediante evidências crescentes, indicam que perfis específicos de metilação do DNA estão associados à evolução de lesões

intraepiteliais cervicais até o carcinoma invasivo, refletindo a interação entre o HPV e o epigenoma do hospedeiro. Além disso, padrões epigenéticos revelam-se como potenciais biomarcadores preditivos, úteis na avaliação do prognóstico e da resposta terapêutica. **OBJETIVO:** Caracterizar o perfil de metilação do DNA em câncer cervical ao longo da progressão da doença, avaliando seu potencial como biomarcador preditivo para resposta terapêutica e prognóstico. **METODOLOGIA:** Este estudo trata-se de uma revisão narrativa da literatura realizada por meio da leitura de artigos disponíveis nas bases de dados PubMed/MEDLINE, Web of Science e Biblioteca Virtual em Saúde, utilizando os descritores: “DNA methylation” AND (“cervical cancer” OR “uterine cervical neoplasm”) AND (“disease progression” OR “tumor progression” OR “staging”), abrangendo publicações de 2020 a 2025, em inglês. Ao todo, foram encontrados 66 artigos e após a remoção de duplicatas, artigos fora do escopo e indisponíveis em texto completo de acesso livre, restaram 17 artigos. **RESULTADOS:** A instabilidade genômica é uma característica das células cancerosas e a metilação do DNA é um marcador epigenético importante no câncer cervical, com potencial para detecção precoce, prognóstico e terapia. Estudos prospectivos confirmam a correlação entre o aumento da metilação e o risco de progressão, em que a hipermetilação de PAX1, CADM1 e RARB favorece a invasão e a metástase, associando-se à progressão para CIN2+ e câncer invasivo, indicando um papel ativo desses genes na evolução tumoral. Do mesmo modo, a hipermetilação do promotor do miR-138 reduz sua expressão e está associada à metástase linfática, sugerindo terapias com agentes desmetilantes para restaurar sua função supressora tumoral por meio da regulação negativa de EZH2 e da inibição da EMT. Piores prognósticos estão relacionados à hipermetilação de CDH1 e CDH13 e à hipometilação de STEAP3, cuja superexpressão pode ativar a via JAK/STAT3, ligada à proliferação celular. A análise de metilação de múltiplos genes e miRNAs contribui para entender a progressão da doença e melhorar o diagnóstico e a estratificação de risco. Ademais, a metilação também tem se mostrado promissora na previsão de resposta terapêutica. A presença de metilação no gene BRD9, por exemplo, foi relacionada a um melhor prognóstico, enquanto alterações no gene DOCK8 indicaram possível resistência ao tratamento. **CONCLUSÃO:** O perfil de metilação do DNA fornece informações

indispensáveis acerca do entendimento da progressão tumoral. Sua compreensão, juntamente à utilização desses biomarcadores epigenéticos, possui grande relevância para o desenvolvimento de ferramentas diagnósticas mais sensíveis e intervenções terapêuticas mais eficazes, sendo necessários mais estudos para aplicação da análise epigenética em protocolos clínicos de rotina.

Palavras-chave: neoplasia cervical; biomarcadores epigenéticos; progressão tumoral.