Journal of Health Informatics

J Health Inform. 2026;18:e1784
DOI: https://doi.org/10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1784

ARTIGO COMPLETO
CBIS 2026

Predição de resposta terapêutica em DII com aprendizado de máquina aplicado a dados de prontuário do paciente

Prediction of therapeutic response in IBD with machine learning applied to patient health record data

Leandra Lara Resende de Carneiro[1] ✉, Wagner Meira Junior[2], Maria de Lourdes de Abreu Ferrari[1], Carolina Penido Barcellos[2], Clarice Oliveira Minobolli Teixeira[2], Leonardo Mendes Antero[2], Mateus Ribeiro Ferreira Gomes[1], Sophia Sales Silva[3], Antônio Lacerda Filho[1]

ORCID: 0009-0000-0986-7151 · 0000-0002-2614-2723 · 0000-0002-2122-5538 · 0009-0007-9398-422X · 0009-0008-4188-5219 · 0009-0001-1205-8539 · 0009-0009-3589-6111 · 0009-0001-1272-9793 · 0000-0003-0789-7626

[1] Faculdade de Medicina, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte (MG), Brasil.

[2] Departamento de Ciência da Computação, ICEx, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte (MG), Brasil.

[3] Faculdade de Ciências Médicas de Minas Gerais, Belo Horizonte (MG), Brasil.

FICHA DO ARTIGO

TIPO
Artigo completo · CBIS 2026

IDENTIFICADOR
e1784

DOI
10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1784

RECEBIDO
17/05/2026

APROVADO
20/07/2026

PROCESSO DE AVALIAÇÃO
Double Blind Review

EDITOR RESPONSÁVEL
Juliano de Souza Gaspar

ACESSO
Aberto, CC BY 4.0

AUTOR CORRESPONDENTE
Leandra Lara Resende de Carneiro
leandracarneiro@gmail.com

LICENÇA

Este é um artigo publicado em acesso aberto sob a licença Creative Commons CC BY 4.0, que permite uso, distribuição e reprodução em qualquer meio, desde que o trabalho original seja corretamente citado.

CC BY 4.0

RESUMO

Objetivo: Desenvolver modelos de machine learning para predizer resposta terapêutica em pacientes portadores de doenças inflamatórias intestinais utilizando dados basais de prontuário eletrônico no contexto do SUS (Sistema Único de Saúde). **Método:** Estudo retrospectivo multicêntrico com 160 pacientes (238 intervenções terapêuticas). Foram avaliadas 145 variáveis clínicas, laboratoriais e estruturais coletadas no baseline (T0). Modelos baseados em XGBoost foram treinados com validação cruzada estratificada e avaliados em conjunto de teste independente. O desempenho foi mensurado por AUROC, acurácia, F1-score, sensibilidade e especificidade. **Resultados:** Observou-se desempenho heterogêneo entre as terapias. O modelo para o uso de infliximabe apresentou melhor desempenho (AUROC 0,81 no teste), enquanto os demais mostraram desempenho limitado. Análises de interpretabilidade SHAP (SHapley Additive exPlanations) indicaram maior relevância preditiva de marcadores inflamatórios basais, como proteína C-reativa e albumina. **Conclusão:** Modelos de machine learning demonstram potencial na predição de resposta ao infliximabe em DII, mas apresentam desempenho limitado para outras terapias, reforçando a necessidade de validação externa e refinamento metodológico.

Descritores: Doenças Inflamatórias Intestinais; Aprendizado de Máquina; Registros Eletrônicos de Saúde.

ABSTRACT

Objective: To develop machine learning models to predict therapeutic response in patients with inflammatory bowel disease using baseline electronic health record data within the Brazilian public healthcare system (Sistema Único de Saúde, SUS). **Methods:** This was a multicenter retrospective study including 160 patients (238 therapeutic interventions). A total of 145 clinical, laboratory, and structural variables collected at baseline (T0) were analyzed. XGBoost-based models were trained using stratified cross-validation and evaluated on an independent test set. Performance was assessed using AUROC, accuracy, F1-score, sensitivity, and specificity. **Results:** Model performance varied across therapies. The infliximab model demonstrated the best performance (AUROC 0.81 in the test set), whereas the remaining models showed limited predictive ability. SHAP (SHapley Additive exPlanations) interpretability analysis indicated that baseline inflammatory markers, such as C-reactive protein and albumin, had the highest predictive relevance. **Conclusion:** Machine learning models show potential for predicting response to infliximab in inflammatory bowel disease; however, performance remains limited for other therapies, highlighting the need for external validation and methodological refinement.

Keywords: Inflammatory Bowel Diseases; Machine Learning; Electronic Health Records.

CBIS 2026 XXI CONGRESSO BRASILEIRO DE INFORMÁTICA EM SAÚDE

Artigo apresentado no XXI Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS 2026), realizado de 23 a 25 de setembro de 2026, em Brasília (DF), e publicado na seção CBIS 2026 do Journal of Health Informatics.

COMO CITAR ESTE ARTIGO: de Carneiro LLR, Meira Junior W, Ferrari MLA, Barcellos CP, Teixeira COM, Antero LM, et al. Predição de resposta terapêutica em DII com aprendizado de máquina aplicado a dados de prontuário do paciente. J Health Inform 2026;18:e1784. doi: https://doi.org/10.59681/2175-4411.v18.iEspecial.2026.1784

1 INTRODUÇÃO

A Doença de Crohn (DC) e a Retocolite Ulcerativa (RCU) são doenças inflamatórias intestinais (DII), condições crônicas imunomediadas com incidência global crescente e expansão progressiva, particularmente em países de alta renda, e na América Latina [1, 2]. A DC caracteriza-se por inflamação transmural e curso progressivo, enquanto a RCU apresenta inflamação contínua da mucosa colônica; ambas se associam a elevado impacto clínico, com prejuízo significativo da qualidade de vida e aumento de morbidade ao longo do tempo. A DC evolui para formas complicadas em mais de 50% dos pacientes [3, 4], enquanto a RCU é leve ao diagnóstico [5]. A atividade inflamatória persistente associa-se a piores desfechos clínicos e maior necessidade de cirurgia [6]. Dentro desse contexto, estratégias como *treat-to-target* são fundamentais, embora abordagens *top-down* mostrem melhores resultados em subgrupos de maior risco [7], apesar de a estratégia *step-up* de escalonamento terapêutico sequencial ainda ser a terapia padrão nas diretrizes brasileiras do Ministério da Saúde [6]. Apesar da ampliação do arsenal terapêutico, a resposta ao tratamento permanece variável, sendo que cerca de 10–30% dos pacientes não apresentam resposta inicial e até 50% evoluem com perda secundária de resposta [8].

A identificação precoce de respondedores e não respondedores constitui, portanto, um dos principais desafios na prática clínica. Entretanto, biomarcadores atualmente disponíveis apresentam desempenho limitado, mesmo com o uso de terapias biológicas à base de anti-fator de necrose tumoral (anti-TNF) ou outros imunomediadores, e não há, até o momento, marcadores isolados capazes de predizer de forma confiável a resposta terapêutica nas DII [8]. Embora a medicina de precisão proponha a integração de dados clínicos, moleculares e microbiológicos, sua aplicação permanece restrita por limitações metodológicas, ausência de validação robusta e barreiras operacionais [9].

Dessa forma, modelos de aprendizado de máquina (ML) têm emergido como abordagem promissora para integrar dados clínicos complexos e melhorar a predição de desfechos em DII. No entanto, a maioria dos estudos apresenta limitações importantes, incluindo heterogeneidade metodológica, baixa generalização e dependência de dados longitudinais, o que restringe sua aplicabilidade na decisão terapêutica inicial [10, 11].

No Brasil, limitações estruturais do sistema público de saúde comprometem o manejo das DII, com falhas frequentes na dispensação de biológicos [12] e restrições no acesso a exames de monitoramento [6], impactando a continuidade do cuidado e os desfechos clínicos. Nesse contexto, torna-se necessária a construção de modelos preditivos baseados em dados de mundo real. Assim, este estudo tem como objetivo desenvolver e avaliar modelos de ML para predição de resposta terapêutica em DII, utilizando dados de prontuário do paciente com foco na aplicabilidade clínica.

2 MÉTODOS

Estudo exploratório, observacional retrospectivo e multicêntrico, conduzido em três centros de referência em doenças inflamatórias intestinais do Sistema Único de Saúde (SUS), localizados na Região Sudeste do Brasil. Foram incluídos pacientes adultos com DC ou RCU em atividade no momento basal (T0, pré-dose), com dados obtidos de prontuários eletrônicos e físicos referentes a atendimentos realizados entre 2020 e 2024, coletados entre março de 2023 e dezembro de 2025. Todos os participantes assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido.

A unidade de análise foi o episódio terapêutico, definido como cada início de tratamento farmacológico em atividade da doença (T0). Foram incluídos 160 pacientes, totalizando 238 episódios, analisados como observações independentes.

A atividade da doença foi definida por critérios clínicos, laboratoriais, endoscópicos e de imagem. O desfecho primário foi resposta clínica, definida como redução ≥50% no *Crohn's Disease Activity Index* (CDAI) derivado para DC ou no escore Mayo modificado para RCU, associada à melhora de biomarcadores e achados endoscópicos ou de imagem, conforme recomendações do STRIDE II [13], consenso internacional de parametrização terapêutica. Casos de não adesão foram excluídos por desempenho ruim do modelo, resultando em desfecho binário (resposta *versus* não resposta).

Foram avaliadas 145 variáveis preditoras basais, abrangendo domínios demográficos, clínicos, laboratoriais, endoscópicos, radiológicos e terapêuticos, registradas previamente ao início da terapia, com janelas temporais padronizadas para evitar vazamento de informação (ou *data leakage*, refere-se ao uso de variáveis coletadas após o T0 ou influenciadas pelo desfecho durante o treinamento do modelo, levando à superestimação do desempenho preditivo).

Tabela 1. Características basais associadas à resposta terapêutica

Variável	Total	Resposta	Não resposta	Dados faltantes, n (%)	p-valor
Idade	42,00 [32,25–55,00]	44,00 [33,50–56,50]	39,00 [28,00–51,00]	0 (0,0%)	0,017
Cor				25 (10,5%)	0,063
branca	81 (38,0%)	65 (43,0%)	16 (25,8%)		
parda	92 (43,2%)	60 (39,7%)	32 (51,6%)		
preta	40 (18,8%)	26 (17,2%)	14 (22,6%)		
Localização da DII				0 (0,0%)	<0,001
Ileal	25 (10,5%)	19 (11,7%)	6 (8,0%)		
Colônica	131 (55,0%)	102 (62,6%)	29 (38,7%)		
Ileocolônica	68 (28,6%)	40 (24,5%)	28 (37,3%)		
Perianal*	38 (16,0%)	18 (11,0%)	20 (26,7%)		
CID-10				0 (0,0%)	0,002
K50	141 (59,2%)	85 (52,1%)	56 (74,7%)		
K51	97 (40,8%)	78 (47,9%)	19 (25,3%)		
Biológicos prévios				0 (0,0%)	0,006
Não	191 (80,3%)	139 (85,3%)	52 (69,3%)		
Sim	47 (19,7%)	24 (14,7%)	23 (30,7%)		
IHB (Índice de Harvey Bradshaw)	2,00 [1,00–6,00]	2,00 [1,00–4,25]	4,00 [2,00–7,00]	107 (45,0%)	0,025
CDAI_DEV	82,50 [37,00–128,75]	65,50 [13,25–103,00]	99,00 [69,00–143,00]	128 (53,8%)	<0,001
Hemoglobina	13,10 [11,85–14,35]	13,40 [12,00–14,50]	12,50 [11,55–13,80]	19 (8,0%)	0,016
Plaquetas	294.000,00 [237.000,00–363.125,00]	275.500,00 [229.000,00–352.000,00]	329.500,00 [252.500,00–418.000,00]	24 (10,1%)	0,003
Proteína C reativa (PCR)	7,50 [4,00–18,23]	5,70 [3,00–12,00]	12,40 [5,20–22,50]	60 (25,2%)	<0,001
Albumina	4,00 [3,80–4,40]	4,10 [3,90–4,40]	4,00 [3,80–4,30]	101 (42,4%)	0,595

*Variáveis: todas as variáveis contínuas são apresentadas como mediana (IIQ); variáveis categóricas/binárias → n (%); p-valor: Mann–Whitney para numéricas e qui-quadrado ou Fisher para categóricas. IHB, CDAI_DEV somente para DC. * Pacientes com envolvimento perianal foram agrupados independentemente da localização luminal, podendo haver sobreposição com outras categorias;* Ileal: íleo, Colônica: cólon esquerdo, pancolite, reto, *Ileocolônica: íleo + cólon, íleo + ceco, Perianal: perianal. (categorias não mutuamente exclusivas).*

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

A modelagem utilizou algoritmos de *gradient boosting* (*Extreme Gradient Boosting*, XGBoost), com divisão treino-teste estratificada (80/20) e validação cruzada estratificada. A otimização de hiperparâmetros foi realizada por *RandomizedSearchCV*, utilizando F1-score macro como métrica principal. O desempenho foi avaliado em conjunto de teste independente por área sob a curva ROC (AUROC), acurácia, sensibilidade, especificidade e F1-score. A calibração não foi avaliada devido ao foco em classificação binária. O risco de sobreajuste, associado à alta dimensionalidade dos dados, foi mitigado por validação cruzada, sendo recomendada validação externa.

A estabilidade foi inferida pela variabilidade das métricas na validação cruzada, sem uso de intervalos de confiança formais. A análise de equidade não foi realizada devido ao tamanho amostral limitado. Dados faltantes foram mantidos e tratados internamente pelos algoritmos, com inclusão de variáveis indicadoras de ausência. A interpretabilidade foi avaliada por importância das variáveis (*gain*) e valores SHAP (*SHapley Additive exPlanations*). A análise foi conduzida em Python (Google Colab), utilizando as bibliotecas *XGBoost*, scikit-learn, SHAP e Matplotlib.

O estudo foi conduzido em conformidade com a Resolução nº 466/2012 do Conselho Nacional de Saúde, com aprovação por Comitê de Ética em Pesquisa, sob CAAE nº 82480124.2.0000.5149 e parecer nº 7.307.267. Todos os participantes assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido, assegurando confidencialidade, anonimato e proteção dos dados.

3 RESULTADOS

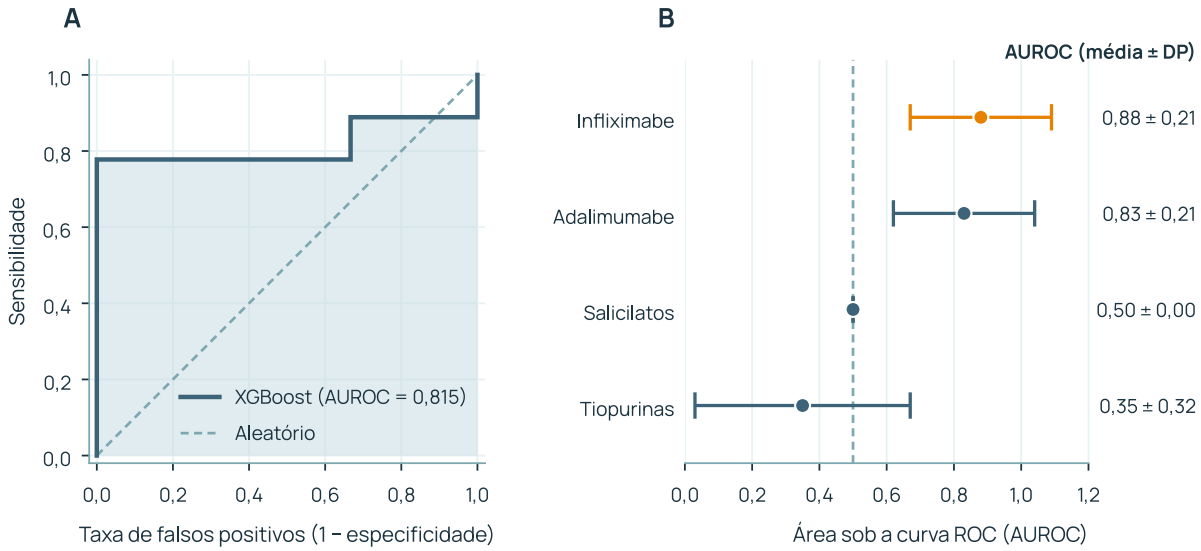
Foram avaliados inicialmente 522 pacientes com DC ou RCU. Após exclusão de episódios de perda de resposta secundária (n=29) e não adesão (n=52), a amostra final incluiu 160 pacientes e 238 episódios, com desfecho binário (resposta *versus* não resposta). As variáveis mais relevantes estão descritas na Tabela 1.

Tabela 2. Desempenho dos modelos preditivos por medicação.

Medicação	AUROC (média ± DP)	F1 macro (média ± DP)	Acurácia (média ± DP)
Tiopurinas	0,350 ± 0,318	0,364 ± 0,205	0,430 ± 0,214
Salicilatos	0,500 ± 0,000	0,467 ± 0,002	0,878 ± 0,006
Adalimumabe	0,833 ± 0,211	0,517 ± 0,248	0,640 ± 0,185
Infliximabe	0,88 ± 0,21	0,86 ± 0,18	0,86 ± 0,19

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

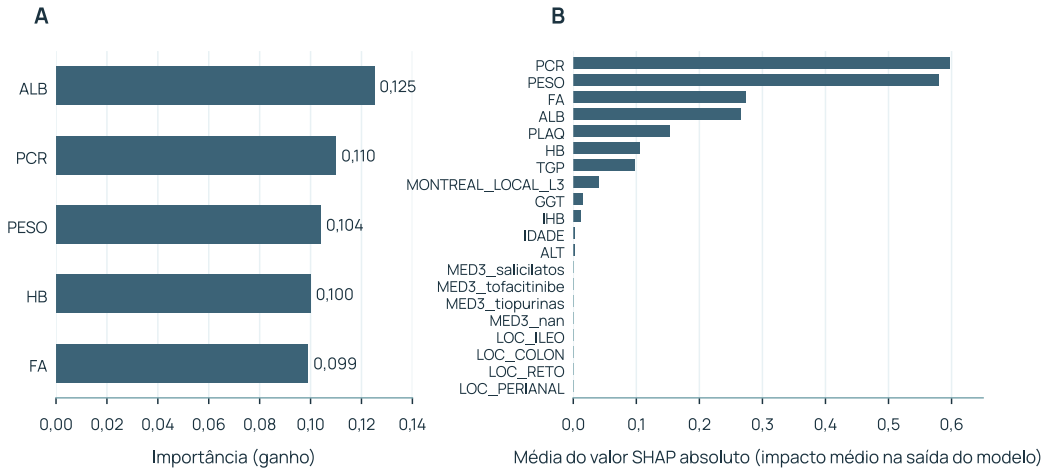
Figura 1. Desempenho discriminativo dos modelos para predição de resposta terapêutica nas doenças inflamatórias intestinais.



(A) Curva característica de operação do receptor (ROC) do modelo XGBoost para predição de resposta clínica ao infliximabe. (B) Desempenho discriminativo dos modelos por medicação, expresso pela área sob a curva ROC (AUROC), com média e desvio padrão obtidos por validação cruzada. ***Nota:*** *No painel (A), a linha contínua representa o desempenho do modelo, e a linha tracejada indica desempenho equivalente ao acaso (AUROC = 0,5). No painel (B), os pontos representam a AUROC média de cada modelo, e as barras horizontais indicam o desvio padrão entre as dobras da validação cruzada, refletindo a variabilidade do desempenho. Valores de AUROC mais elevados indicam melhor capacidade discriminativa.*

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

Figura 2. Importância das variáveis no modelo preditivo baseado em XGBoost para resposta ao infliximabe.



(A) Importância baseada em gain (redução média do erro nos splits durante o treinamento). (B) Importância baseada em SHAP (magnitude média do impacto das variáveis na predição). ***Nota:*** *No painel (A), valores mais altos indicam maior contribuição da variável para a redução do erro no modelo. No painel (B), os valores de SHAP representam a contribuição média absoluta de cada variável para a predição, independentemente da direção do efeito. As estimativas refletem associação com a saída do modelo e não implicam causalidade.*

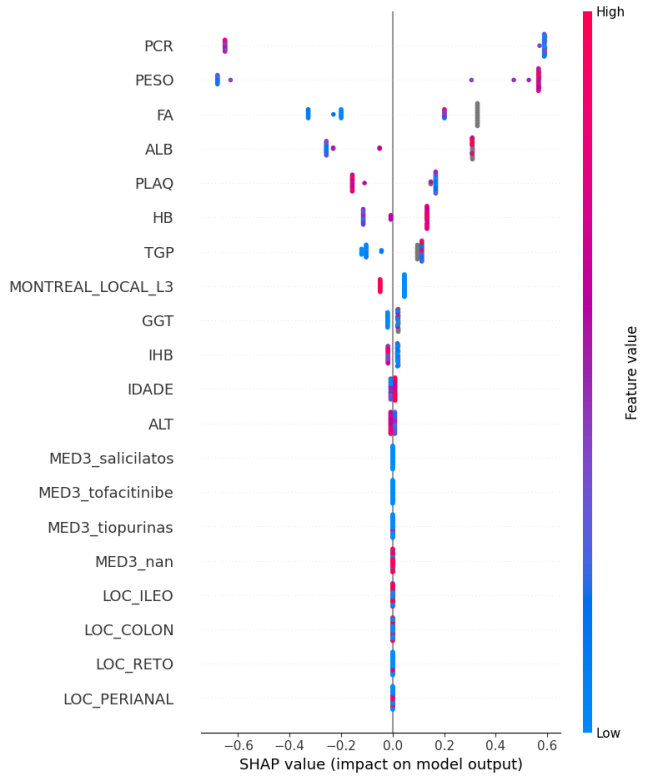
Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

A coorte foi composta predominantemente por mulheres, com idade mediana de 42 anos. Os episódios de não resposta estiveram associados mais ao diagnóstico de DC, maior exposição prévia a biológicos e maior carga inflamatória basal. Variáveis com significância estatística associadas ao desfecho incluíram idade, localização da doença, tipo de DII, uso prévio de biológicos, escore CDAI, plaquetas e proteína C-reativa. A localização foi agrupada em ileal, colônica, ileocolônica e perianal, conforme a extensão do

acometimento intestinal, sendo o envolvimento perianal classificado independentemente da localização luminal. Embora a calprotectina fecal tenha apresentado associação significativa com o desfecho, não foi incluída na Tabela 1 devido à elevada proporção de dados faltantes, o que poderia comprometer a representatividade das comparações entre grupos. Ainda assim, a variável foi considerada na modelagem preditiva, uma vez que os algoritmos utilizados são capazes de lidar adequadamente com dados incompletos.

Os modelos preditivos apresentaram desempenho heterogêneo entre as diferentes terapias. O melhor desempenho foi observado para infliximabe, com AUROC de 0,88 na validação cruzada e 0,81 no conjunto de teste, além de acurácia de 0,83 e F1-score de 0,81 (Figura 1A), indicando boa capacidade discriminativa. Em contraste, os modelos para tiopurinas (AUROC ≈ 0,35–0,55), salicilatos (AUROC ≈ 0,50) e adalimumabe (AUROC ≈ 0,63–0,83) apresentaram desempenho limitado ou instável, como apresentado na Tabela 2 e na Figura 1B.

Figura 3. Distribuição dos valores de SHAP (beeswarm plot), representando o impacto das variáveis na predição do modelo, em que cada ponto corresponde a um indivíduo e sua posição no eixo horizontal indica a magnitude do impacto da variável na predição (valor SHAP).



Nota: A cor indica o valor da variável (azul = baixo; vermelho = alto; cinza = ausente). Valores positivos estão associados a maior probabilidade de resposta, enquanto valores negativos indicam menor probabilidade. A dispersão horizontal representa a magnitude do efeito. Os valores de SHAP expressam associação com a predição do modelo, não implicando causalidade.

Fonte: Elaborado pelos autores (2026).

A importância das variáveis foi predominantemente guiada por marcadores inflamatórios e parâmetros nutricionais como mostrado na Figura 3, com destaque para PCR, peso, FA e albumina. A análise por SHAP demonstrou que o modelo capturou principalmente o estado inflamatório sistêmico basal, enquanto variáveis estruturais da doença tiveram contribuição marginal. A diferença de posição das variáveis nos 3 gráficos (Figuras 2 e 3) demonstra que algumas variáveis são importantes para o modelo aprender (Figura 2A), mas outras são importantes para o modelo decidir (Figura 2B).

4 DISCUSSÃO

Devido à grande complexidade e heterogeneidade da DII, prever a resposta ao tratamento continua sendo um desafio [14]. Como os biomarcadores isolados apresentam baixa eficácia e especificidade na prática clínica [8, 15], torna-se essencial a adoção de abordagens baseadas na integração de múltiplas variáveis para uma predição mais precisa [9, 16].

Neste estudo, modelos de ML demonstraram desempenho robusto exclusivamente para o uso do infliximabe, enquanto apresentaram baixa capacidade discriminativa para outras terapias. Esse achado sugere que a eficácia da modelagem preditiva é fortemente dependente da relação sinal-ruído (proporção entre padrões informativos e variabilidade não explicativa) inerente a cada classe terapêutica. Terapias anti-TNF, por atuarem diretamente na inflamação sistêmica, parecem gerar padrões mais consistentes e capturáveis a partir de dados clínico-laboratoriais basais, ao contrário de fármacos com mecanismos mais complexos ou pleiotrópicos [17].

A análise do modelo de infliximabe evidenciou predominância de marcadores de inflamação sistêmica no *baseline*, como proteína C-reativa e albumina, em detrimento de características estruturais da doença [18]. Esse padrão é biologicamente plausível e consistente com a fisiopatologia mediada pelo TNF-α, bem como com estratégias *treat-to-target* propostas pelo STRIDE II que enfatizam o controle da inflamação como determinante central de desfechos [13]. A associação entre hipoalbuminemia e pior resposta também encontra respaldo em mecanismos farmacocinéticos, incluindo aumento da depuração do infliximabe em estados inflamatórios mais intensos [15, 19, 20].

Em contraste, o baixo desempenho observado em outras terapias pode refletir limitações intrínsecas à representação do efeito terapêutico por variáveis basais, especialmente em fármacos com metabolismo complexo, como as tiopurinas [17], ou com dinâmica de resposta dependente de dados longitudinais, como vedolizumabe e ustequinumabe [19, 21]. Esses achados reforçam que modelos baseados exclusivamente em dados de T0 podem ter aplicabilidade seletiva, dependendo do mecanismo de ação do fármaco.

O uso de dados de mundo real (*real-world data*, RWD), conforme definido pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA), constitui uma força relevante do estudo, ao refletir a prática clínica e ampliar a validade externa potencial [22]. No entanto, a natureza retrospectiva e a qualidade heterogênea dos dados impõem limitações importantes ao presente estudo, incluindo viés de seleção, dados faltantes e risco de confusão residual, decorrente de variáveis não medidas ou mensuradas de forma imperfeita, que podem influenciar simultaneamente a escolha terapêutica e o desfecho [23].

Do ponto de vista metodológico, a utilização do XGBoost permitiu lidar adequadamente com dados incompletos, sem necessidade de imputação prévia. Ainda assim, o tamanho amostral relativamente reduzido e a ausência de validação externa limitam a generalização dos achados e reforçam a necessidade de validação em coortes independentes [10].

Em consonância com a literatura, os resultados indicam que, embora o ML possa melhorar a predição de resposta terapêutica na DII, persistem lacunas críticas, incluindo heterogeneidade metodológica, escassez de validação externa e limitada avaliação de utilidade clínica [10, 11]. Adicionalmente, evidências recentes sugerem que dados longitudinais precoces durante o tratamento podem oferecer maior poder discriminativo do que variáveis exclusivamente basais, destacando uma possível direção para refinamento futuro dos modelos [19].

Clinicamente, os achados sugerem que a intensidade inflamatória basal pode ser um determinante mais relevante da resposta ao infliximabe do que o fenótipo estrutural da doença, oferecendo um racional para estratégias de estratificação precoce [24]. A incorporação de modelos preditivos na prática, entretanto, dependerá de validação robusta, avaliação de impacto clínico e integração aos fluxos assistenciais [11, 24].

5 CONCLUSÃO

Modelos de ML baseados em dados clínico-laboratoriais em T0 são capazes de predizer resposta terapêutica em doenças inflamatórias intestinais, com desempenho consistente apenas para o uso do infliximabe. Os achados sugerem que a intensidade inflamatória sistêmica no *baseline* é um determinante central da resposta a terapias anti-TNF, superando a relevância de características estruturais da doença.

Entretanto, o baixo desempenho observado para outras classes terapêuticas indica limitações na capacidade preditiva de modelos baseados exclusivamente em dados iniciais, possivelmente relacionadas à complexidade dos mecanismos farmacológicos e à necessidade de informações longitudinais.

Dessa forma, embora promissores, os modelos desenvolvidos requerem validação externa, ampliação amostral e aprimoramentos metodológicos antes de sua incorporação à prática clínica, especialmente como ferramentas de apoio à decisão no contexto do SUS.

Contribuição dos autores. Os autores contribuíram igualmente em todas as etapas de construção do artigo: concepção e delineamento do estudo; coleta, análise e interpretação dos dados; redação e revisão crítica do manuscrito; e aprovação da versão final.

Agradecimentos. Os autores agradecem à Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Faculdade de Medicina e ICX – Departamento de Ciência da Computação da UFMG, Belo Horizonte (MG), pelo apoio institucional e científico ao desenvolvimento deste estudo. Agradecem também aos serviços participantes: Centro de Atendimento Especializado Iria Diniz da Secretaria de Saúde de Contagem; Instituto Alfa de Gastroenterologia do Hospital das Clínicas da UFMG; sistema AGHU do HC-UFMG; e Unidade de Referência Secundária Sagrada Família da Secretaria Municipal de Saúde de Belo Horizonte, pelo acesso aos dados e suporte à pesquisa. Reconhecem, ainda, o apoio do Centro de Inovação e Inteligência Artificial para Saúde (CI-IA Saúde), da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e da UNIMED Belo Horizonte, pelo suporte institucional e incentivo à pesquisa científica.

Financiamento. Os autores não declararam fonte de financiamento.

Disponibilidade de dados e materiais. Os autores não declararam a disponibilidade dos dados e materiais da pesquisa.

Conflitos de interesse. Os autores não declararam conflitos de interesse.

Declaração de uso de IA. Foi utilizada ferramenta de inteligência artificial (ChatGPT, OpenAI) para apoio à organização e revisão textual do manuscrito, sem interferência na geração de dados, resultados ou conclusões.

REFERÊNCIAS

1. Faro CCP, Nascimento Filho TB, Lisboa BBSS, Soares MCT, Torres LVF, Silveira VFC, et al. Análise das características epidemiológicas, hospitalares e clínicas das doenças inflamatórias intestinais no Brasil. RSD. 2024;13(3):e7913344837. doi: https://doi.org/10.33448/rsd-v13i3.44837

2. Quaresma AB, Damiao AOMC, Coy CSR, Magro DO, Hino AAF, Valverde DA, et al. Temporal trends in the epidemiology of inflammatory bowel diseases in the public healthcare system in Brazil: A large population-based study. Lancet Reg Health Am. 2022;13:100298. doi: https://doi.org/10.1016/j.lana.2022.100298

3. Ditrich F, Blümel S, Biedermann L, Fournier N, Rossel JB, Ellinghaus D, et al. Genetic risk factors predict disease progression in Crohn's disease patients of the Swiss inflammatory bowel disease cohort. Ther Adv Gastroenterol. 2020;13:1756284820959252. doi: https://doi.org/10.1177/1756284820959252

4. Kim HJ, Oh SH, Lee SH, Kim YB, Kim DY, Park SH, et al. Risk Factors for Disease Behavior Evolution and Efficacy of Biologics in Reducing Progression in Pediatric Patients with Nonstricturing, Nonpenetrating Crohn's Disease at Diagnosis: A Single-Center Experience in Korea. Gut Liver. 2021;15(6):851-7. doi: https://doi.org/10.5009/gnl20279

5. Agrawal M, Spencer EA, Colombel JF, Ungaro RC. Approach to the Management of Recently Diagnosed Inflammatory Bowel Disease Patients: A User's Guide for Adult and Pediatric Gastroenterologists. Gastroenterology. 2021;161(1):47-65. doi: https://doi.org/10.1053/j.gastro.2021.04.063

6. Vilela EG, Rocha HC, Moraes AC, Santana GO, Parente JM, Sassaki LY, et al. Inflammatory bowel disease care in Brazil: how it is performed, obstacles and demands from the physicians' perspective. Arq Gastroenterol. 2020;57(4):416-27. doi: https://doi.org/10.1590/S0004-2803.202000000-77

7. Noor NM, Davies N, Tahir W, Bond S, Dowling F, Patel KV, et al. Anti-tumor necrosis factor treatment from diagnosis is more effective and less costly than conventional "step-up" care for patients with active Crohn's disease: a cost-effectiveness analysis from the PROFILE trial. J Crohns Colitis. 2025;19(9):jjaf150. doi: https://doi.org/10.1093/ecco-jcc/jjaf150

8. Atreya R, Neurath MF, Siegmund B. Personalizing Treatment in IBD: Hype or Reality in 2020? Can We Predict Response to Anti-TNF? Front Med (Lausanne). 2020;7:517. doi: https://doi.org/10.3389/fmed.2020.00517

9. Clough J, Colwill M, Poullis A, Pollok R, Patel K, Honap S. Biomarkers in inflammatory bowel disease: a practical guide. Ther Adv Gastroenterol. 2024;17:17562848241251600. doi: https://doi.org/10.1177/17562848241251600

10. Parra RS, da Costa Ferreira S, Machado VF, Nigro CMC, da Rocha JJR, de Almeida Troncon LE, et al. Access to High-Cost Biological Agents: Perceptions of Brazilian Patients with Inflammatory Bowel Diseases. J Clin Med. 2023;12(7):2672. doi: https://doi.org/10.3390/jcm12072672

11. Turner D, Ricciuto A, Lewis A, D'Amico F, Dhaliwal J, Griffiths AM, et al. STRIDE-II: An Update on the Selecting Therapeutic Targets in Inflammatory Bowel Disease (STRIDE) Initiative of the International Organization for the Study of IBD (IOIBD): Determining Therapeutic Goals for Treat-to-Target strategies in IBD. Gastroenterology. 2021;160(5):1570-83. doi: https://doi.org/10.1053/j.gastro.2020.12.031

12. Gardiner LJ, Carrieri AP, Bingham K, Macluskie G, Bunton D, McNeil M, et al. Combining explainable machine learning, demographic and multi-omic data to inform precision medicine strategies for inflammatory bowel disease. PLoS One. 2022;17(2):e0263248. doi: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0263248

13. Gisbert JP, Chaparro M. Predictors of Primary Response to Biologic Treatment [Anti-TNF, Vedolizumab, and Ustekinumab] in Patients With Inflammatory Bowel Disease: From Basic Science to Clinical Practice. J Crohns Colitis. 2020;14(5):694-709. doi: https://doi.org/10.1093/ecco-jcc/jjz195

14. Gisbert JP, Chaparro M. Primary Failure to an Anti-TNF Agent in Inflammatory Bowel Disease: Switch (to a Second Anti-TNF Agent) or Swap (for Another Mechanism of Action)? J Clin Med. 2021;10(22):5318. doi: https://doi.org/10.3390/jcm10225318

15. Waljee AK, Joyce JC, Wang S, Saxena A, Hart M, Zhu J, et al. Algorithms outperform metabolite tests in predicting response of patients with inflammatory bowel disease to thiopurines. Clin Gastroenterol Hepatol. 2010;8(2):143-50. doi: https://doi.org/10.1016/j.cgh.2009.09.031

16. Qiu Y, Hu S, Chao K, Huang L, Huang Z, Mao R, et al. Developing a Machine-Learning Prediction Model for Infliximab Response in Crohn's Disease: Integrating Clinical Characteristics and Longitudinal Laboratory Trends. Inflamm Bowel Dis. 2025;31(5):1334-43. doi: https://doi.org/10.1093/ibd/izae176

17. Waljee AK, Liu B, Sauder K, Zhu J, Govani SM, Stidham RW, et al. Predicting Corticosteroid-Free Biologic Remission with Vedolizumab in Crohn's Disease. Inflamm Bowel Dis. 2018;24(6):1185-92. doi: https://doi.org/10.1093/ibd/izy031

18. Irie K, Minar P, Reifenberg J, Boyle BM, Noe JD, Hyams JS, et al. Machine Learning Modeling for Predicting Infliximab Pharmacokinetics in Pediatric and Young Adult Patients With Crohn Disease: Leveraging Ensemble Modeling With Synthetic and Real-World Data. Ther Drug Monit. 2026;48(1):98-104. doi: https://doi.org/10.1097/FTD.0000000000001348

19. Waljee AK, Wallace BI, Cohen-Mekelburg S, Liu Y, Liu B, Sauder K, et al. Development and Validation of Machine Learning Models in Prediction of Remission in Patients With Moderate to Severe Crohn Disease. JAMA Netw Open. 2019;2(5):e193721. doi: https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2019.3721

20. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (Anvisa). Guia de evidências de mundo real. Guia nº 64/2023, versão 1 [Internet]. Brasília: Anvisa; 2023 [citado 2026 out 18]. Disponível em: https://www.gov.br/anvisa/pt-br/assuntos/noticias-anvisa/2023/anvisa-publica-guia-de-evidencias-de-mundo-real-e-anuncia-grupo-de-trabalho-para-outubro/Guian64_2023_versao1.pdf

21. Li J, Qian JM. Artificial intelligence in inflammatory bowel disease: current status and opportunities. Chin Med J (Engl). 2020;133(7):757-9. doi: https://doi.org/10.1097/CM9.0000000000000714

22. Stafford IS, Gosink MM, Mossotto E, Ennis S, Hauben M. A Systematic Review of Artificial Intelligence and Machine Learning Applications to Inflammatory Bowel Disease, with Practical Guidelines for Interpretation. Inflamm Bowel Dis. 2022;28(10):1573-83. doi: https://doi.org/10.1093/ibd/izac115

23. Stidham RW, Takenaka K. Artificial Intelligence for Disease Assessment in Inflammatory Bowel Disease: How Will it Change Our Practice? Gastroenterology. 2022;162(5):1493-506. doi: https://doi.org/10.1053/j.gastro.2021.12.238

24. Sadagurschi R, Dobromirescu A, Babiuc R, Negreanu L. Clinical Predictive Factors of Response to Biologics in IBD. Rev. Med. Mod. 2022;29(1):15-23. doi: https://doi.org/10.31689/rmm.2021.29.1.15

NOTAS EDITORIAIS

O Journal of Health Informatics é uma publicação científica mantida pela Sociedade Brasileira de Informática em Saúde, associação científica sem fins lucrativos dedicada ao desenvolvimento da Informática em Saúde e da Saúde Digital no Brasil. O processo editorial é conduzido com independência científica, sem interferência institucional, comercial ou de patrocinadores, e segue as boas práticas internacionais de ética em publicação científica.

Este artigo foi avaliado por pares, em sistema duplo-cego, por especialistas da área. A equipe editorial usou ferramentas de inteligência artificial, com supervisão humana, na triagem inicial, na conferência do texto, das referências e dos números e, quando necessário, no redesenho de figuras, quadros e tabelas, aprovado pelos autores na prova. As ferramentas e as salvaguardas estão na Política de uso de inteligência artificial da revista. As decisões editoriais foram tomadas por pessoas.

SBIS Sociedade Brasileira de Informática em Saúde