



HLAの世界へようこそ！ Vol.2

第2部 LABScreenの解析

株式会社ベリタス

2025年11月26日

本日の内容

- 解析準備
- 解析結果とレポート (Mixed)
- 解析結果 (Single Antigen)
- データ解析 (Single Antigen)
- レポート (Single Antigen)

解析ファイルのインポート（初回、ロット変更時、ファイル更新時）

csvファイルのインポート（カタログファイル選択、NC血清の確認）

検査基準の確認

結果判定



VERITAS

Veritas Corporation

解析準備

HLA Fusionの解析に必要なファイル

- 血清型ファイル

- 最新の血清型、アレル情報を含む
- 年に2回更新(1月と7月のIMGT更新にあわせて更新される)
- ファイル名の例：sero_equivalent_2025January.csv

IMGTのバージョン

- カタログファイル

- 各製品で検出ができるアレル情報を含む
- 製品&ロットごとに作成
- ファイル名の例：LS1A04NC26_014_00.cat

製品コード

NC血清のロット

製品ロット

バージョン

- 下記よりダウンロード可能

- https://www.veritastk.co.jp/hla/soft_file.html



血清型ファイル、日本人ファイル、各種設定ファイルのダウンロードページです。

カタログファイル、テンプレートファイルは下記ページよりダウンロードできます。

HLA Fusion カタログファイル	LABScanシステム テンプレートファイル	LABScan3D テンプレートファイル
		
HLA Fusion™ カタログファイル	LABScanシステム™ テンプレートファイル	LABScan3D™ テンプレートファイル

HLA Fusion 血清型ファイル(Nomenclature)

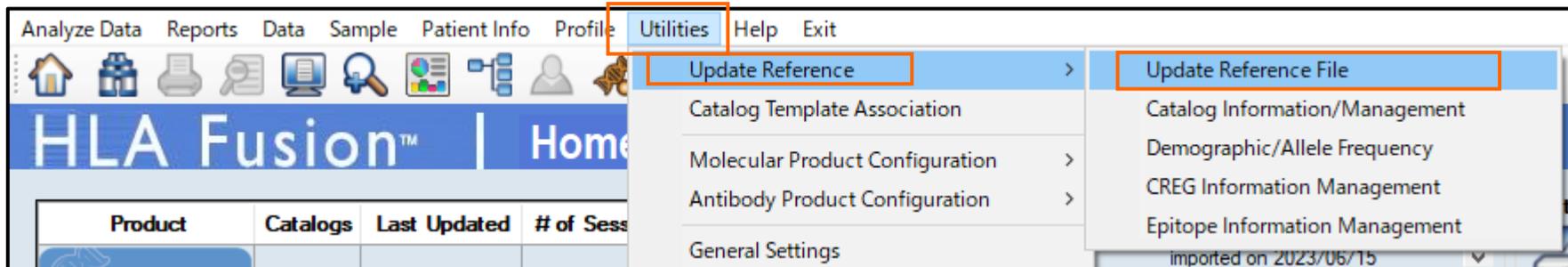
One Lambdaより提供されているIMGT/HLAの血清型ファイルです。LABScreen、LABType、マイクロSSPが対象です。

血清型ファイル (IMGT 3.59/2025 January版 2025/6/24 更新)

HLA Fusion™ へのインストール方法

解析ファイルのインポート

- Utilities>Update Reference>Update Reference Fileの順にクリック

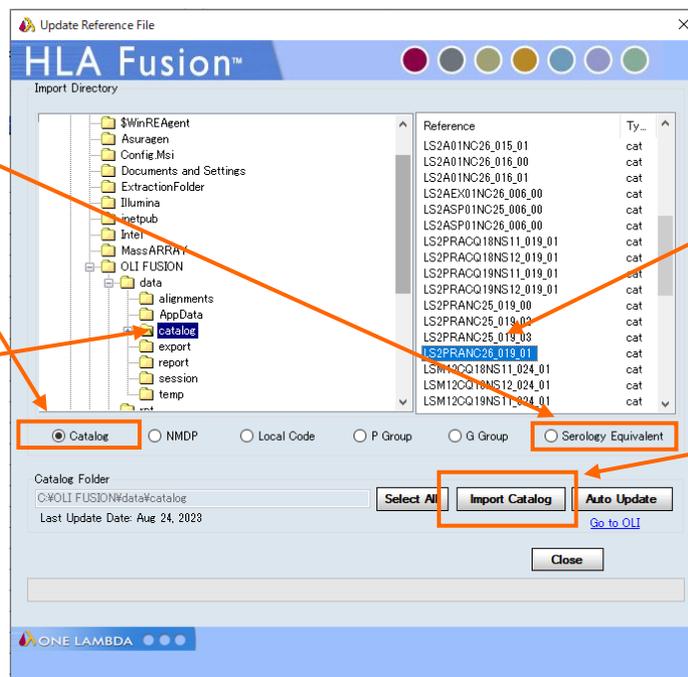


①「Catalog」もしくは「Serology Equivalent」を選択

②ファイルを保存したフォルダを選択

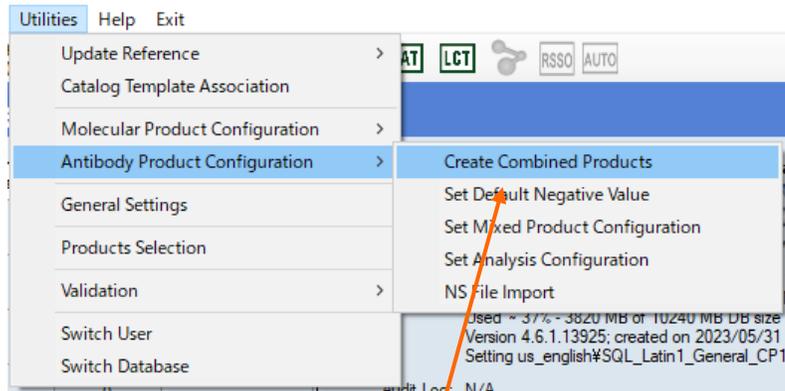
③インポートするカタログファイルもしくは血清型ファイルを選択

④「Import Catalog」もしくは「Import Serology」をクリック

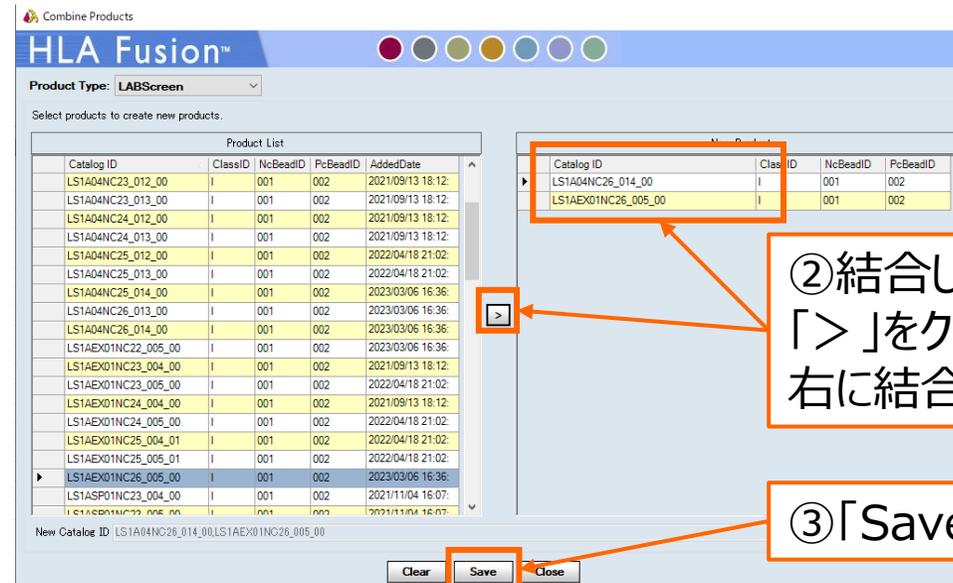


カタログファイルの結合

- PRA Class I+Class II、Single Antigen+ExPlexを解析する際は事前にカタログの結合が必要です

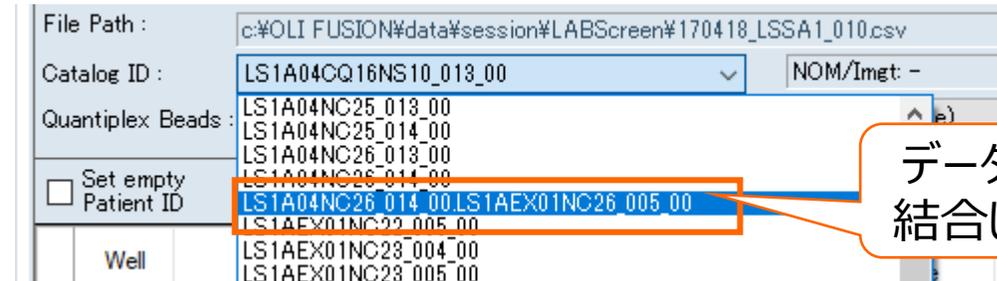


① Utilities>Antibody Product Configuration>Create Combined Productsの順にクリック



② 結合したいファイルを選択して「>」をクリック
右に結合するファイルがリストされる

③ 「Save」で保存



データをインポートする際に結合したファイルを選択する

解析条件の設定 (Mixed)

再検査基準

カットオフ値

Analysis Configuration Settings

HLA Fusion™

Antibody Product: MM

Product Type: LABScreen Mixed

Low PC/NC Ratio*: 2

NC Raw*: 500

Min Bead Count*: 50

Low PC*: 500

Do not display Warning Messages

Swap Bead if NC is higher than all beads in sample

Swap Bead if NC is high

Set Max Scale

Class I*: 2

Reset to OLI Save Close

Antibody Product Configuration

- Create Combined Products
- Set Default Negative Value
- Set Mixed Product Configuration
- Set Analysis Configuration
- NS File Import

Set Mixed Product Configuration

HLA Fusion™

Catalog ID: LSM12NC25_024_05

Class I

Positive Threshold: 1.5

Negative Threshold: 1.2

Nc Threshold: 50

Class II

Positive Threshold: 1.5

Negative Threshold: 1.2

Nc Threshold: 50

MIC

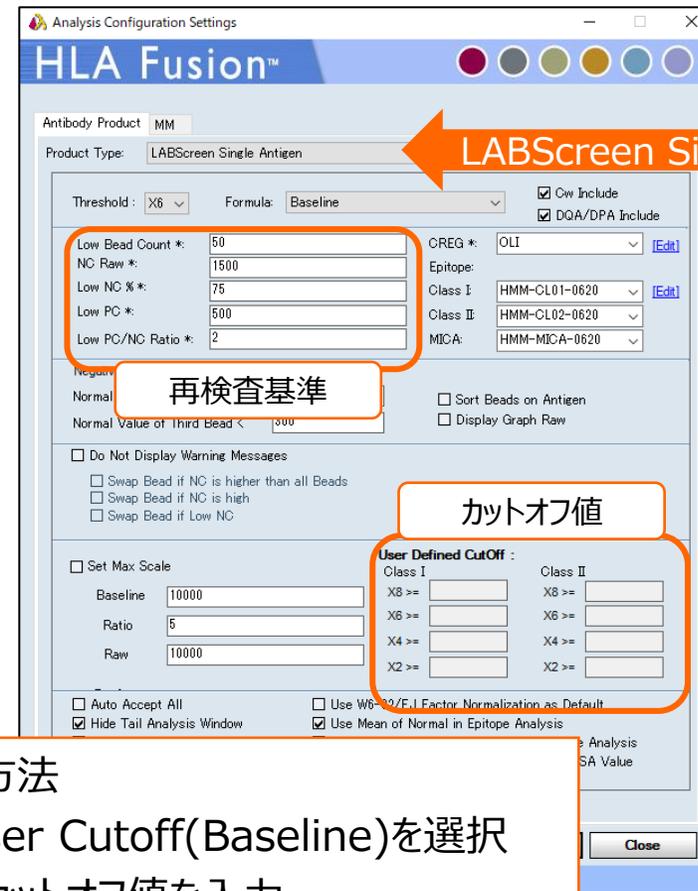
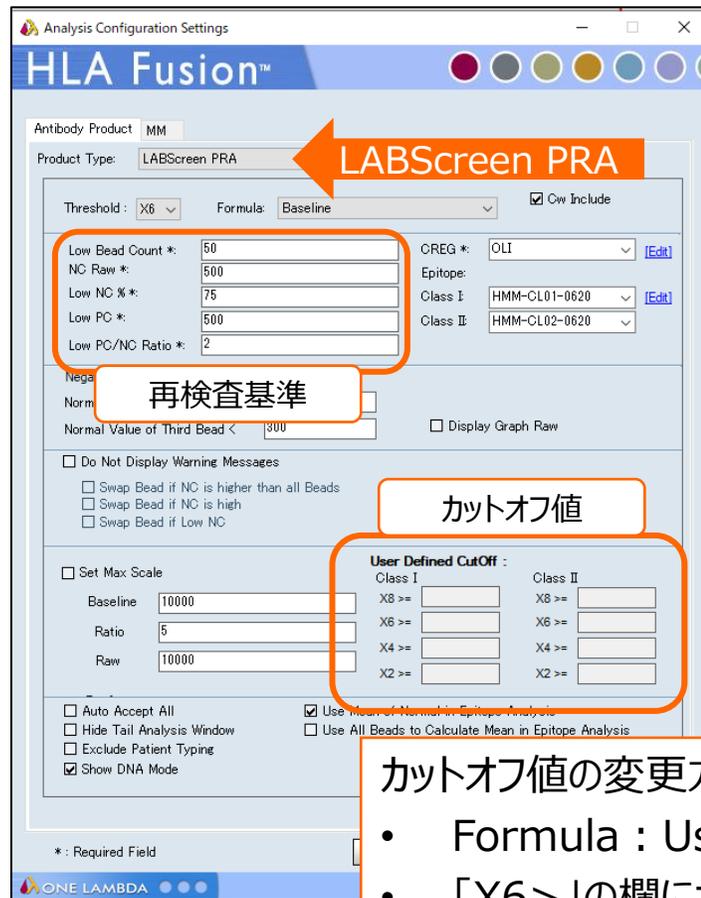
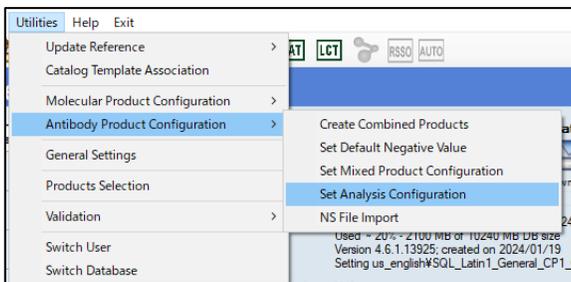
Positive Threshold: 1.5

Set OLI Default Save Close

再検査基準値を変更し「save」をクリック

1. Catalog IDよりカタログを選択
 2. NBG Ratio値を変更
 3. 「save」をクリック
- * カatalogごとに変更が必要 *

解析条件の設定 (PRA/Single Antigen)



カットオフ値の変更方法

- Formula : User Cutoff(Baseline)を選択
- 「X6>」の欄にカットオフ値を入力
 - Threshold「x 6」以上が陽性と判定される
 - 「x 8」~「x 2」の全ての項目に数値を入力
- 入力後、「save」をクリック

データインポートの手順

LABScreenボタン
もしくは
抗体ボタンをクリック

①

②

③

④

⑤

施設内で毎回同程度のデータが
出ることを確認

メーカーQC

測定データ

① インポートするcsvファイルを選択
② カタログファイル選択
③ NC血清を選択
④ NC血清の値を確認
⑤ データのインポート

Product	Catalogs	Last Updated	# of Sessions	# of Tests	Recent Se
LABType	18	2024/07/27	16	81	2024/05/
SSP	5	2024/04/04	7	7	2024/07/27
LABScreen	27	2024/10/14	21	72	2024/10/15
LAT	0		0	0	

Well	Sample	Sample Date	Sample Treatment	Sample Source	Dilution Factor	Secondary Ab	Luminex Min Bead Cnt	NS	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity	Patient/Donor
78(L)A1	NC						100	<input checked="" type="checkbox"/>	N					
74(L)B1	SH3101						100	<input type="checkbox"/>	N					
78(L)C1	SH3102						100	<input type="checkbox"/>	N					
78(L)D1	SH3103						100	<input type="checkbox"/>	N					
77(L)E1	SH3104						100	<input type="checkbox"/>	N					
78(L)F1	SH3105						100	<input type="checkbox"/>	N					
79(L)G1	SH3106						100	<input type="checkbox"/>	N					

検査基準の確認

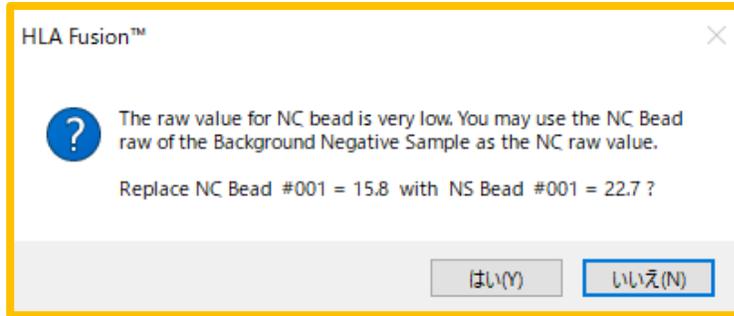
Sample	▽	Class II Suggested	Class II +/-	Class I Suggested	Class I +/-	System Comment	Min BeadCnt	NC	PC	PCNCRatio	Sample Date	Mic Suggested	MIC +/-
NC		Neg	Neg	Neg	Neg		91	17.5	8090.86	462.33		Neg	Neg
1		Pos	Pos	Pos	Pos		95	26.86	10981.84	408.85		Neg	Neg
2		Pos	Pos	Pos	Pos	NC Raw >=500.	78	541.15	10403.74	19.23		Neg	Neg
3		Pos	Pos	Pos	Pos		80	27	9905.92	366.89		Pos	Pos
4		Pos	Pos	Pos	Pos	Low Bead Count(42).	42	22.16	8675.41	391.49		Pos	Pos

基準を満たしていない場合はSystem Commentに記載されます
(LSMの場合、NCの値が500以上でコメントが記載されますが、
1500以下であれば問題ありません)

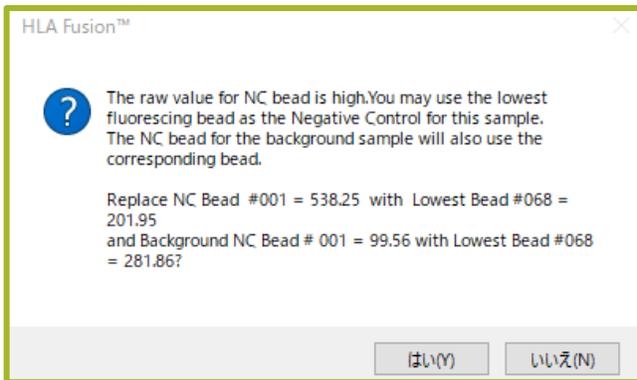
- 下記の条件を満たしていることを確認
 - Min Bead Cnt : 50以上
 - NC : 1,500以下
 - PC : 500以上
 - PC/NCRatio : 2以上

基準を満たしていない場合は
再検査を行ってください

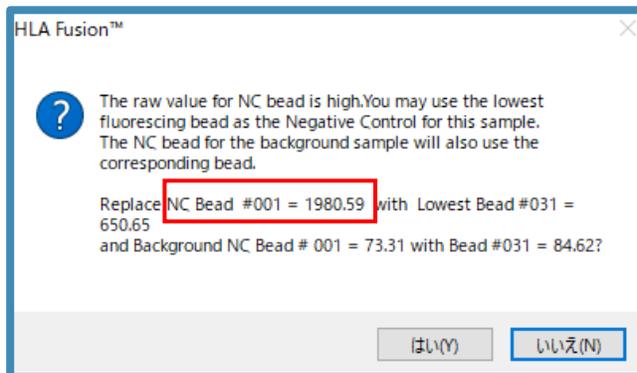
データインポート時のメッセージ



* 検体のNCビーズが、NC血清のNCビーズより低い時に表示されます
検体のNCビーズの値をNC血清のNCビーズの値と書き換えますか？
→「いいえ」を選択



* 検体のNCビーズが、検体の他の抗原ビーズより高い時に表示されます
検体のNCビーズの値が高いので、検体の一番低いビーズの値と書き換えま
すか？それに伴って、NC血清のNCビーズも変更しますか？
→「いいえ」を選択



検体のNCビーズ値が1500を超えている場合は
再検査をしてください



解析結果とレポート (Mixed)

NBG Ratio

- NBG Ratio = Normalized Background Ratio
- 算出方法
(検体の各ビーズ値-検体のNCビーズ値)
/(NC血清の各ビーズ値-NC血清のNCビーズ値)
✓分母が50未満の場合は分母は50として計算される

Bead ID	Class	Sample Raw	Sample NC	LSNS Raw	LSNS NC	NBG Ratio	Baseline	Rxn	Count	SI
001	NC	609.91	609.91	40.67	40.67	0	0		187	
002	PC	9094.41	609.91	9873.95	40.67	0.8628	0		160	
003	I	5545.42	609.91	166.77	40.67	39.1396	809.41	1	151	A1
003	I	5545.42	609.91	166.77	40.67	39.1396	809.41	1	151	A1
003	I	5545.42	609.91	166.77	40.67	39.1396	809.41	1	151	A1
004	I	15660.4	609.91	144.37	40.67	145.1349	4946.79	8	104	A2
004	I	15660.4	609.91	144.37	40.67	145.1349	4946.79	8	104	A2
004	I	15660.4	609.91	144.37	40.67	145.1349	4946.79	8	104	A1
005	I	14819.17	609.91	192.34	40.67	93.6854	4057.59	8	124	A2
005	I	14819.17	609.91	192.34	40.67	93.6854	4057.59	8	124	A1
005	I	14819.17	609.91	192.34	40.67	93.6854	4057.59	8	124	A2
007	I	16885.34	609.91	135.66	40.67	171.3383	6180.44	8	108	A2
007	I	16885.34	609.91	135.66	40.67	171.3383	6180.44	8	108	A2
007	I	16885.34	609.91	135.66	40.67	171.3383	6180.44	8	108	A1
009	I	16417.99	609.91	164.23	40.67	127.9385	5684.52	8	115	A2
009	I	16417.99	609.91	164.23	40.67	127.9385	5684.52	8	115	A2
009	I	16417.99	609.91	164.23	40.67	127.9385	5684.52	8	115	A2

各検体の解析画面の右下の「Raw Data」をクリックすると表示される

解析画面 (Mixed)

Class I

Class II

陽性カットオフライン

陰性カットオフライン

陽性及び陰性のカットオフラインは手動で上下に動かすことができます
判定結果はソフトが自動判定した結果が反映されますが、手動で変更ができます

陽性と陰性カットオフの間にあるビーズはグレー表示

判定結果の確認

解析結果の保存

Class I & II MIC

Statistics

PC: (002) 9094.41
NC: (001) 609.91
PC/NC: 14.91
NC Threshold (CL1): 50(50)
NC Threshold (CL2): 50(50)
Cut-off Default Current
CL I +ve 1.5 75.6
CL I -ve 1.2 56.2
CL II +ve 1.5 37.9
CL II -ve 1.2 29.3

Class I
Computer Assignment Positive
Final Assignment Positive Negative Undetermined

Class II
Computer Assignment Positive
Final Assignment Positive Negative Undetermined

MIC
Computer Assignment Negative

Comments/
(System): NC Raw >=500.NC Raw >=500Adjusted Cutoff.

More Test Raw Data Save>> Confirm>>

レポート-1

Analyze Data **Reports** Data Sample Patient Info Profile Utilities Help Exit

Home Print Search MicroSSP STYP SSO LAT LGT

Patient Generic Typing LABType MicroSSP Generic Antibody LABScreen Specialty Statis

Sample Summary **LSM Details** LSM Summary LSM Overview Product Compare

Patient or Donor ID: *
Session: *
Batch: *
Sample ID: *

SessionID
WellPosition
SampleID
PatientID

LSM Detail

Approved By: _____ Date: _____

Session ID: 200907_LSM022_NC023_20200907_124154
Catalog: LSM12NC23_022_00

NS Sample: NC

Background Value	005	007	132.31	008	129.79	013	114.74	018	128.56	030	129.09	041	123.49	043	133.09	053	133.52	059	126.96
061	128.84	062	143.13	078	92	081	109.28	083	107.59	084	66.02	096	95.5	099	90.6	100	90.09	NC	114.76
PC	1212247																		

Class I Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class I Sensitivity/MFI: 0
Class II Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class II Sensitivity/MFI: 0
MIC Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 HNA Sensitivity/MFI: 0

Patient ID: _____ Patient Name: _____ Local ID: _____

Status: _____

Transplant Type						Class II						Sample Date	
Class I			Class II			NC		PC		PC/NC Ratio			
Overall Positive	Bead	Result	Raw Data	Ratio	Count	Overall Positive	Bead	Result	Raw Data	Ratio	Count	NC	PC
	005	Positive	831.5	16.21	112		078	Undetermined	95.78	1.49	157	21.16	168
	007	Positive	977.6	19.13	192		081	Positive	232.02	4.22	163	9278.56	148
	008	Positive	622.27	12.02	147		083	Negative	68.14	0.94	155		
	013	Positive	849.77	16.57	101		084	Positive	137.78	2.33	152		
	018	Positive	951.22	18.60	100		096	Negative	75.5	1.09	151		
	030	Positive	775.82	15.09	148								
	041	Positive	703.83	13.65	169								
	043	Positive	885.08	17.28	162								
	053	Positive	706.84	13.71	197								
	059	Positive	698.43	13.55	142								
	061	Positive	650.73	12.59	159								
	062	Positive	942.17	18.42	184								

MIC

Overall	Bead	Result	Raw Data	Ratio	Count
Negative	099	Negative	24.83	0.07	147
	100	Negative	22.72	0.03	170

Sec. Ab: _____ Treatment: _____
Saved By: 1,1 Saved Date: 11/22/2020
Confirmed By: _____ Confirmed Date: _____
Comment: _____
User Comment: _____

11/22/2020 HLA Fusion™ 4.4.0.13925 Page 1 of 1

全てのビーズのNBG Ratioやビーズカウントが表示される

レポート-2

The screenshot shows the software's main menu with 'Reports' highlighted in red. A dropdown menu is open, showing options: 'LSM Details', 'LSM Summary' (highlighted in red), 'LSM Overview', and 'Product Compare'. The background shows various input fields for patient and sample information.

LSM Summary Approved By: _____ Date: _____
Session ID: 200907_LSM022_NC023_20200907_124154
Catalog ID: LSM12NC23_022_00

NS Sample: NC
Background Values

005	121.21	007	132.31	008	129.79	013	114.74	018	128.56	030	129.09	041	123.49	043	133.09	053	133.52	059	126.96
061	128.84	062	143.13	078	92	081	109.28	083	107.59	084	66.02	096	95.5	099	90.6	100	90.09	NC	114.76

PC 1212247

Class I Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class I Sensitivity/MFI: 0
Class II Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class II Sensitivity/MFI: 0
MIC Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 HNA Sensitivity/MFI: 0

[WellPosition]	Sample ID	Class I	Class II	MIC	Raw	Count	Raw	Count	PC/NC
[2(1,B1)]	FL1-64	Positive	Positive	Negative	21.16	168	9278.56	148	438.5

Patient ID: _____ Patient Name: _____
Sec. Ab: _____ Treatment: _____
Saved By: 1,1 Saved Date: 11/22/2020
Confirmed By: _____ Confirmed Date: _____ Sample Date: _____
Comment: _____
User Comment: _____

1, 1
11/22/2020 HLA Fusion™ 4.4.0.13925 Page 1 of 1

陽性/陰性の結果のみ表示される

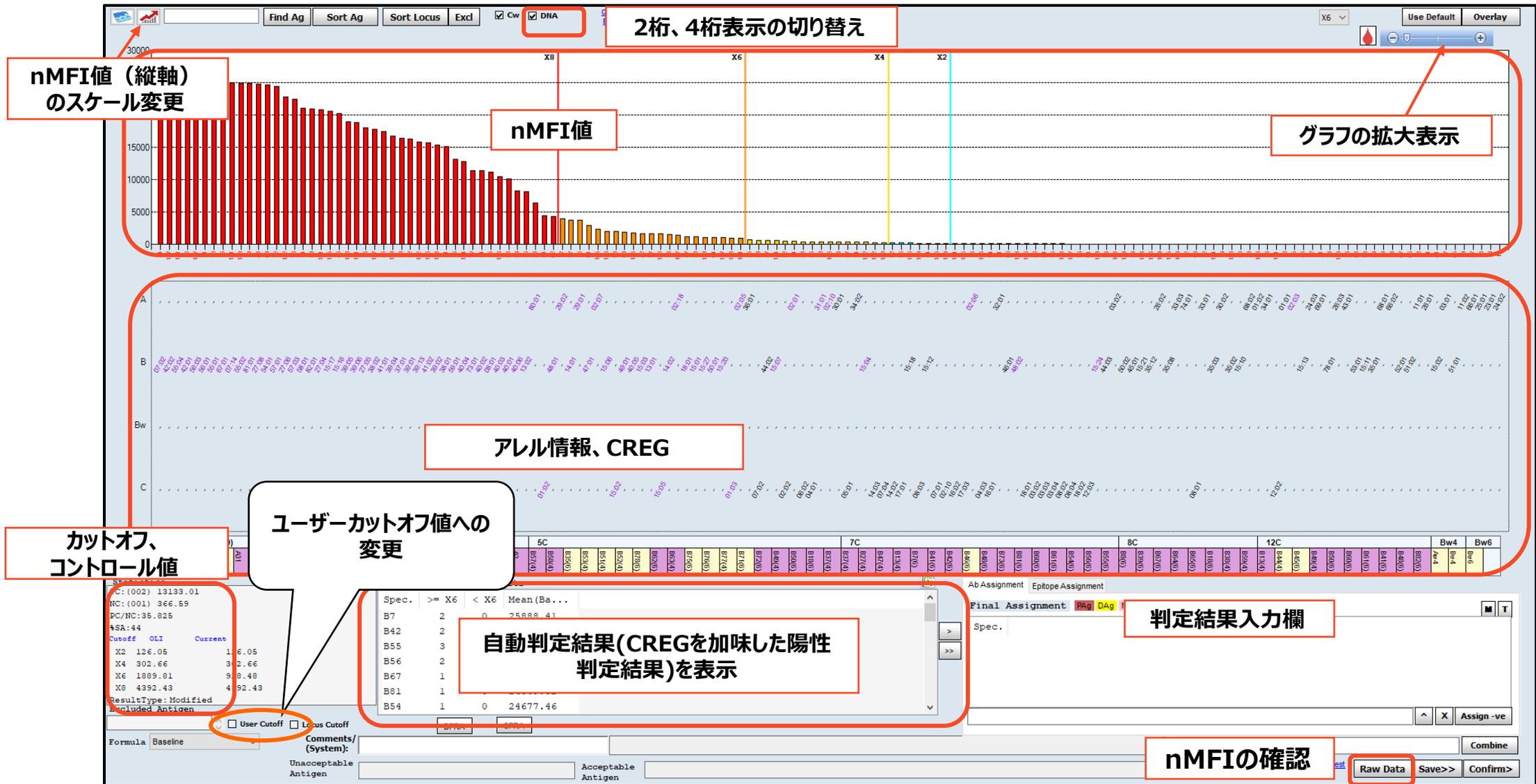


VERITAS

Veritas Corporation

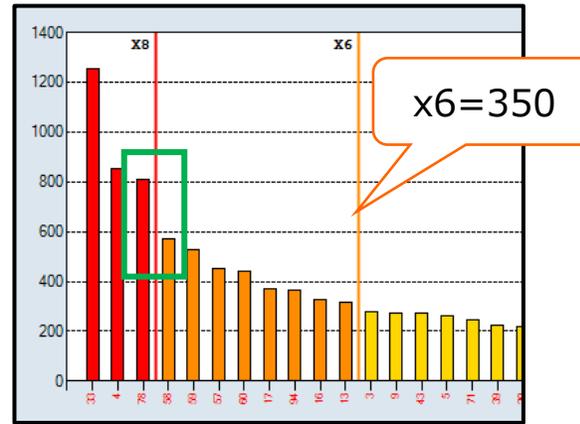
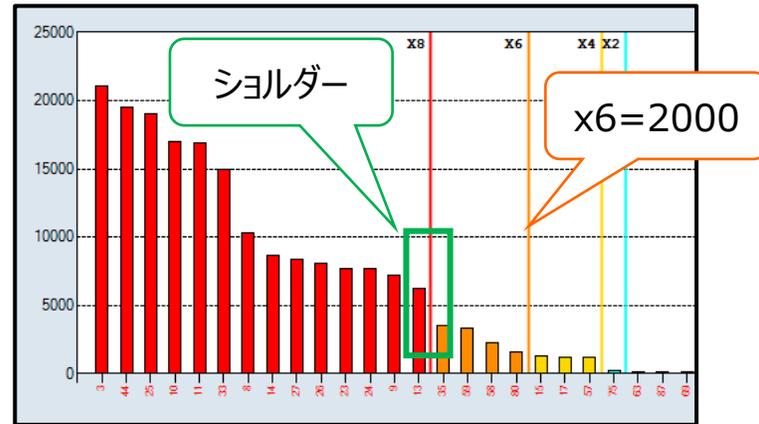
解析結果 (Single Antigen)

解析画面 (Single Antigen)



自動判定方法

- HLA Fusionでは自動判定により、x8、x6、x4、x2を決定する
- デフォルトではx6以上が陽性となるように設定されている
 - x6のカットオフ値は検体により異なるため、判定の際はnMFI値も必ず確認する

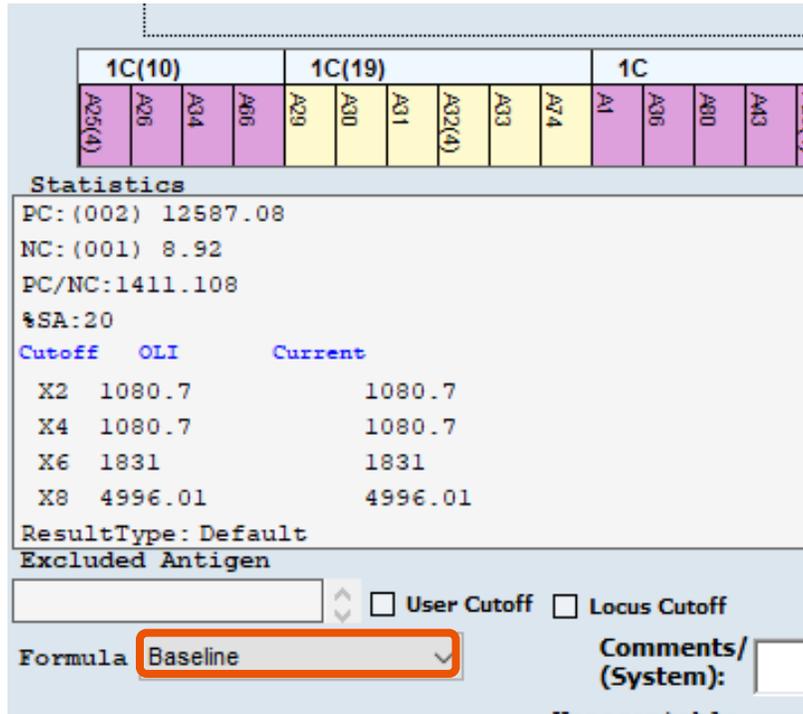


- x8 : 検体内で1番高いビーズの蛍光値の70%以上
- x6 : 30%以上
- x4 : 5%以上
- x2 : 2%以上

CREGとショルダー（前後のビーズとのnMFI値の差）も加味して判定される

nMFIとは

- nMFI = normalized Mean Fluorescence Intensity
 - LABScreenではTrimmed Meanの値をnMFIとして採用
- HLA Fusion上ではBaselineとして表示



Statistics

PC: (002) 12587.08
NC: (001) 8.92
PC/NC: 1411.108
%SA: 20

Cutoff	OLI	Current
X2	1080.7	1080.7
X4	1080.7	1080.7
X6	1831	1831
X8	4996.01	4996.01

ResultType: Default
Excluded Antigen

Formula: **Baseline**

Bead ID	Sample Raw	Sample NC	LSNS Raw	LSNS NC	Baseline	NBG Ratio	Rxn
001	8.92	8.92	100	100	0	1	NC
002	12587.08	8.92	12966	100	0	10.88	PC
003	21706.26	8.92	93	100	21697.34	2616.6	8
004	68.88	8.92	85	100	59.96	9.08	1
005	51.32	8.92	73	100	42.4	7.88	1
006	91.56	8.92	113	100	69.64	9.08	1
007	32.35	8.92	80	100	23.43	4.53	1
008	6705.76	8.92	64	100	6696.84	1174.64	8
009	5369.77	8.92	162	100	5298.85	371.6	8
010	12402.76	8.92	147	100	12346.84	945.88	8
011	10979.8	8.92	116	100	10954.88	1061.14	8

nMFIの計算式

- 計算式

$$nMFI = \frac{(\text{検体の各ビーズ値} - \text{検体のNCビーズ値})}{(\text{NC血清の各ビーズ値} - \text{NC血清のNCビーズ値})}$$

Bead ID	Sample Raw	Sample NC	LSNS Raw	LSNS NC	Baseline	NBG Ratio	Rxn	Count
077	17810.08	319.22	155.32	21.77	17357.31	7.82	8	142
028	16957.76	319.22	84.86	21.77	16575.45	13.63	8	140

nMFI

- (検体の各ビーズ値-検体のNCビーズ値)
→ (各検体におけるバックグラウンド除去)
- (NC血清の各ビーズ値 - NC血清のNCビーズ値)
→ (各ビーズのバックグラウンド除去)

判定結果の記録

表示されている血清型(アレル)をダブルクリックしてAssignできる

選択したものを1つずつAssign

自動判定結果(CREGを加味した陽性判定結果)を表示
※2桁のみ。4桁は手動で入力

枠内に表示されている抗原/アレルが陽性抗体としてレポートに表示されます

陰性としてAssign

表の中にあるものを全てまとめてAssign

解析結果の保存

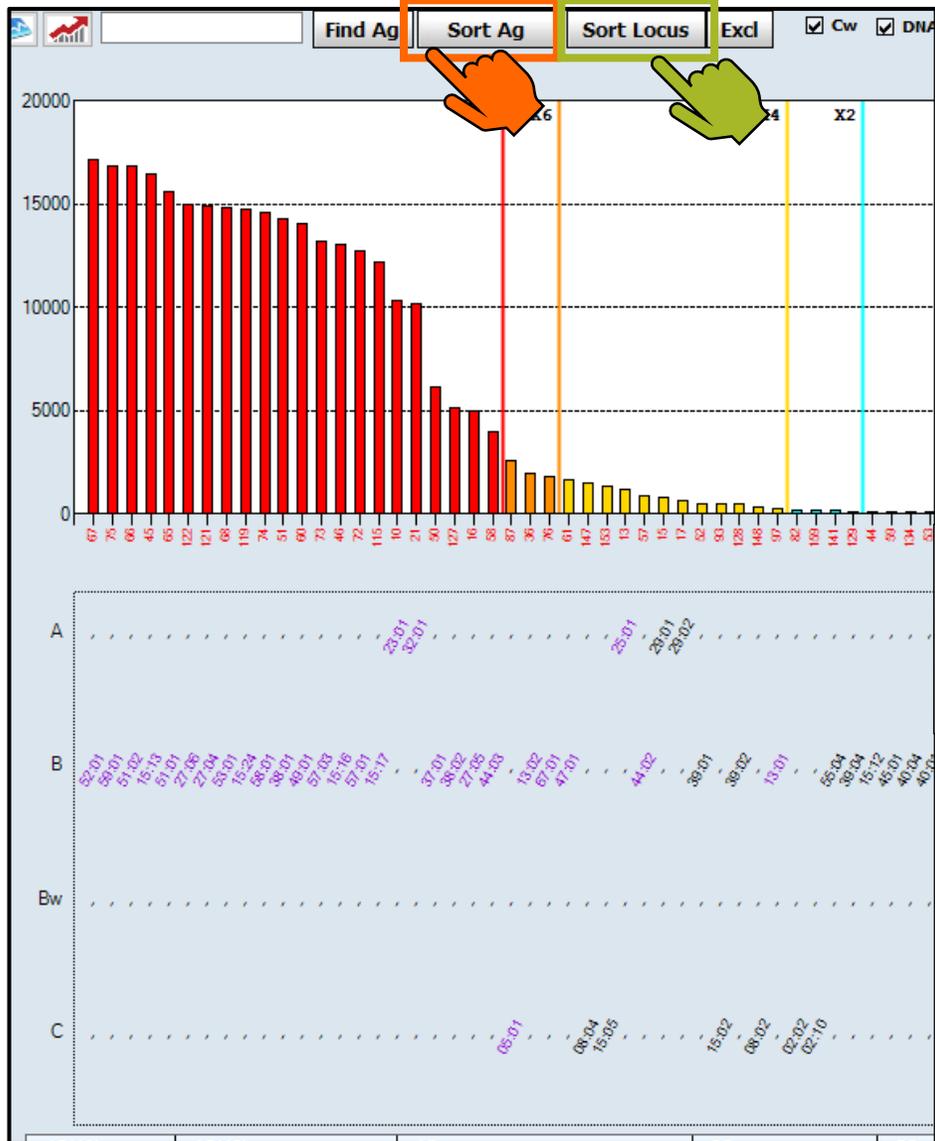


VERITAS

Veritas Corporation

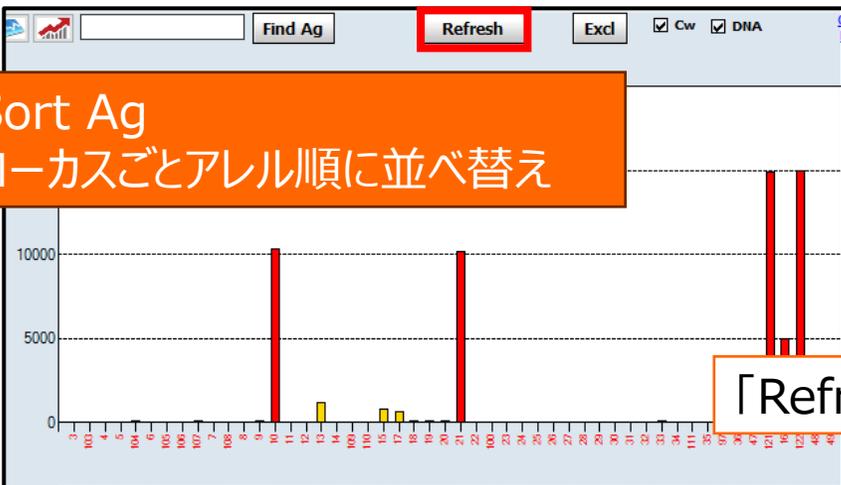
データ解析 (Single Antigen)

データの並べ替え

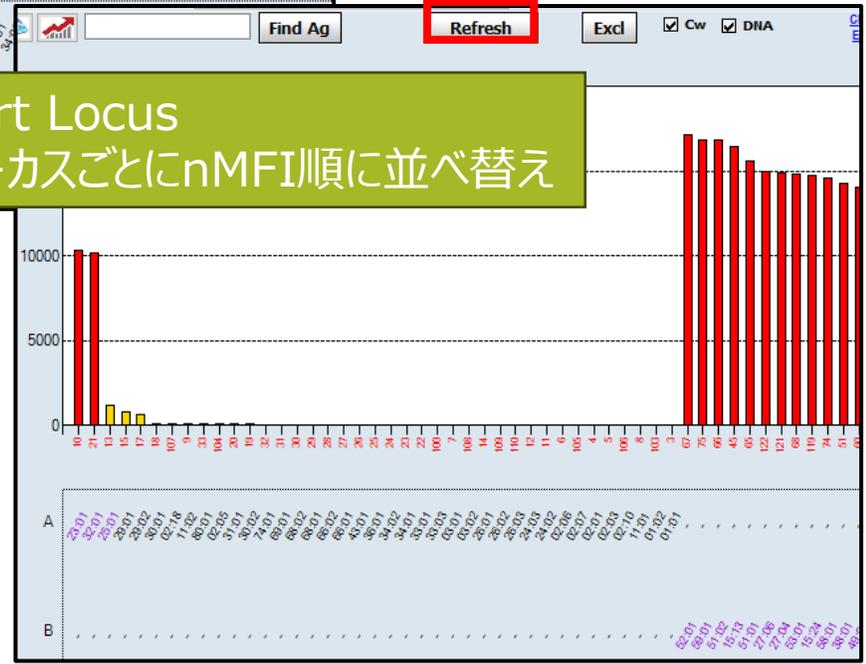


Sort Ag
ローカスごとアレル順に並べ替え

「Refresh」でデフォルトに戻る



Sort Locus
ローカスごとにnMFI順に並べ替え



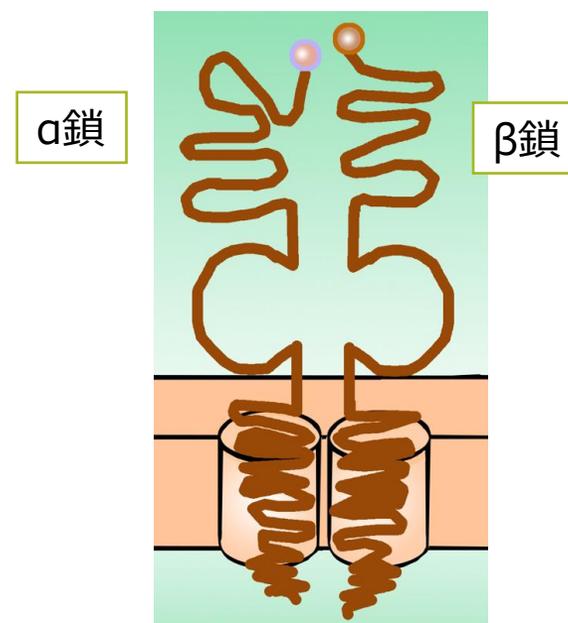
Class IIの解析での注意点

- DP/DQのビーズには2種類のHLA抗原が結合している
- 判定する場合は、該当ビーズの反応がα鎖とβ鎖のどちらによる反応であるかを判断することが必要

データシートの例

40	rDQ0201A0301	DQA1*03:01,DQB1*02:01	DQ2
41	rDQ0201A0401	DQA1*04:01,DQB1*02:01	DQ2
42	C4987DQ0201	DQA1*05:01, DQB1*02:01	DQ2
43	rDQ0202A0201	DQA1*02:01, DQB1*02:02	DQ2
44	rDQ0401A0201	DQA1*02:01, DQB1*04:01	DQ4
45	C4107DQ0401	DQA1*03:03, DQB1*04:01	DQ4
46	rDQ0402A0201	DQA1*02:01, DQB1*04:02	DQ4
47	rDQ0402A0401	DQA1*04:01, DQB1*04:02	DQ4
48	C4905DQ0501	DQA1*01:01, DQB1*05:01	DQ5

Class IIの構造

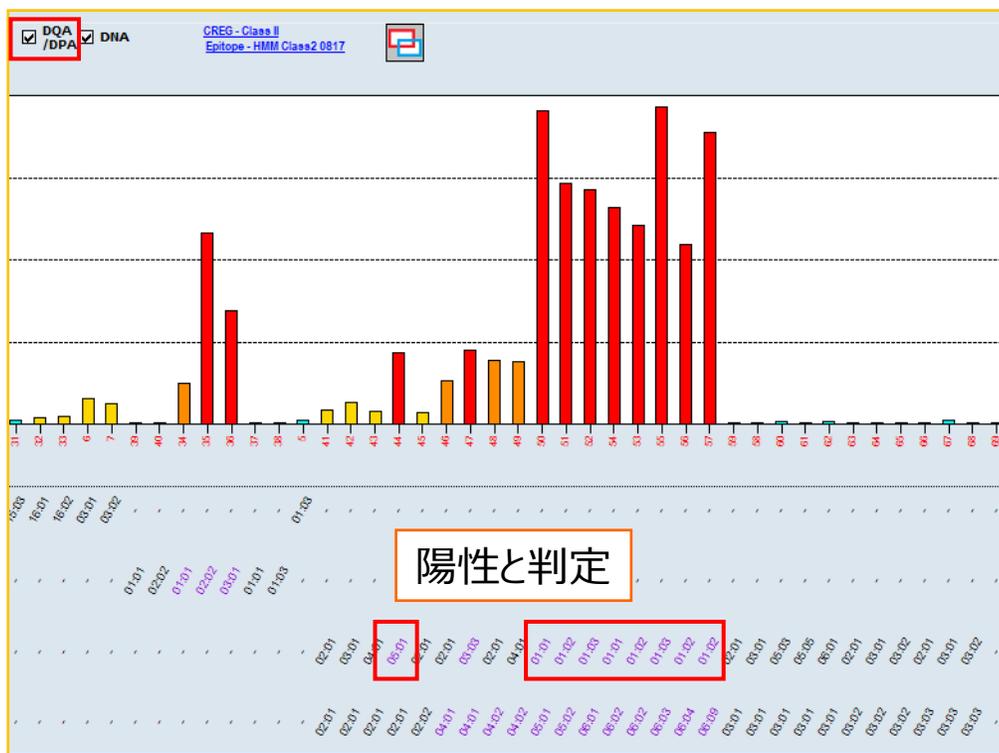


Class II DP/DQはソフトの自動判定の結果をそのまま採用せず、ご自身で確認をお願いいたします

a鎖を判定に含める方法

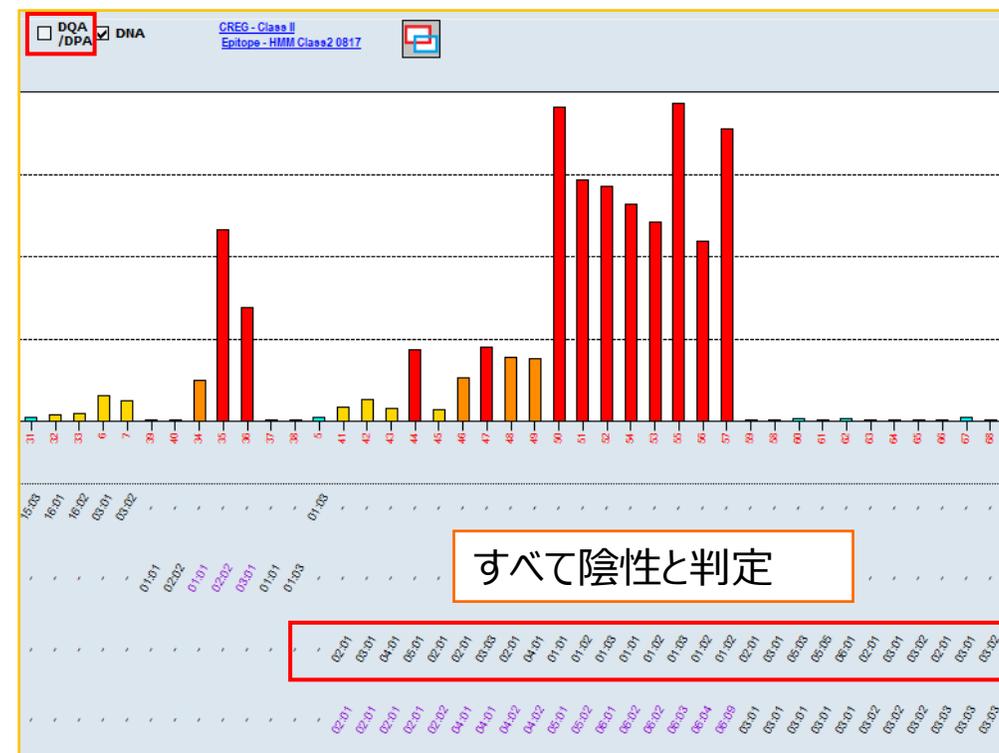
DQA/DPAの欄にチェックを入れた場合

a鎖が反応していると考慮して、ソフトウェアが自動判定を行う
→ DQA/DPAで陽性と判定したアレルは紫色で表示される

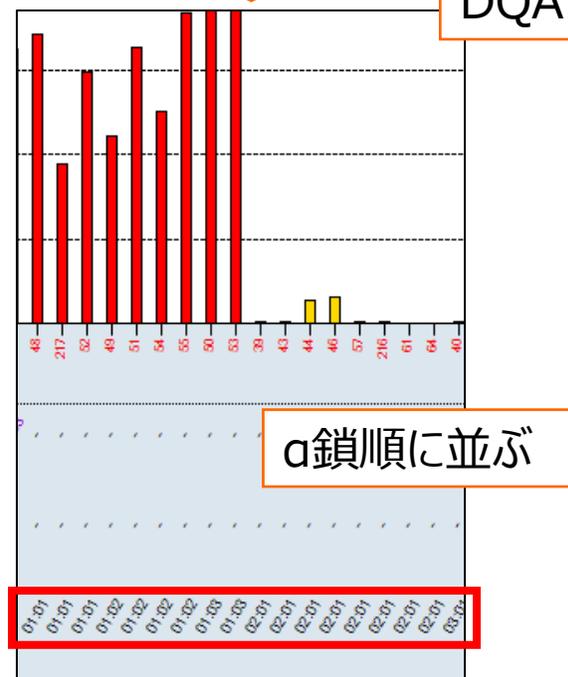
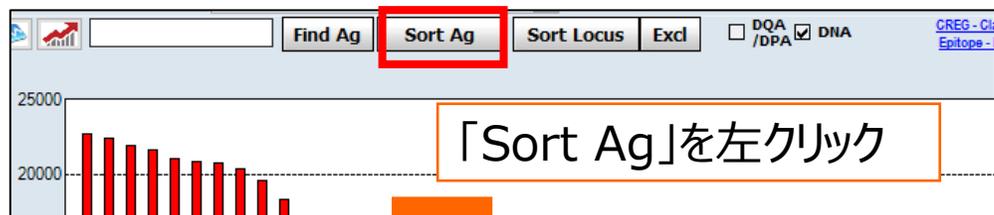


DQA/DPAの欄にチェックを入れていない場合

ソフトウェアはDQB/DPBのみが存在すると仮定して判定する
→ DQA/DPAで陽性判定はされない



データの並べ替え (Class II)



該当ピーズの反応がα鎖とβ鎖のどちらによる反応であるかを判断する際に使用してください



レポート (Single Antigen)

Reports Data Sample Patient Info Profile Utilities Help Exit

Generic Typing LABType MicroSSP Generic Antibody LABScreen Specialty Statistical Miscellaneous My Favorite Tools

Antibody Custom
Antibody Screening/Identification
Antibody Screening
Single Antigen

Custom Antibody Screening Report Setup

HLA Fusion™

Type or enter the report name:
LABScreen

Lab Information

Patient Information
Check All **Uncheck All**
 Patient ID, Name (REQUIRED for this group)
 Project Type
 SSN
 Ethnicity, DOB, Gender
 Disease, Status, Blood, Transplant Type
 Address, Phone, Email
 Spouse, Emg. Contact, Employer
 DCN, Hospital, Division
 UNOS CPRA
 Donor Info
 Molecular Typing Sero Typing
 Antibody Assignment
 Match / Mismatch
 Add MFI Baseline
 Acceptable Antigens
 Unacceptable Antigens
 AM DFC ETKAS DFC
 Unacceptable Epitopes

Sample Information
Check All **Uncheck All**
 Sample ID (REQUIRED) Barcode
 System Comments User Comments
 Sample Source Dilution Factor

Session Information
Check All **Uncheck All**
 Session ID/Date (REQUIRED for this group)
 Lumindex Info
 Session Details: Catalog ID, Locus Type, Test Position, Date, NS Sample
 More Tests and Tests Remarks
 Quantiplex/SFI

Test Configuration
Check All **Uncheck All**
 User Settings:
Excluded Antigens, Positive Region Threshold, Normalization Formula, Allele Level
 NU and PC Values, % PRA -or- %SA and Cutoffs by Region

Overall Results/Assignments
Check All **Uncheck All**
 Overall Pos/Neq Other
 % PRA % Donor PRA
 Antibody New Antibody
 Possible Epitope Amino Acid Position

Epitope Analysis Results
Check All **Uncheck All**
 Antibody Specificity (REQUIRED for this group)
 CREG Analysis Details:
TP, FN, Mean (Raw) of Positives
 CREG Chart, Circle DSA

Tail Analysis Results
Check All **Uncheck All**
 Antibody Specificity (REQUIRED for this group)
 Tail Analysis Details:
TP/FP/FN/TN, R Value, Average Score, % Inclusion, Strength Index
 Manual Tail Assignment

Test and Catalog Details
Check All **Uncheck All**
 Bead ID or Test Well (REQUIRED for this group)
 Test Values: Rxn, Raw, Normalized, Count
 SFI Raw, SFI Normal
 Sero Specificity
 Allele Specificity
Sort by: Bead ID
 ASC DESC

Cutoff Summary
 Bead MFI Chart
 Raw Data Baseline
 Sort Antigen Using HLA Order
 Rxn Score Sort Alphanumerically

1 Sample Per Report

Customize Report

Setup

レポートに出力する項目を選択

ONE LAMBDA

レポート例①



Custom Antibody Screening Report Setup

HLA Fusion™

Type or enter the report name*: LABScreen

Lab Information

Patient Information

Check All **Uncheck All**

- Patient ID, Name (REQUIRED for this group)
- Project Type
- SSN
- Ethnicity, DOB, Gender
- Disease, Status, Blood, Transplant Type
- Address, Phone, Email
- Spouse, Emg. Contact, Employer
- DCN, Hospital, Division
- UNOS CPRA
- Donor Info
- Molecular Typing Sero Typing
- Antibody Assignment
- Match / Mismatch
 - Add MFI Baseline
- Acceptable Antigens
- Unacceptable Antigens
- AM DFC ETAS DFC
- Unacceptable Epitopes

Test Configuration

Check All **Uncheck All**

- User Settings: Excluded Antigens, Positive Region Threshold, Normalization Formula, Allele Level
- NC and PC Values, % PRA -or- %SA and Cutoffs by Region

Overall Results/Assignments

Check All **Uncheck All**

- Overall Pos/Neg Other
- % PRA % Donor PRA
- Antibody New Antibody
- Possible Epitope Amino Acid Position

Epitope Analysis Results

Check All **Uncheck All**

- Antibody Specificity (REQUIRED for this group)
- CREG Analysis Details: TP, FN, Mean (Raw) of Positives
- CREG Chart, Circle DSA

Sample Information

Check All **Uncheck All**

- Sample ID (REQUIRED) Barcode
- System Comments User Comments
- Sample Source Dilution Factor

Session Information

Check All **Uncheck All**

- Session ID/Date (REQUIRED for this group)
- Luminex Info
- Session Details: Catalog ID, Locus Type, Test Position, Date, NS Sample
- More Tests and Tests Remarks
- Quantiplex/SFI

Check All **Uncheck All** **Save**

LABScreen

Approved By: Date:

Lab Name: VERITAS Lab Code:

Institute: **施設情報**

Street: State/Province: TOKYO Contact: @veritasutk.co.jp

Lab City: Region: Zip/Postal Code: 105-0013 Email: Phone: 03-5576-0078

Country: JAPAN Fax: 03-5576-0076

Notes:

Patient ID: **患者、ドナー情報** Patient Name: Yamada, Taro

Ethnicity: Oriental DOB: 11, 2000 Gender: M

Patient/Donor PRA: Donor PRA:

Molecular Typing: A*02:06, A*26:01, B*40:01, B*48:01, C*07:02, C*08:01, DRB1*04:07, DRB1*12:01, DQA1*03:01, DQA1*05:05, DQB1*03:01, DQB1*03:02, DPA1*01:03, DPA1*01:03, DPB1*02:01, DPB1*06:01

Serology Typing: A2, A26, B60, B60, Bw6, Bw6, Cw7, Cw8, DR4, DR12, DQ7, DQ8, DP1, DP1

Patient Donor Match / Mismatch:

Donor ID: 12345

Serology Typing	Molecular Typing	MFI	(Baseline)	Match / Mis Match
A2	A*02:01	10.4	0	Mismatch not in Final Assignment
	A*02:03	12.55	0	
	A*02:06	17.71	0	Mismatch not in Final Assignment
A26	A*26:01	27.49	0	Mismatch not in Final Assignment
B60	B*40:01	3812.53	3694.31	Mismatch
B48	B*48:01	8411.12	8329.07	Mismatch
Cw7	C*07:02	63.04	0	Match
Cw8	C*08:01	1904.87	1763.96	Mismatch

Acceptable Antigens:

Unacceptable Antigens:

Sample ID: B48X128_1803 Local ID:

Sec. Ab: Sample Date: 3/24, 2018 Test Date: 3/24, 2018

Treatment:

Test Results	Class I	Class II	MIC
Overall (Pos/Neg)			
Antibody Assignment	B48, B81, B41, B45, B50, B60, B72, B61, B78, B76, B62, B18, B71, B39, Cw8, B75, B35, Cw5, B64		

Test Configuration

	Threshold	%SA8	%SA6	%SA4	%SA2	PC	NC	PC/NC	M
Class I	X6	1	22	24	28	12914	8	1541.01	
Class II									
MIC									

Epitope Analysis

	Specificity	DSA	TP	FN	Mean (Baseline) of Positives

赤 : 陽性と判定したDSA
 黄色 : 陰性のDSA
 緑 : ドナーと患者で共通の抗原/アレル

解析画面で陽性と記録した抗原/アレル、%PRAが表示

PC、NCの情報

レポート例②

Custom Antibody Screening Report Setup

HLA Fusion™

Type or enter the report name*: LABScreen

Lab Information

Patient Information

Patient ID, Name (REQUIRED for this group)

Project Type

SSN

Ethnicity, DOB, Gender

Disease, Status, Blood, Transplant Type

Address, Phone, Email

Spouse, Emg. Contact, Employer

DCN, Hospital, Division

UNOS CPRA

Donor Info

Molecular Typing Sero Typing

Antibody Assignment

Match / Mismatch

Add MFI Baseline

Acceptable Antigens

Unacceptable Antigens

AM DFC ETAS DFC

Unacceptable Epitopes

Sample Information

Sample ID (REQUIRED) Barcode

System Comments User Comments

Sample Source Dilution Factor

Session Information

Session ID/Date (REQUIRED for this group)

Luminex Info

Session Details: Catalog ID, Locus Type, Test Position, Date, NS Sample

More Tests and Tests Remarks

Quantiplex/SFI

Test Configuration

User Settings:

Excluded Antigens, Positive Region Threshold, Normalization Formula, Allele Level

NC and PC Values, % PRA -or- %SA and Cutoffs by Region

Overall Results/Assignments

Overall Pos/Neg Other

% PRA % Donor PRA

Antibody New Antibody

Possible Epitope Amino Acid Position

Epitope Analysis Results

Antibody Specificity (REQUIRED for this group)

CREG Analysis Details:
TP, FN, Mean (Raw) of Positives

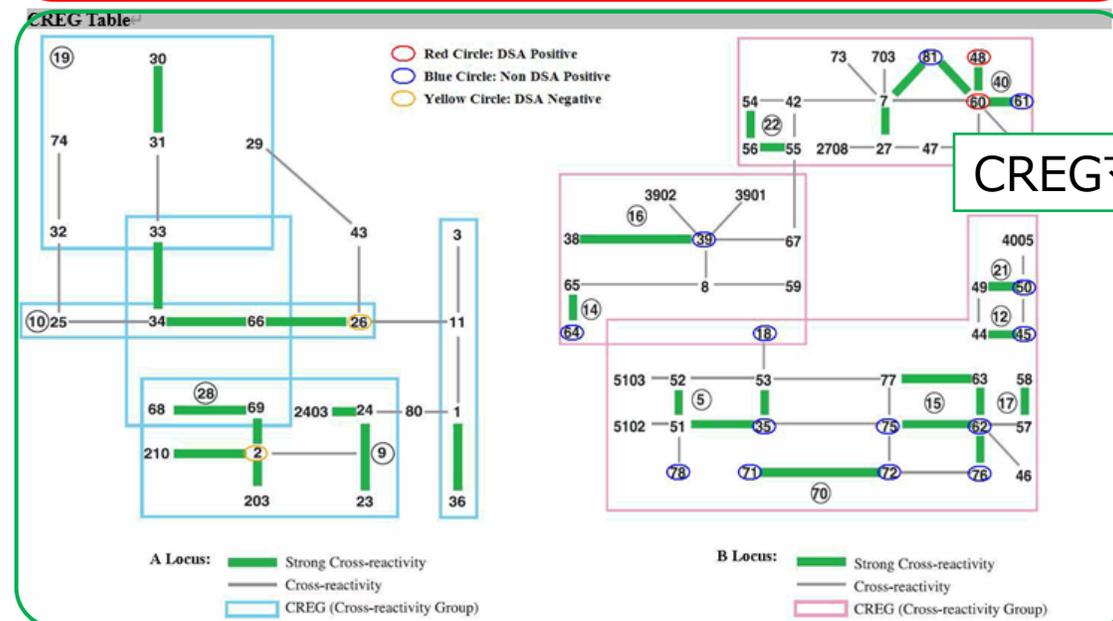
CREG Chart, Circle DSA

ONE LAMBDA

Epitope Analysis

Class I	Specificity	DSA	TP	FN	Mean (Baseline) of Positives
	B48		1	0	8329.07
	B81		1	0	4022.35
	B41		1	0	3972.47
	B45		1	0	3972.03
	B50		1	0	3823.94
	B60		1	0	3694.81
	B72		1	0	3665.06
	B61		2	0	3526.54
	B78		1	0	3194.77
	B76		1	0	3078.66
	B62		1	0	2749.4
	B18		1	0	2615.14
	B71		1	0	2489.25
	B39		1	0	2276.31
	Cw8		1	0	1763.96
	B75		2	0	1657.23
	B35		1	0	1469.18
	Cw5		1	0	1136.33
	B64		1	0	1089.43
	B13		0	2	0
	B65		0	1	0
	B8		0	1	0
	B47		0	1	0

自動判定結果 (x6以上)の情報



CREGマップ

Rxn Score

8+	B48
6+	B81, B41, B45, B50, B60, B72, B61, B61, B78, B76, B62, B18, B71, B39, Cw8, B75, B75, B35, Cw5, B64
4+	B8, B13
2+	B47, B65, A32, B13

レポート例③

Allele
SA

Tail Analysis Results

Antibody Specificity (REQUIRED for this)

Tail Analysis Details:
TP/FP/FN/TN, R Value, Average Score, % Inclusion, Strength Index

Manual Tail Assignment

Test and Catalog Details

Bead ID or Test Well (REQUIRED for this)

Test Values: Rxn, Raw, Normalized, Count

SFI Raw, SFI Normal

Sero Specificity Sort by: Bead ID

Allele Specificity ASC DESC

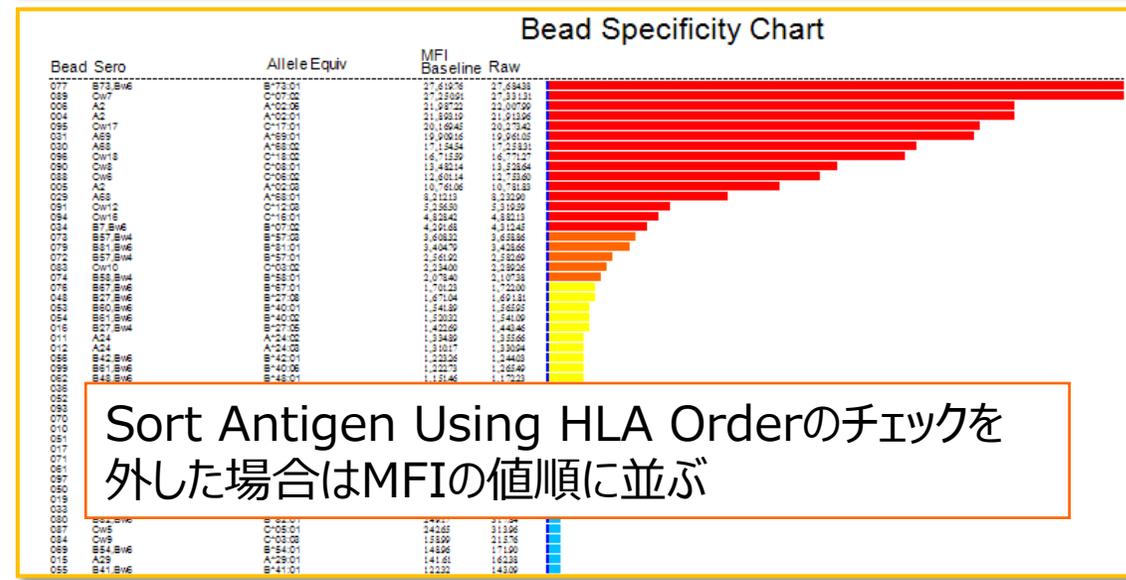
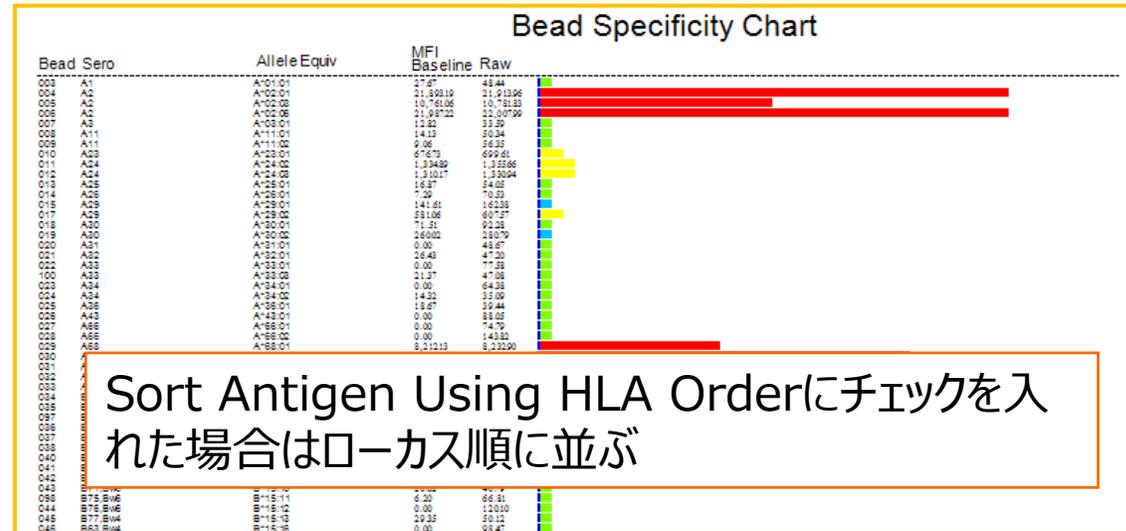
Cutoff Summary

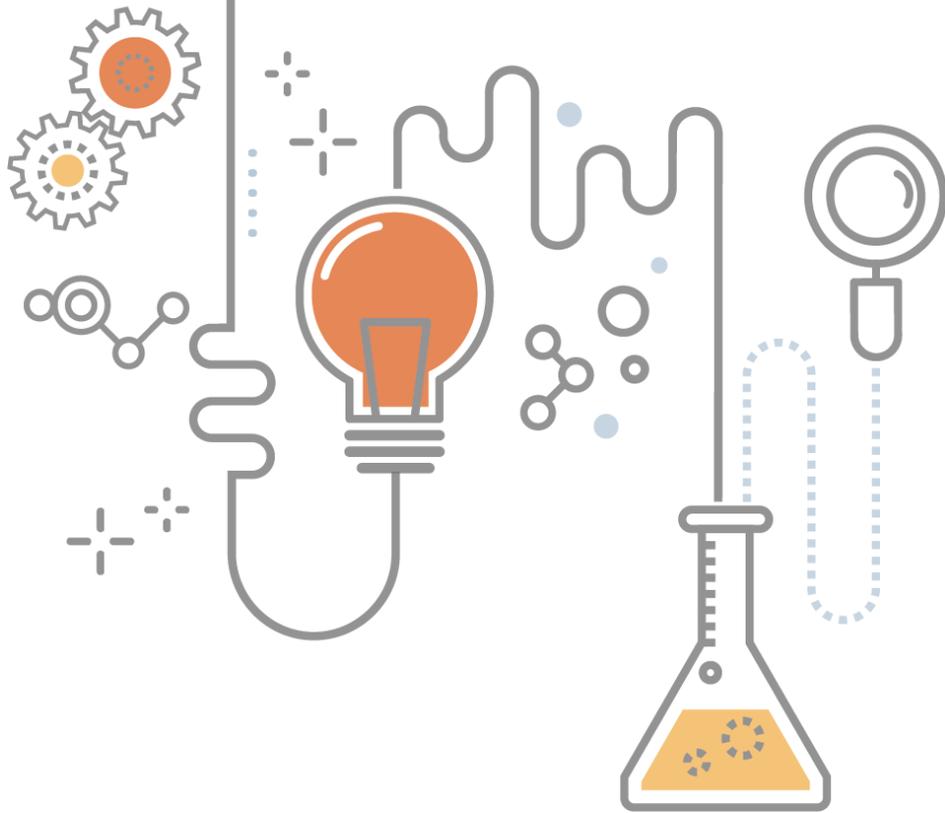
Bead MFI Chart

Raw Data Baseline

Sort Antigen Using HLA Order

Rxn Score Sort Alphabetically





ご清聴ありがとうございました。