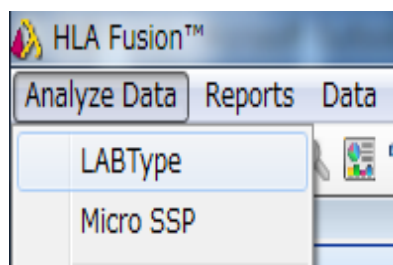
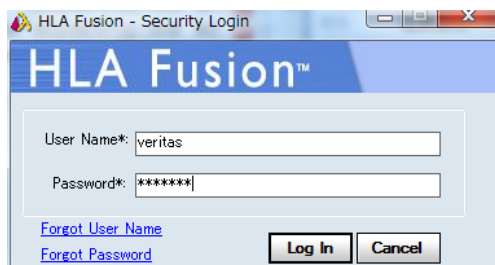


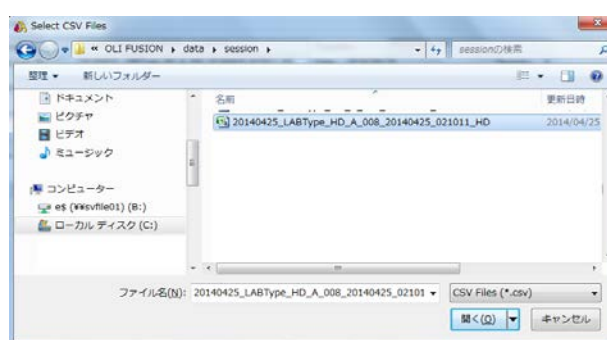
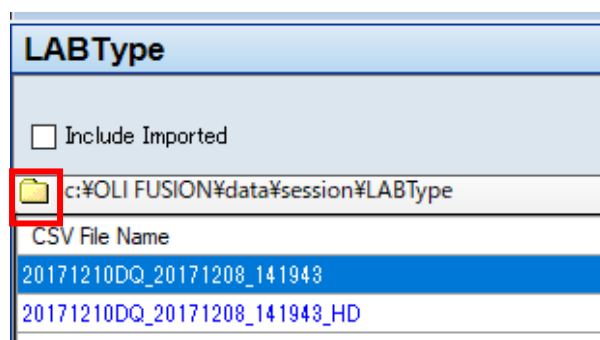
HLA Fusion 4.3 の LABType 簡易解析マニュアル

データのインポート

1. デスクトップから、「HLA Fusion 4.3」アイコンをダブルクリックします。
2. ユーザー名、パスワードを入力、ログイン後、左上の Analyze Data>LABType をクリックします。



3. 画面左側からアイコンをクリック、解析用 CSV ファイルを選択し「開く」をクリックします。
解析に必要なファイルは“csv ファイル”と“rcsv フォルダ”(フォルダ毎移動する)ですので、x PONENT と異なる PC で解析する場合は、必ず上記 2 つを移動してください。



4. Current タブにて、Catalog ID が正しいかを確認し、Import を押します。
Catalog ID 例：「RSSOH1A_008_05」＝「製品コード_ロット_バージョン」

Current

Luminex: LX100/LX200/xPONENT - 3.1.971.0 Template: RSSOH1A_008

Session ID: 20140425_LABType_HD_A_008_20140425_021011_HD Date: 2014/04/25 Samples: 4

File Path: C:\OLI FUSION\data\session#20140425_LABType_HD_A_008_20140425_021011.csv

Catalog ID: RSSOH1A_008_05 NOM/Img: July 2013/3.13.1

Set empty Patient ID Auto Analysis

Well	Sample	Sample Date	PC Values	Luminex Min Bead Cnt	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name
49(1,A7)	H2601		2489	100	Y			
50(1,B7)	H2602		1987	100	Y			
51(1,C7)	H2603		2155	100	Y			
52(1,D7)	H2604		2180	100	Y			

Navigator

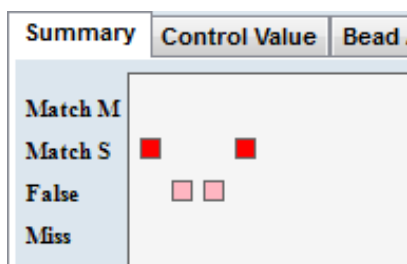
Group: Product Test Date
 Catalog Session Date

2014/06/16
2014/06/12
2014/06/03
2014/05/30
2014/05/12
2014/05/09
2014/04/28
2014/04/25
2014/04/18
2014/04/17

2014/04/25_LABType_HD_A_008_20140425_021011_HD

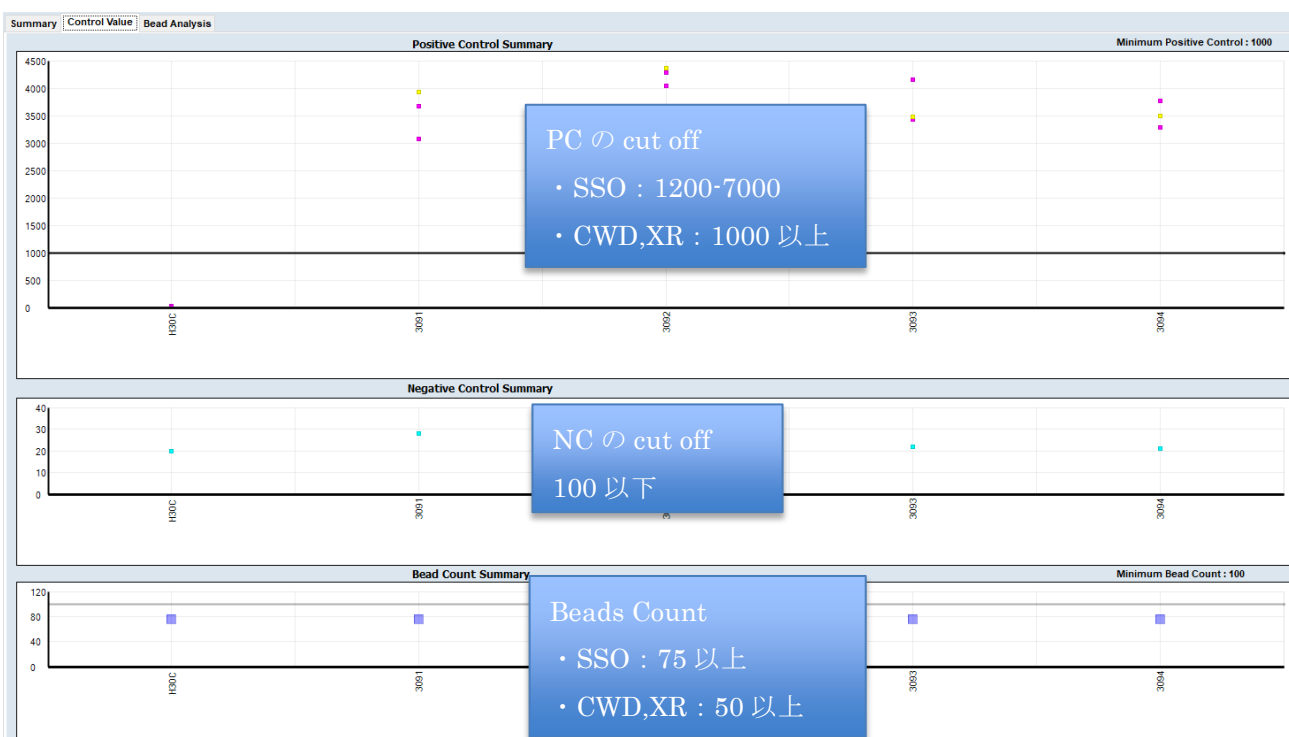
5. 画面左「Navigator」にインポートした Session ID 名が青文字で表示されますのでクリックします。

6. Summary タブ画面で、全検体の自動判定結果が表示されます。



- ◇ Match M : 2桁レベルでアンビギュイティがある検体
- ◇ Match S : 2桁レベルでアンビギュイティがない検体
- ◇ False : 偽陽性、偽陰性反応がある検体
- ◇ Miss : 自動判定によるタイピングできない検体

7. Control Value タブ画面で、PC、NC、Bead Count の確認をします。

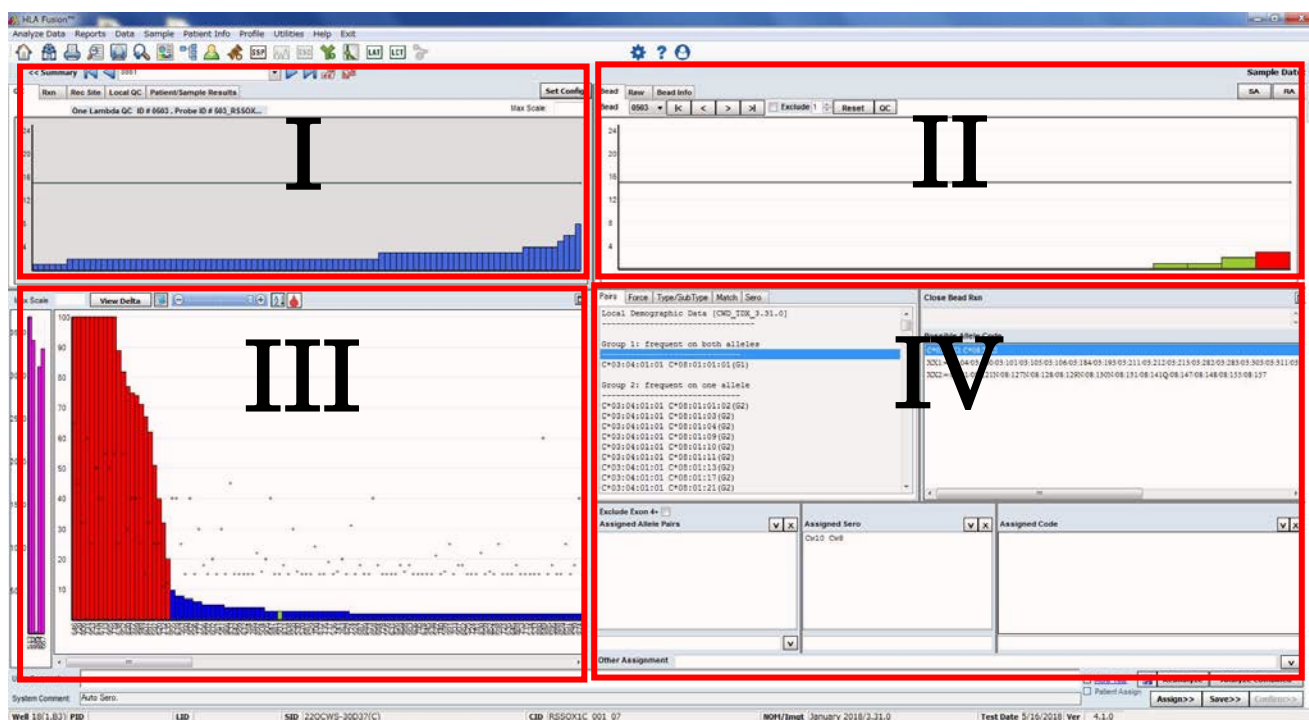


8. 解析する検体のカラムをダブルクリックします。

Session : 20140425_LABType_HD_A_008_20140425_021011_HD_02 Catalog : RSSOH1A_008_05 NOM:

Position	Sample	NC	Exon2	Exon3	Possible Allele Code 1	Possible Allele Code 2	Code Definition
49(1,A)	H2601	13	4123	2488	A*26:XX1	A*31:XX2	XX80
50(1,B)	H2602	9	2868	1987			
51(1,C)	H2603	9	3033	2155			
52(1,D)	H2604	10	3781	2179	A*24:XX1	A*26:02	XX176/2

解析画面の見方



I. メーカーQC情報の表示

青色棒グラフ：メーカーのQC検体の結果、横線：カットオフライン

II. 測定結果の表示

Bead：赤色棒グラフ：解析中の検体、緑色棒グラフ：同時に測定した他の検体、横線：カットオフライン

Raw：各ビーズのローデータの表示

Bead Info：各ビーズのプライマー情報の表示

III. 全ビーズの測定結果の表示

ピンク色棒グラフ：陽性コントロールの蛍光値


グラフ縦軸：陽性コントロールを100%とした時の反応の比率（%）

グラフ横軸：ビーズ番号

青色棒グラフ：陰性ビーズ、赤色棒グラフ：陽性ビーズ、◆マーク：各ビーズのカットオフ値

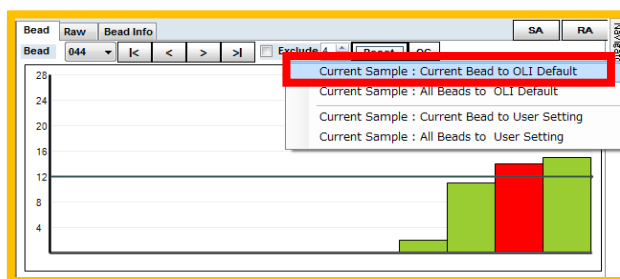
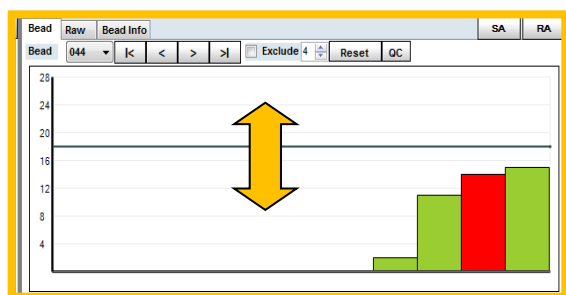
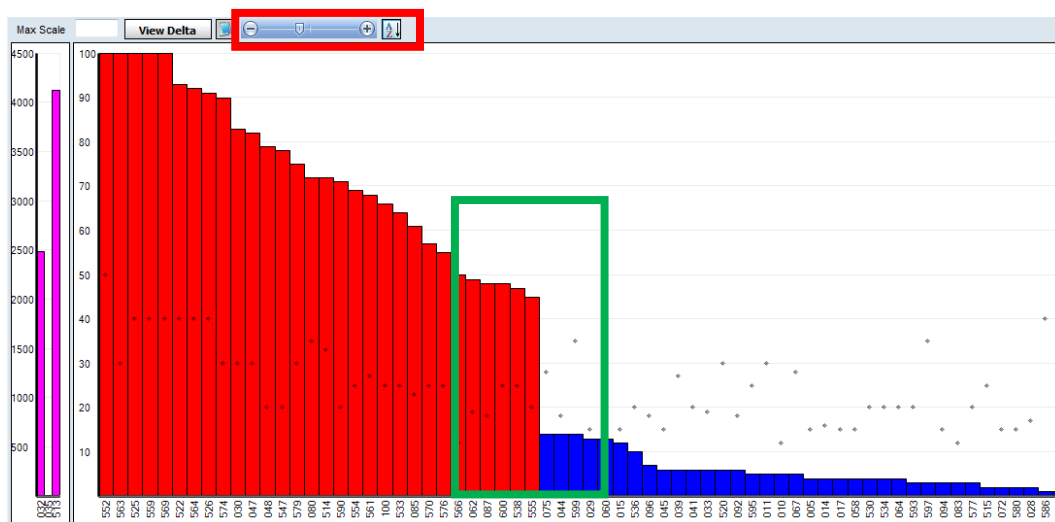
IV. 自動判定によるタイピング結果の表示

解析手順

- IIIの画面の  ボタンをクリックしグラフを並べ替えます。

 : グラフの横軸のスケールを変更できます。

緑色で囲んだ部分、陽性ビーズと陰性ビーズの境界付近を重点的に FP/FN が出てないかを確認します。



カットオフを変更する場合は、カットオフラインを上下に動かします。

変更したカットオフラインを元に戻す場合は、画面左上の Reset ボタンを押します。

選択中の番号のビーズをリセットする場合は「Current Beads to OLI Default」、

全てのビーズをリセットする場合は、「All Beads to OLI Default」をクリックします。

- Pairs のタブ(IVの画面)に表示された解析結果を確認します。6-8 桁で可能性のある全てのアレルペア候補が表示されます。

G1 (Group 1) : 対立遺伝子の両方が HLA 推定アレル一覧表(JSHD)2019 年度版に含まれる

G2 (Group 2) : 対立遺伝子の片方が HLA 推定アレル一覧表(JSHD)2019 年度版に含まれる

G3 (Group 3) : 対立遺伝子が両方とも HLA 推定アレル一覧表(JSHD)2019 年度版に含まれない

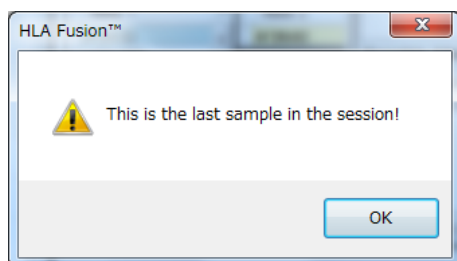
3. 反応パターンに問題がある場合は、FP#（偽陽性ビーズ番号）、FN#（偽陰性ビーズ番号）が表示されますので、カットオフ値変更を検討します
 カットオフ値を変更するビーズの数、どの程度変更するかは、各施設で基準を決定することを推奨します。

Pairs	Force	Type/SubType	Match	Sero
A*26:01:01	A*31:01:02	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:03	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:04	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:09	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:10	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:12	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:13	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:14	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:15	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:16	FP#	044	
A*26:01:01	A*31:01:17	FP#	044	

4. Pairs タブより最も確からしいアレル（G1 のアレル等）をダブルクリックし、Assigned Allele Paris の欄にアサインします。必要に応じて血清型を右側の Sero タブから、Assigned Code を Possible Allele Code 欄よりダブルクリックします。

The screenshot shows the HLA Fusion software interface. The 'Pairs' tab is active, displaying a list of allele pairs. The pair 'A*26:01:01 A*31:01:02 (G1)' is highlighted. The 'Sero' tab is also active, showing 'Possible Allele Code' with 'A*26:XX1 A*31:XX2' selected. Below the tabs, the 'Assigned Allele Pairs', 'Assigned Sero', and 'Assigned Code' fields are populated with the selected values: 'A*26:01:01 A*31:01:02', 'A26 A31', and 'A*26:XX1 A*31:XX2' respectively.

5. 解析終了後は、必ず画面左下の Save ボタンを押します。Save を押すと自動的に次の検体の解析に進みます。最後のサンプルの場合は、以下の画面が出ますので OK を押します。

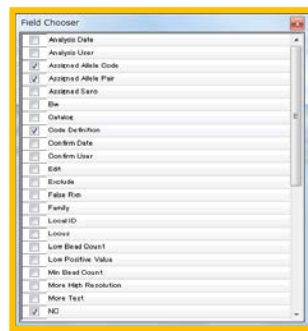


簡易レポート作成



1. 画面上部の <Summary をクリックします。
2. 下記の Summary 画面で、測定バッチのタイピング結果が一覧で表示されます。画面右下の Export より Excel 形式で表示内容をそのまま Export できます。
表示内容を変更する場合は左上のボタンを押します。

Summary						
Control Value		Bead Analysis				
Match M						
Match S	■ ■ ■ ■					
False						
Miss						
Session : 20140425_LABType_HD_A_008_20140425_021011_HD Catalog : RSSOH1A_008_05 NOM: July 2013						
Positi	Sample	Assigned Allele Code	Assigned Allele Pair	Possible Allele Code 1	Possible Allele Code 2	
49(1)	Well Position	A*26:XX1 A*31:XX2	A*26:01:01 A*31:01:02	A*26:XX1	A*31:XX2	
50(1,B)	H2602	A*02:XX1 A*24:20	A*02:07:01 A*24:20	A*02:XX1	A*24:20	
51(1,C)	H2603	A*03:XX1 A*24:XX2	A*03:01:01:01 A*24:20	A*03:XX1	A*24:XX2	
52(1,D)	H2604	A*24:XX1 A*26:02	A*24:02:01:01 A*26:02	A*24:XX1	A*26:02	



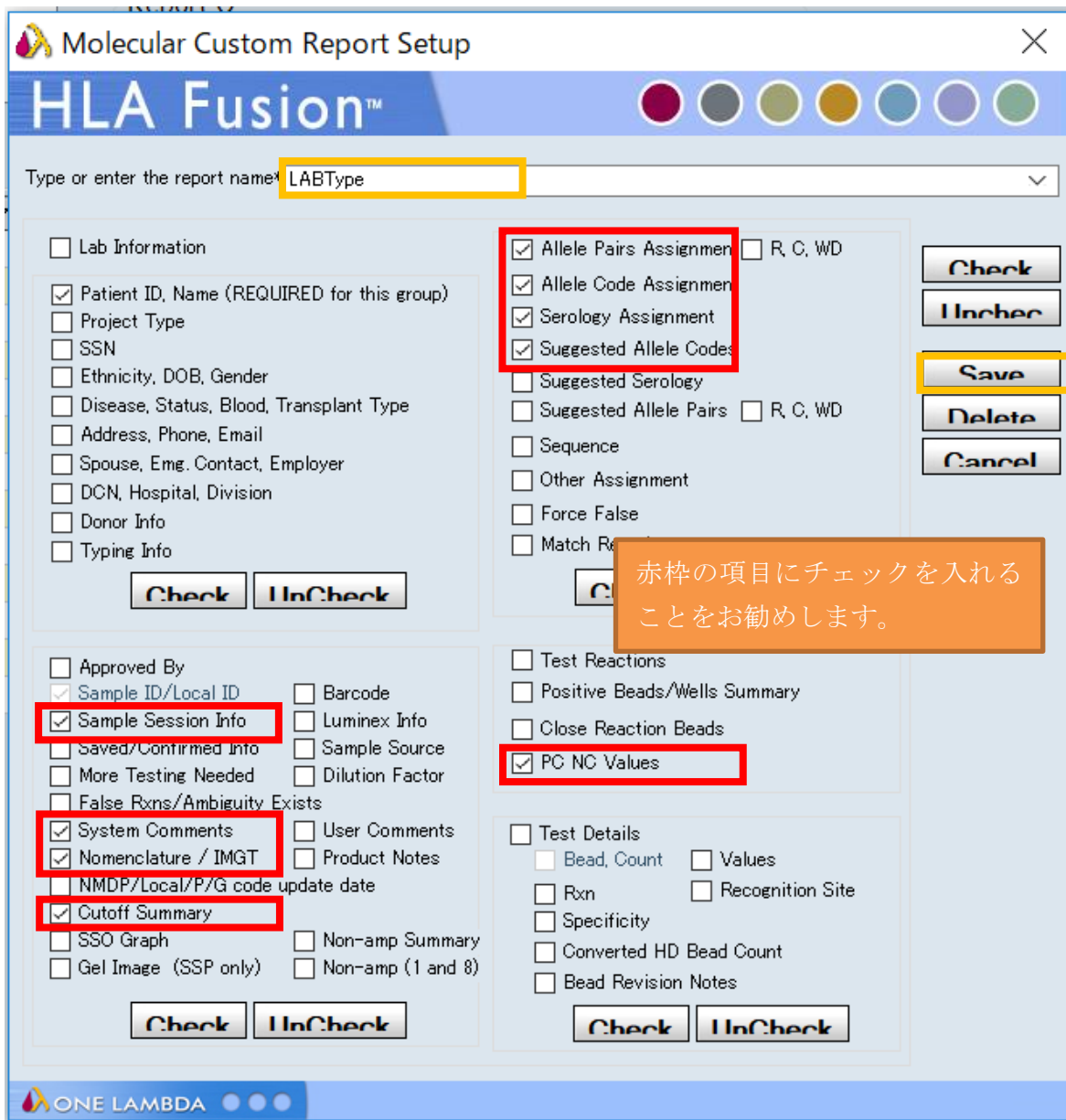
Field Chooser の画面が開きますので、表示したい内容にチェックし保存します。

最低でも以下の項目はチェックを入れることお勧めします。

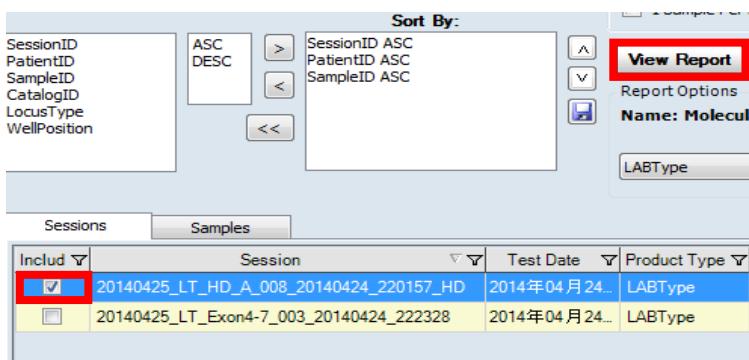
- Assigned Allele Code : アサインしたアレルコード
- Assigned Allele Pair : アサインしたアレルペア
- Assigned Sero : アサインした血清型
- Code Definition : アレルコードの詳細
- Possible Allele Code 1、2 : 可能性のある全てのアレルコード
- System Coment : カットオフ値の変更等の自動コメント

● 詳細レポート作成

1. 画面上部 Report を選択し、Generic Typing>Molecular Custom を選択します。
2. 画面右側 Set up ボタンを押します。レポート名を入力し、出力する項目にチェックを入れます。最後に Save を押して設定を保存します。



3. 出力するデータにチェックを入れ、画面右側の View Report をクリックします。



レポートは、そのままプリントアウト、または PDF 等に保存が可能です。