

were included (2,271 with PTCy and 2,479 with ATG). The median age was 61 years (range: 18-81), and 44% were female. AML was the most common diagnosis (54%), followed by MDS (30%) and ALL (16%). 45% received a myeloablative conditioning regimen, and peripheral blood was the preferred graft source (90%). Except for HLA matching (HLA 7/8 in 26% of the PTCy group and 9% in the ATG group) and the year of transplant (PTCy was more common in later years), all variables were well-balanced. 2y-RFS was 49% for PTCy and 43% for ATG ($p=0.001$). 2y-mod/sev cGVHD was 12% for PTCy and 23% for ATG ($p < 0.001$). RFS improved with PTCy (HR=0.83, 95%CI 0.76-0.91, $p<0.001$) as well as mod/sev cGVHD (HR=0.45, 95%CI 0.38-0.53, $p < 0.001$), compared to ATG. OS also improved (HR=0.77, 95%CI 0.70-0.85, $p < 0.001$), mainly because of lower NRM (HR=0.66, 95%CI 0.58-0.76, $p < 0.001$). There was no effect on relapse (HR=0.95, 95%CI 0.85-1.07, $p=0.44$). Grades II-IV (HR=0.60, 95%CI 0.54-0.67, $p < 0.001$) and III-IV aGVHD (HR=0.44, 95%CI 0.36-0.55, $p < 0.001$) were also less common with PTCy compared to ATG. The same results held when (1) HLA 7/8 mismatched HCT were excluded or (2) when analyses were stratified by transplant year. **Discussion and conclusion:** Within this large and contemporary CIBTMR database, outcomes with PTCy-based GVHD prophylaxis were better than ATG in every studied aspect except relapse, leading to higher RFS and OS and improved GVHD control. Although registry-based, the groups were well-balanced, and the large patient cohort (nearly 5,000 individuals) enabled us to develop a Cox model that controlled for all possible confounding factors, minimizing bias. Our findings suggest that PTCy should be preferred over ATG in unrelated donor transplantation.

References: Shaffer et al, DOI: 10.1200/JCO.24.00184

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105540>

ID - 1969

POSTTRANSPLANT CYCLOPHOSPHAMIDE-BASED HAPLOIDENTICAL TRANSPLANTATION, WITH MMF 30 MG/KG, COMPARED WITH UNRELATED DONOR TRANSPLANTATION WITH ATG 6 MG/KG, WITH BONE MARROW OR PERIPHERAL BLOOD STEM CELL GRAFTS

LJ Arcuri^a, SPC Maradei^b, SP Lermontov^b, D Lerner^b, CO Ribeiro^b

^a Hospital Israelita Albert Einstein, São Paulo, SP, Brazil

^b Instituto Nacional de Cancer, RJ, RJ, Brazil

Introduction: Several adaptations have been reported since the introduction of posttransplant cyclophosphamide (PTCy)-based haploidentical (Haplo) hematopoietic cell transplantation (HCT) using a non-myeloablative platform and a bone marrow (BM) graft source. Reduced doses of mycophenolate mofetil (MMF) have been successfully tested, as well as combinations with earlier administration of immunosuppression, postponing the second PTCy dose to D+5, and using

peripheral blood grafts (PBSC). **Aim:** This study aims to compare the outcomes of PTCy-based haploidentical transplantation with MMF at 30 mg/kg to a concurrent cohort of unrelated donors (URD) who received ATG-based GVHD prophylaxis at 6 mg/kg prior to transplantation, using either BM or PBSC grafts. **Material and methods:** This single-center observational study included patients with hematological malignancies who underwent Haplo or URD HCT between November 16, 2016, and December 31, 2024. Univariable analyses were performed using Kaplan-Meier and cumulative incidence methods. Multivariable analyses were conducted with Cox models, with the URD-BM group serving as the reference category unless otherwise specified. The local ethics committee approved this study, which was registered at ClinicalTrials.gov under NCT02759822. **Results:** We included 174 patients, with a median follow-up of 32 months. Patients receiving BM were younger (median age: 15 vs. 34 years), and they were more likely to receive a myeloablative (MAC) regimen (92% vs. 75%, compared to PBSC); the frequency of a MAC regimen was also higher with URD (94% vs. 74%, compared with Haplo). 18% of the URD were HLA 7/8 mismatched, while the others were 8/8 matched. Other patient characteristics were well-balanced. Two-year overall survival (OS) for Haplo-PBSC was 47%, which was not significantly lower than that for URD-BM (70%), URD-PBSC (61%), and Haplo-BM (64%, $p=0.18$). In multivariable analysis, Haplo-PBSC was linked to a higher risk of death (HR=2.28, $p=0.03$) compared to URD-BM, mainly due to higher non-relapse mortality (HR=2.67, $p=0.02$). The relapse rate was similar across the groups. PBSC grafts, whether with URD (HR=1.95, $p=0.04$) or Haplo (HR=3.13, $p < 0.01$) donor, significantly increased grades II-IV aGVHD, while only the latter was non-significantly associated with grades III-IV aGVHD (HR=2.39, $p=0.09$). The only protective factor against cGVHD, across all grades and moderate to severe cases, was the combination of URD and BM (HR=0.54, $p=0.03$; and HR=0.43, $p=0.02$, respectively), compared with Haplo with BM or PBSC or URD with PBSC. **Discussion and conclusion:** Our results show that OS is lower with a Haplo-PBSC transplant compared to a URD or Haplo-BM transplant due to higher non-relapse mortality. PBSC increases all severe forms of aGVHD, and the rate of moderate or severe cGVHD is higher with Haplo with BM or PBSC or URD with PBSC, compared to URD with BM. More effective cGVHD prophylaxis for PBSC grafts is needed. In summary, we have demonstrated that MMF 30 mg/kg may reduce survival when combined with Haplo-PBSC. However, it seems to be safe for Haplo-BM despite higher rates of cGVHD compared with URD-BM.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105541>

ID - 2378

PREVALÊNCIA DAS MUTAÇÕES QUE POSSAM CONFERIR RESISTÊNCIA AOS MEDICAMENTOS UTILIZADOS NO TRATAMENTO DO CITOMEGALOVÍRUS

PRE Gomes^a, SF Costa^b, EC Sabino^{c,d}, CS Alencar^e

^a Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil

^b Departamento de Infectologia e Medicina Tropical, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

^c Instituto de Medicina Tropical, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

^d Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

^e LIM 03 Laboratório de Medicina Laboratorial, Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (HCFMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A infecção por citomegalovírus (CMV) é uma das principais complicações infecciosas em pacientes submetidos a transplantes de órgãos sólidos e de células-tronco hematopoiéticas. Sua capacidade de latência e reativação associada à imunossupressão, facilita a propagação viral após o transplante. O CMV pode causar desde infecções assintomáticas até doenças invasivas graves, como pneumonite, colite, retinite, úlceras e perda do enxerto, comprometendo a sobrevivência do paciente e a função do órgão. A detecção de mutações associadas à resistência antiviral é essencial, pois essas alterações podem tornar a infecção refratária ao tratamento, agravando o quadro clínico e impactando negativamente a qualidade de vida dos pacientes. Diante disso, conhecer mutações do vírus circulante em nossa realidade não é apenas uma necessidade, é uma corrida contra o tempo para evitar falhas terapêuticas em pacientes que já enfrentam o limite entre risco e recuperação. **Objetivos:** O objetivo é analisar e identificar possíveis mutações das regiões UL56 e UL54 que possam conferir resistência aos antivirais utilizados no tratamento do CMV. **Material e métodos:** Serão avaliadas 47 amostras de pacientes com carga viral para o citomegalovírus (CMV), com idades entre 19 e 70 anos, submetidos a transplante de fígado ou de medula óssea no Hospital das Clínicas da FMUSP. A técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR), foi utilizada para amplificar regiões alvo dos genes UL54 e UL56 do genoma viral. Foram utilizados primers específicos e validados, sob condições otimizadas de amplificação, assegurando a especificidade e reprodutibilidade dos resultados. Os produtos amplificados foram analisados por eletroforese e posteriormente submetidos ao sequenciamento pelo método de Sanger para a identificação de mutações associadas à resistência antiviral do CMV. **Resultados:** Das 47 amostras provenientes de pacientes transplantados, foi possível obter amplificação positiva da região UL56 em 16 amostras (34%) e da região UL54 em 7 amostras (14,9%), por meio de reação em cadeia da polimerase (PCR). As amostras amplificadas serão posteriormente submetidas ao sequenciamento de Sanger, com o objetivo de verificar possíveis mutações. Esses dados preliminares demonstram a viabilidade da amplificação de regiões-alvo do CMV em amostras clínicas de receptores de transplante, representando um passo essencial para análises genotípicas subsequentes. Até o momento, algumas dessas amostras já foram sequenciadas, e não foram identificadas mutações associadas à resistência aos

antivirais. **Discussão e conclusão:** A detecção e monitoramento do citomegalovírus (CMV) em pacientes transplantados representam um desafio clínico importante, especialmente diante do risco de resistência antiviral. A identificação de mutações em regiões específicas do genoma viral, como UL54 e UL56, está diretamente associada à falha terapêutica e à necessidade de ajustes no tratamento. A escolha dessas regiões foi baseada em sua relevância descrita na literatura, por estarem associadas aos principais mecanismos de resistência aos antivirais atualmente utilizados, como o ganciclovir, foscarnet e o letermovir. Os dados obtidos, embora preliminares, reforçam a importância da triagem molecular em tempo oportuno, especialmente em contextos de carga viral persistente ou falha terapêutica. A possibilidade de identificar mutações com relevância clínica permanece em aberto, alimentando a expectativa por achados que possam influenciar diretamente o paciente.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105542>

ID - 2381

PROCESSAMENTO E CRIOPRESERVAÇÃO DE LEUCÓCITOS DO DOADOR PARA UTILIZAÇÃO APÓS TRANSPLANTE DE CÉLULAS-TRONCO HEMATOPOIÉTICAS

ACL Alves, AS Ramos, MRA Gomes, EH Goto, DVB Cruz, KCA Sasaki, E Delbuono, AVL Sousa, ACR Correa, ACRD Bronzoni, EA Viana, LL Quintino, LS Domingues, MGMA Dias, RM Amaral, RV Gouveia, VC Ginani, ASS Ibanez, CMM Parrode, CM Lustosa, OMWO Félix, A Seber

Grupo de Apoio ao Adolescente e a Criança com Câncer, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A infusão de leucócitos do doador (DLI) pode ser utilizada na profilaxia e terapia de recidiva de doença maligna após o transplante de células-tronco hematopoiéticas (TCTH) ou ainda na prevenção de rejeição das células do doador nos TCTH realizados para doenças não malignas. Doses crescentes de DLI são habitualmente iniciadas quando é documentado quimerismo misto, com escalonamento das próximas doses nas doenças malignas. Há protocolos que utilizam DLI proveniente do sangue periférico, leucoaférese ou medula óssea e a infusão pode ser do produto a fresco ou previamente criopreservado. A utilização da DLI é limitada pelo risco de doença do enxerto contra o hospedeiro (GVHD). **Objetivos:** Relatar a experiência de um centro de processamento celular de um hospital pediátrico no processamento e criopreservação dos linfócitos provenientes do sangue periférico, leucoaférese ou medula óssea de doadores aparentados e não aparentados. **Material e métodos:** A escolha da fonte de DLI foi avaliada conforme a idade, disponibilidade do doador ou fonte disponível. Para os doadores aparentados utilizamos o sangue periférico como primeira escolha, porém para doadores pequenos, com dificuldades para comparecimento ao serviço ou doadores não aparentados, utilizamos