

**PROTEÔMICA COMPARATIVA ENTRE TUMORES E TECIDOS SAUDÁVEIS PARA
DETECÇÃO PRECOCE DE CÂNCERES AGRESSIVOS**

 <https://doi.org/10.63330/aurumpub.070-015>

Ana Paula Machado Galvão

Enfermeira

Centro Universitário do Triângulo (UNITRI)

E-mail: anapmgalvao33@gmail.com

Lattes: <http://lattes.cnpq.br/9057951106478600>

Bárbara Amaral da Silva

Especialização em Oncologia

Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

E-mail: barbaradasilva89@gmail.com

Carla D’Almeida Matos

Graduanda em Farmácia

FACISA

E-mail: carladalmeidamatos@gmail.com

Carmen Schafausser

Mestranda em Desenvolvimento e Sociedade

Universidade Alto Vale do Rio do Peixe (UNIARP)

E-mail: carmen@schafausser.adv.br

Lattes: <http://lattes.cnpq.br/8616327501899409>

Cristina Honório da Silva

Bacharel em Enfermagem

Faculdade Morgana Potrich (FAMP)

E-mail: cristinahonoriomin@gmail.com

Lattes: <https://lattes.cnpq.br/3137082022338709>

Fernanda Silva da Luz

Mestranda em Ciências Farmacêuticas

Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

E-mail: fernandaluz2014@gmail.com

Lattes: <https://lattes.cnpq.br/0145036151315825>

Iane dos Santos Ferreira

Licenciada em Ciências Biológicas

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Norte de Minas Gerais – Campus Januária

E-mail: ianefsantos@yahoo.com.br

Lattes: <https://lattes.cnpq.br/8391087107055671>

Luiza Pereira Caldas

Graduanda em Biomedicina
Centro Universitário (FAMETRO)
E-mail: luizacaldasbiomed17@gmail.com
Lattes: <http://lattes.cnpq.br/3629023391008653>

Luisa de Albuquerque Celada

Graduação em Medicina
Universidade Municipal de São Caetano do Sul (USCS)
E-mail: luisa_celada@hotmail.com
Lattes: <http://lattes.cnpq.br/3946354209307472>

Lucielma Costa Dantas

Bacharel em Fisioterapia
Instituto Superior de Teologia Aplicada
E-mail: lucielmacd@gmail.com
Lattes: <http://lattes.cnpq.br/7913490044074404>

Rogério Matheus Pinheiro Carreira

Enfermeiro
Universidade Norte do Paraná (UNOPAR)
E-mail: roogermatheus0@gmail.com
Lattes: <https://lattes.cnpq.br/9144072110618464>

Marcos Paulo Marquez Cruvinel Santos

Pós-graduado em Hematologia, Hemoterapia, Biologia Molecular e Citogenética, Saúde do Idoso e Gerontologia e Atenção ao Paciente Crítico
Universidade Nove de Julho (UNINOVE); Faculdade Líbano; FMRP-USP; BioEdTech
E-mail: drmarcoscruvinel@gmail.com
Lattes: <http://lattes.cnpq.br/1403694612402378>

Resumo

A proteômica comparativa entre tecidos tumorais e tecidos saudáveis tem se consolidado como uma abordagem promissora para a detecção precoce de cânceres agressivos, ao permitir a identificação de biomarcadores associados às fases iniciais da carcinogênese. O presente estudo teve como objetivo analisar evidências científicas sobre a aplicação dessa estratégia na diferenciação molecular entre tecidos normais e neoplásicos, com ênfase no potencial diagnóstico e prognóstico. Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, realizada nas bases de dados PubMed/MEDLINE, Scopus, SpringerLink e DOAJ, considerando publicações entre 2020 e 2026, nos idiomas português e inglês. Os estudos selecionados evidenciaram que a proteômica possibilita a identificação de assinaturas proteicas capazes de distinguir diferentes tipos de câncer, com destaque para neoplasias colorretais, prostáticas, ovarianas e esofágicas. Observou-se concordância entre os autores quanto à superioridade de painéis proteômicos multivariados em relação a biomarcadores isolados, aumentando a sensibilidade e especificidade diagnóstica. Além disso, os achados indicam que alterações proteicas podem ser detectadas em estágios subclínicos, reforçando seu potencial

para rastreamento precoce e estratificação de risco. Conclui-se que a proteômica comparativa representa uma ferramenta inovadora e promissora na oncologia de precisão, embora ainda sejam necessários estudos de validação clínica e padronização metodológica para sua plena incorporação na prática assistencial.

Palavras-chave: Biomarcadores tumorais; Câncer agressivo; Diagnóstico precoce; Oncologia de precisão; Proteômica comparativa.

1 INTRODUÇÃO

O câncer representa um dos principais desafios da saúde pública mundial devido à sua elevada incidência, mortalidade e impacto sobre a qualidade de vida da população. Os tumores agressivos, em especial, apresentam rápida progressão e elevada capacidade metastática, tornando o diagnóstico precoce um fator determinante para o sucesso terapêutico. Entretanto, muitos casos ainda são identificados em estágios avançados, quando as possibilidades de tratamento curativo são reduzidas. Nesse contexto, a busca por biomarcadores mais sensíveis e específicos tem impulsionado o desenvolvimento de novas estratégias diagnósticas baseadas na biologia molecular (Budnik *et al.*, 2024).

A proteômica comparativa destaca-se como uma importante ferramenta para investigar as alterações proteicas associadas ao processo de carcinogênese. Por meio da comparação entre tecidos tumorais e tecidos saudáveis, essa abordagem permite identificar proteínas diferencialmente expressas, compreender mecanismos biológicos envolvidos na progressão tumoral e descobrir biomarcadores com potencial aplicação clínica. Além disso, o avanço das técnicas de espectrometria de massas e da bioinformática ampliou significativamente a precisão dessas análises (Qian *et al.*, 2024).

No câncer colorretal, estudos comparativos entre células tumorais e mucosa colônica normal demonstraram diferenças expressivas na expressão proteica relacionadas à transformação maligna. Esses resultados contribuíram para a identificação de proteínas envolvidas na proliferação celular, invasão tumoral e desenvolvimento da doença, evidenciando o potencial da proteômica para o diagnóstico precoce e para a descoberta de novos alvos terapêuticos (Ludvigsen *et al.*, 2020).

Os avanços na análise de amostras séricas e plasmáticas também ampliaram as possibilidades de rastreamento do câncer colorretal. Painéis proteômicos compostos por múltiplas proteínas apresentaram elevada capacidade para identificar adenomas avançados e tumores em fases iniciais, demonstrando desempenho superior ao de biomarcadores isolados e favorecendo a implementação de métodos menos invasivos para o diagnóstico precoce (Hua *et al.*, 2024; Tan *et al.*, 2024).

Estudos mais recentes reforçam esses achados ao identificar proteínas plasmáticas e teciduais com elevado potencial diagnóstico para o câncer colorretal. A integração de diferentes biomarcadores

possibilitou maior sensibilidade e especificidade na diferenciação entre indivíduos saudáveis e pacientes acometidos pela doença, evidenciando a importância da proteômica comparativa na construção de modelos diagnósticos mais robustos (Jin *et al.*, 2025; Xiao *et al.*, 2025).

No câncer de próstata, a identificação precoce de tumores clinicamente significativos continua sendo um desafio devido às limitações dos métodos convencionais de rastreamento. Nesse cenário, biomarcadores proteicos obtidos em amostras séricas demonstraram elevada capacidade para identificar precocemente tumores agressivos e auxiliar na estratificação de risco, contribuindo para decisões terapêuticas mais individualizadas (Eickelschulte *et al.*, 2022; Wang *et al.*, 2022).

A integração entre análises proteômicas de tecidos prostáticos e amostras urinárias ampliou ainda mais o conhecimento sobre a biologia do câncer de próstata. Assinaturas proteicas identificadas em diferentes matrizes biológicas permitiram reconhecer biomarcadores relacionados tanto ao surgimento quanto à progressão tumoral, inclusive em lesões não detectáveis por exames de imagem convencionais, evidenciando a elevada sensibilidade dessa abordagem (Blanca *et al.*, 2026).

A aplicação da proteômica comparativa também tem produzido resultados relevantes em outras neoplasias agressivas. No câncer de ovário, o mapeamento do proteoma revelou alterações em proteínas relacionadas à proliferação, invasão e resistência terapêutica, enquanto um painel composto por oito proteínas plasmáticas demonstrou elevada precisão para diferenciar tumores benignos de malignos, reforçando seu potencial para utilização clínica (Qian *et al.*, 2024; Moskov *et al.*, 2025).

Achados semelhantes foram observados no carcinoma espinocelular de esôfago, no qual a comparação entre tecidos saudáveis, tecidos adjacentes ao tumor e tecidos neoplásicos permitiu identificar alterações proteicas progressivas associadas à evolução da doença. Assim, este estudo tem como objetivo analisar as evidências científicas sobre a aplicação da proteômica comparativa entre tumores e tecidos saudáveis na detecção precoce dessas neoplasias, destacando sua contribuição para o aprimoramento do diagnóstico oncológico.

2 METODOLOGIA

Trata-se de um estudo de revisão integrativa da literatura, de natureza descritiva e abordagem qualitativa, desenvolvido com a finalidade de reunir, analisar e sintetizar as evidências científicas acerca da aplicação da proteômica comparativa entre tumores e tecidos saudáveis na detecção precoce de cânceres agressivos. A revisão integrativa foi escolhida por permitir a incorporação de estudos com diferentes delineamentos metodológicos, proporcionando uma compreensão ampla sobre o tema e identificando avanços, lacunas e perspectivas para a prática clínica e para futuras pesquisas.

A elaboração da revisão foi conduzida em seis etapas: definição da pergunta norteadora; estabelecimento da estratégia de busca; definição dos critérios de inclusão e exclusão; seleção e leitura dos estudos; extração e organização dos dados; e síntese crítica dos resultados encontrados.

A pergunta norteadora do estudo foi definida segundo a seguinte questão: Quais são as evidências científicas disponíveis sobre a utilização da proteômica comparativa entre tumores e tecidos saudáveis para a detecção precoce de cânceres agressivos?

A busca bibliográfica foi realizada nas bases de dados PubMed/MEDLINE, Scopus, SpringerLink e *Directory of Open Access Journals* (DOAJ), por serem reconhecidas pela ampla cobertura de estudos nas áreas de oncologia, biologia molecular, proteômica e ciências da saúde.

Para a construção da estratégia de busca foram utilizados descritores em português e em inglês, consultados nos Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) e no *Medical Subject Headings* (MeSH). Os principais descritores utilizados foram: Proteômica, Biomarcadores Tumoriais, Diagnóstico Precoce, Neoplasias, *Proteomics*, *Tumor Biomarkers*, *Early Diagnosis* e *Neoplasms*. Os descritores foram combinados por meio dos operadores booleanos *AND* e *OR*, utilizando estratégias adaptadas às especificidades de cada base de dados.

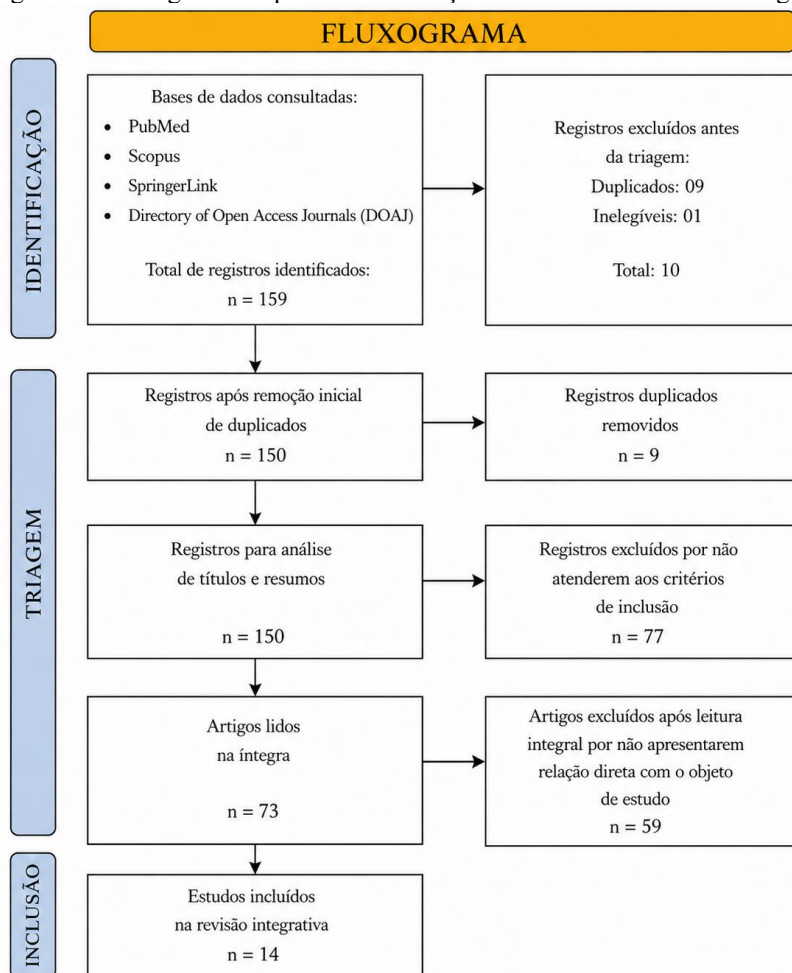
Foram estabelecidos como critérios de inclusão: artigos científicos originais publicados entre 2020 e 2026, disponíveis na íntegra, nos idiomas português e inglês, que abordassem a aplicação da proteômica comparativa entre tecidos tumorais e tecidos saudáveis, biomarcadores proteicos ou assinaturas proteômicas relacionadas ao diagnóstico precoce de cânceres agressivos. Também foram considerados estudos que investigaram amostras teciduais, plasmáticas, séricas ou urinárias com potencial aplicação clínica.

Como critérios de exclusão, foram desconsiderados artigos duplicados entre as bases de dados, revisões de literatura, editoriais, cartas ao editor, resumos publicados em anais de eventos científicos, capítulos de livros, dissertações, teses, estudos experimentais sem relação direta com o objetivo da pesquisa, bem como publicações que não disponibilizavam o texto completo ou que apresentavam resultados insuficientes para responder à pergunta norteadora.

A seleção dos estudos ocorreu em duas etapas. Inicialmente, realizou-se a leitura dos títulos e resumos para verificar a adequação ao tema proposto. Posteriormente, os artigos potencialmente elegíveis foram submetidos à leitura na íntegra, sendo analisados quanto aos objetivos, delineamento metodológico, tipo de amostra, principais biomarcadores identificados e contribuições para a detecção precoce de cânceres agressivos.

O processo de identificação, triagem, elegibilidade e inclusão dos estudos será apresentado na Figura 1, elaborada conforme as etapas da revisão integrativa, permitindo maior transparência e reprodutibilidade do método empregado.

Figura 1 – Fluxograma do processo de seleção dos estudos da revisão integrativa.



Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

Após a seleção dos artigos, os dados foram organizados em instrumento previamente elaborado contendo informações referentes aos autores, ano de publicação, país de realização, tipo de câncer investigado, objetivo do estudo, metodologia empregada, principais biomarcadores proteicos identificados e principais resultados. Em seguida, realizou-se a análise descritiva e a síntese narrativa das evidências científicas, possibilitando identificar os avanços da proteômica comparativa na diferenciação entre tecidos tumorais e tecidos saudáveis e sua contribuição para o diagnóstico precoce de cânceres agressivos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A estratégia de busca resultou na seleção de 14 estudos que atenderam aos critérios de elegibilidade previamente estabelecidos. As publicações foram desenvolvidas entre os anos de 2020 e 2026,

contemplando pesquisas conduzidas em diferentes países e envolvendo diversos tipos de cânceres agressivos, com destaque para câncer colorretal, câncer de próstata, câncer de ovário e carcinoma espinocelular de esôfago. Os estudos utilizaram diferentes abordagens proteômicas para comparar tecidos tumorais e tecidos saudáveis ou amostras biológicas correlatas, identificando biomarcadores com potencial aplicação no diagnóstico precoce, na estratificação prognóstica e na diferenciação entre lesões benignas e malignas

De maneira geral, observou-se avanço significativo na utilização de plataformas de espectrometria de massas e técnicas de proteômica de alta resolução, reforçando o potencial dessa tecnologia como ferramenta complementar aos métodos diagnósticos convencionais.

A caracterização geral dos estudos incluídos na revisão integrativa encontra-se apresentada na Tabela 1.

Tabela 1 – Caracterização dos estudos incluídos na revisão integrativa

Autor/ano	Objetivo	Eixo	Principais contribuições
Ludvigsen <i>et al.</i> (2020)	Comparar o perfil proteômico de células de câncer colorretal com células da mucosa colônica normal.	Comparação entre tecido tumoral e tecido saudável.	Demonstrou diferenças expressivas na expressão proteica entre células neoplásicas e células normais, identificando proteínas potencialmente relacionadas à carcinogênese colorretal. Os achados forneceram subsídios para o desenvolvimento de biomarcadores diagnósticos e ampliaram a compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos na transformação maligna.
Eickelschulte <i>et al.</i> (2022)	Avaliar biomarcadores para detecção e estratificação de risco do câncer de próstata agressivo.	Biomarcadores proteicos.	Evidenciou que biomarcadores proteicos apresentam elevada capacidade para identificar tumores clinicamente significativos e aprimorar a estratificação prognóstica, contribuindo para decisões terapêuticas mais individualizadas e reduzindo limitações associadas ao uso isolado do PSA.
Wang <i>et al.</i> (2022)	Identificar biomarcadores séricos para diagnóstico precoce e classificação da agressividade do câncer de próstata.	Proteômica sérica.	Identificou proteínas séricas capazes de distinguir precocemente pacientes com câncer de próstata e diferenciar tumores de maior agressividade, demonstrando elevado potencial para aperfeiçoar o rastreamento e a definição de condutas clínicas mais precisas.
Zhu <i>et al.</i> (2023)	Investigar alterações proteômicas em tecidos	Proteômica de tecidos adjacentes ao tumor.	Demonstrou que tecidos adjacentes ao tumor apresentam importantes

PROTEÔMICA COMPARATIVA ENTRE TUMORES E TECIDOS SAUDÁVEIS PARA DETECÇÃO PRECOCE DE CÂNCERES AGRESSIVOS

	adjacentes ao tumor no carcinoma hepatocelular.		alterações moleculares antes mesmo do comprometimento histológico evidente, revelando eventos biológicos relacionados à progressão tumoral e identificando potenciais biomarcadores para diagnóstico precoce e prognóstico.
Budnik <i>et al.</i> (2024)	Desenvolver teste plasmático baseado em proteômica para rastreamento precoce de múltiplos cânceres.	Proteômica plasmática.	Desenvolveu um teste baseado em assinaturas proteômicas plasmáticas capaz de detectar diferentes tipos de câncer em indivíduos assintomáticos, evidenciando elevada sensibilidade para identificação precoce e destacando o potencial da proteômica como ferramenta de rastreamento populacional.
Hua <i>et al.</i> (2024)	Desenvolver um painel proteômico para rastreamento precoce do câncer colorretal.	Painel proteômico.	Elaborou um classificador proteômico composto por múltiplas proteínas que apresentou elevada sensibilidade e especificidade para detectar câncer colorretal em fases iniciais, demonstrando superioridade em relação à utilização de biomarcadores isolados.
Qian <i>et al.</i> (2024)	Caracterizar o panorama proteômico do câncer epitelial de ovário.	Proteoma tumoral.	Caracterizou extensivamente o proteoma do câncer epitelial de ovário, identificando alterações em vias relacionadas à proliferação celular, invasão, remodelamento do microambiente tumoral e resistência terapêutica, ampliando o conhecimento sobre a biologia molecular da doença.
Tan <i>et al.</i> (2024)	Avaliar proteínas séricas para detecção precoce de adenoma avançado e câncer colorretal.	Proteômica sérica.	Identificou perfis proteômicos séricos associados às fases iniciais da carcinogênese colorretal, demonstrando potencial para diferenciar indivíduos saudáveis, portadores de adenomas avançados e pacientes com câncer, favorecendo estratégias de rastreamento mais precoces.
Zheng <i>et al.</i> (2024)	Comparar a composição proteômica entre tecidos tumorais e tecidos normais por espectrometria de massas.	Proteômica comparativa.	Evidenciou diferenças quantitativas e qualitativas na composição proteica entre tecidos tumorais e tecidos normais, ressaltando a importância da padronização metodológica e da escolha adequada de controles para aumentar a confiabilidade na identificação de biomarcadores clínicos.
Jin <i>et al.</i> (2025)	Identificar biomarcadores plasmáticos para	Proteômica plasmática.	Identificou biomarcadores plasmáticos de alto desempenho capazes de discriminar pacientes com câncer

	diagnóstico precoce do câncer colorretal.		colorretal em estágios iniciais, reforçando o potencial da proteômica para o desenvolvimento de métodos diagnósticos menos invasivos e mais precisos.
Moskov <i>et al.</i> (2025)	Validar painel proteico para diferenciar tumores ovarianos benignos e malignos.	Biomarcadores plasmáticos.	Validou um painel constituído por oito proteínas plasmáticas capaz de diferenciar tumores benignos e malignos do ovário com elevada acurácia, contribuindo para maior precisão diagnóstica e redução de procedimentos invasivos desnecessários.
Xiao <i>et al.</i> (2025)	Identificar biomarcadores proteicos em tecidos intestinais utilizando a plataforma Olink.	Proteômica tecidual.	Identificou proteínas diferencialmente expressas em tecidos intestinais por meio da plataforma Olink, revelando novos biomarcadores com potencial aplicação no diagnóstico precoce, prognóstico e monitoramento do câncer colorretal.
Blanca <i>et al.</i> (2026)	Integrar assinaturas proteômicas urinárias e teciduais no câncer de próstata.	Proteômica integrada.	Demonstrou que a integração entre perfis proteômicos obtidos de urina e tecido tumoral aumenta significativamente a capacidade de identificar biomarcadores relacionados ao desenvolvimento e à progressão do câncer de próstata, inclusive em tumores não detectáveis por exames convencionais de imagem.
Liu <i>et al.</i> (2026)	Avaliar alterações proteômicas entre tecidos saudáveis, adjacentes ao tumor e tumorais no carcinoma espinocelular de esôfago.	Proteômica comparativa entre tecidos.	Demonstrou que a progressão entre tecido saudável, tecido adjacente ao tumor e tecido neoplásico é acompanhada por alterações proteômicas progressivas, permitindo identificar eventos biológicos clinicamente relevantes e biomarcadores promissores para o diagnóstico precoce e a estratificação prognóstica da doença.

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

Os estudos analisados evidenciam que a proteômica comparativa vem consolidando seu papel como uma das estratégias mais promissoras para o aprimoramento do diagnóstico precoce de cânceres agressivos. Diferentemente das abordagens baseadas exclusivamente em alterações genéticas, essa tecnologia permite identificar modificações funcionais que refletem diretamente o comportamento biológico das células neoplásicas.

Nesse sentido, Zheng et al. (2024) demonstram que a comparação sistemática entre tecidos tumorais e tecidos normais revela diferenças consistentes na composição proteica, fornecendo bases mais robustas para a identificação de biomarcadores clinicamente relevantes.

A comparação entre tecidos saudáveis, tecidos adjacentes ao tumor e tecidos neoplásicos também amplia a compreensão da evolução molecular do processo carcinogênico. Zhu et al. (2023) observaram que tecidos aparentemente preservados já apresentam alterações proteômicas relacionadas à progressão tumoral, indicando que importantes modificações biológicas antecedem as alterações morfológicas detectáveis pelos exames convencionais. Em concordância, Liu et al. (2026) verificaram que essas mudanças ocorrem de forma progressiva durante o desenvolvimento do carcinoma espinocelular de esôfago, reforçando a importância da proteômica para identificar eventos precoces da carcinogênese.

No câncer colorretal, a literatura demonstra elevada convergência quanto ao potencial diagnóstico das assinaturas proteômicas. Ludvigsen et al. (2020) identificaram proteínas diferencialmente expressas entre tecido tumoral e mucosa colônica normal, evidenciando alterações diretamente relacionadas à transformação maligna. Esses resultados são corroborados por Xiao et al. (2025), que identificaram novos biomarcadores em tecidos intestinais por meio de plataformas proteômicas de alta sensibilidade, ampliando as possibilidades para o desenvolvimento de testes diagnósticos mais específicos.

A utilização de amostras sanguíneas representa outro aspecto amplamente discutido pelos estudos selecionados. Hua et al. (2024) demonstraram que painéis compostos por múltiplos biomarcadores apresentam desempenho diagnóstico superior ao emprego de proteínas isoladas, favorecendo maior sensibilidade e especificidade na identificação precoce do câncer colorretal. Na mesma direção, Jin et al. (2025) verificaram que biomarcadores plasmáticos de alto desempenho permitem distinguir indivíduos acometidos pela doença ainda em fases iniciais, reforçando o potencial das chamadas biópsias líquidas como alternativa menos invasiva para o rastreamento populacional.

Resultados semelhantes são descritos por Tan et al. (2024), que evidenciaram a capacidade dos perfis proteômicos séricos em diferenciar indivíduos saudáveis, portadores de adenomas avançados e pacientes com câncer colorretal. Essa concordância entre os estudos demonstra que a integração de múltiplas proteínas em um único painel diagnóstico aumenta significativamente a precisão clínica quando comparada aos marcadores convencionais utilizados isoladamente.

No câncer de próstata, observa-se igualmente uma forte convergência entre os autores quanto às limitações dos métodos diagnósticos atualmente empregados. Eickelschulte et al. (2022) destacam que biomarcadores proteicos apresentam maior potencial para estratificar pacientes com tumores clinicamente significativos, reduzindo o risco de sobrediagnóstico associado ao PSA. Complementando essa perspectiva, Wang et al. (2022) identificaram proteínas séricas capazes de diferenciar tumores agressivos daqueles de baixo risco, favorecendo uma tomada de decisão terapêutica mais precisa.

A utilização simultânea de diferentes matrizes biológicas representa outro avanço importante observado na literatura. Blanca et al. (2026) demonstraram que a integração entre assinaturas proteômicas urinárias e teciduais aumenta a capacidade de identificar biomarcadores relacionados tanto ao desenvolvimento quanto à progressão tumoral, inclusive em lesões não detectadas pelos exames de imagem convencionais.

Os estudos envolvendo câncer de ovário reforçam essa tendência de integração molecular. Qian et al. (2024) demonstraram que o mapeamento abrangente do proteoma tumoral possibilita compreender vias biológicas relacionadas à proliferação celular, remodelamento do microambiente tumoral e resistência terapêutica. Em concordância, Moskov et al. (2025) validaram um painel composto por oito proteínas plasmáticas capaz de diferenciar tumores benignos e malignos com elevada precisão, evidenciando a aplicabilidade clínica dos biomarcadores proteômicos em diferentes contextos oncológicos.

Outro aspecto relevante observado na literatura refere-se ao desenvolvimento de testes capazes de identificar simultaneamente diferentes tipos de neoplasias. Budnik et al. (2024) demonstraram que assinaturas proteômicas plasmáticas apresentam potencial para rastreamento multicâncer em indivíduos assintomáticos, ampliando significativamente as perspectivas para programas populacionais de detecção precoce. Esse avanço representa uma importante mudança de paradigma, pois desloca o foco da investigação de um único tumor para uma abordagem integrada baseada em alterações moleculares compartilhadas entre diferentes neoplasias.

Apesar dos resultados promissores, os estudos analisados também evidenciam desafios para a incorporação da proteômica comparativa na prática clínica. Observa-se a necessidade de validação externa dos biomarcadores em populações maiores e mais heterogêneas, além da padronização dos protocolos de coleta, processamento das amostras e análise bioinformática.

De forma conjunta, as evidências demonstram ampla concordância de que a proteômica comparativa entre tumores e tecidos saudáveis constitui uma ferramenta estratégica para o avanço da oncologia de precisão. A identificação de assinaturas proteicas específicas possibilita maior sensibilidade diagnóstica, melhor estratificação de risco e compreensão mais aprofundada da biologia tumoral. Assim, a consolidação dessas tecnologias poderá contribuir para o desenvolvimento de métodos diagnósticos mais precoces, menos invasivos e clinicamente mais precisos, favorecendo intervenções terapêuticas individualizadas e melhores desfechos para pacientes com cânceres agressivos.

4 CONCLUSÃO

No encerramento desta revisão integrativa, evidencia-se que a análise das produções científicas selecionadas permitiu compreender de forma abrangente o potencial da proteômica comparativa entre

tumores e tecidos saudáveis na detecção precoce de cânceres agressivos. A síntese do conhecimento disponível respondeu à pergunta norteadora ao demonstrar que essa abordagem representa uma estratégia consistente para a identificação de biomarcadores associados às fases iniciais da carcinogênese.

Quanto ao alcance do objetivo proposto, observa-se que a revisão cumpriu sua finalidade ao reunir e interpretar evidências sobre diferentes aplicações da proteômica em neoplasias variadas. Os resultados analisados indicam que a comparação entre tecidos tumorais, tecidos não tumorais e amostras biológicas periféricas, como sangue, urina e tecidos adjacentes, contribui de maneira significativa para a identificação de assinaturas proteicas relacionadas ao desenvolvimento e à progressão tumoral.

Sob a perspectiva dos principais achados, constata-se uma convergência entre os estudos no que se refere ao elevado potencial da proteômica comparativa para identificação de biomarcadores com aplicação diagnóstica, prognóstica e de estratificação de risco. As evidências apontam que painéis proteicos compostos por múltiplos marcadores apresentam desempenho superior em relação a proteínas isoladas, promovendo maior sensibilidade e especificidade na detecção de cânceres agressivos.

No que se refere ao diagnóstico precoce, destaca-se que as evidências analisadas reforçam a capacidade da proteômica de identificar alterações moleculares em fases subclínicas da doença. Tal característica indica que mudanças proteicas podem anteceder alterações estruturais detectáveis por métodos convencionais, ampliando as possibilidades de rastreamento precoce e intervenções terapêuticas oportunas.

Em relação às limitações e desafios, observa-se que, apesar dos avanços significativos, ainda há barreiras para a consolidação da proteômica comparativa na prática clínica. Entre os principais entraves, destacam-se a necessidade de validação externa dos biomarcadores, a padronização metodológica entre diferentes estudos e a ampliação de investigações com populações mais heterogêneas, garantindo maior robustez e reprodutibilidade dos achados.

Por fim, no que diz respeito às perspectivas futuras, recomenda-se a realização de estudos multicêntricos e longitudinais que avaliem a aplicabilidade clínica de painéis proteômicos integrados em diferentes tipos de câncer. Sugere-se também o uso de inteligência artificial e abordagens computacionais avançadas para análise de grandes volumes de dados proteômicos, visando aprimorar a precisão diagnóstica e fortalecer o desenvolvimento da medicina de precisão em oncologia.

REFERÊNCIAS

BLANCA, A. *et al.* Integrated urinary and tissue proteomic signatures reveal core and progression biomarkers in MRI-visible and MRI-non-visible prostate cancer. **Life**, v. 16, n. 3, p. 383, 2026. DOI: <https://doi.org/10.3390/life16030383>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2075-1729/16/3/383>. Acesso em: 02 jun. 2026.

BUDNIK, B. *et al.* Novel proteomics-based plasma test for early detection of multiple cancers in the general population. **BMJ Oncology**, v. 3, n. 1, e000073, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1136/bmjonc-2023-000073>. Disponível em: <https://bmjoncology.bmj.com/content/3/1/e000073>. Acesso em: 02 jun. 2026.

EICKELSCHULTE, S. *et al.* Biomarkers for the detection and risk stratification of aggressive prostate cancer. **Cancers**, v. 14, n. 24, p. 6094, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/cancers14246094>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2072-6694/14/24/6094>. Acesso em: 02 jun. 2026.

HUA, H. *et al.* A proteomic classifier panel for early screening of colorectal cancer: a case-control study. **Journal of Translational Medicine**, v. 22, p. 188, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12967-024-04983-5>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1186/s12967-024-04983-5>. Acesso em: 02 jun. 2026.

JIN, H. *et al.* Plasma proteomic high-performance biomarkers for early diagnosis of colorectal cancer. **Journal of Proteome Research**, v. 24, n. 10, p. 5177-5189, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.5c00483>. Disponível em: <https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acs.jproteome.5c00483>. Acesso em: 02 jun. 2026.

LIU, W. *et al.* Proteomic analysis across Healthy–NAT–Tumor tissues uncovers clinically relevant biological events in esophageal squamous cell carcinoma. **Briefings in Bioinformatics**, v. 27, n. 2, bbag186, 2026. DOI: <https://doi.org/10.1093/bib/bbag186>. Disponível em: <https://academic.oup.com/bib/article/27/2/bbag186/8661696>. Acesso em: 02 jun. 2026.

LUDVIGSEN, M. *et al.* Proteomic characterization of colorectal cancer cells versus normal-derived colon mucosa cells: approaching identification of novel diagnostic protein biomarkers in colorectal cancer. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 10, p. 3466, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms21103466>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/21/10/3466>. Acesso em: 02 jun. 2026.

MOSKOV, M. *et al.* Deep plasma proteomics identifies and validates an eight-protein biomarker panel that separates benign from malignant tumors in ovarian cancer. **Communications Medicine**, v. 5, n. 230, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1038/s43856-025-00945-0>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s43856-025-00945-0>. Acesso em: 02 jun. 2026.

QIAN, L. *et al.* Proteomic landscape of epithelial ovarian cancer. **Nature Communications**, v. 15, p. 6462, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-024-50786-z>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41467-024-50786-z>. Acesso em: 02 jun. 2026.

TAN, C. *et al.* Comprehensive serum proteomics profiles and potential protein biomarkers for the early detection of advanced adenoma and colorectal cancer. **World Journal of Gastrointestinal Oncology**, v. 16, n. 7, p. 2971-2987, 2024. DOI: <https://doi.org/10.4251/wjgo.v16.i7.2971>. Disponível em: <https://www.wjgnet.com/1948-5204/full/v16/i7/2971.htm>. Acesso em: 02 jun. 2026.

WANG C. *et al.* Novel serum proteomic biomarkers for early diagnosis and aggressive grade identification of prostate cancer. **Frontiers in Oncology**. 2022;12:1004015. DOI: <https://doi.org/10.3389/fonc.2022.1004015>. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/oncology/articles/10.3389/fonc.2022.1004015/full>. Acesso em: 02 jun. 2026.

XIAO, C. *et al.* Olink profiling of intestinal tissue identifies novel biomarkers for colorectal cancer.

Journal of Proteome Research, v. 24, n. 2, p. 599–611, 2025. DOI:

<https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.4c00728>. Disponível em:

<https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acs.jproteome.4c00728>. Acesso em: 02 jun. 2026.

ZHENG, Y. *et al.* Mass spectrometry-based proteomics profiling reveals differential proteome

composition in tumor and normal tissues, with implications for normalization. **Cancer Research**, v. 84, n. 6 Suppl, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1158/1538-7445.AM2024-2285>. Disponível em:

https://aacrjournals.org/cancerres/article/84/6_Supplement/2285/737335/Abstract-2285-Mass-spectrometry-based-proteomics. Acesso em: 02 jun. 2026.

ZHU, H. *et al.* Proteomics of adjacent-to-tumor samples uncovers clinically relevant biological events in hepatocellular carcinoma. **National Science Review**, v. 10, n. 8, nwad167, 2023. DOI:

<https://doi.org/10.1093/nsr/nwad167>. Disponível em:

<https://academic.oup.com/nsr/article/10/8/nwad167/7189878>. Acesso em: 02 jun. 2026.