INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL NO PRÉ-DIAGNÓSTICO DE LEUCEMIAS: APOIO À TRIAGEM CLÍNICA VIA API DO CHATGPT

Davi Dancuart Cavalcante, Luana Pinheiro Cruz, Nicollas de Souza Vicente, Wagner dos Santos Clementino de Jesus.

Fundação Vale Paraibana de Ensino/Colégio Técnico "Antônio Teixeira Fernandes", Avenida Paraibuna, 75, Centro - 12245-020 - São José dos Campos-SP, Brasil, davi.dancuartcav@gmail.com, luana.pinheiro.cruz@gmail.com, nicollassouzavicente@gmail.com, wagner@univap.br.

Resumo

A hematologia desempenha papel fundamental no diagnóstico e tratamento de doenças onco-hematológicas, como as leucemias, porém enfrenta desafios relacionados à escassez de especialistas, à subjetividade da análise citomorfológica e ao tempo necessário para a avaliação diagnóstica. Diante desse cenário, este trabalho tem como objetivo desenvolver uma funcionalidade integrada à API do ChatGPT em um sistema web de comunicação entre profissionais da saúde, visando fornecer suporte ao pré-diagnóstico médico por meio da análise conjunta de dados clínicos e laboratoriais. A metodologia adotada consiste no desenvolvimento de uma aplicação web que integra informações da anamnese realizada pelo clínico geral e pelo hematologista aos resultados de exames, permitindo que a inteligência artificial gere um relatório de apoio à decisão clínica. Espera-se que a solução contribua para otimizar a triagem de pacientes, aumentar a precisão na identificação de alterações hematológicas e auxiliar os profissionais de saúde na tomada de decisões, promovendo maior eficiência no processo diagnóstico e melhor qualidade da assistência.

Palavras-chave: Leucemia. Pré-diagnóstico. IA Generativa.
Área do Conhecimento: Técnico em Informática.

Introdução

A leucemia corresponde a um conjunto de doenças hematológicas que comprometem a produção e o desenvolvimento dos glóbulos brancos na medula óssea, afetando o funcionamento do sistema hematopoiético. Essas doenças são classificadas conforme a linhagem celular atingida, podendo ser mieloides ou linfoides, e quanto à evolução clínica, dividindo-se em formas agudas e crônicas (Carvalho, 2008). Avanços científicos, como a identificação do cromossomo Philadelphia e o desenvolvimento de técnicas moleculares (Hamerschlak, 2008), ampliaram o conhecimento sobre a patogenia, o diagnóstico e o tratamento das leucemias, consolidando a genética como um dos principais pilares para a identificação e o acompanhamento da doença (Zago et al., 2025).

O processo diagnóstico da leucemia inicia-se pela anamnese, etapa essencial para identificar os sinais e sintomas do paciente, permitindo ao médico formular hipóteses diagnósticas e definir a necessidade de exames complementares (Lima et al., 2021). Após essa avaliação, o hemograma constitui o principal exame de triagem, identificando alterações hematológicas (Dori et al., 2024), enquanto o mielograma permite a análise citomorfológica da medula óssea, sendo fundamental para determinar a linhagem celular afetada e confirmar o diagnóstico da doença (Carvalho et al., 2023).

Entretanto, a identificação precoce das leucemias ainda enfrenta desafios relacionados à escassez e à distribuição desigual de hematologistas (Araújo; Araújo; Chung, 2025), além da subjetividade inerente à análise celular e da dependência da experiência do especialista. Esses fatores podem dificultar a detecção inicial de alterações celulares e comprometer a eficiência do processo diagnóstico, evidenciando a necessidade de ferramentas computacionais capazes de auxiliar os profissionais de saúde durante a triagem clínica (Pereira et al., 2025).

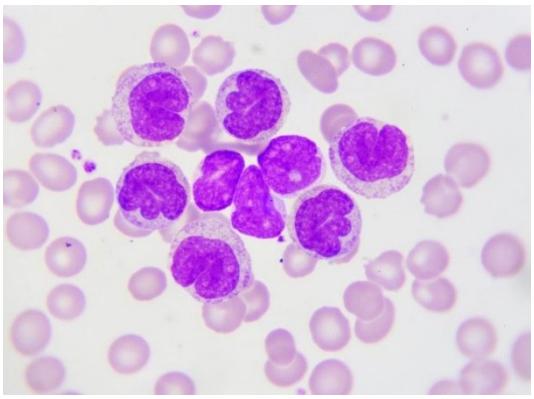
Diante desse cenário, este projeto tem como objetivo desenvolver uma funcionalidade integrada à Application Programming Interface (API) do ChatGPT em uma plataforma web destinada à comunicação entre profissionais da saúde, oferecendo suporte ao pré-diagnóstico de leucemias. A solução proposta integrará as informações obtidas durante a anamnese realizada pelo clínico geral e

pelo hematologista aos resultados de exames laboratoriais, utilizando inteligência artificial (IA) integrada ao modelo Generative Pre-trained Transformer (GPT) para processar e analisar esses dados. A partir dessas informações, o sistema produzirá uma análise clínica preliminar, apresentada em formato semelhante a um laudo médico, servindo como ferramenta de apoio aos profissionais responsáveis, sem substituir a avaliação e o diagnóstico médico. O sistema será desenvolvido utilizando HyperText Markup Language (HTML), Cascading Style Sheets (CSS) e JavaScript na interface, Node.js no desenvolvimento da aplicação e integração dos serviços, Python no processamento dos dados clínicos e na comunicação com o modelo de inteligência artificial, além do banco de dados MySQL, buscando otimizar a triagem, apoiar a tomada de decisão médica e tornar o fluxo de trabalho em hematologia mais eficiente.

Metodologia

A pesquisa caracteriza-se como estudo de natureza aplicada, com abordagem qualitativa e quantitativa, voltado ao desenvolvimento de uma plataforma web para apoio à triagem diagnóstica de leucemias. A solução integra informações clínicas obtidas durante a anamnese com imagens de exames hematológicos, permitindo a análise conjunta desses dados por um modelo de inteligência artificial generativa (Cardoso et al., 2025). O desenvolvimento fundamentou-se em levantamento bibliográfico sobre hematologia, análise citomorfológica, inteligência artificial e modelos de linguagem de grande escala, para embasar a solução proposta (Pagliuso Neto; Miers, 2024). Como referência visual, a Figura 1 apresenta células associadas à leucemia linfoblástica aguda em esfregaço sanguíneo, exemplificando uma das alterações hematológicas consideradas no desenvolvimento da solução.

Figura 1 - Células leucêmicas observadas em esfregaço sanguíneo.

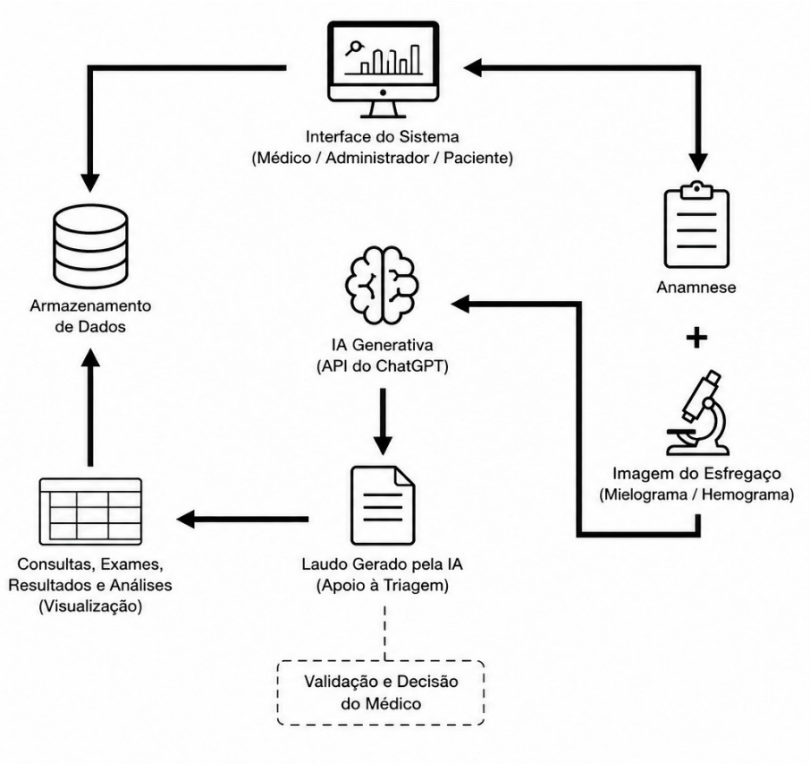


Fonte: Tolosa, 2023.

Para o desenvolvimento da plataforma foram utilizadas as linguagens HTML (Silva, 2008), CSS (Scheidt, 2015) e JavaScript (Flanagan, 2012) na construção da interface web, responsáveis pela estrutura, apresentação visual e interatividade da aplicação. O processamento das requisições foi implementado utilizando Node.js, enquanto o armazenamento das informações clínicas e laboratoriais foi realizado por meio do sistema gerenciador de banco de dados MySQL (Costa; Pereira, 2017). A integração com a API do ChatGPT foi desenvolvida em Python, linguagem amplamente empregada em aplicações de inteligência artificial devido à sua simplicidade, flexibilidade e ampla disponibilidade de bibliotecas especializadas (Soares et al., 2026). Para essa integração, foi utilizado o Software Development Kit (SDK) oficial da OpenAI, responsável pela comunicação com o modelo GPT-4.1, além das bibliotecas Base64, empregada na codificação das imagens dos exames laboratoriais, python-dotenv, utilizada para o gerenciamento seguro das credenciais de acesso à API, e uma biblioteca desenvolvida para a geração automatizada dos laudos clínicos em formato Portable Document Format (PDF).

O funcionamento do sistema inicia-se com o preenchimento das informações da anamnese e o envio da imagem do exame hematológico pelo profissional de saúde. Em seguida, os dados clínicos e laboratoriais são organizados em um prompt estruturado e encaminhados ao modelo GPT-4.1 por meio da API da OpenAI. O modelo realiza uma análise multimodal, correlacionando as características morfológicas observadas na imagem com as informações clínicas fornecidas, gerando uma resposta estruturada contendo os principais achados morfológicos, a suspeita diagnóstica, o grau de certeza da análise e a conclusão do exame. Por fim, o sistema apresenta os resultados em formato semelhante a um laudo clínico, oferecendo suporte ao profissional de saúde durante a etapa de triagem diagnóstica (Pagliuso Neto; Miers, 2024).

Figura 2 – Diagrama de Funcionamento Geral do Sistema



Fonte: Autores, 2026.

Resultados

Os testes demonstraram que o sistema integrou as informações da anamnese com imagens de exames hematológicos, processando esses dados pela API da OpenAI para gerar um laudo de apoio à triagem diagnóstica. A plataforma apresentou estabilidade, permitindo o cadastro dos pacientes, o envio das imagens dos exames e a emissão de análises estruturadas contendo descrição morfológica, hipótese diagnóstica, nível de confiança e recomendações complementares.

Os resultados obtidos mostraram desempenho satisfatório e consistente na identificação dos quatro tipos de leucemia avaliados — Leucemia Mieloide Aguda (LMA), Leucemia Mieloide Crônica (LMC), Leucemia Linfoide Aguda (LLA) e Leucemia Linfocítica Crônica (LLC) —, bem como na correta identificação de amostras sem alterações leucêmicas (padrão normal), produzindo respostas coerentes com as características clínicas e morfológicas esperadas para cada categoria. Esse desempenho foi obtido após um processo de refinamento iterativo do prompt de análise, no qual foram incorporados critérios morfológicos mais específicos — como a avaliação do hiato leucêmico para diferenciação entre padrões agudos e crônicos, e a análise da textura da cromatina para distinção entre linfócitos

maduros e blastos —, prática recomendada na literatura para aprimorar a confiabilidade de modelos de linguagem multimodais aplicados a tarefas diagnósticas.

Em uma bateria de testes básicos — caracterizados pela coerência entre os sintomas relatados na anamnese e os achados morfológicos da imagem —, o sistema atingiu 90% de acurácia, classificando corretamente a totalidade das categorias avaliadas. Os resultados indicam que a solução desenvolvida apresenta bom potencial como ferramenta de apoio à triagem diagnóstica em hematologia, fornecendo informações que podem auxiliar o profissional de saúde durante a avaliação clínica.

A Figura 3 apresenta o fluxo de entrada e saída de dados da análise realizada pelo sistema. Na Figura 3 (A), são apresentados os dados clínicos do paciente, incluindo idade, sexo, sintomas, histórico clínico e a imagem do esfregaço sanguíneo submetida à análise. A partir dessas informações, o sistema realiza o processamento conjunto dos dados clínicos e da imagem por meio da inteligência artificial, conforme apresentado na Figura 3 (B), que exibe o laudo gerado com a classificação da amostra como sem evidência morfológica de leucemia, grau de certeza alto (80%), descrição dos achados morfológicos e conclusão da análise. O resultado também destaca a necessidade de revisão e validação por médico hematologista, reforçando o caráter de apoio à avaliação profissional.

Figura 3 – Dados clínicos do paciente e laudo gerado pela IA na interface do sistema.



(A) (B)

Fonte: Autores, 2026.

Discussão

Os resultados deste estudo devem ser interpretados à luz de duas linhas da literatura sobre inteligência artificial aplicada à hematologia: modelos especializados de aprendizado profundo, como redes neurais convolucionais (CNNs), treinados para classificação de leucemia; e modelos de linguagem multimodais de propósito geral, os Large Language Models (LLMs) com capacidade de visão, categoria à qual pertence a solução desenvolvida.

Estudos recentes mostram que CNNs especializadas, treinadas em bases de imagens de esfregaço sanguíneo como ALL-IDB e C-NMC, atingem acurácias elevadas, frequentemente entre 97% e 99,9% para classificação de LLA. Modelos como DenseNet, DeepLeukNet e abordagens híbridas entre CNNs e Support Vector Machines (SVMs) relatam desempenho superior a 99%. Revisões sistemáticas sobre múltiplos subtipos também apontam desempenho elevado, com

acurácias de ensemble em torno de 83% e alta sensibilidade em cenários com até 19 tipos de leucócitos.

A acurácia de 90%, embora inferior à de modelos especializados de última geração, é compatível com a literatura sobre LLMs multimodais aplicados à interpretação de imagens médicas. Por não serem treinados exclusivamente para uma tarefa, esses modelos tendem a ser mais sensíveis ao prompt e ao contexto fornecido. Estudos sobre robustez de LLMs indicam que a engenharia de prompt pode reduzir erros e inconsistências, embora não os elimine, o que é compatível com a melhora observada neste trabalho durante o refinamento do prompt.

Esse resultado evidencia uma vantagem dos LLMs multimodais: enquanto abordagens baseadas em CNNs exigem treinamento específico para cada nova tarefa ou subtipo, um único modelo guiado por prompt estruturado pode lidar com múltiplas categorias diagnósticas — quatro tipos de leucemia e o padrão normal — sem retreinamento. Essa flexibilidade pode ser útil em ferramentas de apoio à triagem onde há menor disponibilidade de bases de imagens rotuladas, embora com acurácia marginalmente inferior à de modelos especializados.

A amostra de validação, com aproximadamente 30 imagens distribuídas entre cinco categorias, é reduzida frente aos estudos de IA em hematologia, que costumam utilizar centenas ou milhares de imagens rotuladas. Assim, os resultados devem ser considerados evidência preliminar e promissora, e não validação estatisticamente robusta, reforçando a necessidade de validação extensiva antes de qualquer uso clínico. O sistema deve permanecer como ferramenta de apoio à decisão médica, e não como substituto da avaliação profissional.

Conclusão

Em síntese, esta pesquisa demonstrou o potencial da integração entre inteligência artificial generativa e sistemas web como ferramenta de apoio à triagem diagnóstica de leucemias. A solução desenvolvida foi capaz de integrar informações clínicas provenientes da anamnese com imagens de exames hematológicos, gerando análises estruturadas que podem auxiliar o profissional de saúde durante a tomada de decisão. Os resultados obtidos evidenciaram desempenho satisfatório e consistente na identificação dos quatro tipos de leucemia avaliados (LMA, LMC, LLA e LLC), bem como na correta identificação de amostras normais, atingindo 90% de acurácia em testes básicos. Dessa forma, o sistema não tem como finalidade substituir a avaliação médica, mas atuar como uma ferramenta de suporte à triagem, contribuindo para tornar o processo diagnóstico mais ágil, organizado e eficiente, além de fortalecer a aplicação da inteligência artificial na área da hematologia. Como trabalho futuro, recomenda-se a ampliação da base de imagens de validação, contemplando maior variabilidade de casos clínicos, de modo a consolidar estatisticamente a acurácia observada e validar a robustez do sistema frente a um espectro mais amplo de apresentações morfológicas.

Referências

ARAÚJO, D. G. B.; ARAÚJO, M. B.; CHUNG, H. N. L. Menos profissionais e mais demandas: o impacto da falta de interesse na formação do médico hematologista no Brasil. Hematology, Transfusion and Cell Therapy, v. 47, supl. 3, 105304, 2025. DOI: 10.1016/j.htct.2025.105304.

CARDOSO, Lucas José de Oliveira; ROSA, Guilherme Ferro da; PORTAS, Constância Godoy; MILLEN, Marcela Marcatti Ventura de Camargo; FERREIRA, Nicole Letelba Carvalho; MILLEN, Manuela Marcatti Ventura de Camargo. A importância do prontuário médico na perícia médica. Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação, São Paulo, v. 11, n. 12, p. 3409-3439, dez. 2025. DOI: 10.51891/rease.v11i12.23030.

CARVALHO, Déborah Emmily de; MEDEIROS, A. C. M.; FURTADO, L. C. C.; MONTENEGRO, M. V.; MONTENEGRO, M. L. V.; LUNA, D. M.; BRAGA, R. C. Análise citomorfológica do mielograma de pacientes com LLA em um centro hospitalar de referência. Hematology, Transfusion and Cell Therapy, v. 45, supl. 4, p. S264, 2023. DOI: 10.1016/j.htct.2023.09.529.

CARVALHO, Vicente Augusto de; FRANCO, Maria Helena Pereira; KOVÁCS, Maria Júlia; LIBERATO, Regina Paschoalucci; MACIEIRA, Rita de Cássia; VEIT, Maria Teresa; GOMES, Maria Jacinta Benites; BARROS, Luciana Holtz de Camargo. Temas em psico-oncologia. São Paulo: Summus Editorial, 2008.

COSTA, Saulo Fernandes Antonio da; PEREIRA, Natasha Sophie. Colossus: desenvolvimento de ferramenta CASE para apoio à criação de sistemas web utilizando frameworks PHP como modelo e banco de dados MySQL. Revista Ada Lovelace, v. 1, p. 32-44, 2017.

DORI, Bruna Luciana Zanon; KOSEKI, Gabriel Horani Rossini; BARBOZA, Laura Costa; LOURENÇO, Mayara Tosin; AGUERA, Raul Gomes; BENASSI-ZANQUETA, Erica. Detecção precoce das leucemias: uma revisão sobre a importância do hemograma e testes complementares. Revista Foco, v. 17, n. 10, e6706, 2024. DOI: 10.54751/revistafoco.v17n10-167.

FLANAGAN, David. JavaScript: o guia definitivo. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2012.

HAMERSCHLAK, Nelson. Leukemia: genetics and prognostic factors. Jornal de Pediatria, v. 84, n. 4, supl., p. S52-S57, 2008. DOI: 10.1590/S0021-75572008000500008.

LIMA, Fernando Gabriel Santos; VIEIRA, Renan Cézar; MATOS, Leonardo Patan de; MENDONÇA, Fernanda Ferreira; FILGUEIRAS, Norma Condinho; MENDES, Andresa de Cássia Martini. Anamnese: uma reflexão da sua importância na relação médico-paciente dentro da formação médica. Anais Colóquio Estadual de Pesquisa Multidisciplinar, 2021.

PAGLIUSO NETO, Milton P.; MIERS, Charles. Proposta de análise de desempenho do uso de mecanismos de segurança em sistemas inteligentes usando aprendizado de máquina e IA gerativa adversariais do tipo LLM. In: ESCOLA REGIONAL DE ALTO DESEMPENHO DA REGIÃO SUL (ERAD-RS), 24., 2024, Florianópolis. Anais [...]. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Computação, 2024. p. 127-128. ISSN 2595-4164. DOI: 10.5753/eradrs.2024.238702.

PEREIRA, Mayara de Lima; EÇA, Ivana Santos Ferraz de; CERQUEIRA, Daniella Carvalho Gomes de; GERMANO, Josiane Moreira. Desafios da enfermagem na detecção precoce da leucemia infantil na atenção primária: uma análise qualitativa. ARACÊ, São José dos Pinhais, v. 7, n. 12, p. 1-15, 2025. DOI: 10.56238/arev7n12-166.

SCHEIDT, Felippe Alex. Fundamentos de CSS: criando design para sistemas web. [S. l.]: Outbox Livros Digitais, 2015.

SILVA, Maurício Samy. Criando sites com HTML: sites de alta qualidade com HTML e CSS. 1. ed. São Paulo: Novatec Editora, 2008.

SOARES, Vinicius Braga; SILVA, Cleyton Soares; CARNEIRO, Enzo Gomes; LIMA, Danilo Chalegre de; FREITAS, José Luiz Magalhães de. Do código ao prompt: o papel epistêmico do Python na era do software 2.0. Revista PsiPro, v. 5, n. 1, p. 53-64, 2026. DOI: 10.5281/zenodo.18510577.

TOLOSA, Amparo. Alta eficacia de un fármaco en leucemia linfoblástica aguda infantil asociada a mutaciones en el gen KMT2A. Genotipia, 19 maio 2023. Disponível em: https://genotipia.com/genetica_medica_news/alta-eficacia-de-un-farmaco-en-leucemia-linfoblastica-aguda-infantil-asociada-a-mutaciones-en-el-gen-kmt2a/. Acesso em: 23 set. 2026.

ZAGO, Marco Antonio; PASQUINI, Ricardo; SPECTOR, Nelson; SAAD, Sara T. Olalla; CALADO, Rodrigo; ROCHA, Vanderson Geraldo. Tratado de hematologia. 2. ed. Rio de Janeiro: Atheneu, 2025.