

FY*BES; 5. FY*B/FY*BES; 6. FY*BES/FY*BES. **Conclusão:** O ensaio de genotipagem dos alelos FY*A e FY*B e da mutação FY*BES por PCR em tempo real foram padronizados e, portanto, estão aptos para a realização da validação do método, utilizando amostras com resultados prévios de genotipagem para esses alelos. O uso desse ensaio na rotina laboratorial auxiliará na resolução de casos complexos e no aumento da segurança transfusional.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.800>

AVALIAÇÃO DE REAGENTES E TÉCNICAS NA DETECÇÃO DE VARIANTES RHCE NA ROTINA SOROLÓGICA

TAP Vendrame^a, GF Devides^a, FSA Silva^a,
F Latini^a, AJP Cortez^a, CP Armoni^a,
LM Castilho^b

^a Associação Beneficente de Coleta de Sangue
(COLSAN), São Paulo, SP, Brasil

^b Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP),
Campinas, SP, Brasil

Introdução: As variantes RhCE são mais frequentes em indivíduos afrodescentes e estão relacionadas principalmente com o alelo RHCE*ce, que codifica antígenos c e e parciais e pode silenciar antígenos de alta frequência, como os antígenos HrB e HrS, caracterizando um sangue raro, já que estes antígenos estão presentes em quase 100% da população. A identificação das variantes RhCE é realizada exclusivamente por técnicas de biologia molecular, entretanto os achados sorológicos, como a detecção da fraca expressão dos antígenos são importantes para reconhecer um antígeno variante e direcionar a investigação molecular. O objetivo deste trabalho foi investigar amostras de hemácias de doadores e pacientes com alteração fenotípica dos antígenos RhCE. **Metódos:** Quinze amostras de hemácias de doadores de sangue e 6 amostras de pacientes que apresentaram alteração na expressão fenotípica dos antígenos RhCE com antissoros monoclonais utilizados na rotina sorológica em tubo, gel e microplaca foram caracterizadas por biologia molecular através das técnicas de PCR-RFLP e sequenciamento Sanger. Os clones utilizados para a fenotipagem dos antígenos RhCE foram: MS-24 e MS8011531019 (Anti-C), MS-33 e MS8011531019 (Anti-c), MS-260, MS-80, MS-906, MS-80 e MS-258 e MS80115310119 (Anti-E), MS-16, MS-21, MS-63 e MS80115310119 (Anti-e) dos fabricantes BioRad, Lorne, Fresenius, Immucor e Grifols. **Resultados:** A variante RHCE*ceJAL associada ao fenótipo c parcial foi encontrada em 2 amostras e reagiu apenas com o antissor MS-33 (Biorad) enquanto que a mesma variante associada ao fenótipo e parcial foi encontrada em 4 amostras e apresentou diminuição na expressão com todos os antissoros monoclonais e técnicas utilizadas. O alelo RHCE*ceMO que codifica o fenótipo e parcial e c parcial foi encontrado em 2 amostras e ambas com reatividade reduzida nos testes em tubo mas com reatividade normal em gel teste com os clones dos antissoros anti-c e anti-e utilizados. A variante alélica RHCE*ceJU foi encontrada em uma amostra que apresentou fraca expressão do antígeno E com todos os

antissoros testados em tubo com exceção do clone MS-80 (Fresenius), que não apresentou reatividade. O alelo RHCE*ceAR associado aos fenótipos c-parcial e e-parcial encontrado em 4 amostras apresentou fraca expressão dos antígenos c parcial e e parcial com os clones MS-33 e MS-21, MS-16, MS-63 (Fresenius). O alelo RHCE*ceVS.01 (n=4) associado ao fenótipo e-parcial reagiu fracamente (2+) em 4 amostras apenas nos testes em tubo, enquanto que o mesmo alelo associado ao antígeno c parcial apresentou fraca expressão apenas com o clone MS-33 (BioRad e Fresenius) em uma amostra. O antígeno C parcial detectado em 3 amostras derivado do haplótipo (C)ceS apresentou fraca expressão com os clones MS-24 e MS80115310119 (Fresenius e Lorne respectivamente). **Conclusão:** Nossos resultados demonstram a importância do teste em tubo e da utilização de mais que um clone de antissor monoclonal para detecção de variantes RhCE que apresentam fraca expressão na rotina sorológica e assim direcionar a investigação molecular. Esta prática pode ser útil no reconhecimento de um antígeno RhCE variante e na prevenção da aloimunização Rh em pacientes politransfundidos.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.801>

A GE:-13 (GECT-) HETEROZIGOUS AND GE:-14 (GEAR) HOMOZIGOUS PHENOTYPE DETECTED BY RANDOM SCREENING FOR GE:-2 BLOOD DONORS IN BRAZIL

MG Aravechia, TH Costa, HW Jesus, LD Santos,
MB Pereira, MF Sirianni, MDG Messias, CB Bub,
JM Kutner

Hospital Israelita Albert Einstein (HIAE), São Paulo,
SP, Brazil

Aims: We report a rare case of GE:-13 and GE:-14 phenotype blood donor identified by random screening during blood bank routine. **Material and methods:** This is a descriptive work using immunohematology data from immunohematology reference laboratory (LRI) where samples were tested. **Case report:** A 29 year old blood donor, woman, self-declared as african american from the São Paulo city with no history of previous transfusions or pregnancies. Her blood was typed as O RhD+ (C-E+c+e+) and K- and the antibody screening was negative in gel cards. The phenotypes identified as Ge:-2,3 were confirmed by screening for GE:-2 blood group performed by hemagglutination in DG Gel cards using in house anti-Ge2 and others anti-Ge2 and anti-Ge3 from our inventory. Genomic DNA was isolated from donor whole blood and GE genotyping was performed by PCR-SSP techniques for analysis of exons 2, 3 and exon 4. The genetic variations that influence the expression of high-incidence antigens are deletions that involve exons 2, 3, 4 and the single nucleotide exchange (SNVs) in exons regions of the GYPC gene. These mutations, if not studied by molecular tests, may result in serological interpretation errors. Thus, sequencing by Sanger method of GE gene was performed and revealed a nucleotide change 59C>T (Pro20Leu in GPC) in Exon 2 in heterozygous and a nucleotide change 333A>C (non-coding) (Gly19Arg in GPD) in Exon 4 in homozygous state. No other nucleotide changes