

subdiagnóstico, o que reforça a relevância de estudos que descrevam o perfil clínico, epidemiológico e laboratorial desses pacientes, possibilitando o desenvolvimento de estratégias de diagnóstico precoce e manejo mais efetivo. **Objetivos:** O estudo realizado teve como objetivo descrever o perfil epidemiológico de pacientes com leucemia/linfoma associado ao vírus HTLV (ATLL) atendidos no ambulatório de hematologia do Hospital Universitário Gaffrée e Guinle (HUGG), localizado no Rio de Janeiro, no período de 2012 a 2022. **Material e métodos:** Trata-se de um estudo retrospectivo baseado na análise de seis prontuários médicos de pacientes com diagnóstico confirmado de ATLL no período estabelecido. Foram avaliados dados demográficos, comorbidades associadas, métodos diagnósticos utilizados, manifestações clínicas, alterações laboratoriais, formas clínicas da doença, terapias instituídas e desfechos clínicos. **Resultados:** Os resultados revelaram que os seis pacientes eram do sexo feminino, com idade média de aproximadamente 58 anos com desvio padrão de 12,84. Dentre as comorbidades presentes, destaca-se a paraparesia espástica tropical, também uma forma de apresentação da infecção pelo vírus HTLV-1. O diagnóstico de ATLL foi estabelecido por biópsia – linfonodo, medula óssea e pele – e imunofenotipagem. Leucocitose e hipercalcemia foram observadas em dois dos pacientes, com a forma aguda. Quanto à forma clínica, quatro pacientes apresentaram a forma linfomatosa da ATLL. Os sintomas variaram entre os pacientes, incluindo lesões cutâneas, linfonodomegalia e perda ponderal. Dois pacientes desenvolveram infecções oportunistas, como candidíase orofaríngea e herpes zoster. Os tratamentos utilizados seguiram protocolos estabelecidos, incluindo zidovudina com ou sem associação com interferon-alfa, fototerapia associada a metotrexato e protocolos quimioterápicos. A sobrevida global média foi de 13,33 meses e desvio padrão de 3,92, com a progressão da doença sendo a principal causa de óbito. **Discussão e conclusão:** Apesar do tamanho reduzido da amostra, os achados deste estudo se assemelham aos relatos descritos na literatura quanto ao perfil clínico e epidemiológico da ATLL, reafirmando seu caráter grave e prognóstico desfavorável. A elevada taxa de complicações e a curta sobrevida reforçam a necessidade de políticas públicas voltadas para a triagem sistemática da infecção pelo HTLV-1, especialmente em áreas endêmicas, bem como de estratégias de tratamento individualizadas e acompanhamento multiprofissional especializado.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104375>

ID - 2913

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DE DOENÇAS LINFOPROLIFERATIVAS EM BELÉM, BRASIL, ENTRE 2015 – 2019

RV Souza ^a, ABF Queiroz ^b, GKS Pereira ^a, LDS Cardoso ^a, SDM Braga ^a, MLS Ribeiro ^a, KZ Bastos ^a, AJRDS Alves ^a, SR Antunes ^b, HF Ribeiro ^a

^a Universidade do Estado do Pará (UEPA), Marabá, PA, Brasil

^b Centro Universitário Metropolitano da Amazônia (UNIFAMAZ), Belém, PA, Brasil

Introdução: Os distúrbios linfoproliferativos, como linfomas e leucemias, representam um desafio significativo para a saúde pública no Brasil, devido às suas elevadas taxas de morbimortalidade. Essas doenças figuram entre as principais causas de óbitos por câncer, sendo a leucemia a 7ª causa e os linfomas a 10ª, segundo dados do INCA. Compreender seu comportamento em regiões específicas é fundamental para subsidiar estratégias de prevenção e detecção precoce. **Objetivos:** Analisar as tendências epidemiológicas dessas doenças em um hospital oncológico de Belém-PA, com foco na prevalência por tipo histológico. **Material e métodos:** Estudo baseado em dados do Registro de Câncer de Base Populacional (RCBP) de Belém-PA, fornecidos pelo INCA, referentes ao período de 2015 a 2019. Foram revisados 1.186 casos, classificados por tipo histológico utilizando os códigos CID C81-99. **Resultados:** Observou-se discreto predomínio no sexo masculino (52,8%; n = 626) em relação ao feminino (47,2%; n = 560). Entre os homens, a leucemia mieloide foi a mais frequente (20,61%), seguida pelas leucemias linfoides (20,45%) e pelos linfomas malignos difusos (19,49%). Nas mulheres, os linfomas malignos (19,64%) foram os mais comuns, seguidos pelos tumores de células plasmáticas (14,46%); a leucemia mieloide ocorreu em 18,39% dos casos. Esses achados refletem padrões nacionais, especialmente quanto à influência do gênero. Dados do INCA também apontam aumento sustentado na incidência de linfoma não Hodgkin (LNH) na região Norte, de 3% ao ano (2015-2019), tendência observada em Belém-PA, onde os linfomas de células B foram significativamente mais prevalentes em homens. Tumores de células plasmáticas, mais comuns em mulheres, alinham-se à tendência nacional de aumento de condições como o mieloma múltiplo, particularmente em idosos. **Discussão e conclusão:** O estudo revela diferenças significativas na distribuição por gênero dos distúrbios linfoproliferativos em Belém-PA: homens são mais afetados por leucemias e linfomas de células B, enquanto mulheres apresentam maior prevalência de tumores de células plasmáticas. A leucemia mieloide foi o diagnóstico principal entre homens, e os linfomas malignos predominaram em mulheres. Esses achados corroboram as tendências nacionais, incluindo o aumento anual de 3% no LNH na região Norte. Como limitação, destaca-se a ausência de dados socioeconômicos e ambientais detalhados, o que restringe a compreensão dos fatores etiológicos. Contudo, os resultados reforçam a urgência de iniciativas de saúde pública direcionadas, como estratégias de detecção precoce e políticas regionais específicas, para enfrentar a crescente carga dessas doenças na Amazônia.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104376>

ID - 1119

PKMYT1 EXPRESSION PREDICTS GENOMIC INSTABILITY AND POOR SURVIVAL IN CHRONIC LYMPHOCYTIC LEUKEMIA

EC Bispo ^a, JM Nascimento ^a, FWL Alves ^a, R Proto-Siqueira ^b, JL Carvalho ^a, FS Araújo ^a

^a Laboratório de Hematologia e Células-Tronco, Faculdade de Ciências da Saúde, Universidade de Brasília (UnB), Brasília, Brazil

^b Flow Diagnósticos, São Paulo, Brazil

Introduction: Chronic lymphocytic leukemia (CLL) is a hematologic malignancy marked by genomic instability and substantial clinical heterogeneity. Although genetic and epigenetic alterations have been linked to disease progression, the precise molecular mechanisms driving these processes remain poorly understood. Given the critical role of cell cycle regulation and genome maintenance in cancer biology, kinases involved in these pathways are of particular interest. One such kinase, PKMYT1, is known to regulate cell cycle checkpoints and preserve genomic integrity. Notably, PKMYT1 overexpression has been associated with aggressive clinical behavior and poor prognosis in several solid tumors, including triple-negative breast and prostate cancers. Despite this, the role of PKMYT1 in CLL has not yet been systematically explored. **Objectives:** This study aimed to investigate PKMYT1 expression in CLL patient samples and its association with cytogenetic abnormalities, clinical features, and overall survival. We further evaluated the functional relevance of PKMYT1 as a potential therapeutic target in CLL cells. **Material and methods:** PKMYT1 expression was quantified by RT-qPCR in peripheral blood samples from 55 CLL patients and 10 healthy donors. Cytogenetic abnormalities were assessed by G-banding. Public RNA-seq data from 1,148 CLL patients (via cBioPortal) were used for differential expression analysis, pathway enrichment (DAVID, GSEA), and survival modeling. Functional validation was performed in the MEC1 CLL cell line using the selective PKMYT1 inhibitor GSK-1520489A. **Results:** Importantly, elevated PKMYT1 expression was significantly associated with high-risk cytogenetic features, including complex karyotypes, and increased leukocyte counts, highlighting its potential link to disease aggressiveness. Transcriptomic analysis revealed that PKMYT1-high cases were enriched for pathways involved in DNA repair, chromatin remodeling, and mitotic control—key processes underlying genomic instability and malignant progression. Interestingly, although PKMYT1 overexpression was linked to aggressive molecular features, low PKMYT1 expression was paradoxically associated with significantly shorter overall survival, suggesting a complex and possibly context-dependent role in CLL pathobiology. Furthermore, pharmacological inhibition of PKMYT1 in MEC1 cells led to a marked reduction in cell viability, reinforcing its functional importance in CLL cell survival and underscoring its potential as a therapeutic target. **Discussion and conclusion:** Our findings identify PKMYT1 as a novel biomarker of genomic instability and disease outcome in CLL. The dual prognostic implications and functional significance of PKMYT1 expression support its potential as a valuable therapeutic target, particularly in high-risk CLL subsets. **Funding:** Supported by the University of Brasília (UnB), Flow Diagnósticos, and CNPq.

ID - 2933

REGIÃO VARIÁVEL DA CADEIA PESADA DE IMUNOGLOBULINA E ALTERAÇÕES EM TP53 NA LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÔNICA: IMPLICAÇÕES PARA A TERAPIA PERSONALIZADA

DEL Laborda ^a, EA Dutra ^a, ADD Martinez ^a, JF Paes ^{a,b}

^a Faculdade Metropolitana de Manaus (FAMETRO), Manaus, AM, Brasil

^b Pós-Graduação em Imunologia Básica e Aplicada (PPGIBA), Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Manaus, AM, Brasil

Introdução: A leucemia linfocítica crônica (LLC) é uma neoplasia linfoproliferativa caracterizada pelo acúmulo de linfócitos maduros no sangue periférico e por um curso clínico não linear em sua sintomatologia. O uso de biomarcadores moleculares, como o status mutacional da região variável da cadeia pesada de imunoglobulina (IGHV) e alterações genéticas no gene supressor tumoral TP53, surgiram como ferramenta úteis para a estratificação prognóstica e individualização terapêutica na prática hematológica. **Objetivos:** Avaliar o uso do IGHV e das alterações no gene TP53 na predição da história natural da leucemia linfocítica crônica e seu impacto na seleção de abordagens terapêuticas personalizadas. **Material e métodos:** O levantamento das informações relevantes para o presente estudo baseou-se em busca nas bases de dados PubMed e Web of Science utilizando descritores e termos *Medical Subject Headings descriptors*. Foram incluídos estudos observacionais e clínicos publicados entre 2015 e 2025 que envolvessem análises da região variável da cadeia pesada de imunoglobulina e do TP53 em coortes de pacientes com leucemia linfocítica crônica. Foram excluídas revisões, artigos duplicados, relatos incompletos e estudos fora do escopo desta revisão. **Discussão e conclusão:** Em uma coorte de pacientes com LLC de diferentes nacionalidades identificados nesses estudos, 57,1% dos que apresentavam mutações na região variável da cadeia pesada de imunoglobulina exibiram um curso clínico indolente e foram elegíveis para vigilância ativa, enquanto o status não mutado nessa região esteve associado à progressão precoce da doença. Alterações no gene supressor tumoral TP53, detectadas em 3,2% dos pacientes, correlacionaram-se com resistência à quimioimunoterapia convencionais no tratamento de LLC como fludarabina, ciclofosfamida e rituximabe e apresentaram redução da sobrevida global. Em relação ao uso de quimioimunoterápicos entre os pacientes refratários tanto aos inibidores da tirosina quinase de Bruton (BTK) quanto aos inibidores de BCL-2, as terapias subsequentes mais frequentemente utilizadas foram inibidores não covalentes da tirosina quinase de Bruton (34,5%), combinação concomitante de inibidor da tirosina quinase de Bruton e inibidor de BCL-2 (27,6%), terapia com células T receptoras de antígeno quimérico (CAR-T) direcionada ao CD19 (24,1%) e inibidores da fosfatidilinositol 3-