



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>

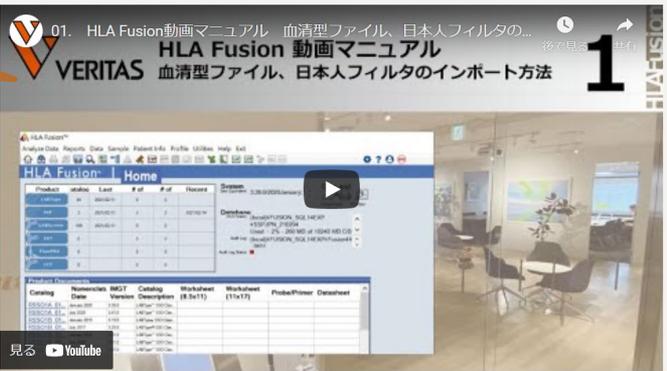
過去の講演会など、
様々な動画を公開
しております。
是非ご覧ください!

– 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

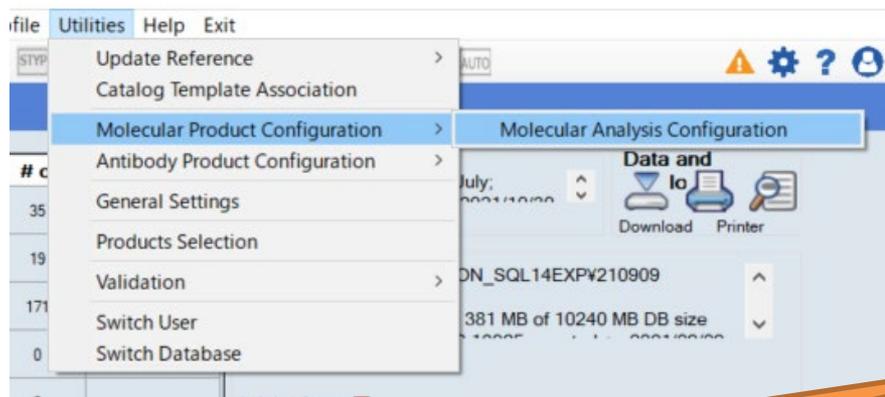
01. HLA Fusion動画マニュアル 血清型ファイル、日本人フィルタの...
VERITAS HLA Fusion 動画マニュアル
血清型ファイル、日本人フィルタのインポート方法



見る YouTube

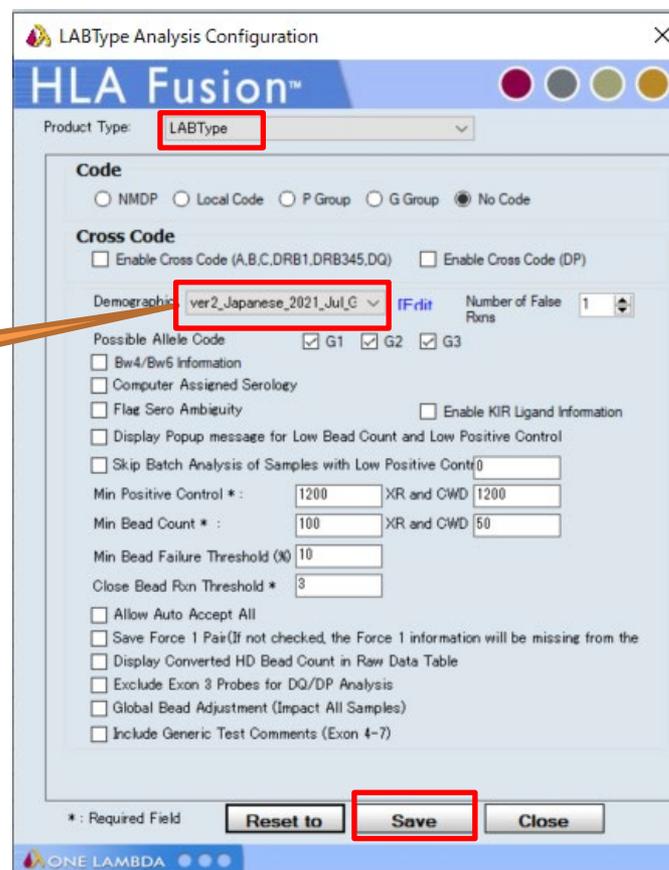
解析の設定

- 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

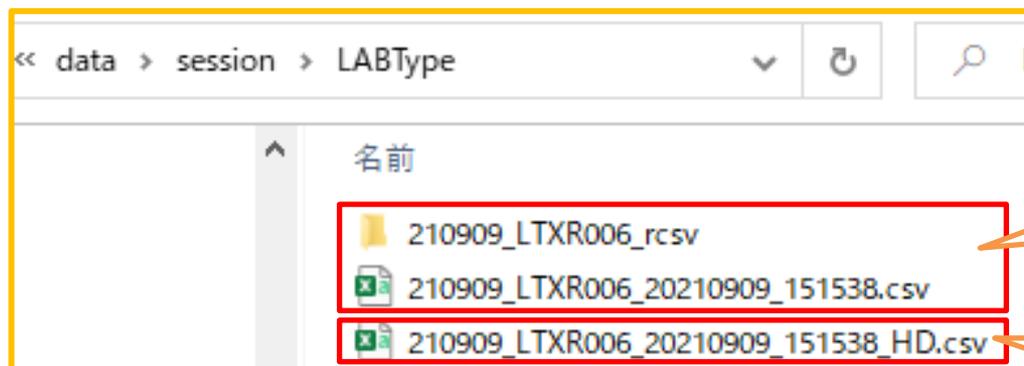
- CSVファイル

- 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 rev 1;
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

The screenshot displays the HLA Fusion LABType software interface. The main window is titled "HLA Fusion™ | LABType". On the left, there is a "LABType" sidebar with a list of CSV files. The central area contains a "Locus Type" table, a "Configuration" panel, and a "Product Documents" table. The "Product Documents" table has columns for Catalog, Nomenclature Date, IMGT Version, Catalog Description, Worksheet (8.5x11), Worksheet (11-17), and Probe/Primer. The "IMGT Version" column is highlighted in green. A "Configuration" panel on the right shows settings for Active Code, Cross Code, and Allele Frequency Filter, with the filter set to "ver2_Japanese_2021_Jul_GF2021".

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	

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_015...	July 2021	3.45.1	LABType™ SSO Clas...			
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...			

未取り込みデータ

カタログファイル情報

解析に使用する日本人フィルタ

カタログファイルのバージョン

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



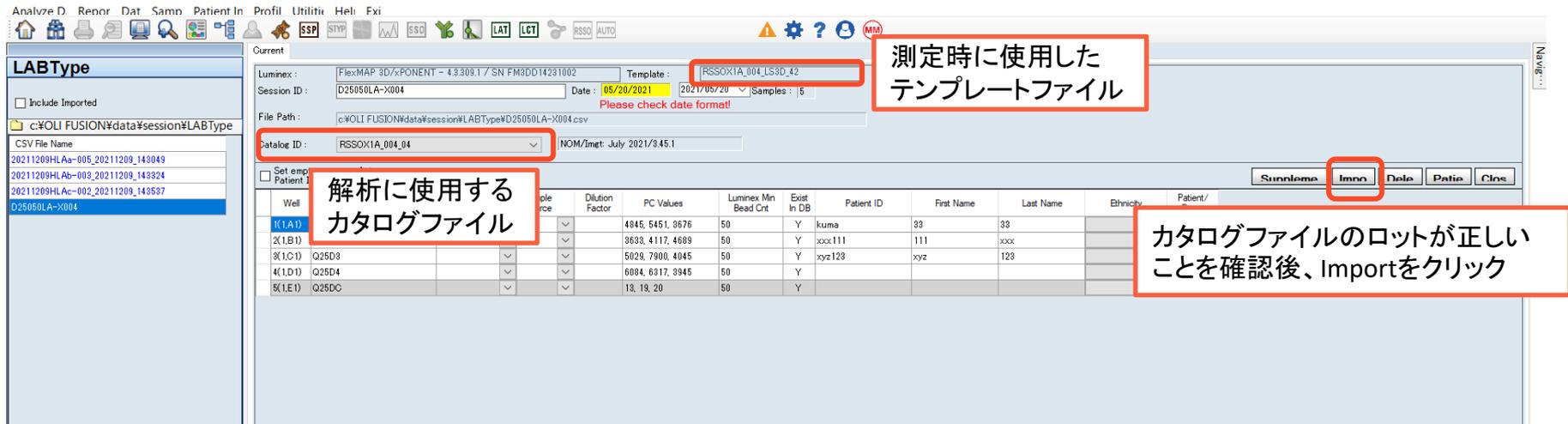
Sample名等、検体情報を入力できます

- 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

Well	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)		3633, 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					

Supreme Import Data Patient Close

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

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



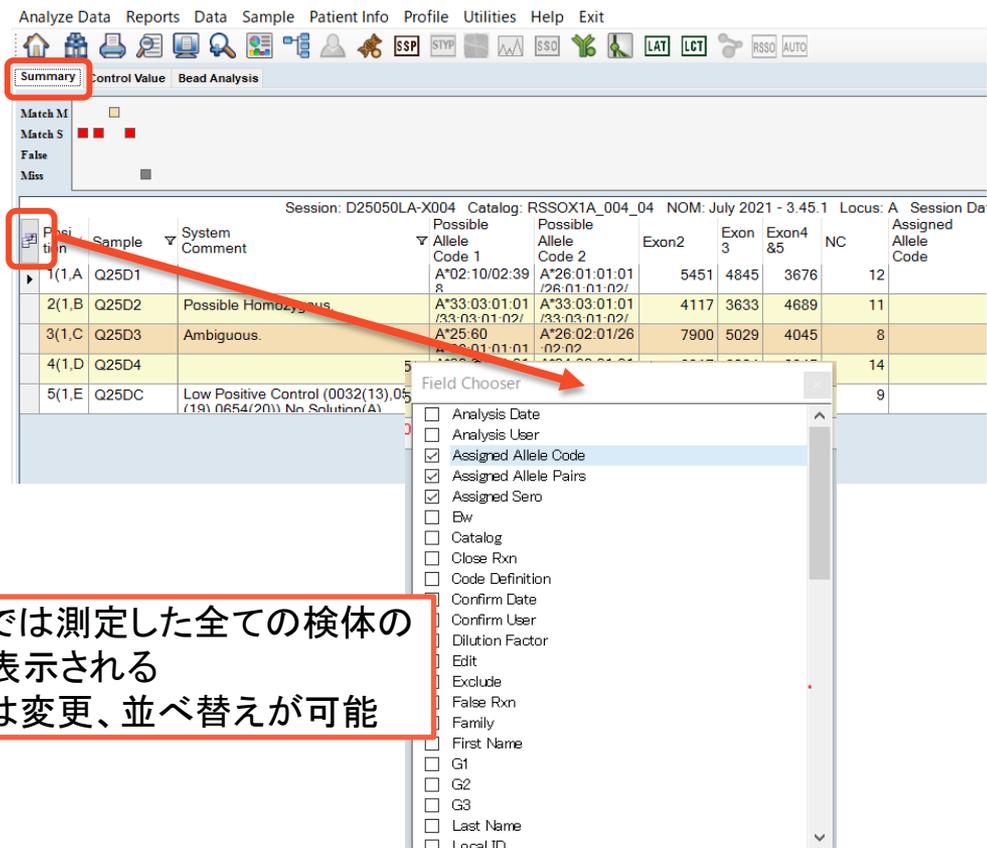
Navigator

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

Session: D25050LA-X004 Catalog: RSSOX1A_004_04 NOM: July 2021 - 3.45.1 Locus: A Session Date: 2022/01/19 Lumine

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	

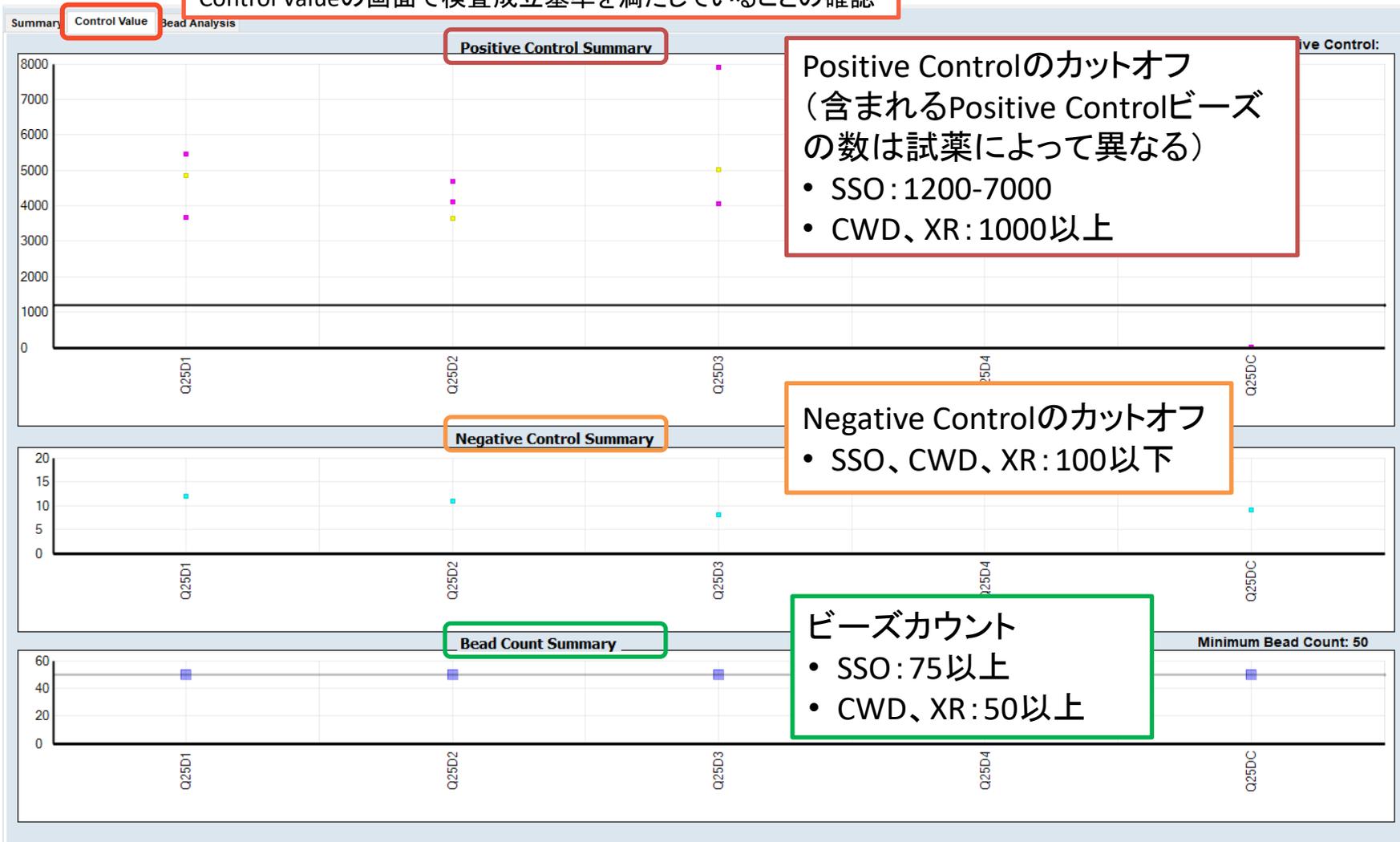
Positive Controlの値

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

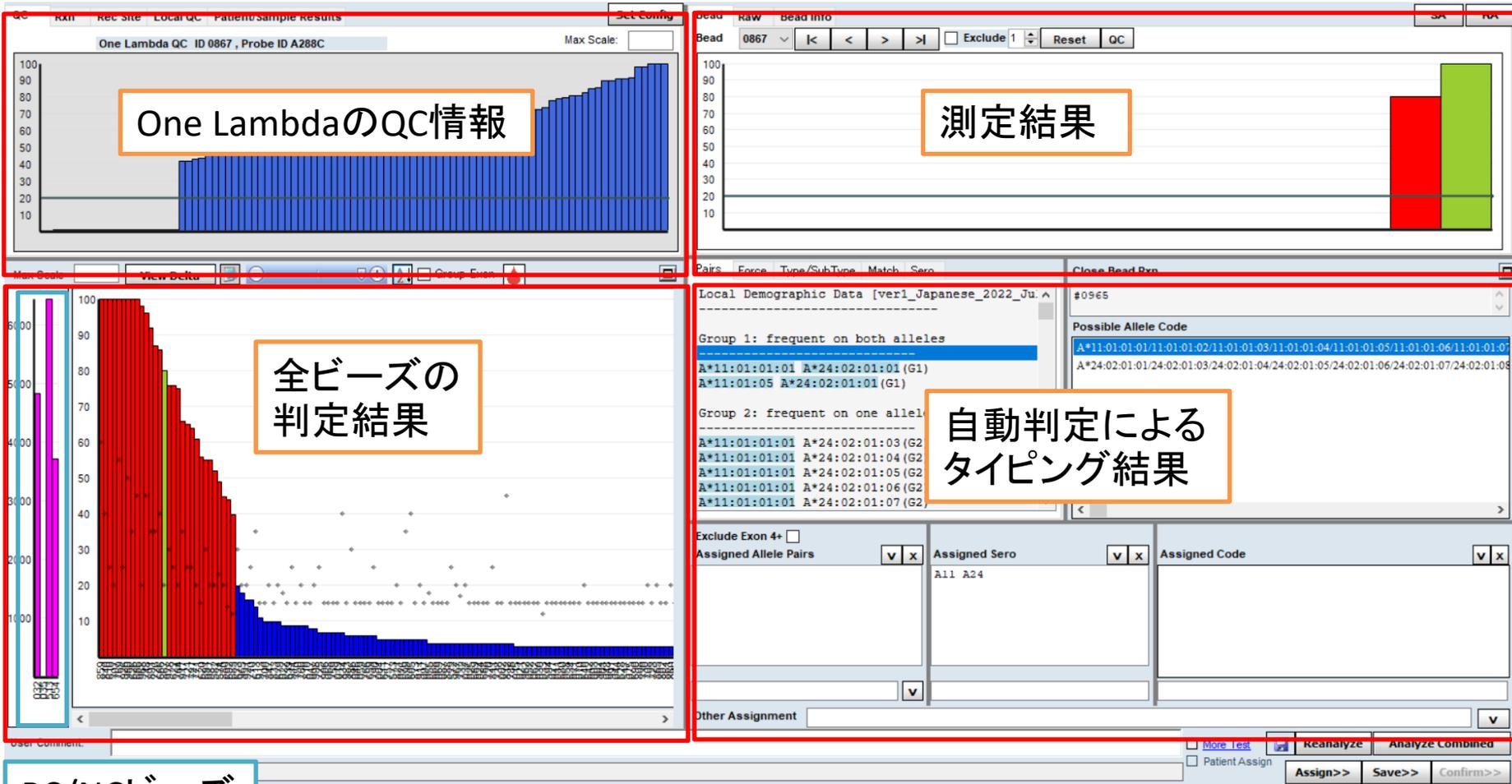
Control Valueの画面で検査成立基準を満たしていることの確認



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 highlighted by red boxes:

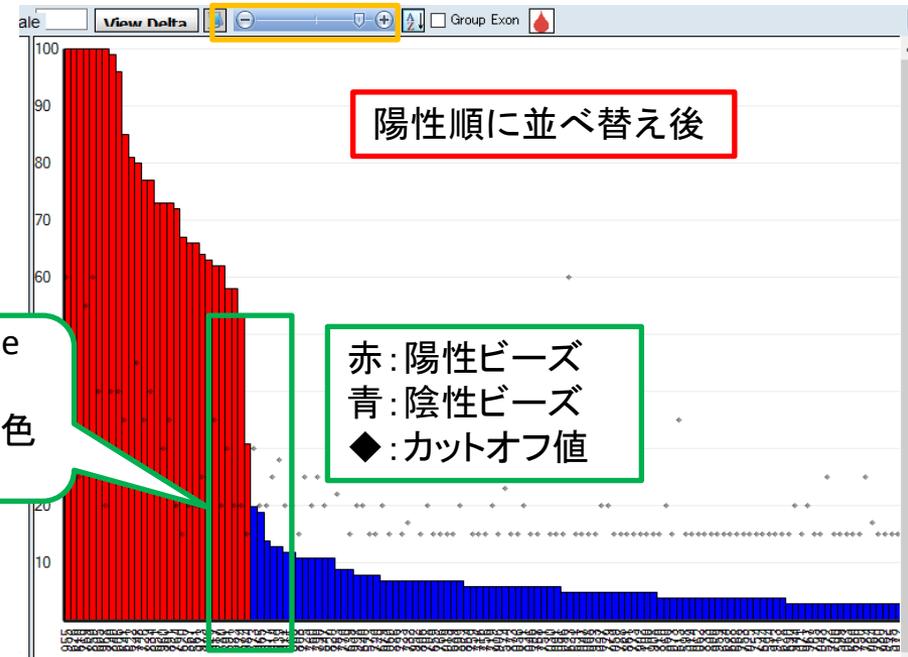
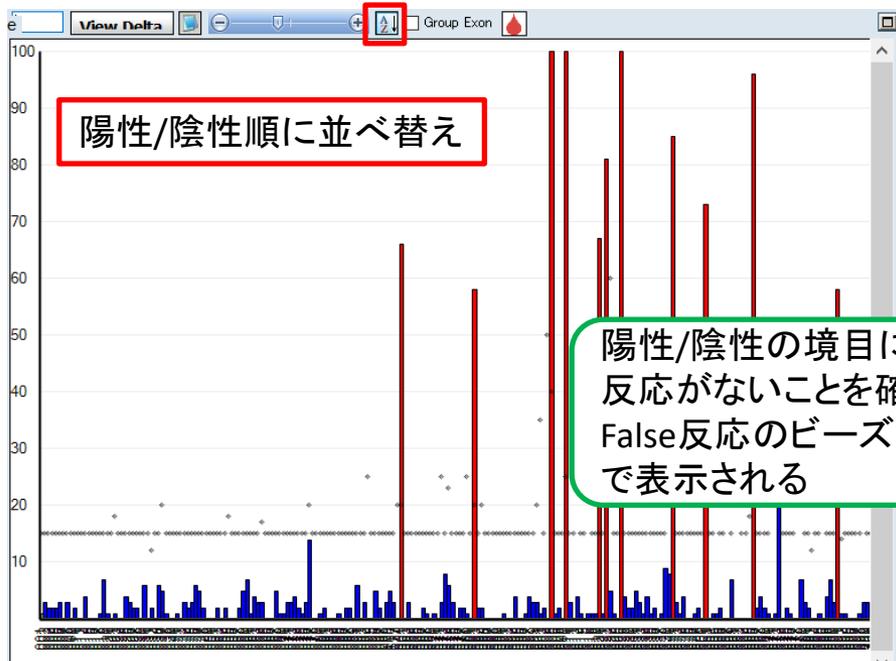
- Top Left Panel:** Titled "One LambdaのQC情報" (QC information for One Lambda). It shows a bar chart of QC values for probe ID A288C, with a horizontal line at approximately 20 and a "Max Scale" indicator.
- Top Right Panel:** Titled "測定結果" (Measurement Results). It shows a bar chart for bead 0867 with two bars, one red and one green, representing different alleles.
- Bottom Left Panel:** Titled "全ビーズの判定結果" (Judgment results for all beads). It features a large bar chart with red bars and a scatter plot of points, likely representing the results for all beads.
- 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 groups 1 and 2. Group 1 is "frequent on both alleles" and Group 2 is "frequent on one allele". Below this, there are fields for "Assigned Allele Pairs", "Assigned Sero", and "Assigned Code", with "All A24" assigned to the sero field.

At the bottom of the interface, there are buttons for "More Test", "Reanalyze", "Analyze Combined", "Assign>>", "Save>>", and "Confirm>>".

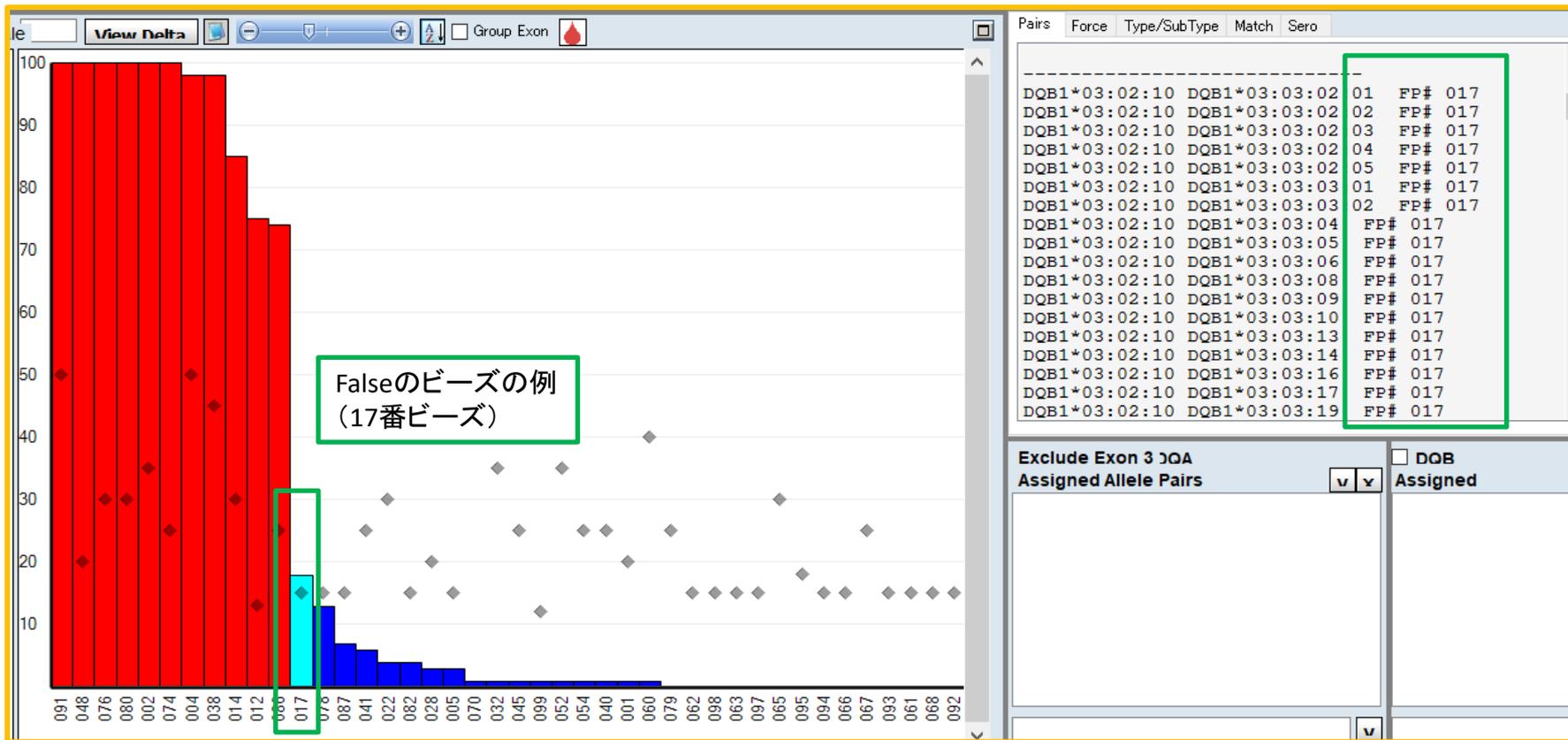
PC/NCビーズ

ビーズの反応の確認

グラフの拡大/縮小

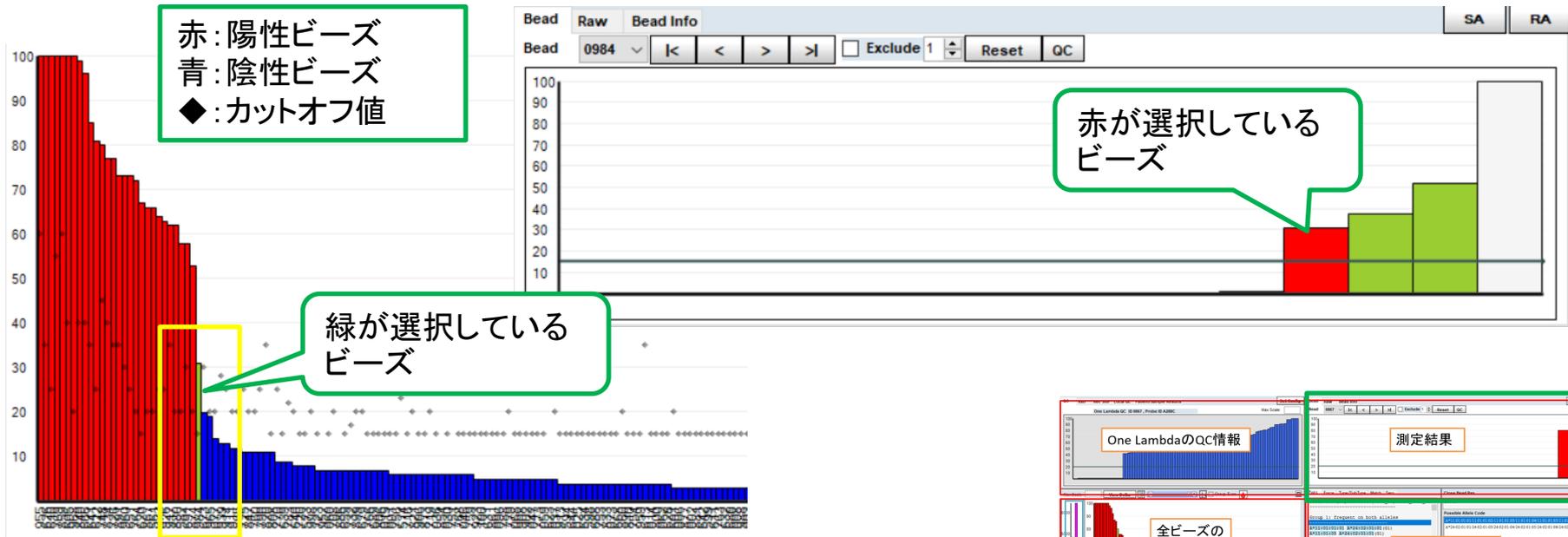


False反応の確認

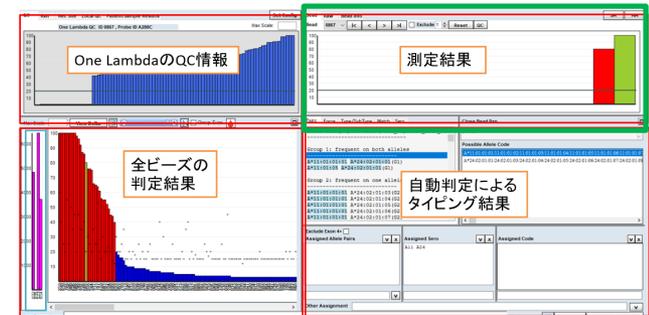


Falseのビーズがない場合

- 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

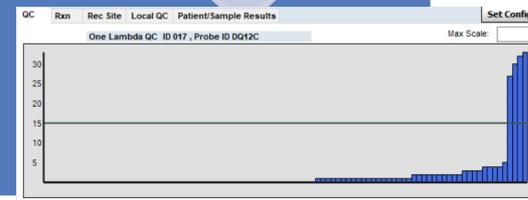
Pairs	Force	Type/SubType	Match	Sero
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:01	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:02	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:03	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:04	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:05	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:01	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:02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

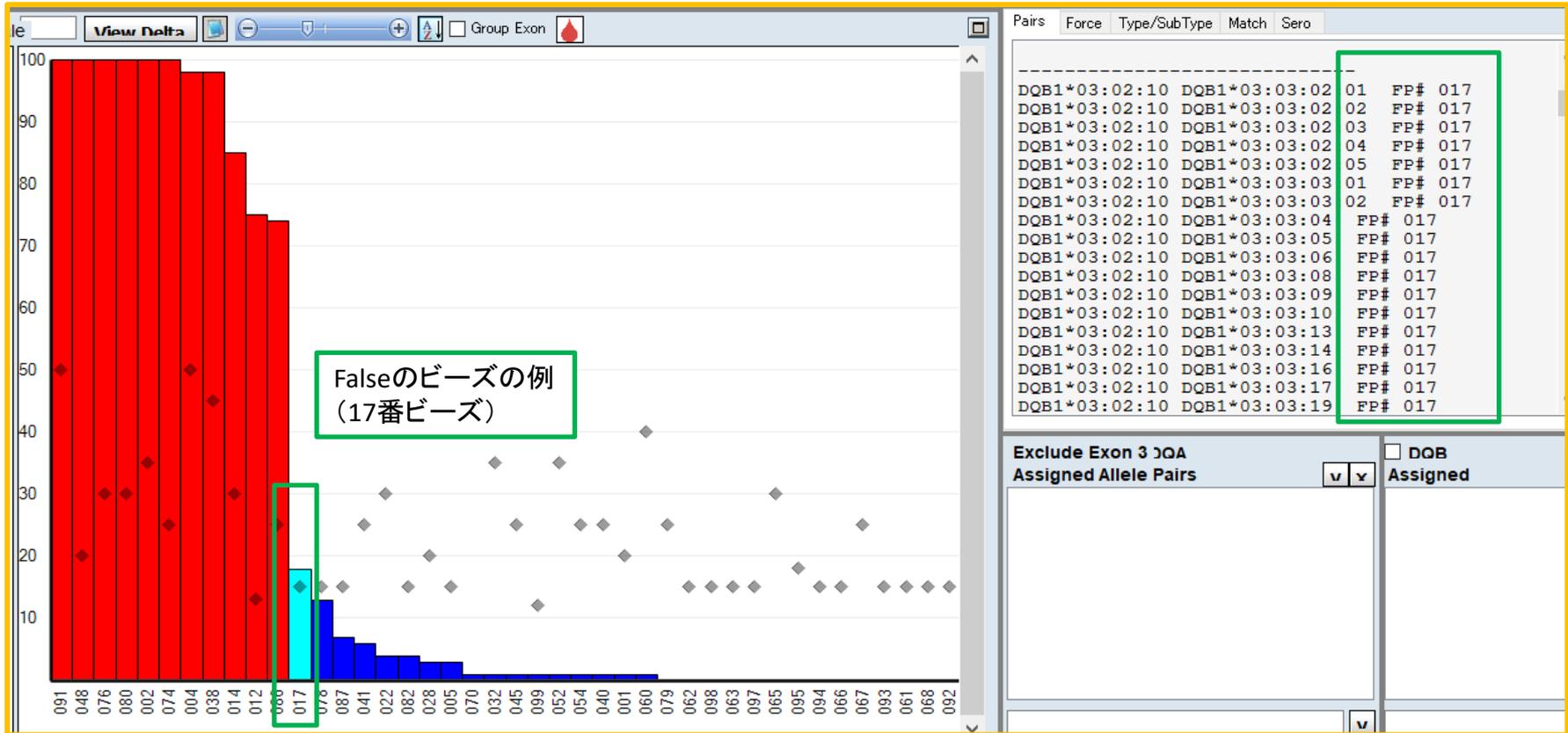
DQB1*06:02:07, DQB1*06:05:01, DQB1*06:05:02, DQB1*06:06, DQB1*06:09:01:01, DQB1*06:09:01:02, DQB1*06:09:06, DQB1*06:09:07, DQB1*06:09:08, DQB1*06:09:09, DQB1*06:09:10, DQB1*06:09:11, DQB1*06:09:12, DQB1*06:11:04, DQB1*06:12, DQB1*06:18:01, DQB1*06:18:02, DQB1*06:22:02, DQB1*06:42, DQB1*06:66, DQB1*06:118:01, 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

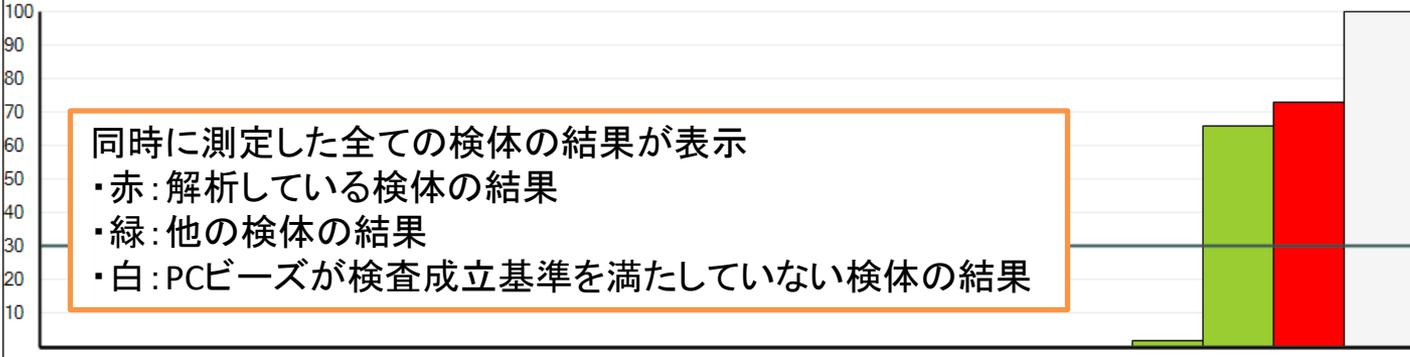


プローブの確認

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

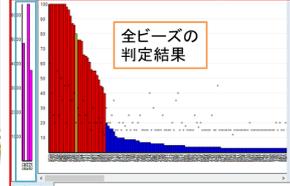
One LambdaのQC情報



測定結果



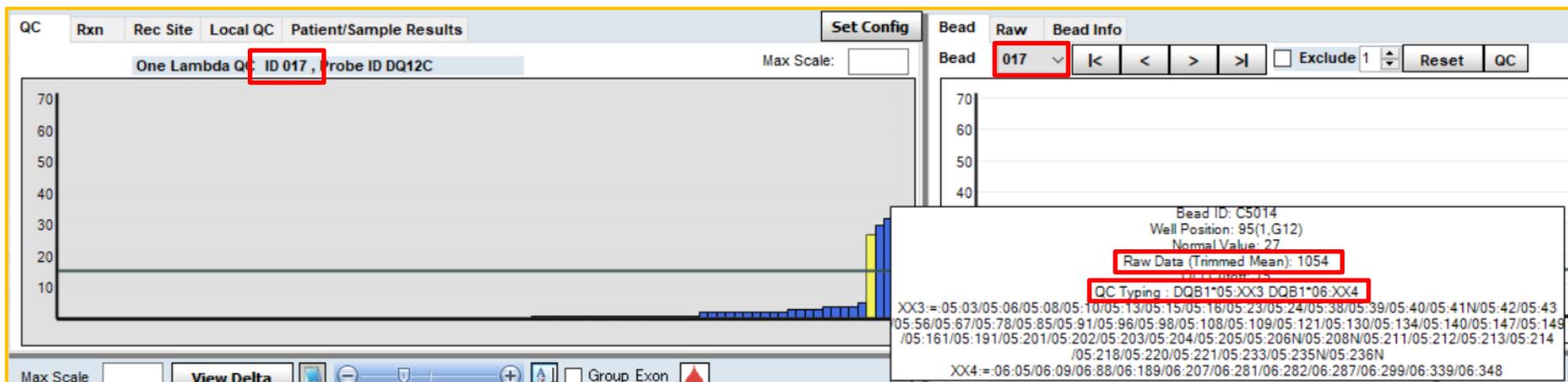
全ビーズの判定結果



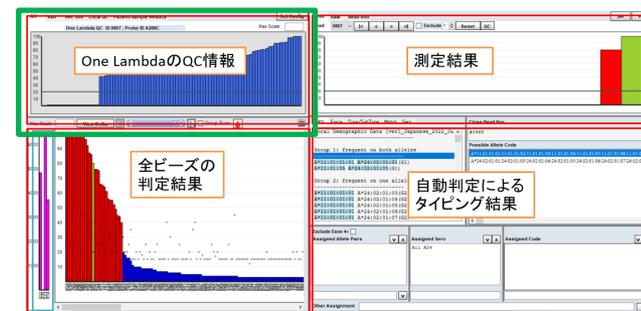
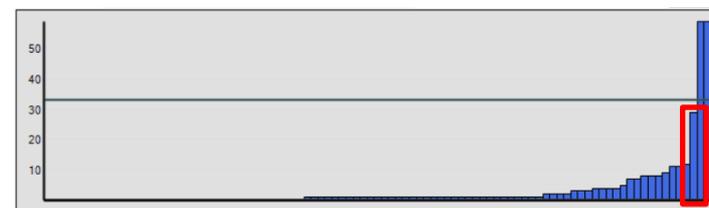
自動判定によるタイピング結果

Group	Assign Code
Group 1: Expects on both alleles	...
Group 2: Expects on one allele	...

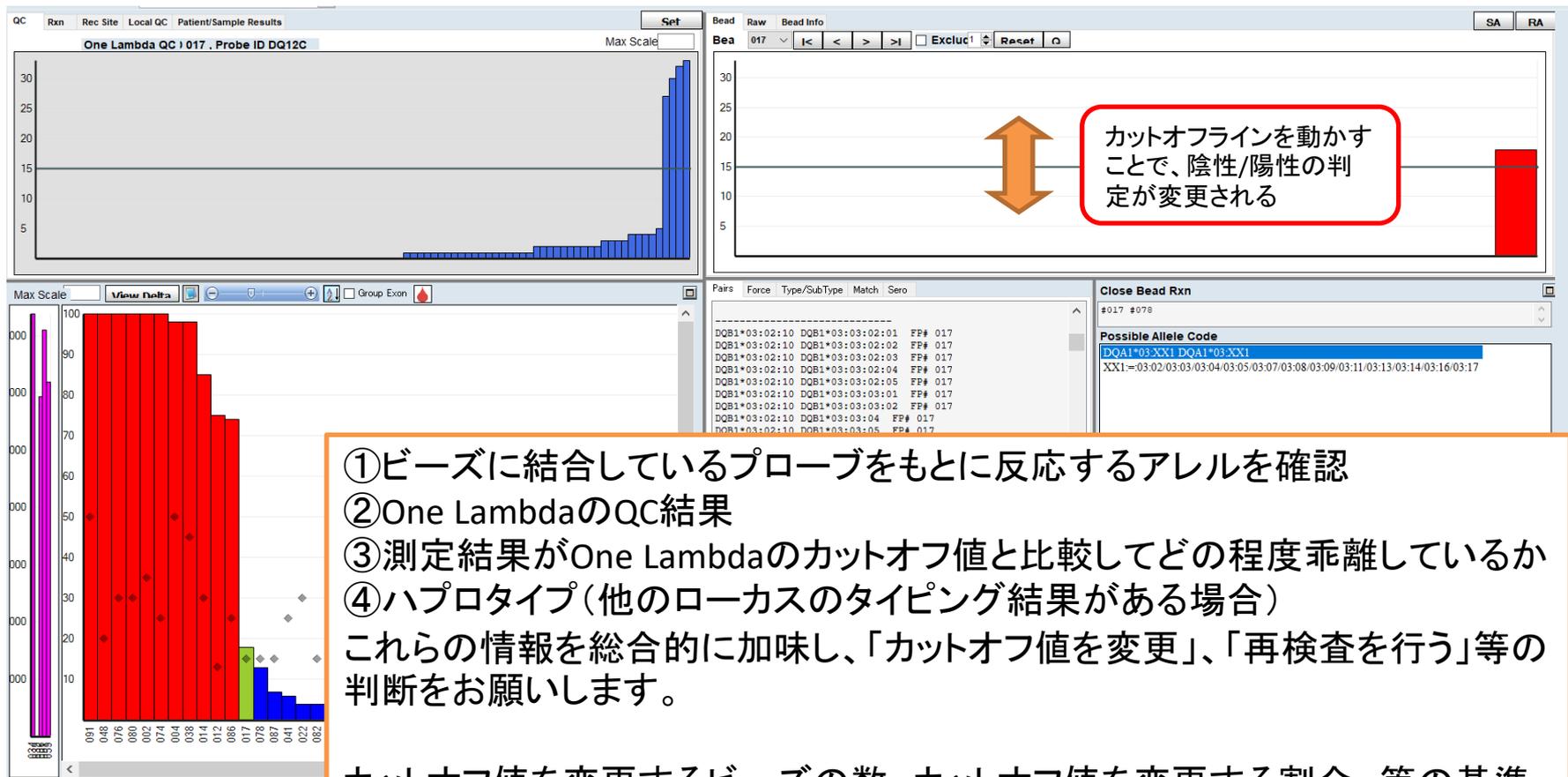
One LambdaのQC結果の確認



- 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



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

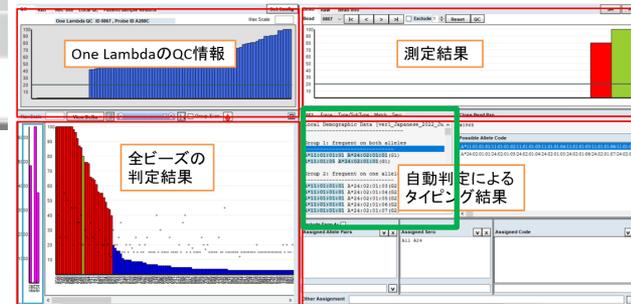
False反応の可能性が高いビーズを確認
→その後はFalse反応ビーズの確認と同じ手順

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

Group 3: no frequent alleles				

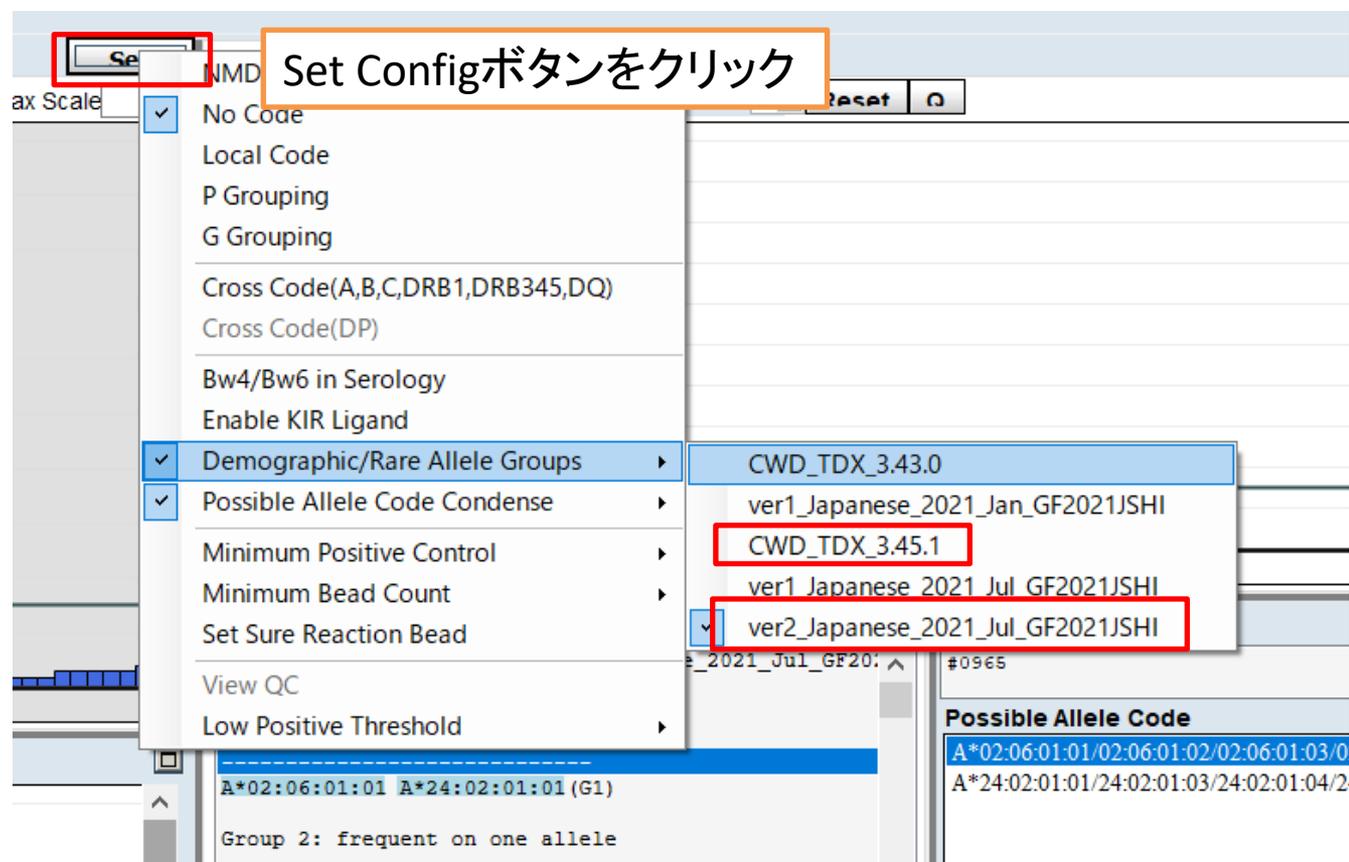
A*02:01:14Q	A*24:186	(G3)		
A*02:01:14Q	A*24:292	(G3)		
A*02:01:14Q	A*24:522	(G3)		
A*02:105	A*24:02:03Q	(G3)		
A*02:374	A*24:02:03Q	(G3)		
A*02:607	A*24:186	(G3)		
A*02:607	A*24:292	(G3)		
A*02:607	A*24:522	(G3)		
A*02:703	A*24:02:03Q	(G3)		

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

NMD

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)

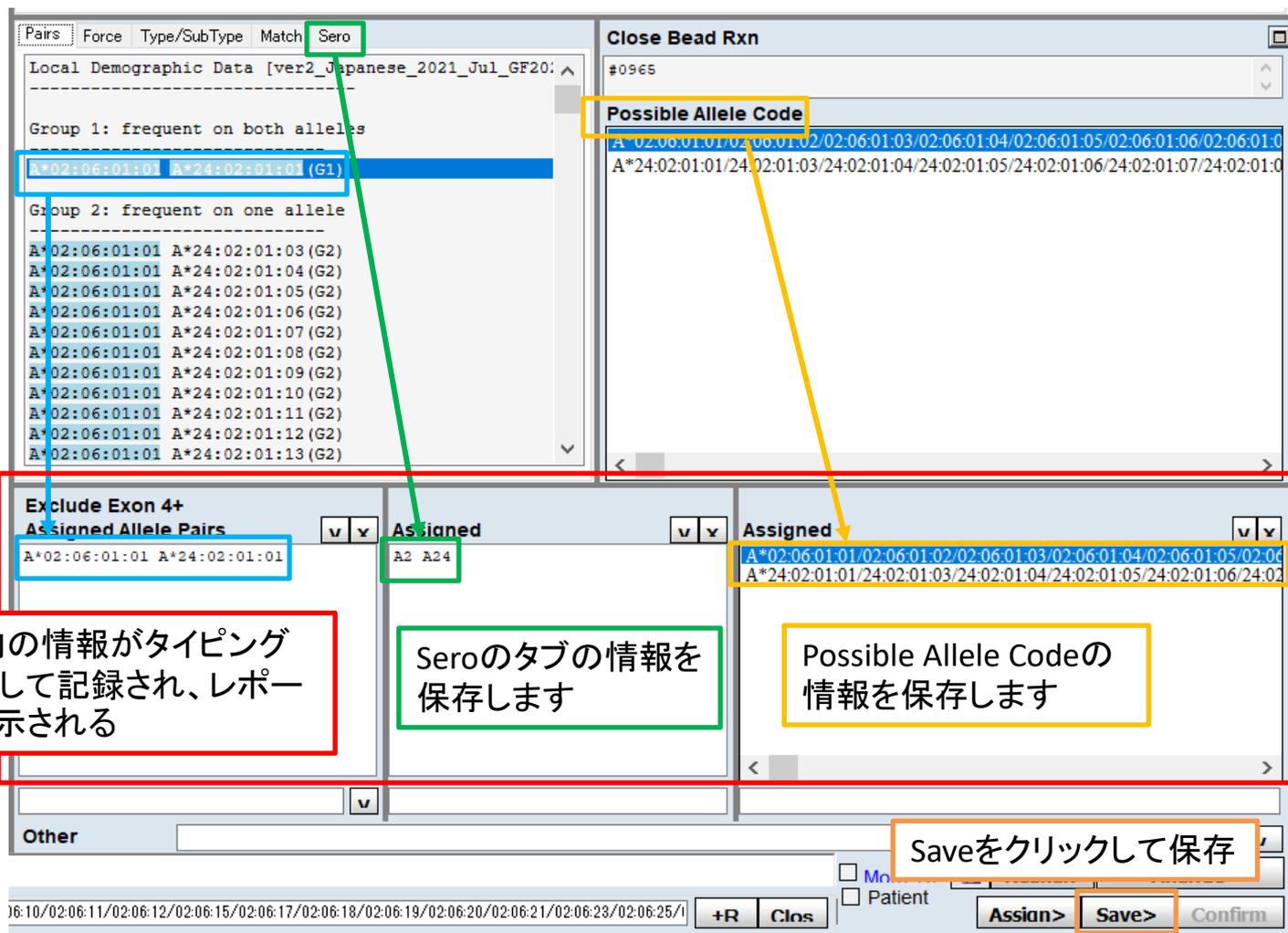
Group 2: frequent on one allele

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

Assian> 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

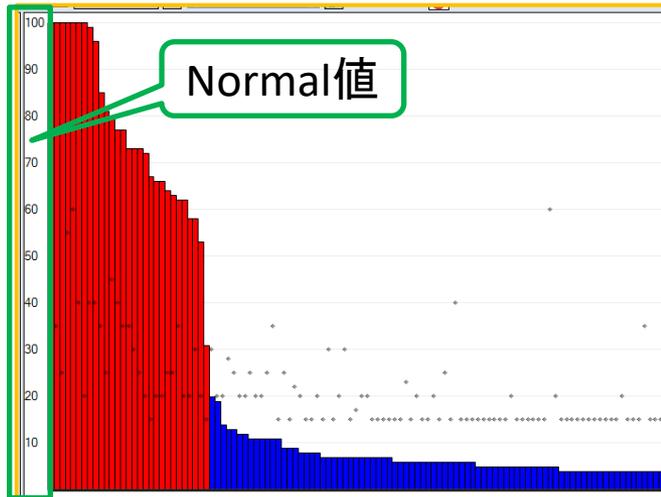
Seroのタブの情報を保存します

Possible Allele Codeの情報を保存します

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の増幅効率は影響を受けるため、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 the current bead of interest. The data table below the histogram provides detailed information for each bead, including its ID, reaction (Rxn), raw fluorescence (Raw), calculated normal percentage (Normal), position control (Pos Ctl), PC raw fluorescence (PC Raw), non-control (NC), NC raw fluorescence (NC Raw), OLI cutoff, sample cutoff, and Luminex bead count.

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

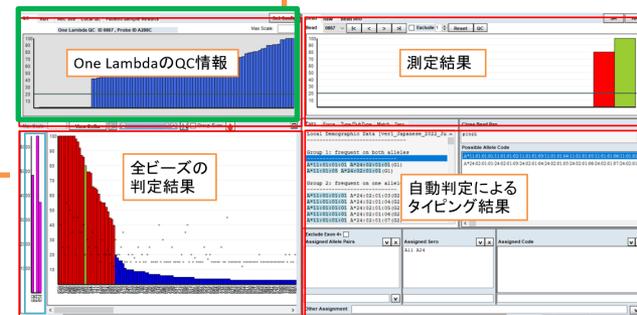
QC	Rxn	Rec Site	Local QC	Patient/Sample Results																					
	Find	Rxn		102	143	158	162	176	185	290	358	395	401	412	437	475	480	488	493	503	452	122	147	195	
				0561	0605	0620	0622	0626	0641	0651	0764	0834	0874	0880	0891	0917	0955	0960	0968	0973	0984	0932	0582	0610	066
		Sample Rxn		x	x	x	x	x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

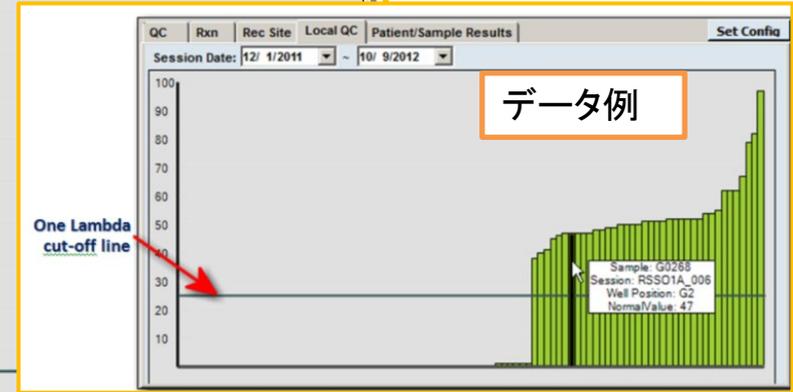
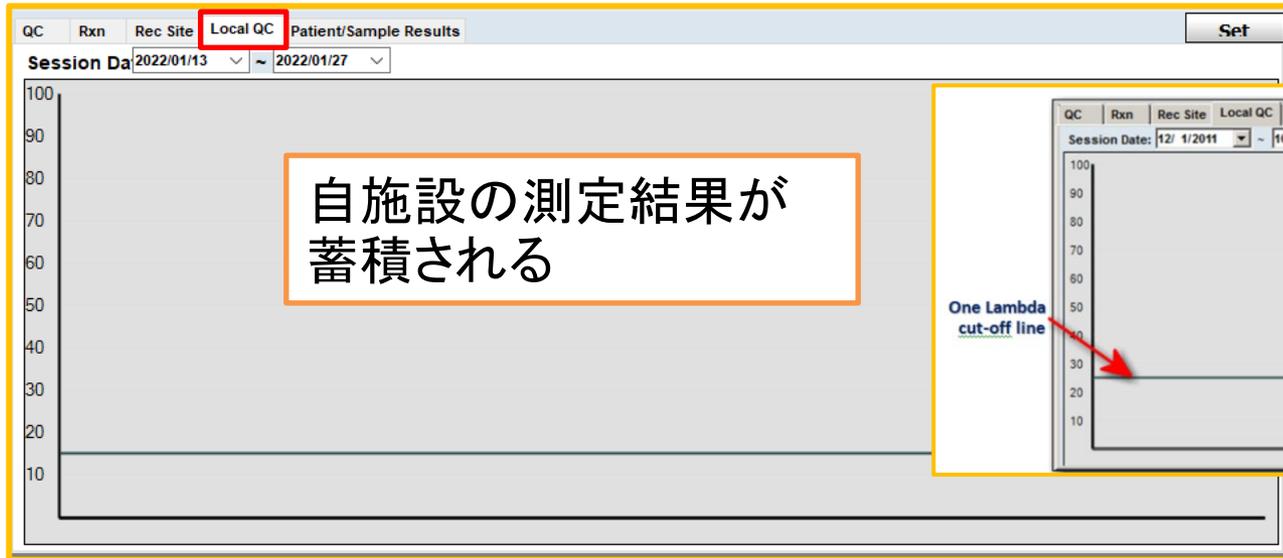
Tableの見方

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



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

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*08:01:01:01/08:01:01:02/08:01:01:				Q25D4	21(1,E)	20:

One LambdaのQC情報

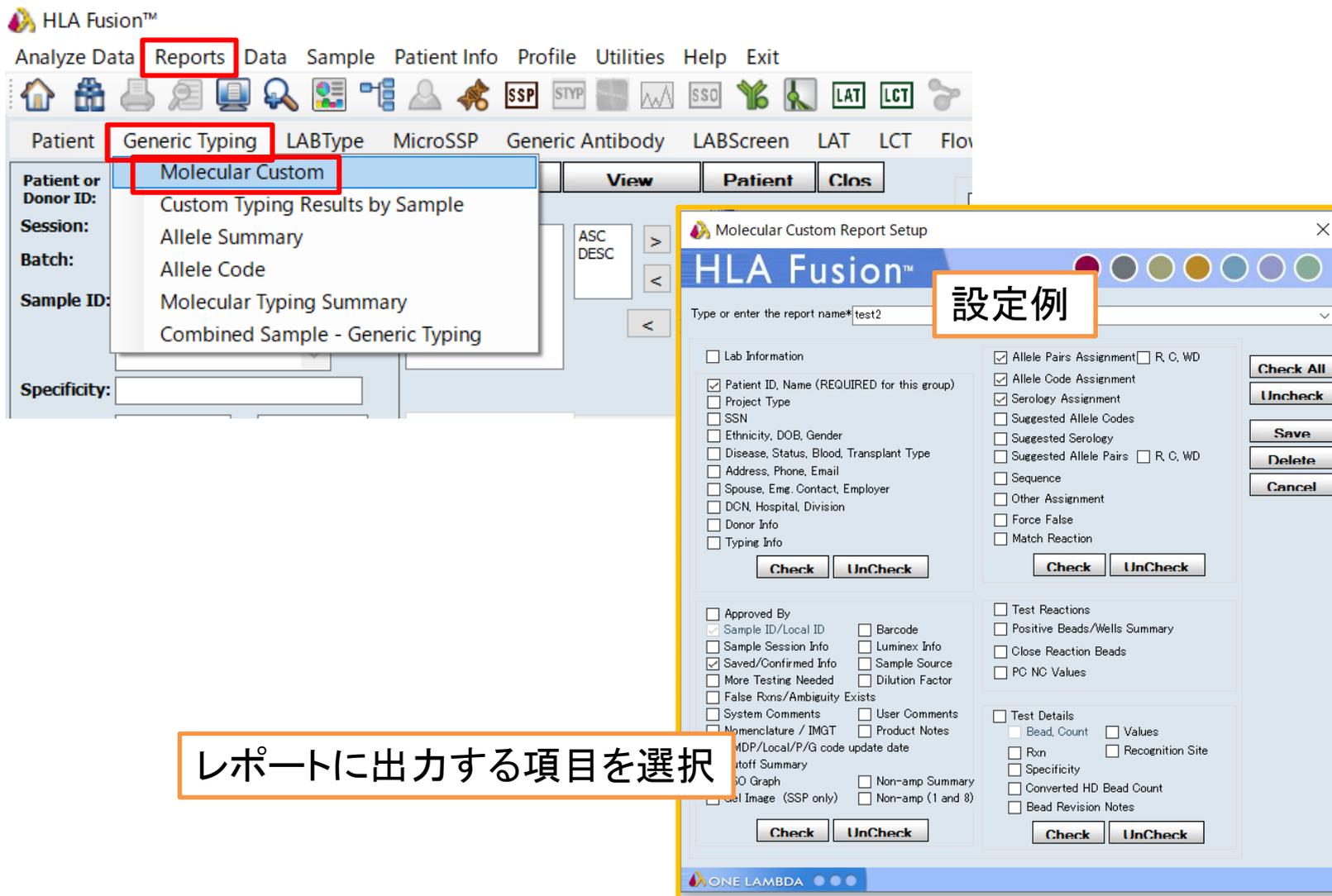
測定結果

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 the top navigation bar. A dropdown menu is open under 'Generic Typing', with 'Molecular Custom' selected. The 'Molecular Custom Report Setup' dialog box is open, showing various checkboxes for report content. A text box in the dialog contains 'test2' and is labeled '設定例' (Example Setting). The dialog has 'Check' and 'UnCheck' buttons for each section, and 'Check All', 'Uncheck', 'Save', 'Delete', and 'Cancel' buttons on the right.

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 > < <

Molecular Custom Report Setup

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)
- 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
- Test Reactions
- Positive Beads/Wells Summary
- Close Reaction Beads
- PC NC Values
- Test Details
 - Bead, Count
 - Values
 - Rxn
 - Recognition Site
 - Specificity
 - Converted HD Bead Count
 - Bead Revision Notes

Check UnCheck

Check UnCheck

Check UnCheck

Check All Uncheck Save Delete Cancel

レポートに出力する項目を選択

ONE LAMBDA

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

Patient or Donor ID: **Molecular Custom**

Session: Custom Typing Results by Sample

Batch: Allele Summary

Sample ID: Allele Code

Specificity: Molecular

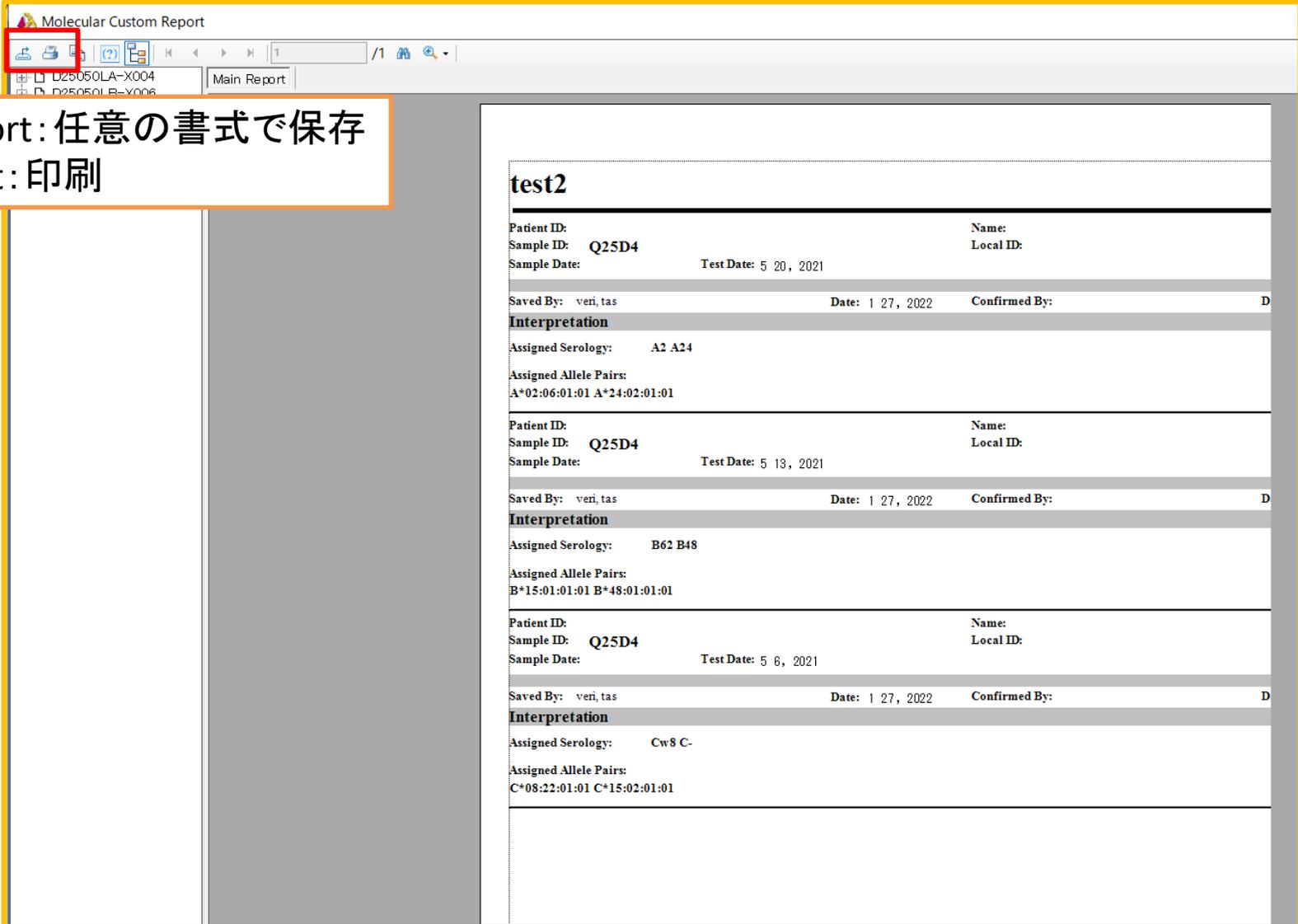
View: プレビュー
Export: 任意の書式で保存

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 shows 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 displays a table of test results for "test2".

test2			
Patient ID:		Name:	
Sample ID:	Q25D4	Local ID:	
Sample Date:		Test Date:	5/20, 2021
Saved By:	veni, tas	Date:	1/27, 2022
Confirmed By:			D
Interpretation			
Assigned Serology:	A2 A24		
Assigned Allele Pairs:	A*02:06:01:01 A*24:02:01:01		
Patient ID:		Name:	
Sample ID:	Q25D4	Local ID:	
Sample Date:		Test Date:	5/13, 2021
Saved By:	veni, tas	Date:	1/27, 2022
Confirmed By:			D
Interpretation			
Assigned Serology:	B62 B48		
Assigned Allele Pairs:	B*15:01:01:01 B*48:01:01:01		
Patient ID:		Name:	
Sample ID:	Q25D4	Local ID:	
Sample Date:		Test Date:	5/6, 2021
Saved By:	veni, tas	Date:	1/27, 2022
Confirmed By:			D
Interpretation			
Assigned Serology:	Cw8 C-		
Assigned Allele Pairs:	C*08:22:01:01 C*15:02:01:01		

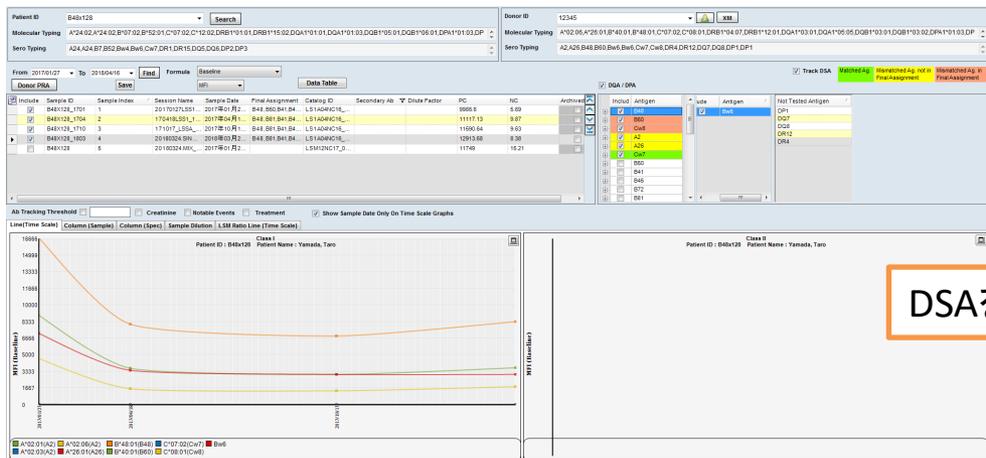
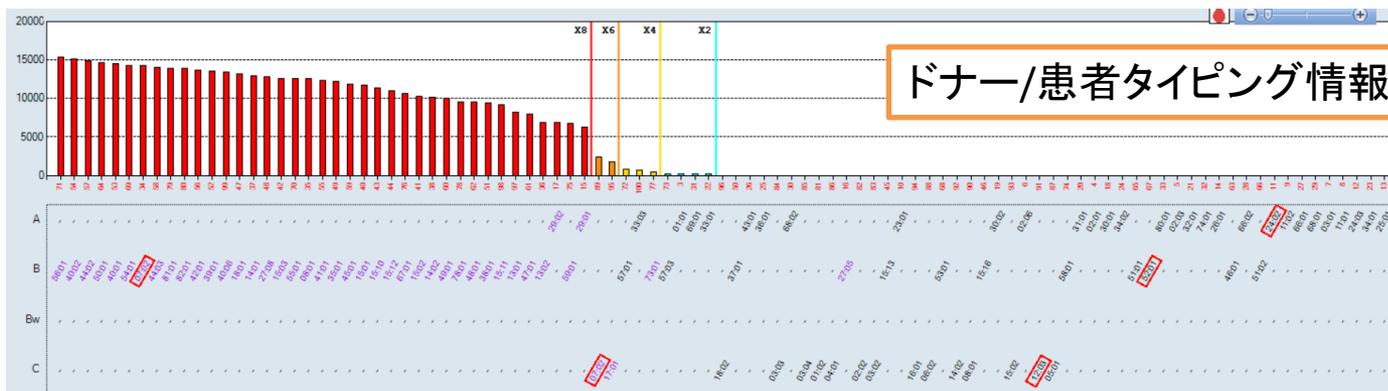
患者情報の登録

登録の手順

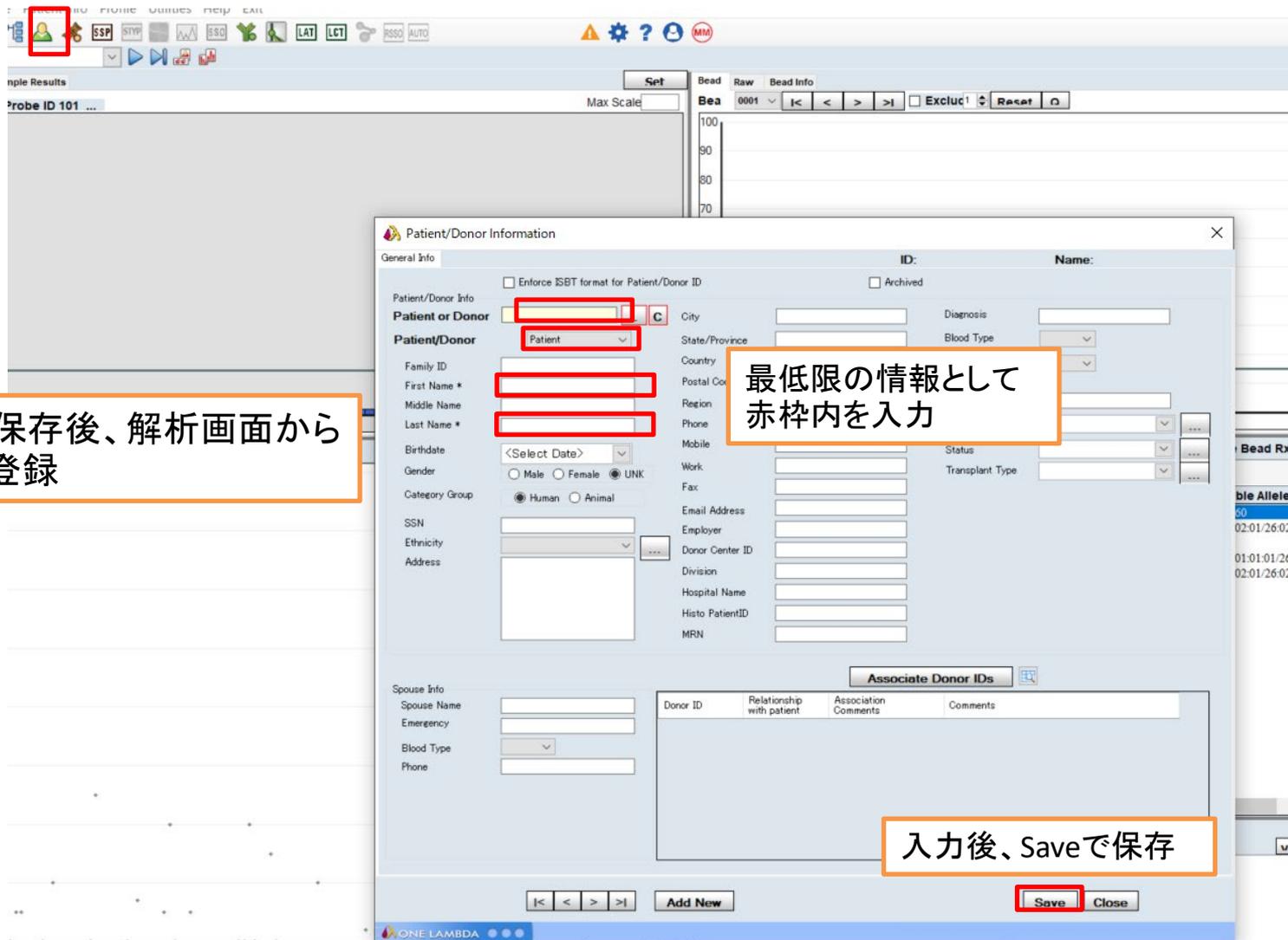
- 患者の基本情報を登録
- 登録した基本情報にタイピング結果を登録
 - タイピング結果はローカス毎に登録が必要

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

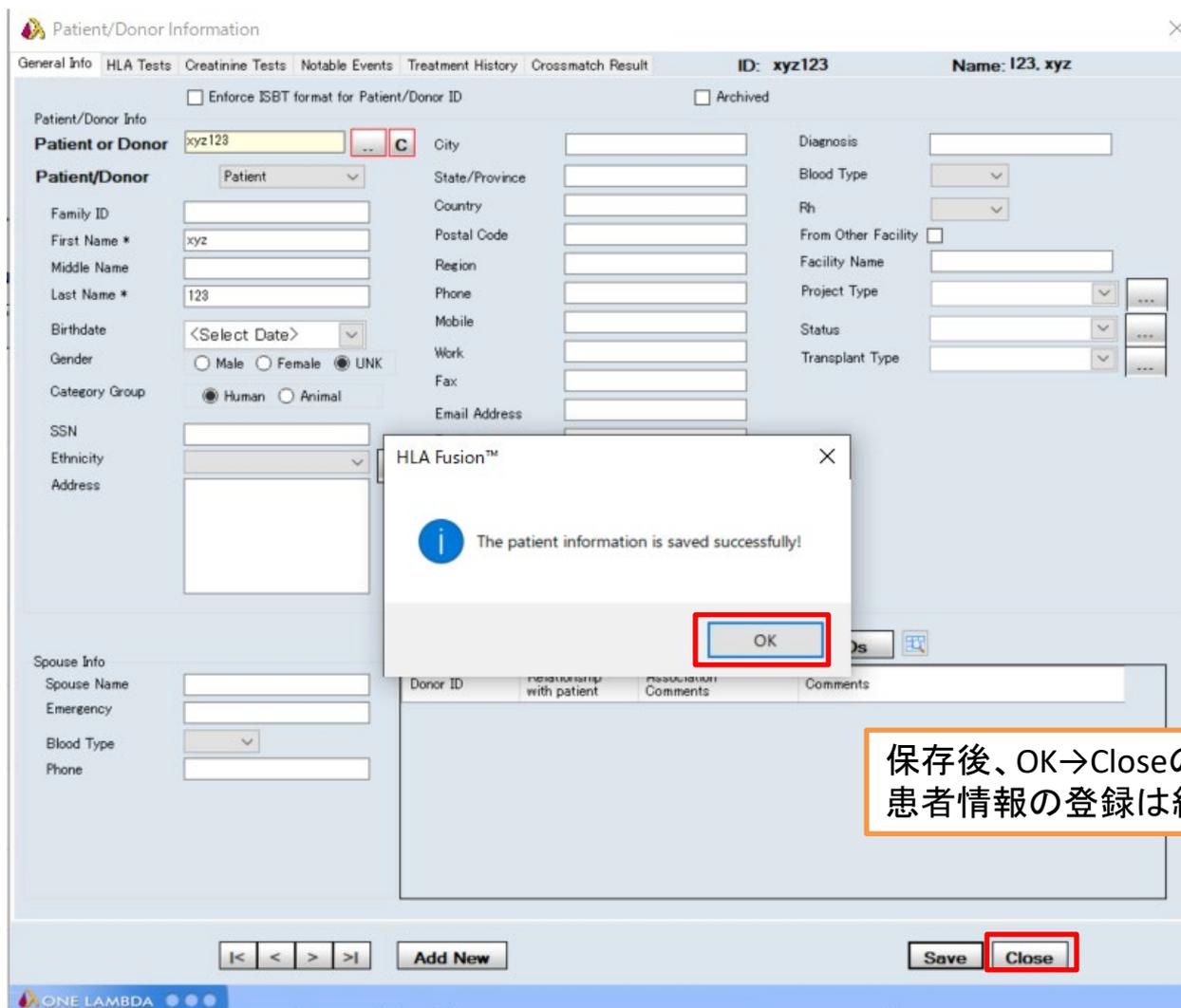


解析結果の保存後、解析画面から患者情報を登録

最低限の情報として赤枠内を入力

入力後、Saveで保存

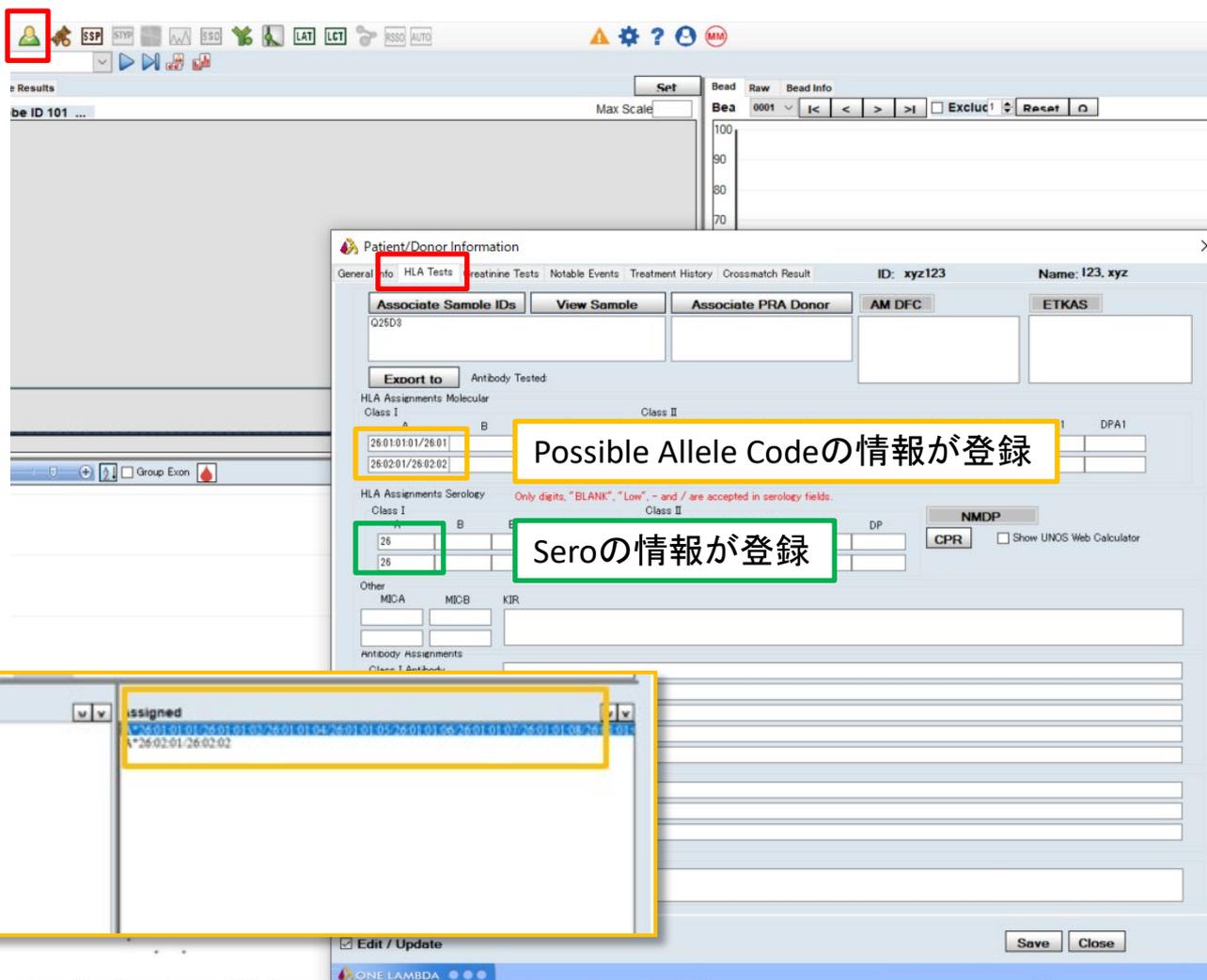
患者情報の登録-2



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

登録内容の確認



Results

Set Bead Raw Bead Info
Bea 0001 |< < > >| Exclud! Reset

100
90
80
70

Max Scale

be ID 101 ...

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
26:02:01/26:02:02

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

Class I Class II

26 26 DP DP1

NMDP CPR Show UNOS Web Calculator

Other MICA MICB KIR

Antibody Assignments

Class I Antibody

Assigned
A24 A24

Assigned
26:01:01/26:01 01:03:01/01:03:01 01:04:01/01:04:01 01:06:01/01:06:01 01:07:01/01:07:01 01:08:01/01:08:01
*26:02:01/26:02:02

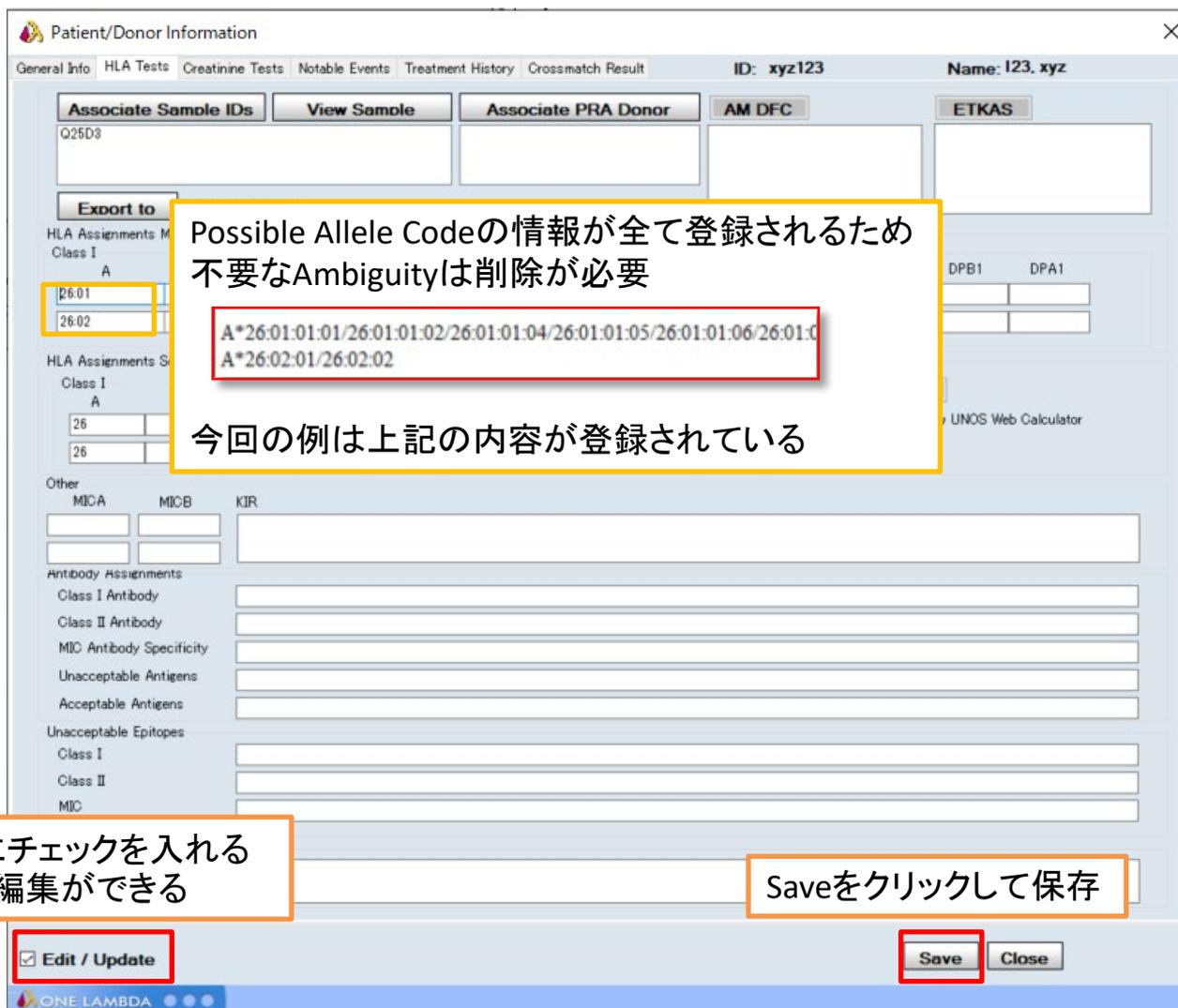
Edit / Update Save Close

ONE LAMBDA

Possible Allele Codeの情報が登録

Seroの情報が登録

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. On the left, a dropdown menu is open, showing options like 'NMDP 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', and 'Low Positive Threshold'. The 'Possible Allele Code Condense' option is selected, and a sub-menu shows 'G1', 'G2', and 'G3' options, with 'G1' selected. On the right, the 'LABType Analysis Configuration' dialog box is open, showing 'Product Type' as 'LABType'. Under the 'Code' section, 'NMDP' is selected. Under the 'Possible Allele Code' section, 'G1', 'G2', and 'G3' are checked. The 'Possible Allele Code' section is highlighted with a yellow box. The main window shows a list of alleles, with 'A*02:06:01:01 A*24:02:01:01 (G1)' highlighted. A yellow box highlights the 'Possible Allele Code' section of the output, showing 'A*02:06 A*24:02'. An orange box highlights the text in the bottom right corner.

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

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。

