



UNIMORE
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI
MODENA E REGGIO EMILIA

Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica

**CORSO DI LAUREA IN TECNICHE DI
LABORATORIO BIOMEDICO**

Presidente: Prof. Claudio Cermelli

TITOLO TESI DI LAUREA: "Studio dell'espressione genica delle principali componenti dell'inflammasoma in pazienti HIV positivi con basso rapporto CD4/CD8"

NOME - COGNOME STUDENTE: Chiara Pizzi

NOME - COGNOME RELATORE: Andrea Cossarizza

NOME - COGNOME CORRELATORE: Milena Nasi

A. 2016/2017

TESI SPERIMENTALE

MESE ED ANNO DI LAUREA: Ottobre 2017

RIASSUNTO O ABSTRACT (max 3000 caratteri):

L'HIV ha un tropismo spiccato per i monociti, in cui provoca un'infezione latente e cronica e determina il rilascio di citochine proinfiammatorie causando, di conseguenza, la lisi dei linfociti T CD4. Questo determina un calo di questi ultimi e un aumento delle cellule T CD8, in particolare delle sottopopolazioni funzionalmente esaurite (alla fine del ciclo vitale): in questo modo al progredire dell'infezione, il rapporto CD4/CD8 si inverte. L'inversione del rapporto è sintomo di attivazione del sistema immunitario innato e adattativo, oltre che di senescenza, con relativo aumento del rischio di morbilità e mortalità. I meccanismi alla base del mancato recupero di un rapporto normale nonostante una terapia che sopprime la viremia, sono ancora parzialmente sconosciuti. Molti studi hanno posto la loro attenzione sul ruolo dell'immunità adattativa, ma poco si sa dell'importanza che potrebbe avere l'immunità innata. In particolare, gli inflammasomi potrebbero essere attori fondamentali nello spostare il delicato equilibrio tra ricostituzione immunitaria e stato infiammatorio verso quest'ultimo, e, in ultima analisi, garantire o no il recupero della piena funzionalità del sistema immunitario.

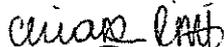
L'obiettivo di questo studio è stato quello di analizzare l'espressione dei principali geni implicati nell'attivazione e regolazione dell'inflammasoma. In particolare, sono stati arruolati 17 pazienti sieropositivi in terapia antiretrovirale da almeno due anni e con soppressione della viremia da almeno un anno. Di questi 17 pazienti, 9 presentavano un rapporto CD4/CD8 normale $\geq 1,2$, e 8 un rapporto invertito $< 0,4$. Partendo da un prelievo venoso, i monociti sono stati isolati mediante separazione immunomagnetica. I monociti isolati sono stati stimolati per 1 e 4 ore con LPS e/o ATP, due potenti attivatori di recettori noti come pattern recognition receptor. L'RNA estratto e retrotrascritto dai monociti stimolati è stato analizzato in Real Time per valutare l'espressione relativa di AIM2, NAIP, NLRP3 (sensori dei tre principali

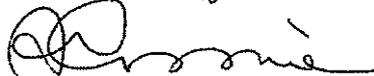
inflammasomi), PYCARD (che codifica per la molecola adattatrice che consente l'assemblaggio degli inflammasomi) e IL-1 β . Come geni di riferimento sono stati analizzati la proteina ribosomale S18, β actina e TBP.

I risultati preliminari mostrano che l'espressione di AIM2 e IL-1 β aumenta dopo 4 ore di stimolazione in entrambi i gruppi, ma AIM2 è maggiormente espresso nei pazienti con rapporto normale, mentre l'espressione di NLRP3 aumenta in egual misura in entrambi i gruppi dopo 1 ora di stimolazione. L'espressione di PYCARD, al contrario, diminuisce dopo 4 ore di stimolazione solo nei pazienti con normale rapporto CD4/CD8.

Le differenze nell'espressione di alcuni geni coinvolti nell'attivazione e regolazione degli inflammasomi, in pazienti HIV positivi in terapia, che recuperano o no il rapporto CD4/CD8, può indicare un loro ruolo nell'immuno-ricostituzione che apre nuove prospettive di ricerca e terapeutiche.

Luogo, data: Modena, 3/10/2017

Firma studente 

Firma relatore 

Firma correlatore 



UNIMORE
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI
MODENA E REGGIO EMILIA

Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica

**CORSO DI LAUREA IN TECNICHE DI
LABORATORIO BIOMEDICO**

Presidente: Prof. Claudio Cermelli

TITOLO TESI DI LAUREA:

“Caratterizzazione dei linfociti T in pazienti HIV positivi affetti da broncopneumopatia cronica ostruttiva”

NOME - COGNOME STUDENTE: Agnese Serafini

NOME - COGNOME RELATORE: Prof. Andrea Cossarizza

NOME - COGNOME CORRELATORE: Dott.ssa Sara De Biasi

A.A: 2016-2017

TESI SPERIMENTALE

MESE ED ANNO DI LAUREA: ottobre 2017

RIASSUNTO O ABSTRACT (max 3000 caratteri):

Le malattie legate all'età, incluse le patologie cardiovascolari, le neoplasie e la broncopneumopatia cronica ostruttiva, sono cause comuni di morte nei soggetti affetti da HIV/AIDS. In particolare, un individuo su tre con infezione da HIV è affetto da broncopneumopatia cronica ostruttiva (BPCO). Nei pazienti sieropositivi la BPCO si manifesta due decenni prima rispetto alla popolazione generale, ma non è noto se questo processo sia il risultato dell'infezione *per sé* o di fattori ambientali (fumo di sigaretta). Il processo d'invecchiamento prematuro del sistema immunitario del paziente HIV positivo, a cui è legato l'insorgenza di diverse co-morbidità, è caratterizzato da uno stato infiammatorio cronico persistente legato sia alla presenza del virus (inflammAIDS) che all'invecchiamento fisiologico (inflammaging). Questo stato infiammatorio causa, a livello respiratorio, stress ossidativo nelle cellule polmonari e dà origine a processi apoptotici nelle cellule epiteliali del microcircolo, che contribuiscono alla patogenesi della BPCO. Inoltre, l'infezione da HIV provoca alterazioni immunologiche che riguardano, oltre ai linfociti T CD4 e CD8 nella loro totalità, le diverse sottopopolazioni che differiscono tra loro per grado di differenziamento e per aspetti funzionali.

L'uso di avanzate tecniche citofluorimetriche ha permesso di caratterizzare il fenotipo delle varie sottopopolazioni di linfociti T in base al loro stato di differenziamento, al loro grado di attivazione e di senescenza. In particolare, sono stati selezionati cinque gruppi di pazienti: HIV negativi, HIV positivi senza patologie respiratorie, HIV positivi con enfisema, HIV positivi con BPCO e HIV positivi con enfisema e BPCO.

I dati ottenuti mostrano che i pazienti HIV positivi hanno una percentuale di linfociti CD4 totali simile a quella dei soggetti sani, mentre la percentuale dei CD8 totali è maggiore nei primi. All'interno però del gruppo dei pazienti HIV positivi non si osservano differenze né per quanto riguarda la percentuale dei linfociti CD4 e CD8 totali, né per quanto riguarda le diverse sottopopolazioni suggerendo che sia la presenza stessa dell'infezione e del quadro infiammatorio ad essa associato a favorire la patogenesi di malattie respiratorie, indipendentemente dal tipo di patologie.

La messa a punto di una metodica di citofluorimetria policromatica che permetta l'analisi della distribuzione delle diverse sottopopolazioni di linfociti T utilizzando un unico pannello è stato quindi di grande importanza, perché ha permesso di ottenere un numero elevato d'informazioni, molto superiore a quelle che normalmente derivano dalla pratica clinica.

Luogo, data: Modena, 03/10/2017

Firma studente *Scipani Quise*

Firma relatore *Scipani*

Firma correlatore *Scipani*



UNIMORE
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI
MODENA E REGGIO EMILIA

Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica

CORSO DI LAUREA IN TECNICHE DI
LABORATORIO BIOMEDICO

Presidente: Prof. Claudio Cermelli

TITOLO TESI DI LAUREA:

MODELLO MATEMATICO-STATISTICO PREDITTIVO DEL RISCHIO DI TUMORE
PAPILLARE DELLA TIROIDE

STUDENTE: SIMONE BARBOLINI

RELATORE: MANUELA SIMONI

CORRELATORE: LIVIO CASARINI E GIULIA BRIGANTE

A.A: 2016-2017

TESI SPERIMENTALE COMPILATIVA

MESE ED ANNO DI LAUREA: OTTOBRE 2017

RIASSUNTO O ABSTRACT (max 3000 caratteri):

Il tumore papillare della tiroide (PTC) è il secondo tipo di tumore più frequente nelle donne di età inferiore ai 50 anni. Le cause più frequenti di PTC sono da imputare a mutazioni dei geni *KRAS*, *BRAF* e *RET*, tuttavia, il *background* genetico influisce sulla suscettibilità di un soggetto. Ad esempio, sono state osservate associazioni tra PTC e specifici polimorfismi singolo-nucleotide (SNPs).

Un precedente studio ha identificato 184 SNPs associati a PTC, sarebbero alla base di genotipi specifici determinanti un diverso rischio di sviluppare la patologia. In particolare, tale studio aveva utilizzato dati polimorfici di individui appartenenti al database 1000 *Genomes* per determinare il background genetico di diverse popolazioni mondiali. I dati genotipici ottenuti sono stati incrociati a fattori di rischio di PTC, quali livelli di esposizione allo iodio e *body-mass index* (BMI) disponibili su scala nazionale. Tale indagine ha dimostrato che l'incidenza di PTC nelle diverse popolazioni mondiali può essere predetta incrociando i fattori genetici (determinati utilizzando gli SNPs associati a PTC) e gli stessi fattori di rischio, utilizzando l'analisi delle componenti principali (PCA).

Lo scopo di questo studio è quello di replicare il modello matematico predittivo utilizzando dati polimorfici di pazienti affetti da PTC e individui sani.

A tal proposito, i dati polimorfici di un totale di 1194 individui italiani di etnia caucasica appartenenti ad un *genome-wide association study* (GWAS) precedentemente pubblicato, distribuiti tra casi e controlli, sono stati raccolti ed utilizzati per effettuare il *clustering* genetico mediante analisi Bayesiana. I dati ottenuti rappresentano l'aplotipo associato a PTC relativo ad ogni individuo, il quale è stato incrociato con fattori di rischio quali BMI e familiarità, mediante PCA.

I risultati mostrano che gli individui appartenenti al gruppo di controllo e pazienti PTC si distribuiscono in due differenti *clusters*, rivelando il differente *background* genetico più o meno predisponente al tumore. Tale dato genetico è stato incrociato con i fattori di rischio, dimostrando la differente distribuzione sul grafico cartesiano elaborato mediante PCA. Nello

specifico, gli individui affetti dal tumore si posizionano nell'area sottostante a quella dei controlli, dimostrando che è possibile pre-determinare il rischio di insorgenza di PTC conoscendo il genotipo e specifici fattori di rischio.

Tale studio ha rilevanti implicazioni in ambito clinico, dove malattie di origine poligenica non possono essere predette utilizzando singoli *markers* genetici perché risultanti dal contributo di molteplici fattori. Con questo studio è stato sviluppato un modello predittivo del rischio di PTC, che può essere esteso a tutte le patologie poligeniche.

Luogo, data *MODENA, 2.10.2012*

Firma studente *Suione Borbolini*

Firma relatore *M. Simonini*

Firma correlatore *Antonio C...*
Carlo Gigante



UNIMORE
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI
MODENA E REGGIO EMILIA

Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica

CORSO DI LAUREA IN TECNICHE DI LABORATORIO BIOMEDICO

Presidente: Prof. Claudio Cermelli

TITOLO TESI DI LAUREA: RUOLO DEL TECNICO DI LABORATORIO NELLA MICROSCOPIA CONFOCALE EX VIVO: STUDIO DEI MARGINI DI RESEZIONE NELLA CHIRURGIA DI MOHS DEI CARCINOMI BASOCELLULARI

NOME - COGNOME STUDENTE: Eleonora Dufrusine

NOME - COGNOME RELATORE: Luca Reggiani Bonetti

NOME - COGNOME CORRELATORE (SE PRESENTE): Moira Ragazzi

A.A.: 2016-2017

TESI SPERIMENTALE COMPILATIVA

MESE ED ANNO DI LAUREA: 10/2017

RIASSUNTO O ABSTRACT (max 3000 caratteri):

Il carcinoma basocellulare (BCC) è il tumore cutaneo non melanocitario più frequente (circa l' 80%) con un progressivo aumento di incidenza negli ultimi anni. Sebbene non sia possibile individuarne una eziologia ben definita, l'esposizione a radiazioni UV rappresenta il fattore di rischio più importante. Quando diagnosticato in stadio precoce, la percentuale di guarigione è vicina al 100%. L'approccio terapeutico di elezione è la chirurgia micrografica di Mohs che consiste nell'asportazione completa del tumore grazie ad un controllo microscopico dei bordi della neoplasia e della porzione di cute asportata durante l'intervento. Il campione pertanto, in seguito ad asportazione chirurgica, giunge in laboratorio dove viene analizzato tramite esame al congelatore. Ai fini di ridurre la tempistica di tale procedura recentemente è stata introdotta, in associazione alla chirurgia micrografica di Mohs, la microscopia confocale a fluorescenza (*fluorescence confocal microscopy* - FCM) ex vivo che consente di fornire immagini immediate e conformi al tessuto originale. L'obiettivo dello studio è stato quello di valutare: il ruolo del tecnico di laboratorio nelle procedure di allestimento dei preparati FCM in affiancamento all'anatomo patologo; la performance della metodica sulla base del confronto con le due tecniche istologiche considerate gold standard; le principali cause artefattuali che possono compromettere la valutazione delle immagini acquisite. Sono stati arruolati 15 casi consecutivi di BCC asportati con tecnica di Mohs ed analizzati mediante FCM - ex vivo (Laser Vivascope © 2500, Caliber ID, Rochester, N.Y, USA), presso l'unità operativa di Anatomia Patologica dell'Arcispedale Santa Maria Nuova di Reggio Emilia - IRCCS. Sono stati acquisiti 94 mosaici e le relative immagini sono state confrontate con le corrispettive sezioni istologiche ottenute al congelatore e dalla successiva inclusione in paraffina. Dall'interpretazione dei risultati è emerso che la presenza del tecnico adeguatamente addestrato, al posto del patologo, nell'allestimento del campione, non inficia in maniera significativa la performance della metodica. Inoltre, sebbene l'esame istologico al congelatore mantenga la più alta sensibilità e specificità nella diagnostica del BCC e dei margini chirurgici del pezzo operatorio, la tecnica FCM ex vivo, mostra vantaggi in termini di tempistica di allestimen-

to dei campioni e conservazione dell'integrità del materiale biologico, che rimane disponibile per eventuali ulteriori analisi. Questo studio è il primo che utilizza la figura del tecnico di laboratorio come "pathologist's assistant" nell'allestimento dei campioni per analisi FCM ex vivo, confermando un suo potenziale impiego in questo ruolo sia per lo svolgimento della procedura e che per la valutazione dell'adeguatezza dell'immagine ottenuta. Trattandosi di un ruolo aggiuntivo alla figura professionale del tecnico di laboratorio, sono necessarie ulteriori esperienze al fine di acquisire l'adeguata expertise nel campo.

Luogo, data Reggio Emilia, 29-09-2017

Firma studente *Eleanora Dufwive*

Firma relatore *Bianca*

Firma correlatore *Mario Fogazzi*



UNIMORE

Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica

**CORSO DI LAUREA IN TECNICHE DI
LABORATORIO BIOMEDICO**

Presidente: Prof. Claudio Cermelli

**TITOLO TESI DI LAUREA: Analisi del profilo proteico sierico di pazienti con
Restless Legs Syndrome**

NOME - COGNOME STUDENTE: Jessica Ponzoni

NOME - COGNOME RELATORE: Dott.ssa Stefania Bergamini

NOME - COGNOME CORRELATORE (SE PRESENTE): Dott.ssa Elisa Bellei

A.A: 2016-2017

TESI SPERIMENTALE COMPILATIVA

MESE ED ANNO DI LAUREA: ottobre 2017

RIASSUNTO O ABSTRACT (max 3000 caratteri):

La RLS è classificata tra i disordini del sonno correlati al movimento.

E' un disturbo neurologico caratterizzato dal desiderio impellente di muovere gli arti inferiori al fine di alleviare il dolore, il fastidio alle gambe avvertiti dal paziente.

La sindrome è distinta comunemente in primaria e secondaria: la primaria è ereditaria anche se non è ancora stata identificata con certezza la causa genetica; la secondaria invece può essere causata da carenza di ferro e folati, patologie renali, diabete, celiachia, ecc.

La mancanza di un test diagnostico specifico per l'RLS fa sì che questa sindrome non sempre venga diagnosticata correttamente o riconosciuta (diagnosi anche dopo molti anni dall'insorgenza dei primi sintomi).

Attualmente la diagnosi è basata su:

- criteri diagnostici e di supporto (stilati dall'IRLSSG e dall'NHI) osservabili e comuni a tutti i pazienti con RLS;
- sulla valutazione attenta della sintomatologia riportata dal paziente il quale, spesso, trova difficoltà a definirla con precisione;
- eventuali approfondimenti ematochimici al fine di escludere le cause secondarie di RLS.

Alla luce delle difficoltà nell'eseguire una corretta diagnosi, lo scopo dello lavoro eseguito è stato quello di valutare il profilo sierico di pazienti con diagnosi di RLS e di confrontarlo con quello di soggetti sani, al fine di individuare biomarcatori caratterizzanti la patologia e di aiuto nel formulare la diagnosi e/o nella scelta terapeutica da intraprendere.

L'analisi del proteoma sierico è stata eseguita mediante tecniche proteomiche quali l'elettroforesi (1-DE e 2-DE) e la MS.

Luogo, data 2/10/17

Firma studente Jessica Ruzoni

Firma relatore Stefano Berg

Firma correlatore Elisa B.



UNIMORE
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI
MODENA E REGGIO EMILIA

Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica

**CORSO DI LAUREA IN TECNICHE DI
LABORATORIO BIOMEDICO**

Presidente: Prof. Claudio Cermelli

TITOLO TESI DI LAUREA:

Ricerca e Tipizzazione delle Crioglobuline. Il processo analitico: criticità e standardizzazione.

NOME - COGNOME STUDENTE: Yuliya Slisarchuk

NOME - COGNOME RELATORE: Dott. Daniele Campioli

A. 2016/2017

TESI SPERIMENTALE

COMPILATIVA

MESE ED ANNO DI LAUREA: Ottobre 2017

RIASSUNTO O ABSTRACT (max 3000 caratteri):

Le crioglobuline sono un gruppo di proteine con la comune proprietà di formare un precipitato o un gel a freddo e ritornare in soluzione a 37 °C. La classificazione di Brouet, che si basa sulla separazione immunoelettroforetica delle Ig, distingue tre tipi di crioglobulinemia: Tipo I, Tipo II e tipo III. Le ultime due vengono chiamate anche crioglobulinemie miste. L'applicazione di metodologie più sensibili ha permesso di indentificare altri tipi o sottotipi di crioglobulinemie: forma intermedia tipo III/II, sottoclassificazione del tipo II in IIa e IIB, microeterogenee. I sintomi comuni della crioglobulinemia includono la classica triade di Meltzer, sindrome di Raynaud, echimosi, ulcere, necrosi ischemica, e in rari casi possono coinvolgere vari organi ed apparati. In letteratura non ci sono vere e proprie linee guida per la ricerca e la tipizzazione delle crioglobuline, né a livello nazionale né a livello internazionale. In questo lavoro abbiamo esaminato e confrontato due protocolli operativi per l'esecuzione di questa analisi, pubblicati dalle due più importanti società scientifiche italiane di medicina di laboratorio: Gruppo di Studio Proteine SIBioC (Società Italiana di Biochimica Clinica) e Gruppo Studio Proteine SIMeL (oggi SIPMeL: Società Italiana di Patologia Clinica e Medicina di Laboratorio). Esaminando la casistica dei pazienti del laboratorio Analisi Chimico-Cliniche del Policlinico di Modena e del laborartorio analisi dell'Ospedale di Baggiovara abbiamo valutato aspetti relativi alla variabilità intralaboratorio e variabilità interlaboratorio, che arriva a 25%. Inoltre, grazie alla collaborazione con diversi laboratori della Regione Emilia Romagna, abbiamo potuto mettere a confronto le procedure in uso presso alcuni laboratori dell'Area Vasta Emilia Nord (AVEN). Dalla analisi dei dati emerge la non perfetta corrispondenza delle indicazioni fornite dalle due società scientifiche italiane, che riguardano non solo il metodo di analisi, ma anche tutti gli aspetti preanalitici e postanalitici (classificazione e refertazione). Anche tra i diversi laboratori le procedure non sono completamente sovrapponibili presentando alcune differenze anche significative. La conclusione

del nostro lavoro evidenzia la necessità di un grande impegno per una più diffusa e condivisa standardizzazione ed armonizzazione delle procedure, per eseguire correttamente la ricerca delle crioglobuline e l'inquadramento clinico del paziente, con particolare attenzione a tutte le fasi, compresa quella postanalitica di refertazione e classificazione.

Modena, 26/09/2017

Firma studente *Ediye Starochuk*

Firma relatore *Paupis Di*



UNIMORE
UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI
MODENA E REGGIO EMILIA

Dipartimento di Medicina Diagnostica, Clinica e di Sanità Pubblica

**CORSO DI LAUREA IN TECNICHE DI
LABORATORIO BIOMEDICO**

Presidente: Prof. Claudio Cermelli

TITOLO TESI DI LAUREA:

PREVENZIONE DELL'ALLOIMMUNIZZAZIONE RHD E RHCE IN PAZIENTI PEDIATRICI AFRICANI AFFETTI DA ANEMIA FALCIFORME: IDENTIFICAZIONE MOLECOLARE DI DONATORI COMPATIBILI

STUDENTE: CECILIA TALAMI

RELATORE: DONATELLA VENTURELLI

CORRELATORE: ELENA BIGI

A.A: 2016-2017

TESI SPERIMENTALE COMPILATIVA

MESE ED ANNO DI LAUREA: 10/2017

RIASSUNTO O ABSTRACT (max 3000 caratteri):

L'anemia falciforme, o drepanocitosi, è un'anemia emolitica cronica ereditaria autosomica recessiva, caratterizzata dalla presenza di un'emoglobina anomala, l'emoglobina S (HbS). Questa Hb in situazioni di deossigenazione provoca la formazione di grossi polimeri in grado di deformare l'eritrocita, facendogli assumere la caratteristica forma a falce responsabile dei fenomeni vaso-occlusivo ed emolitico tipici di questa patologia.

La trasfusione di eritrociti concentrati è tuttora fondamentale nel trattamento di alcune complicanze acute e croniche della drepanocitosi. Tuttavia l'alloimmunizzazione verso antigeni eritrocitari è la complicanza post trasfusionale più frequente. Nella maggior parte dei casi sono coinvolti antigeni eritrocitari del sistema Rh (D, C, E) e in minor parte dei sistemi Kell e Kidd. I pazienti africani che vengono trasfusi cronicamente hanno un rischio maggiore di immunizzarsi rispetto a pazienti di altre razze, per la diversa distribuzione e frequenza di fenotipi eritrocitari tra donatori e riceventi affetti da drepanocitosi.

Lo studio si pone come obiettivo primario la prevenzione dell'alloimmunizzazione verso il sistema RhD ed RhCE in pazienti pediatrici africani affetti da anemia falciforme seguiti presso l'Unità di Oncoematologia Pediatrica dell'Azienda Ospedaliera Universitaria di Modena, mediante la selezione di un pool di donatori dedicati caratterizzati molecolarmente. Tutti i donatori sono stati tipizzati sierologicamente per i sistemi ABO ed RH, successivamente è stato determinato il genotipo RhD e RhCE mediante BeadChip kits (BioArray Solutions, Immucor, Warren, NJ, USA), un test diagnostico qualitativo in vitro, eseguito mediante analisi genomica del DNA.

Le mutazioni più frequentemente riscontrate nei donatori sono risultate essere tra quelle maggiormente rappresentate anche nei pazienti. L'individuazione di varianti non rilevabili sierologicamente, ma in grado di stimolare la produzione di alloanticorpi ha messo in evidenza l'importanza della genotipizzazione del fattore RhD e RhCE per la gestione dei pazienti politrasfusi affetti da anemia falciforme.

In conclusione, la genotipizzazione del gruppo sanguigno dei donatori oltre che dei pazienti mediante DNA array permette un cross-match più accurato delle unità da trasfondere prevenendo le complicanze post-trasfusionali, prima tra tutte l'alloimmunizzazione e le conseguenti crisi emolitiche ed iper emolitiche.

Luogo, data Modena 2-10-19

Firma studente *U.lli*

Firma relatore *Luigielli*

Firma correlatore *Elvef*