

Metilação do DNA como biomarcador epigenético para o diagnóstico do câncer

Silva, P. T. D.¹; Pereira, A. F. S.¹; Albuquerque, V. G. S.¹

¹Centro Universitário Brasileiro (UNIBRA), Recife, Pernambuco, Brasil

Introdução: A epigenética investiga modificações químicas herdáveis que regulam a expressão gênica sem alterar a sequência do DNA. Entre essas modificações, a metilação do DNA destaca-se como um dos principais mecanismos epigenéticos, consistindo na adição covalente de um grupo metil à citosina, formando 5-metilcitosina. Alterações nos padrões de metilação estão associadas à regulação da cromatina e à modulação da expressão gênica, sendo frequentemente observadas em processos patológicos como o câncer. Considerando as limitações dos métodos diagnósticos convencionais, a identificação de biomarcadores epigenéticos baseados em metilação do DNA surge como uma estratégia promissora para o diagnóstico precoce e diferencial da doença.

Metodologia: Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, baseada na análise de artigos científicos indexados em periódicos nacionais e internacionais, como Revista Pan-Amazônica de Saúde, Cancer Cell International, International Journal of Molecular Sciences, Revista Eletrônica Multidisciplinar de Investigação Científica e DêCiência em Foco. Os estudos selecionados abordam os mecanismos epigenéticos da metilação do DNA e sua aplicação como biomarcador molecular no diagnóstico do câncer, tendo sido publicados entre 2017 e 2024.

Resultados: Os estudos analisados demonstram que células tumorais apresentam hipermetilação em regiões promotoras de genes supressores de tumor e genes de reparo do DNA, levando ao silenciamento gênico, enquanto a hipometilação genômica contribui para a ativação de proto-oncogenes e para o aumento da instabilidade genômica. A metilação do DNA está diretamente relacionada ao metabolismo de um carbono, uma vez que depende da S-adenosilmetionina como doadora de grupos metil. Técnicas biotecnológicas, como PCR específico para metilação, ensaios baseados em bissulfito de sódio e sequenciamento de nova geração, permitem mapear esses padrões com alta sensibilidade e especificidade, possibilitando a identificação de perfis epigenéticos associados à detecção precoce do câncer e à estratificação tumoral.

Conclusão: A metilação do DNA constitui um importante elo entre bioquímica, biotecnologia e aplicação clínica, consolidando-se como um biomarcador epigenético promissor para o diagnóstico precoce do câncer. A compreensão de seus mecanismos bioquímicos, aliada ao uso de ferramentas biotecnológicas avançadas, contribui para o desenvolvimento de abordagens diagnósticas minimamente invasivas e para o avanço da medicina personalizada.

Palavras-chave: epigenética, biomarcadores, câncer, metilação.