

décadas. A maioria dos pacientes tratados com ITQs obtém respostas moleculares profundas, com estudos demonstrando sobrevida similar à população geral. Todavia, alguns pacientes não atingem resposta adequada devido à falha ao tratamento, tanto pela resistência à medicação quanto pela intolerância aos efeitos colaterais. Para pacientes que falham com ITQs, o Transplante de Células-Tronco Hematopoiéticas (TCTH) continua a ser considerado uma terapia eficaz e potencialmente curativa. No entanto, há poucos dados na literatura sobre os resultados dos transplantes realizados após falha com as terapias-alvo. **Objetivo:** este estudo visa determinar a Sobrevida Global (SG) de pacientes com LMC submetidos ao TCTH após falha aos ITQs em um centro de referência no Brasil, além de analisar as incidências de recaída, mortalidade não relacionada a recaída e incidência cumulativa de DECH aguda (DECHa) ou DECH crônica (DECHc). **Métodos:** Estudo retrospectivo, observacional e analítico, realizado a partir de registros de prontuários e base de dados do Serviço de Transplante de Medula Óssea. As curvas de sobrevida foram realizadas usando o método de Kaplan Meier e o teste exato de Fisher foi usado para variáveis categóricas. EZR foi usado para análise estatística. **Resultados:** Foram avaliados 103 pacientes com diagnóstico de LMC, transplantados no período de janeiro de 2001 a maio de 2021, sendo excluídos os pacientes que não utilizaram ITQs previamente, totalizando 70 pacientes na análise final. A idade mediana foi de 38 anos (10–60) e a maioria dos pacientes eram do sexo masculino (66%). 29 pacientes estavam em fase crônica antes do transplante, 38 em fase acelerada e 3 em crise blástica. 19 pacientes (27%) tiveram mutações identificadas, 5 pacientes com mutação T315I, 3 com mutação G250E e os demais com mutações diversas. 39 pacientes haviam utilizado ITQ de 2ª geração (56%). Quanto às características relacionadas ao TCTH, em 47% a fonte de células foi sangue periférico, 52% tiveram doador aparentado e 93% receberam condicionamento mieloablativo. A sobrevida mediana foi de 11 anos; sendo SG de 1 ano: 70% (57,8–79,3), SG 5 anos: 57,7% (45,1–68,5) e SG 10 anos: 51,4% (38,3–63,1). A SG estimada em 5 anos não foi diferente para CP1 (60%) versus fases avançadas (45%); $p=0,6$. Incidência cumulativa de mortalidade Não Relacionada à Recaída (NRM) em 100 dias: 12,9% (6,3–21,9) e em 1 ano: 21,4% (12,7–31,7). Incidência cumulativa de DECHa em 100 dias: 34,3% (23,4–45,5) e de DECHc em 1 ano: 34,3% (23,3–45,5). Incidência cumulativa de DECHc em 2 anos: 35,7% (24,6–47,0). Em relação às taxas de recaída em 1 ano, a incidência cumulativa de recaída foi de 27,1% (17,3–38) e em 2 anos 34,3 (23,4–45,5). **Conclusão:** O estudo teve como objetivo principal a avaliação da sobrevida, sendo encontrada uma taxa superior a 50% em 5 e 10 anos, corroborando o potencial do TCTH no cenário de falha terapêutica. Além disso, foi observada incidência de DECHa, DECHc, recaída e NRM em geral similares a estudos anteriores. Ressalta-se que a busca de doadores deve ser realizada precocemente, assim que observada a resistência a ITQ de 2ª geração, considerando que os melhores resultados são alcançados quando os pacientes ainda estão em fase crônica.

INTEGRATIVE TRANSCRIPTOMIC ANALYSIS OF HUMAN MONOCYTE REVEALED COMMON SIGNATURES IN CANCER PATIENTS

VJ Silva ^a, IC Ovider ^a, A Azevedo ^b, IS Filgueira ^c, GA Martinez ^b, FS Seguro ^b, O Cabral-Marques ^c, SCF Couto ^b, TGM Oliveira ^b, RR Almeida ^b, JAM Barbuto ^c, VG Rocha ^b, RN Ramos ^b

^a Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brazil

^b Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (HC-FMUSP), São Paulo, SP, Brazil

^c Instituto de Ciências Biomédicas da Universidade de São Paulo (ICB-USP), São Paulo, SP, Brazil

Introduction: Our previous study demonstrated that monocytes from breast cancer patients display alterations in their transcriptomic profile that include the down regulation of genes involved in their differentiation and in their ability to stimulate the immune system, in addition to producing reduced levels of inflammatory cytokines when compared to healthy donors' monocytes. We aim here to reveal common gene signatures present in monocytes from patients with distinct hematologic and solid cancer.

Methods: An integrative bioinformatics analysis was performed to investigate monocyte signatures in ten public RNA-seq datasets from Hematologic Tumor (HT) (Chronic Myeloid Leukemia, acute myeloid leukemia and Diffuse large B-cell lymphoma) and Solid Tumors (ST) (esophageal, lung, head and neck, brain, colon). We generated a list of Differentially Expressed Genes (DEGs) between monocytes from healthy donors versus cancer patients or between healthy and tumoral tissues using the DESeq2 package in R-studio and performed the functional enrichment analysis using Gene Ontology (GO) and protein-protein interactions considering the common up-regulated genes. **Results:** In blood monocytes from the HT datasets, we found 13 common genes, including MSR1, CAMP, ELANE and CCL3. These genes are mainly involved in the signaling pathways for Phagocytosis and Calcium Ion Homeostasis. For monocytes in ST tissues, we found 161 commonly expressed genes in all datasets, including genes belonging to the immunoglobulin family (IGHG3, IGHM, IGHG4), genes involved in the organization of the extracellular matrix (MMP3, MMP8, MMP9, MMP12) and genes from the CXCL chemokine family (CXCL10, CXCL9, CXCL13). **Conclusion:** Our data suggest that monocytes are involved in extracellular matrix organization, cell migration and antigen recognition in HT and TS. We will next evaluate the expression of those molecules in monocytes from multiple myeloma patients and correlate with clinical data.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1006>

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1005>