

*Carta ao Editor / Letter to Editor*

## Perfil de beta talassemia heterozigota obtido a partir de análise *data mining* em banco de dados

*The profile of beta thalassemia obtained by data mining analysis in a database*

Ana L. B. Domingos<sup>1</sup>

Lucas A. Granzotto<sup>2</sup>

Edis Belini Junior<sup>3</sup>

Thiago Y. K. Oliveira<sup>3</sup>

Ana C. B. Domingos<sup>4</sup>

Claudia R. Bonini-Domingos<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Iniciação Científica - Depto. de Química, Unesp, São José do Rio Preto-SP

<sup>2</sup>Iniciação Científica - Depto. de Ciências da Computação, Unesp, São José do Rio Preto-SP

<sup>3</sup>Biólogo, Hemocentro USP – Ribeirão Preto-SP

<sup>4</sup>Farmacêutica bioquímica. Programa de Pós-Graduação em Genética, Unesp, São José do Rio Preto-SP

<sup>5</sup>Professora. Depto. de Biologia, Unesp, São José do Rio Preto-SP

### Sr. Editor

As doenças causadas por hemoglobinas variantes são responsáveis por cerca de 3,4% das mortes ocorridas antes dos cinco anos de idade,<sup>1,2,3</sup> e no Brasil, em especial, com as migrações e miscigenação da população, uma gama de hemoglobinas está presente. Por esse motivo torna-se necessário a associação de análise laboratorial clássica e molecular, a fim de se desenvolverem perfis para os casos mais graves e facilitar a criação de uma política de saúde específica para as regiões em que ocorrem com maior frequência.<sup>3,4,5</sup> A beta talassemia na forma heterozigota é caracterizada pela elevação dos valores de Hb A<sub>2</sub> e/ou Hb Fetal nos casos clássicos.<sup>5,6,7</sup> O acréscimo dos valores da Hb A<sub>2</sub> pode sugerir o genótipo do indivíduo. Variações na expressão fenotípica são observadas, refletindo a formação da nossa população.<sup>6-9</sup> Para se conhecer o perfil da beta talassemia heterozigota na população brasileira objetivou-se estabelecer parâmetros de norteamento de diagnóstico e a frequência de portadores a partir das informações depositadas em um banco de dados.

Foram avaliadas as informações referentes a 10.960 laudos de diagnóstico, depositados em uma base de dados, entre o período de janeiro de 2002 e julho de 2008. Os resultados de testes laboratoriais foram incluídos em banco de dados em modelo relacional e na linguagem SQL. As informações foram analisadas pela ferramenta *data mining* CLIBIA (Clinical Bioinformatic Analysis).<sup>10,11,12</sup> Formularam-se as seguintes faixas de corte e classificação dos grupos,

para estabelecer os perfis de beta talassemia heterozigota, segundo os padrões estabelecidos para as condições laboratoriais e população em estudo:

- Hb A<sub>2</sub> aumentada: com valores acima de 3,99%;
- Hb A<sub>2</sub> discretamente aumentada: com valores entre 3,51% até 3,98%;
- Hb A<sub>2</sub> e Hb F aumentadas: Hb A<sub>2</sub> acima de 3,99% e Hb F acima de 1,51%;
- Hb A<sub>2</sub> e Hb F discretamente aumentadas: Hb A<sub>2</sub> entre 3,51% até 3,98% e Hb F entre 1,01% até 1,5%.

Do total de amostras avaliadas, provenientes de todas as regiões do País, 868 (7,92%) apresentaram valores dentro dos perfis inicialmente estabelecidos, como critérios de corte. A frequência observada para cada região, no período de sete anos foi: 3,50% para a região Sul; 21,05% para a região Centro-oeste; 3,95% para o Nordeste; 1,20% para o Norte e 8,66% para a região Sudeste. Não houve diferença significativa entre os sexos. Os valores encontrados para a região centro-oeste refletem a dificuldade diagnóstica enfrentada pelos serviços de diagnóstico e a necessidade da busca por serviços de referência no auxílio diagnóstico.

A avaliação refinada pelo instrumento de prospecção mostrou que, no ano de 2002, início dessa pesquisa, o número de casos avaliados foi insuficiente para uma análise global. Em 2003, destacou-se o perfil de Hb A<sub>2</sub> aumentada + Hb F como o mais frequente, conforme mostra a Figura 1. Em 2004 houve um aumento do perfil caracterizado como Hb A<sub>2</sub> aumentada, que prevaleceu sobre os outros e se manteve constante até o período atual, resultado evidenciado na Figura 2.

Os perfis mais brandos foram pouco significativos na análise global, sendo o perfil de Hb A<sub>2</sub> discretamente aumentada, o mais evidente a partir de 2005.

O maior número de registros de suspeitas de beta talassemia ocorreu em 2006 e representaram cerca de 15,70% do total de amostras avaliadas, correspondendo a 474 casos. Neste mesmo ano, houve um acréscimo na identificação de casos com o perfil de Hb A<sub>2</sub> aumentada + Hb F e do perfil de Hb A<sub>2</sub> discretamente aumentada, decorrentes principalmente da implantação de metodologias mais precisas e para a quan-

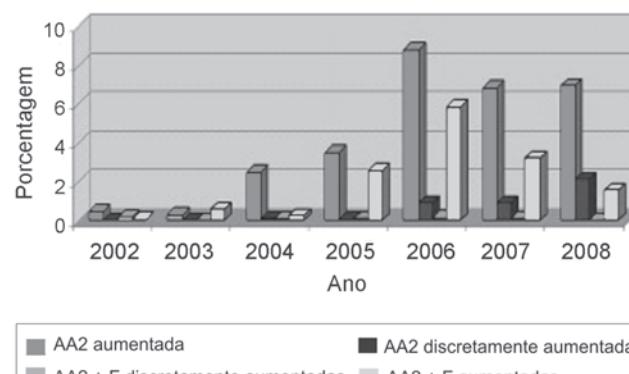


Figura 1. Gráfico da variação dos perfis estabelecidos de beta talassemia em relação ao número total de amostras enviadas por ano

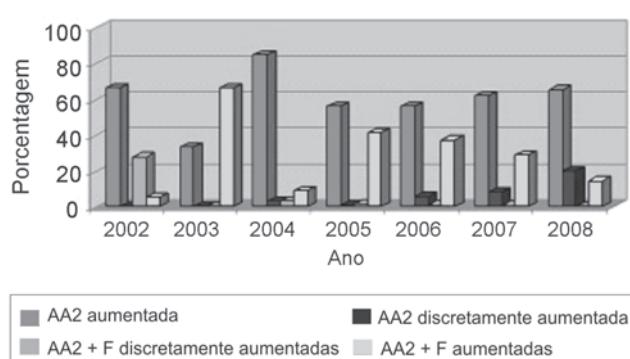


Figura 2: Gráfico da variação dos perfis estabelecidos de beta talassemia em relação ao número total de suspeitas enviadas por ano

tificação das frações de hemoglobinas, como a HPLC. Ressaltamos que as suspeitas laboratoriais, obtidas por metodologias clássicas, só podem ser confirmadas por meio de análise molecular. Nesse estudo evidenciamos que 60% das amostras com perfis de Hb A<sub>2</sub> aumentada e Hb A<sub>2</sub> aumentada + Hb F foram de casos de beta zero talassemia, principalmente da mutação CD 39.

Assim, a análise dos perfis de beta talassêmicos heterozigotos, obtido por meio de instrumento *Data Mining*, mostrou que a grande maioria dos casos representou um perfil de beta zero talassemia, com aumento de Hb A<sub>2</sub> acima de 3,99%, refletindo a formação da população brasileira, principalmente da região Sudeste. O aumento na solicitação dos exames e a melhoria e precisão das metodologias de análise destacaram a importância do diagnóstico para essa forma hereditária de anemia e refletiram a preocupação e a importância que os profissionais de saúde apresentam em propor melhorias no diagnóstico laboratorial.

### Abstract

*Variations in the phenotypic expression of heterozygous beta thalassemia reflect the formation of different populations. To better understand the profile of heterozygous beta-thalassemia of the Brazilian population, we aimed at establishing parameters to direct the diagnosis of carriers and calculate the frequency from information stored in an electronic database. Using a Data Mining tool, we evaluated information on 10,960 blood samples deposited in a relational database. Over the years, improved diagnostic technology has facilitated the elucidation of suspected beta thalassemia heterozygote cases with an average frequency of 3.5% of referred cases. We also found that the Brazilian beta thalassemia trait has classic increases of Hb A2 and Hb F (60%), mainly caused by mutations in beta zero thalassemia, especially in the southeast of the country. Rev. Bras. Hematol. Hemoter. 2009;32(1):78-79.*

**Key words:** Data mining; beta thalassemia trait; bioinformatics; genetic diversity

### Referências Bibliográficas

- Honig GR, Adams III JG. Human hemoglobin genetics, wien, N.Y., Springer Verlag, 1986.
- Zago MA. Hemoglobinopathies: recent advances and collaborative research. Ciência e Cultura. 1987;39:829-33.
- Cançado RD, Jesus JA. A doença falciforme no Brasil. Rev. Bras. Hematol. Hemoter. 2007;29(3):203-6.
- Bonini-Domingos CR. Metodologias laboratoriais para o diagnóstico de hemoglobinopatias e talassemias. Ed. HN, São José do Rio Preto, 2006
- Weatherall DJ, Clegg JB. The thalassemia syndromes. 3<sup>rd</sup> edition/ Blackwell scientific Publications.1981
- Weatherall DJ. The thalassemias. Brit Med J. 1997;314:1675-8.
- Hardison RS, Chui DHK, Giardine B, et al. HbVar: A relational database of human hemoglobin variants and thalassemia mutations at the globin gene server. Human Mutation. 2002. <http://globin.cse.psu.edu/hbvar/menu.html> acesso em setembro de 2009.
- Huisman HJ, Marianne FH, Carver EB, Efremov GD. Hb Var: a database of human hemoglobin variants and thalassemias, summaries of mutation categories. Pennsylvania University USA and McMaster University in Canada, 2001. Disponível em <<http://globin.cse.psu.edu/>>. Acesso em setembro de 2009.
- Hünemeier T, Carvalho C, Marrero RA, et al. Niger-Congo speaking populations and the formation of the Brazilian gene pool: mtDNA and Y-chromosome data. Am J Phys Anthropol. 2007;133(2):854-67.
- Elmasri R. Fundamentals of Database Systems, 3<sup>rd</sup> Editions, ISBN 0-201-54263-3, Addison-Wesley, 2000.
- Korth S, Sudarshan. Sistema de Banco de Dados, 3<sup>a</sup> Edição, 1999.
- Korth HF. & Silberschatz A. Sistema de Bancos de Dados. São Paulo, MacGraw-Hill, 1989.

Avaliação: Editor e dois revisores externos

Conflito de interesse: sem conflito de interesse

Recebido: 03/07/2009

Aceito após modificações: 24/09/2009

Unesp, Departamento de Biologia, Laboratório de Hemoglobinas e Genética das Doenças Hematológicas – LHGDH, Unesp/Ibilce

**Correspondência:** Claudia Regina Bonini-Domingos  
Laboratório de Hemoglobinas e Genética das Doenças  
Hematológicas  
Rua Cristóvão Colombo, 2265 – Jd. Nazareth  
15054-000 – São José do Rio Preto-SP – Brasil  
Tel.: (55 17) 3221-2392; Fax: (55 17)3221-2390  
E-mail: [claudiabonini@sjrp.unesp.br](mailto:claudiabonini@sjrp.unesp.br)