

Levantamento de dados em sistema informatizado dos testes realizados na rotina maternidade pós-nascimento no período de junho/2023 a junho/2024 em dezoito hospitais atendidos pelo Grupo GSH. **Resultados:** No período analisado foram realizados 53.492 atendimentos a Rotina Maternidade pós-nascimento. Desses, 2.693 (5% das amostras testadas) apresentaram resultado PAI positiva. Considerando apenas os resultados de PAI positiva, em 2485 amostras foi identificado aloanticorpo com especificidade anti-D (92,28% dos testes positivos), dos quais 20 amostras apresentaram associação com outros anticorpos. Dentre as outras identificações (7,72% das amostras positivas) foram identificados aloanticorpos com especificidade anti-M (61 amostras – 2,27%), anti-E (61 amostras – 2,27%), anti-c (24 amostras – 0,89%), anti-Lea (23 amostras – 0,85%), anti-Dia (14 amostras – 0,52%), anti-C (5 amostras – 0,19%), anti-K (4 amostras – 0,15%), anti-e (01 amostra – 0,04%) e outros antígenos somaram 52 amostras (1,93%). A conclusão da identificação somente não foi possível em 01 amostra (0,04%). **Discussão:** Existe grande preocupação relacionada à aloimunização materna pelo antígeno “D” do Sistema Rh devido seu alto poder imunogênico e potencial de hemólise com manifestações clínicas importantes, e é segundo a literatura o anticorpo com o maior número de identificações. Entretanto, a aloimunização por outros antígenos eritrocitários pode ocorrer e as consequências clínicas dependem das características do anticorpo desenvolvido e também de outros fatores. Anticorpos dos sistemas Rh e Kell, por exemplo, podem ocasionar manifestações clínicas importantes ao feto e, inclusive causar também a Doença Hemolítica Perinatal (apesar de ser mais raro). A presença dessa incompatibilidade entre mãe e bebê pode levar à necessidade de transfusões intrauterinas, exsanguineotransfusão, fototerapia e até prolongar a internação do recém-nascido. Com isso, o presente estudo sugere que a inclusão da Pesquisa de Anticorpos Irregulares na Rotina Pré-Natal para mulheres Rh positivas mostra-se relevante. **Conclusão:** A implementação da Pesquisa de Anticorpos Irregulares em todas as gestantes, independentemente do resultado ABO/Rh, possibilita a detecção precoce de outros aloanticorpos potencialmente envolvidos em Doença Hemolítica Perinatal e pode auxiliar na tomada de decisões assistenciais à mãe e ao bebê.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.1481>

USO DA FERRAMENTA STRING PARA ANÁLISE DE INTERAÇÕES E TEXTMINING DAS PROTEÍNAS EXPRESSAS POR GENES FORMADORES DE ANTÍGENOS ERITROCITÁRIOS

RS Oliezer^{a,b}, ES Ferreira^b

^a Hemocentro de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, SP, Brasil

^b Núcleo de Hemoterapia de Franca, Franca, SP, Brasil

Introdução: A ferramenta *String* usa dados de vários bancos genômicos e proteômicos para criar redes de interações proteína-

proteína, tanto funcionais quanto físicas. Além disso, a ferramenta usa textmining para converter textos de artigos científicos em dados úteis para diversas áreas das ciências. Compreender as interações entre proteínas é essencial para elucidar processos biológicos e patológicos. Atualmente, não há estudos sobre as interações entre genes que expressam proteínas dos fenótipos eritrocitários. A análise das interações no sistema *String* pode esclarecer essas relações e fornecer informações valiosas. **Objetivos:** : Analisar as interações das proteínas codificadas por genes formadores de antígenos eritrocitários. **Material e métodos:** : Análise de interações entre genes que expressam proteínas relacionadas aos fenótipos eritrocitários (ABO, Rh, Kell, Duffy, Kidd e MNS) usando o banco de dados *String*. Ele fornece um score para essas interações, calculado como o log10 da razão entre o número observado de interações e o número esperado em uma rede aleatória de tamanho equivalente. **Resultados:** : O ABO (gene ABO, ISBT 001) interage fortemente com os genes FUT1 e FUT2, com scores de 0,934 e 0,927, respectivamente, e também apresenta interações com outros genes FUT (3, 5 e 6). O ABO apresenta também interação de textmining com todos os genes citados. Os genes do sistema Rh (RH e RHCE, ISBT 004) mostram alta interação e co-expressão entre si. O RHD interage fortemente com RHAG, GYPB e CD47 (scores acima de 0,940), enquanto o RHCE interage com RHAG, GYPB, GYPB, GYPB, TMEM50A e CD47 (scores acima de 0,930). O sistema KEL (gene KEL, ISBT 006) possui alto valor de score com 3 genes que expressam proteínas de membrana: XK, XKR3 e XKRX; e com o RDN3. O FY (gene ACKR1, ISBT 008), do sistema Duffy tem alta interação com CXCL8, TNFRSF14, CCL2, NECTIN1 e CXCL1, todos com scores acima de 0,993, e textmining também com todos os citados com scores acima de 0,987. O JK (gene SLC14A1, ISBT 009) do sistema Kidd mostra interações com CFB, GATA1, SLC4A1, KEL e RHCE, variando de altos a médios scores, respectivamente. Os genes do MNS (GYPB e GYPB, ISBT 002), interagem entre si com um score de 0,999 e também com scores altos com os genes SLC4A1, RHAG e RHCE. Além disso, GYPB interage com ANK1 e GYPB com CD47. **Discussão:** : O sistema ABO interage com os genes FUT devido ao seu papel na formação do antígeno H e na codificação de glicosiltransferases. Os genes RHD e RHCE interagem com RHAG, que codifica uma glicoproteína associada ao sistema Rh, e com CD47 (assim como GYPB), uma proteína de membrana. O sistema KEL interage com a RDN3, que codifica a Endotelina-3, potencialmente influenciando a expressão dos antígenos KEL. O FY interage com interleucinas-1 e -8, a quimiocina MCP-1, o receptor HVEM e a Nectina-1; exceto a Nectina-1, todas as interações estão relacionadas ao sistema imunológico. O JK interage com o CFB, que codifica o fator B do sistema complemento; GATA1, importante para a hematopoiese; e SLC4A1, que codifica a proteína AE1 essencial nas hemácias. O MNS interage com o ANK1, crucial para a integridade das hemácias. **Conclusão:** : Esses resultados clarificam as redes de interação entre proteínas e podem ajudar a esclarecer processos biológicos e patológicos dos fenótipos eritrocitários. Há ainda muito a explorar sobre o proteoma humano, especialmente em relação às proteínas relacionadas aos fenótipos sanguíneos, abrindo assim caminhos para novas pesquisas na área.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.1482>