

ID - 413

VALIDAÇÃO DO ANTICORPO MONOCLONAL ANTI-TRBC1 EM CONJUNTO COM O ANTI-TRBC2 PARA AVALIAÇÃO DE LINFÓCITOS T EM LABORATÓRIO DE CITOMETRIA DE FLUXO

DGA Oliveira, FC Menezes, F Sgnotto,
AP Starnini, CMS Ferreira, MA Vieira,
MLR Beirigo, DS Nogueira, VA Silva, JC Azevedo,
FVR Maciel, MCA Silva

Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da
Universidade de São Paulo (HCFMUSP), São Paulo,
SP, Brasil

Introdução: O diagnóstico das neoplasias de linfócitos T representa um desafio clínico-laboratorial, exigindo a avaliação de múltiplos fatores, como histórico clínico, exames morfológicos, imunofenotípicos e genéticos. A diferenciação entre linfocitose reacional e condições neoplásicas é particularmente complexa, principalmente devido à ausência de anticorpos monoclonais específicos para identificar linfócitos T monoclonais. Atualmente, a pesquisa dos rearranjos do receptor de células T (TCR) por biologia molecular é o método mais utilizado para superar essa dificuldade. No entanto, trata-se de uma técnica de alto custo, complexa e sujeita a falsos positivos, especialmente em condições inflamatórias. Sabe-se que, durante o rearranjo gênico dos linfócitos T, quando há expressão do TCR alfa-beta, duas regiões constantes podem ser formadas: TRBC1 e TRBC2. Cada linfócito expressa irreversivelmente apenas uma dessas regiões, assim, a análise dessas isoformas, por citometria de fluxo, pode implicar em uma avaliação mais sensível e específica da população clonal, permitindo uma separação mais precisa das células. **Objetivos:** Avaliar a aplicação isolada do anticorpo monoclonal TRBC1 e comparar com sua utilização em conjunto com o anti-TRBC2, a fim de avaliar o desempenho dos anticorpos combinados e validar sua aplicação no laboratório de citometria de fluxo. **Material e métodos:** Foram analisadas 20 amostras, distribuídas em 3 grandes grupos, sendo: controle, doente e casos em investigação. Para realizar a análise comparativa, adotamos a avaliação isolada do TRBC1 como padrão-ouro e, posteriormente, analisamos os mesmos casos utilizando a combinação dos anticorpos TRBC1 e TRBC2, de acordo com a população celular, CD4 ou CD8. **Resultados:** Durante a análise isolada do TRBC1, percebemos que 70% dos casos apresentaram policlonalidade, enquanto 30% se mostraram clonais, ao passo que ao avaliar em conjunto o TRBC1 com o TRBC2, encontramos 65% de casos policlonais e 35% clonais, atribuímos esta diferença à maior facilidade em separar as populações ao usar os anticorpos em conjunto, uma vez que a utilização isolada do TRBC1 pode ficar arrastada quando analisada contra o SSC. Apenas em casos onde se observou imunofenótipo anômalo foi identificada monoclonalidade pela avaliação do TRBC1, ao passo que 23,8% dos casos em que a pesquisa de monoclonalidade foi realizada por biologia molecular apresentavam imunofenótipo normal, confirmando que a avaliação de monoclonalidade T por biologia molecular apresenta alta sensibilidade e baixa especificidade na triagem destas doenças. **Discussão e**

conclusão: A análise do TRBC1 em conjunto com o TRBC2 se mostrou sensível e específica, quando comparada ao padrão-ouro utilizado no laboratório de citometria de fluxo (TRBC1 isolado), demonstrando maior facilidade em separar as populações celulares, principalmente em casos difíceis, cujo a expressão do TRBC1 se mostra fraca ou de difícil separação. Ademais, o ponto de corte mais utilizado estabelecido pela literatura (<15% ou >85%) pode não indicar o melhor ponto de separação, tornando ocasionais casos limítrofes ou falsos-negativos. Desta forma, faz-se necessário mais estudos em relação ao valor de referência para a análise desses anticorpos em conjunto.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.104345>

LEUCEMIA LINFOIDE CRÔNICA E OUTRAS DOENÇAS LINFOPROLIFERATIVAS CRÔNICAS

ID - 2162

ALTERAÇÕES CITOGENÉTICAS NA LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÔNICA

R Romano, IS Barbosa, T Borgonovo, VR Jamur,
SK Nabhan, AP Azambuja

Complexo Hospital de Clínicas (CHC), Universidade
Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, PR, Brasil

Introdução: A Leucemia Linfocítica Crônica (LLC) é uma doença caracterizada por heterogeneidade biológica e clínica significativa. Enquanto a maioria dos pacientes apresenta um curso indolente, alguns podem apresentar manifestações mais agressivas, com resistência ao tratamento e redução na sobrevida. **Objetivos:** O objetivo deste estudo foi identificar alterações cromossômicas detectadas por hibridização in situ por fluorescência (FISH) em pacientes com diagnóstico de LLC e correlacioná-las com o prognóstico da doença. **Material e métodos:** Foi realizada uma análise retrospectiva de pacientes com diagnóstico de LLC acompanhados ambulatoriamente no Hospital das Clínicas da UFPR, entre janeiro de 2006 e junho de 2024. Utilizou-se a análise cromossômica por bandejamento G convencional e o protocolo FISH em células fixadas de sangue periférico, conforme as instruções do fabricante. O painel utilizado foi o Vysis CLL FISH probe (Abbott, USA), que inclui quatro sondas: LSI ATM (11q22.3), LSI TP53 (17p13.1), CEP12 (12p11.1-q11), LSI D13S319 (13q14.3 e 13q34). Os laudos foram elaborados de acordo com a nomenclatura internacional (ISCN, 2016). **Resultados:** Foram analisadas amostras de sangue periférico de 52 pacientes com LLC (30 homens, 22 mulheres), idade mediana 65 anos (24–92) e seguimento mediano 4,8 anos (0,15–27). Segundo a classificação de Binet: 30 foram classificados como A, 9 como B e 13 como C. Houve diferenças significativas entre grupos Binet na hemoglobina, plaquetas e leucócitos ($p < 0,05$). A citometria de fluxo mostrou padrão típico (CD5, CD23, CD200 positivos; CD22, CD79a, IgM, FMC7 negativos/baixa expressão). A citogenética convencional foi realizada em 47 pacientes (88,7%), com alterações em 16. O FISH foi realizado em todos os pacientes e detectou alterações em 48 (87,3%): del(13q) em 37 (67,3%), trissomia 12