



HLAの世界へようこそ！ Vol.3 LABType

第2部

HLA Fusionを使用したLABTypeの解析

株式会社ベリタス

2026/2/19

- 本ウェビナーではソフトウェア「HLA Fusion」を実際に使用して説明を実施するパートがあります
- 下記のアイコンがあるスライドではソフトウェアでの操作を簡単にお示していますが、ウェビナー中ではソフトウェアを実際に動作します



はじめに

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターのインポート

解析の設定

測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターのインポート

解析の設定

測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターについて

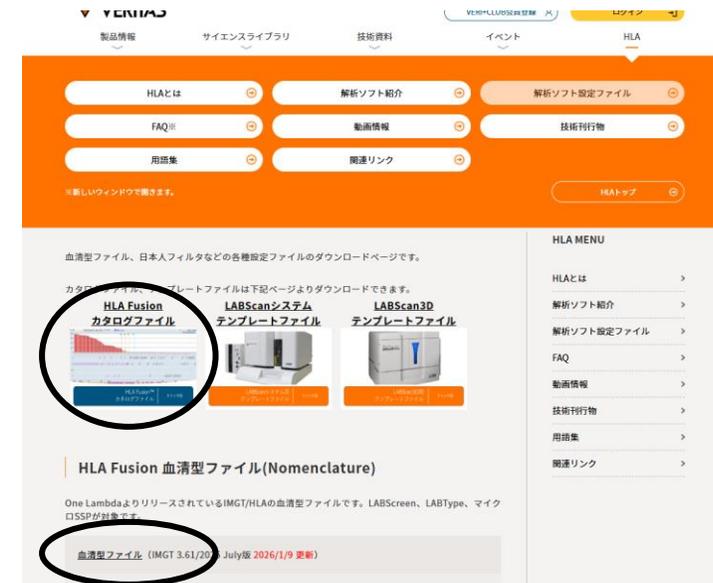
種類	内容	更新のタイミング	最新版（2026/2月現在）
血清型ファイル	すべてのアレル・血清型情報が含まれるファイル	年に2回	sero_equivalent_2025July
カタログファイル	試薬に使われているビーズ番号とアレルの情報	血清型ファイルの更新時 ロット変更時	IMGT 3.61版のファイル 「製品コード_Lot_バージョン」
日本人フィルター	日本人推定アレル一覧表に記載されているアレルのリスト	血清型ファイルの更新時 JSHIアレル一覧表の更新時	ver1_2025_July_2025JSHI_allelefilter

- 最新のファイルは弊社ウェブページよりダウンロード可能

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

- 更新に関するお知らせもご参照ください

– <https://www.veritastk.co.jp/info/2026/01/hla-fusion2025-july.html>（2026/1/13付）



日本人フィルターについて

- 日本組織適合性学会（JSHI）発表のHLA 推定アレル一覧表を元に弊社で作成
 - 推定アレル一覧表に含まれるか否かによって、結果がG1～G3に分類される

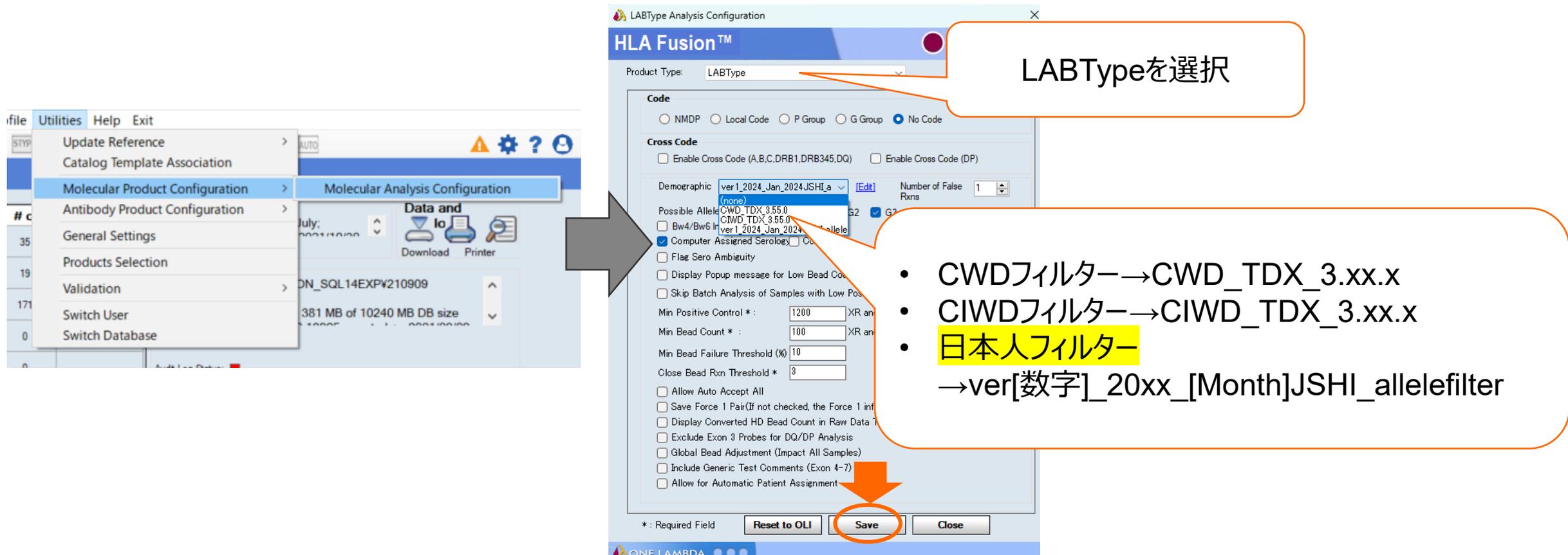
	HLA 推定アレル一覧表に含まれるか	
	アレル1	アレル2
G1	○	○
G2	○	×
	×	○
G3	×	×

日本人フィルターに含まれるアレルは青でハイライト表示されます

G1			G2			G3		
A*02:01:01:01	A*02:01:01:01	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:03	G2	A*02:01:01:02L	A*02:01:01:02L	G3
A*02:01:01:01	A*02:03:01	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:04	G2	A*02:01:01:03	A*02:01:01:02L	G3
A*02:01:01:01	A*02:05:01:01	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:05	G2	A*02:01:01:03	A*02:01:01:03	G3
A*02:01:01:01	A*02:06:01:01	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:06	G2	A*02:01:01:03	A*02:01:01:04	G3
A*02:01:01:01	A*02:07:01:01	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:07	G2	A*02:01:01:03	A*02:01:01:05	G3
A*02:01:01:01	A*02:10	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:08	G2	A*02:01:01:03	A*02:01:01:06	G3
A*02:01:01:01	A*02:15N	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:09	G2	A*02:01:01:03	A*02:01:01:07	G3
A*02:01:01:01	A*02:18	G1	A*02:01:01:01	A*02:01:01:10	G2	A*02:01:01:03	A*02:01:01:08	G3

日本人フィルターの解析設定（初回および更新時）

- Molecular Product Configuration>Molecular Analysis Configuration
- Demographicで最新の日本人フィルターを選択しSaveで保存



LABType Analysis Configuration

HLA Fusion™

Product Type: LABType

LABTypeを選択

Code

NMDP Local Code P Group G Group No Code

Cross Code

Enable Cross Code (A,B,C,DRB1,DRB345,DQ) Enable Cross Code (DP)

Demographic: ver1_2024_Jan_2024JSHI_a

Possible Allele: CWD_TDX_3.55.0, CIWD_TDX_3.55.0, ver1_2024_Jan_2024...
日本人フィルター
→ver[数字]_20xx_[Month]JSHI_allelefilter

Save

インポートした解析ファイルの確認

- 血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターのIMGTバージョンが同じことを確認する

Home画面

血清型ファイルのバージョン
3.61.0/2025July

Catalog	Nomenclature Date	IMGT Version	Catalog Description	Worksheet (8.5x11)	Worksheet (11x17)	Probe/Primer	Datasheet
RSSO2B1_023_04	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...	RSSO2B1_023_WS-2...		RSSO2B1_023_BPI-2...	
RSSO2B1_024_01	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...				
RSSO2P_012_03	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...				
RSSO2P_013_01	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...				
RSSO2Q_015_07	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...		RSSO2Q_015_WS3-2...	RSSO2Q_015_BPI-20...	
RSSO2Q_016_03	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...		RSSO2Q_016_WS3-2...	RSSO2Q_016_BPI-20...	
RSSO2Q_017_01	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...				
RSSOW1A_006_10	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW1A_007_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW1A_008_02	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW1B_004_11	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW1B_005_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW1B_006_02	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW1C_003_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW1C_004_01	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				
RSSOW2B1_005_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW2B1_005_BPI...	
RSSOW2B1_006_01	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...				

カタログファイルのバージョン
3.61.0

データインポート画面右上

日本人フィルターのバージョン
2025_Jul

CIWDフィルターとは

- **CIWD** (Common, intermediate and well-documented HLA alleles: CIWD version 3.0.0) *
 - 従来の分類システム (CWD2.0) のアップデート版
 - 約 800 万件の全世界の HLA アレルのデータをアジア、ヨーロッパなど 7 地域に分けて集計
 - DPA1、DQA1はCIWDの対象外 (CWDにのみ含まれる)
- 血清型ファイルのインポート時に自動でインポート
- 海外検体の場合は使用を推奨

分類	アレルの定義	アレルの色
C (Common)	7 つ全ての地域で 1/10,000 人 (0.01%) 以上の頻度のアレル	青
I (Intermediate)	アフリカ、ネイティブアメリカン、中東以外で 1/100,000 ~ 1/10,000 人 (0.001~0.01%) の頻度のアレル	紫
WD (Well Documented)	Common/Intermediate 以外のアレルで、各地域で 5 人以上に見つかったアレル	ピンク
-	上記以外のアレル	白

*Hurley, et al., 2020, HLA <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7317522/>

CIWDフィルターを使用した場合の判定結果の例

日本人フィルター使用でA*03:01, A*24:02と判定された検体の場合



JSHIのルール(頻度0.001%以上)に従った場合の報告対象アレル

G1*	A*03:01:01:01	A*24:02:01:01				
	A*03:01:01:01	A*24:02:05	A*03:01:01:03	A*24:02:01:01	A*03:01:01:03	A*24:02:05
	A*03:01:01:01	A*24:120	A*03:81	A*24:02:01:04		
	A*03:01:01:08	A*24:02:18	A*03:04:01	A*24:120	A*03:56:01:01	A*24:79

G2*	A*03:01:01:01	A*24:93	A*03:01:01:02N	A*24:02:01:01
	A*03:01:01:03	A*24:02:01:03	A*03:206	A*24:02:05
	A*03:38	A*24:21:02	A*03:39	A*24:194

G3*	A*03:01:46	A*24:02:01:124	A*03:01:01:21	A*24:607
	A*03:162N	A*24:02:104	A*03:01:01:22	A*24:02:01:38

分類	アレルの色
C (Common)	青
I (Intermediate)	紫
WD (Well Documented)	ピンク
-	白

*掲載しているアレルペア以外の結果も解析ソフトでは表示されています

New!

CIWD-CWD_DPADQAフィルターについて

- CIWDの情報にCWDのDPAローカス、DQAローカスの情報を融合したフィルター
- One Lambdaにて独自に作成、配布
- 使用は任意となります

<使用方法>

- 弊社ウェブページよりファイルをダウンロード
– https://www.veritastk.co.jp/hla/soft_file.html

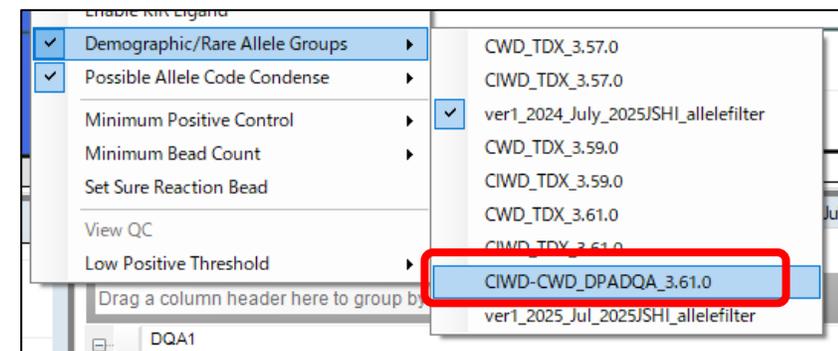
- Zipを解凍後、日本人フィルターと同様にインポート
– 検体ごとの画面のSet Configでフィルター変更可能です

HLA Fusion アレルフィルター (CIWD+CWDフィルター)

One LambdaよりリリースされているCIWD+CWDフィルターです。LABScreen、LABType、マイクロSSPが対象です。

※フィルターについて

[CIWD-CWD DPADQAフィルター](#) (IMGT 3.61/2025 July版 2026/1/9 更新)



New!

CIWD-CWD_DPADQAフィルターの使用例

DQA1ローカス (CIWD情報なし)

CWDフィルター

Drag a column header here to group by that column.

Allele 1	Allele 2	G	SA
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:01	G1	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:02:01:01	G1	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:03:01:01	G1	
DQA1*01:02:02:01	DQA1*03:01:01:01	G1	
DQA1*01:02:02:01	DQA1*03:02:01:01	G1	
DQA1*01:02:02:01	DQA1*03:03:01:01	G1	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:03	G2	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:04	G2	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:05	G2	

CWD情報を反映

CIWDフィルター

Drag a column header here to group by that column.

Allele 1	Allele 2	G	SA
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:01	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:03	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:04	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:05	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:06	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:07	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:05	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:06	G3	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:07	G3	

情報なし

CIWD-CWD DPADQAフィルター

Drag a column header here to group by that column.

Allele 1	Allele 2	G	SA
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:01	G1	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:02:01:01	G1	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:03:01:01	G1	
DQA1*01:02:02:01	DQA1*03:01:01:01	G1	
DQA1*01:02:02:01	DQA1*03:02:01:01	G1	
DQA1*01:02:02:01	DQA1*03:03:01:01	G1	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:03	G2	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:04	G2	
DQA1*01:02:01:01	DQA1*03:01:01:05	G2	

CWD情報を反映

DQB1ローカス (CIWD情報あり)

CWDフィルター

Drag a column header here to group by that column.

Allele 1	Allele 2	G	SA
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:01	G1	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:02	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:03	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:04	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:05	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:06	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:07	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:08	G2	

CWD情報を反映

CIWDフィルター

Drag a column header here to group by that column.

Allele 1	Allele 2	G	SA
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:01	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:02	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:03	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:06	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:36	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:39	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:52	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:58	G2	

CIWD情報を反映

CIWD-CWD DPADQAフィルター

Drag a column header here to group by that column.

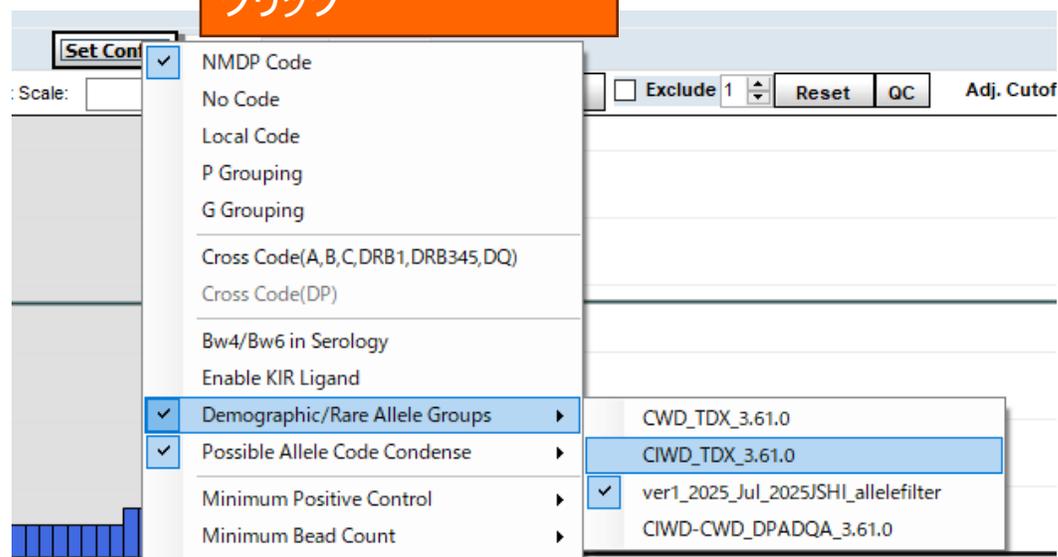
Allele 1	Allele 2	G	SA
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:01:01	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:02	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:03	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:04:06	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:36	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:39	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:52	G2	
DQB1*04:01:01:01	DQB1*06:58	G2	

CIWD情報を反映

フィルターの個別変更方法

- 検体解析画面で個別にフィルターを変更する
 - Set Config>Demographic/Rare Allele Groups/CIWDフィルターあるいはCIWD + DPADQAフィルター

Set Configボタンをクリック



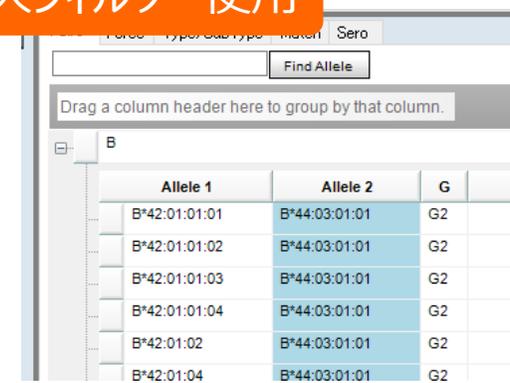
解析に使用するフィルターを選択

Set Config

- NMDP Code
- No Code
- Local Code
- P Grouping
- G Grouping
- Cross Code(A, B, C, DRB1, DRB345, DQ)
- Cross Code(DP)
- Bw4/Bw6 in Serology
- Enable KIR Ligand
- Demographic/Rare Allele Groups
 - CWD_TDX_3.61.0
 - CIWD_TDX_3.61.0
 - ver1_2025_Jul_2025JSHI_allelefilter
 - CIWD-CWD_DPADQA_3.61.0
- Possible Allele Code Condense
- Minimum Positive Control
- Minimum Bead Count

Exclude 1 Reset QC Adj. Cutoff

日本人フィルター使用

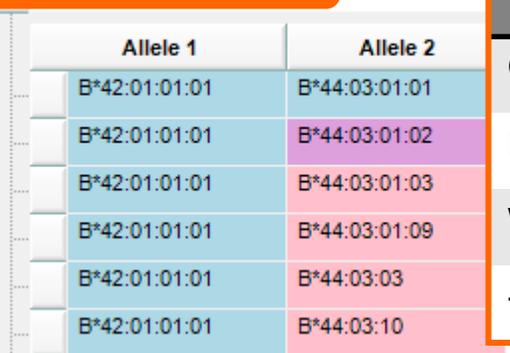


Find Allele

Drag a column header here to group by that column.

Allele 1	Allele 2	G
B*42:01:01:01	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:01:02	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:01:03	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:01:04	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:02	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:04	B*44:03:01:01	G2

CIWDフィルター使用



Allele 1	Allele 2
B*42:01:01:01	B*44:03:01:01
B*42:01:01:01	B*44:03:01:02
B*42:01:01:01	B*44:03:01:03
B*42:01:01:01	B*44:03:01:09
B*42:01:01:01	B*44:03:03
B*42:01:01:01	B*44:03:10

分類	アレルの色
C (Common)	青
I (Intermediate)	紫
WD (Well Documented)	ピンク
-	白

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターのインポート

解析の設定

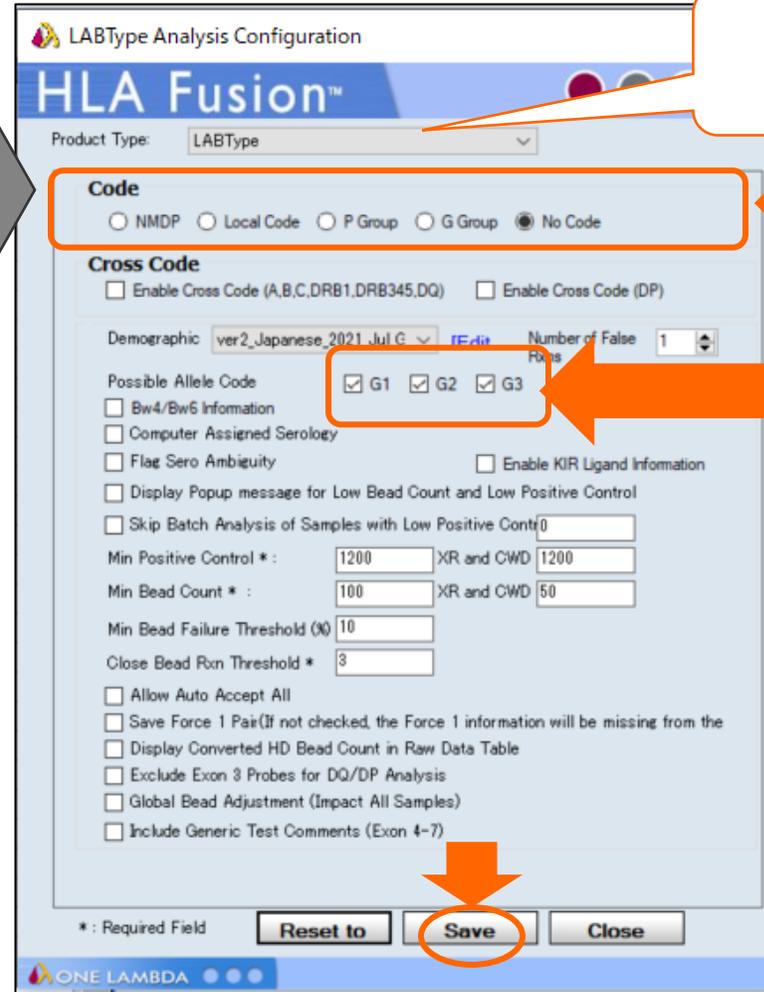
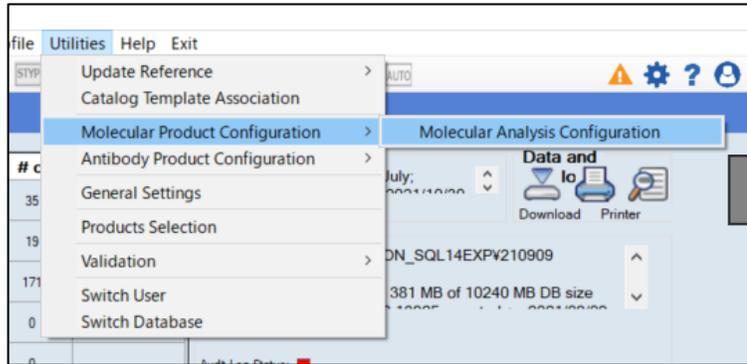
測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

解析の設定 (初回のみ)

- Molecular Product Configuration>Molecular Analysis Configurationで設定



LABTypeを選択



アレルの表示形式の設定
推奨は「No Code」



結果に表示するグループの設定
推奨はG1~G3すべてにチェック

変更後は「Save」で保存

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターのインポート

解析の設定

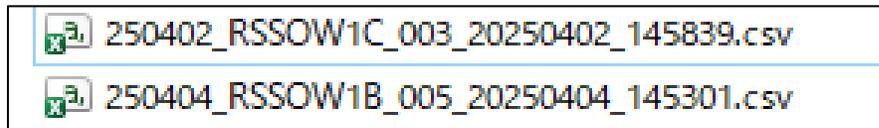
測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

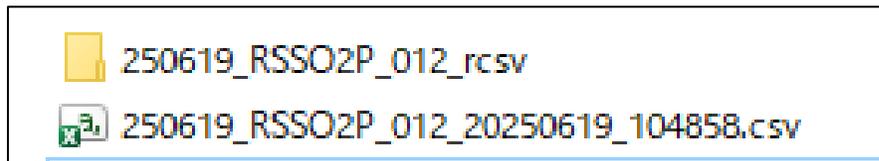
結果の保存、レポート出力

解析に必要な測定ファイル

- SSO A/C/DR、CWD全ローカス：csvファイルのみ
※rcsvフォルダがあっても問題ありません

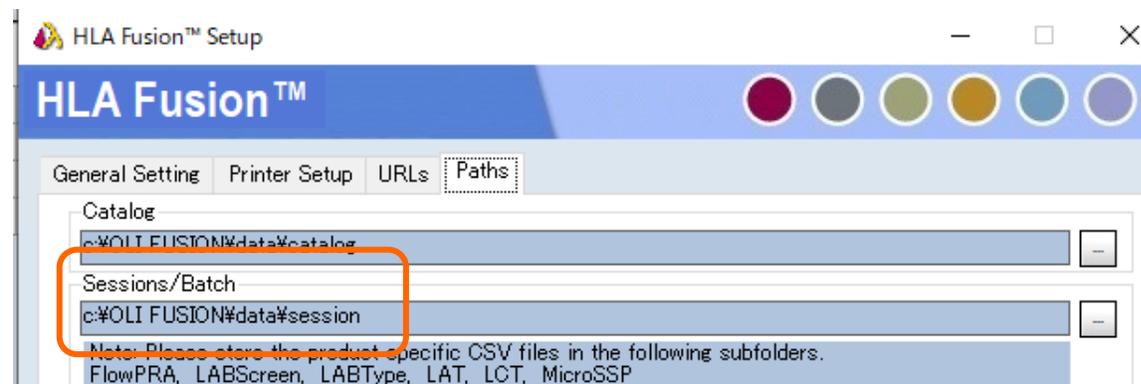
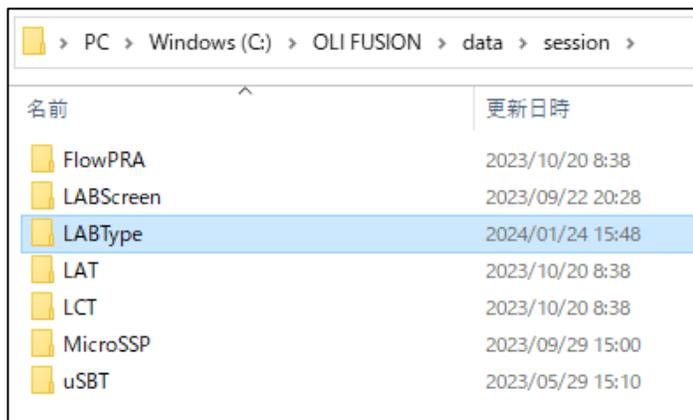


- SSO B/DQ/DP：csvファイル + rcsvフォルダ



- 解析をするPCにファイルをコピーする

- Windows(C:) > OLI Fusion > data > session > LABType：このフォルダに保管を推奨
- インポート時の参照フォルダを変更する際はFusionのUtilities > General Settings > Paths「Sessions/Batch」を変更

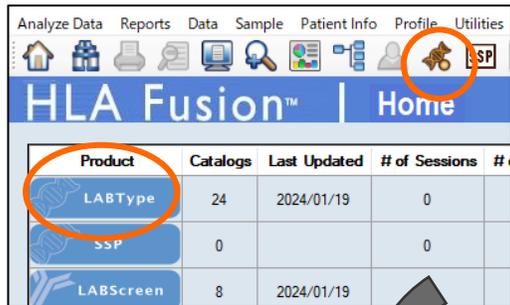


データのインポート①インポート画面を立ち上げる



- TOP画面のLABTypeあるいはアイコンをクリック

データインポート画面



未取り込みデータ

取り込み済データ

解析に使用する日本人フィルター

カタログファイル情報

Locus Type	Catalogs	Last Updated	# of Sessions	# of Tests	Recent Session
A	3	2026/02/01	0	0	
B	3	2026/02/01	0	0	
C	2	2026/02/01	1	5	2026/02/01
DRB1	4	2026/02/01	1	5	2026/02/01
DQA1.DQB1	3	2026/02/01	1	5	2026/02/01
DPA1.DPB1	2	2026/02/01	0	0	

Catalog	Nomenclature Date	IMGT Version	Catalog Description	Worksheet (8.5x11)	Worksheet (11x17)	Probe/Prime
RSSOW1A_006_10	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1A_006_BPI-2...
RSSOW1A_007_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1A_007_BPI-2...
RSSOW1A_008_02	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1A_008_BPI-2...
RSSOW1B_004_11	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1B_004_BPI-2...
RSSOW1B_005_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1B_005_BPI-2...
RSSOW1B_006_02	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1B_006_BPI-2...
RSSOW1C_003_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1C_003_BPI-2...
RSSOW1C_004_01	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSOW1C_004_BPI-2...
RSSO2B1_023_04	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...	RSSO2B1_023_WS-2...		RSSO2B1_023_BPI-2...
RSSO2B1_024_01	July 2025	3.61.0	LABType™ SSO Clas...			RSSO2B1_024_BPI-2...
RSSO2B1_005_03	July 2025	3.61.0	LABType™ CWD Cla...			RSSO2B1_005_BPI-2...
RSSO2Q_015_WS3-2				RSSO2Q_015_WS3-2...		RSSO2Q_015_BPI-20...

データのインポート②データの選択、情報入力



- 画面左側のリストからインポートするファイル名を選択
 - インポート済みのデータを再度取り込みたい場合は「Include Imported」にチェックを入れる
- 必要に応じてセッション名の編集、検体情報の入力を行う

LABType

Include Imported

c:\OLI FUSION\data\session\LABType

CSV File Name

230706_RSSOW1C_004_20230706_143249

c:\OLI FUSION\data\session\LABType

CSV File Name

Veritas_LTCWD_A_007

Veritas_LTCWD_B_005



Luminex : FlexMAP 3D/xPONENT - 4.3.309.1 / SN FM3DD24284021 Template : RSSOW1A_007_LS3D_42

Session ID : Veritas_LTCWD_A_007 セッション名 Samples : 5

File Path : c:\OLI FUSION\data\session\LABType\Veritas_LTCWD_A_007.csv

Catalog ID : RSSOW1A_007_03 NOM/Imgt: July 2025/3.61.0

Set empty Patient ID Auto Analysis Apply Dilution Factor to all Supplemental Import

Well	Sample	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor	PC Values	Luminex Min Bead Cnt	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity
10(1,B2)	DNA1				5327, 5299, 3363	50	Y				
11(1,C2)	DNA2				4046, 5163, 2374	50	Y				
12(1,D2)	DNA3				2992, 4527, 2202	50	Y				
13(1,E2)	DNA4				3897, 6273, 3219	50	Y				
14(1,F2)	Water				20, 19, 25	16	Y				

Sample名等、検体情報を入力できます

データのインポート③カタログファイルの選択、データのインポート



- 自動でカタログファイルが選択されるので、ファイルが正しいことを確認する
 - 製品名、ロット、IMGTのバージョン
- 異なるカタログファイルが選択されている場合はCatalog IDのプルダウンから変更
- 確認後Importボタンをクリックする

測定時に使用した
テンプレートファイル

解析に使用する
カタログファイル

正しいカタログファイルを選択

※カタログの確認画面が出ることもあります

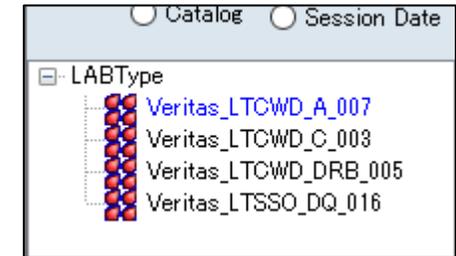
現在選ばれているカタログ

変更候補のカタログ

Well	Sample Source	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor	PC Values	Luminex Min Bead Cnt	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity
10(1,B2)	DNA1				5327, 5299, 3363	50	Y				
11(1,C2)	DNA2				4046, 5163, 2374	50	Y				
12(1,D2)	DNA3										
13(1,E2)	DNA4										
14(1,F2)	Water										

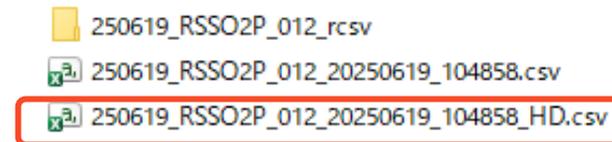
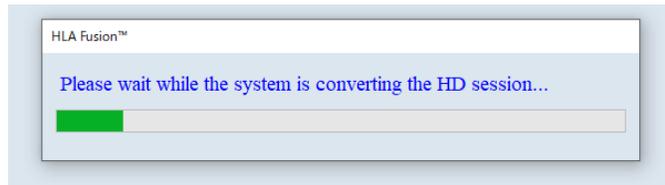
データのインポート④インポート後

- インポートが成功すると右側のNavigatorタブにデータが表示される

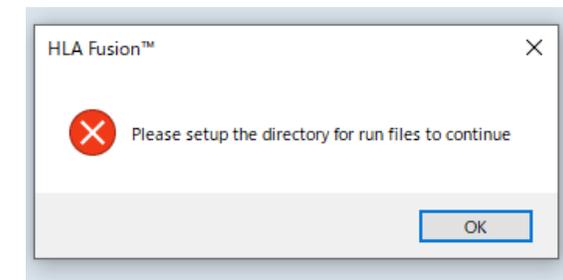


解析していないデータは
青字で表示される

- rscvフォルダがある場合、インポート後に新しく「HDファイル」が作成される
 - HDファイルが作成された後はHDファイルのみで再インポート可能



- 「Please setup the directory...」エラーが出た場合
 - rcsvフォルダがcsvファイルを保存しているフォルダにない場合に表示される
 - rcsvフォルダを保存し再度インポートを行う



血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターのインポート

解析の設定

測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

○検体ごとに下記をすべて満たす必要がある

Positive control ビーズの値

- SSO : 1200-7000、CWD : 1000以上

Positive ControlビーズはExonごとに含まれる
→試薬の種類、ローカスによりPositive control
ビーズの数は異なる

Negative control ビーズの値

- SSO、CWD : 100以下

ビーズカウントの値 (最低値)

- SSO : 75以上、CWD : 50以上

検査成立基準を満たさなかった場合

Positive controlビーズの値が規定値以下

- DNAの増幅不良
→DNA純度の確認、PCR試薬の状態やTaqの種類、増幅条件の確認
- 蛍光試薬の劣化、添加量の不備
→SAPE溶液の状態確認、希釈や添加方法の確認

Negative controlビーズの値が高い

- 蛍光試薬の劣化
→SAPE溶液の状態確認

ビーズカウントが規定値以下

- LABScan機器の不良
→プローブ洗浄、Monthlyメンテナンスの実施
- ウェル中のビーズ量が少なかった
→ビーズ添加時のボルテックスの確認、洗浄ステップの確認

検査成立基準以外の不良

- ネガティブコントロールサンプル（水）が増幅した
→試薬の汚染、アッセイ中のコンタミネーションの確認



各ベース値の算出方法

• 各ベースの値（Normal値）の算出方法

$$\text{（各ベースMFI値-NCベースMFI値）} / \text{（PCベースMFI値* -NCベースMFI値）} \times 100(\%)$$

※蛍光値をそのまま使用しているわけではありません

- 各ベースの検出対象領域（Exon）と同じ領域のPCベースの値を使用
例：Exon2が対象のベースはExon2のPCベースの値を使用

• 例1：PCベース値が2010、NCベース値が10、#5ベース値が1010の場合

$$-(1010-10)/(2010-10) \times 100 = 50\%$$

• 例2：PCベース値が5010、NCベース値が10、#5ベース値が2510の場合

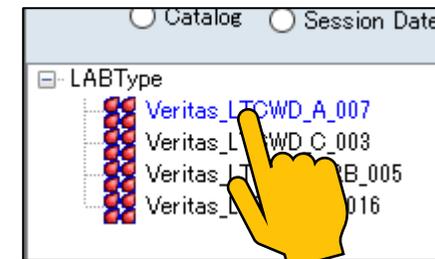
$$-(2510-10)/(5010-10) \times 100 = 50\%$$

PCRの増幅効率（≒蛍光値）はDNAの品質やアレルの種類に影響を受ける
→PCベースの値で割り算することで結果への影響を取り除いている

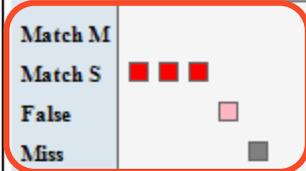
Summary画面の見方



- データを取り込んだ後Navigatorからデータを選ぶと解析開始
- Summaryタブ：測定した全検体の情報が一覧表示



Match M：第1区域でアンビグイティがある検体
Match S：第1区域ではアンビグイティがない検体
False：偽陽性、偽陰性のビーズがある検体
Miss：自動判定では結果が出ない検体



Positive Controlの値

Negative Controlの値

	Edit	Exclude	Position	Patient	Sample	Min Bead Count	Exon2	Exon3	Exon4&5	NC	Status	System Comment	Possible Allele Code
		<input type="checkbox"/>	10(1,B2)		DNA1	50	5327	5299	3363	23.21	Batch Imported		A*26:XX
		<input type="checkbox"/>	11(1,C2)		DNA2	50	4047	5163	2374	25.55	Batch Imported		A*03:XX
		<input type="checkbox"/>	12(1,D2)		DNA3	50	2992	4527	2202	24.97	Batch Imported		A*02:XX
		<input type="checkbox"/>	13(1,E2)		DNA4	50	3898	6273	3219	26.08	Batch Imported		A*02:XX
		<input type="checkbox"/>	14(1,F2)		Water	16	20	19	25	23.97	Batch Imported	Low Bead Count (16).Low Positive Control (0513(20),0532(19),0654(25)).No Solution(

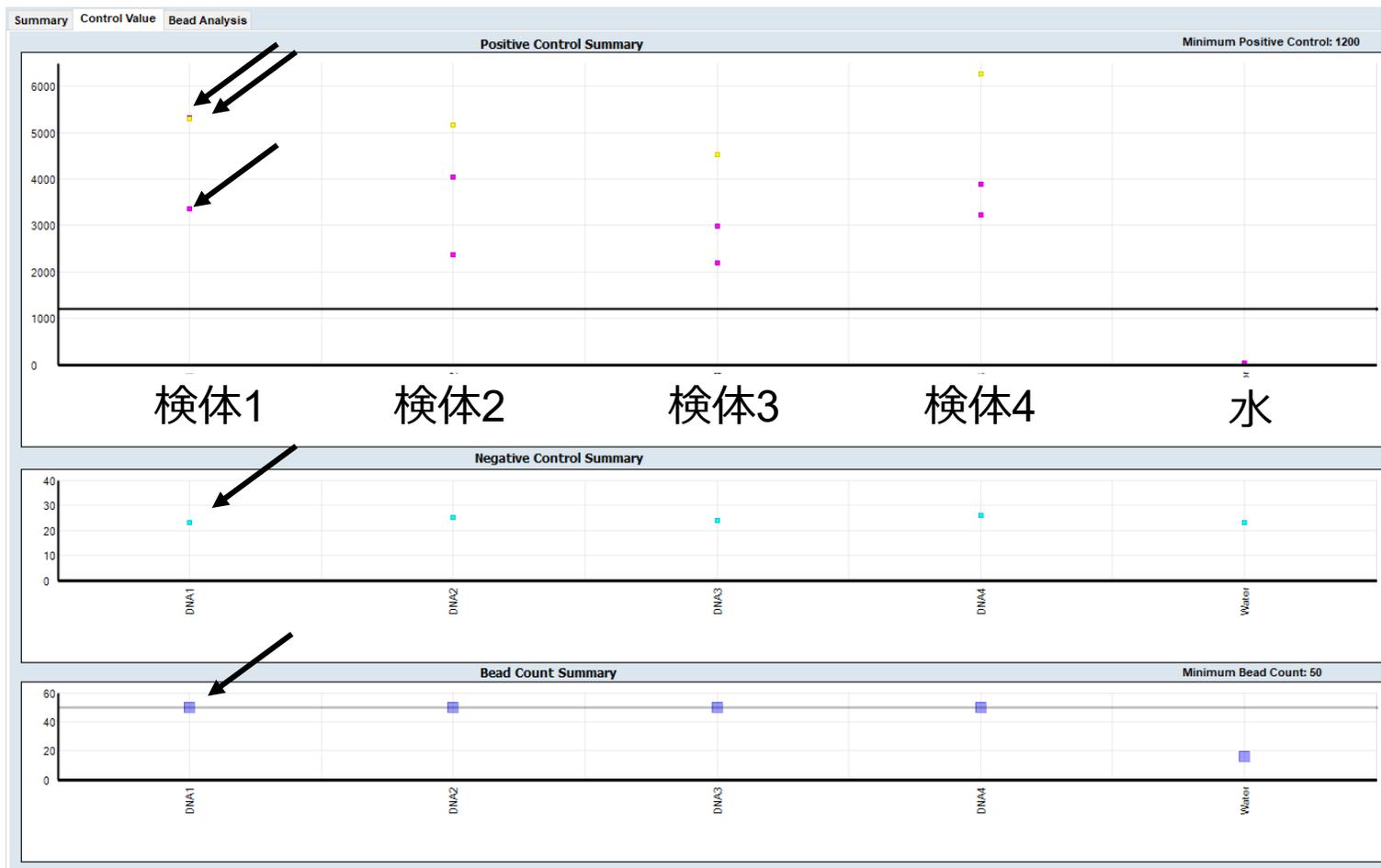
表示する項目は変更、並べ替え可能

基準を満たしていない値は赤字で表示

Control Value画面の見方



- 検査成立基準を確認
- ネガティブコントロールサンプル（水）を測定している場合は増幅していないことを確認



Positive Controlのカットオフ

- SSO : 1200-7000
- CWD : 1000以上

Negative Controlのカットオフ

- SSO、CWD : 100以下

ビーズカウント

- SSO : 75以上
- CWD : 50以上

検体の解析結果



- Summaryタブの検体名をダブルクリックすると、解析結果の画面が開く

QCタブ : One Lambda のQC結果

Beadタブ : ビーズごとの測定結果

Sample	Probe	Count
B2)	DNA1	50
C2)	DNA2	50
D2)	DNA3	50
E2)	DNA4	50

PC/NCビーズ

全ビーズの判定結果

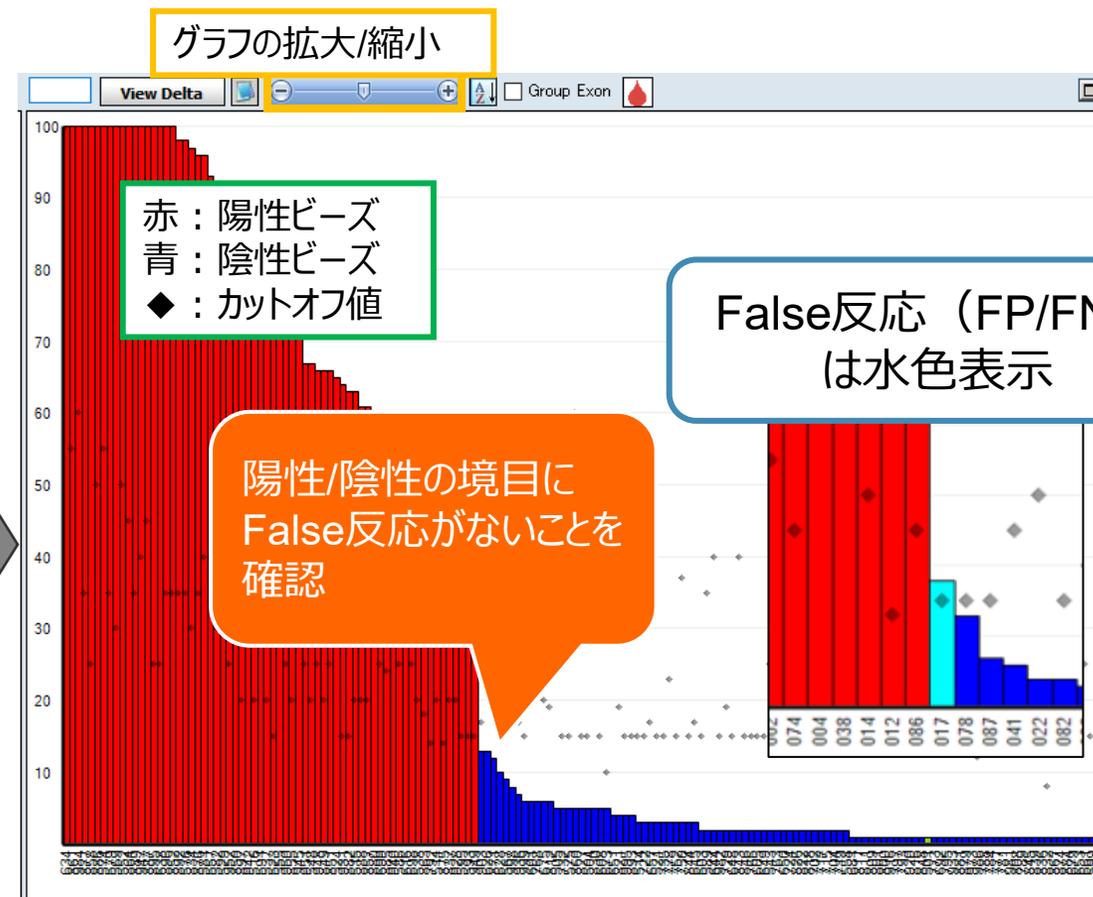
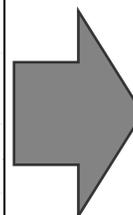
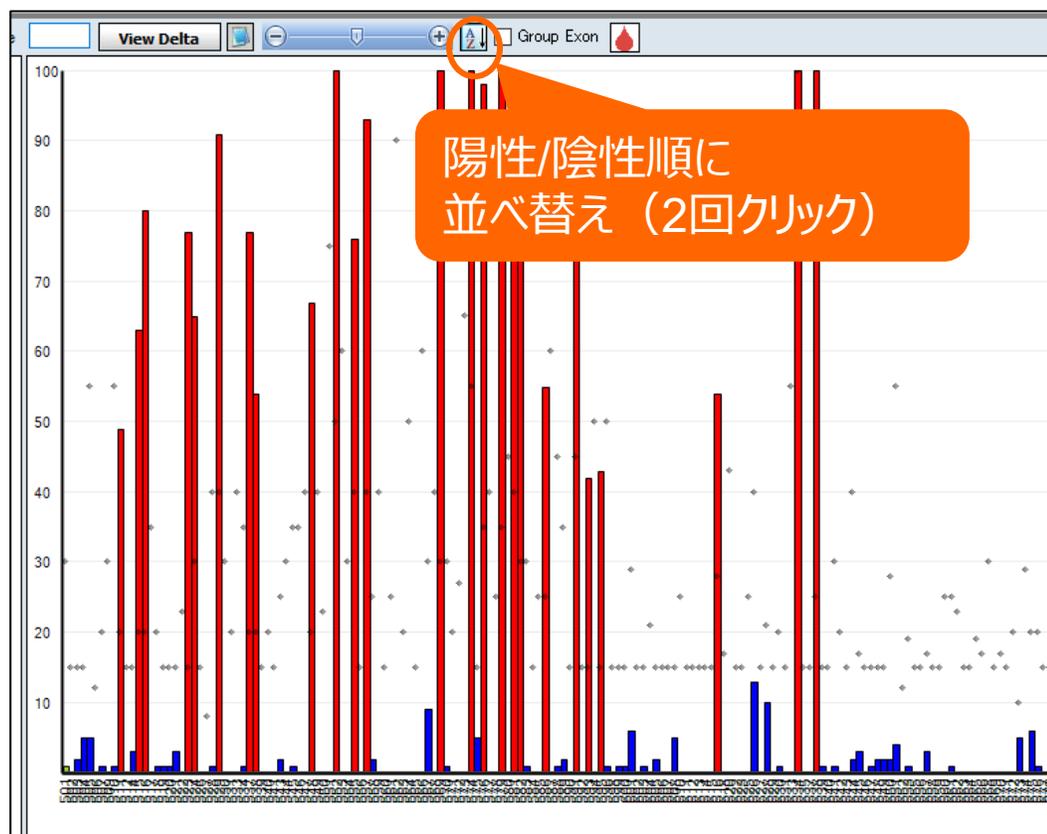
自動判定によるタイピング結果

Allele 1	Allele 2	G	SA
A*26:03:01:01	A*33:03:01:01	G1	SA
A*26:03:01:01	A*33:03:01:02	G2	
A*26:03:01:01	A*33:03:01:03	G3	
A*26:03:01:01	A*33:03:01:04	G4	
A*26:03:01:01	A*33:03:01:05	G5	
A*26:03:01:01	A*33:03:01:06	G6	
A*26:03:01:01	A*33:03:01:07	G7	
A*26:03:01:01	A*33:03:01:08	G8	
A*26:03:01:01	A*33:03:01:10	G2	

ビーズの反応の確認①



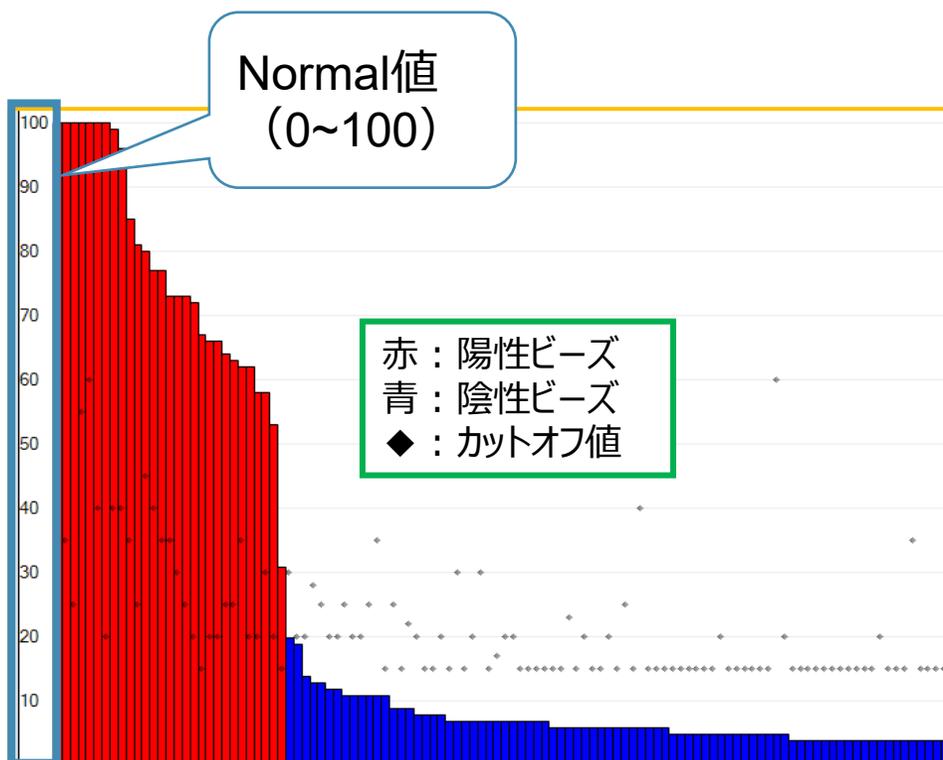
- Normal値で並びかえ、全体の反応性や陽性と陰性の境目のビーズを確認する
 - 陽性・陰性の境目が明確か
 - False反応のビーズがあるか



陽性/陰性の判定方法



- Normal値とOne Lambda設定のカットオフ値を比較して陽性/陰性が判定される
- Normal値や計算に使用した蛍光値、カットオフ値の詳細は「Raw」タブで確認可能

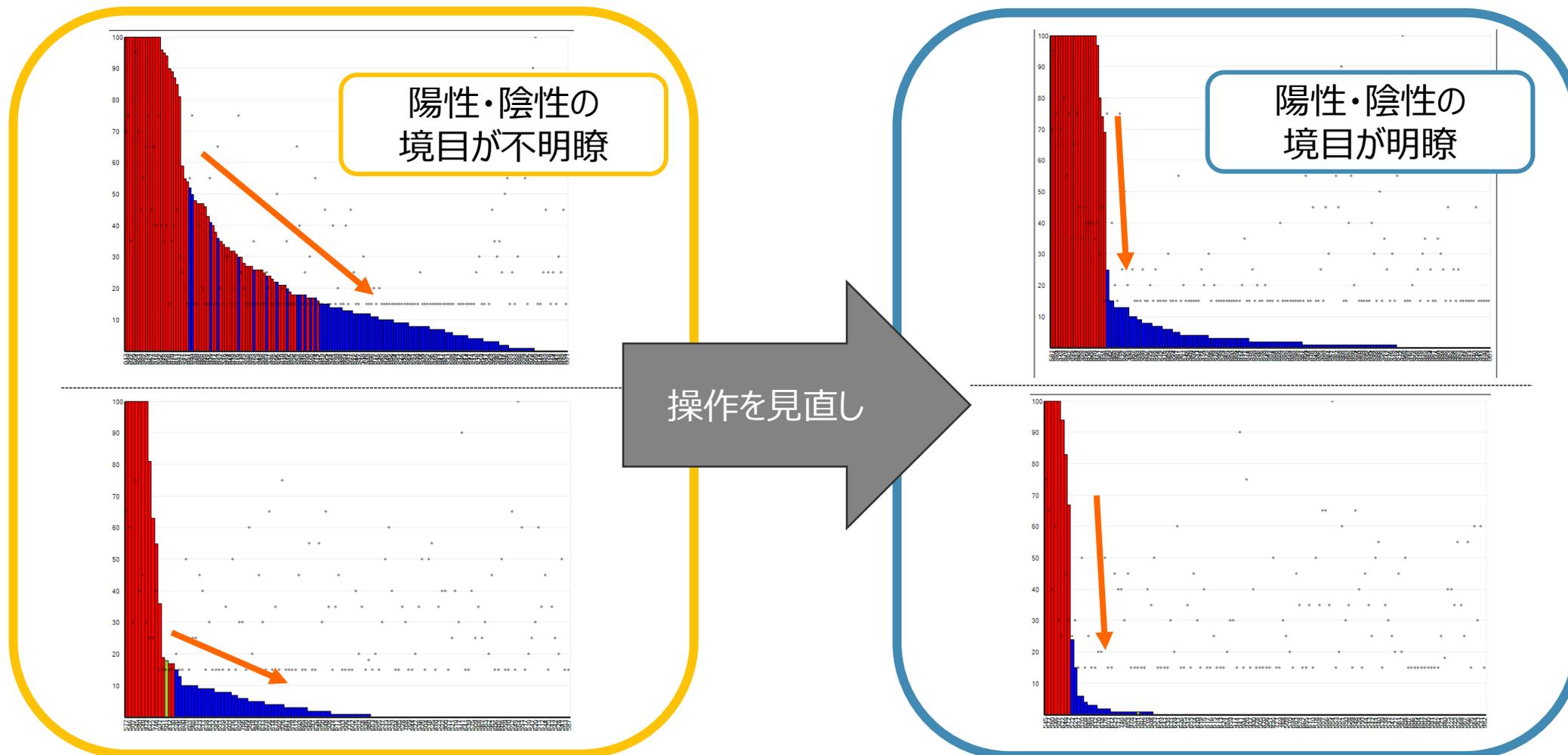


Threshold 3

Bead ID	Rxn	Raw	Normal	Pos Ctl	PC Raw	NC	NC Raw	OLI Cutoff	Sample Cutoff	Count
0896	8	2680.27	113	0654	2374.32	05...	25.59	35	35	96
0897	8	4752.6	92	0532	5162.69	05...	25.59	20	20	124
0898	1	21.56	0	0513	4046.55	05...	25.59	15	15	83
0899	1	41.84	0	0532	5162.69	05...	25.59	25	25	167
0900	1	21.3	0	0532	5162.69	05...	25.59	15	15	127
0902	1	27.1	0	0532	5162.69	05...	25.59	15	15	167
0903	1	24.26	0	0532	5162.69	05...	25.59	17	17	162
0905	1	24.67	0	0513	4046.55	05...	25.59	15	15	130
0906	1	31.01	0	0513	4046.55	05...	25.59	15	15	133
0908	1	27.35	0	0532	5162.69	05...	25.59	25	25	132
0909	1	25.96	0	0513	4046.55	05...	25.59	15	15	122

陽性/陰性の境目が不明瞭な場合

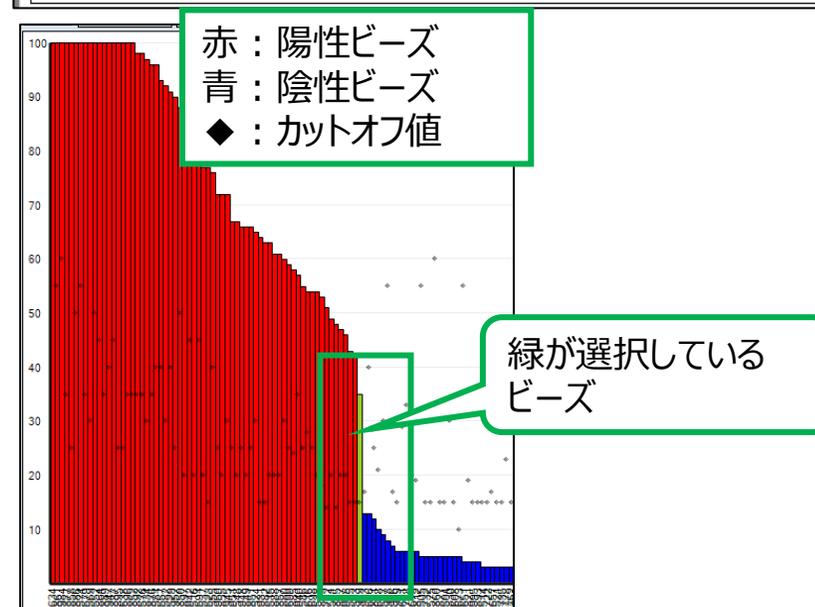
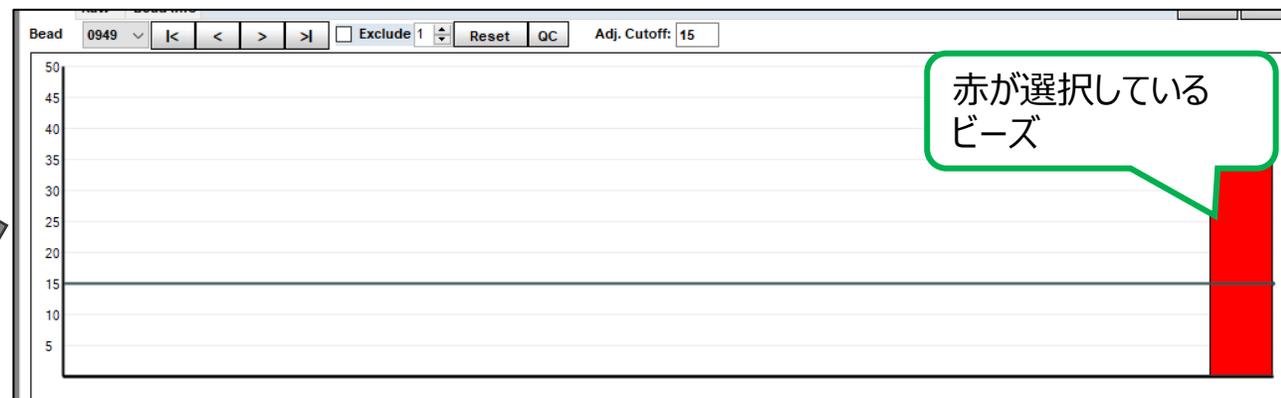
- 洗浄やハイブリダイゼーションの反応に不備がある場合、判定困難となることがあります



ビーズの反応の確認② False reactionビーズが無い場合

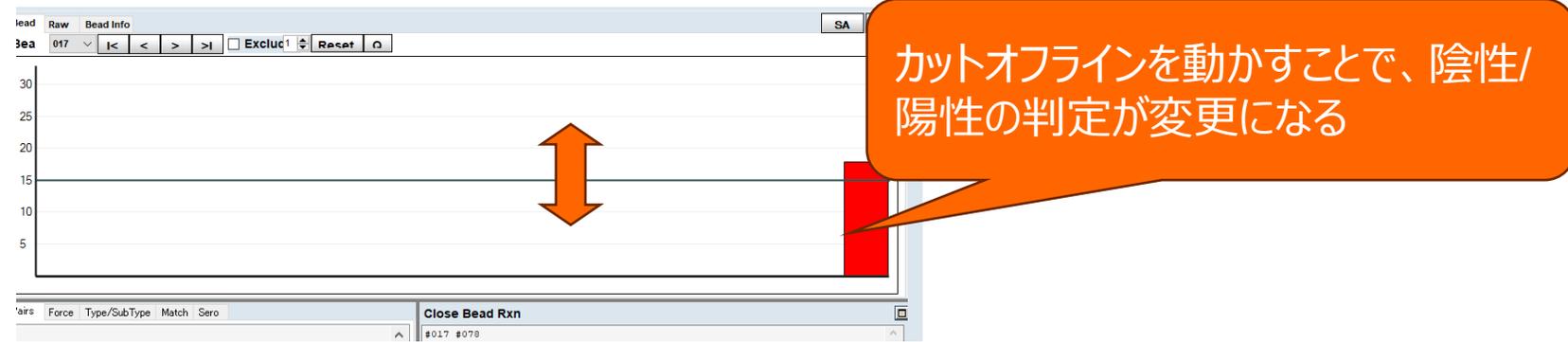


- ビーズの反応性（とくに陽性/陰性の境目）を確認
- 反応性に問題がない場合は解析終了



ケース1：Falseビーズがある場合

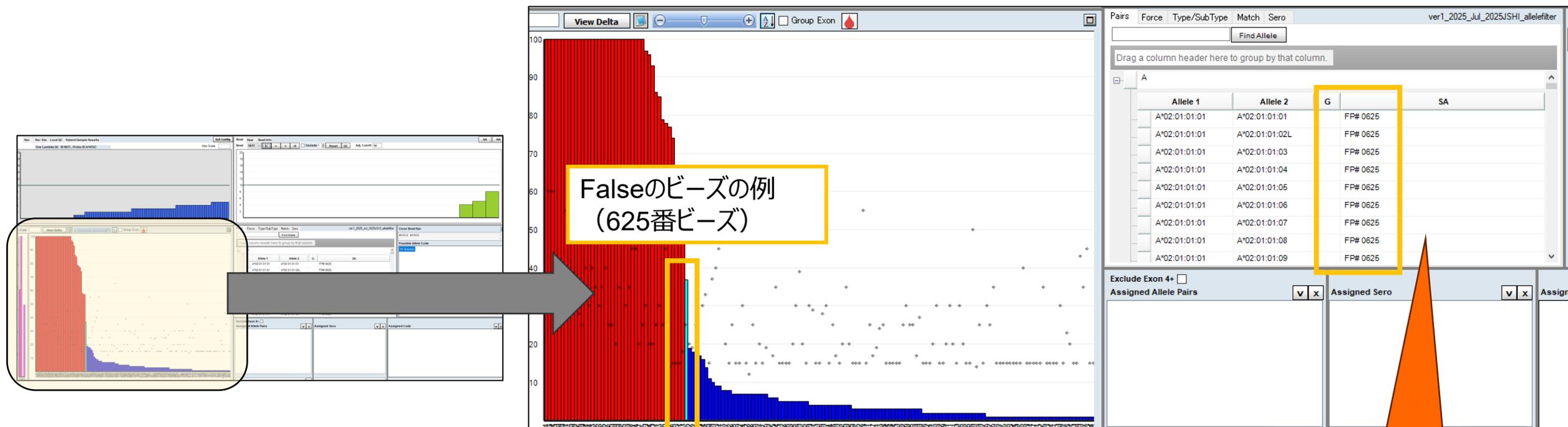
- ① Falseビーズに結合しているプローブ情報をもとに反応するアレルを確認
 - ② One LambdaのQC結果を確認
 - ③ 測定結果がOne Lambdaのカットオフ値と比較してどの程度乖離しているかを確認
 - ④ (必要に応じ) False反応となっているアレルの他の陽性ビーズの反応性の確認
 - ⑤ ハプロタイプを確認 (他のローカスのタイピング結果がある場合)
- 上記のような情報を加味し、「カットオフ値を変更」、「再検査を行う (SSO、もしくは別法)」等の判断をお願いします



カットオフ値を変更するビーズの数、カットオフ値を変更する割合等、基準を各施設様で設定することを推奨します



- Falseビーズ：全ビーズの判定結果のグラフとPairsタブで確認



FP：偽陽性
FN：偽陰性



- Beadタブで該当ビーズの反応を確認
- Bead Infoタブでビーズに結合しているプローブの情報を確認

表示するビーズの変更

同時に測定した全ての検体の結果が表示

- 赤：解析している検体の結果
- 緑：他の検体の結果
- 白：PCビーズが検査成立基準を満たしていない検体の結果

Bead ID #: 0625 Rec Site: [23-----27 + Deletion at 39]

Probe ID: A1610G
Exon 2

A*30:78N

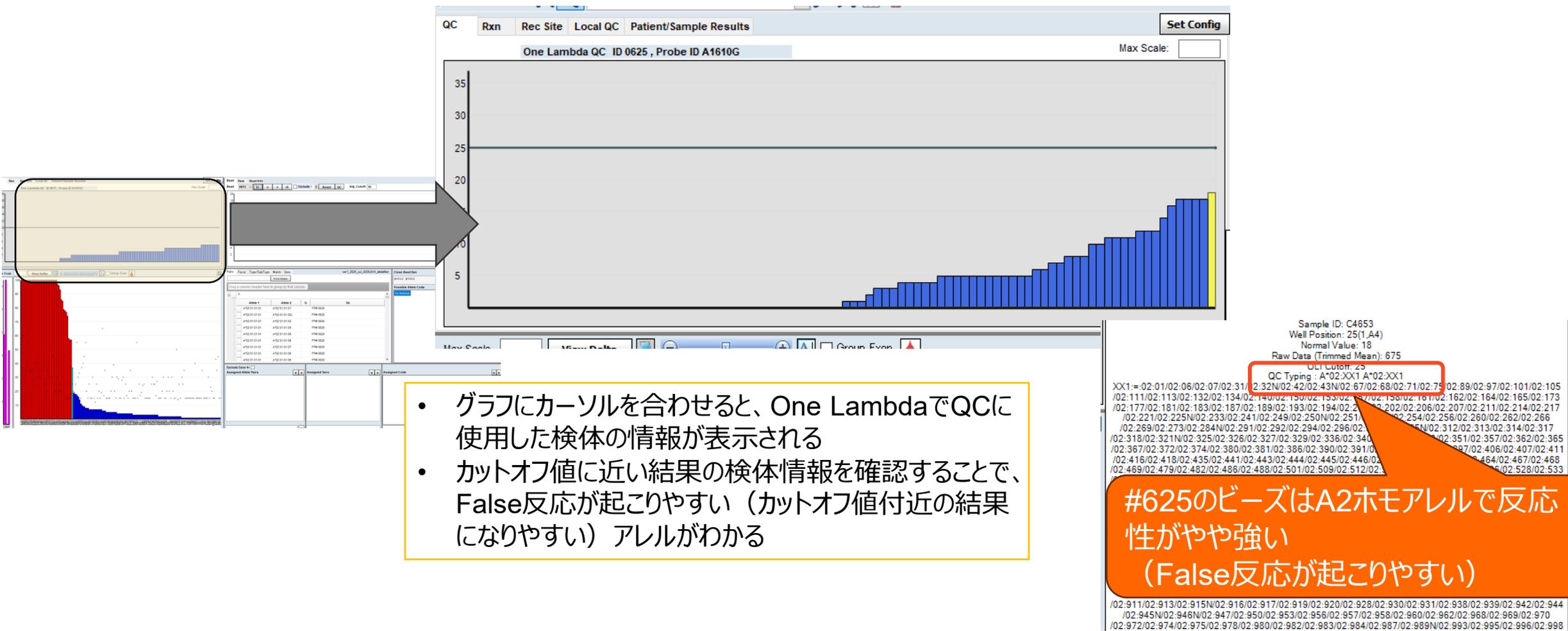
ビーズに結合しているプローブの認識
部位 & 対象アレル

FPとなった#625はレアアレルを認識
するビーズ

One LambdaのQC結果の確認



- QCタブでOne Lambdaのデータ（QCパネル）における反応性を確認



- グラフにカーソルを合わせると、One LambdaでQCに使用した検体の情報が表示される
- カットオフ値に近い結果の検体情報を確認することで、False反応が起こりやすい（カットオフ値付近の結果になりやすい）アレルがわかる

#625のビーズはA2ホモアレルで反応性がやや強い
(False反応が起こりやすい)

(必要に応じて) ビーズの反応パターンの確認



- Rxnタブでアレルごとに反応するビーズが表示
- 空欄にアレルを入力してFind Alleleをクリックすることで、任意のアレルのビーズ反応パターンがリスト上部に表示
- False反応となっているアレルの他の陽性ビーズの反応性の確認

Sample Rxn : 検体のビーズの反応パターン
陽性は「X」

QC	Rxn	Rec Site	Local QC	Patient/Sample Results															
				27	37	61	62	65	66	70	74	75	81	82	110	115	123	132	
	Sample Rxn			X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	
	A*02:01:01:01			X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	
	A*01:01:01:01										X								
	A*01:01:01:01										X								
	A*01:01:01:01										X								

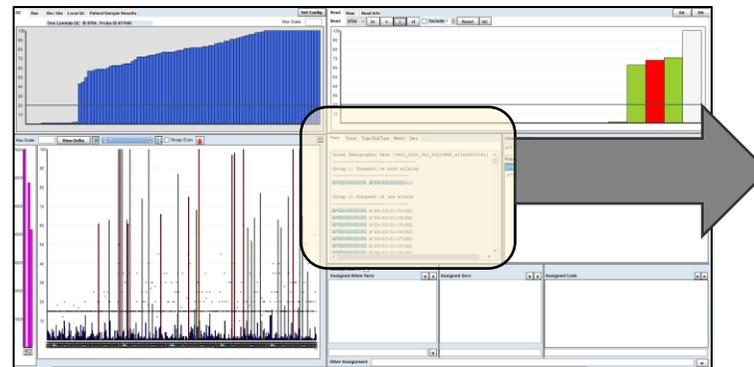
アレル名 : 各アレルのビーズの反応パターン
陽性は「X」

FP : 赤、FN : 緑で表示

ケース2：Falseビーズがなく、G1の結果が表示されない場合

- ① 海外の方の検体の場合はフィルターを変更して解析
- ② ForceタブでFalse反応の可能性が高いビーズを確認し、False反応ビーズの確認と同じ手順で確認
 - カットオフ値の変更/再検査/結果採用の判断を行う

Allele 1	Allele 2	G
B*42:01:01:01	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:01:02	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:01:03	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:01:04	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:02	B*44:03:01:01	G2
B*42:01:01	B*44:03:01:01	G2

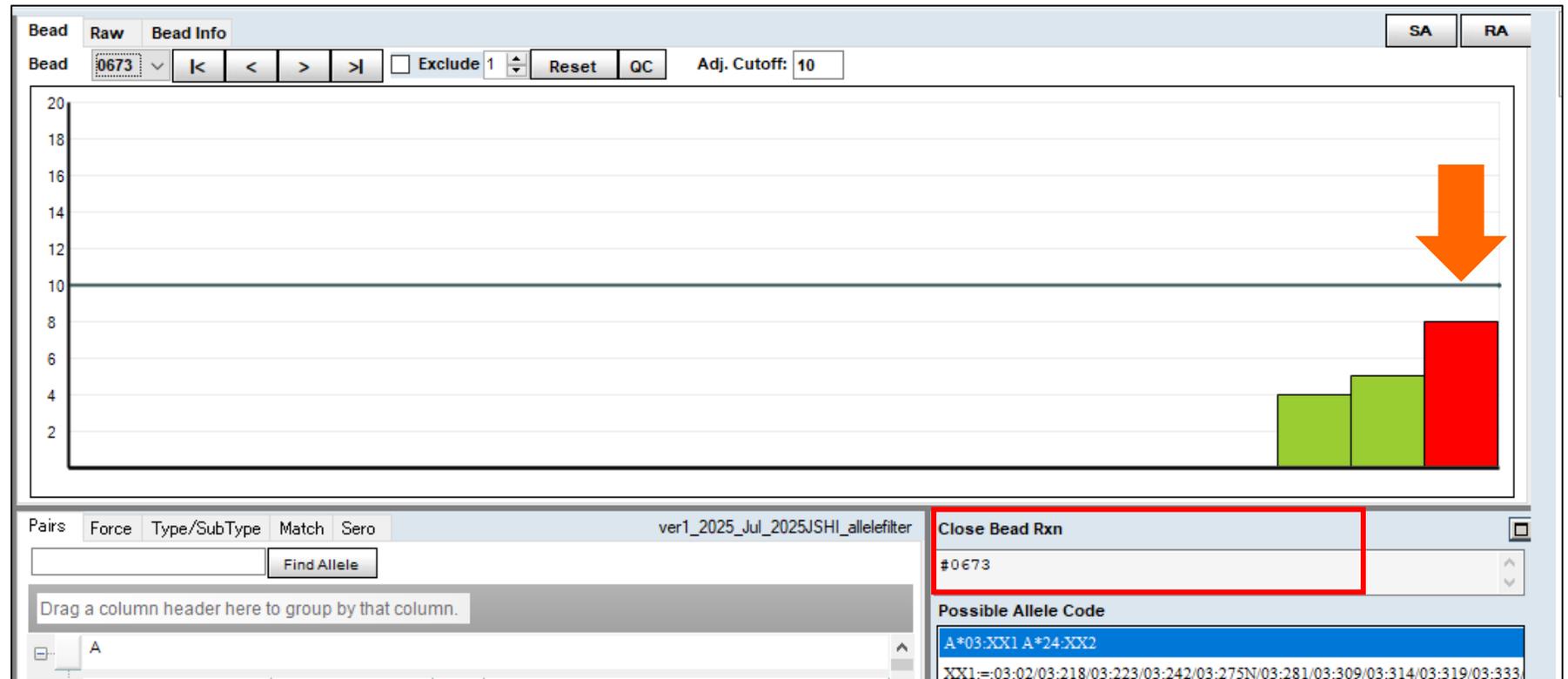


Force	Type/SubType	Match	Sero
FP/FN /			
+ FP/FN : FP# 0687 (52 items)			
+ FP/FN : FP# 0719 (26 items)			
+ FP/FN : FP# 0726 (52 items)			
+ FP/FN : FP# 0727 (65 items)			
+ FP/FN : FP# 0733 (2 items)			
+ FP/FN : FP# 0749 (26 items)			
+ FP/FN : FP# 0755 (13 items)			
+ FP/FN : FP# 0756 (1 item)			
+ FP/FN : FP# 0781 (169 items)			
+ FP/FN : FP# 0785 (169 items)			
+ FP/FN : FP# 0803 (167 items)			
+ FP/FN : FP# 0819 (337 items)			
+ FP/FN : FP# 0991 (66 items)			

G2・G3しか表示されていない

ケース3 : Close reaction beadsがある場合

- カットオフ付近にNormal値があるビーズをソフトウェアが自動でリスト
 - Close Bead Rxn欄にリストされる
- ビーズの反応性の確認方法はFalse反応のビーズの確認方法と同じ
 - プローブの確認、QCパネルの確認、ハプロタイプの確認



血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルターのインポート

解析の設定

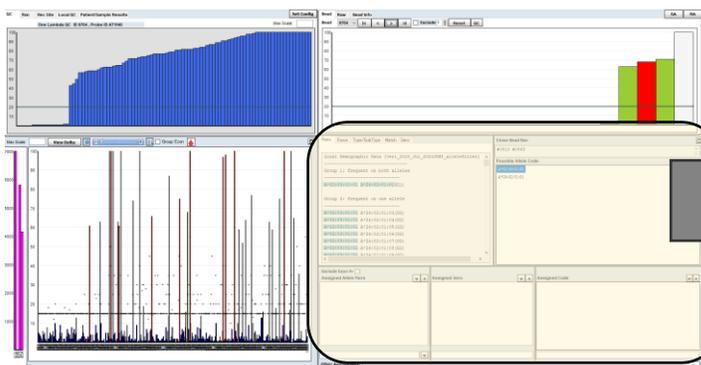
測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

解析結果の記録・保存

- 結果表示ウィンドウからダブルクリックで結果を記録、Saveで保存



Pairs Force Type/SubType N ver1_2024_Jan_2024JSHI_allelefilter

Find Allele

Drag a column header here to group by that column.

+	DPA1
-	DPB1

Fusion4.7よりα鎖とβ鎖が
分かれて表示されるよう
になりました

Pairs Force Type/SubType Match Sero

Local Demographic Data [ver1_2023_Jul_2023JSHI_allelefilter]

Group 1: frequent on both alleles

A*02:03:01:01 A*24:02:01:01 (G1)

Group 2: frequent on one allele

A*02:03:01:01 A*24:02:01:03 (G2)
A*02:03:01:01 A*24:02:01:04 (G2)
A*02:03:01:01 A*24:02:01:05 (G2)
A*02:03:01:01 A*24:02:01:06 (G2)
A*02:03:01:01 A*24:02:01:07 (G2)
A*02:03:01:01 A*24:02:01:08 (G2)
A*02:03:01:01 A*24:02:01:09 (G2)

Close Bead Rxn #0913 #0965

Possible Allele Code

A*02:03:01:01:02:03:01:02:03:01:03:02:03:01:04:02:03:01:05:02:03:02:03:03:02:03:04:02:03:05:02:03:06
A*24:02:01:01:24:02:01:03:24:02:01:04:24:02:01:05:24:02:01:06:24:02:01:07:24:02:01:08:24:02:01:09:24:02:01:

Exclude Exon 4+

Assigned Allele Pairs A*02:03:01:01 A*24:02:01:01

Assigned Sero A203 A24

Assigned Code A*02:03:01:01:02:03:01:02:03:01:03:02:03:01:04:02:03:01:05:02:03:02:03:03:02:03:04:02:03:05:02:03:06
A*24:02:01:01:24:02:01:03:24:02:01:04:24:02:01:05:24:02:01:06:24:02:01:07:24:02:01:08

Other Assignment

Save をクリックして保存

Save Confirm

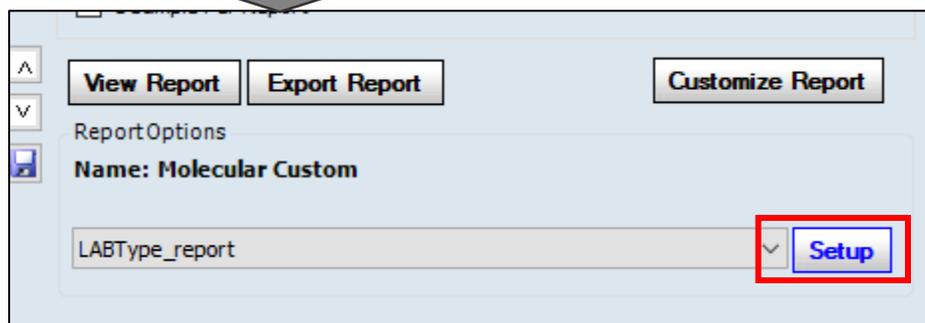
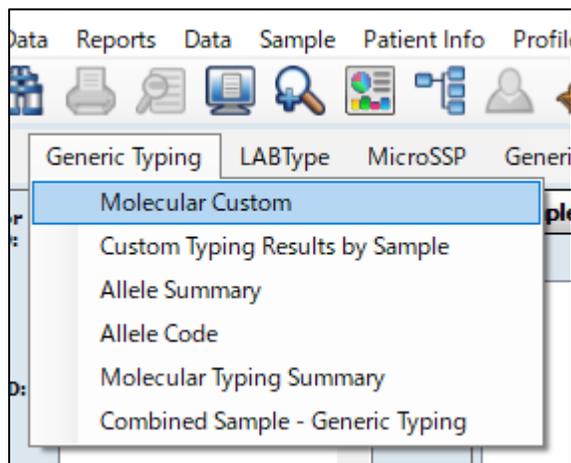
タイピング結果として記録され、
レポートに表示される

Save をクリックして保存

レポート出力項目の設定

- Reports>Generic Typing>Molecular Custom
- Setupで出力する項目を設定、テンプレートとして保存

設定例



テンプレート名を入力してSave

レポート出力

- 出力するセッションや検体名を選択
- テンプレートを指定
- View Reportでプレビュー、印刷
- Export Reportで出力（csvやpdfなど任意の形式で保存）

1検体ずつ別ファイルに保存する場合は
チェックを入れてExport Report

The screenshot shows the 'Export Report' dialog box with the following elements:

- 1 Sample Per Report (checked)
- View Report
- Export Report
- Report Options: Name: Molecular Custom
- LABType_report (selected template)

The main interface shows a table of sessions and samples. The 'Samples' table has the following data:

Includ	Session	Test Date	Catalog ID	Nom Date	IMGT	Product Type	...
<input type="checkbox"/>	RSSOX1C_20230427_173201_HD	2023年04月27...	RSSOX1C_003_05	July 2023	3.53.0	LABType	1
<input checked="" type="checkbox"/>	RSSOX1A_004	2023年04月27...	RSSOX1A_004_09	July 2023	3.53.0	LABType	1

The 'LABType_report' preview shows the following content:

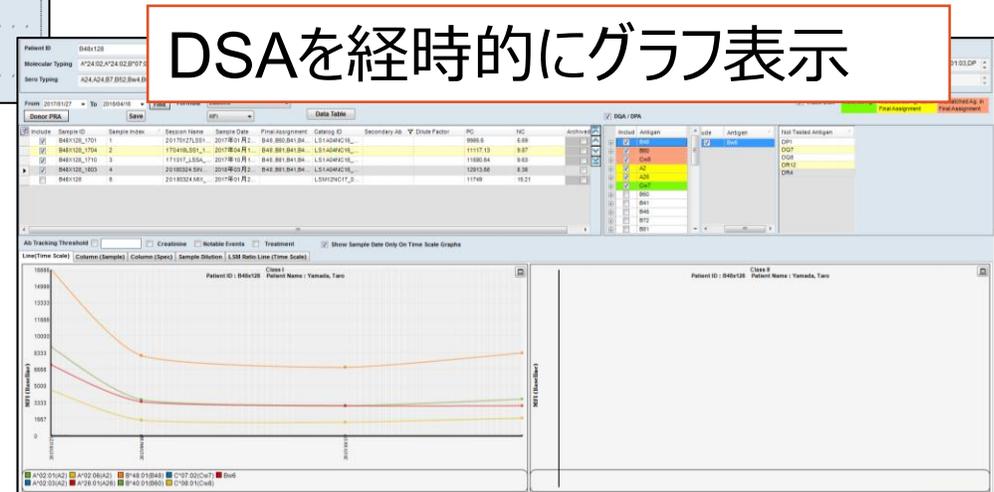
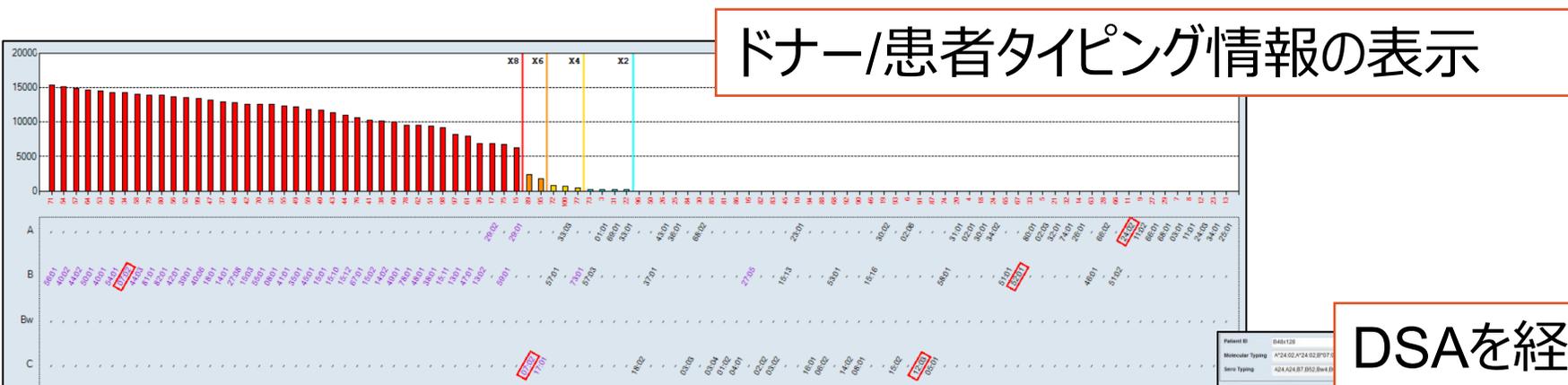
Patient ID: Sample1
Sample ID: Sample1
Sample Date: Test 4/27/2023
Saved By: 1.1
Date: 2/15/2024
Confirmed By: Date:
Interpretation:
Assigned Allele Code: A*02:03:01:01:02:03:01:03:01:04:02:03:01:05:02:03:02:03:03:03:04:02:03:05:02:03:06:02:03:06:02:03:07:02:03:08:02:03:09:02:03:10:02:03:11:02:03:12:02:03:13:02:03:14:02:03:15:02:03:16:02:03:17:02:03:18:02:03:19:02:03:20:02:03:21:02:03:22:02:03:23:02:03:24:02:03:25:02:03:26:02:03:27:02:03:28:02:03:29:02:03:30:02:03:31:02:03:32:02:03:33:02:03:34:02:03:35:02:03:36:02:03:37:02:03:38:02:03:39:02:03:40:02:03:41:02:03:42:02:03:43:02:03:44:02:03:45:02:03:46:02:03:47:02:03:48:02:03:49:02:03:50:02:03:51:02:03:52:02:03:53:02:03:54:02:03:55:02:03:56:02:03:57:02:03:58:02:03:59:02:04:00:02:04:01:02:04:02:02:04:03:02:04:04:02:04:05:02:04:06:02:04:07:02:04:08:02:04:09:02:04:10:02:04:11:02:04:12:02:04:13:02:04:14:02:04:15:02:04:16:02:04:17:02:04:18:02:04:19:02:04:20:04:21:02:04:22:02:04:23:02:04:24:02:04:25:02:04:26:02:04:27:02:04:28:02:04:29:02:04:30:02:04:31:02:04:32:02:04:33:02:04:34:02:04:35:02:04:36:02:04:37:02:04:38:02:04:39:02:04:40:02:04:41:02:04:42:02:04:43:02:04:44:02:04:45:02:04:46:02:04:47:02:04:48:02:04:49:02:04:50:02:04:51:02:04:52:02:04:53:02:04:54:02:04:55:02:04:56:02:04:57:02:04:58:02:04:59:02:05:00:02:05:01:02:05:02:05:03:02:05:04:02:05:05:02:05:06:02:05:07:02:05:08:02:05:09:02:05:10:02:05:11:02:05:12:02:05:13:02:05:14:02:05:15:02:05:16:02:05:17:02:05:18:02:05:19:02:05:20:05:21:02:05:22:02:05:23:02:05:24:02:05:25:02:05:26:02:05:27:02:05:28:02:05:29:02:05:30:02:05:31:02:05:32:02:05:33:02:05:34:02:05:35:02:05:36:02:05:37:02:05:38:02:05:39:02:05:40:02:05:41:02:05:42:02:05:43:02:05:44:02:05:45:02:05:46:02:05:47:02:05:48:02:05:49:02:05:50:02:05:51:02:05:52:02:05:53:02:05:54:02:05:55:02:05:56:02:05:57:02:05:58:02:05:59:02:06:00:02:06:01:02:06:02:06:03:02:06:04:02:06:05:02:06:06:02:06:07:02:06:08:02:06:09:02:06:10:02:06:11:02:06:12:02:06:13:02:06:14:02:06:15:02:06:16:02:06:17:02:06:18:02:06:19:02:06:20:06:21:02:06:22:02:06:23:02:06:24:02:06:25:02:06:26:02:06:27:02:06:28:02:06:29:02:06:30:02:06:31:02:06:32:02:06:33:02:06:34:02:06:35:02:06:36:02:06:37:02:06:38:02:06:39:02:06:40:02:06:41:02:06:42:02:06:43:02:06:44:02:06:45:02:06:46:02:06:47:02:06:48:02:06:49:02:06:50:02:06:51:02:06:52:02:06:53:02:06:54:02:06:55:02:06:56:02:06:57:02:06:58:02:06:59:02:07:00:02:07:01:02:07:02:07:03:02:07:04:02:07:05:02:07:06:02:07:07:02:07:08:02:07:09:02:07:10:02:07:11:02:07:12:02:07:13:02:07:14:02:07:15:02:07:16:02:07:17:02:07:18:02:07:19:02:07:20:07:21:02:07:22:02:07:23:02:07:24:02:07:25:02:07:26:02:07:27:02:07:28:02:07:29:02:07:30:02:07:31:02:07:32:02:07:33:02:07:34:02:07:35:02:07:36:02:07:37:02:07:38:02:07:39:02:07:40:02:07:41:02:07:42:02:07:43:02:07:44:02:07:45:02:07:46:02:07:47:02:07:48:02:07:49:02:07:50:02:07:51:02:07:52:02:07:53:02:07:54:02:07:55:02:07:56:02:07:57:02:07:58:02:07:59:02:08:00:02:08:01:02:08:02:08:03:02:08:04:02:08:05:02:08:06:02:08:07:02:08:08:02:08:09:02:08:10:02:08:11:02:08:12:02:08:13:02:08:14:02:08:15:02:08:16:02:08:17:02:08:18:02:08:19:02:08:20:08:21:02:08:22:02:08:23:02:08:24:02:08:25:02:08:26:02:08:27:02:08:28:02:08:29:02:08:30:02:08:31:02:08:32:02:08:33:02:08:34:02:08:35:02:08:36:02:08:37:02:08:38:02:08:39:02:08:40:02:08:41:02:08:42:02:08:43:02:08:44:02:08:45:02:08:46:02:08:47:02:08:48:02:08:49:02:08:50:02:08:51:02:08:52:02:08:53:02:08:54:02:08:55:02:08:56:02:08:57:02:08:58:02:08:59:02:09:00:02:09:01:02:09:02:09:03:02:09:04:02:09:05:02:09:06:02:09:07:02:09:08:02:09:09:02:09:10:02:09:11:02:09:12:02:09:13:02:09:14:02:09:15:02:09:16:02:09:17:02:09:18:02:09:19:02:09:20:09:21:02:09:22:02:09:23:02:09:24:02:09:25:02:09:26:02:09:27:02:09:28:02:09:29:02:09:30:02:09:31:02:09:32:02:09:33:02:09:34:02:09:35:02:09:36:02:09:37:02:09:38:02:09:39:02:09:40:02:09:41:02:09:42:02:09:43:02:09:44:02:09:45:02:09:46:02:09:47:02:09:48:02:09:49:02:09:50:02:09:51:02:09:52:02:09:53:02:09:54:02:09:55:02:09:56:02:09:57:02:09:58:02:09:59:02:10:00:02:10:01:02:10:02:10:03:02:10:04:02:10:05:02:10:06:02:10:07:02:10:08:02:10:09:02:10:10:02:10:11:02:10:12:02:10:13:02:10:14:02:10:15:02:10:16:02:10:17:02:10:18:02:10:19:02:10:20:10:21:02:10:22:02:10:23:02:10:24:02:10:25:02:10:26:02:10:27:02:10:28:02:10:29:02:10:30:02:10:31:02:10:32:02:10:33:02:10:34:02:10:35:02:10:36:02:10:37:02:10:38:02:10:39:02:10:40:02:10:41:02:10:42:02:10:43:02:10:44:02:10:45:02:10:46:02:10:47:02:10:48:02:10:49:02:10:50:02:10:51:02:10:52:02:10:53:02:10:54:02:10:55:02:10:56:02:10:57:02:10:58:02:10:59:02:11:00:02:11:01:02:11:02:11:03:02:11:04:02:11:05:02:11:06:02:11:07:02:11:08:02:11:09:02:11:10:02:11:11:02:11:12:02:11:13:02:11:14:02:11:15:02:11:16:02:11:17:02:11:18:02:11:19:02:11:20:02:11:21:02:11:22:02:11:23:02:11:24:02:11:25:02:11:26:02:11:27:02:11:28:02:11:29:02:11:30:02:11:31:02:11:32:02:11:33:02:11:34:02:11:35:02:11:36:02:11:37:02:11:38:02:11:39:02:11:40:02:11:41:02:11:42:02:11:43:02:11:44:02:11:45:02:11:46:02:11:47:02:11:48:02:11:49:02:11:50:02:11:51:02:11:52:02:11:53:02:11:54:02:11:55:02:11:56:02:11:57:02:11:58:02:11:59:02:12:00:02:12:01:02:12:02:12:03:02:12:04:02:12:05:02:12:06:02:12:07:02:12:08:02:12:09:02:12:10:02:12:11:02:12:12:02:12:13:02:12:14:02:12:15:02:12:16:02:12:17:02:12:18:02:12:19:02:12:20:12:21:02:12:22:02:12:23:02:12:24:02:12:25:02:12:26:02:12:27:02:12:28:02:12:29:02:12:30:02:12:31:02:12:32:02:12:33:02:12:34:02:12:35:02:12:36:02:12:37:02:12:38:02:12:39:02:12:40:02:12:41:02:12:42:02:12:43:02:12:44:02:12:45:02:12:46:02:12:47:02:12:48:02:12:49:02:12:50:02:12:51:02:12:52:02:12:53:02:12:54:02:12:55:02:12:56:02:12:57:02:12:58:02:12:59:02:13:00:02:13:01:02:13:02:13:03:02:13:04:02:13:05:02:13:06:02:13:07:02:13:08:02:13:09:02:13:10:02:13:11:02:13:12:02:13:13:02:13:14:02:13:15:02:13:16:02:13:17:02:13:18:02:13:19:02:13:20:13:21:02:13:22:02:13:23:02:13:24:02:13:25:02:13:26:02:13:27:02:13:28:02:13:29:02:13:30:02:13:31:02:13:32:02:13:33:02:13:34:02:13:35:02:13:36:02:13:37:02:13:38:02:13:39:02:13:40:02:13:41:02:13:42:02:13:43:02:13:44:02:13:45:02:13:46:02:13:47:02:13:48:02:13:49:02:13:50:02:13:51:02:13:52:02:13:53:02:13:54:02:13:55:02:13:56:02:13:57:02:13:58:02:13:59:02:14:00:02:14:01:02:14:02:14:03:02:14:04:02:14:05:02:14:06:02:14:07:02:14:08:02:14:09:02:14:10:02:14:11:02:14:12:02:14:13:02:14:14:02:14:15:02:14:16:02:14:17:02:14:18:02:14:19:02:14:20:14:21:02:14:22:02:14:23:02:14:24:02:14:25:02:14:26:02:14:27:02:14:28:02:14:29:02:14:30:02:14:31:02:14:32:02:14:33:02:14:34:02:14:35:02:14:36:02:14:37:02:14:38:02:14:39:02:14:40:02:14:41:02:14:42:02:14:43:02:14:44:02:14:45:02:14:46:02:14:47:02:14:48:02:14:49:02:14:50:02:14:51:02:14:52:02:14:53:02:14:54:02:14:55:02:14:56:02:14:57:02:14:58:02:14:59:02:15:00:02:15:01:02:15:02:15:03:02:15:04:02:15:05:02:15:06:02:15:07:02:15:08:02:15:09:02:15:10:02:15:11:02:15:12:02:15:13:02:15:14:02:15:15:02:15:16:02:15:17:02:15:18:02:15:19:02:15:20:15:21:02:15:22:02:15:23:02:15:24:02:15:25:02:15:26:02:15:27:02:15:28:02:15:29:02:15:30:02:15:31:02:15:32:02:15:33:02:15:34:02:15:35:02:15:36:02:15:37:02:15:38:02:15:39:02:15:40:02:15:41:02:15:42:02:15:43:02:15:44:02:15:45:02:15:46:02:15:47:02:15:48:02:15:49:02:15:50:02:15:51:02:15:52:02:15:53:02:15:54:02:15:55:02:15:56:02:15:57:02:15:58:02:15:59:02:16:00:02:16:01:02:16:02:16:03:02:16:04:02:16:05:02:16:06:02:16:07:02:16:08:02:16:09:02:16:10:02:16:11:02:16:12:02:16:13:02:16:14:02:16:15:02:16:16:02:16:17:02:16:18:02:16:19:02:16:20:16:21:02:16:22:02:16:23:02:16:24:02:16:25:02:16:26:02:16:27:02:16:28:02:16:29:02:16:30:02:16:31:02:16:32:02:16:33:02:16:34:02:16:35:02:16:36:02:16:37:02:16:38:02:16:39:02:16:40:02:16:41:02:16:42:02:16:43:02:16:44:02:16:45:02:16:46:02:16:47:02:16:48:02:16:49:02:16:50:02:16:51:02:16:52:02:16:53:02:16:54:02:16:55:02:16:56:02:16:57:02:16:58:02:16:59:02:17:00:02:17:01:02:17:02:17:03:02:17:04:02:17:05:02:17:06:02:17:07:02:17:08:02:17:09:02:17:10:02:17:11:02:17:12:02:17:13:02:17:14:02:17:15:02:17:16:02:17:17:02:17:18:02:17:19:02:17:20:17:21:02:17:22:02:17:23:02:17:24:02:17:25:02:17:26:02:17:27:02:17:28:02:17:29:02:17:30:02:17:31:02:17:32:02:17:33:02:17:34:02:17:35:02:17:36:02:17:37:02:17:38:02:17:39:02:17:40:02:17:41:02:17:42:02:17:43:02:17:44:02:17:45:02:17:46:02:17:47:02:17:48:02:17:49:02:17:50:02:17:51:02:17:52:02:17:53:02:17:54:02:17:55:02:17:56:02:17:57:02:17:58:02:17:59:02:18:00:02:18:01:02:18:02:18:03:02:18:04:02:18:05:02:18:06:02:18:07:02:18:08:02:18:09:02:18:10:02:18:11:02:18:12:02:18:13:02:18:14:02:18:15:02:18:16:02:18:17:02:18:18:02:18:19:02:18:20:18:21:02:18:22:02:18:23:02:18:24:02:18:25:02:18:26:02:18:27:02:18:28:02:18:29:02:18:30:02:18:31:02:18:32:02:18:33:02:18:34:02:18:35:02:18:36:02:18:37:02:18:38:02:18:39:02:18:40:02:18:41:02:18:42:02:18:43:02:18:44:02:18:45:02:18:46:02:18:47:02:18:48:02:18:49:02:18:50:02:18:51:02:18:52:02:18:53:02:18:54:02:18:55:02:18:56:02:18:57:02:18:58:02:18:59:02:19:00:02:19:01:02:19:02:19:03:02:19:04:02:19:05:02:19:06:02:19:07:02:19:08:02:19:09:02:19:10:02:19:11:02:19:12:02:19:13:02:19:14:02:19:15:02:19:16:02:19:17:02:19:18:02:19:19:02:19:20:19:21:02:19:22:02:19:23:02:19:24:02:19:25:02:19:26:02:19:27:02:19:28:02:19:29:02:19:30:02:19:31:02:19:32:02:19:33:02:19:34:02:19:35:02:19:36:02:19:37:02:19:38:02:19:39:02:19:40:02:19:41:02:19:42:02:19:43:02:19:44:02:19:45:02:19:46:02:19:47:02:19:48:02:19:49:02:19:50:02:19:51:02:19:52:02:19:53:02:19:54:02:19:55:02:19:56:02:19:57:02:19:58:02:19:59:02:20:00:02:20:01:02:20:02:20:03:02:20:04:02:20:05:02:20:06:02:20:07:02:20:08:02:20:09:02:20:10:02:20:11:02:20:12:02:20:13:02:20:14:02:20:15:02:20:16:02:20:17:02:20:18:02:20:19:02:20:20:20:21:02:20:22:02:20:23:02:20:24:02:20:25:02:20:26:02:20:27:02:20:28:02:20:29:02:20:30:02:20:31:02:20:32:02:20:33:02:20:34:02:20:35:02:20:36:02:20:37:02:20:38:02:20:39:02:20:40:02:20:41:02:20:42:02:20:43:02:20:44:02:20:45:02:20:46:02:20:47:02:20:48:02:20:49:02:20:50:02:20:51:02:20:52:02:20:53:02:20:54:02:20:55:02:20:56:02:20:57:02:20:58:02:20:59:02:21:00:02:21:01:02:21:02:21:03:02:21:04:02:21:05:02:21:06:02:21:07:02:21:08:02:21:09:02:21:10:02:21:11:02:21:12:02:21:13:02:21:14:02:21:15:02:21:16:02:21:17:02:21:18:02:21:19:02:21:20:21:21:02:21:22:02:21:23:02:21:24:02:21:25:02:21:26:02:21:27:02:21:28:02:21:29:02:21:30:02:21:31:02:21:32:02:21:33:02:21:34:02:21:35:02:21:36:02:21:37:02:21:38:02:21:39:02:21:40:02:21:41:02:21:42:02:21:43:02:21:44:02:21:45:02:21:46:02:21:47:02:21:48:02:21:49:02:21:50:02:21:51:02:21:52:02:21:53:02:21:54:02:21:55:02:21:56:02:21:57:02:21:58:02:21:59:02:22:00:02:22:01:02:22:02:22:03:02:22:04:02:22:05:02:22:06:02:22:07:02:22:08:02:22:09:02:22:10:02:22:11:02:22:12:02:22:13:02:22:14:02:22:15:02:22:16:02:22:17:02:22:18:02:22:19:02:22:20:22:21:02:22:22:02:22:23:02:22:24:02:22:25:02:22:26:02:22:27:02:22:28:02:22:29:02:22:30:02:22:31:02:22:32:02:22:33:02:22:34:02:22:35:02:22:36:02:22:37:02:22:38:02:22:39:02:22:40:02:22:41:02:22:42:02:22:43:02:22:44:02:22:45:02:22:46:02:22:47:02:22:48:02:22:49:02:22:50:02:22:51:02:22:52:02:22:53:02:22:54:02:22:55:02:22:56:02:22:57:02:22:58:02:22:59:02:23:00:02:23:01:02:23:02:23:03:02:23:04:02:23:05:02:23:06:02:23:07:02:23:08:02:23:09:02:23:10:02:23:11:02:23:12:02:23:13:02:23:14:02:23:15:02:23:16:02:23:17:02:23:18:02:23:19:02:23:20:23:21:02:23:22:02:23:23:02:23:24:02:23:25:02:23:26:02:23:27:02:23:28:02:23:29:02:23:30:02:23:31:02:23:32:02:23:33:02:23:34:02:23:35:02:23:36:02:23:37:02:23:38:02:23:39:02:23:40:02:23:41:02:23:42:02:23:43:02:23:44:02:23:45:02:23:46:02:23:47:02:23:48:02:23:49:02:23:50:02:23:51:02:23:52:02:23:53:02:23:54:02:23:55:02:23:56:02:23:57:02:23:58:02:23:59:02:24:00:02:24:01:02:24:02:24:03:02:24:04:02:24:05:02:24:06:02:24:07:02:24:08:02:24:09:02:24:10:02:24:11:02:24:12:02:24:13:02:24:14:02:24:15:02:24:16:02:24:17:02:24:18:02:24:19:02:24:20:24:21:02:24:22:02:24:23:02:24:24:02:24:25:02:24:26:02:24:27:02:24:28:02:24:29:02:24:30:02:24:31:02:24:32:02:24:33:02:24:34:02:24:35:02:24:36:02:24:37:02:24:38:02:24:39:02:24:40:02:24:41:02:24:42:02:24:43:02:24:44:02:24

- 結果を保存すると同一ロットの試薬を使った自施設の結果を蓄積できる
→ One Lambda QC情報に加えて、施設データを参照して判定に使用できる



移植検査でタイピング情報を活用する方法

- タイピング情報を患者・ドナー情報として登録するとMatchMakerによるエプレットマッチングが可能
- LABScreenの結果にも紐づけできる：タイピング情報の表示やDSAの確認・エプレット解析への活用が可能



ご清聴ありがとうございました。
ご質問はございますでしょうか。

