

contribuindo para a caracterização de pacientes com TAD positivo. A inclusão dos marcadores do complemento (C3c, C3d e C4) na investigação é relevante, pois essas frações podem indicar hemólise e processos inflamatórios exacerbados, auxiliando na definição da conduta médica. O uso desse recurso fortalece a integração entre dados laboratoriais e avaliação clínica, promovendo maior segurança e precisão na condução terapêutica dos pacientes.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105688>

ID – 107

VALIDAÇÃO DE REAGENTES NA IMUNOHEMATOLOGIA AUTOMATIZADA: EXPERIÊNCIA PRÁTICA NA ROTINA COM O EQUIPAMENTO NEO IMMUCOR

FS Silva, FRM Latini, AJP Cortez, CP Armoni, TAP Vendrame

Colsan Associação Beneficente de Coleta de Sangue, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: O controle de qualidade de reagentes na Imunohematologia é essencial para que os resultados dos testes laboratoriais sejam precisos e confiáveis. Apesar da existência de regulamentações, como da Portaria de Consolidação nº 5/2017 do Ministério da Saúde, ainda não há uma padronização específica voltada para reagentes utilizados em metodologias automatizadas, o que representa um desafio na padronização dos testes e na avaliação do controle de qualidade. Diante disso, o laboratório tem investido em processos contínuos de validação, assegurando a liberação de resultados cada vez mais confiáveis nos testes realizados manualmente ou automatizados. **Objetivos:** Descrever a metodologia de validação interna dos reagentes utilizados na rotina automatizada de Imunohematologia no equipamento Neo Immucor. **Material e métodos:** Validação realizada diretamente no equipamento automatizado de metodologia em microplaca e fase sólida, com execução dos testes em condições reais da rotina. **Resultados:** Os reagentes utilizados na rotina automatizada são testados com amostras de fenótipo conhecido para garantir a especificidade dos resultados. Para antissoros utilizados na tipagem sanguínea (anti-A, anti-B, anti-AB, anti-D, controles de Rh, anti-C, anti-c, anti-E, anti-e e anti-K), são utilizadas amostras dos fenótipos A, B, AB, além dos fenótipos R1r, R2r, R0r, R1R1, R2R2, rr, r'r, r'r', K+ e K-, com três amostras de cada. Também são validados os reagentes utilizados para testes de pesquisa de anticorpos irregulares, D fraco, controle de testes (Panoscreen I/II, Capture-R Control Set Weak Pos/Neg, Capture-R Ready Indicator Red Cells e Checkcell) e microplacas (Capture-R Select e Capture-R Ready Screen Pooled Cells), com uso mínimo de uma amostra positiva e uma negativa para cada caso, onde se avalia a reatividade e especificidade de todos os testes. Os critérios de aceitação incluem a concordância entre os resultados obtidos e dos fenótipos previamente selecionados, além da intensidade de reação dentro da faixa esperada, com base nas normativas nacionais. A inspeção visual dos reagentes, análise de rótulo e bula é realizada conforme descrito pelo Ministério da Saúde, assim como

a avaliação de reagentes de diluição (LISS e Specimen Diluent), que devem apresentar pH neutro e não promover hemólise ou aglutinação das hemácias. **Discussão e conclusão:** O controle de qualidade dos reagentes imunohematológicos deve ser uma prática contínua nos laboratórios, contribuindo diretamente para a confiabilidade dos testes e segurança transfusional. Mesmo sem normativas específicas para reagentes utilizados em metodologias automatizadas, é essencial definir protocolos internos bem descritos e criteriosos. A execução dos testes diretamente no equipamento automatizado, nas mesmas condições da rotina, permite identificar variações inesperadas, prevenir falhas e garantir resultados mais seguros. A experiência do nosso laboratório mostra que a validação, o monitoramento constante e a padronização dos processos são fundamentais para garantir a confiabilidade dos testes, a segurança transfusional e contribuir para a melhoria contínua do serviço.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105689>

ID – 373

VAMPIRE: ALGORITMO PARA ANÁLISE DE DADOS DE NGS E IDENTIFICAÇÃO DE VARIANTES GENÉTICAS DO SISTEMA SANGÜÍNEO RH

DBP Galdino^a, ES Rodrigues^b, AR Lenz^a, LBMDO Chagas^b, DGL Laroque^b, FLS Santos^b, S Kashima^b, RT Calado^b, VDS Fonseca^a, D Frias^a

^a Departamento de Ciências Exatas e da Terra – I, Colegiado de Sistemas de Informação, Universidade do Estado da Bahia (UNEB), Salvador, BA, Brasil

^b Centro Regional de Hemoterapia de Ribeirão Preto, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

Introdução: A caracterização de amostras quanto à expressão do antígeno Rh é de grande importância para os bancos de sangue, tanto na gestão de estoques de doadores quanto na seleção de unidades transfusionais adequadas para pacientes que necessitam de transfusão. No entanto, amostras que apresentam variantes do sistema Rh exigem testes adicionais, como ensaios moleculares, para a correta identificação da variante presente. Nesse contexto, o Sequenciamento de Nova Geração (NGS) tem se destacado por seu potencial na descoberta de novas variantes e na análise de um grande número de amostras simultaneamente. Entretanto, a previsão precisa de fenótipos sanguíneos a partir de dados de NGS requer conhecimento imunogenético aprofundado, e atualmente há uma carência de ferramentas computacionais de fácil utilização capazes de fornecer tipagem sanguínea precisa. As ferramentas disponíveis, geralmente baseadas em linha de comando, estão restritas a poucas instituições e demandam conhecimentos técnicos avançados, o que reforça a necessidade de soluções com interfaces mais amigáveis. **Objetivos:** Com esse objetivo, foi desenvolvida a ferramenta web VAMPIRE (Variant Analyzer by Mutation Profile In Red-

blood cell Epitopes), voltada para a análise de dados de NGS e caracterização de alelos dos genes RHD e RHCE. **Material e métodos:** A plataforma é capaz de processar amostras de NGS, identificar e agrupar mutações nos genes RHD e RHCE, e associá-las a fenótipos específicos com base nas tabelas da Sociedade Internacional de Transfusão Sanguínea (ISBT). **Resultados:** O VAMPIRE demonstrou alta precisão na identificação de SNPs relevantes nos exons dos genes RHD e RHCE, os quais determinam fenótipos como RHD fraco, RHD parcial e DEL. O novo algoritmo VAMPIRE trabalha em conformidade com as versões mais atualizadas das tabelas do ISBT, o que facilita a interpretação clínica e científica dos dados genômicos. Além disso, a ferramenta gera relatórios completos contendo os SNPs identificados, alelos associados e outros metadados relevantes, proporcionando uma análise detalhada da variabilidade genética no sistema Rh e simplificando o processo de tipagem molecular. **Discussão e conclusão:** Em conclusão, o VAMPIRE tem o potencial de se tornar uma ferramenta valiosa para bancos de sangue e laboratórios de imuno-hematologia, superando as limitações metodológicas existentes, como escalabilidade, reprodutibilidade e precisão na genotipagem de alelos do sistema sanguíneo Rh. Apoio financeiro: FUNDHERP, CTC (2013/08135-2), INCTC (465539/2014-9), FAPESP (2017/26950-6).

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105690>

ID - 1199

VARIANTES ALÉLICAS RHD E SUAS IMPLICAÇÕES PARA QUALIFICAÇÃO DE DOADORES DE SANGUE DO CENTRO DE HEMATOLOGIA E HEMOTERAPIA DE SANTA CATARINA

D Siegel, ES Fernandes, A Leal, GdSC de Jesus, EJ Schörner

Centro de Hematologia e Hemoterapia de Santa Catarina (HEMOSC), Florianópolis, SC, Brasil

Introdução: O sistema Rh é o segundo sistema mais importante em transfusões sanguíneas. Ele é composto por vários antígenos, sendo o mais imunogênico o antígeno D. Mesmo com baixa expressão, pode determinar formação de anticorpos em indivíduos RhD negativos. Além disso, alguns classificados como positivos, apresentando o fenótipo RhD parcial/fraco, também podem produzir anti-D se expostos à proteína. Assim, é relevante possuir um histórico no hemocentro e registrar as informações junto aos doadores, com orientações transfusionais e acompanhamento durante as gestações. **Objetivos:** Avaliar o impacto da aplicação de metodologias complementares para a classificação do fenótipo RhD e determinar a frequência dessas variantes RhD em amostras de doadores de sangue provenientes do Centro de Hematologia e Hemoterapia de Santa Catarina (HEMOSC). **Material e métodos:** Foram analisados os resultados da fenotipagem RhD negativo e genotipagem dos doadores de sangue do HEMOSC, entre novembro/2023 e maio/2025. As amostras RhD negativo por hemaglutinação em microplaca (NEO-Immucor), foram conduzidas para teste de D- fraco por fase

sólida. Para detectar alguns fenótipos RhD variantes, as amostras com resultados de fenotipagem C+E- ou C+E+ foram submetidas a adsorção-eluição com anti-D IgG (clone ESD1). Resultados indicativos da presença do antígeno D, foram direcionados para biologia molecular. **Discussão e conclusão:** Os resultados deste estudo permitem demonstrar o perfil dos doadores de sangue do HEMOSC, destacando o registro de um caso que ainda não havia sido descrito. Apesar da limitação do soro monoclonal para adsorção-eluição, pois pode não identificar alguns tipos de RhD variantes, a combinação de fenotipagem RhCE, adsorção-eluição e testes moleculares fornece uma abordagem para triagem de doadores, reduz o risco de aloimunização anti-D e reações transfusionais hemolíticas. As 38.815 amostras com fenótipo RhD-negativo consistiram em 37.421 ccee (96,4%), 377 ccEe (1,0%), 894 Ccee (2,3%) e 123 CcEe (0,3%). Após adsorção-eluição em 1017 amostras, 6 (0,60%) amostras Ccee e 1 (0,10%) CcEe foi classificada como RhD positivas; e 1.010 (99,31%) apresentaram resultado negativo. A genotipagem foi conduzida nas amostras RhD positivas detectadas pela metodologia de adsorção-eluição e concluídas como D fraco tipo 38 (4 amostras) ou D fraco parcial tipo 11 (2 amostras) e, uma das amostras apresentou a mutação c.338T>A, com alteração do aminoácido p.lle113Asn, ainda não descrita na literatura. Anterior à implantação do protocolo interno para realização de adsorção-eluição também para a fenotipagem Ccee, os doadores foram concluídos como RhD negativo e foram liberadas 17 bolsas, porém, considerando a rastreabilidade e que dois concentrados de hemácias foram transfundidos em receptores RhD positivo, não houve aloimunização para o antígeno nos cinco casos investigados. Mesmo com poucos casos da associação do fenótipo ccEe com variantes RhD, é importante também sua inclusão em protocolos de qualificação de doadores de sangue. Após uma revisão exploratória da literatura, evidenciou-se escassez de dados das taxas de aloimunização anti-D em RhD tipos 38 e 11. Isso ocorre devido à baixa frequência dessas variantes em âmbito internacional, especialmente quando comparado ao cenário brasileiro. O mapeamento das variantes de RhD da população de doadores de sangue do HEMOSC com baixa expressão desta proteína, utilizando a estratégia que se baseia no fenótipo RhCE do indivíduo, é de grande relevância, proporcionando aumento da segurança transfusional.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105691>

CONTROLE DE QUALIDADE DE HEMOCOMPONENTES

ID – 1567

ANÁLISE DA CONCENTRAÇÃO DE FIBRINOGENO EM CRIOPRECIPITADO: CONFORMIDADE COM A LEGISLAÇÃO VIGENTE EM UM SERVIÇO HEMOTERÁPICO EM CURITIBA

G Bodanese^a, AC dos Santos Maia^b, CC Bernardi^b, PT Rodrigues de Almeida^b

^a Instituto Pasquini, Curitiba, PR, Brasil;

^b Hemobanco, Curitiba, PR, Brasil