

AIBT

Associazione Italiana
di Immunogenetica
e Biologia dei Trapianti

XXX

**Congresso
Nazionale**

Napoli, 10/12 ottobre 2024



"The programme of this event
has been approved by the EFI
Education Committee"

CQ KIR AIBT

Michela Falco

CQ KIR AIBT

Anno	Campioni	Lab.	Richiesto
2020	7 DNA	10-11	P/A KIR (no 2DP1; 3DP1; 2DS4 F,D; 2DL5A,B; 3DP1 F,D)
2021	10 DNA	12	P/A KIR (no 2DP1; 3DP1; 2DS4 F,D; 2DL5A,B; 3DP1 F,D) analisi genotipo; reg. cen.; reg. tel.; B content
2022	10 DNA	12	P/A KIR (no 2DP1; 3DP1; 2DS4 F,D; 2DL5A,B; 3DP1 F,D) analisi genotipo; reg. cen.; reg. tel.; B content
2023	10 DNA	14	P/A KIR (no 2DP1; 3DP1; 2DS4 F,D; 2DL5A,B; 3DP1 F,D) analisi genotipo; reg. cen.; reg. tel.; B content

geni cornice

	2020 (7)	2021 (10)	2022 (10)	2023 (10)
consensus	ok	ok	ok – 1 2DL1	ok
no dati 2DL4	7			
no dati 3DL2	7			
no dati 3DL3	7			
no dati	1 campione			

2DL2		1			1
2DL3	1	1		1	3
2DL5		1		1	2
2DS1	1	1	2		4
2DS2			2		2
2DS5		1			1
3DS1		2			2
TOT	2 (1 campione) (3 geni cornice)	7	4	2	

analisi non
richieste

	2020 (7)	2021 (10)	2022 (10)	2023 (10)	TOT
no dati 2DP1	7	10	10	10	
no dati 3DP1	7	10	10	10	
3DP1 F,D	2	1			3
2DS4 F,D	3	2	1	2	8
2DL5 A,B		3		2	5

Analisi genotipo	2020 (7)	2021 (10)	2022 (10)	2023 (10)	TOT
Reg Cen	n.a.	1	(2 dicitura)	1	2 (4)
Reg Tel	n.a.	2	2 + (1 dicitura)		4 (5)
genotipo	n.a.	1			1
B content	n.a.	2	2	1	5
		6	4	2	

2020

▷ Nell'assegnazione dello score non sono stati inclusi i dati relativi all'analisi del genotipo perché campi facoltativi.

Score complessivo

- Eccellente:**
- determinazione corretta P/A di tutti i loci e di tutti i campioni, determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e KIR3DP1, determinazione A e B per il locus KIR2DL5.
 - determinazione corretta P/A di tutti i loci e di tutti i campioni, determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e KIR3DP1.
- Ottimo:**
- determinazione corretta P/A di tutti i loci e di tutti i campioni.
 - determinazione corretta P/A di tutti i loci, ad eccezione dei geni cornice, e di tutti i campioni.
 - determinazione corretta P/A di tutti i loci e di tutti i campioni + determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e KIR3DP1, determinazione A/B per il locus KIR2DL5 con un massimo di 2 errori.
- Buono:**
- determinazione P/A di tutti i loci e di tutti i campioni con 1 errore.
 - determinazione corretta di tutti i loci ad eccezione dei geni cornice con 1 errore.
- Soddisfacente:**
- determinazione P/A di tutti i loci e di tutti i campioni con 2 errori.
 - determinazione corretta di tutti i loci ad eccezione dei geni cornice con 2 errori.
 - determinazione P/A di tutti i loci e di 6 su 7 campioni con 1 errori, determinazione alleli Full e Delta per il locus KIR2DS4 con un massimo di 3 errori.
- Non soddisfacente:**
- nessuna delle categorie precedenti.

2021

Score complessivo

Eccellente: Determinazione corretta P/A di tutti i loci, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content per tutti i campioni. Determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e KIR3DP1, determinazione A e B per il locus KIR2DL5 in tutti i campioni.

Ottimo: a) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content per tutti i campioni. Determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e KIR3DP1, determinazione A e B per il locus KIR2DL5 in tutti i campioni, con un massimo di un errore.

b) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content per tutti i campioni.

c) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, ad eccezione degli pseudogeni, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content per tutti i campioni.

d) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, ad eccezione degli pseudogeni, determinazione corretta delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content di tutti i campioni. Determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e KIR3DP1, determinazione A/B per il locus KIR2DL5 con un massimo di 2 errori.

e) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, determinazione corretta delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content di tutti i campioni. Determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e KIR3DP1 con un massimo di 1 errore.

Buono: a) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content con un massimo di 1 errore.

b) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, ad eccezione degli pseudogeni, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content con un massimo di 1 errore.

c) Determinazione corretta P/A di tutti i loci, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content con un massimo di 1 errore. Determinazione alleli Full e Delta per i loci KIR2DS4 e/o KIR3DP1 con un massimo di 2 errori.

Soddisfacente: Determinazione corretta P/A di tutti i loci, delle regioni centromeriche e telomeriche, del genotipo e del valore di B content nel 90% dei campioni esaminati.

Non soddisfacente: nessuna delle categorie precedenti.

2022

CAMPI OBBLIGATORI

Analisi della presenza/assenza dei
geni KIR
Analisi del genotipo (A/A vs B/X)
Analisi delle regioni centromeriche e
telomeriche
Analisi del valore del B content

CAMPI FACOLTATIVI

Analisi della P/A degli pseudogenei 2DP1 e 3DP1
Analisi delle forme Full e Delta del locus 2DS4 e 3DP1
Analisi di 2DL5A e/o B

Eccellente: Mancanza di errori e analisi esatta di tutti i campi facoltativi

Ottimo: Mancanza di errori nei campi obbligatori

Buono: 1 errore nei campi obbligatori

Soddisfacente: 2 errori nei campi obbligatori

Insoddisfacente: 3 errori nei campi obbligatori

2023

Il controllo di qualità è valutato superato se sono stati commessi al massimo 3 errori calcolati su tutti i campioni, tutte le categorie (P/A dei singoli KIR, analisi genotipo, analisi regioni centromeriche, analisi regioni telomeriche, valore del B content).

Gli errori devono essere indipendenti.

La tipizzazione di 2DP1 e 3DP1 non è indispensabile.

Sono esclusi dalla valutazione i gruppi allelici 2DS4 Full e Del, 3DP1 Full e Del, 2DL5A e B.

Ottimo: nessun errore e tipizzazione corretta dei gruppi allelici.

Buono: fino a tre errori.

Insoddisfacente: più di tre errori.

37 DNA analizzati



4 genotipi "strani"

1 aplotipo espanso: CQ02-2021		reg Tel 3DS1 ^{pos} , 2DL5A ^{pos} , 2DS3 ^{pos} , 2DS1 ^{neg}
1 aplotipo contratto: CQ04-2021	(KIR2DS2*005 ^{pos})	reg Cen 2DS2 ^{pos} , 2DL2 ^{pos} , 2DL5B ^{neg} , 2DS3 ^{neg} , 2DP1 ^{pos} , 2DL1 ^{pos} , 3DP1 F,D
1 aplotipo contratto: CQ08-2021	(delta 7)	mancano i geni compresi tra 2DL5B e 2DS5
1 aplotipo espanso: CQ02-2023		2 alleli 2DS4 ma una sola reg telA + reg telB senza 2DS1

Identificazione di un **nuovo gene ibrido 2DP1/2DL1**: CQ04-2022

Laboratori che hanno partecipato ai CQ-KIR

Franco Papola

Direttivo AIBT

ISS

grazie

Tutti coloro che partecipano al Gruppo Studio KIR

INCONTRI GRUPPO STUDIO 2024

Michela Falco

3° report KIR/KIR-L 2023; interazione 3DL2/HLA-A*03 A*11 educazione?; analisi ultimo KIR release

Roberto Littera

«Trapianto di rene: Interazioni MICA - NKG2D»

Michela Falco

1° report KIR/KIR-L 2024; importanza della tipizzazione alleli 3DL1 che non vanno in superficie

Marina Francone

«Influenza dei geni KIR sulla fertilità e la gravidanza»

Umberto Maggiore

«Proposta studio su infiammazione microcircolo nel tx rene DSA-neg e NK»

Diego Ferrarese

«Nuove tecnologie per la genotipizzazione KIR»

Silvia Giuliodori

«Trapianto di rene: rigetto microvascolare in assenza di DSA e missing self»

INCONTRI GRUPPO STUDIO 2025

Gennaio

Analisi dei CQ KIR CNT-ISS 2024

Continuare con l'analisi KIR/KIR-L

Articoli

KIR e trapianti

KIR e disturbi della gravidanza

KIR e malattie

Articoli

Rilevanza del polimorfismo KIR su

espressione (trattenuti nel citoplasma e Null)

riconoscimento ligandi

Articoli e/o review

Altri recettori espressi dalle cellule NK

impatto nei trapianti (CSE e organi)

gravidanza

malattie