

Em 2017, retornou ao serviço médico com sinais de progressão hematológica, ainda em fase crônica, sendo reiniciado o uso de imatinibe. Em 2018, houve novo abandono terapêutico, permanecendo sem tratamento por período prolongado. O paciente retornou ao acompanhamento médico em 2023, ainda em fase crônica, porém com 13% de blastos circulantes. Reiniciou-se o imatinibe, mas, após três meses de uso, não houve resposta hematológica satisfatória. Diante da refratariedade, optou-se pela introdução do dasatinibe 100 mg/dia. No início do uso de dasatinibe, o hemograma não apresentava citopenias relevantes. Contudo, após aproximadamente um mês de tratamento, o paciente evoluiu com plaquetopenia severa, neutropenia e quadro infeccioso associado, sendo internado para investigação. Na ocasião, o estudo da medula óssea revelou hipocelularidade acentuada, com celularidade estimada em torno de 5% e ausência de células atípicas, achados compatíveis com mielotoxicidade relacionada à terapia. A contagem de reticulócitos foi de 6.200/ μ L, corroborando o diagnóstico de aplasia medular. O dasatinibe foi prontamente suspenso, sendo instituídas medidas clínicas de suporte. Apesar da suspensão do ITK, o paciente manteve-se com citopenias importantes, evoluindo para pancitopenia, com necessidade de suporte transfusional diário e uso de fator estimulador de colônias de granulócitos (G-CSF). Diante da mielotoxicidade prolongada e da intolerância ao uso de inibidores de tirosina quinase, optou-se pela indicação de transplante alogênico de medula óssea. **Conclusão:** Este caso destaca a relevância do seguimento contínuo em pacientes com LMC e da vigilância ativa para eventos adversos hematológicos graves associados ao uso de inibidores de tirosina quinase de segunda geração, como o dasatinibe. A aplasia medular, embora rara, deve ser considerada no diagnóstico diferencial em casos de pancitopenia durante o uso dessas medicações. A identificação precoce e a suspensão imediata do fármaco são fundamentais para o manejo adequado e possível reversão do quadro. Em caso de mielotoxicidade persistente, a despeito da suspensão do ITK, e diante do risco iminente de progressão para fase blástica, deve-se considerar precocemente a indicação de transplante de medula óssea como estratégia terapêutica potencialmente curativa.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104399>

ID - 212

AValiação de Algoritmos de Machine Learning na Predição de Detecção dos Transcritos do Gene BCR/ABL na Fundação Centro de Hemoterapia e Hematologia do Pará (HEMOPA), Belém, Pará

RCd Oliveira ^a, NCCd Almeida ^a, NA Azevedo ^a,
PSd Silva ^a, SDB Pacheco ^a, DLdC Miranda ^a,
EL Garcêz ^a, KAdS Braille ^{a,b}, CedM Amaral ^{a,b}

^a Fundação Centro de Hemoterapia e Hematologia do Pará (HEMOPA), Belém, PA, Brasil

^b Centro Universitário Metropolitano da Amazônia (UNIFAMAZ), Belém, PA, Brasil

Introdução: A translocação que forma o gene de fusão BCR-ABL t(9;22) e seus transcritos b2a2 (e13a2) e b3a2 (e14a2) é um marcador molecular importante no diagnóstico de cerca de 95% dos casos de Leucemia Mielóide Crônica e 5% da Leucemia Linfoblástica Aguda. A Reação em Cadeia da Polimerase em Tempo Real (RT-qPCR) é método padrão-ouro na detecção desses transcritos. Contudo, estratégias computacionais como Machine Learning (ML) podem explorar variáveis laboratoriais e demográficas rotineiras, ampliando o suporte à tomada de decisão e à triagem laboratorial. Machine Learning (ML) é um conjunto de métodos computacionais capazes de “aprender” padrões a partir de dados e fazer previsões ou classificações sem programação explícita para cada regra. No contexto laboratorial, esses algoritmos conseguem combinar variáveis (como idade, sexo e parâmetros hematológicos) para estimar a probabilidade de um desfecho molecular (como a detecção dos transcritos BCR-ABL). **Objetivos:** Avaliar o desempenho de algoritmos de ML na predição de resultados de RT-qPCR para BCR-ABL, com base em dados laboratoriais e demográficos de pacientes atendidos na Fundação Centro de Hemoterapia e Hematologia (HEMOPA). **Material e métodos:** Estudo retrospectivo, transversal e quantitativo, aprovado pelo Comitê de Ética (CAAE: 20528519.8.0000.5550). Os dados utilizados foram obtidos de ensaios realizados no Laboratório de Biologia Molecular e Celular no HEMOPA 2015 a 2019. Os modelos foram treinados e avaliados na plataforma Orange Data Mining, com base em resultados de RT-qPCR, com desfecho Detectável (Det)/Indetectável (Ind) ocultado no conjunto de teste. Para treinamento, empregaram-se 368 exames coletados entre 2015-2018; o conjunto de validação incluiu 73 amostras de 2019. Como variáveis preditoras, incluíram dados demográficos (sexo e idade) e parâmetros do hemograma. Empregou-se validação cruzada estratificada (widget Test and Score) e matriz de confusão para aferir acertos e erros do treino e avaliar os algoritmos com maior desempenho. **Resultados:** Na fase de treinamento, os algoritmos Random Forest, Neural Network, Logistic Regression, Gradient Boosting, AdaBoost e Decision Tree apresentaram um bom desempenho (acurácia >75%). No teste com 73 amostras, as taxas de acerto dos quatro melhores modelos foram: Random Forest (62/73; 84,9% — Det: 31/33; Ind: 31/40), Gradient Boosting (61/73; 83,6% — Det: 30/33; Ind: 31/40), Logistic Regression (60/73; 82,2% — Det: 27/33; Ind: 33/40) e Neural Network (56/73; 76,7% — Det: 32/33; Ind: 24/40). **Discussão e conclusão:** Algoritmos de ensemble (Random Forest e Gradient Boosting) apresentaram melhor acurácia e equilíbrio entre sensibilidade e especificidade frente a métodos tradicionais e redes neurais, se mostrando promissores para contribuir no controle de qualidade dos testes de qPCR para BCR/ABL. Apesar da adoção crescente de ML na saúde, seu uso formal em rotina laboratorial ainda não é tão comum. Este estudo evidencia o potencial do aprendizado de máquina para otimizar resultados. Os modelos de ML utilizados demonstram capacidade promissora na predição de resultados. Futuras pesquisas devem otimizar parâmetros, ampliar dados, incluir variáveis clínicas e realizar validação multicêntrica para consolidar resultados e incentivar sua adoção em rotina laboratorial, contribuindo na melhoria de recursos diagnósticos no contexto do SUS.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104400>