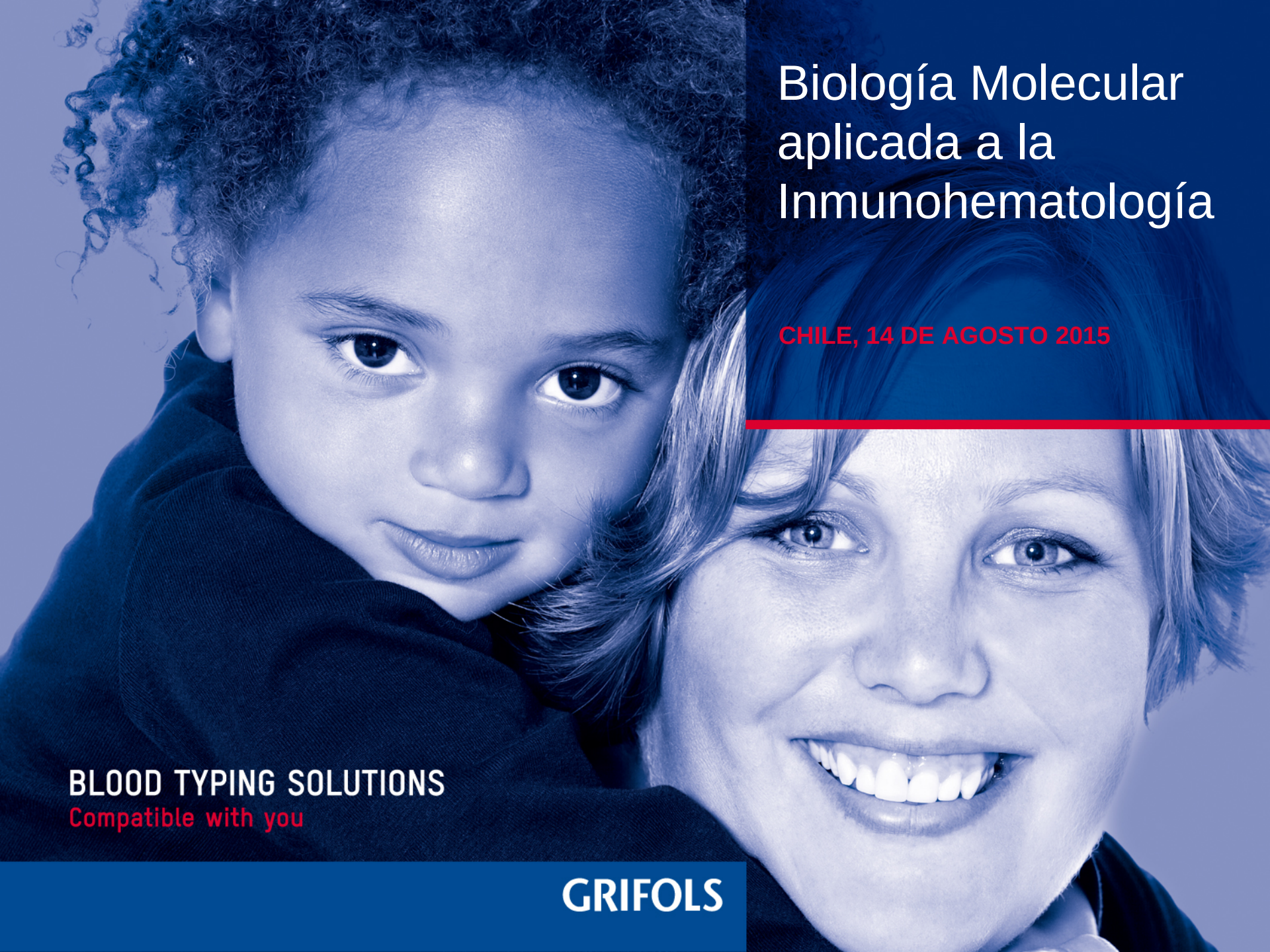




# Biología Molecular aplicada a la Inmunohematología

CHILE, 14 DE AGOSTO 2015

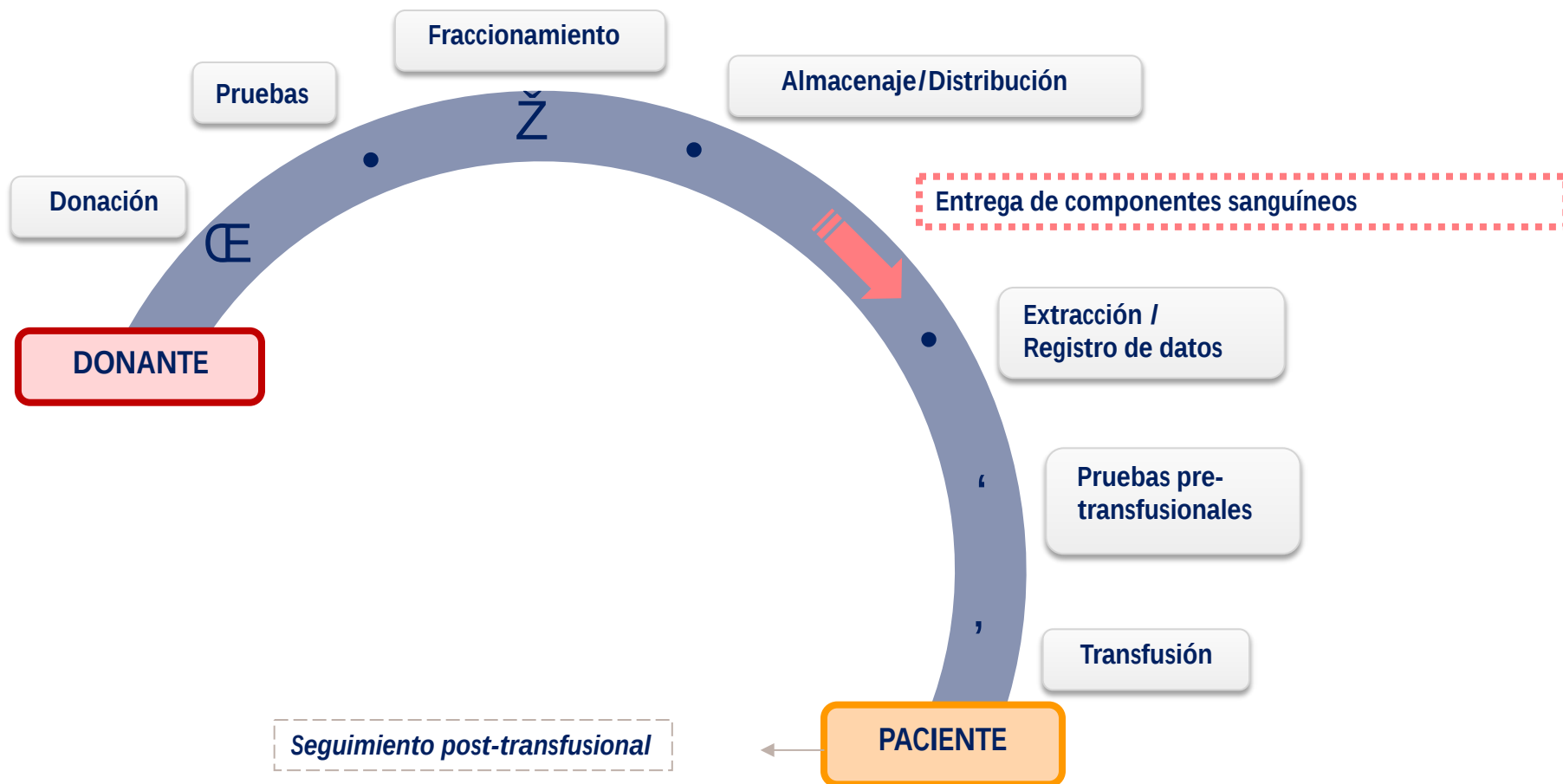
**BLOOD TYPING SOLUTIONS**  
Compatible with you

**GRIFOLS**

# Sumario

- ü Medicina transfusional – Pruebas pre transfusionales
- ü Limitaciones de la Serología
- ü Genotipado Molecular – métodos
- ü Beneficios del Genotipado Molecular
- ü Bloodchip – solución para el Genotipado Molecular
- ü BIDS XT – software de gestión del genotipado Molecular

# Medicina Transfusional



# Pruebas pre-transfusionales

- § En la actualidad, es **obligatorio y necesario** llevar a cabo pruebas pre-transfusionales de compatibilidad antes de empezar cualquier transfusión sanguínea.
- § **Objetivo:** Seleccionar la sangre o componentes sanguíneos más seguros para el receptor con el fin de evitarle cualquier daño.



# Disponibilidad y el desempeño de la serología

- Los antisueros no siempre disponible
- La reactividad depende de los clones
- Técnicas adicionales con frecuencia se aplican (elución-absorción, potenciadores, etc ...) à depende de técnico, conocimientos y habilidades
- La interpretación es a veces subjetiva

Detección a nivel de ADN es independiente de estos.  
Los métodos funcionan igualmente para los diferentes antígenos

Los Kits permiten la detección simultánea de varios antígenos



# Geno tipage Sanguinea



Donor segment



*Predict* antígenos expresos por RBC de donantes y pacientes

Extendida

Detallada

Identificar posibles anticuerpos

*Perfect*

Compatibilizar la bolsa de sangre con el receptor



Patient segment

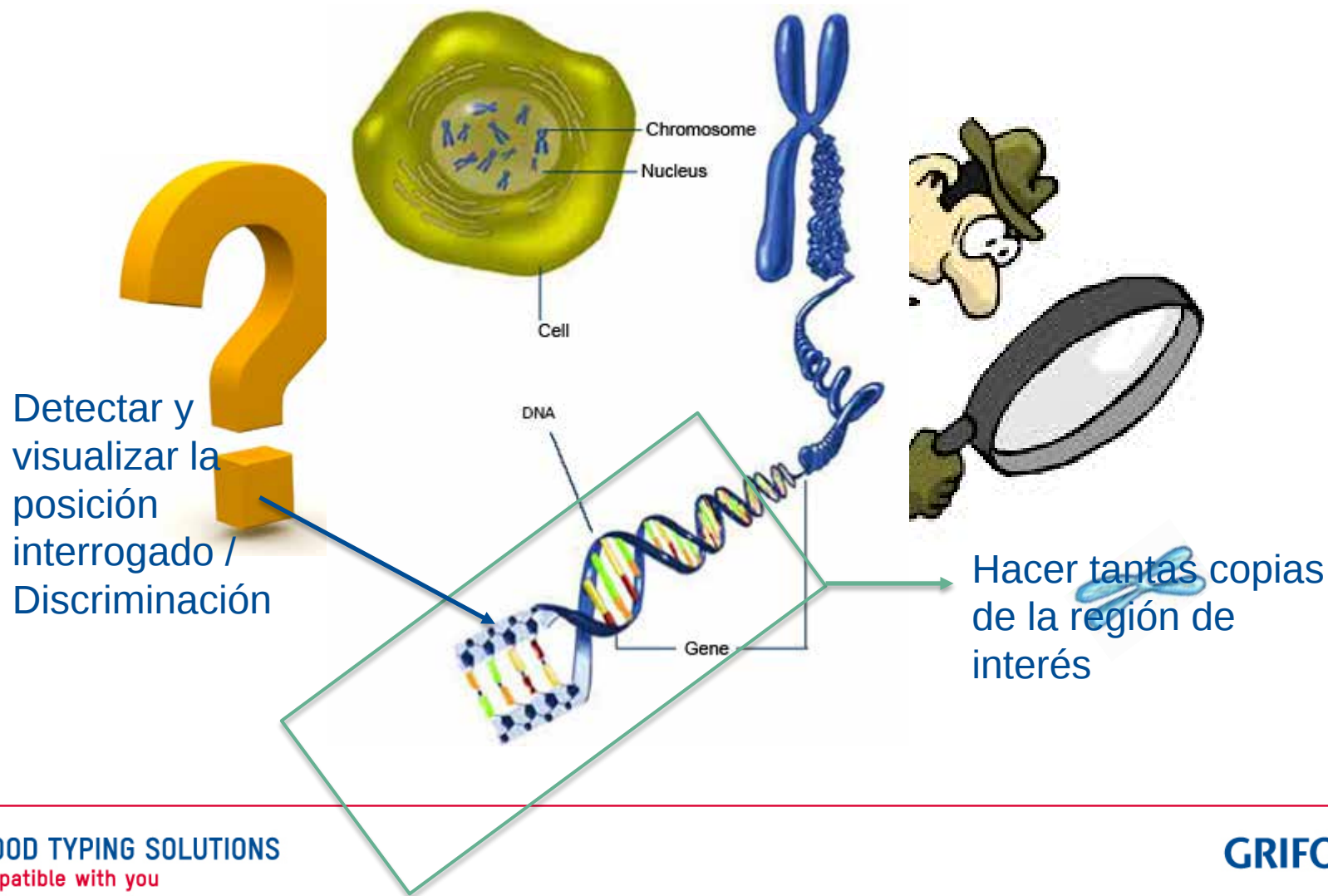
REACTIVO



PREVENTIVO

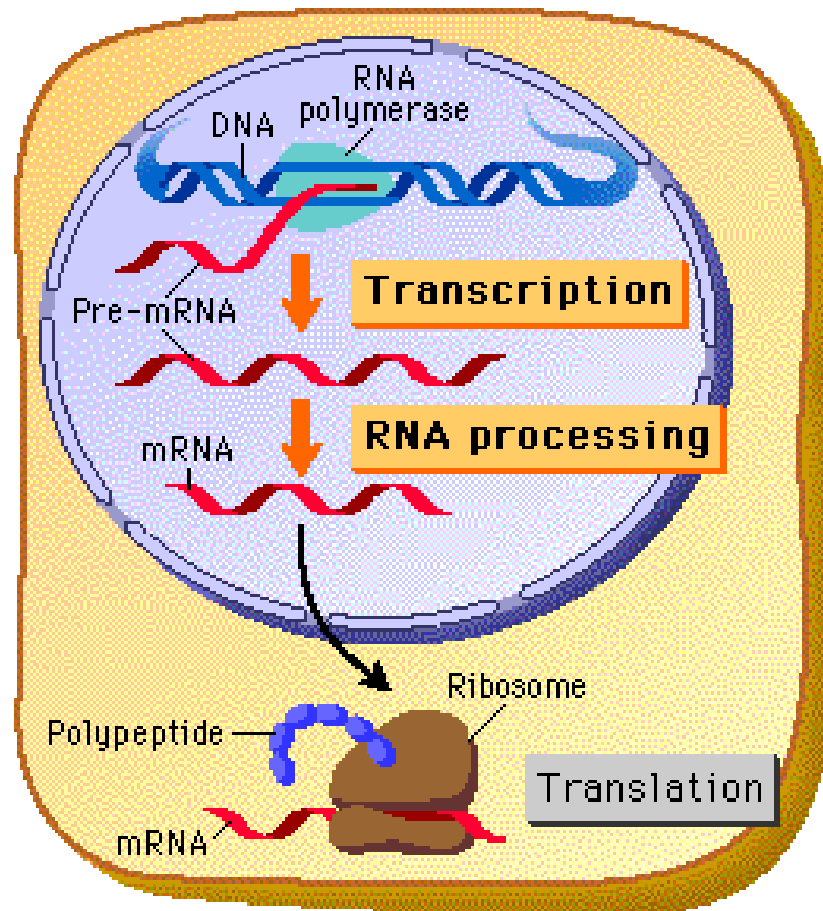
# Genotipado Molecular

- Composición genética de un individuo



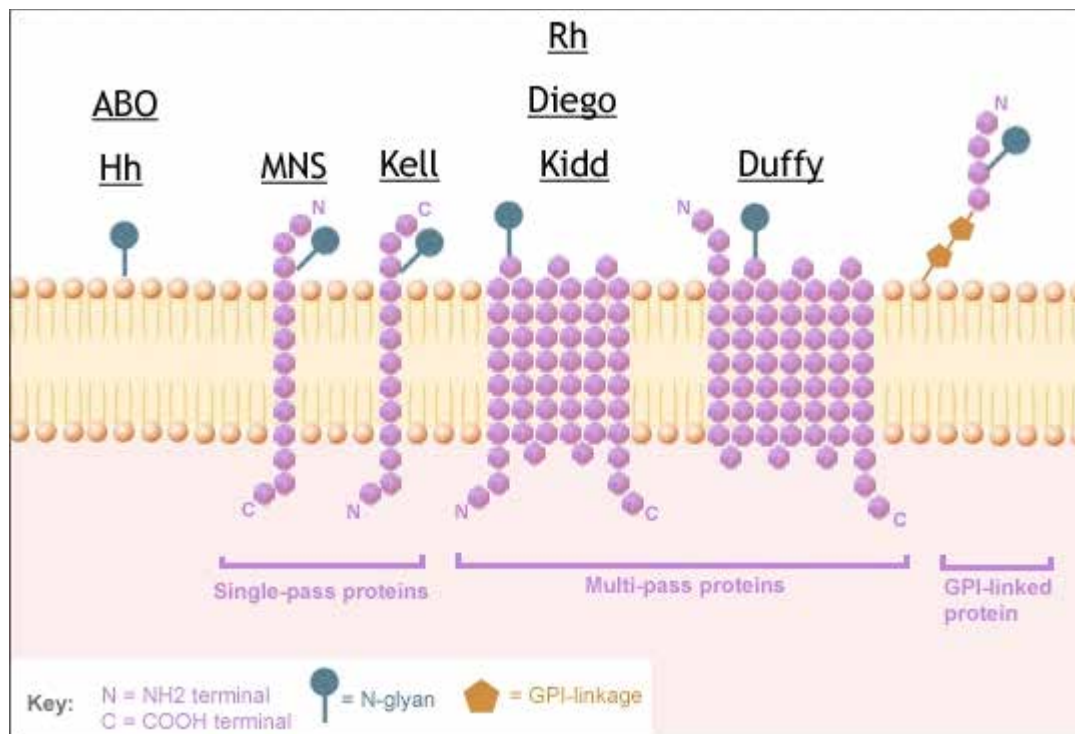
# Central Dogma molecular biology





# Antígenos de las células rojas de la sangre

- En su mayoría proteínas
- ABO es un azúcar (no es un producto del gen primario, pero es sintetizada por transferasas (un producto génico))



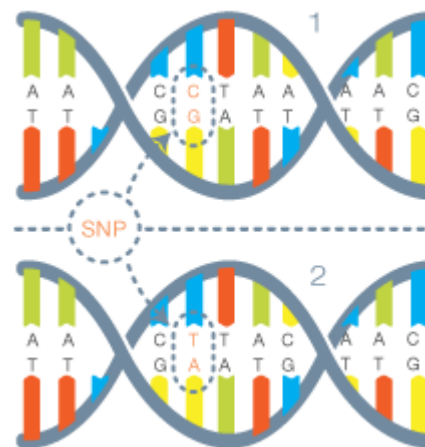
# POLIMORFISMO

- 2 o más formas diferentes

En el nivel de proteína: fenotipo  
(expresión del antígeno)



A nivel de ADN: el genotipo  
(cambio de nucleótido)



Diego B/A. Exon 19 2461C>T  
*DI\*A, DI\*B*

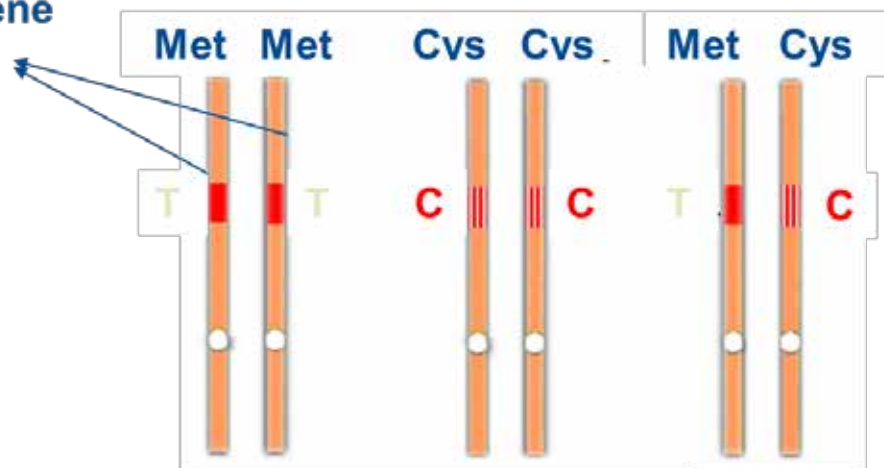
# Bases moleculares: SNP

## ALLELE, GENOTYPE, PHENOTYPE

(KELL K/k: Exon 6, 698T>C)

Two copies of KELL gene

Two alleles T, C



Three genotypes:

|                      |                      |                        |
|----------------------|----------------------|------------------------|
| Homozigous<br>698 TT | Homozigous<br>698 CC | Heterozigous<br>698 TC |
| KK                   | kk                   | Kk                     |

Three phenotypes:

K+k-

K-k+

K+k+

## ¿Cómo nos fijamos en los genes?



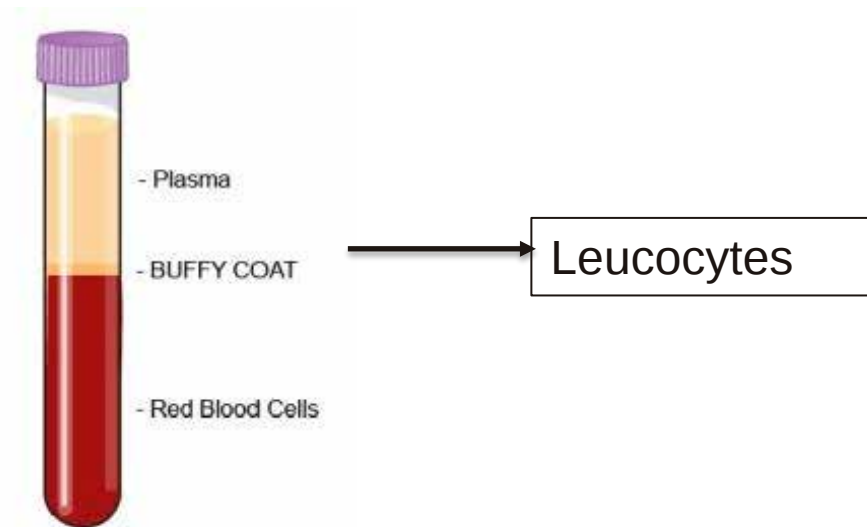
# Muestras necesarias: ADN

- Celulas Nucleadas

- **Sangre entera**
- **Saliva**
- **Aminiocitos**
- ....

- MÉTODO DE EXTRACCIÓN DE ADN

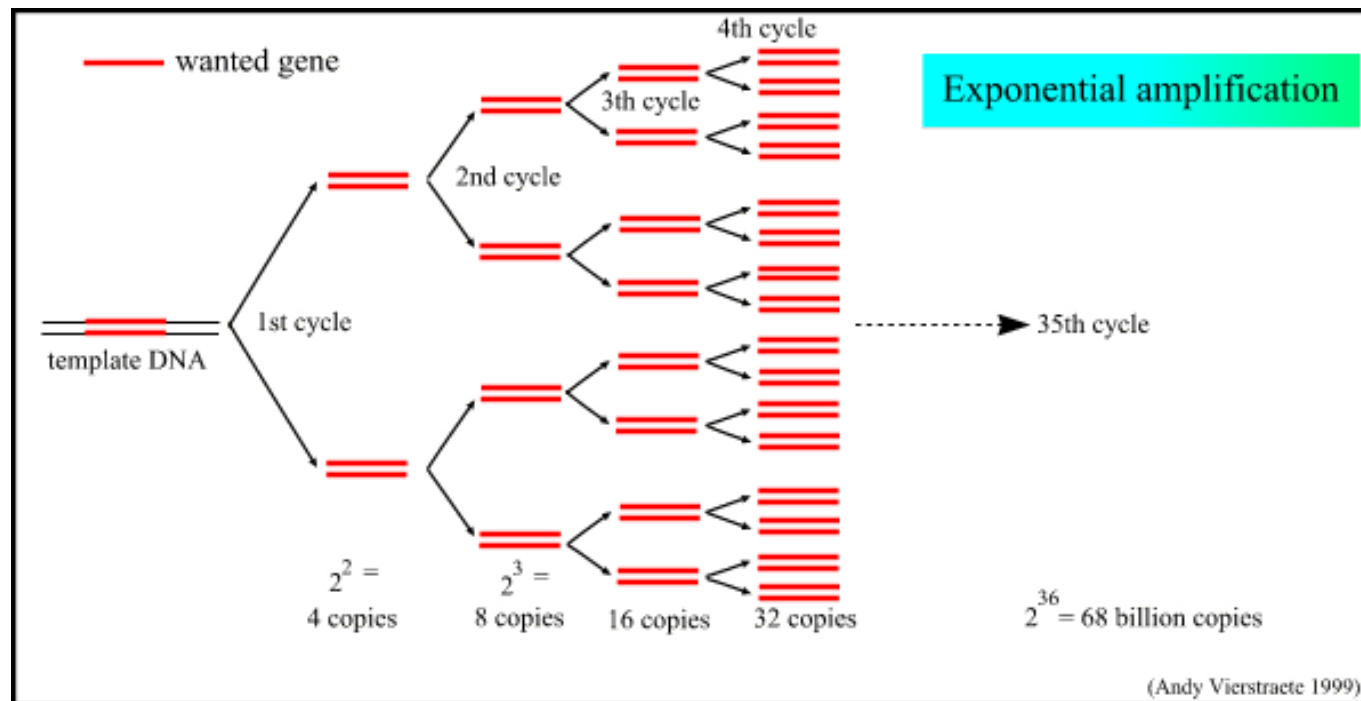
- Manuales o automáticas,
- **BASADO EN PRINCIPIOS DIFERENTES**
  - precipitación
  - Purificación basado en la Columna
  - Purificación basado perlas magnéticas



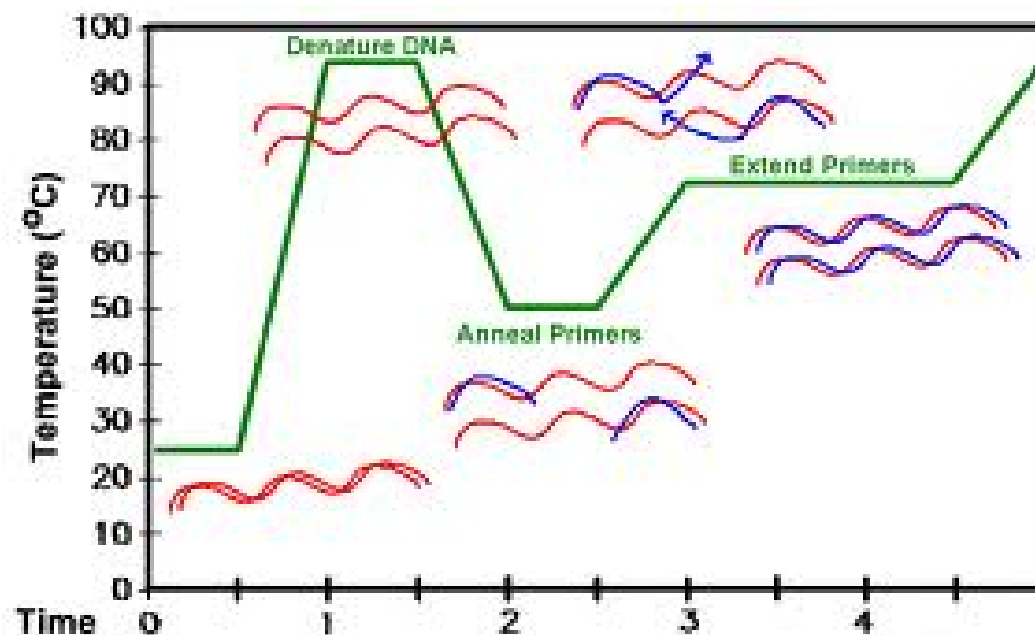
## QIAGEN (QIAamp DNA kit)



# Polymerase Chain Reaction (Amplification)



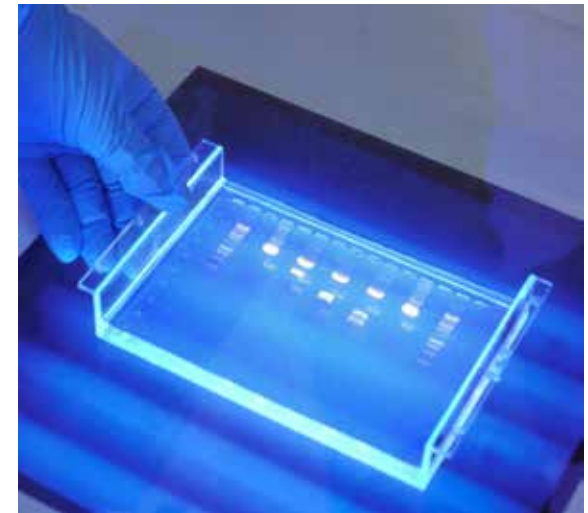
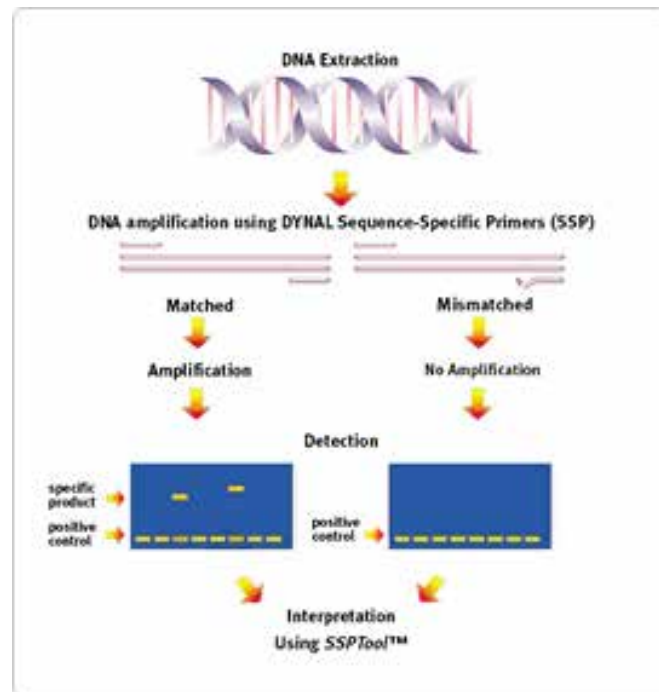
# Thermalcycler



# Ejemplos de métodos de genotipado

## SSP-PCR (Sequence Specific Primer polymerase chain reaction)

Cuando amplificamos (PCR), diseñamos la reacción de modo que sólo si un determinado nucleótido está presente en la posición interrogada, la amplificación se produce. Podemos visualizar una banda de ADN en un gel de agarosa.



# Ejemplos de métodos de genotipado

## ALLELE-SPECIFIC HYBRIDIZATION:

- Hacemos una amplificación de la región circundante de la posición interrogada.
- Utilizamos sondas diseñadas para unirse a los amplicones SÓLO si un dado nucleótido está presente en la posición interrogada.
- Una vez se ha producido la hibridación, podemos detectar este por varios medios. Ejemplo: señal de fluorescencia

# Ejemplos de métodos de genotipado

## Bloodchip ID – Array en suspensión

PCR  
Multiplex



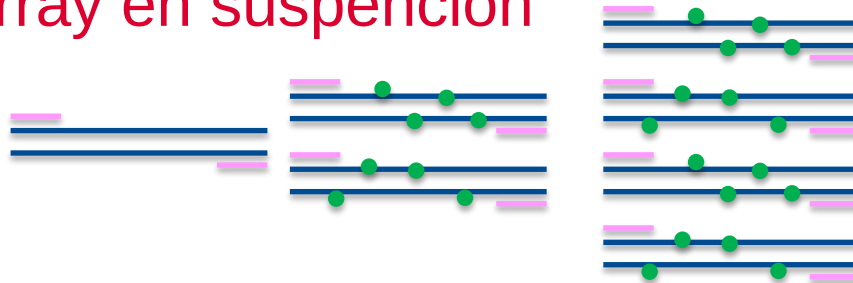
Hibridación



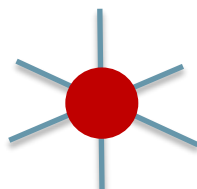
Marcaje



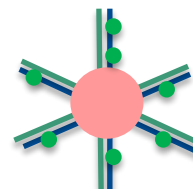
Detección de  
Señal &  
Análisis de  
los datos



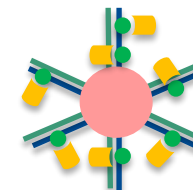
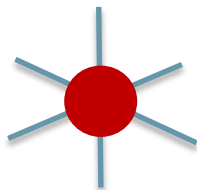
Producto de la PCR:  
amplicones biotinilados  
que contienen la posición  
interrogada



Sin la presencia del alelo  
específico

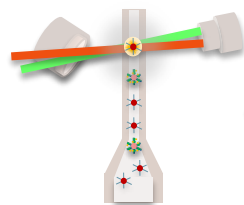


Presencia del alelo  
específico



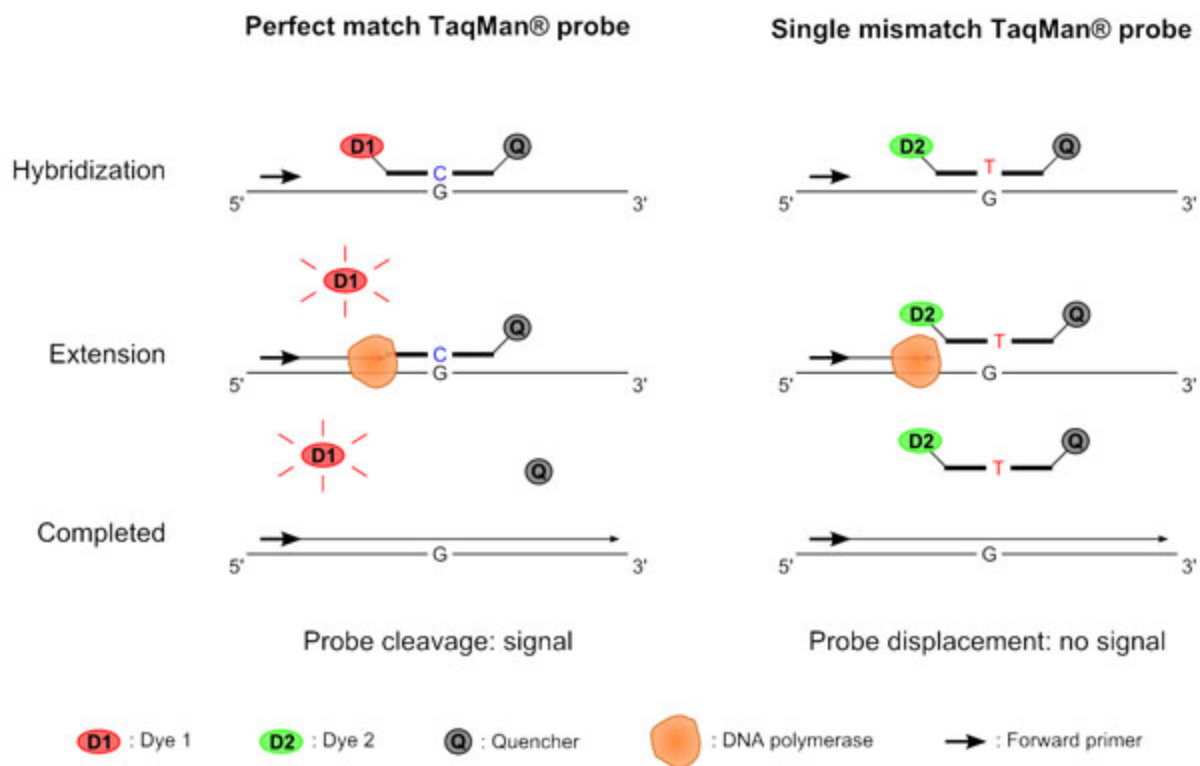
Hibridación alelo-  
específica:  
Amplicones biotinilados  
se unen a sondas unidas  
a esferas marcadas con  
fluorescencia

SAPE se une a la biotina



Señal es detectada por el  
Luminex. BIDS XT  
convierte la señal en  
genotipos y predicho  
fenotipos. Reportes son  
generados.

# TaqMan® Genotyping

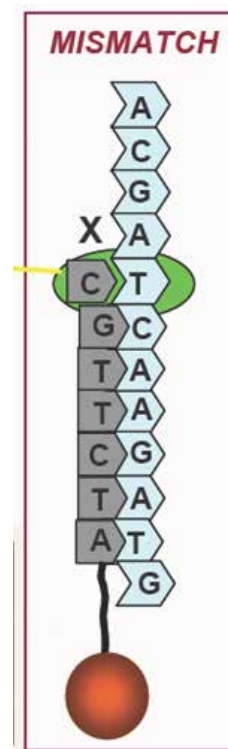
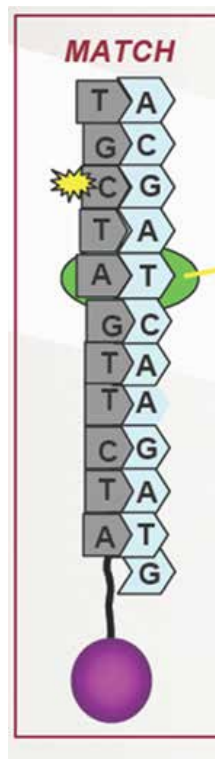


# Ejemplos de métodos de genotipado

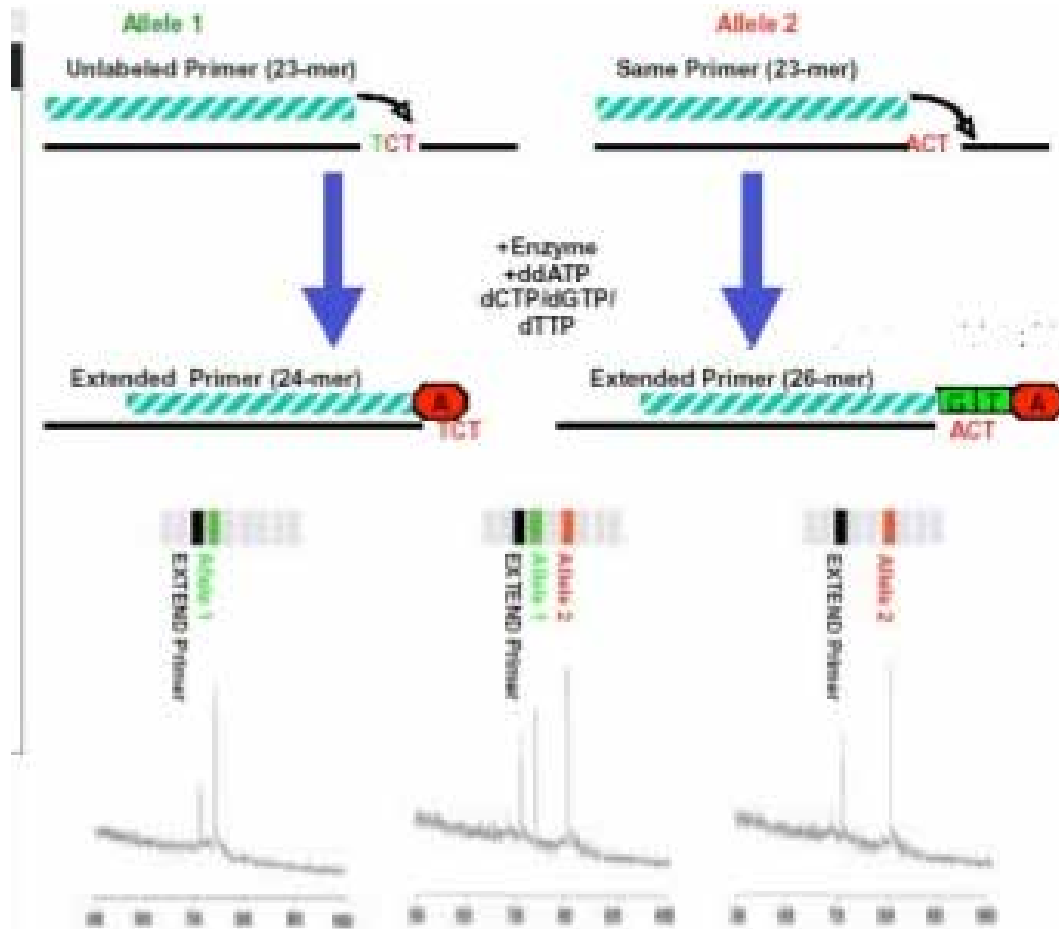
## ALLELE-SPECIFIC ELONGATION:

- Hacemos una amplificación de la región circundante de la posición interrogado.
- Utilizamos probes que unen a los amplicones
- La elongación a través de la DNA polimerasa solamente ocurrirá se una perfecta compatibilidad existir entre ellos. El productos de la elongación puede ser marcado y detectado.

# Allele-specific elongation



# MALDI-TOF Mass spectrometry

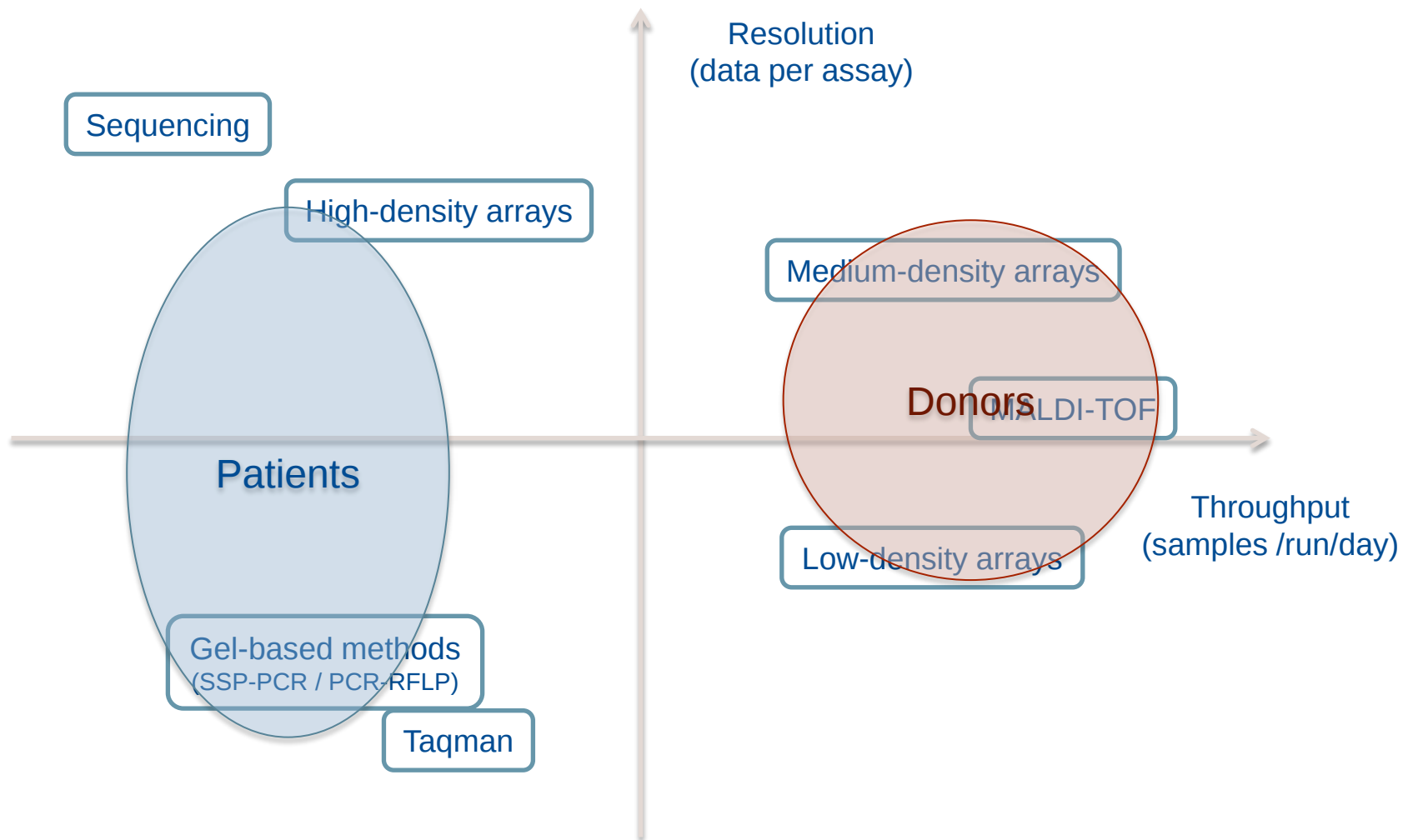


- Each nucleotide (A,T,C,G) has a different weight
- There is first a PCR (not allele-specific)
- Primer extended reaction with a terminator
- Allele specific oligonucleotide products

# Clasificación de los métodos de genotipado

- Metodos In-house
- Plataformas de baja capacidad multiplex
- Plataformas de elevada capacidad multiplex

# Métodos de genotipado



# Limitaciones de la genotipificación

- Fenotipo predicho
- Nuevas mutaciones en primers o probes (non descritas o non incluida en la literatura)
- Variantes en otros genes, eventos pos transcripcionales etc.

# Genotipado de Grupos Sanguíneos

## Paciente



DETERMINA EL  
VERDADERO  
GRUPO SANGUÍNEO

- ü DAT+ : warm autoimmune hemolytic anemias
- ü Multi-transfused: SCD patients, anemias, aplastic anemias, oncology patients etc.
- ü Recently transfused patients
- ü Pregnant women
- ü Unresolved RhD/RhCE

## Donante



SUMINISTRA LA  
UNIDAD DE SANGRE  
CORRECTA

- ü Build a large donor base
- ü Find negatives for high-frequency Ag
- ü Find rare Ag combinations

# Beneficios para el Hospital / Paciente



- Ü La calidad de vida del paciente
- Ü Reducir el hospital el tiempo de admisión antes y después de la transfusión
- Ü Extiender periodo entre las transfusiones
- Ü Reduzir al mínimo las reacciones adversas

## IMMUNOHEMATOLOGY

### Extended red blood cell antigen matching for transfusions in sickle cell disease: a review of a 14-year experience from a single center

Michele LaSalle-Williams, Rachelle Nuss, Tuan Le, Laura Cole, Kathy Hassell, James R. Murphy, and Daniel R. Ambruso

TABLE 5. Studies evaluating alloimmunization and matching for RBC antigens

| Reference                      | Number of patients/transfusions                                    | Matching ABO, D only                                    | Percentage alloimmunized/number of alloantibodies per 100 units transfused |
|--------------------------------|--------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------|
|                                |                                                                    |                                                         |                                                                            |
| Ambruso et al. <sup>4</sup>    | 85/1,941                                                           |                                                         | 34%/3.4                                                                    |
| Rosse et al. <sup>6</sup>      | 1,044/— <sup>*</sup>                                               |                                                         | 18-31% (27% in study group) / —                                            |
| Vichinsky et al. <sup>7</sup>  | 107/—                                                              |                                                         | 30% / —                                                                    |
| Aygun et al. <sup>8</sup>      | 140/3,239†                                                         |                                                         | 37%/2.8†                                                                   |
| (pediatric and adult patients) |                                                                    |                                                         |                                                                            |
| Castro et al. <sup>10</sup>    | 351/8,939†                                                         |                                                         | 29%-35%/3.8†                                                               |
| Sakhalkar et al. <sup>11</sup> | 387/14,263†                                                        |                                                         | 31%/1.7†                                                                   |
| Reference                      | Number of patients/transfusions                                    | Matching extended beyond ABO, D, including C, E, K      | Percentage alloimmunized/rate, alloantibodies per 100 units transfused     |
|                                |                                                                    |                                                         |                                                                            |
| Vichinsky et al. <sup>13</sup> | Extended matching for C, E, K                                      |                                                         | 8-11%/0.5                                                                  |
| Sakhalkar et al. <sup>11</sup> | 61/1,830                                                           |                                                         |                                                                            |
|                                | Extended matching for C, E, K                                      |                                                         | 5%/0.26                                                                    |
| 112/2,345                      |                                                                    |                                                         |                                                                            |
| Reference                      | Number of patients/transfusions                                    | Matching extended beyond ABO, D, in addition to C, E, K | Percentage alloimmunized/rate, alloantibodies per 100 units transfused     |
|                                |                                                                    |                                                         |                                                                            |
| Tahhan et al. <sup>9</sup>     | Extended matching to K, C, E, S, Fy <sup>a</sup> , Fy <sup>b</sup> |                                                         | 0/—                                                                        |
|                                | 40/—                                                               |                                                         |                                                                            |

\* Bar notes data not provided or available.

† Different from results for present report, Table 4,  $p < 0.00005$ .

# Beneficios para el Laboratorio / Banco De Sangre



- Ü Reducir el tiempo y los costos para proporcionar unidades negativas antígeno
- Ü Ahorre en costos de reactivos y laborales
- Ü Construir la base de datos de donantes integral
- Amplio espectro de antígenos
- Todo en una sola prueba

## REPORT

### Transfusion practices for patients with sickle cell disease at major academic medical centers participating in the Atlanta Sickle Cell Consortium

A.M. Winkler and C.D. Josephson

performed, similar to that for any potential transfusion recipient. When an SCD patient is initially seen at ECH or SR, a complete red blood cell (RBC) phenotype is performed by the ARC, which includes Rh, Kell, Duffy, Kidd, and MNS systems; phenotype testing is only performed if the patient has not been transfused within the last 3 months. The reference laboratory cost associated with an 11-antigen phenotype for C, E, c, e, K, Fy<sup>a</sup>, Fy<sup>b</sup>, Jk<sup>a</sup>, Jk<sup>b</sup>, S, and s is approximately \$26 per antigen for a total cost of \$286 per phenotype, but prices will vary by institution and reference laboratory. The CHOA protocol for transfusion of RBCs for SCD patients consists of two levels of prospective phenotype matching. The first



# BLOODchip<sup>ID</sup>

**Bloodchip®** es un test de biología molecular a gran escala diseñado para ser incorporadas en laboratorios de Transfusión Sanguínea y Centros de Donación de Sangre.

***La genotipificación del grupo sanguíneo permite mejorar la seguridad en la transfusión sanguínea a través de estudios de compatibilidad más extensos entre los perfiles antigénicos de donante y de los hematíes de receptor.***

La identificación genética es el método de rutina más ampliamente utilizado para el estudio de las variantes sanguíneas clínicamente más relevantes relacionadas con la Medicina Transfusional.

**Genotipificación de pacientes**  
**Genotipificación de donantes**  
**Genotipificación de gestantes**

# BLOODchip ID

**IDCORE<sup>XT</sup>**



Analyzes 29 polymorphisms to determine **37 antigens** of **RBC** groups. Rh CE, Kell, Kidd, Duffy, MNS, Diego, Dombrock, Colton, Cartwright and Lutheran

**IDHPA<sup>XT</sup>**



Analyzes **13 polymorphisms** to determine **12 HPA systems**

**BIDS<sup>XT</sup>**

BLOODchip<sup>®</sup> ID software



Traceability tools  
LIS connectivity  
**Database for analysis**

# EQUIPOS ESENCIALES REQUERIDOS



# COMPONENTES Y ESPECIFICACIONES DEL KIT

- Increased accuracy for r's (~100%)
- Antigens of special interest: V, VS, hrB, hrS, Mia

## IDCORE<sup>XT</sup>



29 POLIMORFISMOS (37 antígenos)  
analizados:

CONTENIDO 1 kit: 48  
determinaciones/kit

VELOCIDAD DE PROCESADO: hasta  
96 muestras/análisis, 30  
minutos manipulación  
manual, 4,5 horas de tiempo  
de procesado

| BLOOD GROUPS      | GENOTYPES                                                           | PHENOTYPES<br>(Antigens)              |
|-------------------|---------------------------------------------------------------------|---------------------------------------|
| <b>RhCE</b>       | Cw, C, c, E, e, r's,<br>ceAR, V*, hrB*, hrS*                        | Cw, C, c, E, e, VS, V*,<br>hrB*, hrS* |
| <b>Kell</b>       | K, k, KPA, KPB, JSA,<br>JSB                                         | K, k, Kpa, Kpb, Jsa,<br>Jsb           |
| <b>Kidd</b>       | JKA, JKB, Jknull<br>(IVS5-1G>A),<br>Jknull(871T>C)                  | Jka, Jkb                              |
| <b>Duffy</b>      | FYA, FYB, FyGATA,<br>Fyx                                            | Fya, Fyb                              |
| <b>MNS</b>        | M, N, S, s, GYPB del,<br>GYPB(230C>T),<br>GYPB(IVS5+5G>T),<br>GpMur | M, N, S, s, U, Mia                    |
| <b>Diego</b>      | DIA, DIB                                                            | Dia, Dib                              |
| <b>Dombrock</b>   | DOA, DOB, HY, JO                                                    | Doa, Dob, Hy, Joa                     |
| <b>Colton</b>     | COA, COB                                                            | Coa, Cob                              |
| <b>Cartwright</b> | YTA, YTB                                                            | Yta, Ytb                              |
| <b>Lutheran</b>   | LUA, LUB                                                            | Lua, Lub                              |

# COMPONENTES Y ESPECIFICACIONES DEL KIT

## IDHPA<sup>XT</sup>



| TIPO CELULAR | GRUPO PLAQUETAR | GENOTIPO        | FENOTIPO PREDICHO |
|--------------|-----------------|-----------------|-------------------|
| PLAQUETAS    | HPA 1           | HPA1a, HPA1b    | HPA1a, HPA1b      |
|              | HPA 2           | HPA2a, HPA2b    | HPA2a, HPA2b      |
|              | HPA 3           | HPA3a, HPA3b    | HPA3a, HPA3b      |
|              | HPA 4           | HPA4a, HPA4b    | HPA4a, HPA4b      |
|              | HPA 5           | HPA5a, HPA5     | HPA5a, HPA5       |
|              | HPA 6           | HPA6a, HPA6bw   | HPA6a, HPA6bw     |
|              | HPA 7           | HPA7a, HPA7bw   | HPA7a, HPA7bw     |
|              | HPA 8           | HPA8a, HPA8bw   | HPA8a, HPA8bw     |
|              | HPA 9           | HPA9a, HPA9bw   | HPA9a, HPA9bw     |
|              | HPA 10          | HPA10a, HPA10bw | HPA10a, HPA10bw   |
|              | HPA 11          | HPA11a, HPA11bw | HPA11a, HPA11bw   |
|              | HPA 15          | HPA15a, HPA15b  | HPA15a, HPA15b    |

13 POLIMORFISMOS (12 Antígenos Plaquetarios)  
analizados:  
HPA 1-11 y HPA 15

CONTENIDO 1 kit: 48 determinaciones/kit

VELOCIDAD DE PROCESADO: hasta 96 muestras/test,  
30 minutos manipulación manual, 4,5 horas de  
tiempo de procesado

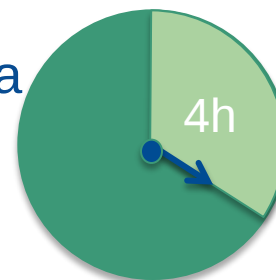
# BLOODchip ID

Ü Plataforma de genotipado multiplex

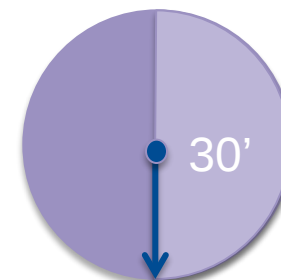
Ü Basado en la tecnología xMAP (Luminex)- Open

Ü Fácil, rápido y flexible

- < **4h** tiempo total
- Solamente **30 min** de procedimiento manual
- Elevada capacidad Multiplex (solamente uno PCR Multiplex)
- 48 testes por kit
- De 1 hasta 96 muestras por tanda



Overall time



Hands-on time

## Luminex - Tecnología XMAP

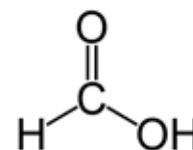
ID-CORE XT™ RUO utiliza tecnología Luminex xMAP® basada en microesferas.



SEM photo of 3.4 micron particles on human hair, 1000x

> 5.6 micron, microesferas de poliestireno

> Superficie Carboxilada

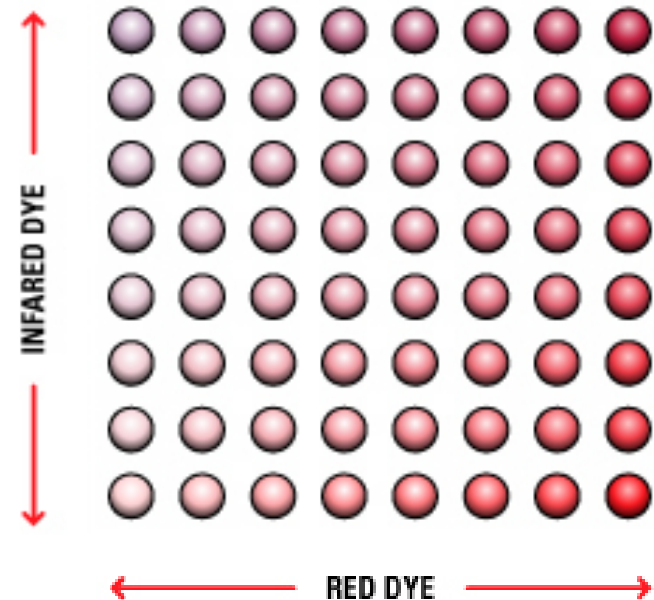


> Microesferas

- > Suspensión en medio líquido
- > Cinética rápida

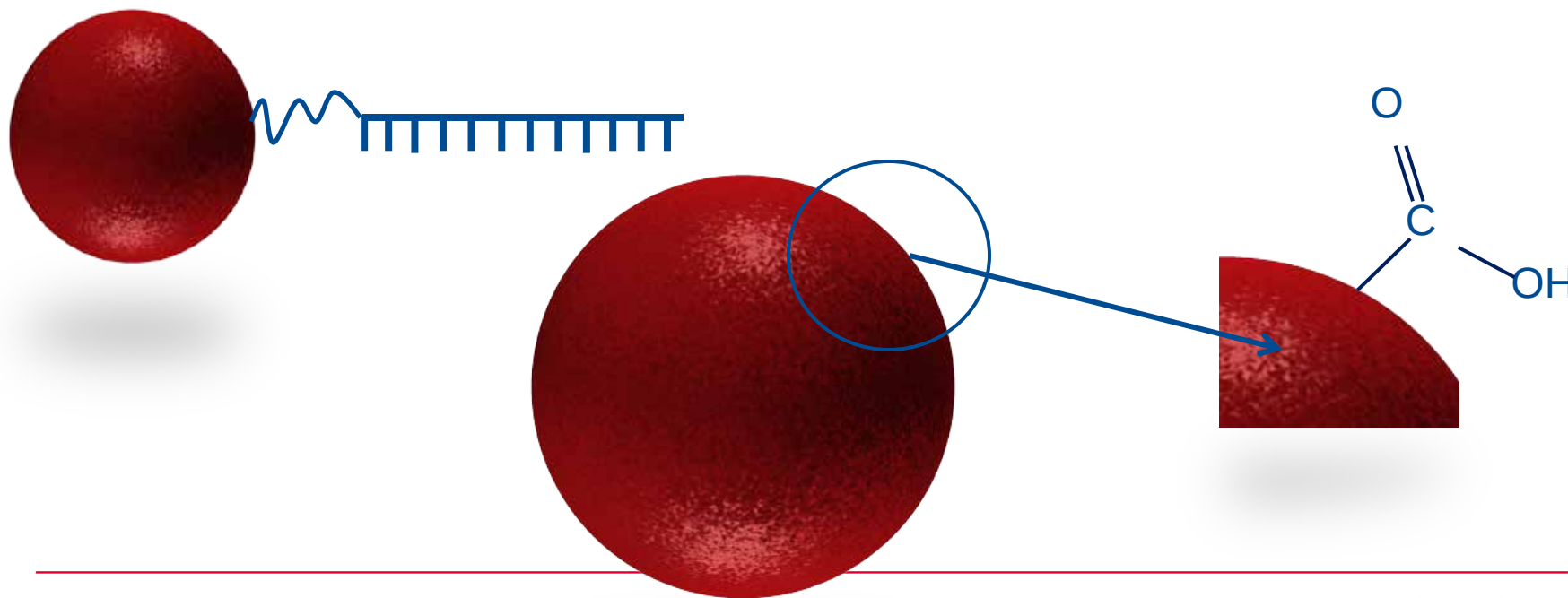
# Tecnología

- **Tecnología xMAP : 100 conjuntos de distintas microesferas coloridas**
  - Utilizamos una combinación de dos colorantes para distinguir un conjunto de microesferas de otro
  - Basado en proporciones de colorantes, cada conjunto de microesferas exhibe una fluorescencia única en rojo e infrarrojo
  - Todas las microesferas que tienen una relación de color particular, pertenecen a un conjunto de microesferas específico que es identificado por número de identificación único



# ACOPLAMIENTO

Son acopladas moléculas biológicas de captura en la superficie de la microesfera a través de reacciones químicas.



IDCORE<sup>XT</sup>

IDHPA<sup>XT</sup>

## Principio del teste – Bloodchip ID

### Protocolo

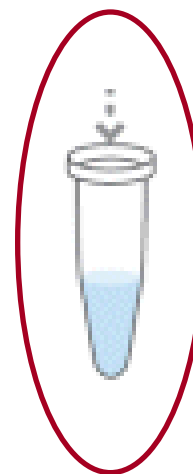
# MUESTRA

DNA genómico extraído de la sangre EDTA

DNA is our starting  
material



→  
DNA  
extraction



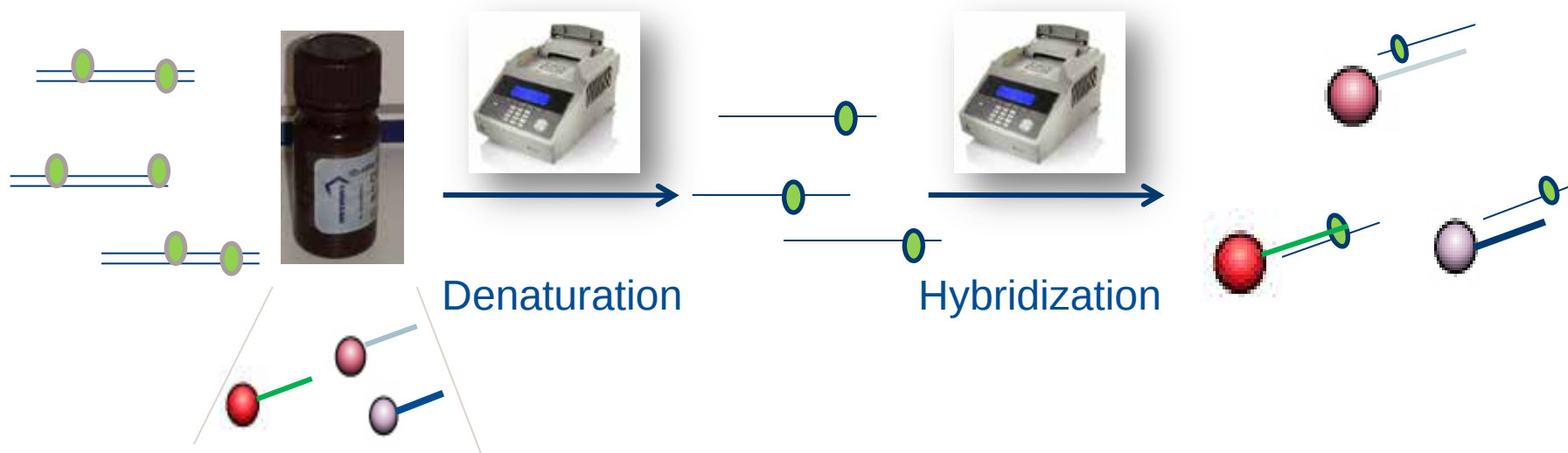
# AMPLIFICACIÓN

DNA genómico extraído de la sangre EDTA es amplificado y biotinilado por multiplex PCR



# HYBRIDIZACIÓN

Productos de PCR son desnaturalizados y hibridados con probes de oligonucleótidos acopladas a microesferas codificadas por color.



# MARCAJE

DNA hibridado es marcado con conjugado fluorescente.



# DETECCIÓN DE LA SEÑAL

La señal resultante es detectado a través del sistema Luminex® 100/200™.



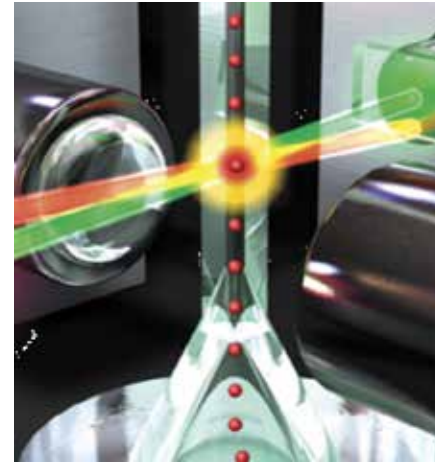
# CUANTIFICACIÓN

Coloración

Rojo/Infrarrojo :  
Identificación de  
microesferas

fluorescencia verde:  
Cuantificación da la  
razón de hibridación

Ambos señales  
permiten la  
detección de la  
presencia/ausencia  
de un polimorfismo



Interrogate label  
with green laser  
(525 nm)



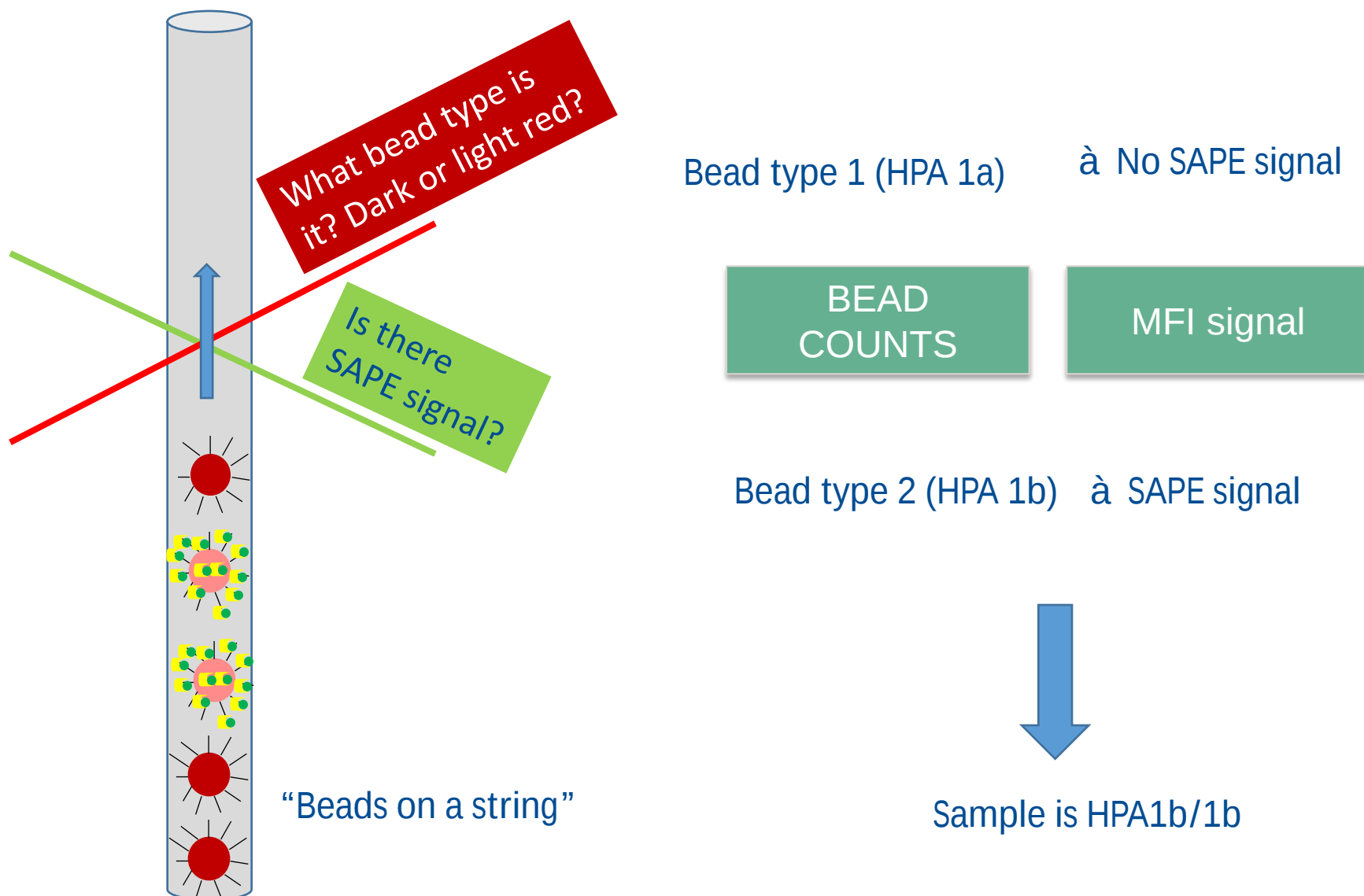
Interrogate bead  
with red laser  
(635 nm)



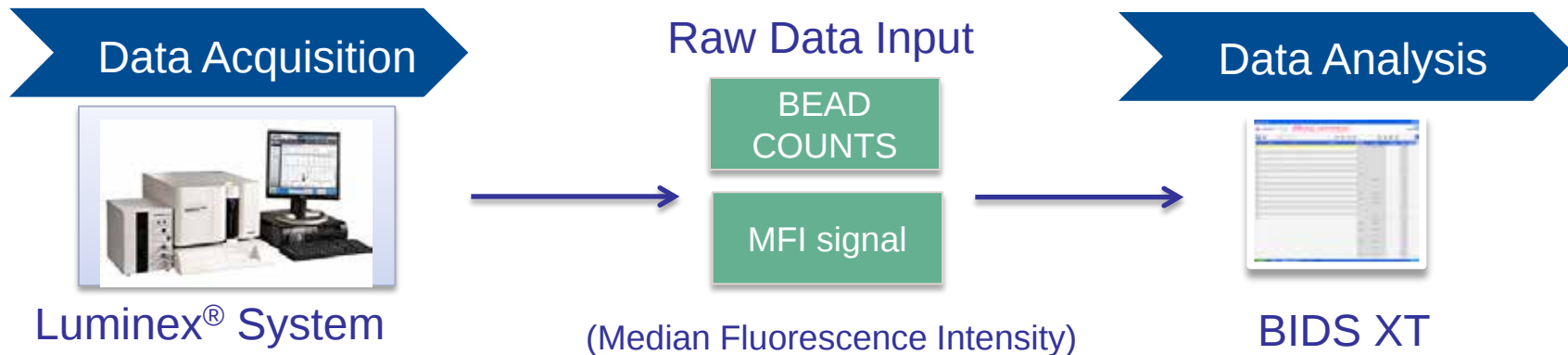
Quantify binding  
events



Identify bead region  
based on internal dye  
concentrations



# ANALISIS DEL RESULTADO



BLOODchip ID Software XT (BIDS XT) :

Utiliza la MFI y cuentas de beads obtenidas en el ensayo para la determinación del genotipo para cada uno de los polimorfismos detectados por el teste.

# BIDS<sup>XT</sup>

BLOODchip<sup>®</sup> ID software

# BIDS<sup>XT</sup>

BLOODchip<sup>®</sup> ID software



- WORKFLOW TRACEABILITY
- DATABASE & MULTIPLE-SEARCH FUNCTION
- CLEAR RESULTS
- CONNECTIVITY
- PERFORMANCE AND QUALITY CONTROL
- AUDITS

BIDS XT v.1.0 Client

PROGENIKA

BIDS XT  
BLOODchip Software

Tests summary

| BATCH ID        | TEST ID                 | SAMPLE ID | CONTROL... | CONTRO... | PRODUC |
|-----------------|-------------------------|-----------|------------|-----------|--------|
| 2013_01_23_0001 | ID-CORE_XT_alella_0001  | alella    |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0001 | ID-CORE_XT_masnou_0001  | masnou    |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0001 | ID-CORE_XT_montgat_0001 | montgat   |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0001 | ID-CORE_XT_tiana_0001   | tiana     |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0001 | ID-CORE_XT_NEG_H2O_0001 |           | NEG        | H2O       | ID-CO  |
| 2013_01_23_0003 | ID-CORE_XT_alella_0002  | alella    |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0003 | ID-CORE_XT_masnou_0002  | masnou    |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0003 | ID-CORE_XT_montgat_0002 | montgat   |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0003 | ID-CORE_XT_tiana_0002   | tiana     |            |           | ID-CO  |
| 2013_01_23_0003 | ID-CORE_XT_NEG_H2O_0002 |           | NEG        | H2O       | ID-CO  |
| 2013_01_23_0004 | ID-HPA_XT_alella_0001   | alella    |            |           | ID-HF  |

Page 1 of 3 | Displaying 1 - 25 of 66

Batches summary

| BATCH ID        | STATUS     | CREATION... | COMMENTS        | PRODUCT |
|-----------------|------------|-------------|-----------------|---------|
| 2013_02_07_0002 | Pending    | 07/02/2013  |                 |         |
| 2013_02_07_0001 | Pending    | 07/02/2013  |                 |         |
| 2013_01_31_0002 | Pending    | 31/01/2013  |                 |         |
| 2013_01_31_0001 | In process | 31/01/2013  |                 |         |
| 2013_01_26_0001 | Pending    | 26/01/2013  |                 |         |
| 2013_01_24_0001 | Pending    | 24/01/2013  |                 |         |
| 2013_01_23_0006 | Pending    | 23/01/2013  |                 |         |
| 2013_01_23_0005 | Pending    | 23/01/2013  |                 |         |
| Batch mixto     | Completed  | 23/01/2013  | Prueba numero 1 |         |
| 2013_01_23_0004 | Discarded  | 23/01/2013  |                 |         |

Page 1 of 1 | Displaying 1 - 10 of 10

Last logged in users

| Last login | User name |
|------------|-----------|
| 18/02/2013 | Grifols   |
| 14/12/2012 | PGK       |
| 04/06/2012 | admin     |

Available kits

Luminex maintenance

| Applied? | Date | User name | Action type | Message |
|----------|------|-----------|-------------|---------|
|----------|------|-----------|-------------|---------|

Last performed controls

| Batch Id.   | Creation date | Product Id. | Control type | Control Id. |
|-------------|---------------|-------------|--------------|-------------|
| Batch mixto | 23/01/2013    | ID-HPA XT   | NEG          | H2O         |
| Batch mixto | 23/01/2013    | ID-CORE XT  | NEG          | H2O         |

Logged in **Grifols** BIDS XT version: **1.1** Analysis software **ID-HPA XT 1.3.1** **ID-CORE XT 1.2.1** Server connection status **CONNECTED** Luminex connection status **Disconnected**

# REPORT



IDCORE<sup>XT</sup>

## Red Blood Cells typing report

Date: 18/07/2013 12:15:25 User: Grifols

|                    |              |                       |                         |
|--------------------|--------------|-----------------------|-------------------------|
| #:                 | RBC4 (OR1R2) | Ordering institution: | Progenika Biopharma S.A |
| Sample Id.:        | RBC4         | Test performed:       | ID-CORE XT              |
| Sample type:       | DNA          | Software version:     | 1.3.1                   |
| Accessioning date: | 16/04/2013   | Lot #:                | 0201030003              |
|                    |              | Enzyme lot #:         | 142342293               |

| Blood Group System | Alleles Assayed                                                                                                                                                                                                                                                                    | Genotype Result                       | Antigens (ISBT Phenotype) | Predicted Phenotype Result |
|--------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------|----------------------------|
| Rh                 | RHCE*ce<br>RHCE*Ce<br>RHCE*cE<br>RHCE*CE<br>RHCE*CeCW<br>RHCE*ceCW<br>RHCE*CECW<br>RHCE*ceAR<br>RHCE*CeFV<br>RHCE*CeVG<br>RHCE*cEFM<br>RHCE*ce[712G]<br>RHCE*ce[733G]<br>RHCE*ce[733G, 1006T]<br>RHCE*CE-[X2, 5, 7]-CE<br>RHCE*cE[697G, 712G, 733G]<br>RHD*rs-RHCE*ce[733G, 1006T] | RHCE*Ce                               | C (RH:2)                  | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | E (RH:3)                  | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | c (RH:4)                  | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | e (RH:5)                  | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | CW (RH:8)                 | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | V (RH:10)                 | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | hrS (RH:19)               | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | VS (RH:20)                | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | hrB (RH:31)               | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | K (KEL:1)                 | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | k (KEL:2)                 | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | Kpa (KEL:3)               | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | Kpb (KEL:4)               | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | Jsa (KEL:6)               | 0                          |
| Kell               | KEL* <sub>K</sub> CPB_JS <sub>B</sub><br>KEL* <sub>k</sub> KPB_JS <sub>B</sub><br>KEL* <sub>K</sub> KPA_JS <sub>B</sub><br>KEL* <sub>k</sub> KPB_JS <sub>A</sub>                                                                                                                   | KEL* <sub>k</sub> KPB_JS <sub>B</sub> | Jsb (KEL:7)               | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       |                           |                            |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       |                           |                            |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       |                           |                            |
| Kidd               | JK*A<br>JK*B<br>JK*B <sub>null</sub> (IVSS-1a)<br>JK*B <sub>null</sub> (871C)                                                                                                                                                                                                      | JK*A, JK*B                            | Jka (JK:1)                | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | Jkb (JK:2)                | +                          |
| Duffy              | FY*A<br>FY*B<br>FY*B_GATA<br>FY*B[265T]_FY*X                                                                                                                                                                                                                                       | FY*B                                  | Fya (FY:1)                | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | Fyb (FY:2)                | +                          |
| MNS                | GYPA*M<br>GYPA*N                                                                                                                                                                                                                                                                   | GYPA*M, GYPA*N                        | M (MNS:1)                 | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | N (MNS:2)                 | +                          |
|                    | GYPB*s<br>GYPB*s <sub>null</sub> (IVSS+5t)<br>GYPB*s <sub>null</sub> (230T)<br>GYPB*deletion<br>GYPB* <sub>Mur</sub>                                                                                                                                                               | GYPB*s                                | S (MNS:3)                 | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | s (MNS:4)                 | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | U (MNS:5)                 | +                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       | Mia (MNS:7)               | 0                          |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       |                           |                            |
|                    |                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                       |                           |                            |

# REPORT

| Blood Group System | Alleles Assayed                       | Genotype Result                         | Antigens (ISBT Phenotype) | Predicted Phenotype Result |
|--------------------|---------------------------------------|-----------------------------------------|---------------------------|----------------------------|
| Diego              | <i>D<sup>i</sup>A</i>                 | <i>D<sup>i</sup>B</i>                   | Dia (Di:1)                | 0                          |
|                    | <i>D<sup>i</sup>B</i>                 |                                         | Dib (Di:2)                | +                          |
| Dombrock           | <i>DO<sup>+</sup>A</i>                | <i>DO<sup>+</sup>B</i>                  | Doa (DO:1)                | 0                          |
|                    | <i>DO<sup>+</sup>B</i>                |                                         | Deb (DO:2)                | +                          |
|                    | <i>DO<sup>+</sup>B<sub>HY</sub>-</i>  |                                         | Hy (DO:4)                 | +                          |
|                    | <i>DO<sup>+</sup>A<sub>JOA</sub>-</i> |                                         | Joa (DO:5)                | +                          |
| Colton             | <i>CO<sup>+</sup>A</i>                | <i>CO<sup>+</sup>A</i>                  | Coa (CO:1)                | +                          |
|                    | <i>CO<sup>+</sup>B</i>                |                                         | Cob (CO:2)                | 0                          |
| Cartwright         | <i>YT<sup>+</sup>A</i>                | <i>YT<sup>+</sup>A</i>                  | Yta (YT:1)                | +                          |
|                    | <i>YT<sup>+</sup>B</i>                |                                         | Ytb (YT:2)                | 0                          |
| Lutheran           | <i>LU<sup>+</sup>A</i>                | <i>LU<sup>+</sup>A, LU<sup>+</sup>B</i> | Lua (LU:1)                | +                          |
|                    | <i>LU<sup>+</sup>B</i>                |                                         | Lub (LU:2)                | +                          |

## Legend

+: Normal antigen expression  
 0: Undetectable antigen expression  
 NC: No Call, result inconclusive  
 UN: Unknown, highly unlikely. The antigen expression is not known.

## Notes

## Recommendations

We recommend that the test should always be interpreted within the clinical context of the donor/patient as well as serology data

## Observations

## REVIEW AND APPROVAL

Progenika



Progenika



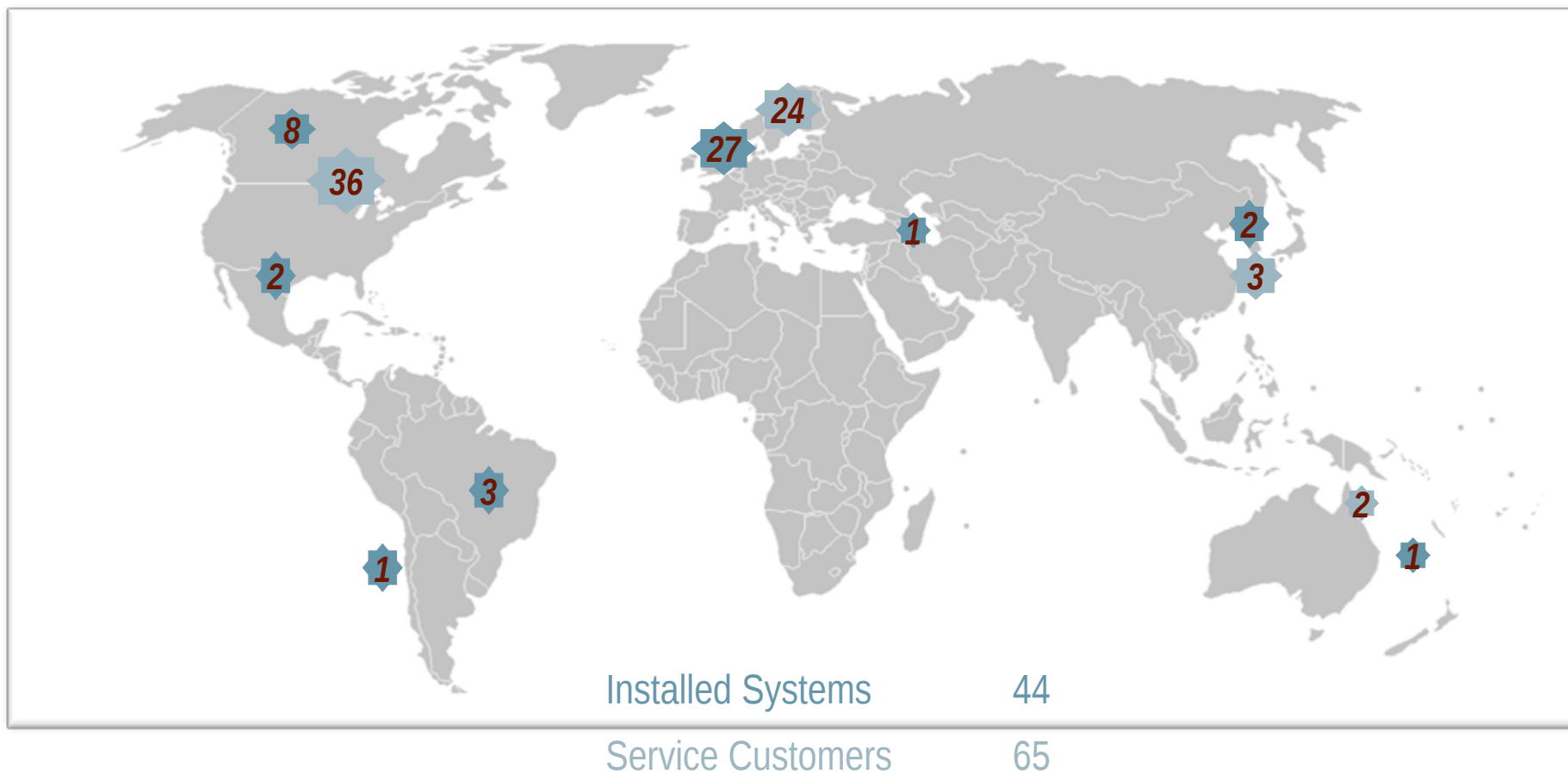
# Conclusiones

---

El genotipaje de grupos sanguíneos utilizando BloodChip proporciona resultados fiables en la predicción del fenotipo eritrocitario y plaquetario permitiendo:

- 1- Mejorar la disponibilidad de productos sanguíneos extensivamente tipificados (base amplias de donantes) para seleccionar unidades compatibles a pacientes dependientes transfusión.
- 2- Evitar o reducir la aloinmunización frente a antígenos de grupo sanguíneo
- 3- Reducir la incidencia de reacciones hemolíticas retardadas

## BLOODchip Base Instalada



*Gracias!*