

na DECH crônica, visando a terapia mais adequada pela equipe multiprofissional para o controle dessa condição.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2038>

#### AVALIAÇÃO DA RELAÇÃO ENTRE A MUCOSITE ORAL E ANÁLISES PROTEÔMICAS SALIVARES DE PACIENTES SUBMETIDOS AO TRANSPLANTE ALOGÊNICO DE CÉLULAS-TRONCO HEMATOPOIÉTICAS

MA Costa <sup>a</sup>, VTM Galves <sup>a</sup>, TC Reis <sup>a</sup>, MJ Pagliarone <sup>a</sup>, ACJ Vieira <sup>b</sup>, F Traina <sup>b</sup>, ABPL Stracieri <sup>b</sup>, LMAR Innocentini <sup>c</sup>, TCM Costa <sup>b</sup>, LD Macedo <sup>b</sup>

<sup>a</sup> Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

<sup>b</sup> Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (HCFMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

<sup>c</sup> Faculdade de Odontologia de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo (FORP-USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

**Introdução:** A mucosite oral (MO) é uma das principais complicações durante o transplante alogênico de células hematopoiéticas (alo-TCH). A proteômica tem sido utilizada como preditiva de risco e prognóstico para diferentes eventos fisiopatológicos, o seu estudo em saliva relacionado à MO ainda é incipiente. **Objetivo:** Avaliar a expressão de proteínas em saliva de pacientes submetidos ao alo-TCH relacionada à gravidade de MO. **Métodos:** Estudo longitudinal prospectivo com pacientes submetidos ao primeiro alo-TCH. A coleta de saliva foi realizada imediatamente antes do início condicionamento (T0) e a cada dois dias até a enxertia neutrofilica. A coleta do dia de pior grau de MO apresentada pelo paciente foi considerada como T1, para os pacientes que apresentaram MO grau 0 (escala OMS), foi utilizada a coleta entre os dias D +7 e D+10. Os pacientes foram divididos em dois grupos: I) sem MO (s-MO: grau 0); II) com MO grave (c-MO grave: graus 3 e 4). As amostras foram submetidas a análise proteômica por Espectrometria de Massas. **Resultados:** Foram incluídos 20 pacientes, média de idade do grupo s-MO foi de 27,6 anos ( $\pm$  9,64) e o grupo com c-MO grave de 26,5 anos ( $\pm$  11,41). A maioria dos pacientes foram do sexo masculino. Em T0, observou-se maior expressão de imunoglobulinas (IgG cadeia I região C: 0,252583;  $p = 0,000285$ ) e da proteína BPI (0,281982;  $p = 0,006514$ ) no grupo s-MO. Os pacientes c-MO grave apresentaram maior concentração de proteínas relacionadas ao estresse oxidativo e diferenciação de células epiteliais, como a aldeído desidrogenase (8,282509;  $p = 0,020668$ ) e a fosfoglicerato quinase (2,036123;  $p = 0,041985$ ), respectivamente. Em T1, as proteínas peptidil-prolil cis-trans isomerase A (0,175346;  $p = 0,00511$ ), proteína de ligação à fosfatidiletanolamina 1 (0,159093;  $p = 0,010852$ ) e a BPI (0,153385;  $p = 0,044646$ ) foram mais abundantes em paciente s-MO. O grupo c-MO grave apresentou maior expressão de fibrinogênio (21,88776;  $p = 0,00147$ ), haptoglobina (7,394552;  $p = 0,000304$ ) e alfa-2-macroglobulina (5,333237;  $p = 0,003314$ ).

Na análise de cluster, em T0 para os dois grupos houve a formação de dois clusters e em T1 não houve a formação de cluster específico. **Discussão:** Os pacientes que não desenvolveram MO apresentaram maior expressão de proteínas relacionadas à imunidade inata e adaptativa, enquanto os pacientes com MO grave tiveram maior expressão de proteínas relacionadas ao processo de desenvolvimento das células epiteliais. Em T1, os pacientes do grupo c-MO grave tiveram maior quantidade de proteínas relacionadas a imunidade inata e ação antibacteriana e o grupo s-MO grave teve maior quantidade de proteínas relacionadas a manutenção do epitélio. **Conclusão:** Este estudo inédito em alo-TCH identificou uma maior abundância de proteínas relacionadas à resposta imune no grupo s-MO e de proteínas associadas à atividade antimicrobiana e modulação da resposta inflamatória no grupo com c-MO grave. Esses achados sugerem alvos potenciais para avaliação de risco e/ou estratégias terapêuticas para MO no cenário alo-TCH.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2039>

#### IMPACTO DA PANDEMIA COVID-19 NO DIAGNÓSTICO E TRATAMENTO DE CÂNCER ORAL EM PACIENTES COM ANEMIA DE FANCONI

CF Sessenta-Junior, CC Torres-Pereira

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

A Anemia de Fanconi (AF) é uma doença genética autossômica recessiva rara, caracterizada por anomalias congênitas, falência medular progressiva e alta predisposição a neoplasias. Falhas no reparo do DNA levam à instabilidade cromossômica e maior suscetibilidade a agentes mutagênicos. Na AF, defeitos nos mecanismos de reparo do DNA causam a incorreta correção dos danos ao material genético, resultando na acumulação de erros e mutações celulares. Essas mutações podem ativar oncogenes ou desativar genes supressores de tumor, aumentando o risco de transformação maligna. O carcinoma espinocelular (CEC) é o tumor sólido mais prevalente, sendo a cavidade oral o local mais acometido devido à exposição a agentes mutagênicos e virais e à alta taxa de renovação celular. O acompanhamento médico e odontológico é crucial para a detecção precoce de lesões suspeitas e para o tratamento adequado em caso de câncer. A pandemia de COVID-19 agravou significativamente o acompanhamento desses pacientes. Muitos serviços e hospitais limitaram atendimentos eletivos e preventivos para focar no tratamento de pacientes infectados, além da problemática de recursos hospitalares limitados e equipes reduzidas. Clínicas, especialmente as odontológicas, também permaneceram fechadas por um período, dificultando o acesso a cuidados preventivos e acompanhamento. Ademais, pacientes adiaram ou evitaram consultas devido à dificuldade de locomoção para centros de referência e ao medo de contrair o vírus. Este trabalho discute o impacto da pandemia no tratamento e prognóstico de uma paciente com AF diagnosticada com CEC oral. A paciente, de 23 anos, submetida a transplante de células-