

doença. A presença de plaquetopenia severa, linfopenia e leucopenia pode indicar um risco aumentado de desenvolvimento de complicações hemorrágicas e falência de órgãos. A identificação precoce dessas alterações é crucial para guiar o manejo clínico e evitar desfechos fatais. Além disso, os achados ressaltam a importância de vigilância laboratorial contínua durante surtos de dengue, especialmente em áreas endêmicas. **Conclusão:** As alterações hematológicas, como leucopenia, linfopenia e plaquetopenia, são fundamentais para o diagnóstico precoce da dengue e prevenção da progressão para formas mais graves da doença, como a dengue hemorrágica. Esses achados destacam a necessidade de atenção clínica redobrada e tratamento rápido em casos de dengue, para mitigar os riscos de complicações graves.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.239>

DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE UM TESTE MOLECULAR PARA A QUALIFICAÇÃO SEGURA E ESTENDIDA DE CONCENTRADOS PLAQUETÁRIOS

RC Nogueira^a, F Miyajima^a, VP Miyajima^b,
FBS Dias^c, DVR Farias^d, PCP Sousa^d,
JCDN Sousa-Júnior^c, LMB Carlos^b

^a Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz), Eusébio, CE, Brasil

^b Centro de Hematologia e Hemoterapia do Ceará (Hemoce), Fortaleza, CE, Brasil

^c Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

^d Hospital Universitário Walter Cantídio (HUWC), Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

Introdução: A contaminação bacteriana dos concentrados de Plaquetas (CPs) é um problema que afeta os bancos de sangue no mundo inteiro, sendo seu controle obrigatório em diversos países e um desafio relacionado à segurança transfusional. Considerando que existe elevada taxa de morbi-mortalidade associada a contaminação de concentrados plaquetários, torna-se necessário o desenvolvimento de protocolos de triagem pré-transfusional que sejam rápidos e aplicáveis a rotina dos hemocentros, de forma a aumentar a biossegurança das transfusões sanguíneas realizadas pelo SUS. O emprego de protocolos moleculares baseados em PCR de tempo real consiste em uma estratégia promissora que pode ser aplicada diretamente na triagem de hemocomponentes que serão transfundidos. **Objetivos:** Geral: Desenvolver e validar um teste molecular para a qualificação segura e estendida de concentrados de plaquetas. Específicos: Validar a detecção de bactérias em concentrados de plaquetas por método molecular; Elaborar esboço de protocolo de atenção diagnóstica. **Material e métodos:** Tipo de estudo: Estudo experimental, prospectivo, baseado em coleta de dados primários. Local e período: HEMOCE, de março de 2023 a dezembro de 2024. Fases do estudo: O estudo é estruturado em três fases distintas, com atividades em comum: i): coleta de bolsas de CP descartadas por validade no 5º dia às 23:59 h; ii): semente e cultivo

das culturas de bactérias e o preparo de diluições seriadas; iii): extração de DNA e testes de PCR; e iv): testes realizados no dia seguinte ao descarte por validade e 24 e 48 h depois. **Fase I:** Testes piloto; **Fase II:** Validação do ensaio; **Fase III:** Ensaio completo de avaliação de contaminação bacteriana. Definição e seleção das bactérias: Levantamento bibliográfico na literatura científica identificando as bactérias mais prevalentes na contaminação de CPs e cepas ATCC de conveniência. Obtenção das amostras biológicas: Bolsas CP descartadas por validade. Avaliação da contaminação microbiológica dos CPs - **Método Microbiológico:** Hemocultura. **Método molecular** - **Extração de DNA:** extração dos ácidos nucleicos realizada por meio de três métodos distintos: a) de forma manual; b) automatizado; e c) semiautomatizado e três protocolos distintos. **PCR em tempo real:** Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) utilizando quatro ensaios distintos e controles: a) controle negativo; b) controle positivo; c) controle interno; e d) referência passiva. **Resultados:** Os resultados preliminares apontam para a eficiência dos testes de PCR como recurso complementar para detecção de contaminação microbiológica de CPs. Após 384 reações de PCR realizadas, três dos quatro ensaios testados se mostram promissores. Mesmo em concentrações mais altas o tempo para alcance dos resultados do teste molecular foi mais eficiente quando comparado aos testes de cultura. **Discussão:** Os resultados alcançados até o momento indicam números semelhantes aos encontrados na literatura, reagentes para a contaminação bacteriana. Valores de Ct (threshold cycle) entre 20 e 30 indicam potencial de eficiência dos ensaios testados, necessitando a validação para valores mais baixos de concentrações, 1-10⁴UFC/mL, corroborando ou refutando resultados de outras pesquisas semelhantes. **Conclusão:** Apesar dos resultados promissores, testes adicionais estão sendo realizado para possibilitar maior força de evidência aos achados e permitir atestar a potencial utilização como teste secundário de detecção rápida de contaminação microbiológica em CPs.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.240>

APLASIA PURA DE SÉRIE VERMELHA POR PARVOVÍRUS B19 EM LEUCEMIA MIELOIDE AGUDA APÓS TERAPIA DE INDUÇÃO

TV Lourenço, LPG Gomes, RG Silva,
SS Custodio, TG Teixeira, CRC Pires, IF Martins,
IGC Silveira, FL Nogueira, ABF Glória

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

Introdução: Parvovírus B19 é um vírus de DNA fita simples que tem como alvo principal células de alto índice mitótico, principalmente os progenitores eritroides da medula óssea. Sua transmissão ocorre por meio de contato próximo entre pessoas, por fômites, secreção respiratória e/ou saliva. As apresentações clínicas associadas à infecção pelo parvovírus B19 variam amplamente, de benignas a fatais, e dependem da idade e do estado hematológico e imunológico do indivíduo afetado. As cinco síndromes clássicas associadas à infecção pelo parvovírus B19 são eritema infeccioso, artropatia,

infecção fetal, crise aplástica e, em imunocomprometidos, aplasia pura de série vermelha. **Relato de caso:** Paciente do sexo masculino, 27 anos, diagnosticado em outubro de 2023 com leucemia mieloide aguda de risco citogenético favorável (CBF-MYH11,FLT3-ITD detectado). Recebeu tratamento de indução com esquema composto por citarabina e daunorrubicina (“7+3”) e obteve remissão completa. À admissão para primeiro ciclo de consolidação, exames laboratoriais evidenciaram anemia grave microcítica e hipocrômica (hb 6,1 g/dL,VCM 78), hipoproliferativa (reticulócitos de 0,03%), sem ferropenia e sem sinais de hemólise apesar de Coombs direto. Encontrava-se afebril, sem rash cutâneo. Mielograma demonstrou hipoplasia isolada da série eritrocítica, com índice granulocítico/ eritroide de 96. Não havia aumento de blastos. Biópsia de medula óssea com celularidade normal para idade, com série eritrocítica extremamente hipocelular. Em ambos, observava-se proeritroblastos (e-caderina positiva e glicoforina negativa) gigantes com inclusões nucleares proeminentes e vacuolizações citoplasmáticas, característicos da infecção peloparvovírus B19. Foi realizada investigação sorológica, com IgG eIgM, inicialmente negativos, mas com soroc conversão em nova amostra após 5 semanas. Paciente recebeu tratamento de suporte com transfusão de hemácias. Houve lenta recuperação da série eritrocítica, o que postergou o início da fase de consolidação em um mês. Foi submetido a dois ciclos de consolidação e completa, no momento, oito meses em remissão. **Discussão:** apesar de mais frequentemente associado ao eritema infeccioso em crianças e adolescentes, o parvovírus B19, em hospedeiros imunocomprometidos, incluindo portadores de neoplasias hematológicas em tratamento, está associado a manifestações clínicas distintas, que podem resultar de infecção primária ou de reativação viral. Tais manifestações podem incluir rash cutâneo na fase precoce, citopenias na fase tardia e falência orgânica. O quadro infeccioso pode se confundir com recidiva da doença hematológica ou toxicidade ao tratamento, sendo necessário alto índice de suspeição para o diagnóstico. **Conclusão:** A infecção por parvovírus B19 pode causar aplasia pura de série vermelha em pacientes imunocomprometidos, como no caso relatado, onde houve, inclusive, atraso no tratamento da LMA. É necessário alta suspeição para seu diagnóstico, tanto suspeita clínica, quanto morfológica. É crucial, também, enfatizar práticas corretas de higiene e controle de infecção a fim de prevenir transmissões virais.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.241>

IMPLICATIONS AND ASSOCIATION OF TP53BP2, BCL2L11, SOD2, CAT GENES IN HEMATOLOGICAL DISEASES

JSV Campelo^a, FLO Gomes^a, ACS Castro^b, EJS Freitas^b, LSF Menesca^b, MO Cunha^c, NA Fraiji^a, SRL Albuquerque^{a,b}, MS Gonçalves^d, JP NETO MOURA^{a,b,c,d,e}

^a Programa de Pós-Graduação em Ciências Aplicadas à Hematologia, Universidade do Estado do Amazonas (PPGH-UEA), Manaus, Brazil

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

^c Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas (PPGCF), Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Manaus, Brazil

^d Instituto Gonçalo Moniz (IGM), Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz), Salvador, Brazil

^e Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, MG, Brasil

Objectives: Differential diagnosis of hematologic diseases is a huge challenge and advances in genetic studies have made it possible to unravel the many gene interactions in these diseases. In this study, we performed a literature search on the roles of the TP53BP2, BCL2L11, SOD2 and CAT genes in cellular regulatory processes and mechanisms and describe the implications reported in the literature in association with hematologic diseases. **Materials and methods:** This is an integrative review of the literature from the last 10 years (2015-2024), carried out on the PubMed and Google Scholar platforms, using the following keywords: “hematological diseases”, “implications”, “gene expression”, “polymorphisms”, also using NCBI GENE. Of the total of 87 articles found, only 22 aimed at and covered the clinical focus of the hypothesis of this review.

Results: Several genetic alterations and mutations were described in these genes, with emphasis on individualized SNPs as factors predominantly involved in the development and progression of hematologic malignancies. Most of these highlighted the suppression and silencing of the TP53BP2 and BCL2L11 genes, which play a crucial role in cell death. Oncogenic splice variants (ASPP2k) stood out influencing gene expression, downregulation and interactions with nuclear viral antigens, all of which converge to the deregulation of the apoptosis mechanism, implying susceptibility, proliferation, invasiveness, resistance to treatment and a marker of unfavorable prognosis. In addition, polymorphisms in SOD2 (rs4880) directly contribute to vascular and cerebral damage and complications in sickle cell anemia patients; in addition to being associated with hepatotoxicity in ALL patients; Another SOD2 SNP (rs8031) has been implicated in many studies of patients with refractory AML due to increased resistance to treatment. The SNP rs1001179 in the CAT gene is involved in the dysregulation of antioxidant mechanisms, being correlated with a more aggressive course in CLL patients. **Discussion:** Altered expression of genes involved in apoptotic regulation is frequently associated with several types of cancer and notably contributes to cell proliferation and resistance to chemotherapy, due to impaired apoptosis specifically in multiple myeloma where reduced gene expression has been observed. The diversity and complexity of hematologic malignancies demonstrate the need for an individualized understanding of the underlying causes. Altered gene expression, downregulation, and polymorphisms of many genes suggest the possibility of delineating populations susceptible to the disease to propose an early approach, in addition to suggesting a possible prediction of severity and response to treatment. **Conclusion:** Discoveries in these genes may expand early diagnosis, predict disease course, and individualized adaptations in therapy. In this review, we explore