

AVALIAÇÃO DOS INDICADORES DE SOLICITAÇÕES TRANSFUSIONAIS PARA O GERENCIAMENTO DA ROTINA LABORATORIAL

FT Biscola, R Fontão-Wendel, M Brito, P Scuracchio, R Achkar, M Erdens, R Fachini, S Wendel

Instituto de Hemoterapia Sírio-Libanês, São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivo: A análise automatizada da imuno-hematologia dos pacientes (tipagem sanguínea ABO e Pesquisa de anticorpos irregulares - PAI) é realizada rotineiramente em horários pré-estabelecidos (amostras processadas em lotes a cada 1h30) em nosso serviço. No entanto, para as solicitações transfusionais urgentes, as análises destas amostras devem ser priorizadas. Desta maneira, é realizada uma avaliação médica de todas as solicitações de sangue e, dependendo da classificação, os exames são realizados imediatamente ou nos lotes de 1h30. O monitoramento desse processo garante a qualidade e a segurança do serviço, considerando que o aumento das solicitações urgentes impacta diretamente na rotina do laboratório. Neste estudo, analisamos nossa experiência de 5 anos de transfusão por meio de dois tipos de indicadores. **Métodos:** Todos os pedidos de transfusão de sangue são pré-classificados pelo departamento médico de acordo com sua urgência clínica, através do uso de marcadores coloridos. O marcador amarelo indica o pedido de transfusão principalmente para pacientes em cirurgia, que tenham amostras coletadas no prazo de 72 horas após a transfusão e apresentem PAI negativo. O marcador azul indica a solicitação para pacientes não cadastrados anteriormente no banco de sangue ou sem resultado de PAI dentro de 72 hs. O percentual de cada marcador (amarelo ou azul) em relação ao número total de solicitações foi analisado mensalmente de 2017 a 2021 como indicadores. Os limites máximos aceitos foram de 2,0% e 5,0% para os indicadores amarelo e azul, respectivamente. Os resultados foram analisados utilizando-se o teste t e $p < 0,05$ foi considerado significativo. **Resultados:** O indicador amarelo mostrou uma redução gradual no percentual de 2017 para 2021 (2,9% em 2017 para 0,7% em 2021) e, consequentemente, observou-se uma evolução progressiva no percentual dos meses em que a meta foi atingida (2017: 0%, 2021: 100%). Para o indicador azul, também foi observada uma redução do percentual de solicitações (2017: 5,7% e 2021: 3,6%), porém, a meta somente foi atingida em todos os meses do ano de 2020. Foi observado que as diferenças estatísticas ocorreram entre 2017/2018 (Indicador amarelo $p = 0,01$, Indicador azul $p = 0,03$) e também entre 2019/2020 (Indicador amarelo $p = 0,04$, Indicador azul $p = 0,01$). **Discussão:** No primeiro período (2017/2018) a redução foi atribuída ao treinamento médico/laboratorial para a classificação adequada das solicitações e, no segundo período (2019/2020) além de um rígido acompanhamento do indicador, houve também a redução das cirurgias eletivas e emergenciais devido à situação imposta pela pandemia COVID-19. **Conclusão:** Segundo os dados apresentados, houve uma redução significativa das solicitações de transfusão urgente entre 2017 e 2021. Essa redução somente foi possível de ser alcançada através da avaliação sistemática dos indicadores. Assim, o uso desta

ferramenta é de extrema importância para garantir a gestão da rotina laboratorial, especialmente em situações urgentes, nas quais contribui diretamente para a segurança do processo.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.936>

IDENTIFICAÇÃO DE HETEROZIGOSE COMPOSTA PARA HEMOGLOBINAS S E HB PORTO ALEGRE POR ASSOCIAÇÃO DE METODOLOGIAS LABORATORIAIS: RELATO DE CASO

GA Bernardino^a, ACM Berti^b, VS Ramos^b, EP Noronha^a, E Belini-Júnior^b

^a Centro de Hematologia e Hemoterapia do Maranhão (Hemomar), São Luís, MA, Brasil

^b Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Três Lagoas, MS, Brasil

Objetivo: Relatar a importância da associação de metodologias laboratoriais para a identificação de heterozigose composta para hemoglobinas (Hbs) S e Porto Alegre (PA). **Material e Métodos:** Amostra de sangue total do paciente, sexo masculino, 2 anos, proveniente do ambulatório do Centro de Hematologia e Hemoterapia do Maranhão (HEMOMAR), foi enviada ao Laboratório de Genética da UFMS/CPTL para diagnóstico molecular de perfil hemoglobínico inconclusivo. Foram realizados hemograma, reticulograma (ADVIA 2120i - Siemens Healthineers), análises cromatográficas (HPLC – Premier Resolution, Trinity Biotech) e análises moleculares (PCR-RE e sequenciamento do gene beta globina – HBB, sequenciador 3770xl DNA analyser). A amostra do paciente foi submetida a novas análises cromatográficas após 4, 10 e 15 dias de coleta. **Resultados:** O hemograma e reticulograma apresentaram os seguintes parâmetros: E = 5,07 milhões/mm³; Hb = 13,4 g/dL; Ht = 38,4%; VCM = 75,8 fL; HCM = 26,5 pg; CHCM = 35,0%; RDW = 15,6%; Reticulócitos = 33.800/mm³; CHr = 28,9 pg; VCMr = 92,9 fL. O perfil cromatográfico realizado no mesmo dia da coleta apresentou Hb S (45,5%), Hb A (40,9%) e Hb A2 (4,4%). Avaliações da mesma amostra, após dias de coleta, apresentaram os seguintes perfis de Hb: após 4 dias de coleta - Hb S (46,4%), Hb A (36,0%), Hb A2(4,2%) e Hb Variante (4,6%) em tempo de retenção relativo (RRT) a Hb S; após 10 dias - Hb S (48,3%), Hb A (19,9%), Hb A2 (4,0%) e dois picos de Hb Variante: um eluindo no RRT de Hb F (9,3%) e outro no RRT de Hb C (15,4%); após 15 dias - Hb S (53,9%), Hb A2(3,9%), e três picos de Hb Variante: um eluindo no RRT de Hb F (10,9%) e outros dois no RRT de Hb C (19,3% e 2,6%). As análises moleculares detectaram a presença de duas mutações no éxon 1 do HBB, HBB:c.20A > T (Hb S) e HBB:c.29C > G (Hb PA), ambas em heterozigose. **Discussão:** O hemograma e o reticulograma apresentaram todos os parâmetros dentro da referência para idade, sem anemia e alterações hematológicas. Em relação à primeira análise cromatográfica foi possível verificar um perfil hemoglobínico sugestivo de S/ β + talassemia silenciosa. No entanto, a partir da observação dos valores do hemograma e do reticulograma, a hipótese de β + talassemia foi excluída e análises moleculares foram realizadas para o diagnóstico

confirmatório evidenciando a presença de mutações correspondentes a Hb S e Hb PA. A Hb PA é uma variante estrutural rara que possui um grupo tiol extra reativo devido à substituição de uma serina por cisteína, o que induz a formação de oligômeros de Hb, entretanto seu portador é assintomático. O perfil cromatográfico dessa Hb muda conforme aumenta-se o período entre a análise e a coleta da amostra, havendo uma diminuição gradual da área do pico que elui no RRT de Hb A e um aumento da área dos diferentes picos em que eluem os oligômeros. **Conclusão:** A associação de diferentes metodologias laboratoriais é fundamental para diagnóstico preciso de hemoglobinopatias. No caso relatado, a combinação das análises realizadas foi crucial para identificação acurada das hemoglobinas variantes, evitando assim a interpretação equivocada dos resultados que poderia levar a tratamentos inadequados dos seus portadores.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.937>

ALTERAÇÕES MUTACIONAIS NA LEUCEMIA LINFÓIDE CRÔNICA

SC Longatti^a, YAR Barros^a, CES Ferreira^a,
RW Silva^b

^a Universidade Católica de Brasília (UCB), Brasília, DF, Brasil

^b Universidade de Brasília (UnB), Brasília, DF, Brasil

Introdução: A Leucemia Linfocítica Crônica é caracterizada pela proliferação clonal e acúmulo de células B maduras ocasionado pelo aumento desordenado na sua produção. Assim, ocorre progressivamente a infiltração de células clonais na medula óssea e outros órgãos do sistema imunológico, como o baço, fígado, e os linfonodos. No hemograma, avalia-se alterações no sangue periférico com a presença de linfocitose de células maduras, pró linfócitos, alguns casos com anemia, trombocitopenia e as manchas de Gumprecht. **Objetivo:** O objetivo desse trabalho é relatar as alterações cromossômicas associadas a Leucemia Linfóide Crônica e como essas mutações podem interferir no prognóstico dessa doença hematológica. **Material e Métodos:** A metodologia utilizada na realização desse trabalho foi pautada em uma pesquisa bibliográfica nas bases de dados eletrônicas: PubMed, Scielo, LILACS e portal da Capes. As palavras-chaves utilizadas para a busca foram: “Leucemia linfóide crônica”, “alterações cromossômicas”, “proliferação clonal”. Para elaboração dessa análise, foram considerados artigos publicados de 2017 a 2022. **Resultado:** Dentre as principais alterações cromossômicas na LLC está a deleção do cromossomo 17, localizado o gene supressor TP53 na banda 17p13. O TP53 codifica a proteína supressora de tumor p53, responsável pela regulação do ciclo celular, apoptose e promoção do reparo do DNA. Ou seja, em condições normais após o dano no DNA, o p53 codificado desencadearia a apoptose ou a parada do ciclo celular até que a célula complete os processos de reparo do DNA. Portanto, devido a alteração do TP53, a proteína p53 não é codificada e por isso, não desenvolve suas diversas funções nas atividades celulares, assim ocorre a replicação de anormalidades genéticas potencialmente prejudiciais. Contudo, existem outras

mutações relacionadas à LLC, como a deleção do 13q, região onde são codificados pequenos genes que regulam a expressão gênica. Há também a trissomia do 12 que pode ocasionar mutações em NOTCH1 e FBXW7, levando a parada da proliferação celular, evasão da apoptose e a deleção do braço longo do cromossomo 11 que abrange o gene supressor de tumor, ATM que está envolvido na ativação e reparação do DNA e regulação do ciclo celular. Além disso, é importante enfatizar que há outro gene envolvido na deleção do 11q, BIRC, quando ativo, promove a proliferação celular. **Discussão:** No caso da LLC, o diagnóstico é feito para avaliar as alterações celulares, o grau de invasão da medula óssea, além de determinar antígenos celulares de superfície, como a expressão dos antígenos das células B, CD5, CD23, baixos níveis de CD20, juntamente com CD43 e CD200. Ademais, revelar as alterações cromossômicas, por meio da técnica de hibridização in situ por fluorescência (FISH), capaz de detectar deleções e adições do material genético, por exemplo, deleção 13q, deleção 11q, deleção do 17p e trissomia do 12 que podem mudar o curso clínico da doença tornando-as mais agressivas, pois essas mutações genéticas estão associadas com a super-expressão ou supressão de genes, os mesmos afetados influenciam na patogênese da doença. **Conclusão:** As mutações associadas aos desfechos da Leucemia Linfocítica Crônica, são encontradas nos genes ATM, BIRC, NOTCH1 e TP53, responsáveis por diferentes atividades celulares que incluem a regulação do ciclo celular, remoção de danos no DNA, indução da apoptose, inibição da proliferação celular e outros. Mas, a mutação causa anormalidades genéticas prejudiciais no desenvolvimento das atividades celulares, por conseguinte ocorrem falhas na reparação do DNA, regulação do ciclo celular, além da infiltração de células e proliferação clonais. Portanto, é necessário avaliar a citogenética de forma efetiva, para analisar a mutação do gene afetado e assim, realizer o tratamento adequado.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.938>

DESEMPENHO DOS SISTEMAS DE CROMATOGRAFIA LÍQUIDA DE ALTA PERFORMANCE (HPLC) NOS MODELOS ULTRA2 RESOLUTION E PREMIER RESOLUTION (TRINITY BIOTECH) PARA OS PERFIS DE HEMOGLOBINAS ANORMAIS

ACM Berti^a, VS Ramos^a, GA Bernardino^b,
E Belini-Júnior^a

^a Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Três Lagoas, MS, Brasil

^b Centro de Hematologia e Hemoterapia do Maranhão (HEMOMAR), São Luís, MA, Brasil

Objetivo: Avaliar o desempenho dos sistemas de Cromatografia Líquida de Alta Performance (HPLC) nos modelos Ultra2 Resolution e Premier Resolution para os perfis de hemoglobinas (Hbs) anormais. **Material e Métodos:** O estudo envolveu 74 amostras de indivíduos adultos enviadas ao Laboratório de Genética e Biologia Molecular – UFMS/CPTL, no período de 2019 a 2021, para diagnóstico laboratorial de