

utilizando Random Forest foi desenvolvido em modelo para a classificação dos plasmócitos. **Resultados e discussão:** O algoritmo mostrou-se eficaz na identificação rápida de plasmócitos, utilizando os 88 casos como base de treinamento. Foram definidos 10 metacusters pelo FlowSOM, e o modelo de randomForest demonstrou um desempenho geral excelente, com uma alta acurácia (95,41%, IC entre 93-97%) e um índice Kappa significativo (85%). Embora não tenha sido possível, nesse primeiro estudo piloto, identificar as variações fenotípicas nas populações plasmocitárias devido a baixa frequência das células na maioria das amostras, o algoritmo conseguiu identificar e caracterizar a população de plasmócitos anômalos, alertando o analista para sua presença. A identificação de anormalidades é um controle interno extremamente importante, principalmente para os marcadores CD117 e CD56, além dos marcadores CD19 e variação do CD45 para acompanhamento. O modelo destaca essa população e a aborda de forma intuitiva, permitindo uma rápida tomada de decisão por parte do analista. **Conclusão:** O algoritmo desenvolvido apresenta uma abordagem inovadora como ferramenta para auxiliar na detecção das células plasmáticas, permitindo maior agilidade na identificação dessas células. No entanto, a capacidade de caracterizar diferentes populações plasmocitárias ainda necessita de aperfeiçoamento, o que será o próximo passo em nosso desenvolvimento.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.299>

AVALIAÇÃO DO CUSTO DE REPETIÇÕES DE EXAMES DE CLASSIFICAÇÕES SANGÜÍNEAS EM UM HOSPITAL UNIVERSITÁRIO

RHT Vasconcelos, IB Silva, CA Alves, HRS Brito, JUV Lacerda, NAC Tavares

Unidade de Análises Clínicas e Anatomia Patológica, Hospital Universitário Lauro Wanderley, João Pessoa, PB, Brasil

Introdução: Nos processos de determinações laboratoriais as interferências pré-analíticas são as mais frequentes. Dentre os fatores que a etapa pré-analítica pode interferir está a solicitação de exames desnecessários ou repetidos, causando aumento da demanda, sobrecarga profissional e custos elevados. No Brasil, assim como em outros países, as despesas com exames laboratoriais representam cerca de 5% dos custos com a assistência à saúde e 25% dos custos com diagnósticos. Um dos exames que é apontado como desnecessário a sua repetição na mesma unidade hospitalar é a classificação sanguínea, visto que sua determinação não é modificada. Dessa maneira a repetição da solicitação desse tipo de exame gera custos financeiros e operacionais em laboratórios de análises clínicas. **Objetivo:** Avaliar o custo financeiro da repetição de exames de classificação sanguínea solicitados pela unidade de obstetrícia de um Hospital Universitário. **Material e métodos:** Foram analisados os resultados de classificações sanguíneas provenientes de pacientes atendidos na unidade de obstetrícia do Hospital

Universitário Lauro Wanderley (HULW) durante um período de 15 dias. As amostras foram processadas na Unidade de Análises Clínicas e Anatomia Patológica do HULW, tendo sido a análise realizada no setor de Hematologia através de técnica em tubo. A classificação sanguínea ABO foi feita com a prova direta e reversa e a classificação Rh com a prova direta. Os resultados obtidos foram analisados descritivamente e estatisticamente. **Resultados:** Durante o período analisado foram solicitadas 188 classificações sanguíneas, provenientes da unidade de obstetrícia do HULW, das quais 27% foram do tipo A, 19% do tipo B, 6% do tipo AB, 48% do tipo O, 81% foram positivas e 9% negativas. Dessas classificações realizadas, 9 foram repetidas (5%). **Discussão:** Considerando a taxa de repetição de exames desnecessários e o custo individual dos reagentes através da técnica utilizada no período de 15 dias houve um gasto desnecessário de R\$25,00, sem considerar os custos com o material de coleta de sangue, como tubos, seringas, agulhas e equipamentos de proteção individual. Ao longo de tempos maiores o custo financeiro pode ser muito maior. Além disso, exames realizados sem necessidade trazem sobrecarga de trabalho aos profissionais e demora no atendimento. Esse custo financeiro e operacional poderia ser minimizado antes da prescrição dos mesmos através de conferência pelos profissionais prescritores dos resultados anteriores no prontuário do paciente. **Conclusão:** O custo de repetição de exames desnecessários é uma realidade que foi comprovada ao analisar um tipo de exame em uma unidade no hospital em estudo. Essa realidade pode ser minimizada através de sistemas de gestão laboratorial.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.300>

COVID-19 - HEMATOLOGIA GERAL

CORRELAÇÃO ENTRE O TIPO SANGÜÍNEO E A SUSCEPTIBILIDADE DE INFECÇÃO PELO SARS-COV-2: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

BLS Boaventura

Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia, MG, Brasil

Objetivos: Fazer uma investigação dentre os trabalhos já publicados se o tipo sanguíneo aumenta a susceptibilidade ao desenvolvimento da doença Covid-19, provocada pela SARS-CoV-2. Além disso, se confirmada, investigar em qual ponto da doença essa correlação ocorre. **Material e métodos:** Foi feita uma busca sistemática por artigos publicados entre janeiro de 2020 e dezembro de 2021 nas bases de dados PubMed, Science Direct e LitCovid, utilizando os seguintes descritores: “Covid-19”, “SARS-CoV-2”, “ABO” e “blood group”. **Resultados:** Mediante a pesquisa inicial nas 3 bases de dados citadas, o número total de artigos encontrados foi de 186.157. Após aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, o número final de artigos trabalhados foi estabelecido como 44. Dentre os artigos selecionados, 28 deles se classificam como estudos

retrospectivos, 6 são revisões bibliográficas, 5 cartas ao editor, 2 estudos de caso controle, um epidemiológico, um de coorte e uma pesquisa baseada em questionário. **Discussão:** Das 44 publicações analisadas neste trabalho, 29 alegaram existir algum nível de correlação entre o tipo sanguíneo e a infecção pela Covid-19 e 15 argumentaram contra essa associação. Sobre a Susceptibilidade, a maioria dos trabalhos traz que o tipo sanguíneo A é mais susceptível a ter suas células infectadas pelo vírus e o tipo sanguíneo O possui maiores mecanismos de proteção contra esta entrada. O antígeno A estimula a modulação de receptores contendo ácido siálico na membrana das células por meio de interações carboidrato-carboidrato, o que pode maximizar a ligação da proteína S na membrana celular e consequentemente a sua entrada na célula hospedeira. Além disso, existe uma semelhança estrutural significativa entre a subunidade 1 da proteína S e uma parte do antígeno A das células epiteliais, o que também pode levar a esta interação e influência na susceptibilidade. Já o fator protetivo relacionado ao tipo sanguíneo O vem que ao sair da célula, o vírus utiliza partes da própria membrana da célula hospedeira para criar a sua membrana. Ao fazer isso, ele pode acabar incorporando partes dos antígenos ABO na sua proteína S, criando epítomos. Ao sair desta célula e tentar infectar outras células de outros hospedeiros, estes epítomos podem ser reconhecidos por anticorpos sanguíneos naturais deste novo hospedeiro. Pessoas do tipo O possuem ambos anticorpos Anti-A e Anti-B, tendo maior capacidade de reconhecer estes epítomos em vírus que previamente infectaram indivíduos dos tipos A, B ou AB e agirem como neutralizadores, em um certo nível agindo de maneira protetiva. **Conclusão:** Os dados encontrados nos trabalhos contemplados nesta revisão sugerem uma maior susceptibilidade do tipo A à infecção e um maior efeito protetivo tanto na susceptibilidade quanto no desenvolvimento da doença em indivíduos do tipo O. Estas correlações existem, porém não são o suficiente para serem determinantes no processo da infecção pela Covid-19 e necessitam de mais pesquisas para elucidar esta associação e quais os seus mecanismos exatos.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.301>

ANÁLISE DA INFLUÊNCIA DOS GENES TBX21 E IFNG NA GRAVIDADE E NO DESFECHO DE INDIVÍDUOS INFECTADOS PELO SARS-COV-2

MR Ywamoto, LF Ananias, ACDM Carneiro, ACCH Cunha, CR Carminati, LQ Pereira, V Rodrigues-Júnior, SCSV Tanaka, H Moraes-Souza, FB Vito

Universidade Federal do Triângulo Mineiro (UFTM), Uberaba, MG, Brasil

Objetivo: Avaliar se a expressão dos genes codificadores do fator de transcrição T-bet (TBX21) e da citocina IFN- γ (IFNG) está relacionada com o desfecho e a gravidade em pacientes com COVID-19. **Materiais e métodos:** Foram analisadas 92

amostras de sangue periférico de pacientes diagnosticados com COVID-19 em hospitais do município de Uberaba/MG no ano de 2020. A molécula de RNA foi extraída e quantificada por espectrofotometria e, em seguida, foi realizada a reação de transcrição reversa para a obtenção do DNA complementar (cDNA). A quantificação relativa dos genes TBX21 e IFNG foi avaliada utilizando a técnica de PCR em tempo real (RT-qPCR). **Resultados:** Em relação ao gene TBX21, a mediana da quantificação da expressão das amostras dos indivíduos que obtiveram alta foi 1,73 vezes maior do que aqueles que foram a óbito (0,033 versus 0,019) porém, a diferença não foi estatisticamente significativa ($p=0,6774$); e, em relação ao gene IFNG, a mediana daqueles que foram a óbito foi 2,25 vezes maior do que os pacientes que receberam alta (0,004 versus 0,009), também sem significância estatística ($p=0,4318$). Em relação à gravidade, o valor da mediana da quantificação da expressão do gene TBX21 em pacientes com quadro leve/moderado foi 2,11 vezes maior (0,038 versus 0,018), porém o resultado não foi significativo ($p=0,3370$); quanto ao IFNG, o valor da mediana da expressão das amostras dos pacientes com quadro grave foi duas vezes maior (0,003 versus 0,006), mas, também, não estatisticamente significante ($p=0,4631$). **Discussão:** É relatada na literatura que a infecção por SARS-CoV-2 contribui com uma condição hiper inflamatória conhecida como tempestade de citocinas resultante de uma maior expressão de citocinas pró-inflamatórias como IFN- γ , que se relaciona com uma maior gravidade dos casos de paciente infectados. Em relação ao T-bet, não há um consenso a respeito de que variações em sua expressão estejam relacionadas a um determinado prognóstico na COVID-19. Apesar de não terem sido observadas diferenças estatisticamente significativas, sugerem que a maior expressão de IFN- γ associa-se com a gravidade da doença, o que corrobora os resultados da literatura, justamente devido a formação da tempestade de citocinas. Considerando a expressão relativa de T-bet, os resultados sugerem que quanto maior a sua expressão relativa, melhor será o prognóstico, o que pode ser justificado por esse fator de transcrição estar relacionado à diferenciação dos linfócitos TCD4+ Th1, levando a uma maior resposta diante da infecção pelo vírus. **Conclusão:** Este estudo revelou que a expressão gênica de TBX21 e IFNG não estão relacionadas com a gravidade ou o desfecho de indivíduos com COVID-19, apesar dos resultados medianos indicarem associações, o que poderia ser confirmado por um aumento do número amostral e, assim, auxiliar na elucidação da resposta imune e terapêutica da infecção pelo SARS-CoV-2.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.302>

É POSSÍVEL PREDIZER OS FATORES DE RISCO EM PACIENTES INTERNADOS POR COVID—19 ATRAVÉS DA RELAÇÃO NEUTRÓFILO-LINFÓCITO?

MVL Stela ^{a,b}, MF Barros ^{a,b}