



すぐに役立つHLA Vol.4 LABType試薬の解析

株式会社ベリタス

2023/03/02

目次

- データのインポート
- 解析手順
- レポートの作成
- 患者情報の登録

データのインポート

解析の手順

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

csvファイルのインポート

測定結果の確認

解析結果の記録

解析に必要なファイルのインポート

- 解析には血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタの3つのファイルが必要です
- インポートの手順は動画で説明しています
 - ベリタスホームページ→ラーニングコーナー→動画で学ぶ HLAをより深く知るために
 - <https://www.veritastk.co.jp/sciencelibrary/learning/hla-video-compilation.html>

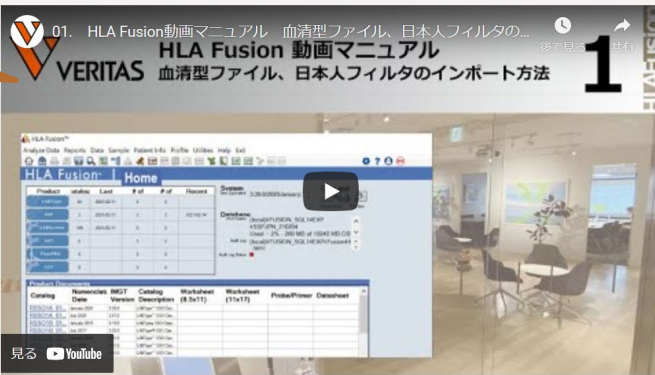
過去の講演会など、
様々な動画を公開
しております。
是非ご覧ください!

– HLA Fusionの使用方法

One Lambda社製試薬の専用解析ソフト (HLA Fusion) の初期設定方法を中心に解説します。

vol. 1 各種フィルタのインポート vol. 2 新規データベースの作成方法
vol. 3 カタログファイルのインポート方法 vol. 4 Navigatorの利用方法
vol. 5 データベースの変更方法 vol. 6 データベースのアップグレード・移行方法

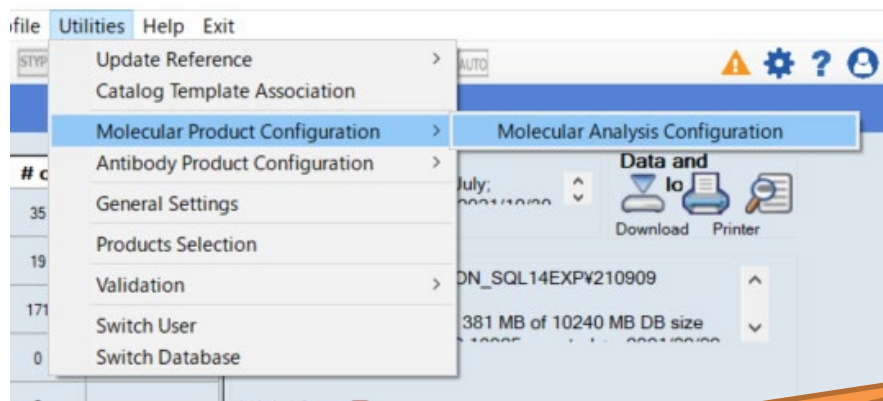
01. HLA Fusion動画マニュアル 血清型ファイル、日本人フィルタの...
VERITAS HLA Fusion 動画マニュアル
血清型ファイル、日本人フィルタのインポート方法



見る YouTube

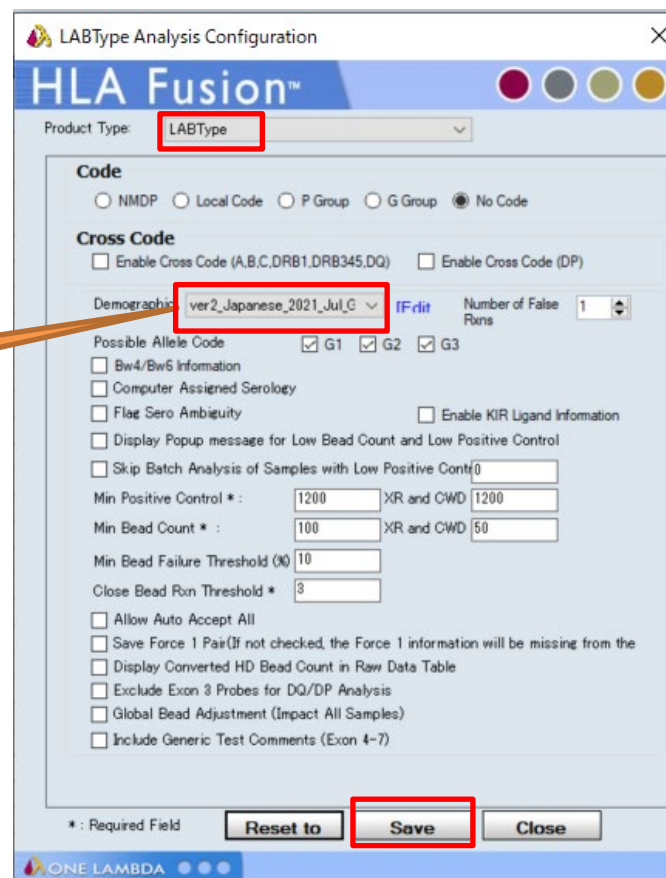
解析の設定

- 初回の解析時のみ下記の設定を行う



日本人フィルタの選択

製品はLABTypeを選択し、最新の日本人フィルタを選択してSaveで保存



日本人フィルタ

- 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、G1~G3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	×	×

日本人フィルタに含まれるアレルは青でハイライト表示されます

A*02:01:01:01	A*02:01:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:03:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:05:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:06:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:07:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:10	G1
A*02:01:01:01	A*02:15N	G1
A*02:01:01:01	A*02:18	G1

A*02:01:01:01	A*02:01:01:03	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:04	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:05	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:06	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:07	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:08	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:09	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:10	G2

A*02:01:01:02L	A*02:01:01:02L	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:02L	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:03	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:04	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:05	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:06	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:07	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:08	G3

解析に必要なファイル

- 下記の2つが必要

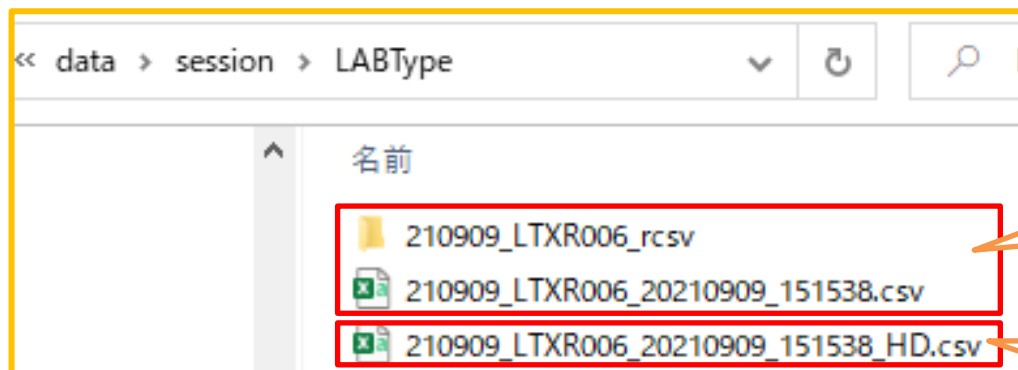
- CSVファイル

- rcsvフォルダ(フォルダごと移動)

- 解析後は新しく「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

- 製品によりrcsvフォルダが不要な製品もあり
- rcsvフォルダが不要な場合は、解析後のHDファイルは作成されない
- XR(全ローカス)、SSOはB,DPローカスは必要



解析に必要な2つの
ファイル

解析後に作成される
HDファイル

データのインポート

- TOP画面のLABTypeあるいはアイコンをクリック



HLA Fusion™

Analyze Data Reports Data Sample Patient Info Profile Utilities Help Exit

SSP STYP SSO LAT LCT RSO AUTO

HLA Fusion™ | Home

Product	Catalogs	Last Updated	# of Sessions	# of Tests	Recent Session
LABType	37	2023/01/20	21	157	2023/01/29
SSP	7	2022/12/14	33	33	2022/12/21
LABScreen	57	2023/01/20	179	1516	2023/02/06
LAT	0		0	0	
FlowPRA	0		0	0	
LCT	0		0	0	

System
Sero Equivalent: 3.49.0/2022July rev1;
imported on 2023/01/20

Data and Catalogs
Download Printer Catalog

D: 解析に使用する血清型ファイル
QL14EXP¥210909_FUSION44
MB of 10240 MB DB size
Version 4.4.0.13925; created on 2021/09/09
Setting us_english#SQL_Latin1_General_CP1_CI_AS

Audit Log: N/A

Audit Log Status: ■

データのインポート

- インポート画面

未取り込みデータ

カタログファイル情報

Locus Type	Catalogs	Last	# of	# of	Recent
A	4	2021/11/07	4	16	2021/12/28
B	7	2021/11/07	1	5	2021/12/28
C	5	2021/11/07	1	5	2021/12/28
DRB1	5	2021/11/07	3	9	2021/12/28
DQA1.DQB1	2	2021/11/07	0	0	
DPA1.DPB1	2	2021/11/07	0	0	

カタログファイルのバージョン

Catalog	Nomenclature Date	IMGT Version	Catalog Description	Worksheet (8.5x11)	Worksheet (11-17)	Probe/Primer
RSSO1A_017...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSOW1A_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ CWD Cla...			
RSSOX1A_00...	January 2021	3.43.0	LABType™ XR Class ...			
RSSOX1A_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ XR Class ...			
RSSO1B_020...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSO1B_021...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSO1B_022...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSOW1B_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ CWD Cla...			
RSSOW1B_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ CWD Cla...			
RSSOX1B_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ XR Class ...			
RSSOX1B_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ XR Class ...			
RSSO1C_015...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSOW1C_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ CWD Cla...			
RSSOW1C_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ CWD Cla...			
RSSO1C_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ XR Class ...			
RSSOX1C_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ XR Class ...			
RSSOX1C_00...	July 2021	3.45.1	LABType™ XR Class ...			
RSSO2B1_020...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSO2B1_021...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSOW2B1_0...	July 2021	3.45.1	LABType™ CWD Cla...			
RSSOX2B1_0...	January 2021	3.43.0	LABType™ XR Class II...			
RSSOX2B1_0...	July 2021	3.45.1	LABType™ XR Class ...			
RSSO2Q_013...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSO2Q_014...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSO2P_009...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
RSSO2P_010...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			

解析に使用する日本人フィルタ

Allele Frequency Filter: **ver2_Japanese_2021_Jul_GF2021**

取り込み済データ


データのインポート

- 取り込むファイルを選択する



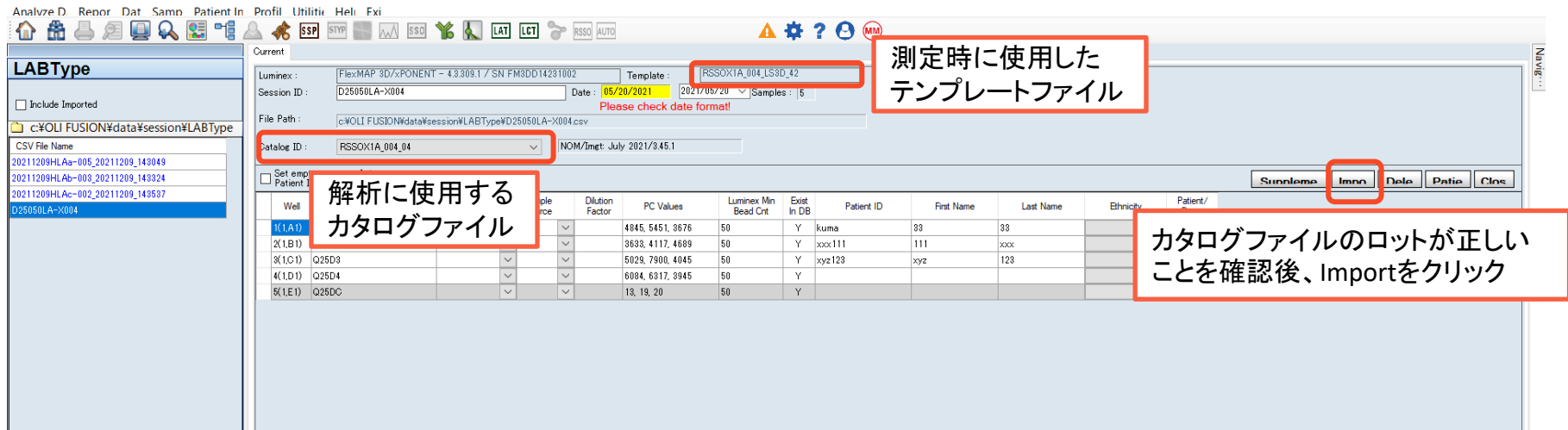
Sample名等、検体情報を入力できます

- データの取り込み方法は2種類

- csvファイルをsessionフォルダ (Windows(C:) > OLI Fusion > data > session > LABType) に移す
- 画面左側のフォルダアイコン()をクリックして、csvファイルを選択

カタログファイルの確認

- カタログファイルのロットが正しいことを確認する
 - 測定時に使用したテンプレートファイルの情報も参考に、カタログファイルのロットが正しいことを確認



LABType

Include Imported

c:\OLI FUSION\data#session#LABType

CSV File Name

- 20211209HLAc-005_20211209_143049
- 20211209HLAc-003_20211209_143324
- 20211209HLAc-002_20211209_143537
- D25050LA-X004

Current

Luminex : FlexMAP 3D/xPONENT - 43309.1 / SN FM3DD14231002 Template : **RSSOX1A_004_LS3D_42**

Session ID : D25050LA-X004 Date : 05/20/2021 [2021/05/20] Samples : 5

File Path : c:\OLI FUSION\data#session#LABType#D25050LA-X004.csv Please check date format!

Catalog ID : **RSSOX1A_004_04** NOM/Imet: July 2021/3.45.1

Set empty Patient 1

Supreme **Import** Data Patient Close

Well	Sample	Dilution Factor	PC Values	Luminex Min Bead Crit	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity	Patient/
1(1.A1)			4845, 5451, 3676	50	Y	kuma	33	33		
2(1.B1)			3632, 4117, 4689	50	Y	sock111	111	sock		
3(1.C1)	Q25D3		5029, 7900, 4045	50	Y	xyz123	xyz	123		
4(1.D1)	Q25D4		6084, 6317, 3945	50	Y					
5(1.E1)	Q25DC		18, 19, 20	50	Y					

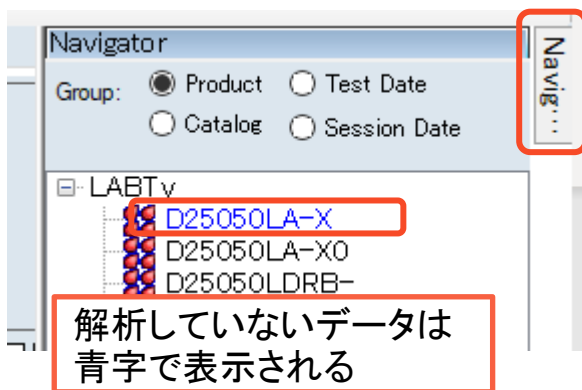
解析に使用するカタログファイル

測定時に使用したテンプレートファイル

カタログファイルのロットが正しいことを確認後、Importをクリック

データのインポート

- データを取り込んだ後、Navigatorからデータを選ぶと、検体一覧の画面が開きます



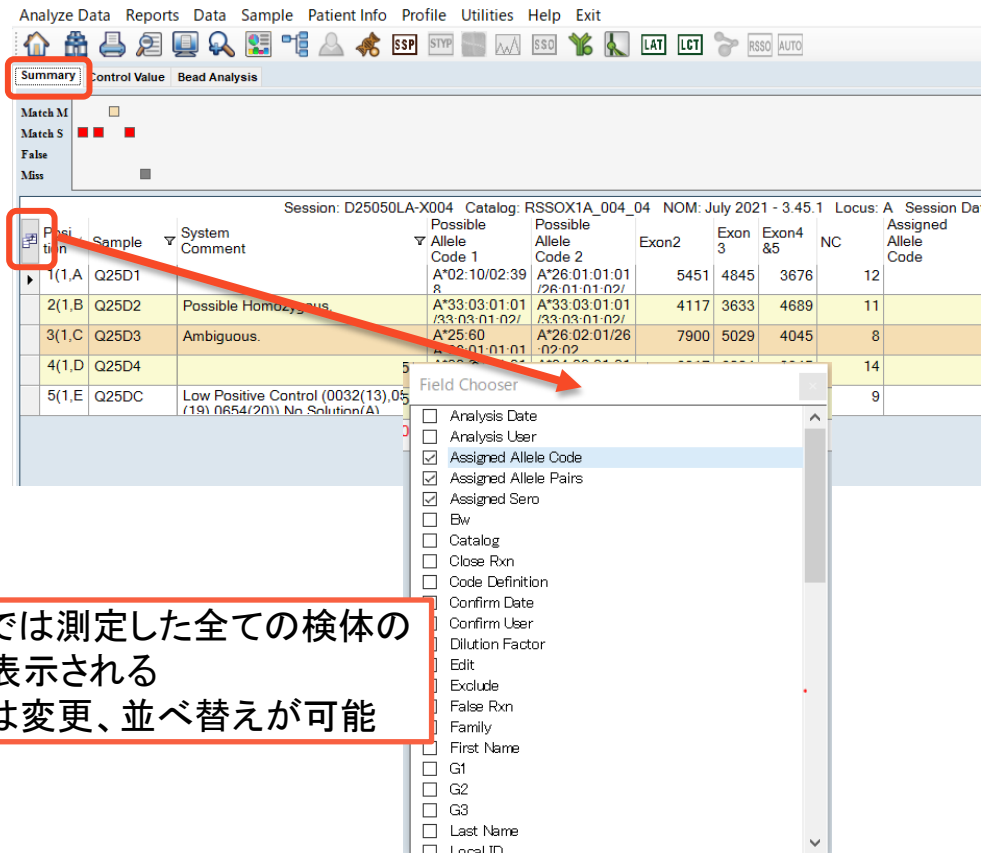
Navigator

Group: Product Test Date
 Catalog Session Date

LABTv

D25050LA-X
D25050LA-X0
D25050LDRB-

解析していないデータは青字で表示される



Analyze Data Reports Data Sample Patient Info Profile Utilities Help Exit

Summary Control Value Bead Analysis

Match M
Match S
False
Miss

Session: D25050LA-X004 Catalog: RSSOX1A_004_04 NOM: July 2021 - 3.45.1 Locus: A Session Da

Position	Sample	System Comment	Possible Allele Code 1	Possible Allele Code 2	Exon2	Exon3	Exon4 &5	NC	Assigned Allele Code
1(A)	Q25D1		A*02:10/02:39 /26:01-01-02/	A*26:01-01-01 /26:01-01-02/	5451	4845	3676	12	
2(1,B)	Q25D2	Possible Homozygous	A*33:03-01-01 /33:03-01-02/	A*33:03-01-01 /33:03-01-02/	4117	3633	4689	11	
3(1,C)	Q25D3	Ambiguous	A*25:60	A*26:02-01/26 -02-02	7900	5029	4045	8	
4(1,D)	Q25D4							14	
5(1,E)	Q25DC	Low Positive Control (0032(13),05 (19) 0654(20)) No Solution(A)						9	

Field Chooser

- Analysis Date
- Analysis User
- Assigned Allele Code
- Assigned Allele Pairs
- Assigned Sero
- Bw
- Catalog
- Close Rxn
- Code Definition
- Confirm Date
- Confirm User
- Dilution Factor
- Edit
- Exclude
- False Rxn
- Family
- First Name
- G1
- G2
- G3
- Last Name
- Local ID

Summary画面では測定した全ての検体の情報が一覧で表示される
表示する項目は変更、並べ替えが可能

解析手順

解析の手順

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

csvファイルのインポート

測定結果の確認

解析結果の記録

インポート後の画面

Summary
Control Value
Beac

Match M

Match S

False

Miss

Match M : 2桁でアンビギュイティがある検体
 Match S : 2桁ではアンビギュイティがない検体
 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

ビーズカウントの値

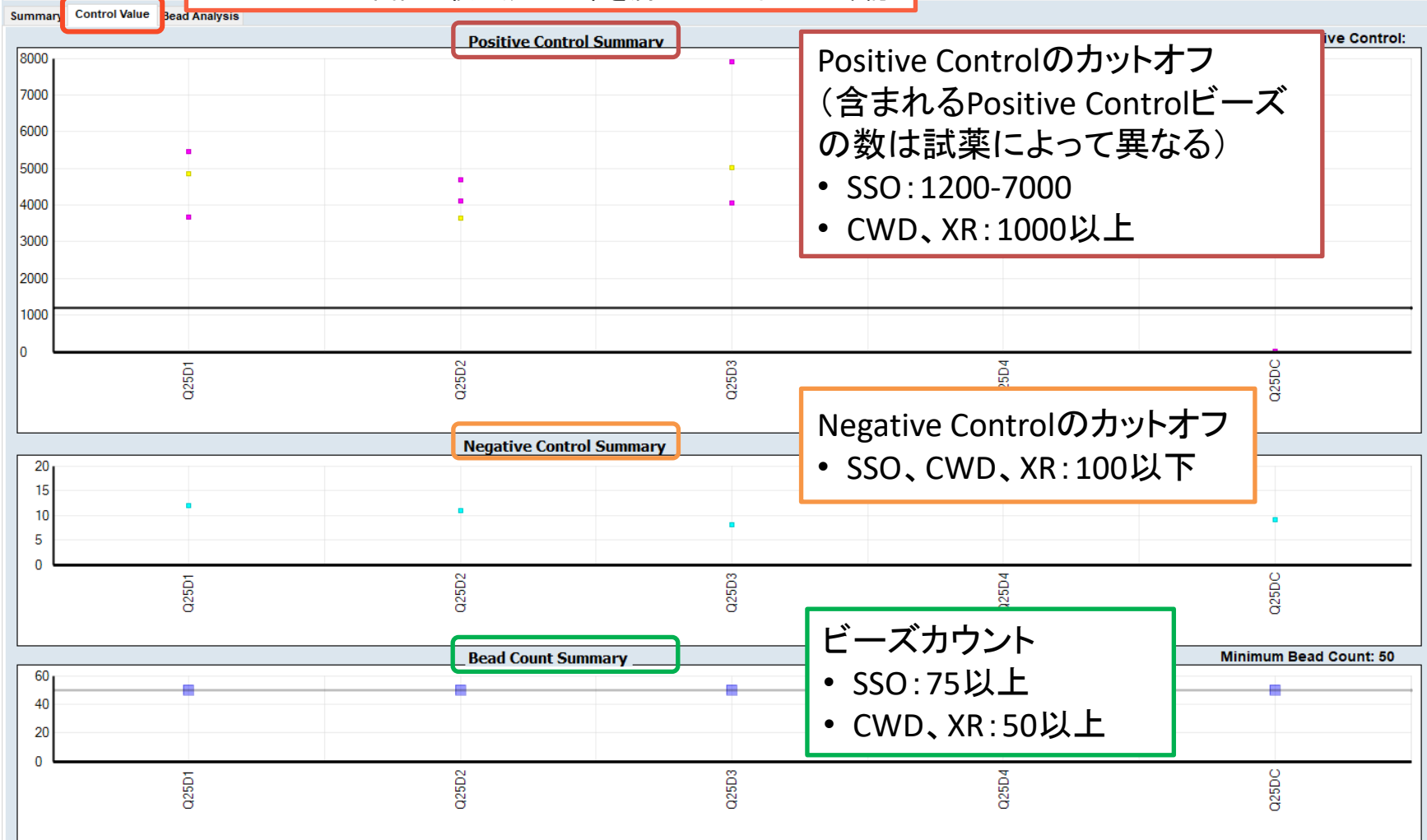
Position	Sample	System Comment	Possible Allele Code 1	Possible Allele Code 2	Exon2	Exon3	Exon4&5	NC	Min Bead Count	Assigned Allele Code
1(1,A)	Q25D1		A*02:10/02:39 8	A*26:01:01:01 /26:01:01:02/	5451	4845	3676	12	50	
▶ 2(1,B)	Q25D2	Possible Homozygous.	A*33:03:01:01 /33:03:01:02/	A*33:03:01:01 /33:03:01:02/	4117	3633	4689	11	50	
3(1,C)	Q25D3	Ambiguous.	A*25:60 A*26:01:01:01	A*26:02:01:26 -02:02	7900	5029	4045	8	50	
4(1,D)	Q25D4		A*02:06:01:01 /02:06:01:02/	A*24:02:01:01 /24:02:01:03/	6317	6084	3945	14	50	
5(1,E)	Q25DC	Low Positive Control (0032(13),0513 (19),0654(20)) No Solution(A)			19	13	20	9	50	

Positive Controlの値
 検査成立基準を満たしていない場合は
 赤字で表示される

Negative Controlの値

検査成立基準の確認

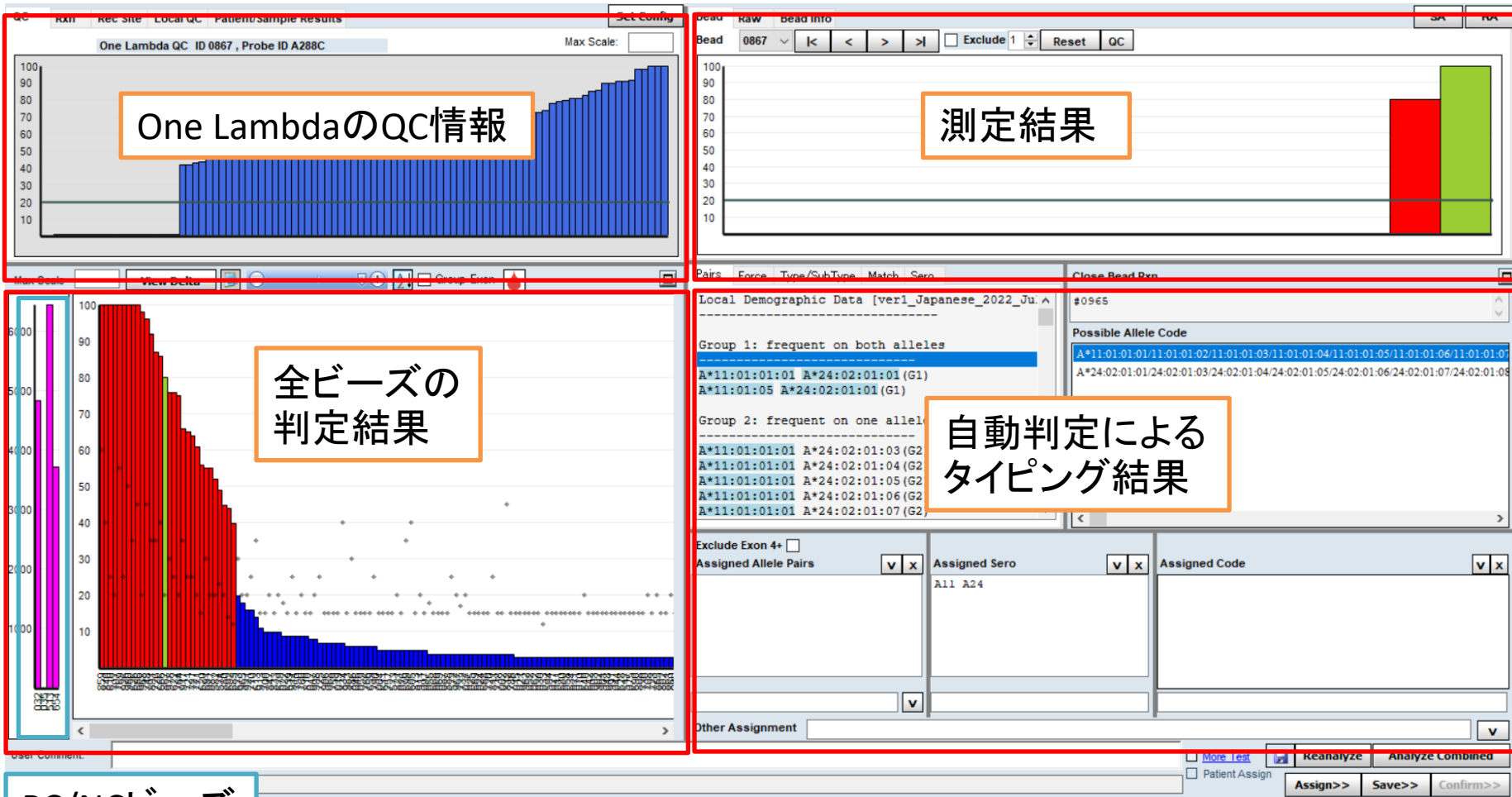
Control Valueの画面で検査成立基準を満たしていることの確認



PCビーズの数

ローカス	SSO	CWD	XR
A	2(Exon2,3)	3(Exon2,3,4&5)	3(Exon2,3,4&5)
B	2(Exon2,3)	3(Exon2,3,4&5)	3(Exon2,3,4&5)
C	2(Exon2,3)	4(Exon2,3,4&5,6&7)	4(Exon2,3,4&5,6&7)
DR	1(Exon2)	1(Exon2)	1(Exon2)
DQ	1(Exon2)	-	-
DP	1(Exon2)	-	-

解析結果画面



The screenshot displays a genetic analysis software interface with four main panels and a bottom bar:

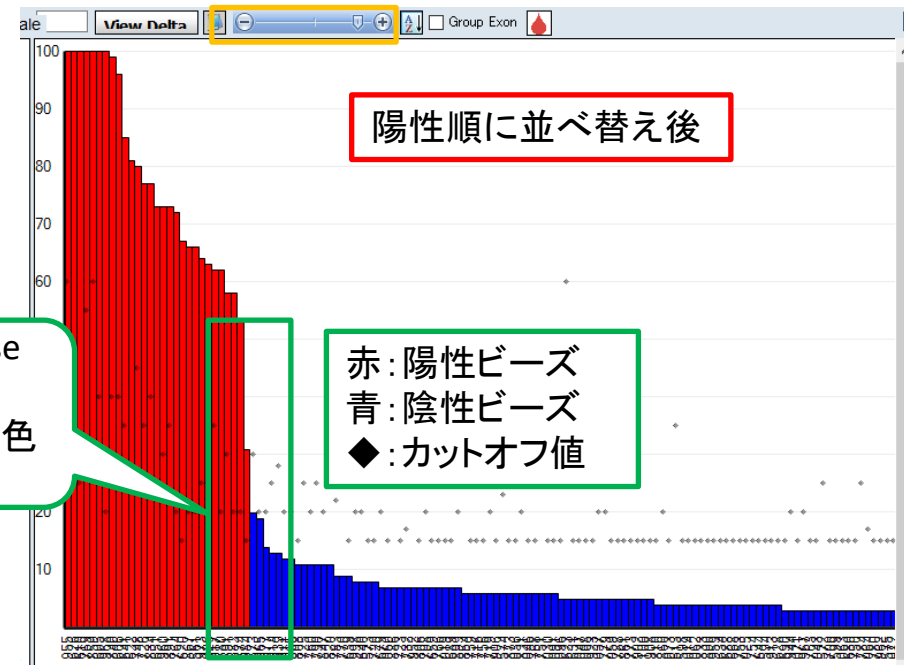
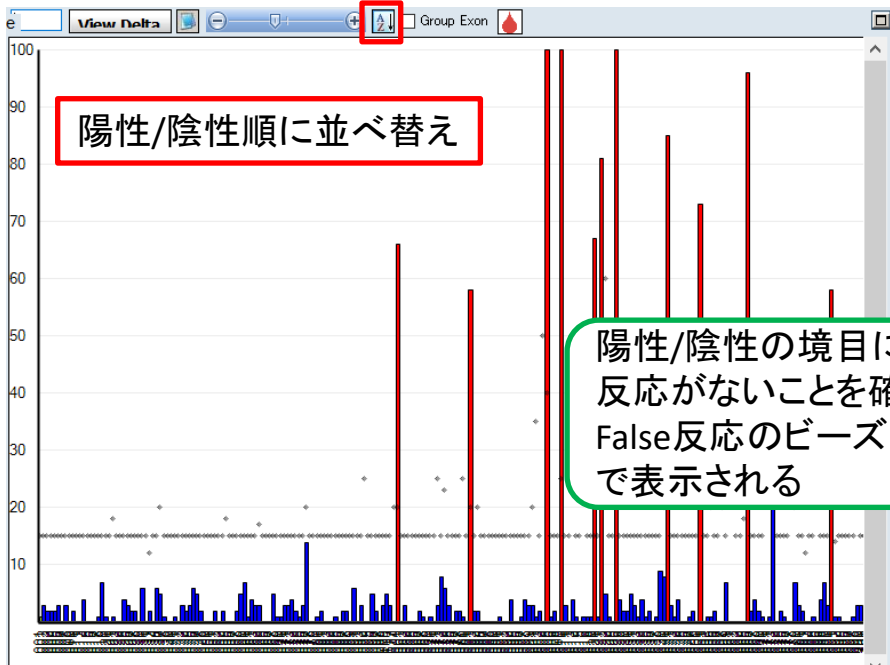
- Top Left Panel:** Titled "One LambdaのQC情報" (QC information for One Lambda). It shows a bar chart of QC values for probe ID A288C, with a horizontal line at approximately 20. The y-axis ranges from 10 to 100.
- Top Right Panel:** Titled "測定結果" (Measurement Results). It shows a bar chart with two bars, one red and one green, representing the results for bead 0867. The y-axis ranges from 10 to 100.
- Bottom Left Panel:** Titled "全ビーズの判定結果" (Judgment results for all beads). It shows a large bar chart with many red bars and a few green bars, representing the results for all beads. The y-axis ranges from 1000 to 6000.
- Bottom Right Panel:** Titled "自動判定によるタイピング結果" (Typing results by automatic judgment). It displays demographic data for a Japanese individual (#0965) and lists possible allele codes for two groups: "Group 1: frequent on both alleles" and "Group 2: frequent on one allele". The allele codes are listed as A*11:01:01:01 and A*24:02:01:01 (G1) for Group 1, and A*11:01:01:01 and A*24:02:01:03 (G2) for Group 2. Below this, there are fields for "Assigned Allele Pairs", "Assigned Sero", and "Assigned Code", with "All A24" entered in the "Assigned Sero" field.

At the bottom of the interface, there is a "User Comment" field and a row of buttons: "More Test", "Reanalyze", "Analyze Combined", "Assign>>", "Save>>", and "Confirm>>".

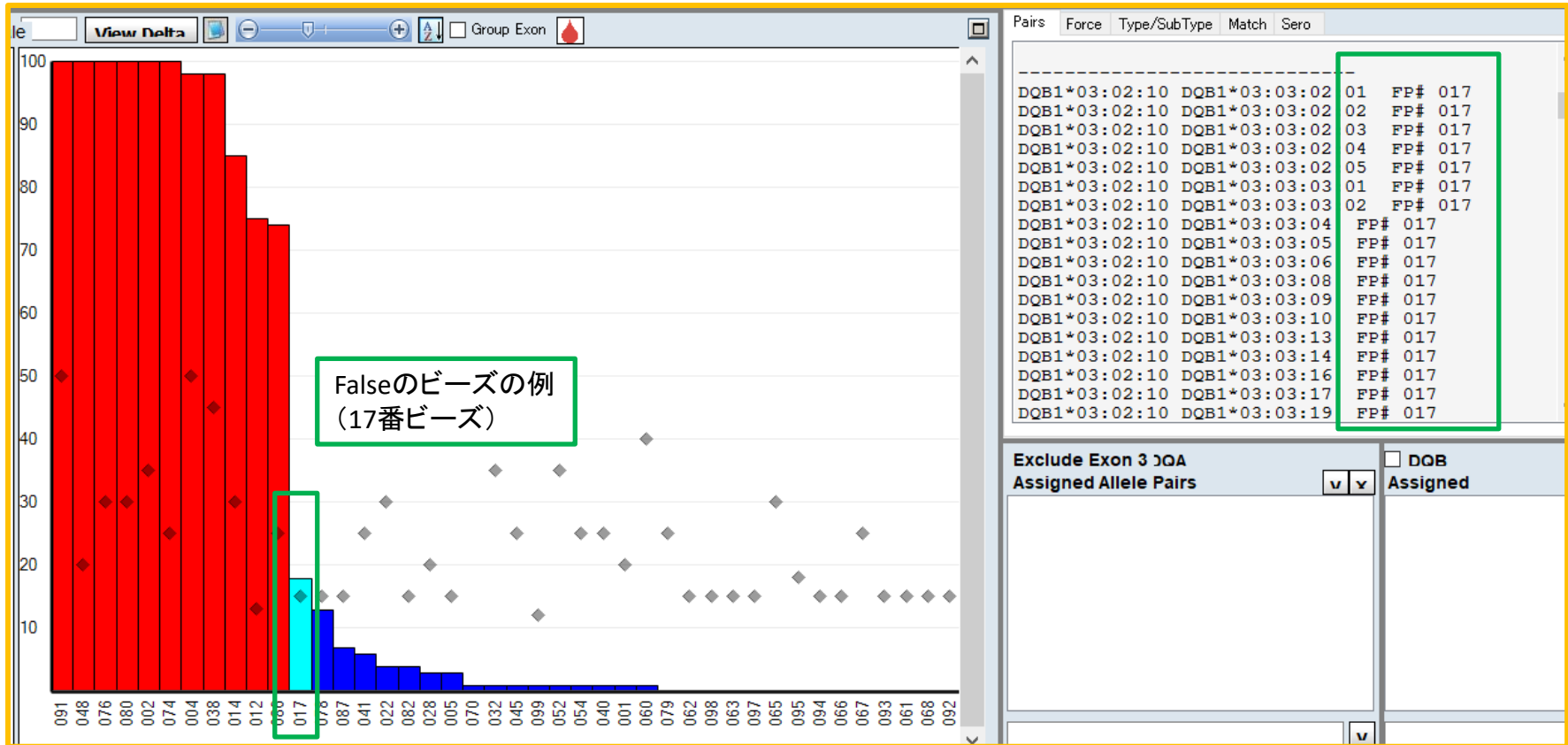
PC/NCビーズ

ビーズの反応の確認

グラフの拡大/縮小

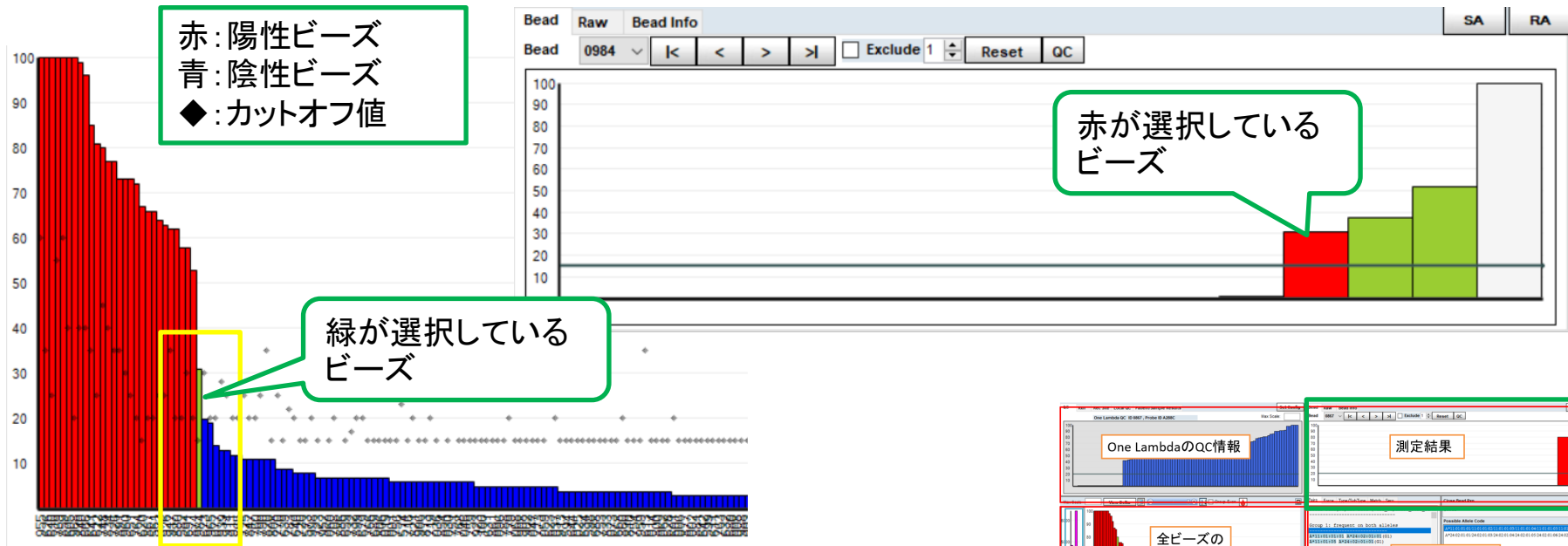


False反応の確認

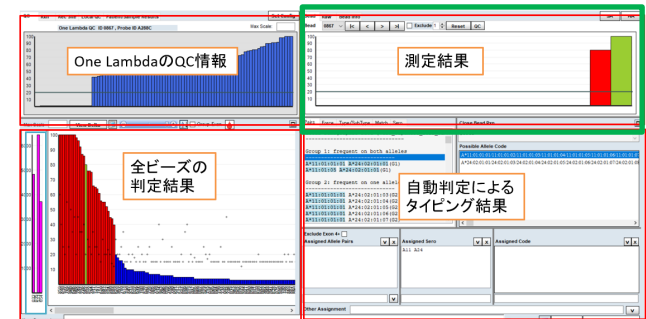


Falseのビーズがない場合

- 陽性と陰性の境目のビーズの確認



- 問題がない場合は解析終了



Falseビーズ反応がある場合

Falseビーズの確認

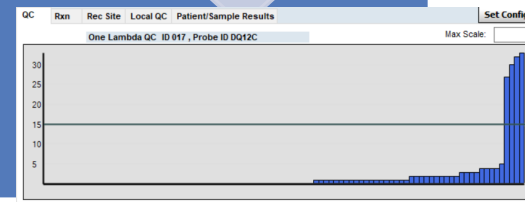
Pairs	Force	Type/SubType	Match	Sero
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:01	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:02	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:03	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:04	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:05	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:01	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:02	FP#	017	

プローブの確認

Bead	Raw	Bead Info
Bead ID #: 017	Rec Site:	24-L---Y-32
Probe ID: DQ12C		
Exon 2		

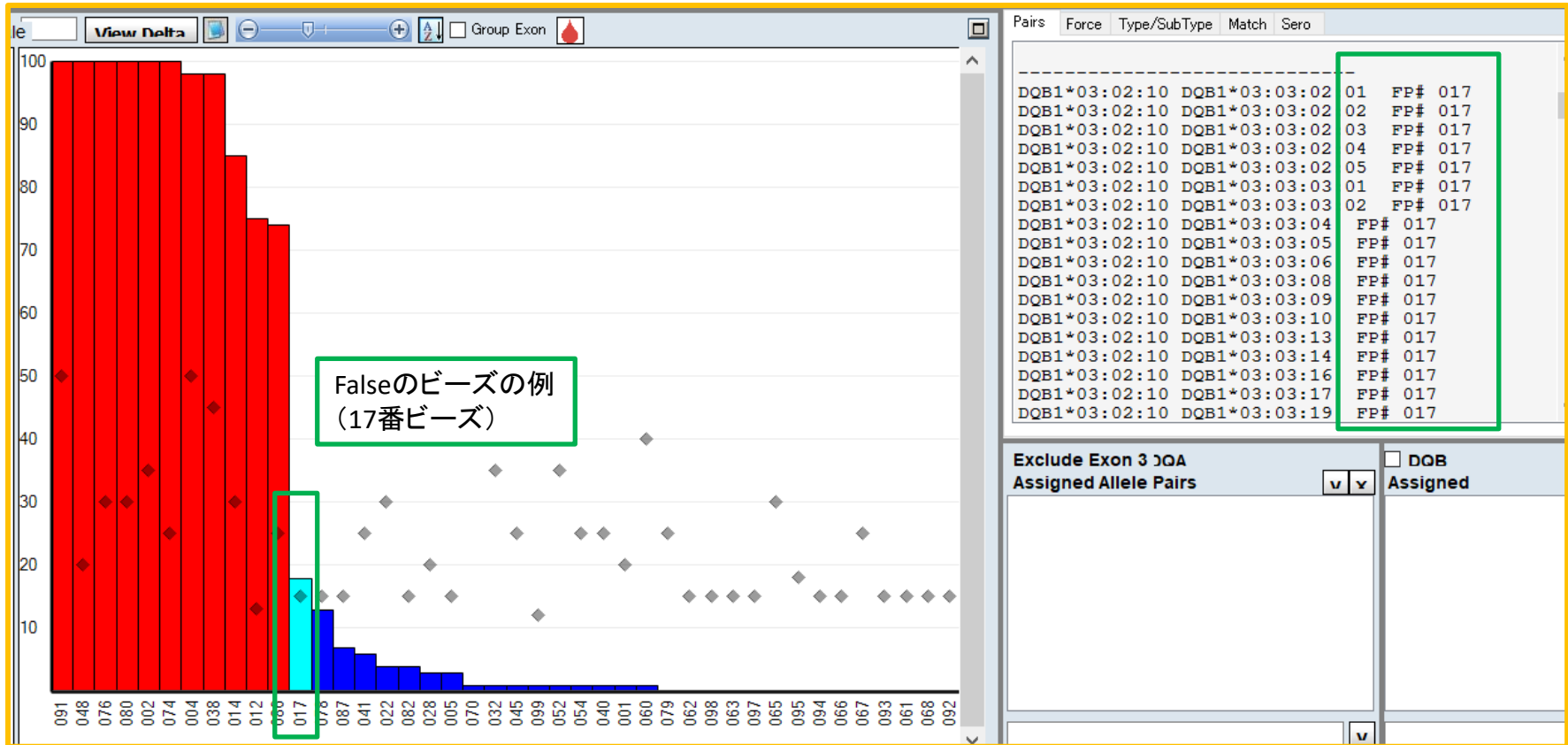
DQB1*06:02:07, DQB1*06:05:01, DQB1*06:05:02, DQB1*06:06, DQB1*06:09:01:01, DQB1*06:09:01:02, DQB1*06:09:06, DQB1*06:09:07, DQB1*06:09:08, DQB1*06:09:09, DQB1*06:09:10, DQB1*06:09:11, DQB1*06:09:12, DQB1*06:11:04, DQB1*06:12, DQB1*06:18:01, DQB1*06:18:02, DQB1*06:22:02, DQB1*06:42, DQB1*06:66, DQB1*06:118:01, DQB1*06:118:02, DQB1*06:118:04, DQB1*06:121, DQB1*06:129, DQB1*06:142, DQB1*06:189, DQB1*06:282, DQB1*06:287, DQB1*06:299, DQB1*06:319:01, DQB1*06:339, DQB1*06:348, DQB1*06:353, DQB1*06:432, DQB1*06:441

One LambdaのQC結果の確認



カットオフ値の変更/再検査の判断

Falseビーズの確認



プローブの確認

表示するビーズの変更

Bead Raw Bead Info SA RA

Bea 017 < < > > Exclud1 Reset

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 Raw **Bead Info** SA RA

Bead ID #: 017 Rec Site: 24--L---Y--32

Probe ID: DQ12C Exon 2

ビーズに結合しているプローブの認識部位 & 対象アレル

DQB1*06:02:07, DQB1*06:05:01, DQB1*06:05:02, DQB1*06:06, DQB1*06:09:01:01, DQB1*06:09:01:02, DQB1*06:09:02, DQB1*06:09:03, DQB1*06:09:06, DQB1*06:09:07, DQB1*06:09:08, DQB1*06:09:09, DQB1*06:09:10, DQB1*06:09:11, DQB1*06:09:12, DQB1*06:11:02, DQB1*06:11:04, DQB1*06:12, DQB1*06:18:01, DQB1*06:18:02, DQB1*06:22:02, DQB1*06:42, DQB1*06:66, DQB1*06:88:01:01, DQB1*06:88:01:02, DQB1*06:118:01, DQB1*06:118:02, DQB1*06:121, DQB1*06:129, DQB1*06:142, DQB1*06:189, DQB1*06:207, DQB1*06:275, DQB1*06:281, DQB1*06:287, DQB1*06:299, DQB1*06:319, DQB1*06:339, DQB1*06:348, DQB1*06:353, DQB1*06:358

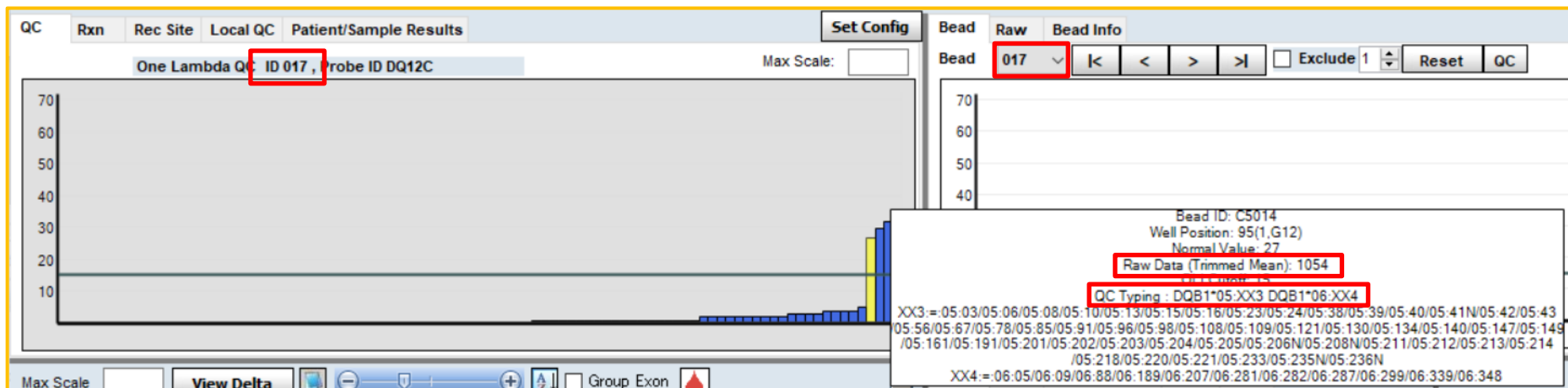
One LambdaのQC情報

測定結果

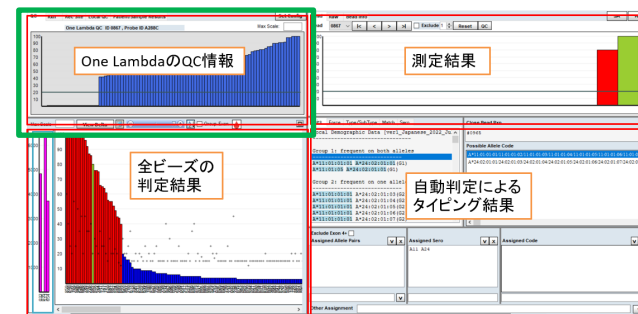
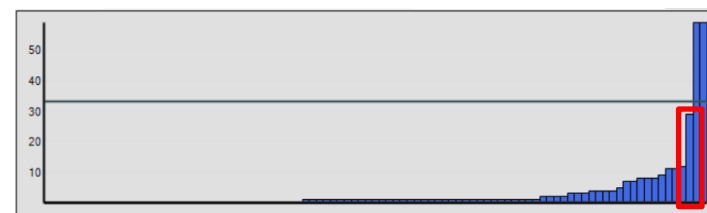
全ビーズの判定結果

自動判定によるタイピング結果

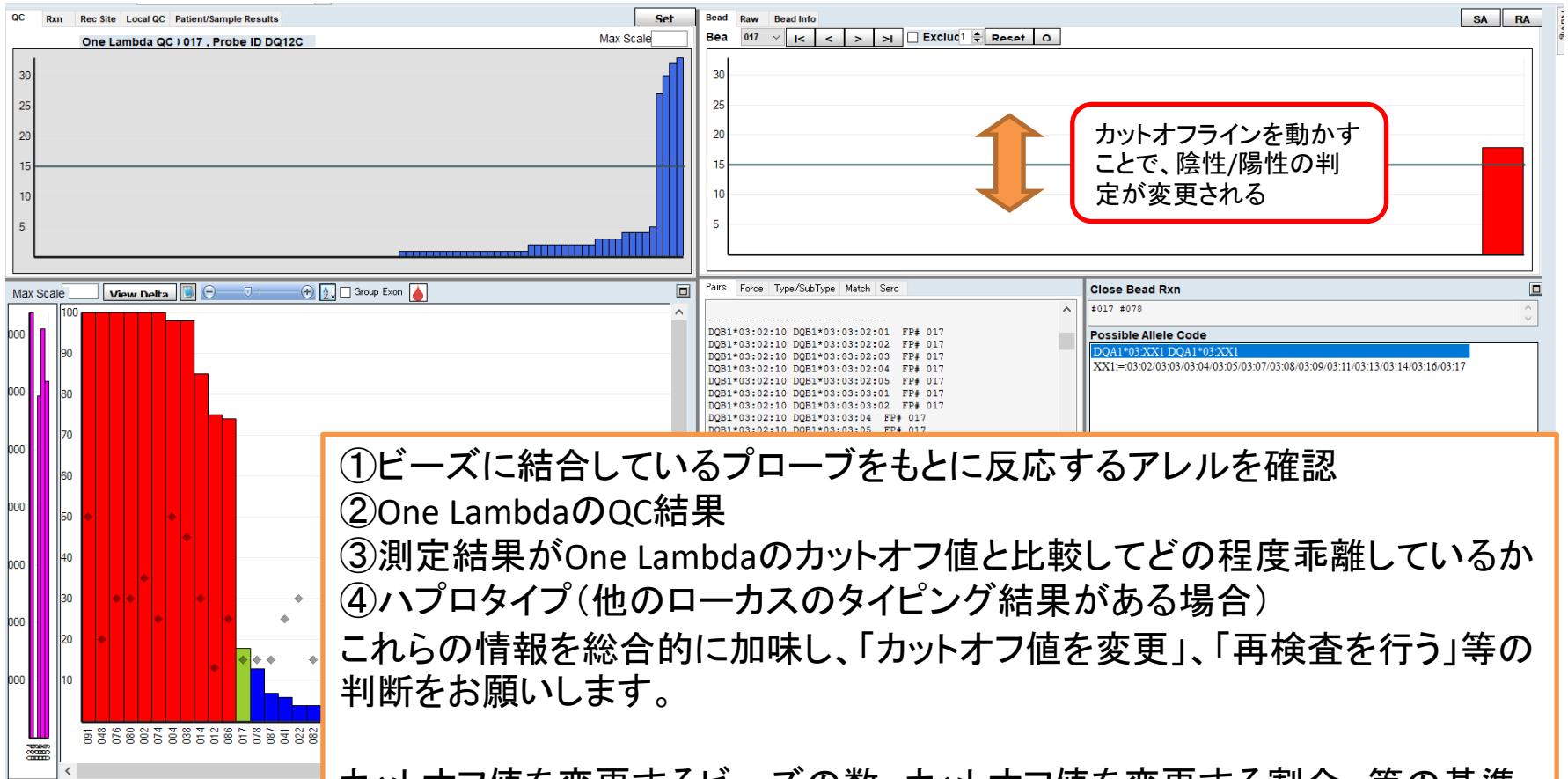
One LambdaのQC結果の確認



- 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
- 表示例はDQB1*05/DQB1*06のDNAを使用した結果で、Raw Dataは1054
- 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



カットオフ値の変更/再検査の判断



- ①ビーズに結合しているプローブをもとに反応するアレルを確認
 - ②One LambdaのQC結果
 - 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
 - ④ハプロタイプ(他のローカスのタイピング結果がある場合)
- これらの情報を総合的に加味し、「カットオフ値を変更」、「再検査を行う」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、等の基準を各施設様で設定することを推奨します

G1の結果が表示されない場合

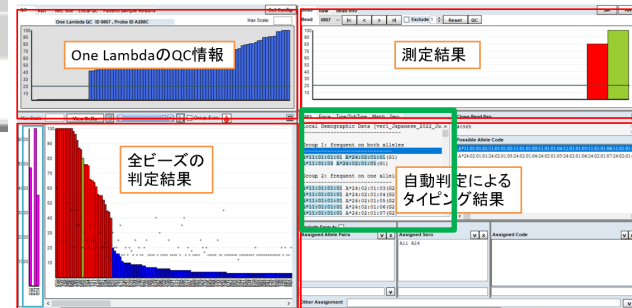
False反応の可能性が高いビーズを確認
→その後はFalse反応ビーズの確認と同じ手順

Pairs	Force	Type/SubType	Match	Sero
Local Demographic Data [ver2_Japanese_20...				

Group 3: no frequent alleles				

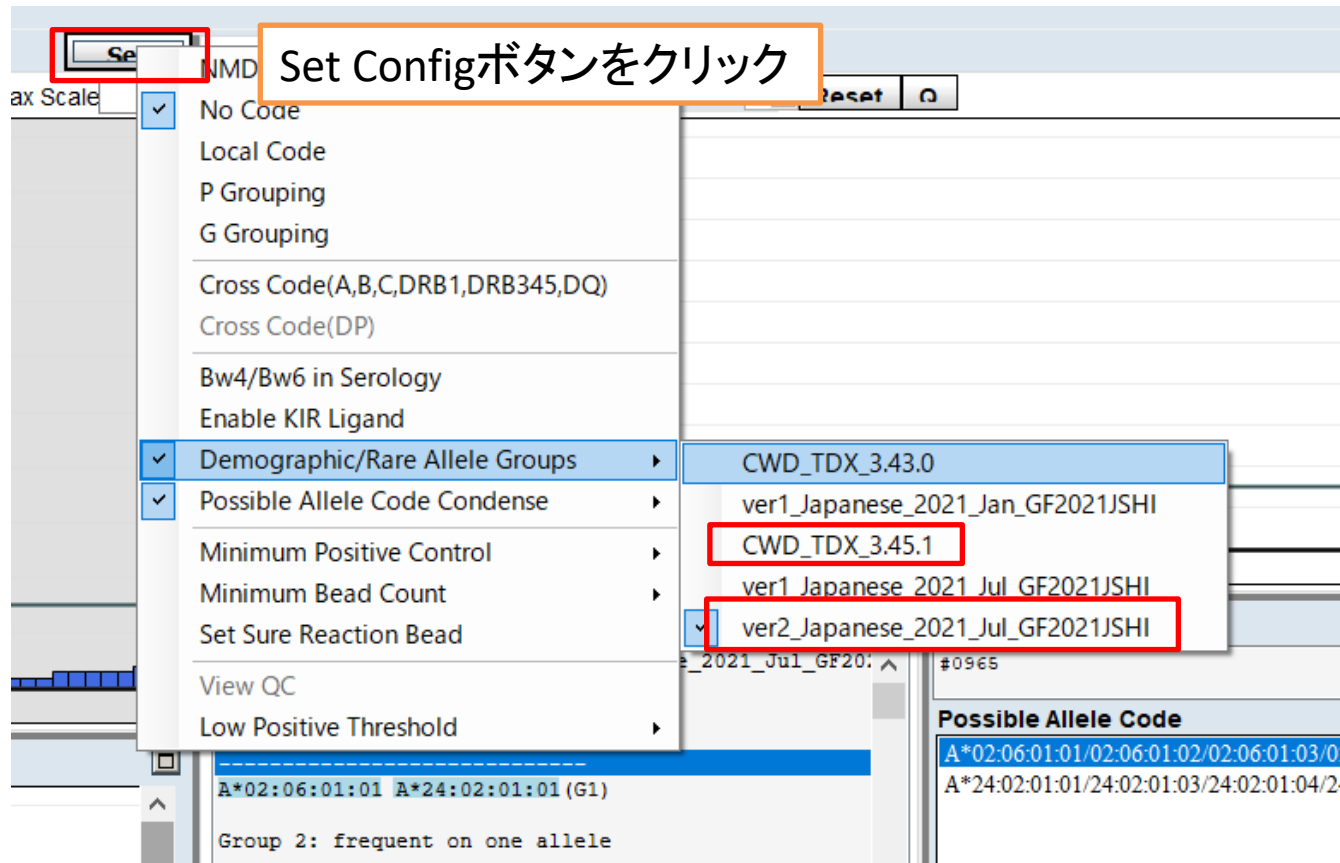
A*02:01:14Q	A*24:186 (G3)			
A*02:01:14Q	A*24:292 (G3)			
A*02:01:14Q	A*24:522 (G3)			
A*02:105	A*24:02:03Q (G3)			
A*02:374	A*24:02:03Q (G3)			
A*02:607	A*24:186 (G3)			
A*02:607	A*24:292 (G3)			
A*02:607	A*24:522 (G3)			
A*02:703	A*24:02:03Q (G3)			

Pairs	Force	Type/SubType	Match	Sero
FP/FN /				
+ FP/FN : FN# 0982 (9 items)				
+ FP/FN : FN# 0988 (3 items)				
+ FP/FN : FN# 0992 (3 items)				
+ FP/FN : FN# 0996 (4 items)				
+ FP/FN : FN# 0997 (19 items)				
+ FP/FN : FN# 1000 (17 items)				
+ FP/FN : FP# 0091 (198523 items)				
+ FP/FN : FP# 0561 (9 items)				
+ FP/FN : FP# 0582 (20 items)				
Copy Data				



解析に使用するフィルタの変更

- G1の結果が表示されない場合は、CWDフィルタに変更することで結果が表示されることもある
- 日本人以外の検体はCWDフィルタを使用した解析を推奨



Set Configボタンをクリック

ax Scale

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

Possible Allele Code Condense

Minimum Positive Control

Minimum Bead Count

Set Sure Reaction Bead

View QC

Low Positive Threshold

CWD_TDX_3.43.0

ver1_Japanese_2021_Jan_GF2021JSHI

CWD_TDX_3.45.1

ver1_Japanese_2021_Jul_GF2021JSHI

ver2_Japanese_2021_Jul_GF2021JSHI

A*02:06:01:01 A*24:02:01:01 (G1)

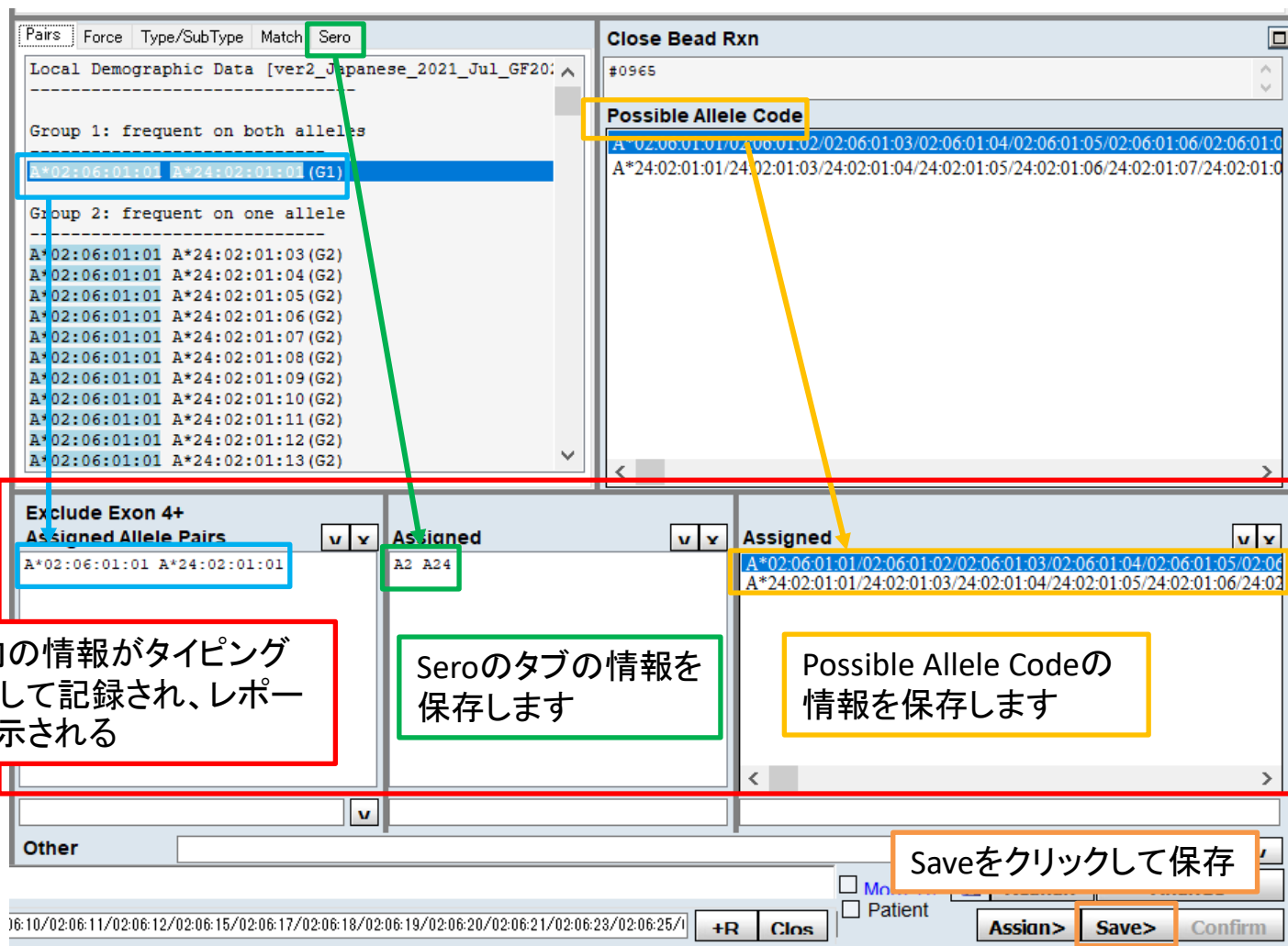
Group 2: frequent on one allele

Possible Allele Code

A*02:06:01:01/02:06:01:02/02:06:01:03/0

A*24:02:01:01/24:02:01:03/24:02:01:04/2

解析結果の記録



Local Demographic Data [ver2_Japanese_2021_Jul_GF20: ^

Group 1: frequent on both alleles

A*02:06:01:01 A*24:02:01:01 (G1)

Group 2: frequent on one allele

A*02:06:01:01 A*24:02:01:03 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:04 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:05 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:06 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:07 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:08 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:09 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:10 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:11 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:12 (G2)

A*02:06:01:01 A*24:02:01:13 (G2)

Close Bead Rxn #0965

Possible Allele Code

A*02:06:01:01/02:06:01:02/02:06:01:03/02:06:01:04/02:06:01:05/02:06:01:06/02:06:01:07/02:06:01:08/02:06:01:09/02:06:01:10/02:06:01:11/02:06:01:12/02:06:01:13/02:06:01:14/02:06:01:15/02:06:01:16/02:06:01:17/02:06:01:18/02:06:01:19/02:06:01:20/02:06:01:21/02:06:01:22/02:06:01:23/02:06:01:24/02:06:01:25/02:06:01:26/02:06:01:27/02:06:01:28/02:06:01:29/02:06:01:30/02:06:01:31/02:06:01:32/02:06:01:33/02:06:01:34/02:06:01:35/02:06:01:36/02:06:01:37/02:06:01:38/02:06:01:39/02:06:01:40/02:06:01:41/02:06:01:42/02:06:01:43/02:06:01:44/02:06:01:45/02:06:01:46/02:06:01:47/02:06:01:48/02:06:01:49/02:06:01:50/02:06:01:51/02:06:01:52/02:06:01:53/02:06:01:54/02:06:01:55/02:06:01:56/02:06:01:57/02:06:01:58/02:06:01:59/02:06:01:60/02:06:01:61/02:06:01:62/02:06:01:63/02:06:01:64/02:06:01:65/02:06:01:66/02:06:01:67/02:06:01:68/02:06:01:69/02:06:01:70/02:06:01:71/02:06:01:72/02:06:01:73/02:06:01:74/02:06:01:75/02:06:01:76/02:06:01:77/02:06:01:78/02:06:01:79/02:06:01:80/02:06:01:81/02:06:01:82/02:06:01:83/02:06:01:84/02:06:01:85/02:06:01:86/02:06:01:87/02:06:01:88/02:06:01:89/02:06:01:90/02:06:01:91/02:06:01:92/02:06:01:93/02:06:01:94/02:06:01:95/02:06:01:96/02:06:01:97/02:06:01:98/02:06:01:99/02:06:01:100

Exclude Exon 4+ Assigned Allele Pairs v v Assigned v v Assigned v v

A*02:06:01:01 A*24:02:01:01 A2 A24 A*02:06:01:01/02:06:01:02/02:06:01:03/02:06:01:04/02:06:01:05/02:06:01:06/02:06:01:07/02:06:01:08/02:06:01:09/02:06:01:10/02:06:01:11/02:06:01:12/02:06:01:13/02:06:01:14/02:06:01:15/02:06:01:16/02:06:01:17/02:06:01:18/02:06:01:19/02:06:01:20/02:06:01:21/02:06:01:22/02:06:01:23/02:06:01:24/02:06:01:25/02:06:01:26/02:06:01:27/02:06:01:28/02:06:01:29/02:06:01:30/02:06:01:31/02:06:01:32/02:06:01:33/02:06:01:34/02:06:01:35/02:06:01:36/02:06:01:37/02:06:01:38/02:06:01:39/02:06:01:40/02:06:01:41/02:06:01:42/02:06:01:43/02:06:01:44/02:06:01:45/02:06:01:46/02:06:01:47/02:06:01:48/02:06:01:49/02:06:01:50/02:06:01:51/02:06:01:52/02:06:01:53/02:06:01:54/02:06:01:55/02:06:01:56/02:06:01:57/02:06:01:58/02:06:01:59/02:06:01:60/02:06:01:61/02:06:01:62/02:06:01:63/02:06:01:64/02:06:01:65/02:06:01:66/02:06:01:67/02:06:01:68/02:06:01:69/02:06:01:70/02:06:01:71/02:06:01:72/02:06:01:73/02:06:01:74/02:06:01:75/02:06:01:76/02:06:01:77/02:06:01:78/02:06:01:79/02:06:01:80/02:06:01:81/02:06:01:82/02:06:01:83/02:06:01:84/02:06:01:85/02:06:01:86/02:06:01:87/02:06:01:88/02:06:01:89/02:06:01:90/02:06:01:91/02:06:01:92/02:06:01:93/02:06:01:94/02:06:01:95/02:06:01:96/02:06:01:97/02:06:01:98/02:06:01:99/02:06:01:100

Other v

Saveをクリックして保存

16:10/02:06:11/02:06:12/02:06:15/02:06:17/02:06:18/02:06:19/02:06:20/02:06:21/02:06:23/02:06:25/1 +R Clos Mo Patient Assign> Save> Confirm

赤枠内の情報がタイピング結果として記録され、レポートに表示される

Seroのタブの情報を保存します

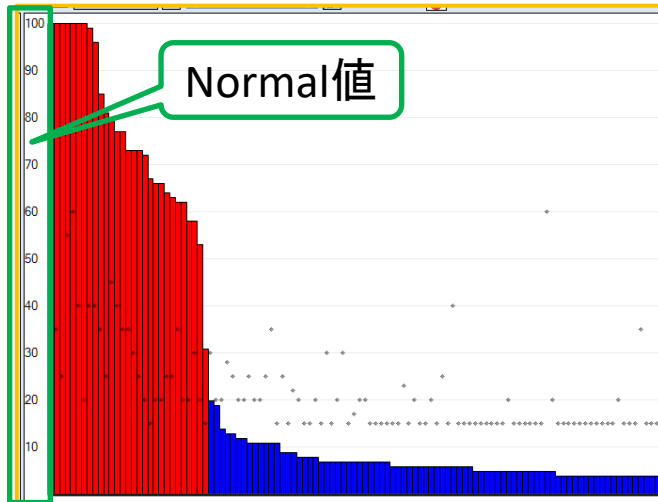
Possible Allele Codeの情報を保存します

Saveをクリックして保存

陽性/陰性の判定方法

- Normal値(%)を用いて判定
- 算出方法

(各ビーズの蛍光値-NCビーズの蛍光値)/(PCビーズの蛍光値-NCビーズの蛍光値)×100(%)



- 上記の計算式で算出された値とカットオフ値を比較して陽性/陰性を判定
- 各ビーズの検出対象領域(Exon)のPCビーズを用いて算出
- DNAの品質(純度など)や量によってPCRの増幅効率に影響を受けるため、PCビーズの値で割ることで、DNAの品質による影響を取り除いている

Raw Data

NormalとOLI Cutoffを比較して陽性/陰性の判定をする

Bead ID	Rxn	Raw	Normal	Pos Ctl	PC Raw	NC	NC Raw	OLI Cutoff	Sample Cutoff	Luminex Bead Count
0764	8	4803	75	0513	6442	0035	12	20	20	89
0765	1	32	0	0032	4839	0035	12	25	25	105
0766	1	235	6	0654	3720	0035	12	15		
0767	1	30	0	0513	6442	0035	12	30		
0768	1	49	1	0513	6442	0035	12	15		
0769	8	8120	126	0513	6442	0035	12	55		
0770	1	604	16	0654	3720	0035	12	25		
0771	8	3936	61	0513	6442	0035	12	20		
0772	1	123	2	0513	6442	0035	12	15		

項目	内容
Bead ID	ビーズ番号
Rxn	判定結果(1:陰性、8:陽性)
Raw	各ビーズの蛍光値
Normal	算出結果(%)
Pos Ctl	PCビーズの番号
PC Raw	PCビーズの蛍光値
NC	NCビーズの番号
NC Raw	NCビーズの蛍光値
OLI Cutoff	One Lambdaのカットオフ値(%)
Sample Cutoff	解析している検体のカットオフ値(%)
Luminex Bead Count	ビーズカウント

The screenshot shows the software interface with a histogram on the left and a data table on the right. The histogram displays fluorescence intensity for various beads, with a red bar representing a specific bead of interest. The data table below the histogram provides detailed information for that bead, including its ID, reaction result, raw fluorescence, calculated normal percentage, and various cutoff values.

Bead ID	Rxn	Raw	Normal	Pos Ctl	PC Raw	NC	NC Raw	OLI Cutoff	Sample Cutoff	Luminex Bead Count
0001	8	1	0032	0034	0033	14	15	15	112	

Reaction Table

Sample Rxn(1番上の青字)
: 陽性と判定されたビーズに「x」が表示される

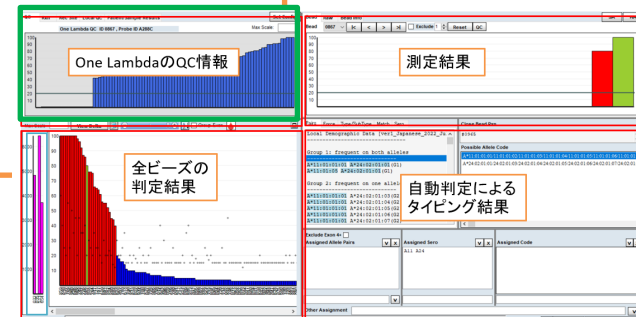
QC	Rxn	Rec Site	Local QC	Patient/Sample Results																					
	Find	Rxn		102	143	158	162	176	185	290	358	395	401	412	437	475	480	488	493	503	452	122	147	195	
				0561	0605	0620	0622	0626	0641	0651	0764	0834	0874	0880	0891	0917	0955	0960	0968	0973	0984	0932	0582	0610	066
				Sample Rxn	x	x	x	x	x	x	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	x	x	x	x	x	x
				A*02:06:01:01	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x				
				A*02:06:01:02	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x				
				A*02:06:01:03	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x				
				A*02:06:01:12	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x				

空欄にアレルを入力してFindをクリックすることで、陽性となるビーズ(プローブが貼り付いているビーズ)を検索することができる

Tableの見方

例1) 932番ビーズにはA*02:01:01:01を認識するプローブが付いているが、A*02:06:01:01を認識するプローブはついていない

例2) 917番、960番ビーズにはA*02:06:01:01を認識するプローブが付いているが、A*02:01:01:01を認識するプローブはついていない
→ 932番ビーズが陰性、917番、960番ビーズが陽性なので、この検体はA*02:01:01:01でないことがわかる



Local QC/Patient Results



Assigned Allele Code	Possible Allele Code	Assigned Allele Pair	Assigned Sero	Other Assignment	Sample ID	Well Positio	Test Date
					Q25D4	21(1,E)	2021年05 D2:
	A*02:06:01:01/02:06:01:02/02:06:01:0				Q25D4	4(1,D1)	2021年05 D2:
	C*08:01:01:01/08:01:01:01/02:08:01:01-				Q25D4	21(1,E)	20:

サンプルIDまたは患者IDが同じ検体の他のローカスの結果が表示される

One LambdaのQC情報

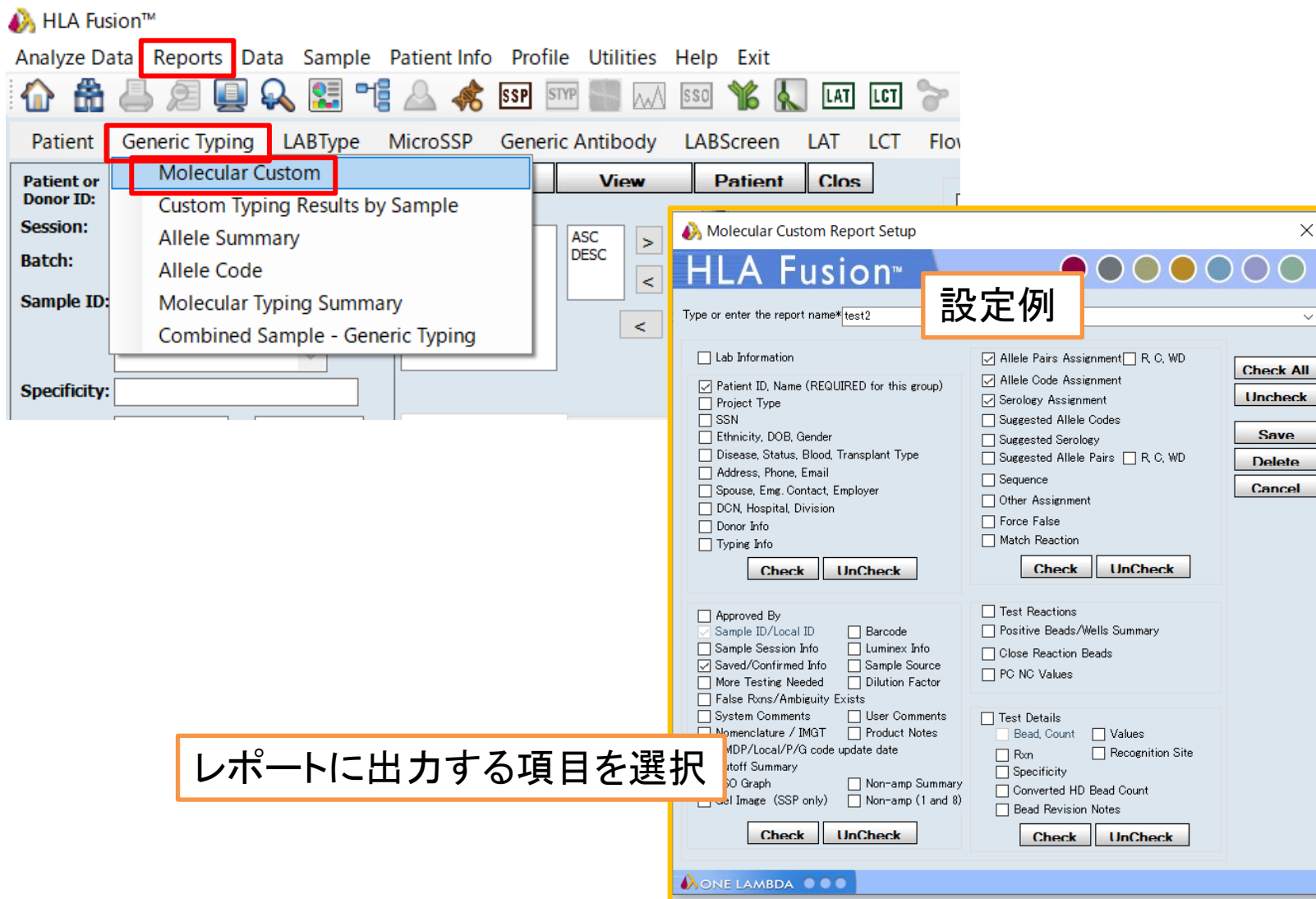
測定結果

全ビーズの判定結果

自動判定によるタイピング結果

レポートの作成

出力項目の設定



The screenshot displays the HLA Fusion™ software interface. The 'Reports' menu is highlighted in red, and the 'Generic Typing' sub-menu is also highlighted in red. Within the 'Generic Typing' sub-menu, 'Molecular Custom' is selected and highlighted in blue. A callout box labeled '設定例' (Example Setting) points to the 'Molecular Custom Report Setup' dialog box. This dialog box contains various checkboxes for selecting report items. A callout box labeled 'レポートに出力する項目を選択' (Select items to output in the report) points to the 'Check' and 'Uncheck' buttons in the dialog.

HLA Fusion™

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

Patient **Generic Typing** LABType MicroSSP Generic Antibody LABScreen LAT LCT Flow

Patient or Donor ID: **Molecular Custom**

Session: Custom Typing Results by Sample

Batch: Allele Summary

Sample ID: Allele Code

Specificity: Molecular Typing Summary

Combined Sample - Generic Typing

ASC DESC > < <

HLA Fusion™

Type or enter the report name*test2

設定例

Lab 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

Donor Info

Typing Info

Allele Pairs Assignment R, C, WD

Allele Code Assignment

Serology Assignment

Suggested Allele Codes

Suggested Serology

Suggested Allele Pairs R, C, WD

Sequence

Other Assignment

Force False

Match Reaction

Approved By

Sample ID/Local ID

Sample Session Info

Saved/Confirmed Info

More Testing Needed

False Rxns/Ambiguity Exists

System Comments

Nomenclature / IMGT

MDP/Local/P/G code update date

Staff Summary

3D Graph

Self Image (SSP only)

Barcode

Luminex Info

Sample Source

Dilution Factor

User Comments

Product Notes

Non-amp Summary

Non-amp (1 and 8)

Test Reactions

Positive Beads/Wells Summary

Close Reaction Beads

PC NC Values

Test Details

Bead, Count

Values

Rcn

Specificity

Converted HD Bead Count

Bead Revision Notes

Recognition Site

Check All Uncheck Save Delete Cancel

Check Uncheck

Check Uncheck

Check Uncheck

ONE LAMBDA

レポートに出力する項目を選択

出力方法

HLA Fusion™

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

Patient **Generic Typing** LABType MicroSSP Generic Antibody LABScreen LAT LCT Flow

Molecular Custom

- Custom Typing Results by Sample
- Allele Summary
- Allele Code
- Molecular
- Combine

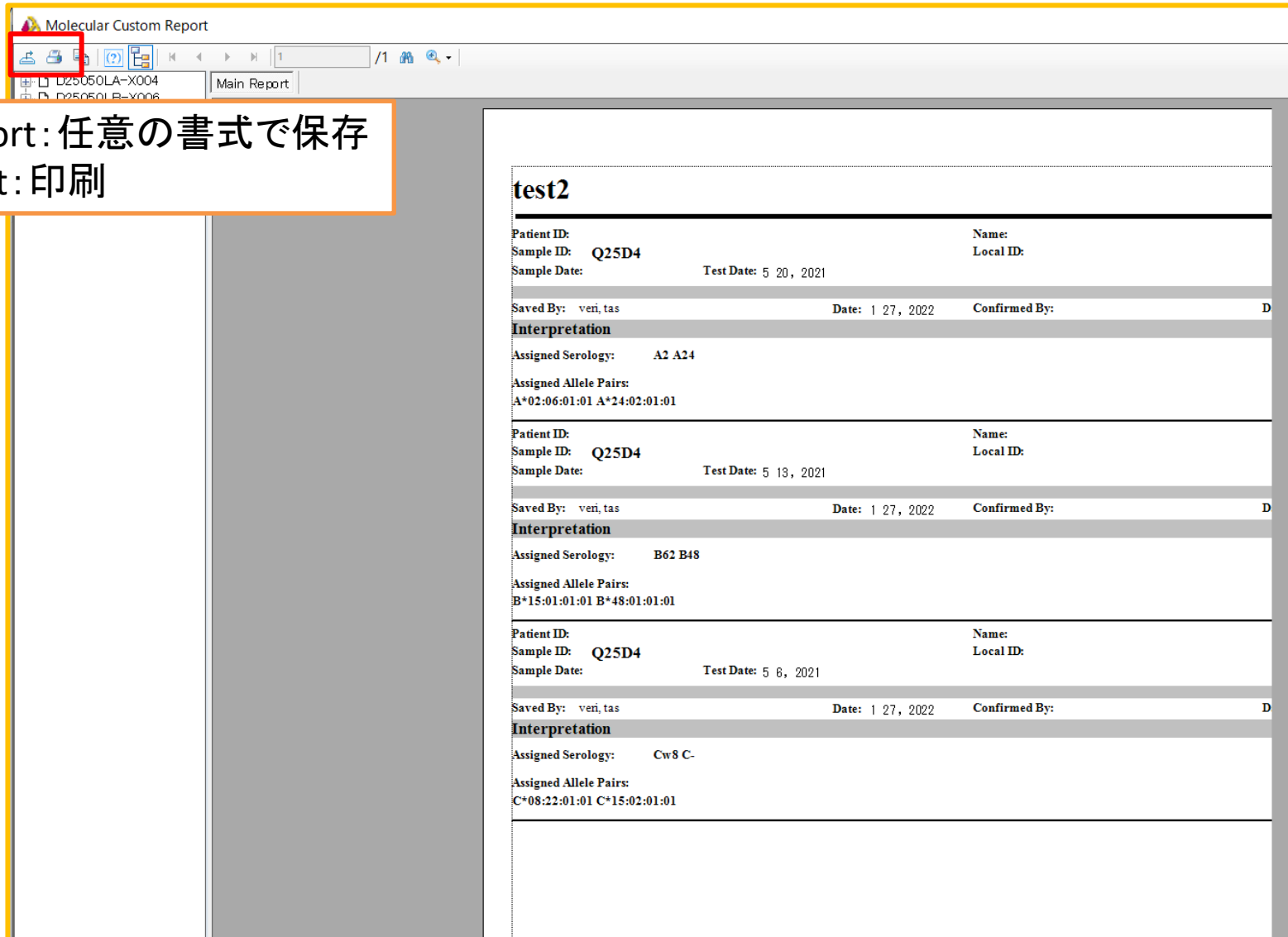
View: プレビュー
Export: 任意の書式で保存

レポートに出力する
検体を選択

mcid	Patient ID	Sample	LocusTy	Session	Nb	N	Mo	Well	Well Status	AnalyzedBy	AnalysisDT	Confirm Us	Confirm Dat
<input type="checkbox"/>	xyz123	Q25D3	A	D25150LC-C001	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	20(1,...	Batch Import...	1	2022年01月...		
<input type="checkbox"/>		Q25D4	DRB1	D25050LDRB-X006	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	28(1,...	Batch Import...	1	2021年12月...		
<input checked="" type="checkbox"/>		Q25D4	C	D25050LC-X002	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	20(1,...	Saved	1	2022年01月...		
<input checked="" type="checkbox"/>		Q25D4	B	D25050LB-X006	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	12(1,...	Saved	1	2022年01月...		
<input type="checkbox"/>		Q25D4	A	D25050LA-X00477	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	4(1,D...	Batch Import...	1	2021年11月...		
<input checked="" type="checkbox"/>		Q25D4	A	D25050LA-X004	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	4(1,D...	Saved	1	2022年01月...		
<input type="checkbox"/>		Q25D4	C	CD25150LC-C001	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	21(1,...	Batch Import...	1	2022年01月...		
<input type="checkbox"/>		Q25D4	A	D25150LC-C001	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	21(1,...	Batch Import...	1	2022年01月...		
<input type="checkbox"/>		Q25DC	DRB1	D25050LDRB-X006	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	29(1,...	Batch Import...	1	2021年12月...		
<input type="checkbox"/>		Q25DC	C	D25050LC-X002	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	21(1,...	Batch Import...	1	2021年12月...		
<input type="checkbox"/>		Q25DC	B	D25050LB-X006	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	13(1,...	Batch Import...	1	2021年12月...		
<input type="checkbox"/>		Q25DC	A	D25050LA-X00477	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	5(1,E...	Batch Import...	1	2021年11月...		
<input type="checkbox"/>		Q25DC	A	D25050LA-X004	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	5(1,E...	Batch Import...	1	2022年01月...		

レポート例

Export: 任意の書式で保存
Print: 印刷



The screenshot displays a software window titled "Molecular Custom Report". The interface includes a toolbar with icons for save, print, and help. Below the toolbar, there are file names like "D25050LA-X004" and "Main Report". The main content area shows three test results for patient "test2" (Sample ID: Q25D4). Each result includes patient information, test date, and interpretation details.

Sample ID	Test Date	Assigned Serology	Assigned Allele Pairs
Q25D4	5/20, 2021	A2 A24	A*02:06:01:01 A*24:02:01:01
Q25D4	5/13, 2021	B62 B48	B*15:01:01:01 B*48:01:01:01
Q25D4	5/6, 2021	Cw8 C-	C*08:22:01:01 C*15:02:01:01

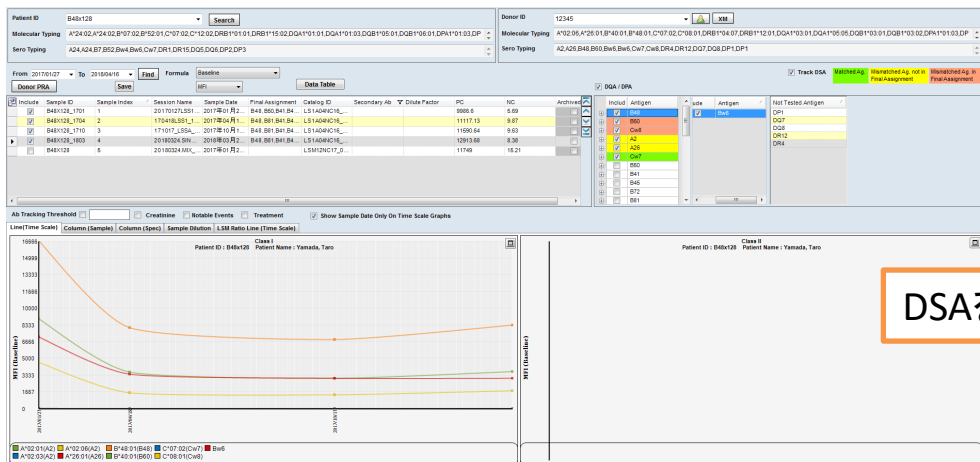
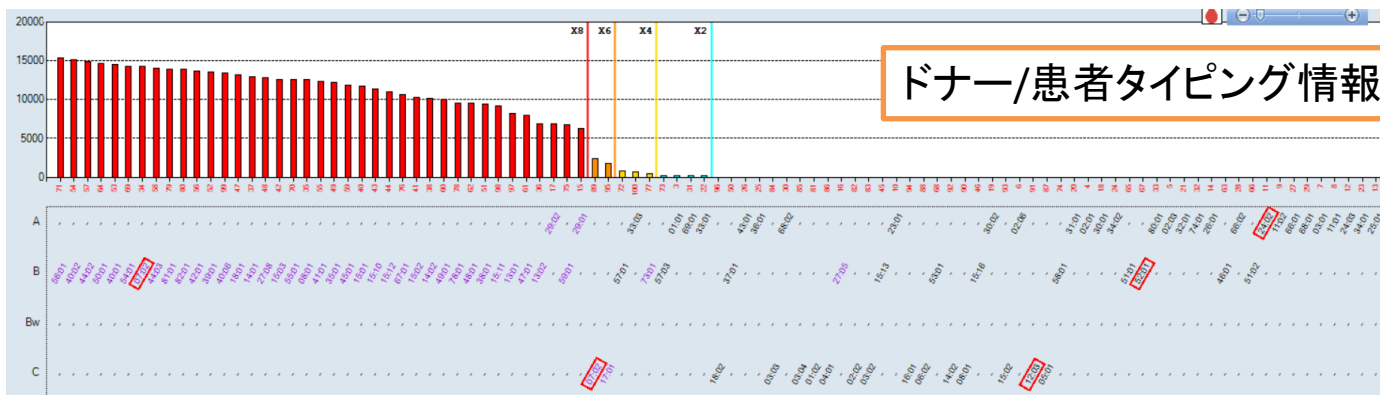
患者情報の登録

登録の手順

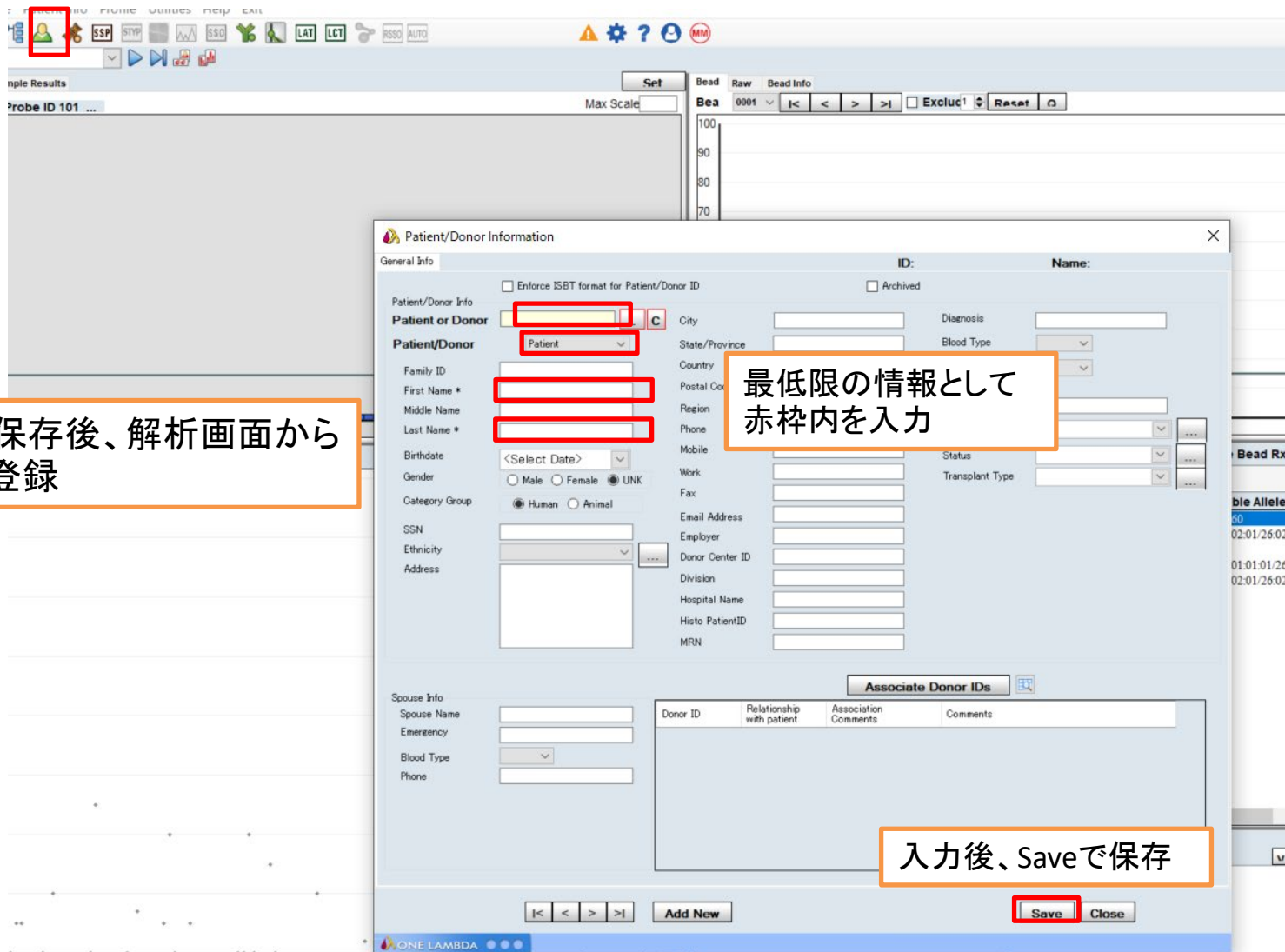
- 患者の基本情報を登録
- 登録した基本情報にタイピング結果を登録
 - タイピング結果はローカス毎に登録が必要

患者情報の活用

- 登録をした患者情報は、LABScreenの結果にも紐づけができる



患者情報の登録-1



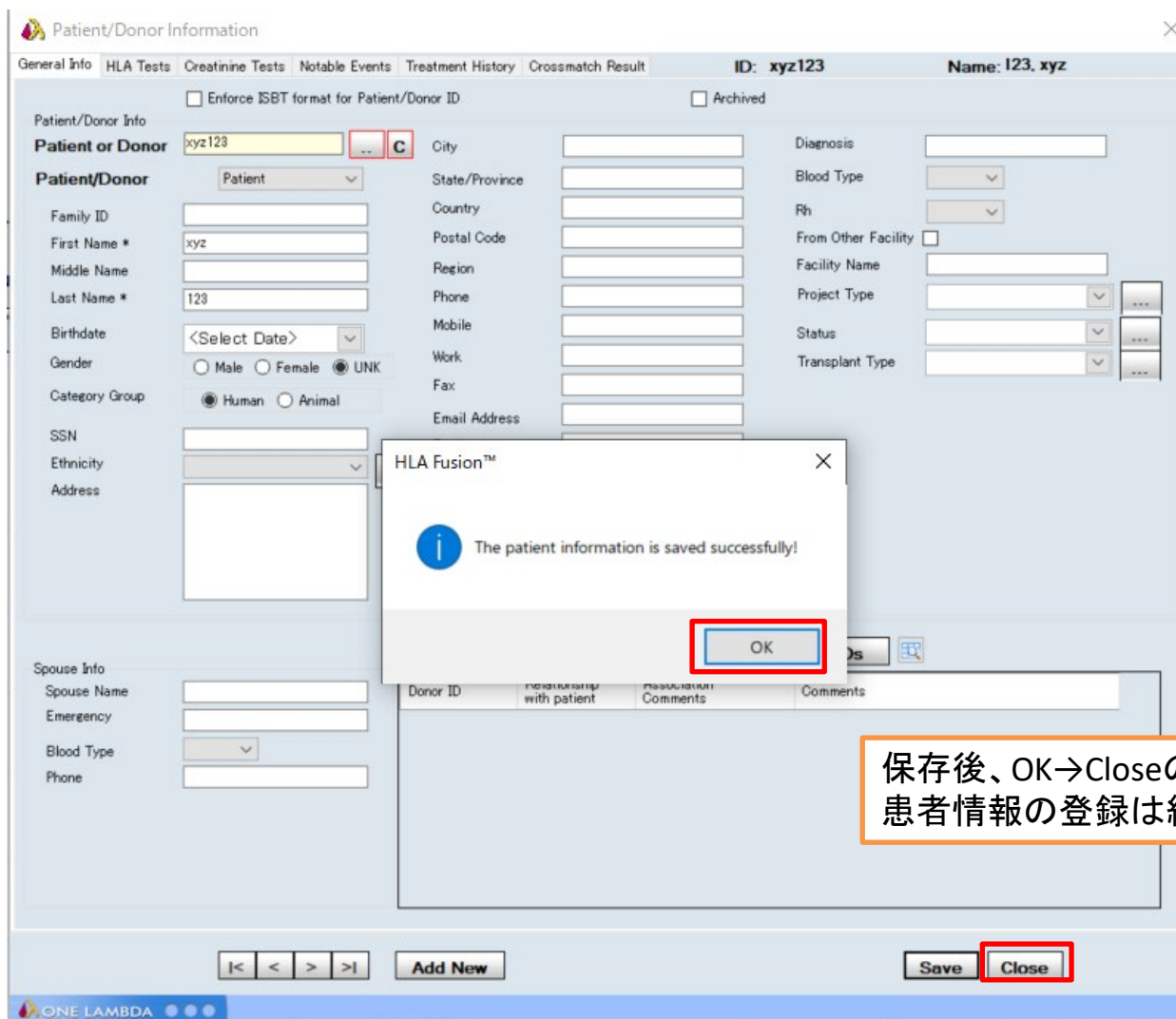
解析結果の保存後、解析画面から患者情報を登録

最低限の情報として赤枠内を入力

入力後、Saveで保存

Donor ID	Relationship with patient	Association Comments	Comments
----------	---------------------------	----------------------	----------

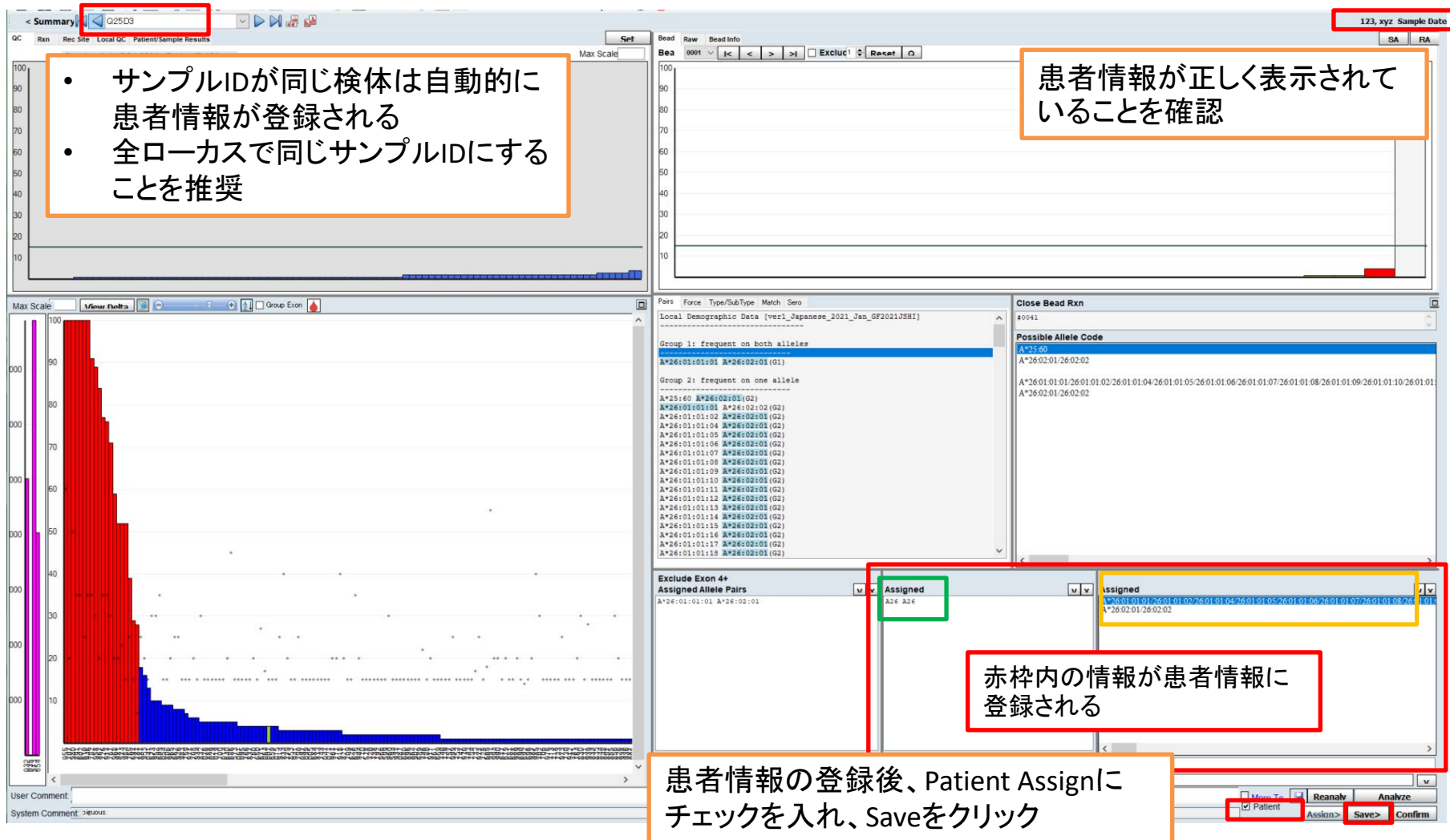
患者情報の登録-2



ONE LAMBDA

保存後、OK→Closeの順にクリックし、
患者情報の登録は終了

タイピング結果の登録



The screenshot displays the Veritas software interface for typing results registration. The top left shows a sample ID 'Q25D3' in a red box. The top right shows '123, xyz Sample Date' in a red box. A list of instructions is provided in an orange box. The main area shows a plot of typing results and a table of allele pairs. A red box highlights the 'Assigned Allele Pairs' table, with a green box around the 'Assigned' column and a yellow box around the allele codes. A red box contains instructions for patient registration. The bottom right shows the 'Patient Assign' checkbox checked and the 'Save' button highlighted.

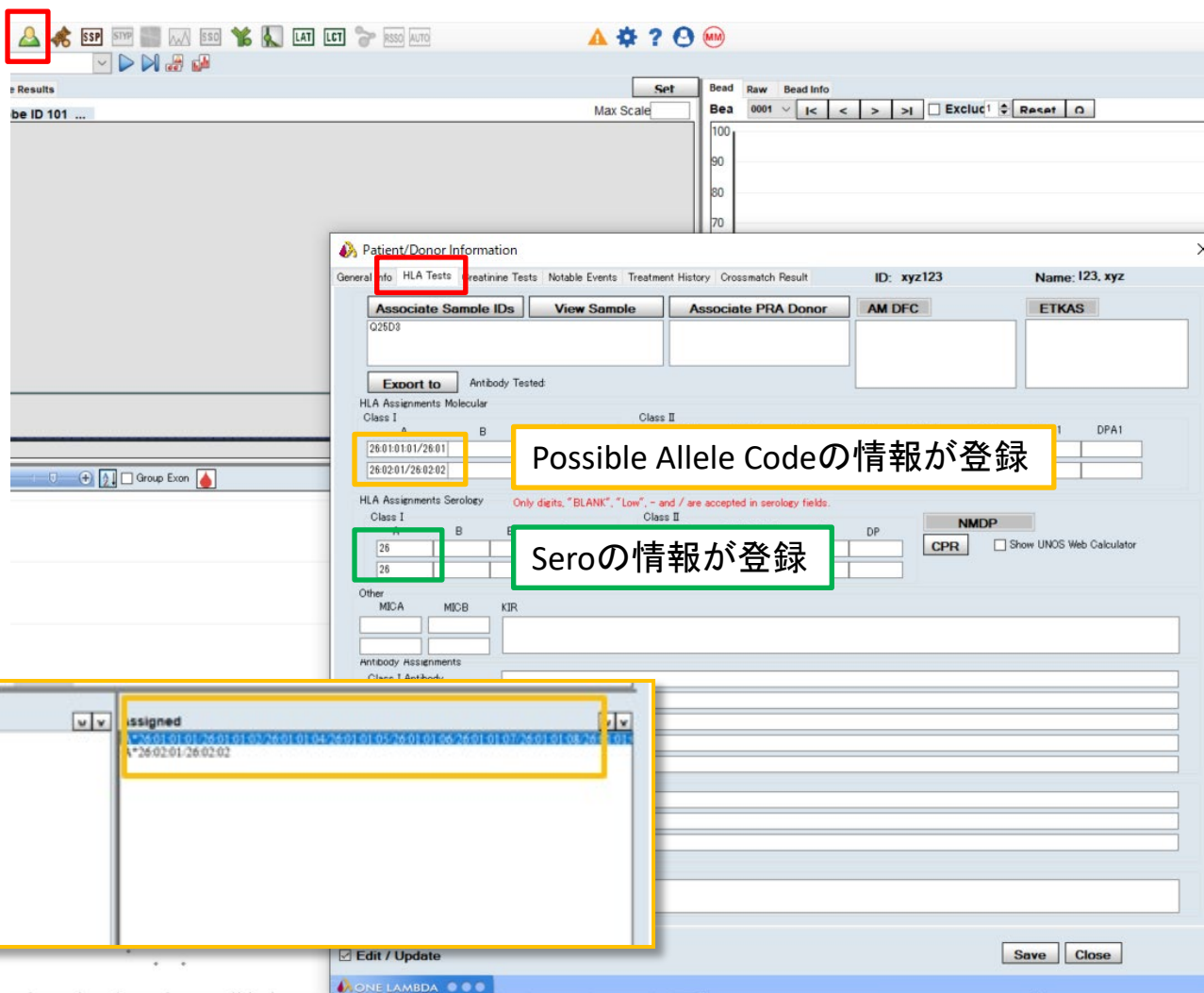
- サンプルIDが同じ検体は自動的に患者情報が登録される
- 全ローカスで同じサンプルIDにすることを推奨

患者情報が正しく表示されていることを確認

赤枠内の情報が患者情報に登録される

患者情報の登録後、Patient Assignにチェックを入れ、Saveをクリック

登録内容の確認



Results

Max Scale

Bead Raw Bead Info

Bea 0001 |< < > >| Exclud! Reset

100
90
80
70

Patient/Donor Information

General info HLA Tests Pretest Tests Notable Events Treatment History Crossmatch Result ID: xyz123 Name: 123. xyz

Associate Sample IDs View Sample Associate PRA Donor AM DFC ETKAS

Q25D8

Export to Antibody Tested

HLA Assignments Molecular

Class I Class II

26:01:01/26:01 26:02:01/26:02

Possible Allele Codeの情報が登録

HLA Assignments Serology Only digits, "BLANK", "Low", - and / are accepted in serology fields.

Class I Class II

26 26 DP DP1

Seroの情報が登録

NMDP CPR Show UNOS Web Calculator

Other MICA MICB KIR

Antibody Assignments

Class I Antibody

Assigned

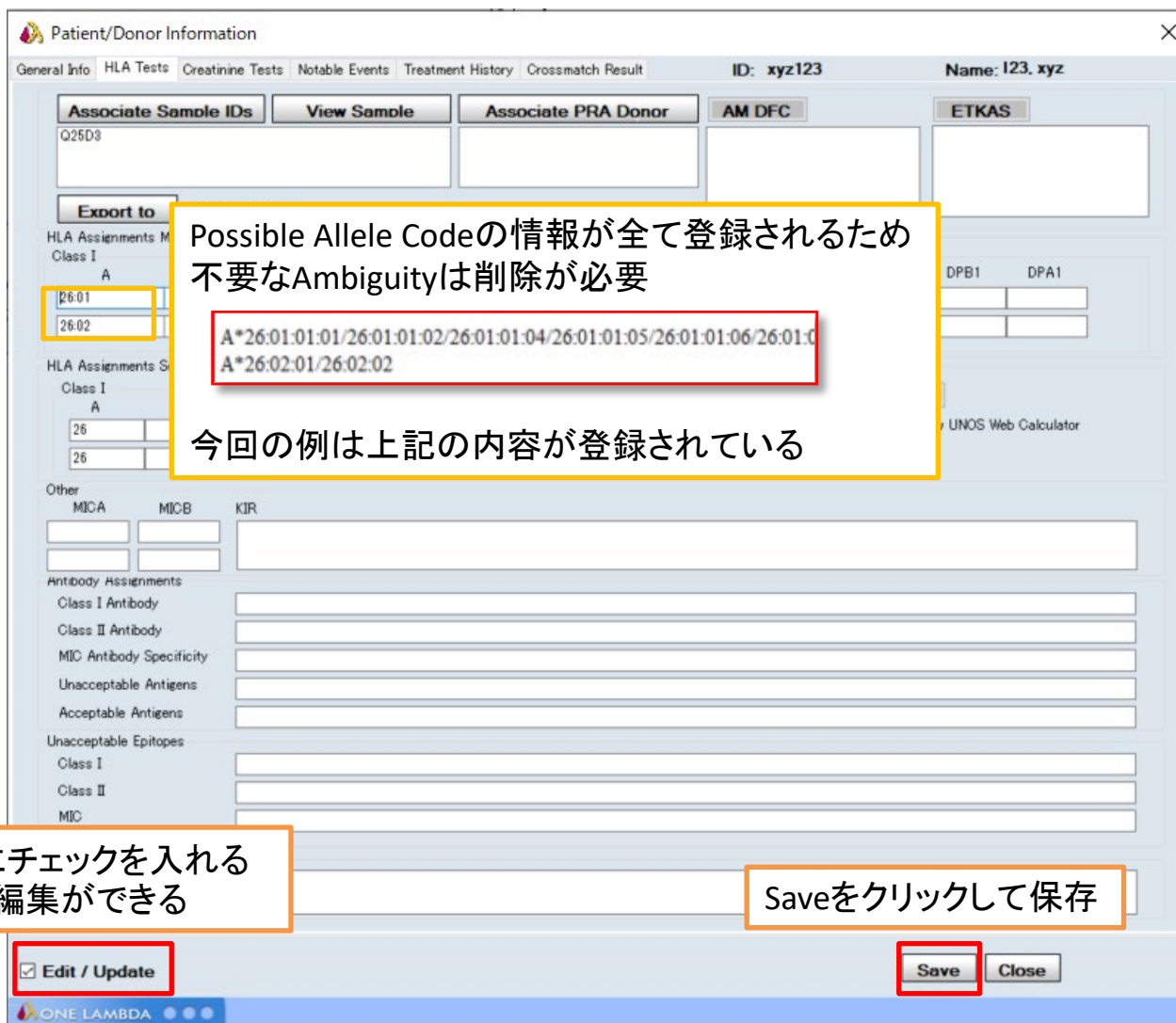
Assigned

26:01:01/26:01 26:02:01/26:02 26:01:01/26:01 26:02:01/26:02 26:01:01/26:01 26:02:01/26:02 26:01:01/26:01 26:02:01/26:02 26:01:01/26:01 26:02:01/26:02

Edit / Update Save Close

ONE LAMBDA

不要なAmbiguityの削除



Patient/Donor Information

General Info | HLA Tests | Creatinine Tests | Notable Events | Treatment History | Crossmatch Result

ID: xyz123 Name: I23, xyz

Associate Sample IDs | View Sample | Associate PRA Donor | AM DFC | ETKAS

Export to

HLA Assignments M Class I A

26:01
26:02

HLA Assignments S Class I A

26
26

Other

MICA	MICB	KIR

Antibody Assignments

Class I Antibody	
Class II Antibody	
MIC Antibody Specificity	
Unacceptable Antigens	
Acceptable Antigens	
Unacceptable Epitopes	
Class I	
Class II	
MIC	

Possible Allele Codeの情報が全て登録されるため
不要なAmbiguityは削除が必要

```
A*26:01:01:01/26:01:01:02/26:01:01:04/26:01:01:05/26:01:01:06/26:01:01:07/26:01:01:08/26:01:01:09/26:01:01:10/26:01:01:11/26:01:01:12/26:01:01:13/26:01:01:14/26:01:01:15/26:01:01:16/26:01:01:17/26:01:01:18/26:01:01:19/26:01:01:20/26:01:01:21/26:01:01:22/26:01:01:23/26:01:01:24/26:01:01:25/26:01:01:26/26:01:01:27/26:01:01:28/26:01:01:29/26:01:01:30/26:01:01:31/26:01:01:32/26:01:01:33/26:01:01:34/26:01:01:35/26:01:01:36/26:01:01:37/26:01:01:38/26:01:01:39/26:01:01:40/26:01:01:41/26:01:01:42/26:01:01:43/26:01:01:44/26:01:01:45/26:01:01:46/26:01:01:47/26:01:01:48/26:01:01:49/26:01:01:50/26:01:01:51/26:01:01:52/26:01:01:53/26:01:01:54/26:01:01:55/26:01:01:56/26:01:01:57/26:01:01:58/26:01:01:59/26:01:01:60/26:01:01:61/26:01:01:62/26:01:01:63/26:01:01:64/26:01:01:65/26:01:01:66/26:01:01:67/26:01:01:68/26:01:01:69/26:01:01:70/26:01:01:71/26:01:01:72/26:01:01:73/26:01:01:74/26:01:01:75/26:01:01:76/26:01:01:77/26:01:01:78/26:01:01:79/26:01:01:80/26:01:01:81/26:01:01:82/26:01:01:83/26:01:01:84/26:01:01:85/26:01:01:86/26:01:01:87/26:01:01:88/26:01:01:89/26:01:01:90/26:01:01:91/26:01:01:92/26:01:01:93/26:01:01:94/26:01:01:95/26:01:01:96/26:01:01:97/26:01:01:98/26:01:01:99/26:01:01:100
```

今回の例は上記の内容が登録されている

下記にチェックを入れることで編集ができる

Saveをクリックして保存

Edit / Update

Save Close

Possible Allele Codeの出力内容の変更

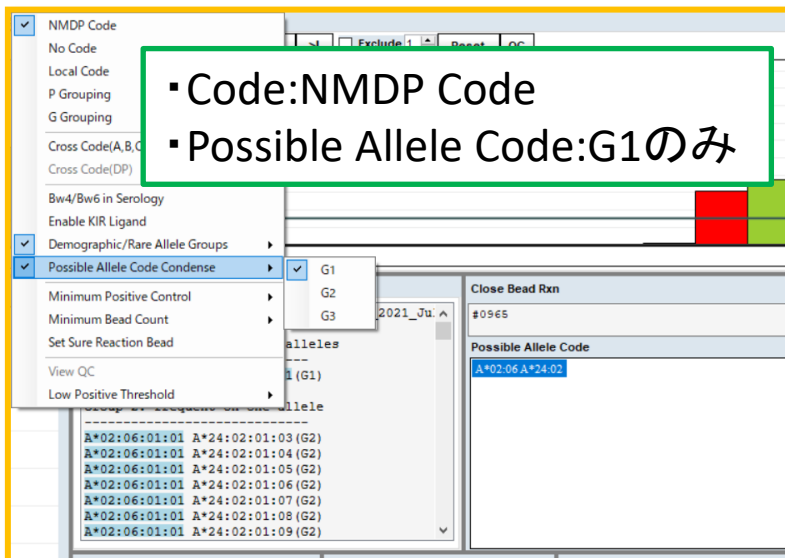
The screenshot shows the HLA Fusion software interface with several configuration windows. The 'LABType Analysis Configuration' window is open, showing the 'Code' section with 'NMDP' selected. The 'Possible Allele Code' section has 'G1', 'G2', and 'G3' checkboxes, with 'G1' checked. The 'Close Bead Rxn' window shows the output 'A*02:06 A*24:02'. The main window shows a list of alleles with 'A*02:06:01:01 A*24:02:01:01 (G1)' highlighted.

Code: NMDP Code

Possible Allele Code: G1のみ

→ Possible Allele codeの表示が上記になり、患者情報登録後の削除が不要

出力内容の違い

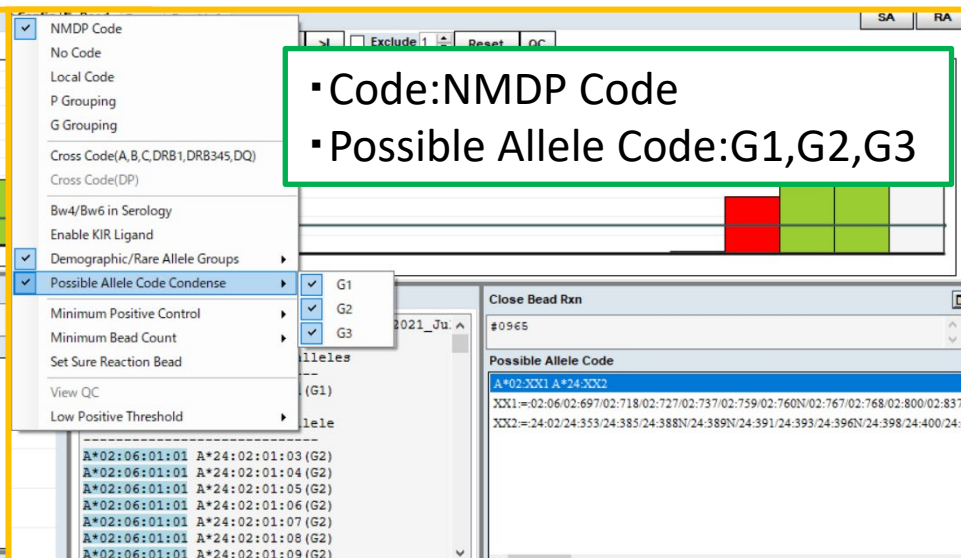


Code:NMDP Code
Possible Allele Code:G1のみ

Close Bead Rxn
#0965
Possible Allele Code
A*02:06:A*24:02

Alleles
G1

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

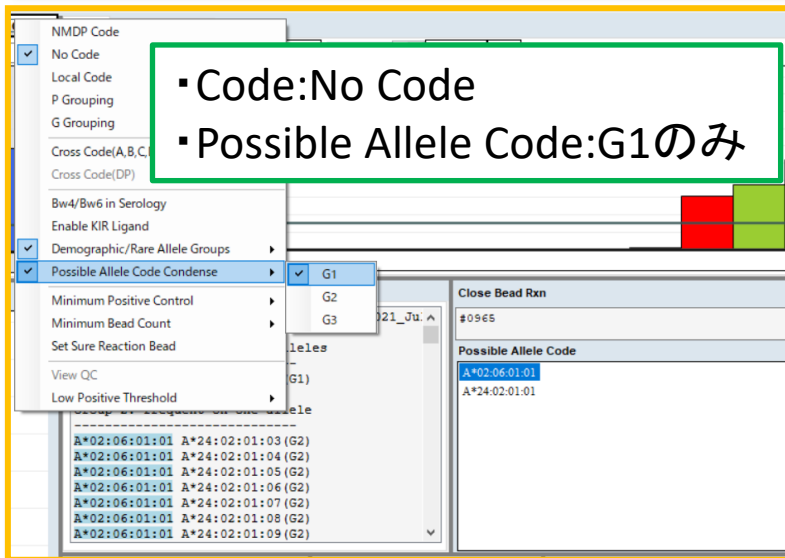


Code:NMDP Code
Possible Allele Code:G1,G2,G3

Close Bead Rxn
#0965
Possible Allele Code
A*02:06:A*24:02

Alleles
G1
G2
G3

Allele
(G1)
XX1=02:06:02:697:02:718:02:727:02:737:02:759:02:760N:02:767:02:768:02:800:02:837
XX2=24:02:24:353:24:385:24:388N:24:389N:24:391:24:393:24:396N:24:398:24:400:24:

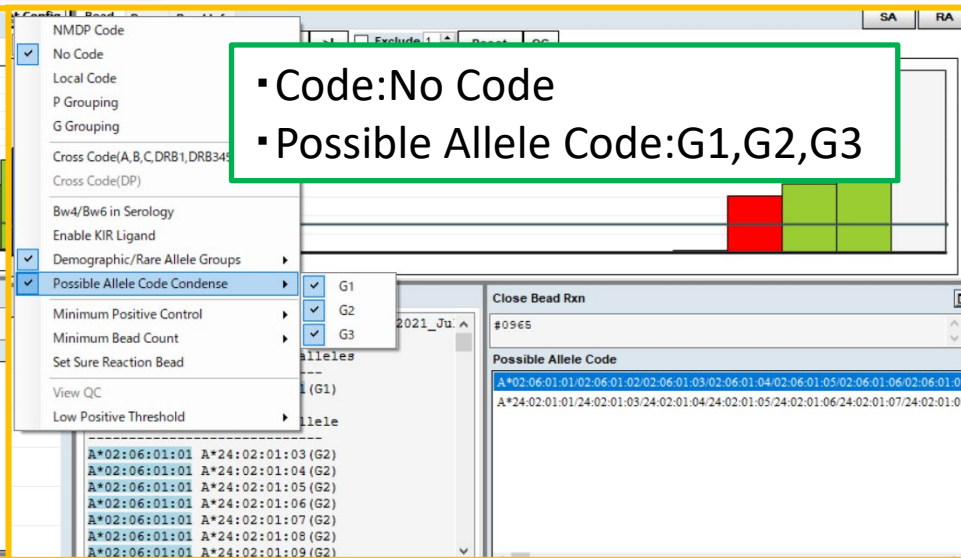


Code:No Code
Possible Allele Code:G1のみ

Close Bead Rxn
#0965
Possible Allele Code
A*02:06:01:01
A*24:02:01:01

Alleles
G1

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



Code:No Code
Possible Allele Code:G1,G2,G3

Close Bead Rxn
#0965
Possible Allele Code
A*02:06:01:01:02:06:01:02:06:01:03:02:06:01:04:02:06:01:05:02:06:01:06:02:06:01:07
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

Alleles
G1
G2
G3

Allele
(G1)

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。

