

Descrição do caso: Caso 1: Feminino, 40 anos, neutropenia leve há detectada há cerca de 10 anos ($1000-1500/\text{mm}^3$), assintomática, sem infecções de repetição e/ou graves, sem anemia ou plaquetopenia. Mielograma normocelular sem displasia, cariótipo normal, 46XX. Estudo imunofenotípico mostrou ausência completa de CD16 em neutrófilos, mantida em NK. Não havia displasia na expressão de outros marcadores granulocíticos (CD13, CD11b) ou eritroides (CD36, CD71), nem perda de CD14 em monócitos maduros, desfavorecendo SMD e HPN. Caso 2: Masculino, 66 anos, inicia Policitemia ($\text{Hb} = 18 \text{ g/dL}$) após uso de testosterona, com leucócitos e plaquetas normais. Mielograma normocelular sem displasia, cariótipo normal, 46XY, biopsia sem achados sugestivos de policitemia vera. Estudo imunofenotípico mostrou ausência completa de CD16 em neutrófilos, mantida em NK. Não havia displasia na expressão de outros marcadores granulocíticos (CD13, CD11b) ou eritroides (CD36, CD71), nem perda de CD14 em monócitos maduros. Neste caso, realizado estudo para clone HPN que não demonstrou perda de CD157, FLAER em granulócitos ou monócitos, também aqui desfavorecendo SMD e HPN. **Conclusão:** Ausência ou perda parcial de CD16 em neutrófilos é condição que pode ser observada em diversas condições relevantes como mielodisplasia ou HPN. É fundamental distinguir estas condições da rara deficiência de CD16B, o que pode ser feito através da observação de outros marcadores celulares em diversas populações, como os descritos acima. Ademais, a expressão de CD16 em NK deve ser especialmente observada, uma vez que o significado clínico pode ser diferente, sendo quadro clínico mais leve ou assintomático nos casos de deficiência em granulócitos (CD16B) e mais grave, com infecções de repetição ou doenças autoimunes nos casos de deficiências em NK (CD16A).

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104317>

ID - 2145

AUTOMATIZAÇÃO DE PADRÕES IMUNOFENOTÍPICOS PARA OTIMIZAÇÃO DO PROCESSO DIAGNÓSTICO NO MIELOMA MÚLTIPLO

ATG Martins^a, IAF Bahia^b, FCB Lima^a,
EC Bezerra^c, FCM Theodoro^a, SM Muxel^d,
GBC Junior^a

^a Universidade Federal do Rio Grande do Norte
(UFRN), Natal, RN, Brasil

^b Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP,
Brasil

^c Hemocentro Dalton Cunha (HEMONORTE), Natal,
RN, Brasil

^d Escola de Artes, Ciências e Humanidades (EACH),
Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP,
Brasil

Introdução: O mieloma múltiplo (MM) é uma neoplasia hematológica caracterizada pela proliferação clonal de plasmócitos na medula óssea e produção de imunoglobulinas

monoclonais, frequentemente precedida por gamopatia monoclonal de significado indeterminado (MGUS) e mieloma múltiplo smoldering (SMM). A citometria de fluxo multiparamétrica (CFM) é essencial para o diagnóstico diferencial dessas discrasias, permitindo detectar assincronismos maturacionais e aberrações fenotípicas de relevância prognóstica, como CD56, associado a evolução desfavorável, e CD117, correlacionado a subtipos moleculares específicos e possível melhor prognóstico. **Objetivos:** Este estudo, realizado no Banco de sangue do Rio Grande do Norte, Hemocentro Dalton Cunha (Hemonorte), integrou análises de CFM a metodologias computacionais em linguagem R, com o objetivo de caracterizar detalhadamente o perfil imunofenotípico do MM e avaliar seu potencial na estratificação prognóstica, buscando otimizar a tomada de decisão diagnóstica. **Material e métodos:** Foram analisados dados de CFM de 145 pacientes atendidos entre 2023 e 2025, incluindo casos confirmados de MM e casos negativos para suspeita de MM (grupo controle). As amostras foram processadas em citômetro DxFLX (Beckman Coulter) com painel padronizado de anticorpos monoclonais. Os dados flow cytometry standard (fcs) derivados da aquisição foram submetidos a uma série etapas de processamento e visualização por diferentes bibliotecas no R e Rstudio, incluindo leitura pela flowCore, clustering pelo FlowSOM, visualização geral pelo ComplexHeatmap, avaliação entre grupos e amostras pelo ggplot2 e ggpubr, análise de correlação pelo circlize e análise de expressão por UMAP. **Resultados:** A seleção de plasmócitos foi baseada na coexpressão $\text{CD38}^+/\text{CD138}^+$, após isolamento da população mononuclear por CD45 e SSC. A coorte apresentou idade média de 66 anos, com leve predominância feminina. Nos casos de MM, os plasmócitos exibiram assincronismos maturacionais marcantes, com alta expressão de CD38/CD138, ausência de CD19/CD45 e aberrações frequentes de CD56 e CD117. A média de intensidade de fluorescência (MIF) apresentou maior dispersão no MM para CD38, Kappa e Lambda, indicando clonalidade e heterogeneidade fenotípica. A coexpressão de CD38/CD138 com CD56/CD117 foi recorrente no MM, enquanto CD45 e CD3 mostraram perda de correlação. **Discussão e conclusão:** A análise de correlação hierárquica destacou quatro relações principais. O par CD38/CD138, marcadores estruturais de plasmócitos, apresentou proporcionalidade semelhante entre MM e controle, validando a estratégia de seleção celular. Já CD56/CD117, ausentes em plasmócitos normais, mostraram ausência de correlação no controle e surgimento de conexões no MM, evidenciando aberrações relacionadas à progressão tumoral e ao valor prognóstico. Observou-se ainda a perda quase total de correlação para CD45 e CD3 no MM, condizente com a ausência típica de CD45 em plasmócitos clonais e possível comprometimento da imunidade mediada por linfócitos T. Tais achados corroboram a literatura e, com o apoio de abordagens computacionais, permitiram identificar e modelar padrões imunofenotípicos, registrando-os para integração com análises futuras e agilizando a interpretação diagnóstica, fortalecendo o papel da CFM na estratificação prognóstica no MM.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104318>