

com diversos processos biológicos e moleculares, dos quais destacamos: vias de sinalização PI3K/AKT/mTOR, IL-6/JAK2/STAT3, KRAS, IL2/STAT5 e NOTCH, ROS, hipóxia e resposta inflamatória. Em ensaios *ex vivo* com amostras de pacientes com LMA e linhagens celulares, destacamos que o HCK esteve associado com sensibilidade e resistência a diversos fármacos de uso clínico, entre eles a azacitidina. **Discussão e conclusão:** Os dados obtidos demonstram que pacientes com LMA com alta expressão de HCK apresentam um prognóstico desfavorável. A expressão diferencial de HCK está associada a diversas vias de sinalização amplamente relacionadas à leucemogênese, com papel central no crescimento, proliferação e sobrevivência. Nossos dados sugerem que o HCK pode ser um marcador de prognóstico e confirma seu potencial como alvo molecular na LMA. Uma abordagem farmacológica direcionada a essa proteína poderia oferecer uma perspectiva para o desenvolvimento de tratamentos mais eficazes.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1508>

ESTUDO IN SILICO DAS LINHAGENS DE ENTEROCOCCUS FAECIUM: ANÁLISE PANGENÔMICA E PREDIÇÃO DE ALVOS VACINAIS E DE FÁRMACOS

YVC Mascarenhas, AG Felice,
A Claudino-Junior, SH Mello, SC Soares

Universidade Federal do Triângulo Mineiro (UFTM),
Uberaba, MG, Brasil

Objetivo: Utilizar ferramentas de Bioinformática para realização *in silico* de análises pangenômicas e predição de alvos vacinais e de fármacos das linhagens da espécie *Enterococcus faecium*. **Materiais e métodos:** Para análises pangenômicas foram utilizados os softwares Gegenees e SplitsTree. Para análise de sintenia gênica foi utilizado o software Mauve, e para a predição de ilhas genômicas foi utilizado o GIPSY. Os resultados adquiridos foram plotados para a plasticidade genômica com o software BRIG. Já para predizer os candidatos a alvos de vacinas e fármacos, inicialmente foi realizado o OrthoFinder para pesquisa de genes ortólogos e classificação em *core* genoma, *shared* e *singletons*; em seguida foram retiradas as proteínas homólogas ao hospedeiro do *core*. Após esse resultado, foi feita a pesquisa de localização subcelular destas proteínas, e foram utilizados os softwares Vaxign e MOHline para predição de potenciais candidatos a alvos vacinais e de fármacos, respectivamente. **Resultados:** Nas análises pangenômicas, as linhagens de *E. faecium* apresentaram um alto grau de similaridade e diversos genes em comum. A sintenia gênica sugere uma ancestralidade comum com presença de inversões e translocações, entretanto, mesmo com a dinâmica evolutiva, resultou em pouca sintenia. Referente às ilhas genômicas, foram encontradas 20 ilhas de patogenidade e 11 de resistência – somatória de dois *outgroups*. Em seguida, através da ferramenta BLAST, foram encontradas 156 proteínas que não são homólogas ao hospedeiro humano. Essas proteínas tiveram sua localização subcelular classificadas em PSE (possivelmente expostas na superfície), de membrana e secretadas, direcionadas para alvos vacinais e

citoplasmáticas, para alvos de fármacos. Cinquenta e duas proteínas foram candidatas a alvos de vacina, das quais apenas cinco apresentaram probabilidade de adesão > 0,51. Cento e quatro proteínas foram selecionadas para alvos de fármacos, das quais apenas cinco proteínas apresentaram mais de 25% de identidade, segundo o filtro de qualidade estrutural do MOHline. **Discussão:** O alto grau de similaridade encontrado e o compartilhamento de genes em comum sugere uma estreita relação genética entre as diferentes linhagens de *E. faecium* estudadas, o que remete a um projeto prospectivo. Ademais, com o resultado de ilhas genômicas pode-se inferir presença de fatores de virulência e de genes relacionados à antimicrobianos. Por fim, dentre as candidatas a alvos vacinais, houve presença desde proteína hipotética à proteína ligante a penicilina. Esta última é caracterizada pela sua afinidade à penicilina, que pode estar relacionada a resistência a esse antibiótico. Já as candidatas a alvos de fármacos apresentam duas proteínas que estão relacionadas a alguns processos biológicos, tais como replicação, recombinação e reparação do DNA. Além disso, há outra proteína da classe “candidatos a alvos de fármacos” que é interessante de ser relatada, é a *sugar-binding domain-containing protein*, que representa uma proteína com potencial para ligar-se a carboidratos e gerar produtos oxidados. **Conclusão:** A utilização de ferramentas de Bioinformática pode auxiliar na busca por prevenção e tratamento contra as doenças causadas por *E. faecium*, além disso contribuem para otimizar o tempo em bancada, caracterizando *in silico* potenciais candidatos a alvos vacinais e de fármacos.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1509>

IMPLEMENTATION OF A COMMERCIAL MODEL OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE FOR KARYOTYPING

D Borri^a, RK Kishimoto^a, MFMD Santos^a,
RO Safranauskas^a, MG Cordeiro^a,
AAC Coimbra^a, GSE Silva^a, JL Silva^a,
E Velloso^{a,b}, JG Silva^a

^a Sociedade Beneficente Israelita Brasileira Albert Einstein (SBIBAE), São Paulo, SP, Brazil

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

Aims: Chromosomal banding analysis is the standard technique to identify cytogenetic abnormalities in both constitutional chromosomal disorders and hematological malignancies. Karyotyping is a laborious and manual technique. The development of image (metaphases) capture systems and software for karyotyping had a great impact on the routine of cytogenetic laboratories, and recently artificial intelligence (deep neural networks, DNN) has helped in the correct segmentation and chromosome classification, allowing the performance of karyotypes more quickly, with final supervision by experienced cytogeneticists. Some systems using AI are commercially available and our objective was to validate and implement one of these models in our laboratory

and measure its productivity. **Materials and methods:** IA DNN –PC/GTX 1650 version 1.1.40 was configured in the automated metaphase image scanning equipment (Metafer), which uses the software for image analysis (Ikaros), all developed by Metasystems (Altussheim, Germany). Sixteen machine learning models (classifiers) were tested for bone marrow (oncohematological karyotype) and another 16 for peripheral blood (constitutional karyotype), eight of them with the function of chromosome segmentation in metaphase (separation) and 8 of them with the function of classify chromosomes (chromosomal pairing). 55 metaphases from routine studies of bone marrow for hematological malignancies [300-400 bands, 8 with numerical ($-Y$, -7) or structural ($20q-$) chromosomal alterations] and 65 metaphases from PHA-stimulated peripheral blood [550 bands, 7 cases with multiple overlapping chromosomes and 9 with numerical ($-X$, $+13$, $+21$) chromosomal alterations]. The time for manual and automated analysis (time for segmentation + classification + review) was compared. The chromosomal mispairing was noted. Productivity was evaluated (percentage difference in seconds manual-automated analysis/ manual analysis in seconds $\times 100$). **Results:** The average time for manual analysis of one metaphase in bone marrow samples was 74 ± 30 seconds (segmentation 34 seconds and classification 40 seconds) and in DNN it was 23 ± 19 seconds (segmentation 13 seconds, classification 10 seconds), with a gain of 51 ± 26 seconds and productivity gain of 68.6%, and mismatch of 1 ± 1.5 chromosomes. The average time for manual analysis of one metaphase in peripheral blood samples was 138 ± 56 seconds (segmentation 85 seconds and classification 52 seconds) and in DNN it was 29 ± 16 seconds (segmentation 15 seconds, classification 14 seconds), with a gain of 108 ± 49 seconds and productivity gain of 78.7%, and pairing error of 2.6 ± 2 . **Discussion:** AI allowed a significantly gain in productivity and TAT reduction in karyotype, the constitutional from 21 days to 15 days and the oncohematological karyotype from 14 days to 7 days (5 days for acute leukemias at diagnosis). **Conclusion:** The use of AI in karyotype analysis proved to be effective and efficient in our laboratory, even using a commercial image bank (DNN). There was an important gain in productivity and the possibility of reducing the TAT, adapting to international quality standards.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1510>

MAPEAMENTO DA MICROBIOTA HOSPITALAR PARA MONITORAMENTO DOS CASOS DE INFECÇÕES ADQUIRIDAS EM PERÍODO DE INTERNAÇÃO NA SANTA CASA DE OURINHOS

MM Constantino^a, IR Jardulli^b, LL Gatti^a,
DG Reginato^b, PMN Teixeira^b,
AF Vasconcelos^b, JCI Gazola^{a,b}

^a Centro Universitário, Faculdades Integradas de Ourinhos (UNIFIO), Ourinhos, SP, Brasil

^b Santa Casa de Ourinhos (SCO), Ourinhos, SP, Brasil

Introdução: O ambiente hospitalar é caracterizado pela presença de diversos tipos de microrganismos patogênicos e

oportunistas (bactérias, fungos e vírus), responsáveis por infecções nosocomiais. Em 2017, a Sociedade Brasileira de Microbiologia (SBM) estimou aproximadamente 700 mil mortes anualmente em todo o mundo decorrentes de bactérias multirresistentes que não respondem a antibioticoterapia. Várias organizações nacionais e internacionais de saúde reconheceram a importância e a urgência do estudo da resistência antimicrobiana e de bactérias multirresistentes, além do desenvolvimento de programas e estratégias hospitalares de vigilância para controlar suas consequências clínicas negativas, como execução de culturas microbiológicas de vigilâncias e a triagem de microrganismos multirresistentes em pacientes de risco para colonização, principalmente no setor de Unidades de Terapia Intensiva (UTIs). **Objetivo:** Nesse sentido, o objetivo da pesquisa foi mapear a microbiota hospitalar existente nas UTIs da Santa Casa de Ourinhos, identificando a incidência dos microrganismos isolados. **Métodos:** Trata-se de um estudo experimental descritivo, com abordagem quantitativa. A amostragem foi constituída de 10 diferentes pontos ambientes da UTI, semeados em Ágar McConkey, Ágar Sangue e Ágar Sabouraud. **Resultados e discussão:** Todas as amostras semeadas em Ágar Sangue e Ágar Sabouraud, apresentaram crescimento microbiano. Já no Ágar McConkey, quatro amostras não apresentaram crescimento microbiano, enquanto as outras seis, sim. Foi possível identificar as espécies de bactérias *Citrobacter freundii*, *Enterobacter aerogenes*, *Serratia marcescens*, *Staphylococcus aureus*, além de várias colônias de *Staphylococcus coagulase* negativa, leveduras e bolores. Os estafilococos, com ênfase *S. aureus*, estão entre os microrganismos mais importantes associados às infecções hospitalares, principalmente em UTIs. Por meio de toxinas próprias, esse patógeno ativa um mecanismo de invasão que facilita a ruptura de barreiras da epiderme. Além disso, utilizam de ferramentas biológicas para neutralizar a fagocitose e a resposta imune celular, dessa forma, obtém uma alta capacidade de colonização, o que pode representar um grave risco para pacientes que já se encontram imunodeprimidos. Os casos de infecções fúngicas em UTI, podem representar um alto risco para pacientes, sobretudo os casos de candidíase sistêmica, responsável por altos índices de óbitos em pacientes com infecções fúngicas sistêmicas. A candidíase sistêmica ocorre por consequência de um desequilíbrio do sistema imunológico do hospedeiro e pela exposição a fatores predisponentes, como uso de dispositivos médicos invasivos; uso prolongado de antibióticos de amplo espectro; tempo de permanência hospitalar e tratamentos invasivos indispensáveis ao paciente. Outras espécies de fungos também são capazes de causar múltiplos quadros clínicos em pacientes de UTI, no entanto, as espécies de *Candida* são responsáveis pela maioria desses casos (principalmente em pacientes imunossuprimidos). A *Candida albicans* é a espécie mais incidente relatada em infecções nosocomiais, porém, outras espécies do gênero *Candida* tiveram um aumento significativo nos últimos anos, incluindo *C. tropicalis*, *C. parapsilosis*, *C. krusei* e *C. glabrata*. **Conclusões:** A maioria dos pontos de coleta, originaram crescimento microbiano. Embora hospitalares e UTIs sejam reservatórios comuns de microrganismos, alguns desses patógenos podem oferecer riscos fatais para os pacientes e profissionais de saúde que ocupam esses espaços.