

MOLECULAR BASIS DETERMINATION OF D VARIANTS: NARRATIVE REVIEW

ACS Castro ^a, MOO Nascimento ^b,
MMP Luciano ^b, JNV Silva ^c, EJS Freitas ^{a,b},
IPC Tavares ^a, SRL Albuquerque ^{a,c}, RS Leal ^d,
MS Gonçalves ^e, JPM Neto ^{b,c,d,f}

^a Pós-graduação em Imunologia Básica e Aplicada (PPGIBA), Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Manaus, AM, Brazil

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

^c Pós-graduação em Ciências Aplicadas à Hematologia (PPGH), Universidade do Estado do Amazonas e Fundação Hospitalar de Hematologia e Hemoterapia do Amazonas (UEA/HEMOAM), Manaus, AM, Brazil

^d Pós-Graduação em Farmácia (PPGFAR), Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brazil

^e Instituto Oswaldo Cruz Salvador (CPqGM), Salvador, BA, Brazil

^f Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Campus Governador Valadares, Governador Valadares, MG, Brazil

Objective: The Rh blood group is one of the most complex blood groups known in humans, being is clinically relevant mainly due to the fact that antigens are highly immunogenic, responsible for a hemolytic transfusion reaction or on fetal RBCs. The RH system (ISBT004) is the most complex, polymorphic and immunogenic of the blood groups due to the presence of 55 antigens carried by the RhD and RhCE proteins, encoded by two homologous genes, RHD and RHCE, located on chromosome 1. The proximity and opposite orientation of these genes allow the occurrence in a hybrid gene, with several variant phenotypes and possibility of generating alloimmunization. The RHD gene, consisting of 10 exons, has 57295pb and encodes a polypeptide of 417 amino acids. The objective of this study was to conduct a reviewer of the main molecular aspects of the D antigen. **Materials and methods:** This is a narrative review study, using the *Pubmed* and *Web of Science* databases, without a specific time period determined. The descriptors and their synonyms “Rh-Hr Blood-Group System”, “Blood Donors”, “Patients” and “Gene Frequency” were used, associated with each other using the Boolean operators AND/OR. **Results:** A total of 285 articles were found, of which only 52 were selected after reading the abstract and then reading them in full. Duplicate articles or those that did not specifically address the topic to be discussed were excluded. **Discussion:** Mutations and polymorphisms in the RHD gene can result in structural alterations of the D protein, producing variant D phenotypes: the weak D phenotype results from a single point mutation with reduced antigenicity and a rare risk of alloimmunization, with the exception of weak D types 6, 7, 11, 15, and 4.2 (DAR); the partial D phenotype has immunogenic D epitopes and a tendency to develop Anti-D; the DEL phenotype, occurs in 10 to 33% of Japanese and Chinese people, commonly referred to as DEL “Asian-type”, and is only

identified on the red cell membrane after adsorption with anti-D followed by elution. The distribution of D alleles varies considerably among ethnicities, and regional data is needed to implement an efficient genotyping strategy to prevent alloimmunization and minimize problems related to discordant D serological typing results. **Conclusion:** Studies involving molecular techniques of the Rh system allowed the expansion of better and advanced techniques in the determination of variants in different populations. The molecular genetics of RHD and the global distribution of RH variants in Caucasians, Black Africans, and East Asians are now well established. Determining these variant phenotypes through genetic and molecular studies is important in guiding transfusion practices and the administration of Anti-D prophylaxis to avoid complications and reactions after transfusions. Added to this, in the field of obstetrics, it has been increasingly helping in the phenotypic, genotypic correlation and Rh alloimmunization, especially avoiding inappropriate anti-D immunoprophylaxis with the specific weak D type.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.1488>

FREQUÊNCIA FENOTÍPICA DO GRUPO SANGUÍNEO KELL EM DOADORES DE SANGUE DO BANCO DE SANGUE DE SÃO PAULO (GRUPO GSH)

AP Sessin, RA Bento, JAD Santos, DE Rossetto,
E Pereira, APC Rodrigues, ACA Pitol

Grupo GSH, Brasil

Objetivo: Estudo retrospectivo para determinar o perfil fenotípico do grupo sanguíneo Kell em doadores do Banco de Sangue São Paulo (Grupo GSH) no período de janeiro a dezembro de 2022. **Material e métodos:** Foram avaliadas as frequências do grupo sanguíneo Kell em doadores de sangue imunofenotipados pelo Laboratório de Referência de São Paulo. Os doadores foram considerados aptos, após triagem clínica e hematológica, de acordo com os requisitos estabelecidos pela legislação atual. A imunofenotipagem eritrocitária é realizada pelo Laboratório de Referência de rotina para os antígenos dos grupos sanguíneos ABO, Rh (D, C, c, E, e), Kell (K), neste trabalho foram analisados somente os antígenos do grupo sanguíneo Kell. Os testes são executados pela metodologia da microplaca e os dados são liberados pelo equipamento Immucor Fresenius Kabi (NEO). Caso ocorra alguma falha no equipamento o resultado não é liberado, portanto a imunofenotipagem, é realizada por outras metodologias como a aglutinação em coluna gel teste (cartão) ou em tubo. Após a liberação dos testes os resultados são enviados e armazenados em um sistema informatizado de banco de dados utilizado pelo Banco de Sangue (Grupo GSH). **Resultados:** No ano de 2022 houve, no Banco de Sangue São Paulo, 72.431 doações, sendo realizado fenotipagem para o antígeno Kell em 100% das unidades coletadas, tendo encontrado a presença do antígeno Kell em 747 doações, o que corresponde a 1% das unidades coletadas. Foi realizada uma avaliação quanto a prevalência da presença do antígeno Kell em relação ao gênero dos doadores, e foi obtido um resultado de 380