

receberam ITQ de 2ª geração (Dasatinibe, Nilotinibe, Bosutinibe) e 2% de 3ª geração (Ponatinibe). Na coorte americana, os principais ITQs utilizados foram de 2ª geração (61%), Imatinibe foi utilizado em 30% dos pacientes e ITQs de 3ª geração (Ponatinibe, Asciminibe) em 9% ($p < 0.0001$). A maioria apresentou ao menos resposta molecular maior (RMM) (82% vs. 73%, $p=0.24$). Os principais tipos de vacina aplicadas nos pacientes brasileiros foram AstraZeneca e CoronaVac no esquema inicial de duas doses (66.5% e 29%, respectivamente), enquanto Moderna e Pfizer-BioNTech foram aplicadas nos pacientes norte-americanos (64% e 33%). Cerca de 13% apresentaram COVID-19 antes da vacinação e 26% após. Não foram identificados casos graves de COVID-19. Preditores independentes de maiores taxas de soroconversão foram o tipo de vacina e a resposta ao tratamento da LMC. Maiores taxas de soroconversão foram observadas nos pacientes que receberam vacinas de RNAm (Moderna e Pfizer-BioNTech) e vacinas de vetor viral recombinante (AstraZeneca e Janssen) em comparação aos pacientes que receberam vacina de vírus inativado (CoronaVac) (HR: 2.20; 95%CI 1.07-4.51; $p < 0.031$). Pacientes com RMM ou mais profundas apresentaram taxas de soroconversão significativamente maiores em comparação aos pacientes sem RMM (HR: 1.51; 95% CI 1.01-3.31; $p < 0.0001$). **Discussão:** Pacientes que receberam vacinas de RNAm ou de vetor viral recombinante e com ao menos RMM apresentaram maiores taxas de soroconversão. Estudos prévios demonstraram que pacientes com LMC apresentaram taxas de soroconversão semelhante a população geral, principalmente após receberem vacina de RNAm. Existem poucos dados sobre resposta após receberem vacinas de vírus inativado ou de acordo com tipo de ITQ e fase da doença. Em estudo realizado no nosso centro, antes da vacinação a taxa de casos moderados/graves da COVID-19 em LMC foi de 10,7%, com mortalidade de 6,3%. **Conclusão:** Nossos dados demonstram que maiores taxas de soroconversão ocorreram em pacientes que receberam vacinas RNAm ou Vetor Viral. No entanto, todos os tipos de vacina foram eficazes na prevenção de casos graves de COVID-19 em pacientes com LMC.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.802>

IMPACTO DA VACINAÇÃO DA COVID-19 EM PACIENTES ONCO-HEMATOLÓGICOS

FCDS Simão, ABM Almeida, NVMM Oliveira, CMF Pinto, FA Fedozzi

Associação Brasileira de Linfoma e Leucemia (ABRALE), São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivos: O primeiro caso confirmado de coronavírus no Brasil ocorreu em fevereiro de 2020 e a vacinação se iniciou no país em janeiro de 2021 através de um plano de priorização de grupos no qual pessoas com comorbidades, incluindo pacientes oncológicos, foram priorizados. Mesmo que existam dados que comprovem a eficácia da vacinação, entender como se deu este processo para os pacientes onco-hematológicos é fundamental, além de identificar os ganhos, inseguranças e reações durante o processo. Este estudo tem como objetivo identificar as percepções dos pacientes onco-

hematológicos sobre o impacto da vacinação contra a Covid-19 em suas vidas e tratamento. **Material e métodos:** Estudo observacional e descritivo realizado por meio de aplicação de questionário, auto preenchido, através da plataforma Survey Monkey. O formulário foi aplicado, em fevereiro de 2023, em pacientes onco-hematológicos cadastrados no banco de dados da Associação Brasileira de Linfoma e Leucemia (ABRALE). Os critérios de exclusão foram pacientes com cadastro incompleto, pacientes que faleceram e registros duplicados. Foram realizadas análises descritivas e os resultados foram expressos em porcentagem. **Resultados:** Participaram da pesquisa 117 pacientes onco-hematológicos, dos quais 87% receberam orientação médica para se vacinar contra a Covid-19. Desses pacientes, todos se vacinaram contra a Covid-19 e alguns (39%) sentiram efeitos colaterais, sendo dor muscular (73%), febre (45%), calafrio (41%) e fadiga (39%) os mais comuns. Aqueles pacientes que não se vacinaram (3%), 67% alegam ter receios sobre a vacina e terem recebido orientação médica para não se vacinar e esperar o término do tratamento. A maioria (81%) dos pacientes apontaram que a cidade/estado em que residem incluiu os pacientes oncológicos no grupo prioritário para a vacinação, enquanto os demais (16%) não sabiam a respeito ou não foram incluídos (3%). Parte dos pacientes (33%) tiveram dúvidas sobre a vacina e as mais frequentes foram se deveriam se vacinar (49%), quais vacinas poderiam tomar (41%) e se os efeitos colaterais eram piores em pacientes oncológicos (41%). Na maioria das vezes (67%), os pacientes tiraram as dúvidas com o próprio médico, mas a internet (36%) também foi um canal importante de informação. **Discussão:** O estudo permitiu identificar as percepções dos pacientes onco-hematológicos durante o processo de vacinação contra a Covid-19. Os dados refletem que aqueles pacientes que receberam orientação médica, se vacinaram contra a Covid-19, porém os receios, a insegurança e a desinformação permearam a recusa de alguns pacientes. **Conclusão:** Os resultados apontam que a falta de informação, declarada pelos pacientes, causou impacto na vacinação contra a Covid-19 em pacientes onco-hematológicos. Além disso, a internet é um meio de informação importante e muito utilizado pelos pacientes para tirar as dúvidas. Desta forma, torna-se necessário investir cada vez mais em comunicação em saúde para transmitir efetivamente aos pacientes todas as informações necessárias.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.803>

LINFADENOPATIA PERSISTENTE APÓS VACINAÇÃO CONTRA COVID-19 SIMULANDO RECORRÊNCIA DE LINFOMA: RELATO DE CASO E REVISÃO DE LITERATURA

HGB Coelho^a, LC Correa^{a,b}

^a Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil

^b Universidade de Pernambuco (UPE), Recife, PE, Brasil

Introdução/Objetivo: Linfomas não Hodgkin (LNH) são cânceres hematológicos originados de tecidos linfoides,

especialmente linfonodos. Esses tumores podem ser resultado de mutações, toxinas, infecções ou inflamação crônica. Atingem indivíduos com idade média de 67 anos, e incidência aproximada de 20/100.000 habitantes/ano. Em 2019, a pandemia por Coronavírus 2 ou coronavírus disease 19 (COVID-19) resultou na morte de mais de 6 milhões de pessoas em todo o mundo e impactou o cuidado de pacientes específicos, incluindo os imunossuprimidos, como os com LNH, que tem maior susceptibilidade a piores desfechos, quando acometidos pela COVID-19. Os aprendizados com a pandemia foram inúmeros e a vacinação, também trouxe novos desafios como a linfadenopatia persistente, que pode simular quadros de linfoma, inclusive com PET / CT positivo. Esse estudo visa relatar um caso de linfadenopatia persistente após a vacinação, simulando recidiva de LNH e revisar esta literatura. **Métodos:** Relato de caso, feita a partir da revisão de prontuário médico e com a permissão escrita do paciente. Revisão da literatura por busca não sistematizada nas plataformas PubMed e Scielo. **Resultados:** V.B, masculino, 24 anos, LNH difuso de grandes células B diagnosticado em agosto de 2016. Tratado com 6 ciclos de R-CHOP. Em remissão desde a última quimioterapia há 7 anos. Retornou para consulta de seguimento em junho/2021, com linfonodomegalia jugular posterior de 3 cm, tensa e indolor que surgiu 3 semanas antes, sem outros achados. Realizou novo PET/CT (julho 2021) e biópsia excisional do linfonodo (agosto de 2021). O PET/CT evidenciou linfonodomegalias cervicais nos níveis I, II, III e IV bilaterais e V à direita, com aumento de captação de FDG, Lugano 5. No entanto, o anatomopatológico e imuno-histoquímica do linfonodo evidenciaram hiperplasia linfóide reativa. Foi feita uma revisão de ambos os estudos que também resultou negativa para neoplasia. O paciente foi reavaliado em dezembro/2021, realizou novos PET/CT e biópsia, tendo achados semelhantes. O paciente recebeu 4 doses de vacina contra COVID-19: Coronavac (fevereiro e março/2021); Pfizer (dezembro/2021 e abril/2023). As sorologias para EBV e HIV eram negativas. Este paciente mantém acompanhamento e persiste com linfonodomegalia cervical, sem outros sintomas. **Discussão:** A linfadenopatia associada a infecção por COVID-19 com achados de hipercaptção ao PET/CT e linfadenopatia em cadeia mediastinal têm sido relatados. Porém, é mais comum após a vacinação. Ocorrem após a vacina de RNA mensageiro (14%) e vírus inativado (6,9%), especialmente após o reforço. Desses casos, o linfonodo hipercaptante costuma ser localizado em cadeia axilar, ipsilateral à aplicação, com resolução após cerca de 6 semanas. Existem poucos relatos de linfadenopatia cervical na literatura. Nesse caso, temos linfadenopatia persistente, em cadeia cervical posterior bilateral, com aumento de metabolismo ao PET/CT, simulando a recorrência de LNH, o que foi afastado por biópsia e imuno-histoquímica em duas ocasiões. **Conclusão:** Linfadenopatia persistente relativa à vacinação em pacientes com história de neoplasias hematológicas em remissão é um possível fator de confusão no seguimento desses pacientes.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.804>

SÍNDROMES MIELODISPLÁSICAS

TRANSCRIPTOMIC PUZZLE IN MYELODYSPLASTIC NEOPLASMS: UNRAVELING THE DISCORDANCE BETWEEN CD34+ STEM CELLS AND PRIMARY BONE MARROW CELLS

HLR Junior^a, PG Gonçalves^b, DA Moreno^c, JVC Goes^a, RTG Oliveira^a, CV Montefusco-Pereira^a, MA Viana^a, TT Komoto^c, SMM Magalhães^a, RF Pinheiro^a

^a Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, Brazil

^b Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Botucatu, Brazil

^c Hospital de Câncer de Barretos, Barretos, Brazil

Introduction: Differentially expressed genes (DEGs) biomarkers have the potential to aid in the diagnosis and monitoring of diseases, as well as determining the most effective treatments. However, due to the complex nature of Myelodysplastic neoplasm (MDS), it is challenging to assess the impact and variations of DEGs between CD34+ HSC (hematopoietic stem cells) and primary bone marrow cells (PBMC) in MDS pathogenesis. Consequently, this aspect remains largely unknown. **Objective:** The aim was to investigate the divergences in differential gene expression patterns between these two cell types as potential pathogenic biomarkers for MDS. **Materials and Methods:** To understand the transcriptome differential expression in MDS pathogenesis, we employed two groups: first, four datasets (GSE18366, GSE19429, GSE30195 and GSE58831) from CD34+ HSC samples were obtained to analyze expression profiles of 392 MDS patients and 44 healthy individuals; second, four other datasets (GSE41130, GSE97064, GSE107400 and GSE114869) from PBMC samples were obtained to analyze expression profiles of 700 MDS patients and 47 healthy individuals. All databases were based on Affymetrix GeneChip Human Transcriptome Array. We employed bioinformatic analysis of microarray to investigate significant abnormal differentially expressed genes (DEGs) in MDS and health individuals on every microarray dataset for both types of samples based on Transcriptome Analysis Console (TAC) Software algorithm. Heatmaps, Volcano and Scatter plots were performed in TAC software based in R algorithm. Gene Ontology (GO) enrichment and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathways analysis were conducted to clarify the functional roles of DEGs. Enriched functional categories of gene-ontology associations were performed using the R software and the Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID) database. **Results:** Our analysis initially revealed a disparity of 7117 expressed transcripts between PBMC (n = 40,165) and CD34+ HSC (n = 33,048). Furthermore, we identified 240 DEGs in CD34+ HSC samples and 2948 DEGs in PBMC samples. Among them, it was notable that there is no common pattern of gene expression between upregulated or downregulated transcripts in both samples. In this study, we conducted GO enrichment and KEGG pathway analyses to investigate the