

partir da seleção de estudos em inglês da base de dados MEDLINE–PubMed (National Library of Medicine, National Institutes of Health) nos anos de 2014 a 2023. Os descritores utilizados foram “Melatonin, hematological cancer, oncology”. **Resultados:** Foram analisados 13 estudos que apresentavam os principais efeitos da melatonina em relação ao seu uso potencial no tratamento de tumores hematológicos. **Discussão:** Os estudos analisados indicaram que esta molécula pode ser utilizada como um agente antioxidante aliviando os efeitos causados devido ao estresse gerado por radicais livres que acabam por impactar o funcionamento das células. Além disso, foi observado células-tronco e hematopoiéticas na medula óssea possuem flutuações diárias impulsionadas por sinais resultantes do ciclo claro e escuro, demonstrando que um equilíbrio entre os mediadores inflamatórios e os níveis de melatonina podem manter a homeostase de leucócitos. Outros dados sugerem que a melatonina apresenta atividade antileucêmica por diferentes mecanismos como a supressão de formação de colônias e também sobrevida global na leucemia. **Conclusões:** A melatonina como sugerem os estudos, é uma molécula promissora como tratamento coadjuvante de cânceres hematológicos visto que até o momento não foi encontrado efeitos colaterais do seu uso. Entretanto, estudos que avaliem a longo prazo os seus efeitos ainda precisam ser realizados para poder ser estabelecida a sua indicação de forma segura para o tratamento auxiliar deste quadro.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1772>

FREQUÊNCIA DOS GRUPOS SANGÜINEOS ABO E RHD ENTRE ALUNOS DE FACULDADE PRIVADA NO ESTADO DE SÃO PAULO

SG Moraes, AF Smanioto, MLM Campos, MP Carlin

Faculdades Integradas Einstein de Limeira, Limeira, SP, Brasil

Objetivos: Determinar a prevalência da distribuição dos fenótipos dos grupos sanguíneos ABO e RhD, dos acadêmicos voluntários de uma Instituição de ensino superior no município de Limeira/SP, além de contribuir de forma indireta para captação de doadores. **Materiais e métodos:** Pesquisa experimental e descritiva. Os testes imuno-hematológicos foram realizados pelo método de hemaglutinação em tubo, com 125 amostras de sangue total coletadas de indivíduos saudáveis de ambos os gêneros, no período de fevereiro a junho de 2023. Para classificação do grupo sanguíneo ABO, foram executadas as tipagens direta e reversa, através da utilização de anticorpos monoclonais (anti-A e anti-B) e reagentes de hemácias (A1 e B). A tipagem RhD foi realizada com anticorpo monoclonal anti-D e controle de Rh. **Resultados:** Entre os voluntários, 15 (12%) eram do sexo masculino e 110 (88%) feminino. A distribuição e frequência dos grupos sanguíneos ABO/RhD dos alunos foram: O positivo com 43 (34,4%), seguidos de A positivo 41 (32,8%), B positivo 22 (17,6%), O negativo 10 (8,0%), B negativo 3 (2,4%), AB positivo 3 (2,4%), A negativo 2 (1,6%) e AB negativo 1 (0,8%). **Discussão:** No Brasil, os grupos sanguíneos O e A juntos abrangem 87% da população e os tipos B e AB, 10% e 3% respectivamente.

No período avaliado, ao somar os dois grupos sanguíneos de maior prevalência, O (42,4%) e A (34,4%), observa-se uma predominância total de 76,8%. Os nossos achados corroboram com os resultados encontrados em outros estudos, onde os grupos O e A tem sido o mais frequente, seguidos por B e AB. Aproximadamente 85% da população mundial é constituída de indivíduos RhD positivo, conhecido como fator Rh. Os dados observados neste estudo, não difere dos encontrados para o fator Rh, pois do total de indivíduos avaliados, 109 (87,2%) pertencem ao fator Rh positivo e 16 (12,8%) ao negativo. Devido à baixa frequência desse tipo sanguíneo, é notável a importância de conscientizar a população que possui esse grupo a doar sangue regularmente. **Conclusão:** O estudo avaliou a frequência de grupos sanguíneos do sistema ABO e RhD em acadêmicos. O grupo sanguíneo O RhD positivo foi o de maior prevalência, seguido pelo A RhD positivo. As menores frequências se deram para o grupo sanguíneo AB, RhD negativo. Os resultados comprovam concordância na distribuição das frequências dos grupos sanguíneos encontrado nesse estudo, com os dados da literatura especializada. O conhecimento da fenotipagem sanguínea permite estabelecer possíveis doadores e contribuir para o planejamento assertivo no estoque de hemocomponentes em serviços de hemoterapia. Além disso, foi possível incentivar e conscientizar a população para doação voluntária regular de sangue.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1773>

ANÁLISE E COMPROVAÇÃO DA EFETIVIDADE DIAGNÓSTICA DA BIOLOGIA MOLECULAR PARA DETECÇÃO DE PATÓGENOS CAUSADORES DE SEPSE NA ASSOCIAÇÃO SANTA CASA DA MISERICÓRDIA DE OURINHOS

MA Garcia ^a, EFGD Santos ^b, IR Jarduli ^b, DG Reginato ^b, AF Vasconcelos ^b, PMN Teixeira ^b, FRR Correa ^c, GT Berti ^c, ENP Florentino ^b, JCI Gazola ^{a,b}

^a Centro Universitário das Faculdades Integradas de Ourinhos (UNIFIO), Ourinhos, SP, Brasil

^b Santa Casa de Ourinhos (SCO), Ourinhos, SP, Brasil

^c Laboratório Dr. Monzillo de Ourinhos (LMO), Ourinhos, SP, Brasil

Objetivo: Acompanhar a implantação do diagnóstico de SEPSE por biologia molecular na Santa Casa da Misericórdia de Ourinhos (ASCMO), a fim de demonstrar a efetividade do equipamento de PCR automatizado. **Materiais e métodos:** Realizamos a análise de 30 amostras de pacientes com perfil indicativo de SEPSE em leitos de UTI, estas foram obtidas no período entre maio e novembro de 2022; O equipamento que realizou os testes moleculares foi o HS12 Auto da empresa Mobius®, cuja metodologia principal é técnica de flow chip, onde na membrana deste, existem sondas complementares ao DNA presente na amostra, possibilitando a identificação do patógeno e genes de resistência. **Resultados:** Dentre as 30 amostras estudadas, todas elas foram comparadas com os resultados obtidos pela microbiologia convencional e

antibiograma, ao ver da biologia molecular, apenas 27 amostras apresentaram positividade, onde 1 delas foi constatada como dupla infecção, os valores obtidos foram: 61,3% de *Staphylococcus* spp. (19 amostras positivas, onde 16 apresentaram o gene de resistência *MecA*, 3 não possuíam gene de resistência); 6,4% de *Staphylococcus aureus* (2 amostras); 3,2% de *Streptococcus* spp. (1 amostra); 6,4% de *Pseudomonas aeruginosa* (2 amostras); 3,2% de *Klebsiella pneumoniae* (1 amostra, onde foram detectados os genes de resistência β -lactamase SHV e β -lactamase CTX-M); 3,2% de *Enterococcus* spp. (1 amostra); 3,2% de *Escherichia coli* (1 amostra); 3,2% de *Enterobacteriaceae* (1 amostra); 9,7% de resultados negativos; os resultados obtidos pela microbiologia foram similares, divergindo apenas na *Klebsiella pneumoniae*, onde foram detectadas 2 amostras positivas, sendo 1 delas referente a amostra identificada apenas como *Enterobacteriaceae* e, na ocorrência de 3 amostras positivas para *Acinetobacter baumannii*, correspondentes aos 3 pacientes denominados negativos pela PCR. **Discussão:** Os genes de resistência definidos pelo *flow chip* foram o *MecA*, que concede resistência a Meticilina e a todos os betalactâmicos, os genes β -lactamase SHV e β -lactamase CTX-M indicam resistência a penicilinas e cefalosporinas de 1^a, 2^a e 3^a geração. O paciente que apresentou dupla positividade foi identificado a presença de DNA correspondente a *S. aureus* e *Pseudomonas aeruginosa*, indicando como um patógeno a mais, totalizando 31 bactérias confirmadas. A amostra no qual foi identificado como *Enterobacteriaceae* pelo teste molecular, foi constatada pelo antibiograma como sendo positiva para *Klebsiella pneumoniae*, demonstrando uma falha do equipamento automatizado em detectar o DNA bacteriano, apenas encontrando trechos correspondentes a família das Enterobactérias, não sendo confirmada como *K. pneumoniae*; em relação as amostras negativas, posteriormente confirmadas como *A. baumannii*, constatamos uma falha do aparelho em não identificar genes referente a esse patógeno, visto que o chip possui sondas específicas para essa espécie bacteriana, mas na prática foi observado o contrário. **Conclusão:** Em comparação aos dados obtidos por ambas as metodologias, a técnica de *flow chip* possui uma precisão diagnóstica de 87%, os pontos positivos desse procedimento, temos um menor tempo até o resultado, o que gera uma antibioticoterapia mais efetiva, com um tratamento de início rápido e mais preciso, no entanto a microbiologia convencional, possui menor custo e é classificada como padrão ouro para diagnóstico de SEPSE.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1774>

GENERATION OF HUMAN MACROPHAGE EXPRESSING CHIMERIC ANTIGEN RECEPTORS DERIVED OF CD34+ CELLS FROM UMBILICAL CORD BLOOD FOR THE TREATMENT OF SOLID TUMORS

IC Ovider^a, VJ Silva^a, LF Castro^a, TGM Oliveira^b, RR Almeida^a, SCF Couto^b, VG Rocha^a, RN Ramos^a

^a Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (HC-FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

^b Fundação Pró-Sangue, São Paulo, SP, Brasil

Background: T lymphocytes expressing chimeric antigen receptors (CAR) have been shown to be efficient for treatment of hematologic, but less efficient for solid tumors, due to the great complexity of the tumor microenvironment involving: heterogeneity of tumor antigens, difficulty in maintaining and persisting of immune responses, the immunosuppressive milieu, and the dense extracellular matrix. Thereby, macrophages emerge as an exceptional option for the insertion of CAR molecules, given their functional capacity to infiltrate the tumor matrix, to phagocytose, present antigens and secrete cytokines. **Aim:** To generate human macrophages expressing CAR from umbilical cord blood CD34+ progenitor cells to treat solid tumors. **Methods:** CD34+ umbilical cord cells were isolated, expanded *in vitro* for 07 days and differentiated into macrophages using in either StemSpanTM SFEM II (SP) or RPMI 1640 (RP) media with different combinations of the following cytokines: GM-CSF, M-CSF and IL-3, for additional 10 days. After differentiation, the cells were phenotypically characterized by multi-color flow cytometry and morphology (cytospin) and evaluated for their phagocytic capacity after co-culture with Nalm6 leukemic cell line (ratio 1:3). Subsequently, aiming to set-up a cell transformation protocol we used the piggy-Bac transposon system to insert the green fluorescent protein (GFP) via electroporation on CD34+ cells. **Results:** Our data revealed that 93.3% of the CD34+ differentiated cells were CD64+CD14+CD11b+CD163+CD16+CD86lowCD80lowHLA-DR+ and their morphological evaluation indicate a typical macrophage phenotype when compared to classical monocyte-derived macrophages. The phagocytosis assay showed a percentage of 20.1% and 16.2% when cells were differentiated in SP and RP, respectively. Furthermore, 26.8% of CD34+ cells expressed GFP within 24 hours after electroporation with a viability of 60.7%. **Discussion and conclusions:** Our data indicate that cells differentiated from human CD34+ umbilical cord stem cells showed phenotypic and functional features consistent with human macrophages. In addition, the piggy-Bac transposon system is an interesting protocol for the insertion of CAR molecules in CD34+ cells. Our next steps involve improving the electroporation efficiency of CD34+ cells and the transformation of CAR-expressing CD34+ cells into CAR-macrophages for their functional characterization against solid tumor cell lines.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1775>

ENTENDENDO HEMOLISINAS E SUA IMPORTÂNCIA DA PRÁTICA TRANSFUSIONAL

MA Garcia, LS Pegorer, ACL Ribeiro, GFAD Santos, IM Moraes, MGM Nogueira, MHP Silva, LL Gatti, JCI Gazola

Centro Universitário das Faculdades Integradas de Ourinhos (UNIFIO), Ourinhos, SP, Brasil

Objetivo: Elaborar uma apresentação destacando a importância das hemolisinas em hemoterapia com relação a transfusões não isogrupo, essa palestra foi ministrada aos alunos dos cursos da saúde no Centro Universitário de Ourinhos (Unifio). **Materiais e métodos:** Realizada uma breve revisão