ensaios e variaram substancialmente, de 2,5% a 97%. A SG variou de 2,99 a 14 meses, e a RG variou de ausência de resposta clínica até 64% dos participantes apresentando resposta. As evidências reunidas mostraram um perfil de segurança desfavorável, com reações adversas significativas, e taxas de mortalidade e sobrevida global bastante variáveis. As taxas de remissão foram comparáveis às de terapias já conhecidas e utilizadas na prática clínica, como Decitabina e Venetoclax. Embora o tratamento com anticorpos monoclonais anti-CD123 demonstrar potencial em cenários específicos, os desafios relacionados à segurança, tolerabilidade e eficácia consistente destacam a necessidade de mais pesquisas para otimizar seu papel no manejo da LMA.

https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104497

ID - 3360

APLICAÇÕES DA CITOMETRIA DE FLUXO NO DIAGNÓSTICO E MONITORAMENTO DAS LEUCEMIAS AGUDAS

MEP Vasconcelos, ATT Montalvão, MES Tahim, LAL Frota, MJ Passos, JJdN Costa, ML Lucia, LA Arcanjo, CG da Silva

Centro Universitário INTA (UNINTA), Sobral, CE, Brasil

Introdução: As leucemias agudas são neoplasias hematológicas de rápida evolução e alta letalidade. O diagnóstico precoce e o monitoramento da resposta terapêutica são determinantes para o prognóstico. A citometria de fluxo multiparamétrica (CFM) consolidou-se como ferramenta central na caracterização imunofenotípica, detecção de doença residual mensurável (DRM) e suporte às classificações recentes da OMS (WHO-HAEM5) e da International Consensus Classification (ICC). **Objetivos:** Revisar evidências publicadas no último ano sobre a aplicação da CFM no diagnóstico e acompanhamento de leucemias agudas, destacando avanços tecnológicos e implicações clínicas. **Material e métodos:** Foi realizada busca na PubMed com os descritores "flow cytometry" AND "acute leukemia", filtrando revisões de agosto/2024 a agosto/2025. Quatro artigos foram incluídos, contemplando leucemias mieloides, linfoides e de linhagem ambígua. **Resultados:** A CFM permite definição rápida do imunofenótipo celular, identificação da linhagem e detecção de alterações antigênicas associadas a mutações recorrentes. Na leucemia mieloide aguda (LMA), sua integração com dados genéticos e citogenéticos aprimora a estratificação prognóstica e orienta a escolha terapêutica. É também essencial na detecção de DRM com alta sensibilidade, favorecendo intervenções precoces para evitar recaídas. Estudos recentes demonstraram a utilidade da citometria espectral, capaz de analisar mais marcadores em um único tubo, otimizando diagnóstico e acompanhamento de leucemias linfoides agudas pediátricas. Em leucemias de linhagem ambígua, a CFM é fundamental para classificação segundo critérios fenotípicos atualizados, diferenciando fenótipos mistos e orientando condutas. O uso de aprendizado de máquina mostra potencial para automatizar a análise de dados citométricos e prever alterações genéticas. **Discussão:** A CFM permanece padrão ouro para imunofenotipagem nas leucemias agudas e seu papel na personalização terapêutica tende a crescer. Tecnologias emergentes, como citometria espectral e inteligência artificial, ampliam a acurácia diagnóstica e reduzem variabilidade entre analistas. Persistem desafios como padronização interlaboratorial e integração com outros métodos diagnósticos. **Conclusão:** A CFM é indispensável no diagnóstico, classificação e monitoramento das leucemias agudas. Avanços recentes ampliam seu potencial clínico e favorecem abordagens individualizadas, com impacto positivo no prognóstico.

Referências:

Fuda F, Chen W. Acute leukemia of ambiguous lineage: diagnosis and evaluation by flow cytometry. Cancers (Basel). 2025;17(5):871. doi:10.3390/cancers17050871.

Cai Q, Wang M, Sun J, Li Y, Zhang H, Liu X, et al. Flow cytometry in acute myeloid leukemia and detection of minimal residual disease. Clin Chim Acta. 2025;564:119945. doi:10.1016/j.cca.2024.119945.

Ally F, Chen X. Acute myeloid leukemia: diagnosis and evaluation by flow cytometry. Cancers (Basel). 2024;16 (22):3855. doi:10.3390/cancers16223855.

https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104498

ID - 3183

ASSOCIATION BETWEEN GENE FUSIONS AND BIOCHEMICAL PROFILE IN PEDIATRIC B-ALL PATIENTS FROM THE BRAZILIAN AMAZON

MB Oliveira [a], ÁTM Tavares [a], MM Bernardes [b], KB Rodrigues [a], JCS Oliveira [a], YdSd dos Santos [a], LdC Pantoja [b], AV Wanderley [b], BCM Khayat [a], AS Khayat [a]

[a] *Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, Brazil*
[b] *Hospital Oncológico Infantil Octávio Lobo (HOIOL), Belém, Brazil*

Introduction: Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) is the most common malignancy diagnosed in children, accounting for approximately 25% of all childhood cancers. ALL arises from the malignant transformation of precursors from the lymphoid lineage of B cells and/or is triggered by a series of genetic aberrations, such as chromosomal translocations. These translocations initiate the leukemic process, and within B-ALL, the most clinically relevant gene fusions are BCR::ABL, TCF3::PBX1, KMT2A::AFF1, and ETV6::RUNX1. **Objectives:** This study aimed to evaluate the gene fusion status in B-ALL pediatric patients from the Brazilian Amazon and its association with laboratory biochemical parameters. **Material and methods:** The research was approved by the Research Ethics Committee under protocol number 4.040.805 and included 214 patients diagnosed with ALL at the Octávio Lobo Pediatric Oncology Hospital between 2023 and 2025. Biochemical data (glucose, creatinine, urea, AST, ALT, bilirubin, and LDH) and epidemiological data (sex and age) were

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 paliação (31,25%). Dos 61 pacientes aos quais não houve encaminhamento ao transplante os principais motivos também foram óbito (67,2%) e paliação (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 paliação por perda de performance. Dentre os pacientes que foram encaminhados ao TMO porem 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