ID – 1654

ONCO-HEMATOLOGIA TRANSLACIONAL: O PAPEL ESTRATÉGICO DO LABORATÓRIO INSTITUCIONAL DE PESQUISA EM BIOMARCADORES DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS NA INVESTIGAÇÃO DE BIOMARCADORES E POTENCIAIS ALVOS TERAPÊUTICOS

LKC Neves Andrade, MMdC Lopes, LdA Xavier, DF Coutinho, RSdS Alves, SV Mendes Nolasco, SR Ribeiro, SdS Melo, CMdC Paraguai, AdP Sabino

Unversidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil

Introdução: A evolução da oncologia de precisão está diretamente relacionada à capacidade dos centros de pesquisa em integrar tecnologias moleculares com a prática clínica. Nesse contexto, o Laboratório Institucional de Pesquisa em Biomarcadores (LINBIO), tem se consolidado como uma referência em onco-hematologia translacional. Sua atuação abrange a coleta, preservação, processamento e análise de amostras biológicas, com o objetivo de identificar biomarcadores com potencial diagnóstico, prognóstico e de estratificação clínica, sobretudo por meio da biópsia líquida, além de identificação de potenciais alvos terapêuticos. **Objetivos:** Apresentar o escopo de atuação e os impactos científicos do LINBIO em estudos voltados à identificação de biomarcadores em pacientes com neoplasias hematológicas. **Material e métodos:** Foram conduzidos estudos retrospectivos do tipo caso-controle, com amostras de sangue periférico e medula óssea de pacientes atendidos no Hospital das Clínicas da UFMG. As variáveis registradas incluíram tipos de doenças estudadas, tipos de amostras analisadas, vinculação com projetos aprovados pelo Comitê de Ética da UFMG e resultados relevantes obtidos pelos projetos desenvolvidos. **Resultados:** O LINBIO processa amostras regularmente, obtendo frações como plasma, pellet de leucócitos e vesículas extracelulares, utilizadas para extração de DNA, RNA e microRNAs. Entre as patologias investigadas, destacam-se leucemias agudas, leucemias crônicas, linfomas não Hodgkin, trombocitemia essencial, mielofibrose, mieloma múltiplo e síndromes mielodisplásicas. Nos últimos cinco anos, foram desenvolvidos mais de 15 projetos com foco em doenças hematológicas, como leucemias agudas (n = 4), doenças linfoproliferativas crônicas (n = 9), neoplasias mieloproliferativas (n = 1) e síndromes mielodisplásicas (n = 1). Dentre os achados mais relevantes, destacam-se: alterações em proteínas associadas à apoptose e à sobrevivência celular na leucemia linfocítica crônica (LLC); análise metabolômica em pacientes com LLC, SMD e leucemias agudas; expressão diferencial de miRNAs em miRnoma de pacientes com LLC; análises específicas do perfil de miR-197, miR-26a e miR-27a na LLC; e análise proteômica (peptidômica) em leucemias mieloides e linfoides agudas. **Discussão e conclusão:** Há cerca de dez anos a atuação do LINBIO tem parceria com instituições de saúde, atualmente integra a Rede Mineira de Pesquisa Translacional em Oncologia com o uso de painéis multigênicos para avaliação de neoplasias hematológicas. Tem viabilizado tais investigações pelo uso de metodologias avançadas como citometria de fluxo, PCR em tempo real (qPCR), sequenciamento de nova geração (NGS), citogenética, cultura celular e plataformas ômicas. A aplicação dessas tecnologias impulsiona desfechos diagnósticos, prognósticos e escolha terapêutica personalizada. Com a possibilidade de inclusão de pacientes, essas análises, normalmente inacessíveis no Sistema Único de Saúde (SUS) devido ao alto custo, estão sendo desenvolvidas no LINBIO com grande foco em expansão para demais serviços públicos no Brasil. **Conclusão:** O LINBIO tem trabalhado na otimização dos protocolos de análises e contribuído para o avanço científico ao integrar infraestrutura, dados e precisão, acelerando descobertas científicas para a prática clínica. Essa atuação fortalece a oncologia pública em Minas Gerais, promovendo impacto social, econômico e tecnológico. Agradecimentos: Este trabalho contou com apoio da FAPEMIG, CNPq e CAPES.

https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104237

ID – 387

OPTIMIZING KARYOTYPE ANALYSIS IN A REFERENCE CYTOGENETICS LABORATORY THROUGH WEB-BASED AI INTEGRATION

A Amaro, S Ciota, L Fazan, N Santos, T Barbosa, MF Pedro, DADL Souza, RM Martinez, R Proto-Siqueira

Flow Diagnósticos, São Paulo, SP, Brazil

Introduction: Karyotype analysis is a meticulous process that demands highly trained professionals and significant time for execution. Recently, artificial intelligence (AI)-based systems have been increasingly incorporated into cytogenetics to reduce analysis time and enhance productivity, offering a promising alternative for high-complexity laboratories facing rising test volumes. **Objectives:** To validate and implement the VALI platform, a cloud-based system for image capture and cytogenetic analysis and to evaluate the platform's performance in processing and classifying bone marrow samples from patients with suspected acute myeloid leukemia (AML) and myelodysplastic syndromes (MDS). **Material and methods:** For validation, 50 onco-hematologic samples were processed. Following validation, from Sep/2024 to Apr/2025, a total of 3,046 onco-hematologic karyotype cases were analyzed using VALI. All cases were manually captured, and analyses were independently reviewed by two experienced cytogeneticists, ensuring diagnostic accuracy through mandatory dual validation. During validation, the average time for manual image capture was 42 minutes, and analysis time was 21 minutes. Among the 3,046 cases routinely processed, 72.9% showed normal karyotypes and 15.8% had relevant abnormalities and the remaining 11.3% were classified as ATM (total metaphase absence). A focused evaluation of 203 samples for suspected AML or MDS, received up to 48 hours after collection, showed that 140 (89.9%) were classified as IMA (>18 metaphases), 48 (23.6%) as BIM (3-17 metaphases), and only 15 (7.4%) ATM. Among the IMA and BIM samples, 55