

calafrios, tremores e dor. Aberta investigação de reação transfusional com coleta de nova amostra para repetição dos exames pré transfusionais, laboratoriais e culturas. Foi então confirmada a tipagem A positivo do paciente e da bolsa, a compatibilidade da prova cruzada, assim como a pesquisa de anticorpos irregulares negativa no paciente. Houve positividade do Teste de Antiglobulina Direto (TAD). Os exames laboratoriais foram compatíveis com hemólise discreta sem dano renal ou distúrbio de coagulação. Foi observada queda da hemoglobina de 5,9 para 3,6 g/dL; aumento além da normalidade da bilirrubina total 2,4 mg/dL, indireta 0,9 mg/dL e LDH 569 U/L. O fibrinogênio, creatinina, enzimas hepáticas e haptoglobina encontravam-se dentro da normalidade. As hemoculturas da bolsa e paciente foram negativas. O eluato evidenciou anticorpo Anti-A. Foi então feita hipótese de reação transfusional hemolítica devido anticorpo anti-A proveniente das múltiplas transfusões recentes de CP GS “O”. Feita pesquisa de hemolisina Anti-A no soro dos doadores do grupo “O” das plaquetas utilizadas recentemente nesse paciente, sendo identificadas plaquetas com título de Anti-A (IgM) igual a 256. **Discussão:** No grupo GSH, realizamos a titulação das isoaglutininas Anti-A e Anti-B nas plaquetas de aférese GS “O” de forma identificar os produtos “O” perigosos e, direcionar sua transfusão isogrupo. Porém a hemólise pós transfusão de CP “O” também pode ocorrer principalmente em quando usamos múltiplos CP “O” e, em indivíduos de baixo peso como a população pediátrica. **Conclusão:** A transfusão de plaquetas ABO incompatíveis é uma estratégia bastante difundida devido a necessidade de gestão de estoque, sua eficácia comprovada e baixa ocorrência de hemólise. Os casos de hemólise pós transfusão de plaquetas são mais comuns com a transfusão de plaquetas de aférese do que com as plaquetas randômicas, porém na ocorrência de quadro clínico compatível devemos seguir com investigação complementar.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1160>

TRIAGEM DE DOADORES COM FENÓTIPOS RAROS USANDO PCR DIGITAL EM NANOPLACAS – UM ESTUDO PILOTO

CGR Matosinho, ML Martins, LC Schmidt, MM Godin, KF Rodrigues, MCFS Malta

Fundação Centro de Hematologia e Hemoterapia do Estado de Minas Gerais (Hemominas), Belo Horizonte, MG, Brasil

Introdução: A triagem de doadores de sangue raros (frequência <1/1.000) é necessária para atender a demanda de pacientes com necessidades transfusionais específicas, mas necessita da análise de muitas amostras, o que pode implicar em custos elevados. Nesse contexto, a triagem de doadores em pool é uma estratégia potencialmente útil. **Objetivos:** Analisar a viabilidade da utilização da PCR digital para a triagem de doadores com fenótipos raros utilizando como modelo o fenótipo raro Di(a+b-) (Diego), cuja frequência estimada em Minas Gerais é de 0,01%. **Metodologia:** Pools contendo amostras de doadores com genótipos previamente conhecidos

foram analisados utilizando o equipamento QIAcuity One (Qiagen). Reações de 50 uL contendo Probe PCR master mix (Qiagen), sonda de hidrólise com marcação fluorescente FAM (Thermo Fisher) específica para o alelo DI*A e primers customizados foram aplicadas em nanoplacas de 8.000 partições. As seguintes composições de amostras foram avaliadas: três pools de 25 amostras (25 DI*B/DI*B; 24 DI*B/DI*B + 1 DI*A/DI*B; 24 DI*B/DI*B + 1 DI*A/DI*A), três pools de 50 amostras (50 DI*B/DI*B; 49 DI*B/DI*B + 1 DI*A/DI*B; 49 DI*B/DI*B + 1 DI*A/DI*A) e três pools de 100 amostras (100 DI*B/DI*B; 99 DI*B/DI*B + 1 DI*A/DI*B; 99 DI*B/DI*B + 1 DI*A/DI*A). **Resultados e discussão:** Foi possível identificar uma amostra DI*A positiva em pools de 25, 50 e 100 amostras, assim como discriminar pools contendo amostras homozigotas ou heterozigotas. Simulações utilizando modelo matemático proposto por Regen et al. (2020) indicaram que o tamanho de pool ideal para triagem de homozigotos DI*A/DI*A seria de 84 amostras. **Conclusão:** A PCR digital utilizando nanoplacas apresenta grande potencial para triagem de doadores raros. A definição do número ideal de amostras por pool deve considerar a frequência dos alelos de interesse e a probabilidade de ocorrência concomitante de amostras positivas (homozigotas e heterozigotas) nos pools. Estudos adicionais são necessários para a validação da estratégia. **Apoio financeiro:** Fapemig e Hemominas.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1161>

SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO DE ANTÍGENOS ERITROCITÁRIOS EM TRANSFUSÕES SANGÜÍNEAS – REVISÃO SISTEMÁTICA E META-ANÁLISE

CGR Silva, CGR Matosinho, MM Lobato, LC Schmidt, MC Silva-Malta

Fundação Centro de Hematologia e Hemoterapia do Estado de Minas Gerais (Hemominas), Belo Horizonte, MG, Brasil

Introdução: A análise molecular de grupos sanguíneos em bancos de sangue é geralmente realizada por meio da genotipagem de SNPs, uma estratégia bem estabelecida porém limitada aos principais polimorfismos, o que pode resultar na não detecção de variantes capazes de alterar a expressão antigênica. Para superar essa limitação, técnicas de sequenciamento têm sido aplicadas. **Objetivos:** Avaliar a aplicabilidade do Sequenciamento de Nova Geração (NGS) na determinação de antígenos eritrocitários. **Metodologia:** Foi feita uma pesquisa abrangente na literatura e seleção dos artigos de acordo com critérios pré-definidos, utilizando os guias PRISMA e STROBE. Alelos dos sistemas Kell, Kidd e Duffy foram selecionados como modelo. A metanálise foi conduzida utilizando o software MedCalc. **Resultados e discussão:** As características e resultados dos estudos (proporção de concordância) foram extraídos e a meta-análise foi feita para verificar a concordância entre métodos moleculares padrão e NGS. Dos 864 estudos elegíveis identificados, 11 atenderam aos critérios de inclusão e exclusão e foram selecionados para metanálise. A proporção de concordância agrupada comparando o NGS e outros métodos para os SNVs rs8176058 (Kell), rs2814778,