

PREDIÇÃO DO DESENVOLVIMENTO DE INIBIDORES EM CRIANÇAS COM HEMOFILIA A GRAVE: ANÁLISE POR INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL DO ESTUDO HEMFIL

LL Jardim ^{a,b}, TA Schieber ^c, MP Santana ^d, MH Cerqueira ^e, CS Lorenzato ^f, VKB Franco ^g, LW Zuccherato ^h, DG Chaves ^d, SM Rezende ^h

^a Instituto René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz), Belo Horizonte, MG, Brasil

^b Department of Clinical Epidemiology, Leiden University Medical Centre, Leiden, Holanda

^c Faculdade de Ciências Econômicas (FACE), Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil

^d Fundação Centro de Hematologia e Hemoterapia do Estado de Minas Gerais (Hemominas), Belo Horizonte, MG, Brasil

^e Instituto Estadual de Hematologia Arthur de Siqueira Cavalcanti (Hemorio), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

^f Centro de Hematologia e Hemoterapia do Paraná (HEMEPAR), Curitiba, PR, Brasil

^g Centro de Hematologia e Hemoterapia de Santa Catarina (HEMOSC), Florianópolis, SC, Brasil

^h Faculdade de Medicina, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil

Introdução/Objetivos: Ainda não é possível identificar quais pacientes com hemofilia A (HA) desenvolverão inibidor. O objetivo desse estudo foi construir um modelo de predição de desenvolvimento inibidores usando uma rede de variáveis através da inteligência artificial (IA). **Métodos:** Crianças com HA (CHA) moderada/grave (FVIII<2%) foram incluídas ao diagnóstico (T0), com até 5 dias de exposição (DE) ao fator VIII (FVIII) e foram acompanhadas até 75DE ou até o desenvolvimento de inibidor. Em T0 foram avaliadas 42 variáveis: fenotipagem de monócitos, neutrófilos, células T e B, anticorpos específicos anti-FVIII (IgM, IgG1, IgG3, IgG4), quimiocinas (CCL2, CCL5, CXCL8, CXCL9, CXCL10), citocinas (IL-2, IL-4, IL-6, IL-10, IFN-gama, TNF, IL-17) e caracterização fenotípica de micropartículas derivadas de células endoteliais (CD51/61-PE), eritrócitos (CD235a-PECy5), plaquetas (CD41a-PERCP-Cy5.5), leucócitos (CD45-APC), neutrófilos (CD66-PE), monócitos (CD14-PERCP) e linfócitos T (CD3-PE). Também foram avaliadas variáveis clínicas e o genótipo do FVIII, que foi classificado como de alto risco para o desenvolvimento de inibidores (inversões, deleções, mutações sem sentido) ou baixo risco (demais mutações). Um modelo preditivo foi usado para comparar a relação entre as variáveis e potenciais diferenças topológicas dos perfis das crianças que desenvolveram ou não inibidores em T0, considerando a robustez. Para validação, foi utilizada a técnica de validação cruzada “leave-one-out”. A acurácia, precisão, “recall” e “F1-score” foram utilizados como métricas de avaliação do modelo de “Machine Learning”. **Resultados:** Um total de 95 CHA foram incluídas, mediana de idade 10 meses (IQR, 6-15), todas tratadas com FVIII recombinante (Advate®, Takeda). Um total de 31 (33%) desenvolveram inibidor, sendo 22 (71%) de alto título (>5UB). O algoritmo identificou associação entre as variáveis e o desfecho, das quais

linfócitos TCD4, linfócitos B ativos, monócitos, micropartícula derivada de monócito e IL17 foram as mais relevantes. Os valores preditivos positivo e negativo do modelo foram, respectivamente, de 74,2% e 98,4%. O recall foi de 95,8% e o F1-score foi de 83,7%. O modelo foi capaz de identificar corretamente o desfecho de todas as crianças com robustez acima de 23,5%. Ao restringir a análise aos pacientes com mutações de alto risco, a acurácia para identificar, em T0, as CHA que desenvolveram inibidor, aumentou de 74% para 82,1%. Os resultados derivados da validação cruzada leave-one-out demonstraram a capacidade da rede de prever com precisão o desenvolvimento do inibidor. **Discussão:** Este modelo de IA avaliou diferentes variáveis, agrupando as CHA de acordo com o perfil de redes em comum e demonstrou que indivíduos que desenvolvem inibidores exibem padrões de classificação distintos em comparação com aqueles que não os desenvolvem. Este modelo foi capaz de identificar diferenças topológicas nas redes conforme os perfis clínicos, genéticos e imunológicos de CHA em T0. A acurácia do modelo para identificar crianças que desenvolveram inibidor aumentou após considerar as mutações de alto risco. **Conclusão:** Nosso algoritmo identificou, ao diagnóstico da HA, uma diferença entre a rede de variáveis em CHA moderada/grave que desenvolveram e que não desenvolveram inibidor, com uma acurácia média de 90,5%.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.873>

DISTÚRBIOS DE COAGULAÇÃO DO FATOR VII, VIII: MANEJO SOB A ÓTICA DAS COBERTURAS ESPECIAIS

RN Bernardo ^a, VG Silva ^b, VMM Silva ^{c,d}, FMB Lavra ^b, AS Araújo ^c, DWS Araújo ^b, EG Silva ^b, JA Silva ^e

^a OrphanDC, São Paulo, SP, Brasil

^b Faculdade de Ciências Humanas de Olinda (FACHO), Olinda, PE, Brasil

^c Fundação de Hematologia e Hemoterapia de Pernambuco (HEMOPE), Recife, PE, Brasil

^d Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil

^e Multihemo, Recife, PE, Brasil

Introdução: Profissionais de enfermagem que tem na sua rotina assistencial curativos, precisa ser capacitados para cuidar com destreza e segurança, precisando de conhecimentos sobre as diversas tecnologias disponíveis no mercado. O programa de tratamento das coagulopatias no Brasil é centrado no SUS, sob gerência da Coordenação-Geral de Sangue e Hemoderivados do Ministério da Saúde. **Objetivo:** Relatar o manejo sob a ótica das coberturas especiais, nos distúrbios de coagulação do Fator VII, VIII. **Material e métodos:** Relatos de caso, em hospital referência em Recife -PE, de junho a julho de 2023, com dois pacientes, apresentando lesões por trauma e infecções. As evoluções cicatriciais, foram por análise nos prontuários e imagens fotográficas. O estudo obedeceu aos aspectos éticos e legais da Resolução N°466/12 do Conselho Nacional de Saúde do Ministério da Saúde. Parecer n°6.194.531, Certificado de Apresentação de Apreciação Ética