



ISSN: 2595-1661

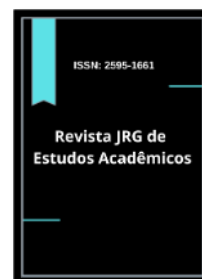
ARTIGO

Listas de conteúdos disponíveis em [Portal de Periódicos CAPES](https://portaldeperiodicos.capes.gov.br)

## Revista JRG de Estudos Acadêmicos

Página da revista:

<https://revistajrg.com/index.php/jrg>



### Rastreamento e biomarcadores genéticos no câncer colorretal: revisão narrativa de evidências recentes

Screening and genetic biomarkers in colorectal cancer: a narrative review of recent evidence

DOI: 10.55892/jrg.v8i19.2780

ARK: 57118/JRG.v8i19.2780

Recebido: 11/12/2025 | Aceito: 17/12/2025 | Publicado on-line: 18/12/2025

#### André Vinicius de Souza Barbosa<sup>1</sup>

<https://orcid.org/0009-0000-0071-778X>

<http://lattes.cnpq.br/9921096392548999>

Universidade de Gurupi-UNIRG, TO, Brasil

E-mail: andre\_vsbb@hotmail.com

#### Leandro Neves Garcia<sup>2</sup>

<https://orcid.org/0009-0006-3787-001X>

<http://lattes.cnpq.br/6737977658885954>

Universidade de Gurupi-UNIRG, TO, Brasil

E-mail: leandronevesgarcia@gmail.com

#### Jodmar Vieira Barroso Junior<sup>3</sup>

<https://orcid.org/0009-0009-6586-5404>

<http://lattes.cnpq.br/3829643265093066>

Universidade de Gurupi-UNIRG, TO, Brasil

E-mail: jodmar.junior@unirg.edu.br

#### Kelry Raianny da Silva Aguiar<sup>4</sup>

<https://orcid.org/0009-0007-3753-7898>

<http://lattes.cnpq.br/3807560968013109>

Universidade de Gurupi-UNIRG, TO, Brasil

E-mail: kelryrsa@gmail.com

#### Thiago Pereira de Melo<sup>5</sup>

<https://orcid.org/0009-0009-6621-4195>

<http://lattes.cnpq.br/8369738732370387>

Universidade de Gurupi-UNIRG, TO, Brasil

E-mail: thiago-pereira10@hotmail.com

#### Elyka Fernanda Pereira de Melo<sup>6</sup>

<https://orcid.org/0000-0003-1743-0675>

<https://lattes.cnpq.br/1301587138385030>

Universidade de Gurupi-UNIRG, TO, Brasil

E-mail: akylenda1@hotmail.com



### Resumo

<sup>1</sup> Graduando em medicina, pela Universidade de Gurupi-UNIRG

<sup>2</sup> Graduando em medicina, pela Universidade de Gurupi-UNIRG

<sup>3</sup> Graduando em medicina, pela Universidade de Gurupi-UNIRG

<sup>4</sup> Mestranda em Biociências e Saúde.

<sup>5</sup> Graduado em Educação física.

<sup>6</sup> Mestre em Ensino de Biologia (UnB).

O câncer colorretal constitui uma das neoplasias malignas mais incidentes em todo o mundo, ocupando a terceira posição entre os homens e a segunda entre as mulheres. Sua elevada taxa de mortalidade está relacionada, em grande parte, à detecção tardia e à ausência de rastreamento sistemático. Avanços recentes na biologia molecular têm permitido identificar biomarcadores genéticos capazes de revolucionar o diagnóstico precoce, o prognóstico e o tratamento personalizado. Esta revisão narrativa objetivou reunir e analisar evidências científicas publicadas entre 2006 e 2024 sobre o rastreamento do CCR e o papel dos principais biomarcadores genéticos. Foram incluídos artigos das bases SciELO, LILACS e PubMed. Os achados evidenciam que a integração entre métodos de rastreamento tradicionais (colonoscopia, FIT e DNA fecal) e testes moleculares, envolvendo genes como p53, KRAS, APC, MLH1, MSH2 e BRAF, promove diagnóstico precoce e maior eficácia terapêutica. Mutações em p53 e KRAS estão associadas, respectivamente, à agressividade tumoral e à resistência a terapias anti-EGFR, enquanto alterações em MLH1/MSH2 indicam predisposição hereditária (Síndrome de Lynch). Conclui-se que o rastreamento associado à análise genômica constitui ferramenta indispensável para reduzir a mortalidade e consolidar a medicina personalizada no CCR.

**Palavras-chave:** Câncer colorretal. Rastreamento. Biomarcadores genéticos; p53; KRAS. Medicina personalizada.

### **Abstract**

*Colorectal cancer is one of the most common malignant neoplasms worldwide, ranking third among men and second among women. Its high mortality rate is largely related to late detection and the absence of systematic screening. Recent advances in molecular biology have made it possible to identify genetic biomarkers capable of revolutionizing early diagnosis, prognosis, and personalized treatment. This narrative review aimed to gather and analyze scientific evidence published between 2006 and 2024 on CRC screening and the role of key genetic biomarkers. Articles from the SciELO, LILACS, and PubMed databases were included. The findings show that the integration between traditional screening methods (colonoscopy, FIT, and fecal DNA) and molecular tests, involving genes such as p53, KRAS, APC, MLH1, MSH2, and BRAF, promotes early diagnosis and greater therapeutic efficacy. Mutations in p53 and KRAS are associated, respectively, with tumor aggressiveness and resistance to anti-EGFR therapies, while alterations in MLH1/MSH2 indicate hereditary predisposition (Lynch syndrome). It is concluded that screening associated with genomic analysis is an indispensable tool to reduce mortality and consolidate personalized medicine in CRC.*

**Keywords:** Colorectal cancer. Screening. Genetic biomarkers; p53. KRAS. Personalized medicine.

## **1. Introdução**

O câncer colorretal (CCR) configura-se como uma enfermidade complexa, resultante da interação entre predisposição genética, exposições ambientais e alterações progressivas no epitélio intestinal. Dados epidemiológicos atualizados demonstram sua relevância global: segundo o Instituto Nacional do Câncer (INCA, 2024) e estimativas do GLOBOCAN (International Agency for Research on Cancer, 2021), mais de 1,9 milhão de novos casos são diagnosticados anualmente, colocando essa neoplasia entre as mais incidentes em escala mundial. No Brasil, o CCR destaca-

se como o segundo tipo de câncer mais frequente entre mulheres e o terceiro entre homens, contribuindo substancialmente para a mortalidade oncológica e impondo desafios contínuos às políticas de saúde pública (INCA, 2024).

A fisiopatologia do CCR é caracterizada por mecanismos moleculares distintos que convergem para a transformação maligna do tecido colônico. A via da instabilidade cromossômica (CIN), considerada a rota clássica da carcinogênese colorretal, envolve mutações acumulativas em genes supressores tumorais e proto-oncogenes, como APC, KRAS e TP53, os quais desempenham papéis fundamentais na regulação da proliferação, apoptose e manutenção estrutural do epitélio (Lima *et al.*, 2006; Martinez *et al.*, 2008). Essa sequência molecular progride de um epitélio inicialmente normal para adenomas de baixo grau, avançando até o carcinoma invasivo fenômeno amplamente documentado na literatura como sequência adenoma–carcinoma.

A segunda via, denominada instabilidade de microssatélites (MSI), está relacionada a defeitos nos mecanismos de reparo de DNA, especialmente nos genes MLH1 e MSH2, cuja inativação predispõe ao acúmulo de mutações e à formação de tumores associados à Síndrome de Lynch. Essa forma hereditária destaca-se por acometer indivíduos mais jovens e por apresentar comportamento biológico distinto, frequentemente com tumores do lado direito e maior resposta a imunoterapias (Dantas *et al.*, 2009). Já a via serrilhada constitui um mecanismo alternativo de carcinogênese, caracterizado pela presença de mutações no gene BRAF e pela intensa metilação de ilhas CpG, fenômeno que leva ao silenciamento epigenético de genes supressores tumorais e contribui para uma rota de progressão tumoral biologicamente diferenciada.

Considerando esse panorama, evidencia-se que a compreensão das vias moleculares e de seus principais biomarcadores é essencial para aprimorar estratégias de prevenção, diagnóstico e tratamento. Assim, torna-se indispensável associar o rastreamento precoce, por colonoscopia, FIT ou testes de DNA fecal, à análise detalhada dos marcadores genéticos envolvidos na carcinogênese. Portanto, o objetivo desta revisão é reunir e integrar evidências contemporâneas sobre esses mecanismos e sobre o papel dos biomarcadores no manejo clínico, destacando suas contribuições para a detecção precoce, a estratificação de risco e o fortalecimento da medicina personalizada no câncer colorretal.

## 2. Metodologia

O presente estudo foi desenvolvido sob a forma de uma revisão narrativa da literatura, estruturada com o propósito de sintetizar e integrar evidências científicas relacionadas ao rastreamento CCR e ao papel dos biomarcadores genéticos na progressão tumoral. A opção por uma revisão narrativa, em detrimento de uma revisão integrativa estrita, fundamenta-se na própria natureza do objeto de estudo: a literatura sobre biomarcadores associados ao CCR é metodologicamente heterogênea, envolvendo desde pesquisas experimentais em biologia molecular até estudos epidemiológicos, análises clínicas, ensaios observacionais e revisões especializadas. Em razão dessa diversidade, protocolos rígidos característicos da revisão integrativa poderiam limitar a amplitude da análise, restringindo a inclusão de evidências relevantes que, mesmo metodologicamente distintas, oferecem contribuições essenciais para a compreensão holística do tema.

A revisão narrativa, portanto, configura-se como abordagem mais adequada para integrar múltiplos tipos de estudos e permitir um diálogo ampliado entre genética, clínica, epidemiologia e práticas de rastreamento. Essa escolha está em consonância

com recomendações metodológicas aplicáveis à pesquisa biomédica quando a literatura apresenta grande variabilidade de desenhos, terminologias e marcadores analisados, situação em que revisões narrativas e revisões amplas são consideradas ferramentas apropriadas para síntese crítica e contextualização teórica (Greenhalgh *et al.*, 2018; Baumeister, Leary, 1997; Whittemore, Knafl, 2005; Grant, Booth, 2009), como é o caso dos genes p53, KRAS, APC, MLH1, MSH2 e BRAF, cuja investigação ocorre em níveis distintos, desde alterações germinativas e somáticas até implicações terapêuticas e prognósticas.

A busca bibliográfica foi conduzida nas bases indexadas SciELO, LILACS e PubMed, selecionadas por sua abrangência e relevância na disseminação de estudos clínicos, epidemiológicos e translacionais. Complementarmente, foram consultadas publicações institucionais do Instituto Nacional do Câncer (INCA), da Organização Mundial da Saúde (OMS) e do GLOBOCAN/IARC, que fornecem dados epidemiológicos essenciais para a contextualização global e nacional do CCR. O período analisado compreendeu os anos de 2006 a 2024, intervalo que abrange tanto pesquisas clássicas que fundamentaram o entendimento atual da carcinogênese colorretal quanto estudos contemporâneos que introduzem novos biomarcadores e refinam métodos diagnósticos.

Para a busca, utilizaram-se os descritores: “câncer colorretal”, “rastreamento”, “biomarcadores genéticos”, “p53” e “KRAS”, combinados entre si pelo operador booleano AND, permitindo recuperar estudos que abordassem simultaneamente a temática do CCR e de seus principais marcadores moleculares. Foram incluídos artigos originais, estudos clínicos, revisões de literatura, séries de casos, trabalhos experimentais com aplicação clínica e relatórios epidemiológicos, desde que relacionados ao CCR em humanos e com texto completo disponível em português ou inglês. Critérios de exclusão abrangeram estudos em animais, pesquisas sem descrição metodológica, publicações redundantes, e documentos que não apresentassem, de forma direta, dados ou análises vinculadas ao rastreamento ou aos biomarcadores genéticos do CCR.

Dentre o material identificado, sete estudos centrais foram selecionados por sua relevância científica, consistência metodológica e contribuição direta ao tema da revisão. Esses estudos abarcam diferentes perspectivas da doença: aspectos moleculares da carcinogênese (Lima *et al.*, 2006; Martinez *et al.*, 2008; Foletto, 2015), fundamentos de predisposição hereditária (Dantas *et al.*, 2009), estratégias de rastreamento e prevenção (Pires *et al.*, 2021), além de estimativas epidemiológicas nacionais e globais que contextualizam a magnitude do problema (INCA, 2024; IARC, 2021). Tal diversidade de fontes permite compor uma visão abrangente e atualizada do CCR, favorecendo uma leitura comparativa entre achados clínicos, moleculares e populacionais.

Para garantir maior transparência e robustez metodológica, procedeu-se à elaboração de uma tabela descritiva, conforme sugerido em parecer técnico, sintetizando as principais características dos estudos incluídos: autor, ano de publicação, delineamento metodológico, população avaliada, tamanho amostral, biomarcadores analisados, métodos empregados e principais resultados. Essa estratégia fortalece a consistência interna da revisão, possibilitando ao leitor visualizar rapidamente o escopo, a qualidade e a aplicabilidade dos estudos utilizados na construção da análise narrativa. Tal sistematização também contribui para o rigor científico da revisão, evidenciando a origem dos dados discutidos e permitindo reprodutibilidade parcial da metodologia.

A partir dessa estrutura metodológica, a revisão busca integrar, de forma crítica e fundamentada, evidências sobre o CCR, articulando conhecimentos epidemiológicos, genéticos, clínicos e preventivos que sustentam a importância dos biomarcadores como ferramenta estratégica para a detecção precoce e para a consolidação da medicina personalizada no contexto dessa patologia (Quadro 1).

**Quadro 1.** Características dos estudos incluídos na revisão, segundo autor/ano, tipo de estudo, população e local, tamanho amostral (N), biomarcadores ou foco investigado, método utilizado e principais achados.

Autor (ano)	Tipo de estudo	População / Local	Nº	Biomarcadores / Foco	Método	Principais achados
Lima <i>et al.</i> (2006)	Estudo observacional	Pacientes com CCR no Brasil	Não informado.	p53 (códon 72)	PCR / análise molecular	Associação entre polimorfismo de p53 e risco/variabilidade clínica do CCR.
Martinez <i>et al.</i> (2008)	Série de casos	Pacientes operados por CCR	100	Expressão tecidual de p53	Imuno-histoquímica	A expressão de p53 varia conforme a localização tumoral e influencia o prognóstico.
Dantas <i>et al.</i> (2009)	Revisão narrativa	Famílias com síndromes hereditárias	–	MLH1, MSH2, APC	Revisão bibliográfica	Destaca o papel dos genes de reparo na predisposição hereditária ao CCR.
Foletto (2015)	Estudo observacional	Pacientes com CCR no Rio Grande do Sul	Não informado	KRAS	Biologia molecular	Descreve frequência e impacto clínico das mutações de KRAS.
Pires <i>et al.</i> (2021)	Revisão de literatura	Estudos clínicos sobre rastreamento	–	Não aplicável (rastreamento)	Revisão narrativa	Sistematiza evidências sobre colonoscopia, FIT e DNA fecal no rastreamento do CCR.
IARC – GLOBOCAN 2020 (2021)	Relatório epidemiológico	População mundial	>1,9 milhão / ano	Incidência e mortalidade	Modelagem estatística	CCR está entre os cânceres mais incidentes e letais globalmente.





INCA (2024)	Relatório epidemiológico	População brasileira	~45–46 mil casos/ano	Incidência nacional	Registros de câncer	Demonstra alta prevalência e necessidade de estratégias de rastreamento
-------------	--------------------------	----------------------	----------------------	---------------------	---------------------	---

Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

A análise conjunta dos estudos apresentados na tabela evidencia a heterogeneidade metodológica que caracteriza a literatura sobre câncer colorretal, abrangendo desde investigações biomoleculares até dados epidemiológicos, de larga escala. Os trabalhos de Lima *et al.* (2006) e Martinez *et al.* (2008) contribuem para o entendimento da biologia tumoral ao abordar, respectivamente, a influência do poliformismo no gene p53 e a variação de sua expressão tecidual conforme a localização do tumor, aspectos que auxiliam na interpretação de diferenças clínicas observadas entre os casos. Folleto (2015) complementa essa perspectiva ao descrever a frequência e as implicações clínicas das mutações em KRAS, ampliando a compreensão sobre seu impacto no manejo terapêutico.

A revisão de Dantas *et al.* (2009) sistematiza informações relevantes sobre predisposição hereditária, destacando o papel de genes de reparo como *MLH1*, *MSH2* e *APC* nas síndromes associadas ao CCR. No campo do rastreamento, Pires *et al.* (2021) reúnem evidências sobre métodos amplamente utilizados, incluindo colonoscopia, teste imunológico fecal e DNA fecal, reforçando sua importância na detecção precoce. Por fim, os relatórios do IARC/GLOBOCAN (2021) e do INCA (2024) contextualizam a magnitude da doença em âmbitos global e nacional. Oferecendo estimativas atualizadas de incidência e mortalidade que fundamentam a necessidade de estratégias contínuas de vigilância e prevenção. Em conjunto, os estudos sintetizados demonstram complementaridade e permitem integrar achados clínicos, moleculares e epidemiológicos, favorecendo discussões consistentes sobre o papel dos biomarcadores e das práticas de rastreamento no manejo do câncer colorretal.

### 3. Resultados

Os estudos selecionados demonstraram, de forma consistente, que o rastreamento precoce e a avaliação de biomarcadores genéticos constituem estratégias fundamentais para a redução da mortalidade e para o aprimoramento do manejo clínico do câncer colorretal (CCR). As evidências analisadas reforçam que a adoção sistemática de programas de rastreamento permite identificar lesões pré-malignas e tumores iniciais, ampliando significativamente as chances de cura.

Conforme dados consolidados por diretrizes nacionais e internacionais, o rastreamento populacional deve ser iniciado aos 45 anos, com antecipação em indivíduos com histórico familiar de CCR ou síndromes hereditárias, como a Síndrome de Lynch. Entre os métodos avaliados, a colonoscopia permanece como o padrão-ouro, recomendada a cada 10 anos para indivíduos de risco habitual, sendo capaz de detectar e remover pólipos durante o mesmo procedimento. O teste imunoquímico fecal (FIT), quando realizado anualmente, apresenta elevada sensibilidade para sangue oculto e baixa taxa de resultados falso-positivos, constituindo alternativa viável para rastreamento em larga escala. Outros métodos tradicionais, como a pesquisa de sangue oculto nas fezes (PSOF) e os testes

baseados em DNA fecal, também demonstraram utilidade clínica, particularmente quando combinados em estratégias híbridas de detecção.

Além dos métodos convencionais, os estudos analisados destacaram o avanço de ferramentas moleculares emergentes, especialmente os microRNAs circulantes, os painéis multigênicos e as assinaturas epigenéticas, reconhecidas por sua alta sensibilidade e especificidade para detecção precoce de alterações neoplásicas. Esses marcadores têm se mostrado promissores na identificação de alterações biológicas iniciais, mesmo antes da formação de lesões visíveis à colonoscopia, e reforçam a tendência atual de integração entre métodos tradicionais e tecnologias moleculares de maior precisão.

Os achados da literatura sintetizados na tabela de estudos incluídos demonstram, de forma convergente, que a combinação entre rastreamento estruturado, avaliação de risco genético e monitoramento de biomarcadores proporciona abordagem mais efetiva na prevenção e no diagnóstico do CCR. Essa integração contribui para intervenções mais precoces, individualização terapêutica e melhor prognóstico global dos pacientes.

#### 4. Discussão

A literatura contemporânea demonstra, de forma consistente, que a integração entre estratégias de rastreamento e análise genômica representa uma mudança paradigmática na abordagem do câncer colorretal (CCR), promovendo avanços significativos no diagnóstico, no prognóstico e no tratamento personalizado. Estudos como os de Martinez *et al.* (2008) e Lima *et al.* (2006) reforçam o papel central dos biomarcadores genéticos na compreensão da biologia tumoral. Segundo essas evidências, mutações no gene p53 estão diretamente relacionadas à perda dos mecanismos de supressão tumoral, o que favorece a progressão neoplásica e aumenta a agressividade do CCR. De maneira semelhante, as mutações em KRAS constituem importantes preditores de resistência terapêutica, particularmente frente a agentes anti-EGFR, impactando de forma direta a eficácia das terapias direcionadas e reforçando a necessidade de genotipagem prévia.

No contexto da carcinogênese, o gene APC continua sendo o marco molecular mais precoce e clássico, conforme descrito por Fearon e Vogelstein, funcionando como o primeiro evento na sequência adenoma–carcinoma. A perda da função desse gene desregula a via Wnt e desencadeia o acúmulo de alterações genéticas subsequentes. Paralelamente, mutações nos genes MLH1 e MSH2, característicos da Síndrome de Lynch, configuram marcadores de instabilidade de microssatélites, que além de facilitar a identificação de indivíduos com predisposição hereditária, associam-se a melhor resposta imune e, em alguns casos, a melhor prognóstico. Essas evidências reforçam a relevância da avaliação genética como instrumento para a estratificação de risco e para a investigação de síndromes hereditárias (Dantas *et al.*, 2009; Foletto, 2015).

Sob a perspectiva epidemiológica, dados do GLOBOCAN (2020) e da Organização Mundial da Saúde (2023) indicam que programas de rastreamento bem estruturados possuem potencial para reduzir a mortalidade por CCR em até 60%, destacando a magnitude do impacto das políticas de saúde pública. No entanto, a definição do método de rastreamento mais adequado permanece um desafio, demandando comparações constantes entre sensibilidade, especificidade, custo-efetividade e aceitabilidade populacional. O FIT, por exemplo, apresenta custo relativamente baixo, fácil aplicabilidade e boa adesão pela população, além de sensibilidade satisfatória para lesões avançadas. Por outro lado, os testes de DNA

fecal demonstram sensibilidade superior para tumores iniciais e adenomas avançados, porém apresentam custo mais elevado e requerem infraestrutura laboratorial especializada, fatores que limitam sua implementação ampla no Sistema Único de Saúde (SUS).

Métodos emergentes, como microRNAs circulantes, painéis multigênicos e assinaturas epigenéticas (com destaque para a metilação de ilhas CpG), têm se mostrado altamente promissores, especialmente por sua capacidade de detectar alterações moleculares em estágios muito iniciais, antes mesmo que lesões sejam identificáveis pela colonoscopia. Entretanto, a incorporação dessas tecnologias ainda é dificultada pelo elevado custo, pela falta de padronização entre laboratórios e pela escassez de estudos nacionais que avaliem sua viabilidade econômica. Pesquisas brasileiras sobre custo-efetividade indicam que estratégias híbridas, como FIT anual associado à colonoscopia para positivos, ainda representam o modelo mais viável economicamente para a realidade do SUS.

Além dos desafios econômicos, existem barreiras práticas e estruturais que dificultam a implementação ampliada de testes genéticos no sistema público: a carência de infraestrutura laboratorial, a necessidade de profissionais capacitados em genética médica, limitações logísticas (como transporte adequado de amostras), e questões regulatórias relacionadas à proteção de dados genéticos e consentimento informado. Do ponto de vista social, fatores como baixa literacia em saúde, medo da colonoscopia, restrições de acesso a serviços especializados e ausência de campanhas continuadas de conscientização contribuem para a baixa adesão ao rastreamento (Pires *et al.*, 2021; INCA, 2024).

Apesar dessas limitações, a tendência mundial, e também nacional, aponta para a convergência entre dados clínicos, epidemiológicos e genéticos, com vistas à consolidação da medicina personalizada. A integração entre rastreamento regular, painéis genômicos, avaliação de risco familiar e estratificação molecular permite intervenções mais precoces, terapias mais assertivas e melhor otimização dos recursos em saúde. A incorporação progressiva de biomarcadores no fluxo assistencial tem potencial para transformar o cuidado oncológico, reduzindo mortalidade, aumentando sobrevida e promovendo uma abordagem cada vez mais precisa e individualizada para o CCR.

## 5. Conclusão

Os achados desta revisão evidenciam que a integração entre rastreamento estruturado e análise genômica constitui o caminho mais promissor para o enfrentamento do câncer colorretal. As evidências demonstram que métodos tradicionais, como colonoscopia, FIT e DNA fecal, permanecem como pilares fundamentais para a detecção precoce, especialmente quando aplicados de forma sistemática e com adesão populacional adequada. Entretanto, avanços recentes em biomarcadores genéticos, incluindo mutações em p53, KRAS, APC, MLH1 e MSH2, ampliam a capacidade diagnóstica e permitem uma estratificação de risco mais precisa, favorecendo condutas terapêuticas individualizadas e melhor desfecho clínico.

A literatura indica que a incorporação de marcadores emergentes, como microRNAs e assinaturas epigenéticas, pode elevar substancialmente a sensibilidade e a especificidade do rastreamento, antecipando o diagnóstico e permitindo intervenções antes da progressão tumoral. Contudo, desafios importantes persistem no contexto brasileiro, incluindo custo-efetividade,



necessidade de infraestrutura laboratorial, capacitação de profissionais e questões éticas relacionadas ao acesso e uso de dados genéticos no sistema público de saúde.

Diante do conjunto de evidências, conclui-se que o avanço no combate ao CCR depende de uma abordagem multidimensional, que uma vigilância epidemiológica, rastreamento de qualidade, educação em saúde, acesso equitativo a exames diagnósticos e, sobretudo, ampliação da capacidade de incorporar ferramentas genômicas na prática clínica. A adoção integrada desses elementos favorece a consolidação da medicina personalizada, reduz custos a longo prazo, melhora o prognóstico dos pacientes e contribui para uma política de saúde mais eficiente e baseada em evidências.

## Referências

BAUMEISTER, R. F.; LEARY, M. R. Writing narrative literature reviews. **Review of General Psychology**, v. 1, n. 3, p. 311-320, 1997. Disponível em: <https://doi.org/10.1037/1089-2680.1.3.311>. Acesso em: 21 nov. 2025.

DANTAS, É. L. R. et al. Genética do Câncer Hereditário. **Revista Brasileira de Cancerologia**, v. 55, n. 3, p. 263-269, 2009.

FOLETTTO, E. F. Análise da variabilidade genética do gene KRAS em pacientes portadores de câncer colorretal do Rio Grande do Sul. UNISC, 2015.

GRANT, M. J.; BOOTH, A. **A typology of reviews: an analysis of 14 review types and associated methodologies**. *Health Information and Libraries Journal*, v. 26, n. 2, p. 91-108, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1471-1842.2009.00848.x>. Acesso em: 21 nov. 2025.

GREENHALGH, T.; THORNE, S.; MALTERUD, K. Time to challenge the spurious hierarchy of systematic over narrative reviews? **European Journal of Clinical Investigation**, v. 48, n. 6, e12931, 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/eci.12931>>. Acesso em: 21 nov. 2025.

INSTITUTO NACIONAL DO CÂNCER (INCA). Estimativa 2024: **Incidência de Câncer no Brasil**. Rio de Janeiro: INCA, 2024.

INTERNATIONAL AGENCY FOR RESEARCH ON CANCER (IARC). GLOBOCAN 2020: **Cancer Today**. Lyon: IARC/WHO, 2021.

LIMA, J. M. et al. Estudo do polimorfismo genético no gene p53 (códon 72) em câncer colorretal. **Arquivos de Gastroenterologia**, v. 43, n. 1, p. 50-55, 2006.

MARTINEZ, C. A. R. et al. Influência da localização do tumor na expressão tecidual da proteína p53 em doentes com câncer colorretal. **Revista do Colégio Brasileiro de Cirurgias**, v. 35, n. 4, p. 235-243, 2008.

PIRES, M. E. P. et al. Rastreamento do câncer colorretal: revisão de literatura. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 4, n. 2, p. 6866-6881, 2021.

WHITTEMORE, R.; KNAFL, K. The integrative review: updated methodology. **Journal of Advanced Nursing**, v. 52, n. 5, p. 546-553, 2005. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1365-2648.2005.03621.x>>. Acesso em: 21 nov. 2025.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Global Health Observatory: Colorectal Cancer Mortality**. Geneva: WHO, 2023.