

collected from the hospital database. For gene fusion analysis, cDNA was obtained to detect molecular biomarkers by Nested PCR using specific primers. Agarose gel electrophoresis was performed for visualization of PCR products, followed by Sanger sequencing to confirm PCR results. Descriptive statistics were used for qualitative variables, determining absolute and relative frequencies, while for quantitative variables, medians and standard deviations were calculated. The Kruskal–Wallis test was applied to assess the association between the presence of one of the gene fusions (BCR::ABL, TCF3::PBX1, KMT2A::AFF1, and ETV6::RUNX1) and biochemical parameters, adopting a significance level of $p \leq 0.05$. Statistical analyses were performed using RStudio 12.1. **Results:** Of the patients, 60% were male and 40% female, with a median age of 6 years. Regarding molecular biomarkers, 35% tested positive for ETV6::RUNX1, 16% for TCF3::PBX1, 5% for BCR::ABL, 1% for KMT2A::AFF1, and 43% showed none of the studied fusions. Biochemical medians were: glucose 90 U/mL, creatinine 0.4 U/mL, urea 25.7 U/mL, AST 41.5 U/mL, ALT 26 U/mL, bilirubin 0.29 U/mL, and LDH 599 U/mL. The Kruskal–Wallis test revealed a statistically significant difference between molecular biomarkers and glucose levels ($p=0.03$); no significant differences were found for other biochemical variables. **Discussion and conclusion:** International literature reports ETV6::RUNX1 as the most frequent fusion in B-ALL, present in about 25% of cases, corroborating our findings. However, TCF3::PBX1 occurred in 16% of cases, diverging from studies in other countries that report a frequency of 3–5%. This higher prevalence in our study may be related to the high genetic admixture of the Amazonian population, potentially influencing the emergence of this fusion, and to environmental exposure to heavy metals, a common activity in the region, which may be associated with its occurrence. LDH levels were approximately seven times higher than reference values, consistent with previous studies. Elevated LDH levels are correlated with high tumor burden but are not specific for ALL, requiring interpretation alongside other laboratory findings. The ETV6::RUNX1 molecular biomarker may silence key genes and regulatory regions; thus, it is important to investigate its impact on the biochemical variables assessed in this study and its potential clinical implications throughout the three treatment phases: induction, consolidation, and maintenance.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104499>

ID - 1388

ATRASOS E BARREIRAS NO ACESSO AO TRANSPLANTE DE MEDULA ÓSSEA EM PACIENTES COM LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA: ANÁLISE DE UM CENTRO NA AMAZÔNIA

VF Ribeiro, CRMd Reis, RMd Silva, JV Tavares, LBC Leão, TX Carneiro

Hospital Ophir Loyola, Belém, PA, Brasil

Introdução: O transplante de medula óssea alogênico (TMO) é parte essencial do tratamento para pacientes com leucemia aguda. As disparidades regionais no acesso aos serviços de saúde no Brasil impactam diretamente os índices de mortalidade e sobrevida destes pacientes. Isso se torna ainda mais crucial no contexto da Região Norte, onde não há TMO alogênico pelo Sistema Único de Saúde (SUS). **Objetivos:** Avaliar o número de pacientes com leucemia mieloide aguda aos quais houve indicação de transplante de medula óssea e quantos obtiveram acesso ao procedimento, no período de 2020 a 2024. Bem como, analisar o tempo entre a indicação e a realização do transplante. **Material e métodos:** Tratou-se de estudo observacional, descritivo e retrospectivo realizado no Hospital Ophir Loyola em Belém, no Pará. Foram avaliados 135 prontuários de pacientes com diagnóstico de leucemia mieloide aguda entre os anos de 2020 e 2024. Após aplicação de critérios de exclusão, foram submetidos à análise 91 prontuários. Para análise estatística, utilizou-se o teste de Mann-Whitney, teste de associação qui-quadrado de Pearson e teste exato de Fisher. Foram analisadas variáveis como sexo, idade, data da indicação e realização do TMO e motivo da não realização. **Resultados:** A mediana de idade ao diagnóstico foi de 49 anos, variando entre 19 e 85 anos, com predominância do sexo feminino (52,75%). A mediana de tratamentos instituídos foi 1, variando de 1 a 3. Apenas 30 (32,96%) pacientes foram encaminhados ao TMO. O tempo médio entre diagnóstico e encaminhamento para transplante foi de 3 meses, variando entre 1 e 10 meses. Destes, 10 pacientes (33,33%) realizaram TMO alogênico, sendo que 3 ainda aguardam avaliação do centro transplantador e um foi convocado para TMO em maio de 2025. A mediana de tempo entre o encaminhamento ao transplante e sua realização foi de 8 meses, variando de 3 a 18 meses. Dentre os 16 pacientes que não realizaram TMO após sua indicação, os principais motivos foram óbito (50%) e palição (31,25%). Dos 61 pacientes aos quais não houve encaminhamento ao transplante os principais motivos também foram óbito (67,2%) e palição (19,67%). **Discussão e conclusão:** Embora haja indicação precoce ao TMO, ainda houve atraso de 8 meses até a sua realização. O principal motivo do não encaminhamento ao transplante foi óbito e palição por perda de performance. Dentre os pacientes que foram encaminhados ao TMO porém não realizaram o procedimento, a principal causa foi óbito por doença recidivada ou refratária após um ou mais esquemas de quimioterapia. Enfatiza-se, assim, a necessidade de acesso precoce ao TMO para pacientes de maior risco. Dos 55 centros de transplante não aparentado no país, nenhum se encontra na região Norte. Além da questão estrutural, fatores como idade, raça e escolaridade possuem impacto direto na morosidade do acesso ao transplante. Conclui-se que a Região Norte do Brasil enfrenta desafios históricos no acesso à terapias de alta complexidade como o transplante de medula óssea alogênico. Essa disparidade estrutural dificulta o acesso e prolonga o tempo de espera. Destaca-se, a necessidade de políticas públicas e ampliação de infraestrutura em saúde a fim de fornecer equidade no acesso ao tratamento.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104500>