

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