

expressão de proteínas envolvidas na citotoxicidade mediada por células T CD8. A capacidade do extrato de promover a expressão da perforina inativa pode ter implicações no controle da resposta imune contra células tumorais, indicando um potencial papel terapêutico na LLC e em outras neoplasias hematológicas. **Conclusão:** O estudo mostrou o potencial imunomodulador do EPs® 7630 em pacientes com LLC, evidenciando um aumento na produção de perforina em células T CD8. Investigações adicionais in vitro e in vivo poderão contribuir para uma melhor compreensão do potencial terapêutico do extrato na resposta imune em neoplasias hematológicas.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.520>

AVALIAÇÃO DA FREQUÊNCIA SOMÁTICA DO GENE IGH E TP53 PRESENTES EM PACIENTES COM LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÔNICA

KFC Martho, CC Martino, LPR Oliveira,
LIC Loyola, DS Pereira, ADSB Perazzio,
ML Chauffaille

Grupo Fleury, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A determinação do estado da Hipermutação Somática (HMS) da região variável da cadeia pesada do gene IGH (IGHV) e a presença de mutações no gene TP53 são marcadores usados para prognóstico e auxílio na decisão terapêutica em pacientes com diagnóstico de Leucemia Linfocítica Crônica (LLC). **Objetivos:** Foi realizado um estudo retrospectivo entre fev/2021 e jun/2024 da análise do estado mutacional das regiões V-D-J do gene IGHV e mutação somática do gene TP53 em pacientes com LLC, atendidos pelo Grupo Fleury. **Materiais e métodos:** 1112 amostras de sangue periférico foram coletadas de pacientes com LLC, sendo 55,9% homens e 40,53% mulheres, com mediana de idade de 61 anos. Conforme os critérios previamente descritos pelo *European Research Initiative on Chronic Lymphocytic Leukemia (ERIC)*, o RNA obtido a partir de sangue periférico foi processado pela metodologia de sequenciamento de Sanger para análise de IGHV e Sequenciamento de Nova Geração (SNG) para análise da região codificante (éxons 2 ao 11) do gene TP53. **Resultados:** Das 1112 amostras, não foi possível realizar o teste em 4% devido a fatores como, por exemplo, número reduzido de linfócitos. 81,2% (n = 903) foram considerados como um único rearranjo IGHV, sendo 35,4% (n = 394) mutado, 53,33% (n = 539) não mutado e 4,3% (n = 48) limítrofes. Rearranjos duplos foram observados em 7,6% (n = 84) dos casos (2,7% mutados e 4,9% não mutados) e 2,4% foram classificados como casos sem possibilidade de interpretação (e.g. policlonalidade). Dos rearranjos identificados, 40,2% (n = 440) pertenciam a categoria IGHV3, 14,9% (n = 154) IGHV4, 28% (n = 306) IGHV1-5-7 e 4,8% (n = 52) IGHV2. Foi observado que o rearranjo IGHV1-69 foi mais frequente (14%, n = 153) seguido do IGHV4-34 (7,5%, n = 82) e IGH3-23 (6,1). Para análise da região codificante do gene TP53, não foram identificadas mutações em 86,8% (n = 965) das amostras analisadas, 11,5% (n = 126) apresentaram uma ou mais mutações e apenas 0,2% (n = 2) dos casos foram considerados inconclusivos. Nas amostras com

presença de variantes no gene TP53, foi verificado quais categorias de IGHV foram mais frequentes. Dos rearranjos identificados, 41,23% (n = 50) pertenciam a categoria IGHV3, 39,7% (n = 48) IGHV1-5-7, 15,7% (n = 19) IGHV4 e 3,3% (n = 4) IGHV2. Dentre essas categorias, os rearranjos IGHV1-69 (19,8%, n = 24) e IGHV3-23 (7,5%, n = 9) foram observados em maior frequência. **Discussão:** Das amostras analisadas, apenas 2,4% dos testes para IGHV e 0,2% para TP53 foram inconclusivos. Além disso, a proporção de casos mutados e não mutados do IGHV aqui apresentados corroboram com estudos anteriores, garantindo a confiabilidade dos dados obtidos. Neste estudo, a categoria IGHV1 apareceu em 28% dos testes para IGHV e em 39,7% das amostras com presença de variantes no gene TP53. As categorias IGHV1, IGHV5 e IGHV7 pertencem ao subgrupo #1, que apresenta elevada frequência de mutações no gene TP53. Além disso, o rearranjo IGHV1-69/IGHD3-16/IGHJ3 (subgrupo #6) apresentou a frequência de 1% (n = 12) e não foi identificado nos dados de IGHV de amostras com mutação no gene TP53. A literatura aponta que casos de LLC que são do subgrupo #6 apresentam baixa frequência de mutações no gene TP53. **Conclusão:** Foi possível verificar que os dados obtidos neste estudo, estão de acordo com outros previamente publicados. O uso das duas abordagens reforça a importância de se usar mais de um marcador prognóstico para fornecer auxílio na decisão clínica e terapêutica.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.521>

INFARTO AGUDO DO MIOCÁRDIO POR HIPOPERFUSÃO DEVIDO A QUADRO DE LEUCOSTASE EM PACIENTE COM LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÔNICA: UM RELATO DE CASO

G Cecchetti, GL Macedo, IS Barbosa, R Romano,
J Celestino, JC Faccin, MR Modesto,
GRO Medeiros

Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba,
PR, Brasil

Objetivo: Relatar um caso clínico de um paciente com infarto agudo do miocárdio secundário a leucostase na apresentação de leucemia linfocítica crônica. **Materiais e métodos:** Estudo descritivo baseado em análise de dados de prontuário médico (físico e eletrônico) durante período de internamento hospitalar e ambulatorio. **Relato de caso:** Paciente masculino, 65 anos, cubano, havia se mudado ao Brasil há 4 meses, sem comorbidades prévias, buscou atendimento por dor torácica. Inicialmente descartado infarto agudo do miocárdio e foi encaminhado a hospital terciário por síndrome coronariana aguda, com quadro de angina instável e necessidade de transfusão. Relatava que esse quadro de dor torácica havia iniciado há 4 meses, concomitante com quadro de linfonodomegalia generalizada e perda de peso. Na admissão, se apresentava com anemia (Hb 6,9), plaquetopenia (47000) e leucocitose (752890). Eletrocardiograma sem alterações e troponinas normais. Durante o internamento, paciente teve quadro de piora da dor torácica, em caráter anginoso. No segundo momento, teve aumento de troponina com curva maior de 20%, considerado infarto agudo do miocárdio por hipoperfusão devido a