

atividades e incertezas quanto ao prognóstico. Em resposta a esses aspectos, os cuidados paliativos visam melhorar a qualidade de vida do paciente e de seus familiares, abordando sintomas físicos, emocionais, sociais e espirituais. A incorporação precoce de cuidados paliativos no manejo da LMA resulta em um melhor controle dos sintomas, ajuda na adaptação à doença e promove uma melhoria geral na qualidade de vida dos pacientes. **Discussão:** Os cuidados paliativos envolvem uma equipe multiprofissional especializada que auxilia o paciente a lidar com as mudanças provocadas pela LMA, encarando a vida e a morte como parte natural do processo. A integração precoce de abordagens paliativas, mesmo durante a fase ativa do tratamento curativo, tem demonstrado benefícios significativos, incluindo melhorias na experiência do paciente em comparação com aqueles que não recebem esse suporte. A aplicação antecipada de cuidados paliativos em pacientes hospitalizados para transplante de células-tronco resulta em uma redução dos sintomas, além de melhorias na qualidade de vida e no bem-estar emocional. No entanto, pacientes com LMA utilizam serviços de cuidados paliativos com menos frequência do que aqueles com tumores sólidos, mesmo enfrentando sintomas igualmente graves. Isso sugere uma necessidade de maior conscientização e implementação de estratégias para promover o acesso equitativo aos cuidados paliativos. **Conclusão:** Assim, a incorporação precoce de cuidados paliativos no manejo da LMA não apenas melhora a qualidade de vida dos pacientes, mas também contribui para um tratamento mais humano. A evidência sugere que essa abordagem não só alivia sintomas físicos e emocionais, mas também facilita uma melhor adaptação do paciente à doença, promovendo decisões informadas e alinhadas com seus valores e desejos individuais. Portanto, é essencial promover políticas e práticas que garantam o acesso equitativo aos cuidados paliativos, assegurando que todos os pacientes com LMA recebam o suporte necessário.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.569>

UTILIZAÇÃO DE PAINEL NGS NO DIAGNÓSTICO DE NEOPLASIAS MIELOIDES

MHA Campos, AWA Almeida, MK Lima, JG Assumpção

Geneticenter – Centro de Genética Ltda., Nova Lima, MG, Brasil

Objetivos: Avaliar o perfil dos pacientes e os resultados de Painéis NGS Mieloide coletados em um laboratório privado de MG, Brasil. **Material e métodos:** Extração de DNA de sangue total ou medula óssea, amplificação das regiões de interesse, preparo de biblioteca e Sequenciamento de Nova Geração (NGS). Os resultados foram analisados com software da Sophia DDM (Sophia Genetics) ou Genexus™ Software. Para pesquisa de mutações pontuais/indels, foi avaliada a região codificante de 17 genes: ASXL1, BCOR, CALR, CEBPA, ETV6, EZH2, IKZF1, NF1, PHF6, PRPF8, RB1, RUNX1, SH2B3, STAG2, TET2, TP53 e ZRSR2; além de hotspots de 23 genes: ABL1, BRAF, CBL, CSF3R, DNMT3A, FLT3, GATA2, HRAS, IDH1, IDH2,

JAK2, KIT, KRAS, MPL, MYD88, NPM1, NRAS, PTPN11, SETBP1, SF3B1, SRSF2, U2AF1 e WT1. A fração alélica mínima foi de 5%. **Resultados:** Foram realizados 98 testes de Painel NGS Mieloide entre fevereiro de 2022 e maio de 2024. Dentre 94 pacientes que fizeram o teste uma única vez, a mediana de idade foi de 60 anos. Quarenta e nove pacientes eram do sexo feminino e 45 do sexo masculino. Sessenta e cinco análises foram feitas em medula óssea (69,2%) e vinte e nove em sangue periférico (30,8%). As hipóteses diagnósticas mais comuns foram: LMA de novo ou SMD (67,0%), LMA/SMD secundária (9,6%), LMA Recidiva (9,6%). Outros achados menos comuns foram: Plaquetopenia, Anemia, Leucemia Mielomonocítica Crônica, Neoplasia Mieloproliferativa BCR:: ABL negativa, Mieloma múltiplo, Citopenia clonal de significado incerto. De acordo com a suspeita clínica marcada no questionário, observou-se que para LMA de novo (n = 32), as mutações nos genes que têm impacto na classificação e/ou uso de drogas alvo tiveram as seguintes frequências: CEBPa (12,5%), NPM1 (6,3%), TP53 (6,3%), ASXL1 (25,0%), BCOR (3,1%), EZH2 (18,8%), RUNX1 (21,9%), SF3B1 (0,0%), SRSF2 (9,4%), STAG2 (3,1%), U2AF1 (6,3%), ZRSR2 (6,3%), FLT3 (31,3%), IDH1 (9,4%), IDH2 (15,6%) e KIT (3,1%). Para SMD (n = 27), as frequências foram: TP53 (11,1%), ASXL1 (11,1%), BCOR (0,0%), EZH2 (7,14%), RUNX1 (7,4%), SF3B1 (22,2%), SRSF2 (11,1%), STAG2 (0,0%), U2AF1 (3,7%), ZRSR2 (3,7%). Foi observado que alguns genes estavam mutados somente nas suspeitas de LMA (CEBPa, FLT3, IDH2, WT1) e o gene SF3B1 somente na hipótese de SMD. Mutações DTA (DNMT3, TET2 e ASXL1) estavam presentes em 31,3% das LMA (sendo ASXL1 o mais mutado) e em 37% das SMD (sendo o DNMT3A o mais mutado). Mutações em TP53 foram encontradas em 12 pacientes dentre o total (12,8%), com hipóteses clínicas variadas. **Discussão:** O perfil mutacional foi diferente entre os pacientes com suspeita de LMA e os de SMD. Na LMA, observou-se maior frequência de CEBPa, NPM1, ASXL, EZH2, RUNX1, FLT3 ITD e/ou TKD, IDH2 e WT1 mutados, enquanto na SMD houve maior frequência de TP53 (embora não bialélica) e SF3B1 (sendo este último exclusivo da SMD). Em relação à literatura, as altas frequências de mutações FLT3 e ASXL1 para LMA foram de acordo com o esperado, no entanto observamos baixa frequência de TET2 e NPM1. Para SMD, também ocorreu baixa frequência de mutações TET2. **Conclusão:** Nossos achados corroboram com a necessidade de realização de Painel NGS Mieloide para definição de conduta terapêutica dos pacientes com neoplasias mieloides. Em uma série de casos, o perfil genético funcionou como diferencial no diagnóstico.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.570>

MICRORNA EXPRESSION PROFILING OF BONE MARROW AND PERIPHERAL BLOOD SAMPLES IN CHILDREN WITH B-CELL ACUTE LYMPHOBLASTIC LEUKEMIA: MIRNAS AS POTENTIAL BIOMARKERS

TS Liz, MP Rode, J Cisolotto, AH Silva, MM Vernaschi, TB Creczynski-Pasa

Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil

Objectives: Acute lymphoblastic leukemia (ALL) is a heterogeneous disease characterized by altered clonal proliferation of lymphoid progenitor cells and their accumulation in the bone marrow (BM) and other organs. Precursor B-cell ALL (B-ALL) is the most common immunological subtype of ALL and the most frequent cancer in children. According to the World Health Organization, any disease classification must be periodically reviewed and updated, thus, there is a constant need for the characterization of new molecular biomarkers for diagnostic and prognostic purposes. This study aimed to compare microRNA (miRNA) expression profiles between bone marrow and peripheral blood samples and evaluate potential diagnostic biomarkers for childhood B-ALL. **Materials and methods:** Peripheral blood and bone marrow samples were collected from children with B-ALL admitted to the Onco-Hematology Service of the Joana de Gusmão Children's Hospital (HIJG), Florianópolis, Santa Catarina, as well as healthy controls. The samples were subjected to miRNA microarray analysis followed by RT-qPCR validation. **Results:** Microarray analysis revealed no differences in miRNA expression between peripheral blood and bone marrow samples from the same B-ALL patients. Comparison of peripheral blood profiles between B-ALL and control subjects revealed 13 differentially expressed miRNAs, and among these, five were selected as potential biomarkers for RT-qPCR validation based on their respective expression status. Additionally, nine miRNAs were included in the RT-qPCR validation based on literature findings. RT-qPCR analysis did not show significant differences between bone marrow and peripheral blood samples for 12 of the 14 miRNAs tested. Furthermore, it was found that one miRNA was downregulated and 10 were upregulated in B-ALL patients. Enriched pathway analysis of these differentially expressed miRNAs identified genes with important regulatory roles associated with cell cycle, proliferation, and apoptosis. **Discussion:** miRNA profile signatures have a high potential for cancer diagnosis, including that of childhood acute leukemia. In this study, we demonstrate important similarities between miRNA profile signatures of peripheral blood and bone marrow samples of children with B-ALL. Also, we demonstrated that some miRNAs are differentially expressed in leukemia patients when compared with healthy controls. Importantly, receiver operating characteristic analysis showed that all miRNAs significantly altered in B-ALL had high performance and could be used to distinguish patients from healthy subjects. **Conclusion:** Together, these data suggest an equivalence between peripheral blood and bone marrow miRNA expression profiles and demonstrate the potential of some miRNAs as B-ALL biomarkers.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.571>

IMPACT OF THE COVID-19 PANDEMIC ON CHEMOTHERAPY/RADIOTHERAPY BURDEN FOR PATIENTS WITH ACUTE MYELOID LEUKEMIA IN BRAZIL, 2017-2023

ICG Moura, V Goularte, L Galhardo, MC Evangelista, R Pereira

IQVIA Sollutions do Brasil, Brazil

Objectives: To assess the chemotherapy (CT) and radiotherapy (RT) burden among Brazilian patients with Acute Myeloid Leukemia (AML) from 2017 to 2023. **Materials and methods:** This retrospective evaluation utilized data from the High Complexity Procedures Authorization (APAC) in Brazil, covering the period from January 2017 to the end of September 2023. Included patients were 18 years or older, with AML diagnosed according to the Therapeutic Diagnostic Guidelines of the Ministry of Health. Statistical analysis included descriptive indicators evaluated per patient per year (PPPY), along with corresponding 95% confidence intervals (CI). The comparison of PPPY before and after the pandemic was conducted using the z-test. All analyses were performed using Python 3.6.9. **Results:** A total of 12,466 patients were included in the study. PPPY rates were significantly higher in the post-pandemic period (14.77 [95% CI 14.76; 14.78] pre-pandemic vs. 16.26 [95% CI 16.24; 16.28] post-pandemic, $p < 0.001$). When comparing pre- and post-pandemic periods within Brazilian regions, no significant change in PPPY was observed for the Southeast, Midwest, and North. However, both the Northeast and South regions showed an increase in PPPY (Northeast: 14.41 [95% CI 14.38; 14.43] pre-pandemic vs. 17.01 [95% CI 15.00; 19.00] post-pandemic, $p < 0.001$; South: 15.10 [95% CI 14.77; 15.43] pre-pandemic vs. 16.89 [95% CI 16.49; 17.29], $p < 0.001$). **Discussion:** The post-pandemic increase in PPPY for RT/CT in AML patients can be attributed to several factors. Firstly, the pandemic led to a higher overall demand for healthcare, potentially resulting in increased RT/CT sessions. Additionally, oncology patients were considered a high-risk group during the pandemic, and treatment plans may have been adjusted due to changes in healthcare demands and quarantine guidelines, leading to increased treatment frequency after the pandemic. Notably, while the Southeast region of Brazil showed no significant changes, the Northeast and South regions experienced a general increase. One hypothesis is that the more robust healthcare infrastructure in the Southeast allowed for alternative solutions to prevent interruptions or excessive spacing between planned RT/CT sessions. **Conclusion:** Restricted access to healthcare systems during the pandemic and potential disease progression in AML patients inadequately monitored during the COVID-19 period are hypotheses explaining the increased post-pandemic demand for CT/RT. The Southeast region appears less affected by this phenomenon, while the impact is pronounced in the Northeast and South. Further studies are needed to better understand the pandemic's effect on healthcare resource utilization among AML patients.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.572>

INTRAGENIC ANTIMICROBIAL PEPTIDE HS02 INCREASES THE EXPRESSION OF COMPONENTS INVOLVED IN PYROPTOSIS AND EXERTS ANTINEOPLASTIC EFFECTS IN HUMAN LEUKEMIA CELL LINES

IS Mota ^a, M Cardoso ^b, J Bueno ^a, IGM Silva ^a, J Gonçalves ^b, SN Bao ^a, BAD Neto ^a, G Brand ^a, JR Corrêa ^a, JRSA Leite ^a, F Saldanha-Araujo ^a