

população compatível com DRM nas amostras. No paciente 1 foram identificados 0,02% de plasmócitos dentre as células nucleadas, com relação kappa/lambda de 1,0:1. No paciente 2 foram identificados 0,005% de plasmócitos, com relação kappa/lambda de 1,2:1. Os plasmócitos de ambos pacientes expressaram CD138 e CD38 e ausência de expressão do nanoanticorpo CD38 JK36. **Discussão:** O nanoanticorpo CD38 JK36 se liga ao epítipo 3 do CD38, enquanto o Daratumumabe tem como alvo o epítipo 1, permitindo a identificação do antígeno CD38 nas análises de IFC após o tratamento com esse imunoterápico. O Isatuximabe (reconhecido como SAR650984, Sanofi, Cambridge, MA, EUA) é uma opção terapêutica para pacientes com MM reincidente e refratário. Ele consiste em um anticorpo monoclonal IgG que se liga a um epítipo específico de CD38, distinto de outras terapias anti-CD38. Estudos da estrutura de CD38 ligado à nanoanticorpos e anticorpos terapêuticos sugerem que o Isatuximabe se ligue ao epítipo 3, semelhante ao nanoanticorpo CD38 JK36. Apesar dessa possibilidade não ter sido testada experimentalmente, é consistente com os achados dos dois casos reportados. **Conclusão:** O Isatuximabe como opção de tratamento para MM é recente, e com isso, a literatura carece de estudos capazes de sustentar que a ligação deste anticorpo e do nanoanticorpo CD38 JK36 tenham como alvo o mesmo epítipo. Apesar disso, a ausência da expressão de CD38 (VHH) JK36 após o uso de Isatuximabe sugere que ambos possuem como alvo o mesmo epítipo celular. Neste contexto, o uso prévio de Isatuximabe pode exigir estratégias diferenciadas para identificação de plasmócitos na avaliação de DRM de MM.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.324>

COMPARAÇÃO ENTRE ANÁLISE MANUAL E AUTOMÁTICA POR CITOMETRIA DE FLUXO COM O PAINEL MM MRD EUROFLOW

ABDS Salgado^a, ES Barbosa^a, EMD Couto^a, RM Pontes^b, RJP Magalhães^c, A Maiolino^{a,d,e}, ES Costa^{a,f}

^a Faculdade de Medicina, Programa de Pós-Graduação em Clínica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

^b Laboratório de Pesquisa translacional, Hospital da Criança de Brasília José Alencar (HCB), Brasília, DF, Brasil

^c Serviço de Hematologia Clínica, Hospital Universitário Clementino Fraga Filho (HUCFF), Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

^d Hospital Universitário Clementino Fraga Filho (HUCFF), Faculdade de Medicina, Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

^e Instituto Américas de Ensino e Pesquisa, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

^f Faculdade de Medicina e Serviço de Citometria, Instituto de Puericultura e Pediatria Martagão Gesteira (IPPMG), Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Objetivo/Introdução: A avaliação de doença residual mensurável por citometria (DRM) de fluxo de alta sensibilidade (Next Generation Flow - NGF) trouxe padronização, reprodutibilidade e alta sensibilidade para o acompanhamento dos pacientes com mieloma múltiplo (MM). Amplamente utilizada no monitoramento de MM, a DRM é um fator prognóstico independente, e sua correlação com a sobrevida permite que seja utilizada como *end-point* de estudos clínicos. Recentemente, para mitigar diferenças que podem ocorrer entre análises inter-operador, o grupo EuroFlow desenvolveu uma técnica de análise automatizada (*automated database-guided gating and identification* - AGI), utilizando uma base de dados como referência para identificar e classificar cada população da amostra, agrupar as populações e colocar para a revisão as diferentes do padrão normal, como por exemplo plasmócitos clonais. Com base no exposto acima, o objetivo desse trabalho é comparar os resultados de DRM/NGF realizados manual e automaticamente nos casos de MM no período de 100 dias (D100) após o transplante autólogo de células-tronco hematopoéticas (TACTH). **Metodologia:** Foram selecionadas retrospectivamente 47 amostras de DRM/NGF no D100 após o TACTH. Todas as amostras de MO foram submetidas à lise celular em massa e marcadas com uma combinação de 10 anticorpos monoclonais otimizados em 2 tubos (8 cores) - Painel EuroFlow MM DRM e Adquiridas 10⁷ de células por amostra utilizando o equipamento FACS Canto II (BD). Os dados gerados foram analisados manualmente por um expert e comparados com a análise automática utilizando o software Infinicyt 2.1. **Resultados:** A análise automática conseguiu identificar as populações da amostra em 100% dos casos. Do total de amostras analisadas, 19/47 (40%) delas alcançaram DRM⁻ pela análise manual (AM), enquanto 20/47, 42% pela análise automatizada (AA). Apenas um caso divergente 1/47 (2,1%) que apresentou DRM⁺ pela análise manual e DRM⁻ pela análise automática, a paciente em questão não apresentou progressão de doença em 67 meses de acompanhamento. A concordância de DRM entre AA e AM para DRM MM foi de 97,8%. A comparação dos resultados analíticos entre os dados obtidos manual e automaticamente mostrou a mediana dos valores percentuais de plasmócitos normais (nPC) de 0,126 vs 0,12 para análise manual e automática respectivamente (teste de correlação de Spearman = 0,8 p = 0,000). Comparando a análise dos plasmócitos patológicos (pPC) a mediana foi de: 0,049 vs 0,05 para análise manual e automática respectivamente (teste de correlação de Spearman = 0,9 p < 0,001). Foi feito comparações entre AM e AA das demais populações da medula óssea com a correlação de 0,9 p < 0,001 para neutrófilos; 0,5 p = 0,001 para monócitos; 0,9 p < 0,001 para eosinófilos; 0,9 p < 0,001 para eritroblastos; 0,9 p < 0,001 para linfócitos B maduros; 0,9 p < 0,001 para linfócitos B precursores; 0,9 p < 0,001 para mastócitos e 0,7 p < 0,001 para precursor mieloide. O tempo médio que durou a análise automática foi de 3 minutos com mais 10 minutos para revisão dos “checks” enquanto a análise manual durou em média 45 minutos. **Conclusão:** Com base nos resultados obtidos, podemos observar que análise automática é uma ferramenta segura, que confere padronização às análises por citometria de fluxo para detecção de DRM no MM e demais populações medulares além de conferir celeridade para as análises imunofenotípicas.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.325>