

eP2789**Diagnóstico de enfermagem como preditivo de risco em extravasamento de quimioterapia: revisão integrativa**

Jéssica Rosa Thiesen Cunha; Ivana Duarte Brum; Carina Cadorin; Gabriella Roletto da Silva; Kelly Cristina Milioni; Andreia Tanara de Carvalho; Patrícia Fanton; Raquel Yurika Tanaka; Aline Nunes Haar

HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

Introdução: O câncer constitui-se como segunda maior causa de morte no mundo, atrás apenas de doenças cardiovasculares. A quimioterapia é amplamente utilizada em diversos tipos de tumores, podendo ser administrada por via sistêmica, sendo mais comum a endovenosa, por ter maior confiabilidade quanto à nível sérico e absorção. A toxicidade dermatológica local induzida por estes agentes depende do tipo de droga administrada, classificadas como vesicantes: causam destruição tecidual severa e possível perda funcional; e irritantes: geram uma reação menos intensa, com calor local, hiperemia, dor e queimação; podendo haver ambas características. O extravasamento é uma emergência oncológica devido ao potencial dano irreparável que pode causar. O mesmo ocorre quando a droga infiltra tecidos adjacentes ao vaso sanguíneo. A gravidade do evento depende do tipo de droga, concentração, quantidade, e localização. A incidência de extravasamento constitui um importante indicador de qualidade assistencial e cabe ao enfermeiro instaurar medidas preditivas de riscos para os agentes quimioterápicos. Logo a identificação de potenciais danos aos pacientes permite a implementação de medidas preventivas baseadas em evidências. Sendo assim, o diagnóstico de enfermagem corrobora para olhar clínico do enfermeiro na tomada de decisão. **Objetivo:** Revisão integrativa acerca da importância do julgamento clínico do enfermeiro para obtenção de melhores práticas no cuidado prestado aos pacientes na prevenção de extravasamento de agentes quimioterápicos. **Resultados:** Foi selecionado diagnóstico da NANDA I Risco de trauma vascular, definido por: risco de dano a veia e tecidos ao redor relacionado à presença de cateter ou solução infundida. Um dos fatores de risco é a natureza irritante da solução. A partir da definição do diagnóstico é possível determinar as intervenções adequadas dando seguimento ao processo de enfermagem. **Conclusão:** A prevenção do extravasamento é o método mais eficaz para evitar danos aos pacientes em terapia antineoplásica. Os conhecimentos das drogas, medidas preventivas de extravasamento e fluxogramas de atendimentos bem alinhados, estão intimamente ligados à qualidade da assistência prestada. O uso efetivo dos diagnósticos de enfermagem pode contribuir na predição de possíveis eventos adversos aos pacientes, qualificando o cuidado.

eP2844**Mieloma múltiplo: análise de expressão gênica diferencial utilizando dados secundários do geo**

Mariléa Furtado Feira; Thayne Woycinck Kowalski; Luis Carlos Contin; Laura Neto; Fernanda Sales Luiz Vianna

HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

O Mieloma Múltiplo (MM) é uma doença hematológica maligna, do grupo de gamopatias monoclonais, caracterizada por um crescimento patológico da população de plasmócitos clonais. Genes diferencialmente expressos (DGE) em amostras de MM podem configurar potenciais biomarcadores, colaborando com a aplicação de terapias moleculares, o que pode tornar sua avaliação bastante relevante. Uma alternativa que vem sendo utilizada para a análise de expressão gênica é o uso de dados secundários com base em repositórios públicos. O objetivo deste trabalho foi analisar a expressão gênica diferencial em amostras humanas de MM em comparação com plasmócitos saudáveis, a partir de dados secundários provenientes de ensaios experimentais depositados em bancos de dados públicos. Para esta avaliação foi utilizado o estudo GSE6691, depositado no GEO, que possui doze amostras de medula óssea de MM (sem tratamento) e cinco amostras de plasmócitos de doadores saudáveis. Os dados brutos de todas as amostras analisadas foram normalizados no software RStudio v.1.0.1. em linguagem R (v.3.5.1), assim como as análises de DGE, que foram realizadas pelo pacote limma, considerando um valor-P ajustado < 0,05 como estatisticamente significativo. Filtrando o valor de log fold-change para maior que 2 e menor que menos 2, foram identificados 91 genes hiperexpressos e 6 genes hipoeexpressos. Sendo os genes de maior interesse que estavam hiperexpressos o COPS2 e o UBE2G1, e os genes hipoeexpressos BCAT1 e PSAT1. As redes de vias sobrepostas dos genes COPS2 e UBE2G1 estavam intimamente relacionadas ao processo de nedilação, que foi previamente relatado como envolvido em respostas de tratamento do MM. Tanto o tratamento com lenalidomida quanto com pomalidomida (fármacos imunomoduladores (IMiDs) utilizados no tratamento de MM), apontaram na diminuição da taxa de expressão de genes relacionados à proliferação celular e oncogenes, como BCAT1 e PSAT1. A expressão gênica diferencial foi analisada no contexto de conjuntos de genes para identificar assinaturas moleculares associadas ao MM e IMiDs. Observamos ainda que nem todos os genes com níveis de expressão alterados apareceram nas vias enriquecidas. Isso demonstra que tanto a expressão diferencial quanto a análise da via de sinalização são importantes na extração de informações com relevância biológica. Porém, utilizamos apenas abordagens de bioinformática, portanto, dados experimentais são necessários para validar esses achados em estudos posteriores.

eP2862**Screening de novos genes envolvidos na carcinogênese e marcadores prognósticos associados à mutação de KRAS no adenocarcinoma de pâncreas**

Mariana dos Santos Lobo; Ana Carolina Mello; Eduardo Cremonese Filippi Chiela; Patricia Luciana da Costa Lopez

HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

O câncer de pâncreas apresenta alta mortalidade, devido a diagnóstico tardio e comportamento biológico agressivo. A taxa de sobrevida é baixa e as abordagens terapêuticas ainda não se apresentam efetivas à maioria. Os genes com mutações mais frequentes em tumores pancreáticos são o oncogene KRAS e os supressores tumorais TP53 e CDK2N. Estas vias controlam proliferação e morte celular, além do ciclo celular, migração e metabolismo. Dados robustos acerca da biologia molecular, celular e comportamento clínico do câncer de pâncreas estão disponíveis na rede. A utilização de ferramentas de bioinformática como análise integradora pode fornecer informações clinicamente relevantes relacionadas a potenciais marcadores de diagnóstico, prognóstico e resposta à terapia, com impacto biológico robusto e custo reduzido. O objetivo do presente trabalho foi caracterizar a expressão diferencial da coorte de neoplasias pancreáticas do TCGA com relação ao tecido pancreático normal na busca por potenciais marcadores de prognóstico tumoral. Foram encontrados 235 genes diferencialmente expressos em amostras tumorais em comparação com o tecido normal (NT versus TP). Destes, 28 genes apresentaram níveis de expressão pelo menos 3 vezes, e 9 se apresentaram como fatores prognóstico. Níveis elevados de MAST4, SPRY3, USP19 e TRIM67 foram associados a melhor