

possivelmente apenas em ABH secretores. Poucos relatos existem da detecção de anti-Lea por técnica de hemaglutinação em indivíduos de fenótipo Le(a-b+) (Judd *et al* , Transfusion). **Caso clínico:** Paciente do sexo masculino, 43 anos, com fratura de fêmur, sem histórico transfusional, foi identificado anticorpo anti-Lea reativo até à temperatura ambiente. A especificidade do anticorpo foi definida em três painéis enzimáticos comerciais (hemácias tratadas com a enzima papaína), com reatividade 3+ de hemaglutinação. Teste da antiglobulina direto negativo. A fenotipagem das hemácias do paciente foi realizada com soros monoclonais, em equipamento Erytra (Grifols Diagnostic Solutions) e mostrou o fenótipo Le(a-b+). **Discussão:** Há uma hipótese de que indivíduos de fenótipo Le(a-b+) são incapazes de formar anti-Lea, devido à presença do antígeno em diversos fluidos e secreções; raros relatos descrevem a detecção de anti-Lea em indivíduos de fenótipo Le(a-b+). O anticorpo anti-Lea formado por indivíduos Le(a-b-) pode ser diferente do formado pelos indivíduos Le(a-b+). Um estudo mostrou que enquanto 87% dos anti-Lea formados por indivíduos Le(a-b-) foram hemaglutinantes, nenhum dos anticorpos anti-Lea formados por indivíduos Le(a-b+) foi capaz de causar hemaglutinação, tendo sido detectados apenas por ensaio imunoenzimático (ELISA). Além disso, segundo esse estudo, enquanto 85% dos anti-Lea de indivíduos Le(a-b-) tem um componente IgG, nenhum dos anti-Lea formado por indivíduos Le(a-b+) tem IgG detectável. Chan & Lin em 2011 descrevem 10 pacientes de fenótipo Le(a-b+) com presença de anti-Lea detectado por LIAT (Real time PCR) e considera a possibilidade de haver relação com variante molecular Fut3. No presente relato, mostramos a presença de anti-Lea em paciente de fenótipo Le(a-b+), detectado por técnica de hemaglutinação, e reativo em temperatura ambiente.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.1465>

UTILIZAÇÃO DA PLATAFORMA DIGITAL REDCAP NO GERENCIAMENTO DE AMOSTRAS RARAS PROPORCIONANDO UMA MELHOR EFICIÊNCIA NA GESTÃO DO LABORATÓRIO DE REFERÊNCIA EM IMUNOHEMATOLOGIA

TH Costa, EP Bastos, LD Santos, MG Aravechia, CB Bub, JM Kutner

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

Introdução: A plataforma digital RedCap (Research Electronic Data Capture) foi desenvolvida para projetos de pesquisas clínicas na área da saúde e é muito utilizada na coleta e consulta de dados online, na elaboração de relatórios personalizados, garantindo o máximo de precisão, segurança e rapidez na obtenção de informações disponibilizadas para pesquisadores. **Objetivo:** O objetivo deste estudo é demonstrar a aplicabilidade da ferramenta RedCap, na rotina de um Laboratório de Referência em Imunohematologia (LRI) de forma a atender os padrões de qualidade dele que é o inventário de amostras raras. **Materiais e métodos:** A implementação da plataforma RedCap no setor de

imunohematologia do banco de sangue do Hospital Israelita Albert Einstein iniciou-se com a configuração dos dados personalizados direcionados ao inventário de amostras raras dentro desse software. Os dados foram construídos digitalmente ou foram importados do sistema informatizado através do Microsoft Excel, PDF ou CSV. Um total de 500 amostras raras (n = 300 hemácias, n = 200 soros) foram migrados do Excel (pastas físicas Hemateca e Soroteca) para o software RedCap. Os dados pertencentes as amostras de hemácias e soros raros foram organizados de acordo com a sua identificação, fator raro e localização em butijão criogênico ou freezer, respectivamente. Através de uma lógica de programação foi possível compor os fenótipos eritrocitários de cada hemácia. **Discussão:** Uma vez implementado o inventário de amostras raras, o colaborador pode logar o programa RedCap tanto para inserir quanto para excluir uma amostra do relatório; pode criar painéis de hemácias selecionadas para exclusão de anticorpos e pode gerenciar melhor o estoque de hemácias e soros raros através da obtenção de relatórios e gráficos estatísticos. **Conclusão:** A plataforma RedCap possui muitos recursos de pesquisa e esta observação demonstrou que é possível construir um inventário de amostras raras congeladas digital para atender uma das exigências da AABB. O software personalizado permite a organização dos dados facilitando o acesso às informações das amostras, reduzindo a impressão de papéis e esforços necessários para o gerenciamento manual dessas amostras.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.1466>

A NOVEL C.954G>T CHANGE (P.TRP318CYS) IN KLF1 GENE RESULTING IN AN IN(LU) PHENOTYPE

CSR Araujo ^{a,b}, BA Machado ^b, JS Palaoro ^b, TDD Santos ^c, B Telles ^c, F Latini ^d, T Vendrame ^d, CP Arnoni ^d, L Castilho ^c

^a Universidade de Passo Fundo (UPF), Passo Fundo, RS, Brazil

^b Hospital São Vicente de Paulo - Serviço de Hemoterapia, Passo Fundo, RS, Brazil

^c Hemocentro- Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brazil

^d Associação Beneficente de Coleta de Sangue (COLSAN), São Paulo, SP, Brazil

Background: Lua and Lubare inherited as codominant allelic characters resulting from a single nucleotide variant (SNV) of the basal cell adhesion molecule (BCAM) gene. Red cells of the dominantly inherited suppressor of the Lutheran antigens In(Lu) phenotypically appear as Lu(a-b-) by hemagglutination and can result from heterozygosity for variants within the erythroid-specific Krüppel-like factor 1 (KLF1) gene, an integral transcriptional activator for erythropoiesis. We investigated a sample from a 81-year old Caucasian Brazilian female patient with discrepant Lua and Lub RBC phenotyping and genotyping testing. **Methods:** Serologic testing was performed by hemagglutination in gel using specific cards (Bio-Rad, Cressier, Switzerland) and molecular testing was

performed by HEA BeadChip (Immucor, Warren, NJ). Because of the discrepant serology and HEA for Lua and Lub phenotypes, Sanger sequencing of BCAM and KLF1 was also performed. **Results:** The patient RBCs typed Lu(a–b–) and HEA predicted a Lu(a+b+) phenotype. Genomic sequencing of BCAM showed the patient was heterozygous c.230G/A consistent with LU^A/LU^B genotype and revealed the common polymorphism c.586G/A (rs28399654) that does not impact the expression of Lutheran antigens. In KLF1 the novel c.954G>T in exon 3 encoding p.Trp318Cys was found. The change c.954G>C encoding the same amino acid change was previously reported associated with the In(Lu) phenotype and this allele has been assigned KLF^BBGM62 by ISBT. **Conclusion:** Recognizing In(Lu) patients is important to provide better classification of KLF1 variants affecting Lutheran antigens expression and allow for phenotype prediction from genotype, accurate typing, and better transfusion management of related challenging transfusion scenarios.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.1467>

ASSISTENTIAL DIAGNOSIS OF RED CELL TRANSFUSIONS WITH ANTIGEN MATCHING IN PATIENTS WITH HEMOGLOBINOPATHIES AS A BASIS FOR THE DEVELOPMENT OF A COMPUTER SYSTEM ENABLING THE MANAGEMENT OF RARE BLOOD

CSR Araujo^{a,b}, BA Machado^b, JS Palaoro^b, SL Castilho^c, LMA Filho^c, MK Roman^a, EJ Schorner^d, A Pasqualotti^a, L Castilho^e

^a Universidade de Passo Fundo (UPF), Passo Fundo, RS, Brazil

^b Hospital São Vicente de Paulo - Serviço de Hemoterapia, Passo Fundo, RS, Brazil

^c HEMORIO, Rio de Janeiro, RJ, Brazil

^d HEMOSC, Florianópolis, SC, Brazil

^e Hemocentro- Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brazil

Background: The advancement of personalized medicine and the use of precise matching to a patient with specific antigen profile, particularly for chronically transfused populations, such as those with sickle cell disease and thalassemia, has increased the request for rare blood. **Aims:** The objective of this study is to present data aimed at diagnosing patients and donors with rare blood types as a basis for the development of a computer system enabling risk management related to rare blood. **Methods:** A cross-sectional study analyzing data from 3,647 patients with hemoglobinopathies at the Rio de Janeiro Blood Center, Brazil, was conducted as a partial diagnosis to identify patients with rare phenotypes. The institution's rare donor registry was also accessed to assess blood availability for these patients. **Results:** The absence of multiple common antigens and other rare phenotypes such as Kp (b–), Jk(a–b–), Lu(b–), K+k–, U–, Js(b)–, Hy–, Uvar Jo(a–) were identified in these patients. Rare phenotypes resulting from RH variants in sickle cell patients were also identified, such as DAR, DIIIa, DAU5, hrB–. In twenty (32.3%) patients, 28

antibodies were identified. The mean red blood cell transfusion was 14 units. One hundred sixteen donors with phenotypic profiles corresponding to these patients were identified. However, we found that there are more patients with rare phenotypes than blood donors and that the number of compatible donors is insufficient to meet the transfusion need of the patients. **Summary/ conclusions:** Based on the assistential diagnosis of compatible transfusions conducted in these patients with hemoglobinopathies, which demonstrates the shortage of donors with rare phenotypes for performing transfusions with precise matching, we propose a modeling for the development of a computer system that allows for better identification and monitoring of patients and donors with rare phenotypes, preventing associated complications, and enhancing blood transfusion processes in the most optimized way that best suits the reality of blood centers.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.1468>

ALOIMUNIZAÇÃO ERITROCITÁRIA APÓS TRANFUSÃO DE CONCENTRADO DE HEMÁCEAS EM PACIENTES ATENDIDOS NOS HOSPITAIS EM BELO HORIZONTE – MINAS GERAIS

CT Delamain^a, CT Delamain^b, DTRFD Santos^b, VHI Guidini^a, ALC Moraes^b, BC Printz^b, CT Matos^c, LM Martinelli^c, PC Gontijo^{b,c}, MT Delamain^{b,c}

^a Pontifícia Universidade Católica de Campinas (PUC-Campinas), Campinas, SP, Brasil

^b Faculdade de Ciências Médicas de Minas Gerais (FCM-MG), Belo Horizonte, MG, Brasil

^c Vita Hemoterapia - Belo Horizonte - Grupo Pulsa, Belo Horizonte, MG, Brasil

Objetivos: Descrever os anticorpos identificados na aloimunização eritrocitária em pacientes que receberam transfusão de concentrado de hemácias (CH) em Belo Horizonte. Adicionalmente, busca-se analisar a relação entre a aloimunização e variáveis como sexo, idade e número de transfusões de CH recebidas. **Material e métodos:** Foram avaliados os pacientes atendidos nos diversos hospitais de Belo Horizonte, pela Vita Hemoterapia, que receberam transfusões de CH e que desenvolveram aloimunização. Os dados foram coletados, a partir dos registros do sistema informatizado e NotiVisa, referentes a sexo e idade do paciente, número de transfusões recebidas antes da aloimunização e o tipo de anticorpo identificado, através da técnica de gel centrifugação. A análise estatística foi conduzida para avaliar a prevalência de aloimunização e sua associação com as variáveis estudadas. **Resultados:** Entre o período de dezembro de 2022 a dezembro de 2023, foram identificados 73 pacientes que desenvolveram aloimunização após receberem transfusão de CH. Em relação a população analisada, foram identificados 31 (42,4%) pacientes do sexo masculino e 42 (57,5%) do sexo feminino, com média de idade de 63,5 anos. Ao analisarmos o número de CH transfundidos previamente à aloimunização, identificamos que 51 (69,9%) pacientes