

garantir segurança ao paciente. O suporte transfusional adequado, com base em critérios clínicos e laboratoriais, minimiza riscos imunológicos e hemodinâmicos. Conclui-se que a integração entre equipe multidisciplinar, uso de tecnologia e protocolos atualizados eleva a qualidade da assistência, e sugere-se a ampliação de estudos multicêntricos para padronização nacional de boas práticas na terapia celular.

Referências:

Appelbaum, F. R. (2007). Hematopoietic-cell transplantation at 50. *New England Journal of Medicine*, 357(15), 1472-1475.

Costa, L. C., et al. (2020). Multidisciplinary approach in hematopoietic stem cell transplantation: Nursing role. *Revista Brasileira de Enfermagem*, 73(3), e20180455.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105558>

ID - 2449

SEPARAÇÃO POR FICOLL HYPAQUE DAS FRAÇÕES LINFOMONONUCLEAR E GRANULOCÍTICA PARA ANÁLISE DO QUIMERISMO NAS DIFERENTES POPULAÇÕES CELULARES

AS Gomes, ACL Alves, MRA Gomes, JTG Lima, FT Gamb, VAR Rozato, ASS Ibanez, CMM Parrode, CM Lustosa, ACR Correa, ACRD Bronzoni, EA Viana, LL Quintino, LS Domingos, MGAD Matos, RM Amaral, RG Vasconcelos, VC Ginani, OMWO Félix, SRC Toledo, A Seber

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

Introdução: No transplante de células-tronco hematopoiéticas alogênico, o quimerismo completo, ou seja, a presença de células sanguíneas apenas do doador, pode evitar rejeição do enxerto e recidiva da doença de base. Células residuais do paciente e células do doador são quantificadas no sangue periférico ou na medula óssea de maneira seriada pela análise de repetições curtas em tandem (STR), pequenas repetições em tandem dispersas no genoma humano, com grande variabilidade entre os indivíduos. A presença de quimerismo misto em granulócitos ou linfócitos, dependendo da doença de base do paciente, pode guiar a terapia com aumento ou redução da imunossupressão e até mesmo indicar a infusão de linfócitos do doador para evitar a rejeição e recidiva da doença. Devido ao alto custo dos métodos de separação imunológicos (colunas biotina/avidina) ou baseados em citometria de fluxo (sorting) e a ampla disponibilidade da separação por ficoll-hypaque no serviço, esta metodologia foi implantada no serviço na monitorização de doenças não malignas após o transplante. **Objetivos:** Relatar nossa experiência no monitoramento do quimerismo em amostras de DNA extraídas das células linfomononucleares e granulócitos de pacientes submetidos ao transplante alogênico. **Material e métodos:** Foi utilizada amostra de sangue periférico coletada em edta e diluída na proporção 1:1 em solução fisiológica. O produto foi

adicionado cuidadosamente acima da camada de solução de ficoll em um tubo de polietileno com capacidade para 15ml e levado a uma centrifugação baixa (1600 rpm ou 400 g) por 30 minutos. Durante a centrifugação ocorre uma migração diferencial resultando na formação de camadas de células linfomononucleares e granulócitos bem diferenciadas. Com o auxílio de uma pipeta graduada de 2 ml, a camada linfocitária foi transferida para um tubo e granulócitos para outro tubo. As células foram ressuspensas em solução fisiológica e realizada duas centrifugações a 3000rpm, por 10 minutos, à temperatura ambiente, com freio para lavagem do sobrenadante. O STR foi realizado através da amplificação simultânea de 24 locos STR por PCR (reação em cadeia da polimerase) e eletroforese capilar, utilizando o kit GlobalFiler®PCR, um painel multiplex de 24 locos STR, sendo 21 autossômicos e 3 loci dos cromossomos sexuais. A eletroforese capilar foi realizada no Genetic Analyzer 3500® e os dados foram analisados qualitativa e quantitativamente no software GeneMapperIDX1.4®. **Resultados:** No período de dezembro de 2021 a junho de 2025 realizamos o total de 80 separações da fração linfomononuclear e granulocítica de amostras de sangue periférico de 28 pacientes. A mediana de idade foi de 8 anos (1–23), 61% do sexo masculino. Os pacientes coletaram uma mediana de duas amostras em momentos distintos, variando de uma a sete coletas. Foram detectados 15 quimerismos completo, 18 mistos apenas na linhagem linfomononuclear, 45 mistos na linhagem granulocítica. Somente 3 amostras tiveram resultados inconclusivos, 1 na linhagem linfomononuclear e 2, granulocítica. A quantidade de células linfomononuclear pós ficoll enviadas para o STR foi de $4 \times 10^6/\text{mL}$ (0,6-13) e granulocítica $3 \times 10^6/(0,5-9)$. **Discussão e conclusão:** A separação de células por gradiente de densidade por ficoll hypaque para avaliar quimerismo é factível e excelente estratégia para determinar a necessidade de exames complementares mais específicos.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105559>

ID - 232

SHORT-CHAIN FATTY ACID-PRODUCING GUT MICROBIOTA: DYNAMICS AND IMPACT ON INTESTINAL PERMEABILITY AND CLINICAL OUTCOMES DURING ALLOGENEIC HEMATOPOIETIC STEM CELL TRANSPLANTATION

A Soares Ferreira Junior^a, D Amanda Niz Alvarez^a, L Da Silva Souza^a, L Dias Machado^a, N Linares Silva^a, J Victor Piccolo Feliciano^b, I Colturato^c, G Maurício Navarro Barros^d, P Scheinberg^e, G Lelis Vilela De Oliveira^a

^a Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (Unesp), Botucatu, SP, Brazil

^b Fundação Faculdade Regional de Medicina de São José do Rio Preto (Funfarmed), São José do Rio Preto, SP, Brazil

^c Hospital Amaral Carvalho, Jaú, SP, Brazil

^d Hospital de Câncer de Barretos, Barretos, SP, Brazil

^e A Beneficência Portuguesa de São Paulo, São Paulo, SP, Brazil

Introduction: Short-chain fatty acids (SCFA)-producing bacteria may modulate intestinal permeability and impact clinical outcomes in patients undergoing allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Throughout the allo-HSCT process, international studies consistently demonstrate profound depletion of SCFA-producing microbiota. This depletion serves as an important prognostic factor and has been associated with decreased overall survival and higher Graft-versus-Host disease (GvHD) incidence and severity. Nevertheless, the dynamics of SCFA-producing microorganisms and their clinical impact in Brazilian patients remain poorly characterized. **Aim:** This study aimed to evaluate the dynamics of three SCFA-producing bacteria and determine their impact on intestinal permeability and clinical outcomes in Brazilian allo-HSCT patients. **Material and methods:** This multicenter, prospective study, approved by the Research Ethics Committee, included patients > 12 years old undergoing allo-HSCT with fecal and blood specimens collected at baseline and D+30. Fecal DNA was extracted, and 16S sequencing was performed by using the Illumina platform. Intestinal permeability was evaluated using zonulin levels measured by ELISA. The relative abundance of three SCFA-producing bacterial genera (Roseburia, Faecalibacterium, and Blautia) was determined. Patients were stratified based on changes (Δ) in zonulin levels and bacterial genera relative abundance (D+30 – baseline). Cox regression analysis was used to evaluate associations between Δ relative abundance and mortality, cumulative incidence of GvHD and severe GvHD. Correlations between Δ zonulin and Δ relative abundance were analyzed using Spearman's rank correlation. **Results:** Stool samples were obtained from 25 patients at both time points (baseline and D+30), with concurrent blood samples available in 20 cases (80%). Over time, there was an overall decrease in the relative abundance of all three bacterial genera: Roseburia (0.85 ± 1.44 vs. 0.18 ± 0.35), Blautia (0.38 ± 0.39 vs. 0.22 ± 0.38) and Faecalibacterium (2.00 ± 2.64 vs. 1.14 ± 3.16). Similarly, there was a decrease in zonulin levels during allo-HSCT (51.98 ± 21.64 vs. 50.75 ± 22.85). Δ Blautia, Δ Faecalibacterium, and Δ Roseburia were not significantly associated with mortality ($p=0.2$, $p=0.062$, $p=0.5$), GvHD ($p=0.8$, $p=0.3$, $p>0.9$), or severe GvHD ($p=0.5$, $p=0.4$, $p=0.6$), respectively. Δ zonulin correlated weakly with Δ Blautia ($r=-0.19$), Δ Faecalibacterium ($r=0.12$), and Δ Roseburia ($r=-0.29$). **Discussion and conclusion:** Despite profound depletion of Blautia, Roseburia, and Faecalibacterium over the first 30 days of the allo-HSCT, none of these SCFA-producing genera showed significant associations with clinical outcomes. Additionally, zonulin levels remained relatively stable over time and correlated weakly with Δ bacterial changes. Although these findings suggest that other SCFA-producing bacterial genera may be more important in modulating intestinal permeability and outcomes in Brazilian patients, future, larger, multicenter studies are needed to validate these findings. **Financial support:** FAPESP 2023/08142-0; 2022/12989-6

ID - 3205

SINTOMAS RELACIONADOS AO HERPES VÍRUS EM 7 PACIENTES PÓS-TRANSPLANTADOS DE MEDULA ÓSSEA NA PEDIATRIA

ME Shiroma ^a, VADN Varjão ^a, EA Viana ^a, CMMSDS Parrode ^a, OM Felix ^a, NG Rissardi ^a, ACR Correa ^a, CM Lustosa ^a, ADSS Ibanez ^a, RM Amaral ^a, F Carlesse ^a, MG Matos ^a, RV Gouveia ^a, VC Ginani ^a, LDS Domingues ^a, LL Quintino ^a, YBD Mattos ^a, FDO Mota ^a, MS Kunii ^a, LCD Castro ^a, MDLAD Salas ^a, AF Martins ^a, ACR Donatelli ^a, F Perruccio ^a, ACM Lima ^b, GF Rampim ^b, IH Noronha ^b, TB Mourão ^b, A Seber ^a

^a GRAACC, São Paulo, SP, Brasil

^b IGEN, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A família do herpesvírus humano (HHV) inclui o vírus herpes simplex (HSV-1 e -2), o vírus varicela-zóster (HHV-3), o vírus Epstein-Barr (EBV, HHV-4), o citomegalovírus (CMV, HHV-5), o vírus linfotrópicos (HHV-6 e -7) e o vírus do sarcoma de Kaposi (HHV-8). Esses grandes vírus de DNA têm a característica de formação de infecção latente. A infecção latente serve como reservatório para a ativação periódica do vírus. Trata-se de um vírus comum que infecta crianças precocemente e apresenta latência celular vitalícia, sendo facilmente reativado em imunodeficientes. Assim como o HHV-6, causa infecção primária na maioria dos indivíduos durante a infância. No entanto, a infecção clinicamente sintomática pelo HHV-7 parece ser significativamente menos comum e ocorre mais tarde do que pelo HHV-6. O principal mecanismo de transmissão é pelo contato com a saliva de indivíduos infectados. **Objetivos:** Demonstrar a sintomatologia associada à infecção pelo HHV-7 em pacientes imunossuprimidos pós transplante de células-tronco hematopoiéticas. **Material e métodos:** Foram incluídos no presente estudo, crianças entre 1 e 19 anos de idade ao transplante de células-tronco hematopoiéticas, que reativaram o vírus 7 da família do herpes entre janeiro de 2023 e abril de 2025, com um total de 19 pacientes. Inicialmente, foram levantados os dados laboratoriais dos pacientes com resultado positivos para reativação do HHV-7 entre o período de janeiro de 2023 a abril de 2025. Após, levantados dados dos prontuários quanto aos locais de identificação da reativação do respectivo vírus, sendo avaliada a presença ou não de sintomas associados à época da reativação e ao uso ou não de imunossuppressores durante a reativação do HHV-7. **Resultados:** De um total de 19 pacientes com reativação do HHV-7 documentada, 9 eram do sexo feminino e 10 do masculino. Deste total de pacientes, 3 realizaram transplante aparentado, 9 haploidentico e 7 não aparentados. Todos receberam imunossupressão com ao menos 2 imunossuppressores após a infusão de células-tronco, sendo que 14 recebiam ainda, imunossupressão, à época da reativação pelo vírus HHV-7. Destes, 8 recebiam imunossupressão com Ciclosporina, 1 com Micofenolato, 6 com corticoide, 5 com outros imunossuppressores como Sirolimus, Ruxolitinibe, entre outros e, 7 realizavam terapia imunossupressora combinada. 8 pacientes