

tiveram PC clonais detectados (0.06-78.3%) na MO e uma mediana de 0.03% (0.0009-0.54%) de células estromais, sendo este compartimento composto de 49% de MSC (4-83%) e 51% de células endoteliais (17-96%). Na avaliação de DRM, os grupos por estratificação de doença apresentaram percentuais de células estromais na MO semelhantes, DRM+ (6/12, 50%) 0.03% (0.001-0.25%) e DRM- (6/12, 50%) 0.028% (0.0009- 0.71%) células estromais. Dentro do compartimento de células estromais, os pacientes DRM+ tiveram um incremento de MSC quando comparado ao diagnóstico, 80% (75-82%) ($p < 0.001$). Os pacientes DRM- tinham uma mediana de 65% (0-80%) de MSC no compartimento de células estromais ($p = \text{NS}$). **Discussão e conclusão:** O estudo do estroma da MO por citometria de fluxo fornece uma avaliação rápida e sensível para identificação e estratificação do compartimento de células estromais. Nossos achados mostram que o aumento de MSC durante o curso da doença parece fornecer um nicho de suporte para a manutenção das células patológicas. Estudos com coortes maiores e por períodos prolongados pode nos ajudar a confirmar esse padrão de distribuição e como se correlaciona com desfechos clínicos dos pacientes.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104819>

ID - 2959

AVALIAÇÃO RETROSPECTIVA DO TRATAMENTO DE PRIMEIRA LINHA DO MIELOMA MÚLTIPLO EM UM CENTRO DE REFERÊNCIA PÚBLICO AO LONGO DE 8 ANOS (2017-2024)

CM Arcanjo^a, MF Maciel^a, KBB Pagnano^b, SS Medina^b, GB Oliveira^b, CA Souza^b, ST Olalla Saad^b, F Galvao^b, FV Pericole^b

^a Pontifícia Universidade Católica de Campinas (PUC-Campinas), Campinas, SP, Brasil

^b Centro de Hematologia e Hemoterapia (Hemocentro), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brasil

Introdução: O Mieloma Múltiplo (MM) é uma neoplasia causada pela proliferação clonal de plasmócitos na medula óssea e pela hipersecreção de imunoglobulinas monoclonais, causando lesões de órgãos alvo. A terapia de indução seguida por quimioterapia de alta dose com transplante autólogo de células tronco (TACT) é o tratamento recomendado em pacientes mais jovens e robustos, no entanto, para maioria dos pacientes, que são idosos e clinicamente frágeis, esquemas combinados de quimioterapia são utilizados como tratamento de primeira linha. Em 2020, o Ministério da Saúde incorporou o inibidor de proteassoma bortezomibe ao arsenal de tratamento do mieloma no SUS. **Objetivos:** Avaliar a evolução clínica de MM, entre os anos de 2017 e 2024, considerando tanto os que realizaram TACT quanto os que seguiram com o tratamento quimioterápico apenas, incluindo um recorte mais recente em que havia acesso universal ao bortezomibe. **Material e métodos:** Estudo observacional, longitudinal, unicêntrico, de coorte retrospectivo de MM tratados em um centro de referência, 100% SUS. Foram selecionados casos

com diagnóstico entre 2017 e 2024, com revisão de prontuários médicos, exames laboratoriais e de imagens. **Resultados:** 104 pacientes incluídos, idade mediana 64 anos (34-88), maioria brancos (69%) e do sexo masculino (53%). Dor ao diagnóstico foi o sintoma mais comum (78% dos casos), mediana do ECOG foi 2 (1-4), sendo 43% pacientes frágeis (ECOG 3-4). Havia 28 pacientes ISS I (27%), 24 pacientes ISS II (23%) e 52 pacientes ISS III (50%). As quimioterapias de indução mais utilizadas foram CTd (32%, predominante até 2020) e VTd (56%, principalmente após 2021) e 45% dos pacientes realizaram TACT. Esquemas de indução sem bortezomibe tiveram taxas de resposta global (TRG) 76% (52% de VGPR ou melhor), ao passo que com bortezomibe houve TRG 90% (VGPR ou melhor: 70%, $P < 0.01$). Com tempo médio de acompanhamento de 68 meses, a sobrevida livre de progressão (PFS) mediana foi de 36,4m e a mediana de sobrevida global (OS) estimada 68,7m. Pacientes que não realizaram TACH tiveram PFS 24m e OS 36m, ao passo que os que transplantaram tiveram desfechos muito melhores (PFS: 51 meses e OS não atingido, $P < 0.001$). Em análise multivariada de sobrevida global, os fatores que afetam de modo independente os desfechos são: TACT (HR = 0.13, $P < 0.001$), sexo masculino (HR = 1.75, $P = 0.01$), ECOG 3 ou 4 (HR = 1.6, $P = 0.03$) e ISS III vs I ou II (HR = 1.75, $P = 0.02$). **Discussão e conclusão:** Análises preliminares comprovam que os desfechos de tratamento do mieloma no SUS continuam ruins, mesmo com incorporação de triplets baseados em talidomida e bortezomibe, com mediana de sobrevida global de pouco mais de 5 anos. VTd gera resposta mais profunda quando comparado com esquemas baseados apenas em talidomida. Em análise multivariada o transplante autólogo é o principal fator protetor, capaz de gerar redução de risco de morte em 87%. O diagnóstico tardio da doença no SUS com predomínio de doença avançada (ISS III) e pacientes clinicamente frágeis torna o tratamento desafiador e subótimo. Neste contexto, há necessidade urgente de incorporação de novas tecnologias mais eficazes e menos tóxicas (como lenalidomida e anticorpos anti- CD38), mas especialmente ampliar o acesso ao transplante autólogo como medida custo-efetiva para ganho de sobrevida.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104820>

ID - 1430

COMPARAÇÃO DE ACHADOS CITOGENÉTICOS E MOLECULARES EM PACIENTES COM MIELOMA MÚLTIPLO NO EQUADOR E NO PARAGUAI

IB Otazu^a, C Paz-y-Miño^b, PE Leone^c

^a Laboratorio Diaz Gill S.A., Assunção, Paraguai

^b Universidad UTE, Quito, Equador

^c Hospital SOLCA, Quito, Equador

Introdução: O mieloma múltiplo (MM) é uma neoplasia hematológica caracterizada por uma alta heterogeneidade genética. Estudá-lo usando citogenética convencional e FISH fornece informações prognósticas cruciais. **Objetivos:** Este estudo compara os achados clínicos e citogenômicos de pacientes diagnosticados com MM em duas coortes latino-americanas: Equador e Paraguai. **Material e métodos:** Dados retrospectivos

foram estudados de pacientes diagnosticados com mieloma múltiplo em centros de referência: o Laboratório de Genética e Genômica do SOLCA Quito e a Faculdade de Ciências da Saúde Eugenio Espejo da Universidade UTE, Quito, Equador, e o Laboratório Díaz Gill S.A., em Assunção, Paraguai. Variáveis demográficas (idade, sexo) e resultados de citogenética convencional e FISH foram avaliados. **Resultados:** Um total de 106 pacientes do Equador e 104 pacientes do Paraguai com diagnóstico confirmado de MM foram analisados. A média de idade foi de 59 anos (variação: 37-98 anos; mediana: 59,5) no Equador e 61,5 anos (variação: 26-83; mediana: 63) no Paraguai. A proporção homens/mulheres na coorte equatoriana foi de 68%/32%, enquanto, na coorte paraguaia, foi de 47%/53%. Um cariótipo normal estava presente em > 50% dos casos no Equador e em 46% no Paraguai. A classificação citogenética em hiperdiploide e não hiperdiploide ocorreu em 6% e 94% dos casos no Equador e 15% e 85% no Paraguai, respectivamente. A seleção positiva de células foi usada em ambos os países, o que permitiu a detecção de anormalidades em mais de 20% dos casos com cada uma das sondas RB, IGH, TP53, 1p (CDKN2C) e 1q (CKSB1). Uma vez identificada a alteração de IGH, foram identificadas uma alta frequência de t(4;14) FGFR3/IGH e uma baixa frequência de t(11;14) CCND1/IGH em ambas as coortes em comparação com outras populações. Estudos mostram diferenças entre pacientes com MM no Equador e no Paraguai em termos de idade no diagnóstico e porcentagem de apresentação de acordo com o gênero, o que pode estar associado à composição genética de cada população. Pacientes da América Central e da região andina têm uma idade média no diagnóstico de 55,8 anos, em comparação com uma idade média de 62,8 anos nos países do Cone Sul. Em relação à razão de gênero, nos países da América Central e dos Andes a porcentagem média de homens com MM é de 55,3% contra 44,3% dos homens nos países do Cone Sul. Em relação aos achados citogenéticos, há uma diferença na apresentação de casos hiperdiploides entre o Equador e o Paraguai, embora a porcentagem seja geralmente baixa em comparação com outras populações. Da mesma forma, ambas as coortes latino-americanas mostram semelhanças na apresentação de translocações envolvendo o gene IGH. **Discussão e conclusão:** Esta análise ressalta a necessidade de padronizar os sistemas de coleta de dados clínico-genéticos na região, fortalecer a integração de informações entre os países e promover a pesquisa multicêntrica. A unificação dos critérios diagnósticos e o uso complementar de ferramentas genômicas melhorariam o diagnóstico precoce, otimizariam os tratamentos e avançariam em direção à medicina personalizada contextualizada na América Latina.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104821>

ID - 528

COMPARATIVE EFFICACY OF ANTI-CD38 MONOCLONAL ANTIBODIES IN MULTIPLE MYELOMA: A SYSTEMATIC REVIEW AND META-ANALYSIS SOUTO

JTD Filho ^a, A Doshi ^b, A Grimshaw ^c, S Giri ^d, LJ Costa ^d

^a Faculdade de Medicina de Campos (FMC), Campos dos Goytacazes, Brazil

^b Jacobi Medical Center/Albert Einstein College of Medicine, United States

^c Cushing / Whitney Medical Library, Yale University, United States

^d Division of Hematology and Oncology, Department of Medicine, University of Alabama, Birmingham, United States

Introduction: The introduction of anti-CD38 monoclonal antibodies (mAb) has significantly advanced treatment of multiple myeloma (MM). Both daratumumab (D) and isatuximab (I) have demonstrated substantial efficacy and improved outcomes in newly diagnosed and relapsed/refractory MM. Although widely evaluated with similar backbone regimens, direct comparative evidence between these agents remains unavailable. In the absence of head-to-head trials, network meta-analysis (NMA) provides a rigorous framework for indirect comparisons to support evidence-based selection of CD38-targeted strategies. **Objectives:** We conducted a systematic review (SR) and NMA of randomized clinical trials (RCT) to compare efficacy and survival outcomes of daratumumab-versus isatuximab-based regimens in MM. **Material and methods:** A structured search of Cochrane Library, Embase, Google Scholar, Medline, PubMed, Scopus, Web of Science, clinical trial registries, and major conference abstracts (2022–2025) was performed in January 2025. Eligible phase II/III RCT evaluated either antibody in combination with a shared therapeutic backbone and reporting progression-free survival (PFS) as endpoint. Two authors extracted and quality-checked data. We estimated hazard ratios (HR) for PFS and overall survival (OS) using a frequentist NMA model based on aggregate-level data, for each indirect comparison between regimens sharing a common backbone. Subsequently, we pooled the results using a random-effect model to summarize the overall treatment effect. Heterogeneity was assessed using Cochran's Q and I² statistics. **Results:** Six phase III trials comprising 2,587 patients met inclusion criteria. To enable an indirect comparison between D and I, studies were grouped into three networks based on identical backbone regimens: carfilzomib and dexamethasone (Kd), pomalidomide and dexamethasone (Pd), and bortezomib, lenalidomide and dexamethasone (VRd). No significant differences in PFS were observed across regimens: D-Kd vs. I-Kd (HR 1.10, 95% CI: 0.73–1.66), D-Pd vs. I-Pd (HR 1.11, 95% CI: 0.75–1.63), and D-VRd vs. I-VRd (HR 0.95, 95% CI: 0.60–1.49). Similarly, no differences in OS were detected: D-Kd vs. I-Kd (HR 0.91, 95% CI: 0.59–1.40), D-Pd vs. I-Pd (HR 1.05, 95% CI: 0.70–1.58), and D-VRd vs. I-VRd (HR 1.09, 95% CI: 0.65–1.82). In the pooled analysis, no significant differences were found between daratumumab- and isatuximab-based regimens for either PFS (HR 1.06, 95% CI: 0.86–1.30; p = 0.36) or OS (HR 1.01, 95% CI: 0.79–1.28; p = 0.91). Heterogeneity was low in both analyses (PFS: Cochran's Q, p = 0.86; I² = 0%; and OS: Cochran's Q, p = 0.84; I² = 0%). Risk of bias was low across all studies, and effect modifiers were sufficiently balanced to support transitivity. **Discussion and conclusion:** This is the first NMA to indirectly compare daratumumab and isatuximab in MM using RCT-level evidence. In absence of significant differences in PFS or OS