

LEUCEMIAS SECUNDÁRIAS AO TRATAMENTO COM ANTINEOPLÁSICO

VC Pereira, LF Martins, MTD Sarto, MPS Rocco, JLF Pinto, JCP Faria, CJS Filho

Universidade Municipal de São Caetano do Sul (USCS), São Caetano do Sul, SP, Brasil

Introdução: Os avanços terapêuticos permitiram um aumento na sobrevida de pessoas com neoplasias malignas nas últimas décadas. Contudo, o tratamento destas doenças aumentou o risco futuro de leucemias com alta resistência aos tratamentos antineoplásicos com elevada mortalidade.

Objetivos: Revisão sobre etiologia e prevalência de leucemias secundárias ao tratamento antineoplásico. **Materiais e métodos:** Trata-se de uma revisão da literatura. Foi realizada uma busca nas bases de dados: EBSCO, Scielo-Brasil, Lilacs e MedLine/Pubmed; utilizando os seguintes descritores: instabilidade genômica, instabilidade de microssatélites, leucemias secundárias, leucemias associadas ao tratamento em língua vernácula e em inglês. Os critérios de inclusão foram publicações nos últimos 40 anos sobre leucemias secundárias ao tratamento antineoplásico. Foram excluídos: leucemias de outras etiologias, cartas ao editor, relatos de caso, outras temáticas. **Resultados:** Foram obtidos inicialmente 2151 artigos, dos quais 138 foram selecionados. As neoplasias primárias mais prevalentes foram as sólidas (53%) sendo o câncer de mama o mais prevalente representando 40% dos casos. A quimioterapia foi o tratamento mais realizado, na qual os agentes alquilantes e inibidores de topoisomerase II foram os antineoplásicos mais associados aos casos de neoplasias secundárias. Entre as neoplasias secundárias ao tratamento, as leucemias linfoides agudas foram mais observadas. Em relação às alterações cromossômicas, se destaca a translocação associada ao gene MLL. Na avaliação de alterações genéticas o gene de reparo TP53 é o mais frequentemente avaliado nos trabalhos. **Discussão:** Muitos casos de leucemias secundárias foram observados, especialmente em mulheres previamente tratadas para câncer de mama, tendo 32 casos descritos. A alta incidência populacional deste câncer, associada a um tratamento com combinações de quimioterápicos contendo agentes alquilantes justifica essa incidência elevada especialmente neste grupo. O uso de agentes alquilantes cujo mecanismo consiste na criação de aductos no DNA das células associado a mutações no gene de reparo TP53 se constitui de um cenário que propicia o surgimento de neoplasias secundárias. Diante da elevada taxa mitótica, as células da medula óssea são bastante suscetíveis a esta modalidade terapêutica. As alterações cromossômicas que levam à fusão do MLL1 concorrem para o aumento da proliferação medular que explicaria o surgimento de mielodisplasias e leucemias agudas. **Conclusão:** As quimioterapias com alquilantes e inibidores de topoisomerase II foram as mais associadas com o surgimento da segunda neoplasia, a qual a leucemia linfóide aguda foi a mais prevalente. É inegável que a quimioterapia trouxe avanços à medicina, porém com o aumento da sobrevida, devemos nos preocupar em prevenir ou diagnosticar precocemente as leucemias secundárias.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.602>

ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO E CARIÓTIPO EM PACIENTES COM LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA AO DIAGNÓSTICO: IMPORTÂNCIA DE AMBAS AS PESQUISAS

LSDN Censi, CMDs Martins, MS Renon, ADSB Perazzio, MLLF Chauffaille

Grupo Fleury, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A leucemia mieloide aguda (LMA) é um grupo de doenças das células precursoras hematopoéticas mielóides com acúmulo de progenitores imaturos (blastos) na medula óssea. Acomete principalmente adultos, perfazendo cerca de 80% dos casos, com maior incidência na população maior de 60 anos. **Objetivo:** Analisar os resultados de Sequenciamento de Nova Geração (SNG) e cariótipo convencional em pacientes com LMA, ao diagnóstico, no período de 30/01/2020 a 06/07/2024. **Material e métodos:** O cariótipo foi realizado, a partir de cultura de curta duração, pelo método de coloração de banda G. O processamento do SNG consistiu na extração de DNA e de RNA em amostra de sangue ou de medula óssea submetidos ao sequenciamento na plataforma NextSeq500 (Illumina). Os dados do sequenciamento foram processados pela bioinformática para análise das variantes de 69 genes (42 genes completos e 27 genes com regiões hotspot) e de região de fusão de 27 genes envolvidos nas neoplasias mielóides. **Resultados:** Foram identificados 62 pacientes com idade variando de 17 a 90 anos (média = 66 e mediana = 75,5) e em relação ao sexo 31 eram feminino e 31 masculino. Em 35,5% (22) dos casos, o SNG evidenciou alterações moleculares e o cariótipo foi normal; em 8,1% (5) cariótipo mostrou-se alterado e SNG normal; em 54,8% (34) os resultados dos dois métodos apresentaram-se alterados e em 1,6% (1) ambos os resultados foram normais. Em relação as alterações genômicas os genes NPM1, SRSF2, NRAS, IDH2, DNMT3A, ASXL1, SF3B1, KRAS e TP53 representaram 72,5% das mutações no SNG. O rearranjo de fusão mais comum foi CBFβ::MYH11. Para o cariótipo cerca de 33% correspondem a cariótipo complexo e vários rearranjos cromossômicos observados no cariótipo foram confirmados no SNG. **Discussão/Conclusão:** O cariótipo é um exame imprescindível nas LMA pois permite classificar a doença em diferentes subtipos e direcionar tratamento pela estratificação de risco. Com o advento do SNG, a descoberta de mutações gênicas contribuiu sobremaneira no direcionamento de estratégia terapêutica. Nesse estudo, em 98,4% dos casos analisados foram detectadas alterações relevantes para diagnóstico e estratificação de prognóstico, sendo que em 54,8% os dois métodos trouxeram informações para compor essa avaliação de forma mais completa. A associação de técnicas é benéfica para a melhor identificação de alterações.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.603>

TRANSFORMATION OF CHRONIC MYELOMONOCYTIC LEUKEMIA TO ACUTE MONOCYTIC LEUKEMIA IN AN ELDERLY PATIENT: A CASE REPORT

AM Oba, A Amaro, S Lanes, LA Mattos, MM Moraes, A Marinato, R Proto-Siqueira