www.revistaft.com.br

Revista FT | ISSN 1678-0817 | v. 30, n. 164, 2026 | DOI: 10.69849/jsx60n93

DNA tumoral circulante na detecção da doença residual molecular e na predição de recidiva tumoral: avanços recentes e perspectivas clínicas.

Circulating tumor DNA in molecular residual disease detection and tumor recurrence prediction: recent advances and clinical perspectives.

Laysla Tamyres de Oliveira Borges[1]
Paulo José de Andrade Lira Oliveira[2]
Natália Maria Valeriano da Silva[3]
Maria Clara Gomes Oliveira[4]
Rafael Ramos Teles[5]
Patrícia Cristina de Véras Souza Maia[6]
Mariana Gaspar Côrte Real[7]
João Eduardo Cordeiro Ferreira dos Santos[8]
Victor Buarque Ribeiro de Siqueira[9]
Milena Marcia da Silva[10]

Resumo

Introdução: a biópsia líquida, por meio da análise do DNA tumoral circulante (ctDNA), consolidou-se na oncologia de precisão como ferramenta para detectar a doença residual molecular e predizer a recidiva em tumores sólidos. **Objetivo:** revisar os avanços recentes no uso

[1]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0007-8339-383X
[2]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0009-4343-6246
[3]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0005-5189-9962
[4]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0004-2389-4278
[5]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0009-4715-5791
[6]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0000-0002-5291-2066
[7]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0004-1763-5579
[8]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0009-2167-0955
[9]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0009-0009-5736-7261
[10]Faculdade de Ciências Médicas Afya Jaboatão dos Guararapes – Jaboatão dos Guararapes – PE – Brasil. ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9893-1975

do ctDNA no seguimento após tratamento com intenção curativa, destacando aplicações clínicas, implicações terapêuticas e limitações atuais. **Metodologia:** revisão narrativa da literatura com estratégia de busca estruturada nas bases PubMed/MEDLINE, SciELO e Google Acadêmico, utilizando descritores DeCS e MeSH combinados por operadores booleanos, com recorte temporal de 2021 a 2026; após triagem por título, resumo e leitura integral, nove estudos compuseram a amostra final. **Resultados:** a detecção do ctDNA após o tratamento curativo identifica pacientes de alto risco antes da progressão radiológica, com evidências mais consistentes no câncer colorretal e resultados promissores nos cânceres de mama e de pulmão de células não pequenas e no melanoma. As abordagens informadas pelo tumor e agnóstica ao tumor contribuem para a estratificação de risco e para decisões terapêuticas individualizadas, incluindo o escalonamento e o descalonamento da terapia adjuvante. Persistem, contudo, desafios analíticos e clínicos, como resultados falso-positivos decorrentes da hematopoiese clonal, sensibilidade reduzida em determinados sítios anatômicos, ausência de protocolos padronizados e custo elevado. **Conclusão:** o ctDNA é um biomarcador promissor para a detecção precoce da doença residual molecular e para a predição de recidiva, favorecendo o cuidado oncológico personalizado; entretanto, sua incorporação ampla à prática clínica depende de validação prospectiva adicional, padronização metodológica e redução de custos.

Palavras-chave: Biópsia líquida; DNA tumoral circulante; Neoplasia residual; Detecção precoce de câncer; Ciências da Saúde.

Abstract

Introduction: liquid biopsy, through the analysis of circulating tumor DNA (ctDNA), has become established in precision oncology as a tool to detect molecular residual disease and predict recurrence in solid tumors. **Objective:** to review recent advances in the use of ctDNA during follow-up after curative-intent treatment, highlighting clinical applications, therapeutic implications and current limitations. **Methods:** narrative literature review with a structured search strategy in PubMed/MEDLINE, SciELO and Google Scholar, using DeCS and MeSH descriptors combined with Boolean operators, covering 2021 to 2026; after screening of titles, abstracts and full texts, nine studies made up the final sample. **Results:** ctDNA detection after curative treatment identifies high-risk patients before radiological progression, with the most consistent evidence in colorectal cancer and promising results in breast cancer, non-small cell lung cancer and melanoma. Tumor-informed and tumor-agnostic approaches support risk stratification and individualized therapeutic decisions, including escalation and de-escalation of adjuvant therapy. However, analytical and clinical challenges remain, such as false-positive results caused by clonal hematopoiesis, reduced sensitivity at certain anatomical sites, lack of standardized protocols and high cost. **Conclusion:** ctDNA is a promising biomarker for the early detection of molecular residual disease and recurrence prediction, supporting personalized cancer care; nevertheless, its broad clinical adoption depends on further prospective validation, methodological standardization and cost reduction.

Keywords: Liquid biopsy; Circulating tumor DNA; Neoplasm residual; Early detection of cancer; Health Sciences.

1 Introdução

O seguimento de pacientes oncológicos após tratamento com intenção curativa enfrenta um desafio persistente: a recidiva tumoral oculta, que pode se manifestar meses ou anos após a cirurgia ou a terapia adjuvante (Pinheiro *et al.*, 2022). Os métodos de imagem convencionais, como a tomografia computadorizada (TC) e a tomografia por emissão de pósitrons associada à TC (PET-CT), dependem da existência de lesões anatomicamente mensuráveis, em geral da ordem de milímetros, e por isso não identificam a carga tumoral subclínica presente nas fases iniciais da disseminação micrometastática (García-Pardo *et al.*, 2022).

Nesse contexto, a biópsia líquida consolidou-se como um dos pilares da oncologia de precisão, sobretudo por meio da análise do DNA tumoral circulante (ctDNA) (Li *et al.*, 2021). O ctDNA corresponde à fração do DNA livre de células (*cell-free DNA*, cfDNA) derivada das células neoplásicas, liberada na corrente sanguínea por apoptose, necrose ou secreção ativa, e reflete as alterações genômicas do tumor (Pinheiro *et al.*, 2022). Por exigir apenas uma amostra de sangue periférico, o método permite avaliações seriadas e minimamente invasivas, sem a necessidade de novas abordagens cirúrgicas para obtenção de tecido (García-Pardo *et al.*, 2022).

A doença residual molecular (DRM) corresponde à persistência de células tumorais após o tratamento curativo, detectável apenas por métodos moleculares e ainda sem tradução clínica ou radiológica. Com o avanço das plataformas de sequenciamento de nova geração (NGS) de alta sensibilidade, capazes de identificar frações muito baixas de ctDNA no plasma, a detecção da DRM deixou o campo experimental e passou a orientar ensaios clínicos de escalonamento e descalonamento terapêutico (Hashimoto *et al.*, 2024). A velocidade dessa evolução tecnológica, entretanto, supera a capacidade de atualização de muitos profissionais, o que justifica sínteses que aproximem as evidências recentes da prática de médicos generalistas, residentes e oncologistas (Trevisan *et al.*, 2026).

Diante desse cenário, o objetivo do presente estudo é revisar, de forma narrativa, os avanços recentes no uso do ctDNA para a detecção da DRM e a predição de recidiva em tumores sólidos, discutindo suas implicações terapêuticas, limitações e perspectivas para a prática clínica.

2 Revisão da literatura

A compreensão da aplicabilidade clínica do ctDNA na detecção da DRM exige o conhecimento prévio de sua origem biológica, de suas propriedades cinéticas e das estratégias laboratoriais empregadas em sua identificação, aspectos que fundamentam a interpretação dos resultados discutidos adiante.

2.1 DNA tumoral circulante e DNA livre de células

O cfDNA é composto por fragmentos de ácidos nucleicos presentes no plasma, com tamanho predominante entre 150 e 200 pares de bases, compatível com o DNA protegido por nucleossomos (García-Pardo *et al.*, 2022). Em indivíduos saudáveis, o cfDNA origina-se majoritariamente da renovação fisiológica de células hematopoéticas, ao passo que, em pacientes com neoplasias malignas, coexiste com o ctDNA, fração portadora das mutações somáticas do tumor e que pode representar uma proporção muito pequena do cfDNA total, sobretudo em cenários de baixa carga tumoral, como a DRM (Pinheiro *et al.*, 2022).

Outra característica relevante é a meia-vida curta do ctDNA na circulação, estimada em uma a duas horas, o que o torna um marcador praticamente em tempo real da dinâmica tumoral e permite avaliar precocemente o efeito de intervenções terapêuticas (Doculara *et al.*, 2022).

2.2 Abordagem informada pelo tumor (*tumor-informed*)

A estratégia informada pelo tumor (*tumor-informed*) baseia-se no sequenciamento prévio do tecido tumoral, obtido na cirurgia ou na biópsia diagnóstica, para identificar um conjunto de mutações exclusivas de cada paciente (Hashimoto *et al.*, 2024). A partir desse mapeamento, constrói-se um painel personalizado de NGS de ultraprofundidade, capaz de rastrear essas assinaturas genéticas no plasma com limites de detecção muito baixos (Li *et al.*, 2021). A abordagem oferece elevada especificidade para a detecção da DRM, porém depende da disponibilidade de tecido tumoral adequado e implica maior tempo até a liberação do primeiro resultado (Hashimoto *et al.*, 2024).

2.3 Abordagem agnóstica ao tumor (*tumor-agnostic*)

A metodologia agnóstica ao tumor (*tumor-agnostic* ou *plasma-only*) dispensa a análise prévia do tecido e avalia diretamente o plasma por meio de painéis fixos multigênicos,

marcadores epigenéticos e padrões de metilação característicos de neoplasias (García-Pardo *et al.*, 2022). Embora ofereça maior praticidade logística, por não exigir o bloco de parafina do tumor primário, essa técnica concentra-se em alterações recorrentes predefinidas e tende a apresentar menor sensibilidade que os testes personalizados (Li *et al.*, 2021). O Quadro 1 sintetiza as principais diferenças entre as duas abordagens.

Quadro 1. Comparação entre as abordagens informada pelo tumor e agnóstica ao tumor para a detecção da doença residual molecular por ctDNA

Característica	**Informada pelo tumor (*tumor-informed*)**	**Agnóstica ao tumor (*tumor-agnostic*)**
Necessidade de tecido tumoral	Sim, para sequenciamento prévio	Não
Alvos analisados	Painel personalizado de mutações do próprio paciente	Painéis fixos de mutações recorrentes, metilação e outros marcadores epigenéticos
Sensibilidade analítica	Mais elevada	Tende a ser menor
Especificidade	Elevada	Mais suscetível a variantes de origem hematopoética
Logística e tempo de resposta	Mais complexa e mais demorada	Mais simples e mais rápida

Fonte: elaborado pelos autores com base em Li *et al.* (2021), García-Pardo *et al.* (2022) e Hashimoto *et al.* (2024).

3 Metodologia

Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, de abordagem qualitativa e caráter descritivo, conduzida com estratégia estruturada de busca e seleção de evidências científicas. A pergunta norteadora foi elaborada segundo o acrônimo PICo, em que a população (P) corresponde a pacientes com tumores sólidos tratados com intenção curativa, o fenômeno de interesse (I) à detecção do ctDNA por biópsia líquida e o contexto (Co) ao monitoramento da DRM e à predição de recidiva. Assim, definiu-se a seguinte questão: "Quais são os avanços recentes, as aplicações clínicas e as limitações do uso do ctDNA na detecção da DRM e na predição de recidiva em tumores sólidos?".

As buscas foram realizadas em outubro de 2026 nas bases PubMed/MEDLINE, *Scientific Electronic Library Online* (SciELO) e Google Acadêmico. Foram utilizados descritores controlados dos vocabulários *Medical Subject Headings* (MeSH) e Descritores em Ciências da Saúde (DeCS), associados a termos livres e combinados pelos operadores booleanos AND e OR,

conforme apresentado no Quadro 2. Aplicaram-se os filtros de período de publicação (2021 a 2026) e de idioma (inglês, português e espanhol).

Quadro 2. Estratégias de busca utilizadas em cada base de dados

Base de dados	Estratégia de busca	Filtros
PubMed/MEDLINE	("Circulating Tumor DNA"[MeSH] OR "circulating tumor DNA" OR ctDNA) AND ("Neoplasm, Residual"[MeSH] OR "molecular residual disease" OR "minimal residual disease") AND ("Liquid Biopsy"[MeSH] OR "Biomarkers, Tumor"[MeSH] OR recurrence)	2021 a 2026; humanos; inglês, português e espanhol
SciELO	("DNA tumoral circulante" OR "circulating tumor DNA" OR "biópsia líquida" OR "liquid biopsy") AND (neoplasias OR câncer OR câncer)	2021 a 2026; inglês, português e espanhol
Google Acadêmico	"DNA tumoral circulante" AND ("biópsia líquida" OR "doença residual") AND (câncer OR neoplasia)	2021 a 2026; leitura dos 100 primeiros resultados ordenados por relevância

Fonte: elaborado pelos autores (2026).

Foram incluídos estudos originais, ensaios clínicos, estudos de coorte, revisões sistemáticas, revisões de metanálises e revisões de literatura, publicados entre 2021 e 2026, disponíveis na íntegra e que abordassem o uso do ctDNA ou do cfDNA na detecção da DRM, no monitoramento após o tratamento ou na predição de recidiva em neoplasias sólidas. Foram excluídos relatos de casos isolados, estudos conduzidos exclusivamente *in vitro* ou em modelos animais, editoriais, cartas ao editor, resumos de eventos, publicações duplicadas e trabalhos voltados exclusivamente a neoplasias hematológicas.

A seleção ocorreu em três etapas sequenciais. Inicialmente, todos os registros recuperados pelas estratégias de busca foram avaliados pela leitura dos títulos, com exclusão daqueles sem relação com o tema. Em seguida, os resumos dos registros remanescentes foram lidos e confrontados com os critérios de elegibilidade, sendo também descartadas as publicações duplicadas entre as bases. Por fim, os estudos potencialmente elegíveis foram lidos na íntegra, e foram mantidos aqueles que abordavam diretamente o uso do ctDNA na detecção da DRM, no monitoramento após o tratamento ou na predição de recidiva. Considerando a pertinência temática, a atualidade e a contribuição de cada publicação para a pergunta norteadora, nove estudos compuseram a amostra final.

Dos estudos selecionados, foram extraídos autoria, ano de publicação, tipo de estudo, objetivo e principais achados, organizados no Quadro 3. A análise foi conduzida de forma descritiva e interpretativa, com agrupamento dos achados em três eixos temáticos: aplicações

clínicas por tipo tumoral, limitações analíticas e clínicas e perspectivas para a incorporação do método à prática assistencial. Por se tratar de pesquisa baseada exclusivamente em dados secundários de domínio público, o estudo dispensou apreciação pelo Comitê de Ética em Pesquisa.

4 Resultados e discussão

A amostra final foi composta por nove estudos publicados entre 2021 e 2026, dos quais cinco em língua inglesa e quatro em língua portuguesa. Quanto ao delineamento, identificaram-se uma revisão sistemática, uma revisão de metanálises e sete revisões de literatura, que abordaram o câncer colorretal, o câncer de mama, o câncer de pulmão de células não pequenas, o melanoma e tumores pediátricos, além de aspectos tecnológicos e analíticos transversais. A síntese dos estudos incluídos encontra-se no Quadro 3.

Quadro 3. Síntese dos estudos incluídos na revisão

Autor e ano	Tipo de estudo	Objetivo	Principais achados
Li *et al.*, 2021	Revisão de literatura	Discutir a aplicação da ciência de dados na detecção do ctDNA	Painéis personalizados de NGS ampliam a sensibilidade; padronização e custo limitam a adoção
Doculara *et al.*, 2022	Revisão de literatura	Revisar o uso do ctDNA em cânceres pediátricos	Meia-vida curta do ctDNA; menor sensibilidade em tumores do sistema nervoso central
García-Pardo *et al.*, 2022	Revisão de literatura	Analisar oportunidades e desafios da integração do cfDNA à prática clínica	ctDNA antecipa a recidiva em relação à imagem; CHIP como fonte de falso-positivos
Pinheiro *et al.*, 2022	Revisão de literatura	Discutir a importância da biópsia líquida no diagnóstico oncológico	Caráter minimamente invasivo e aplicação no monitoramento do câncer de mama
Hashimoto *et al.*, 2024	Revisão de literatura	Discutir a detecção da DRM por ensaio baseado em sequenciamento do genoma completo	Positividade pós-operatória do ctDNA prediz recidiva e benefício da adjuvância no CCR
Pikturniene *et al.*, 2024	Revisão de literatura	Avaliar o papel do ctDNA no melanoma avançado	ctDNA correlaciona-se com carga tumoral, prognóstico e resposta à imunoterapia
Abreu *et al.*, 2025	Revisão sistemática	Avaliar o ctDNA no prognóstico de tumores sólidos gastrintestinais	ctDNA pós-operatório positivo associa-se a maior risco de recidiva
Teixeira *et al.*, 2025	Revisão de literatura	Revisar aplicações clínicas do cfDNA no câncer de pulmão	Monitoramento seriado detecta DRM e mutações de resistência antes da progressão radiológica

Autor e ano	Tipo de estudo	Objetivo	Principais achados
Trevisan *et al.*, 2026	Revisão de metanálises	Sintetizar metanálises sobre biópsia líquida publicadas entre 2020 e 2025	Desempenho diagnóstico promissor, com risco relevante de falso-negativos

Fonte: elaborado pelos autores (2026).

4.1 Câncer colorretal

O câncer colorretal (CCR) reúne as evidências mais robustas para o uso do ctDNA no período pós-operatório (Abreu *et al.*, 2025). No estudo *DYNAMIC*, conduzido em pacientes com CCR em estádio II, a estratégia guiada pelo ctDNA reduziu a indicação de quimioterapia adjuvante sem comprometer a sobrevida livre de recidiva quando comparada ao manejo convencional. De modo complementar, os dados do consórcio *CIRCULATE-Japan* demonstraram que a positividade do ctDNA após a ressecção identifica pacientes com risco substancialmente maior de recidiva e que obtêm maior benefício da quimioterapia adjuvante (Hashimoto *et al.*, 2024; Abreu *et al.*, 2025). Esses resultados sustentam o uso do ctDNA tanto para intensificar o tratamento nos pacientes positivos quanto para poupar os pacientes negativos da toxicidade de uma terapia possivelmente desnecessária.

4.2 Câncer de mama

No câncer de mama, especialmente nos subtipos triplo-negativo e com receptores hormonais positivos de alto risco, o ctDNA tem sido amplamente investigado no monitoramento da resposta à quimioterapia neoadjuvante e na vigilância após o tratamento (Pinheiro *et al.*, 2022). A depuração do ctDNA durante a neoadjuvância correlaciona-se com a obtenção de resposta patológica completa, enquanto sua persistência ou reaparecimento no plasma antecipa a recidiva metastática em uma mediana de aproximadamente 8 a 10 meses em relação aos exames de imagem convencionais (García-Pardo *et al.*, 2022).

4.3 Câncer de pulmão de células não pequenas

Em pacientes com câncer de pulmão de células não pequenas (CPCNP) submetidos a ressecção cirúrgica ou a terapia sistêmica, a biópsia líquida atua no rastreamento da DRM e na detecção precoce de mecanismos de resistência adquirida, como mutações secundárias nos genes *EGFR* e *ALK*. O monitoramento seriado do ctDNA permite adaptar a conduta terapêutica antes mesmo da progressão radiológica evidente (Teixeira *et al.*, 2025).

4.4 Melanoma

No melanoma avançado, a quantificação do ctDNA, sobretudo de mutações em *BRAF* e *NRAS*, correlaciona-se com a carga tumoral e com o prognóstico. Sua dinâmica precoce durante a imunoterapia ou a terapia-alvo auxilia na distinção entre resposta verdadeira, pseudoprogressão e progressão de doença, o que contribui para decisões terapêuticas mais bem fundamentadas (Pikturniene *et al.*, 2024).

4.5 Resultados falso-positivos e hematopoiese clonal

Um dos principais obstáculos analíticos na interpretação da biópsia líquida é a hematopoiese clonal de potencial indeterminado (*clonal hematopoiesis of indeterminate potential*, CHIP), caracterizada por mutações somáticas associadas ao envelhecimento em células hematopoéticas, que liberam no plasma fragmentos de DNA com alterações semelhantes às tumorais (García-Pardo *et al.*, 2022). A CHIP pode gerar resultados falso-positivos, o que torna recomendável o sequenciamento pareado do DNA leucocitário do paciente (*buffy coat*) para distinguir variantes clonais hematopoéticas de variantes de origem tumoral (Hashimoto *et al.*, 2024).

4.6 Limites de sensibilidade e sítios anatômicos

A sensibilidade do método pode ser comprometida em tumores com baixa liberação de DNA e em neoplasias restritas a santuários anatômicos, como as metástases confinadas ao sistema nervoso central, nas quais a barreira hematoencefálica limita a passagem de fragmentos tumorais para a circulação sistêmica (Doculara *et al.*, 2022). Nesses cenários, o risco de resultado falso-negativo permanece clinicamente relevante, de modo que um ctDNA negativo isolado não exclui a presença de DRM (Trevisan *et al.*, 2026).

4.7 Padronização, custo e perspectivas

A incorporação do ctDNA à rotina assistencial pública e privada esbarra na ausência de padronização global das etapas pré-analíticas, incluindo o tipo de tubo de coleta, o tempo até a centrifugação e a temperatura de armazenamento, além do custo elevado das plataformas de sequenciamento de alto desempenho (Li *et al.*, 2021; Abreu *et al.*, 2025). A superação dessas

barreiras é indispensável para viabilizar a custo-efetividade e a equidade de acesso ao método, sobretudo em sistemas públicos de saúde (Pinheiro *et al.*, 2022).

Entre as perspectivas futuras, destacam-se os ensaios prospectivos de intervenção guiada pelo ctDNA e as plataformas baseadas em sequenciamento do genoma completo, que ampliam o número de variantes rastreadas e podem elevar a sensibilidade analítica na detecção da DRM (Hashimoto *et al.*, 2024).

4.8 Limitações do estudo

Esta revisão apresenta limitações inerentes ao delineamento narrativo, como a possibilidade de viés de seleção e a ausência de avaliação formal da qualidade metodológica dos estudos incluídos. Além disso, a amostra foi composta predominantemente por revisões, de modo que os resultados dos ensaios clínicos foram analisados de forma indireta. Ainda assim, a síntese reúne as evidências mais recentes de forma acessível e aplicável à prática clínica.

5 Conclusão

O ctDNA consolida-se como biomarcador dinâmico e minimamente invasivo, capaz de deslocar o seguimento oncológico de um modelo reativo, baseado no surgimento tardio de lesões estruturais nos exames de imagem, para uma abordagem de intervenção precoce e individualizada. Sua aplicação na detecção da DRM e na predição de recidiva já modifica a estratificação de risco e as decisões sobre terapia adjuvante, com evidências mais maduras no câncer colorretal e resultados promissores nos cânceres de mama e de pulmão e no melanoma.

Apesar disso, a hematopoiese clonal, a sensibilidade limitada em determinados sítios anatômicos, a falta de padronização pré-analítica e o custo elevado ainda restringem seu uso rotineiro. A consolidação de ensaios clínicos prospectivos, a harmonização dos protocolos laboratoriais e a incorporação de diretrizes clínicas nos próximos anos serão determinantes para que a biópsia líquida se torne acessível de forma ampla e equitativa nos sistemas público e privado de saúde.

Referências

ABREU, Gabriel dos Santos Martins de; BRITO, Mariana Albuquerque de; RAMOS, Ana Paula de Souza. Utilização de DNA tumoral circulante na análise de prognóstico de pacientes com

tumores malignos sólidos do trato gastrintestinal: revisão sistemática. **Revista Brasileira de Cancerologia**, v. 70, n. 4, e-194873, 2025. DOI: https://doi.org/10.32635/2176-9745.RBC.2024v70n4.4873. Disponível em: https://rbc.inca.gov.br/index.php/revista/article/view/4873. Acesso em: 25 out. 2026.

DOCULARA, L. *et al.* Circulating tumor DNA in pediatric cancer. **Frontiers in Molecular Biosciences**, v. 9, art. 885597, 2022. DOI: https://doi.org/10.3389/fmolb.2022.885597. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9133724/. Acesso em: 23 out. 2026.

GARCÍA-PARDO, M. *et al.* Integrating circulating-free DNA (cfDNA) analysis into clinical practice: opportunities and challenges. **British Journal of Cancer**, v. 127, n. 4, p. 592-602, 2022. DOI: https://doi.org/10.1038/s41416-022-01776-9. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9381753/. Acesso em: 23 out. 2026.

HASHIMOTO, T. *et al.* Bridging horizons beyond CIRCULATE-Japan: a new paradigm in molecular residual disease detection via whole genome sequencing-based circulating tumor DNA assay. **International Journal of Clinical Oncology**, v. 29, n. 5, p. 495-511, 2024. DOI: https://doi.org/10.1007/s10147-024-02493-4. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC11043144/. Acesso em: 23 out. 2026.

LI, M. *et al.* Application of data science in circulating tumor DNA detection: a promising avenue towards liquid biopsy. **Frontiers in Oncology**, v. 11, art. 692322, 2021. DOI: https://doi.org/10.3389/fonc.2021.692322. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8337081/. Acesso em: 23 out. 2026.

PIKTURNIENE, R. *et al.* Harnessing ctDNA in advanced melanoma: a promising tool for informed clinical decisions. **Cancers**, v. 16, n. 6, art. 1197, 2024. DOI: https://doi.org/10.3390/cancers16061197. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC10969039/. Acesso em: 23 out. 2026.

PINHEIRO, P. A.; MENDONÇA, E. G. de; ROSA, E. C. C. A importância da biópsia líquida no diagnóstico oncológico. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v. 8, n. 7, p. 52988-53003, 2022. DOI: https://doi.org/10.34117/bjdv8n7-288. Disponível em: https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/50570. Acesso em: 23 out. 2026.

TEIXEIRA, Tamires Felippe; PALMA, Ana Luiza do Rosario; LIRA, Daniel Dias; SANTOS, Joyce Nascimento. Ácido desoxirribonucleico livre de células (cfDNA) no câncer de pulmão: revisão da literatura sobre aplicações clínicas e perspectivas futuras. **Research, Society and Development**, v. 14, n. 12, e107141250365, 2025. DOI: https://doi.org/10.33448/rsd-v14i12.50365. Disponível em: https://rsdjournal.org/rsd/article/view/50365. Acesso em: 3 nov. 2026.

TREVISAN, Monique Fonini; SANGALLI, Luiza; OLIVEIRA, Rafael Kornalewski de; FO, Larissa dos Santos. Biópsia líquida no diagnóstico e monitoramento do câncer: uma revisão de metanálises publicadas entre 2020 e 2025. *In*: **Oncologia e hematologia**. 19. ed. [*S. l.*]: Editora Pasteur, 2026. p. 49-54. DOI: https://doi.org/10.59290/1422300276. Acesso em: 3 nov. 2026.