HLA Fusion4.4
MatchMakerマニュアル

株式会社ベリタス

2022/01/07

MatchMakerとは

- Duquesnoyが作成したフリーソフト
  - 下記リンクよりダウンロード可能
    http://www.epitopes.net/index.html
- HLA Fusion MatchMakerでは2つの解析が可能
  - Epitope Matching

    PatientとDonorのタイピング結果を入力することMismatchの数を表示
  - Epitope Analysis

    LABScreen Single Antigenデータをもとにエピトープ解析
- エピトープ解析を行うためには、ドナー、レシピエント共に4桁のタイピング情報が必要

データベースの設定

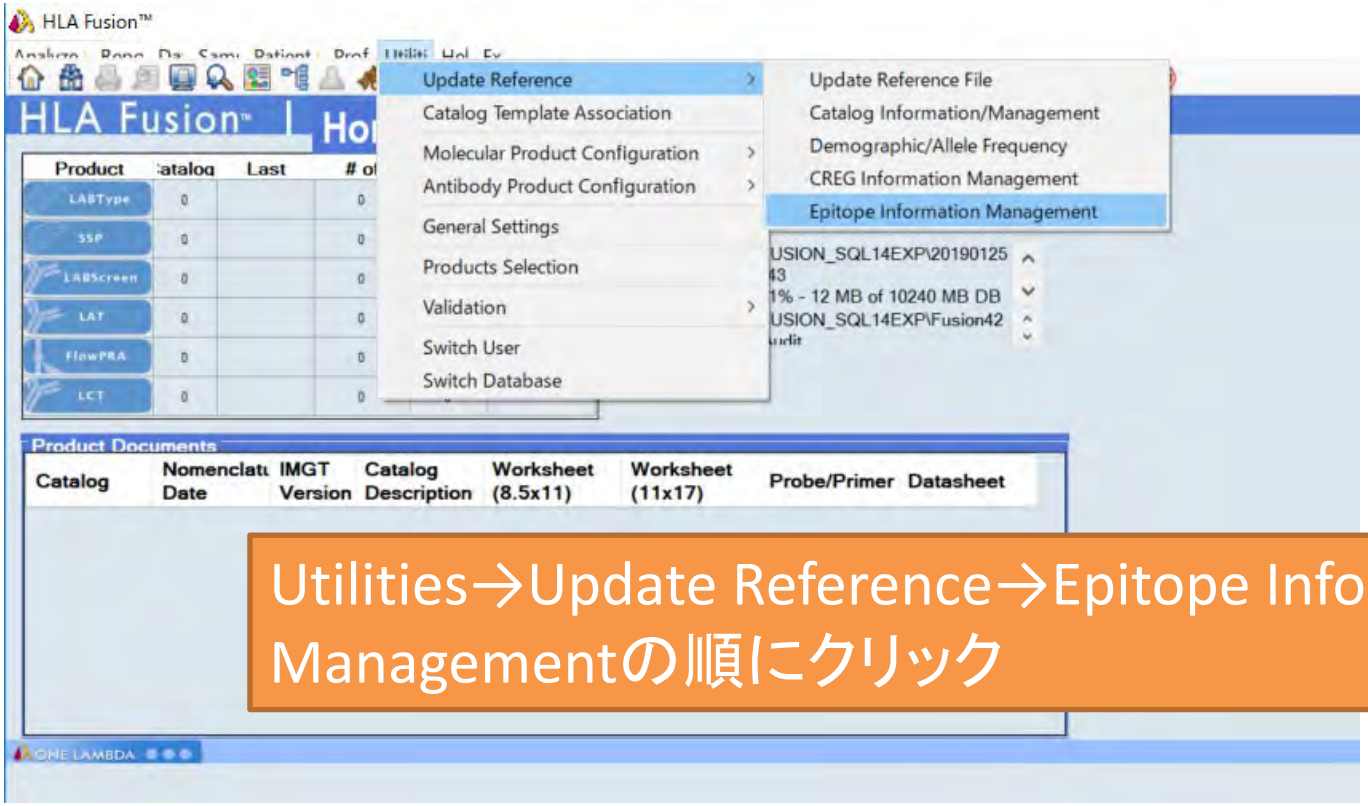
解析用ファイルとは

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
1	Class I												
2													
3	Class	Epitope Name	Sero Group	AA Position	Polymorphic Residues	Exposed	Antibody Reactivity	Frequency	Struct Epitope	Alleles			
4	I	1C		1	1C	Yes				C*01:02	C*02:02	C*02:10	C*05:01
5	I	16S		16	16S	Yes				C*02:02	C*02:10	C*04:03	C*02:03
6	I	17RS		14,17	R,S	Yes				A*30:01	A*30:02	A*01:02	A*01:20
7	I	17WR		14-17	14W17R(49E)	Yes				C*04:01	A*02:109	B*39:41	C*04:04
8	I	41T		41	41T	Yes	Confirmed			B*13:01	B*13:02	B*40:01	B*40:02
9	I	43RRM		43-44-45	43R44R45M	Yes				A*02:02	A*02:05	A*02:08	A*02:115
10	I	44KM$_3$		44,45 (149,150,151,152) (1	K,M (A,V,H,A) (V)	Yes	Confirmed			A*01:01	A*36:01	A*01:02	A*01:03
11	I	44RM		44-45	44R45M	Yes				A*02:01	A*02:02	A*02:03	A*02:05
12	I	44RMA		44-45-46	44R45M46A	Yes	Confirmed			B*13:01	B*13:02	B*15:01	B*15:02
13	I	44RME		44-45-46	44R45M46E(67V)	Yes				A*02:01	A*02:02	A*02:03	A*02:05
14	I	44RT		44,45,46	R,T,E	Yes	Provisional			B*18:01	B*35:01	B*35:08	B*37:01
15	I	44RT+69TNT		44-45-46 + 69-70-71	44R45T46E + 69T70N71T	Yes	Provisional			B*18:01	B*18:02	B*18:03	B*18:04

- Duquesnoyのデータベースを参照にOne Lambdaが作成したエピトープ情報
  - Confirmed：実験で証明されている
  - Provisional：理論的に存在が予測されるが実験では証明されていない
  - Blank：unknown

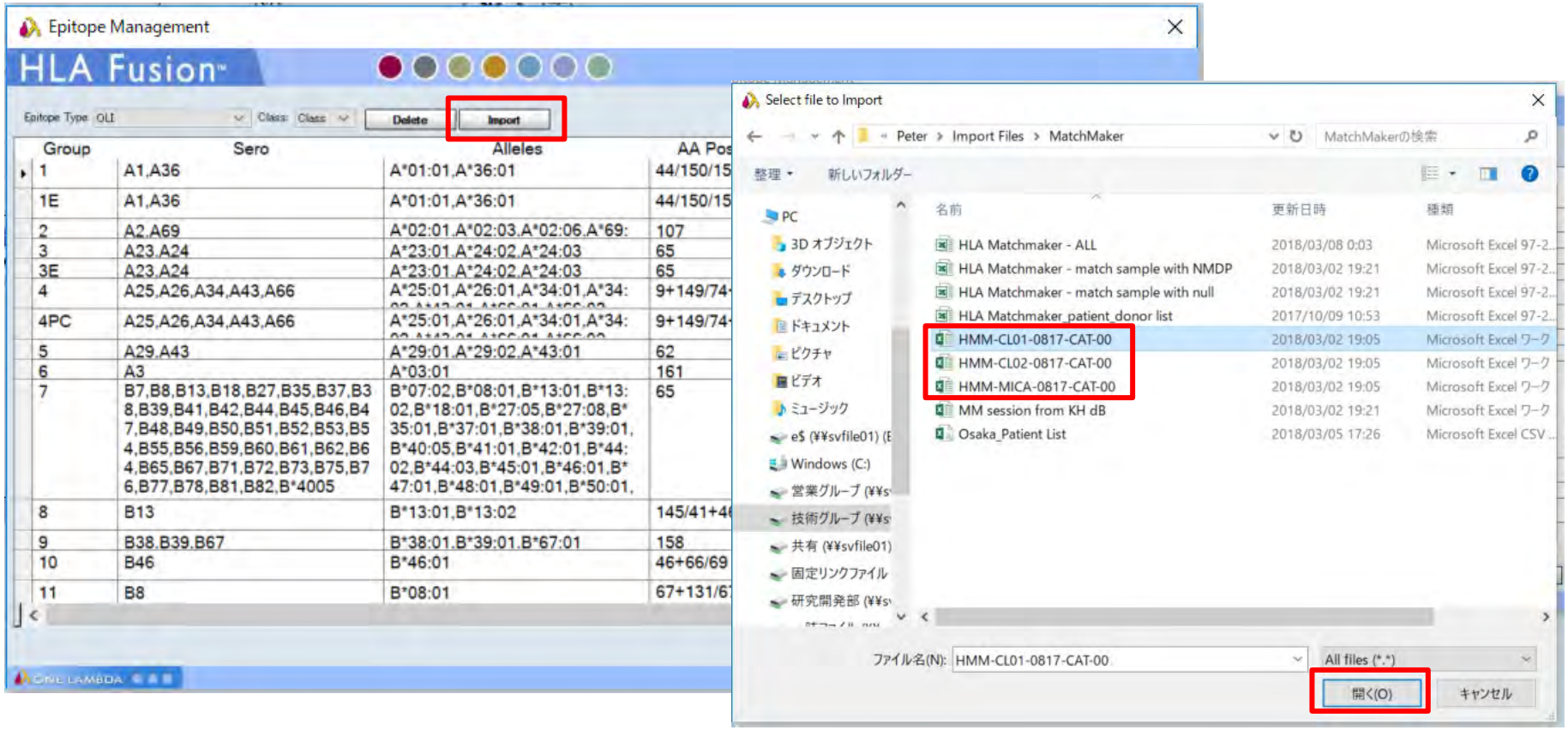
解析用ファイルのインポート-1

解析用ファイル（Excelファイル）はClass1,Class2,MICAの３種類があります。



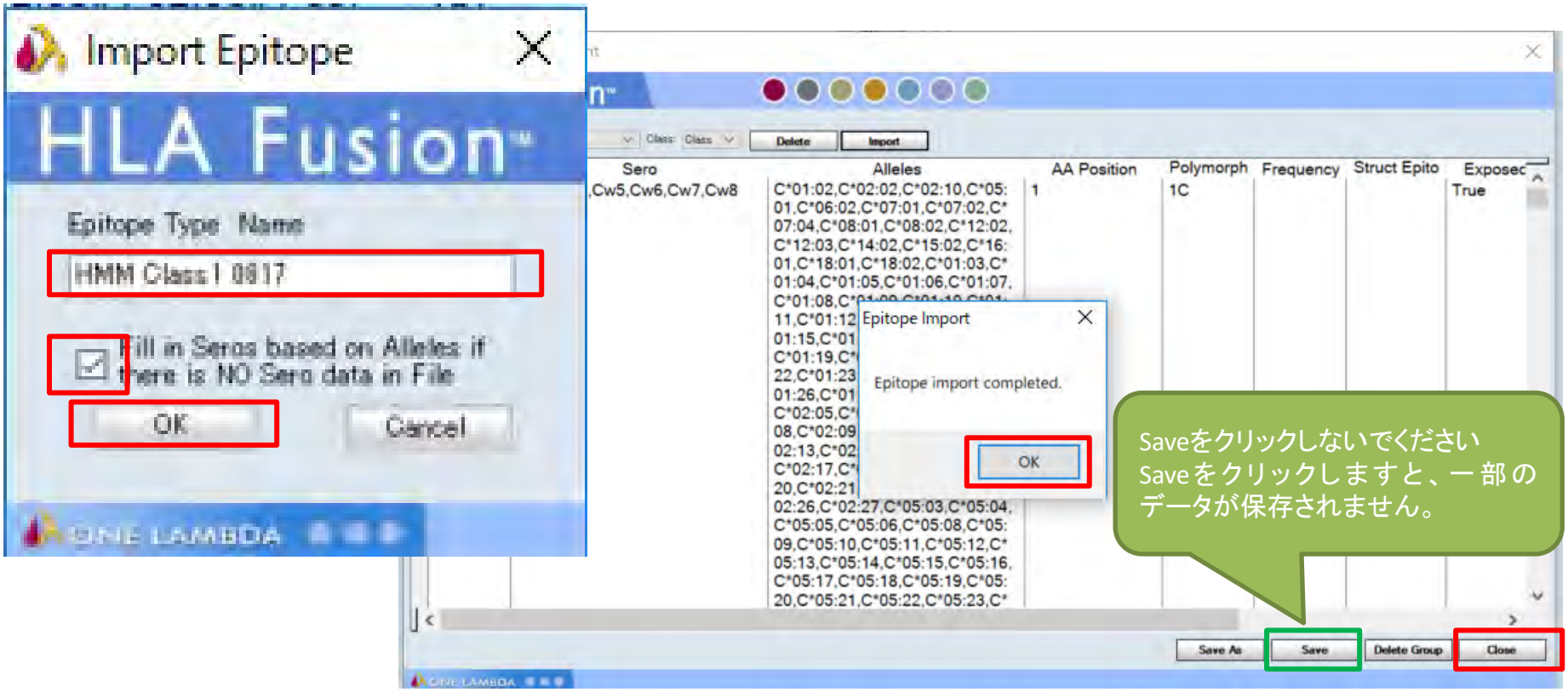
Utilities→Update Reference→Epitope Information Managementの順にクリック

解析用ファイルのインポート-2



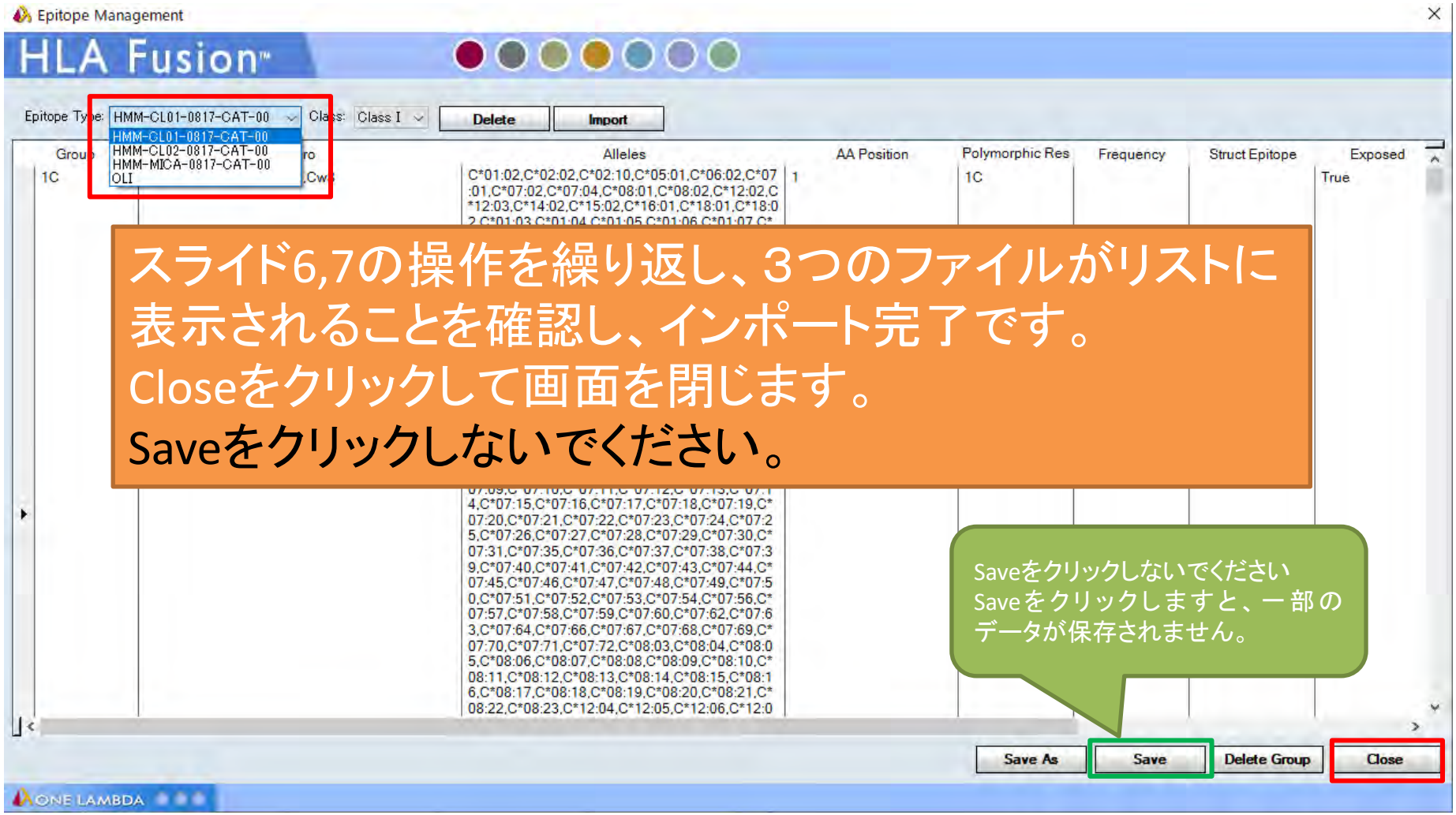
Importをクリックし、ファイルを選択→開くをクリック
１度にインポートできるファイルは1つのみです。

解析用ファイルのインポート-3



Epitope Type Nameを入力し、□にチェックを入れ、OKをクリック
Epitope Type Nameはcsvファイル名と同じで構いません
インポート終了画面が表示されますのでOKをクリック
Closeをクリックして終了（Saveをクリックしないでください）

解析用ファイルのインポート-4

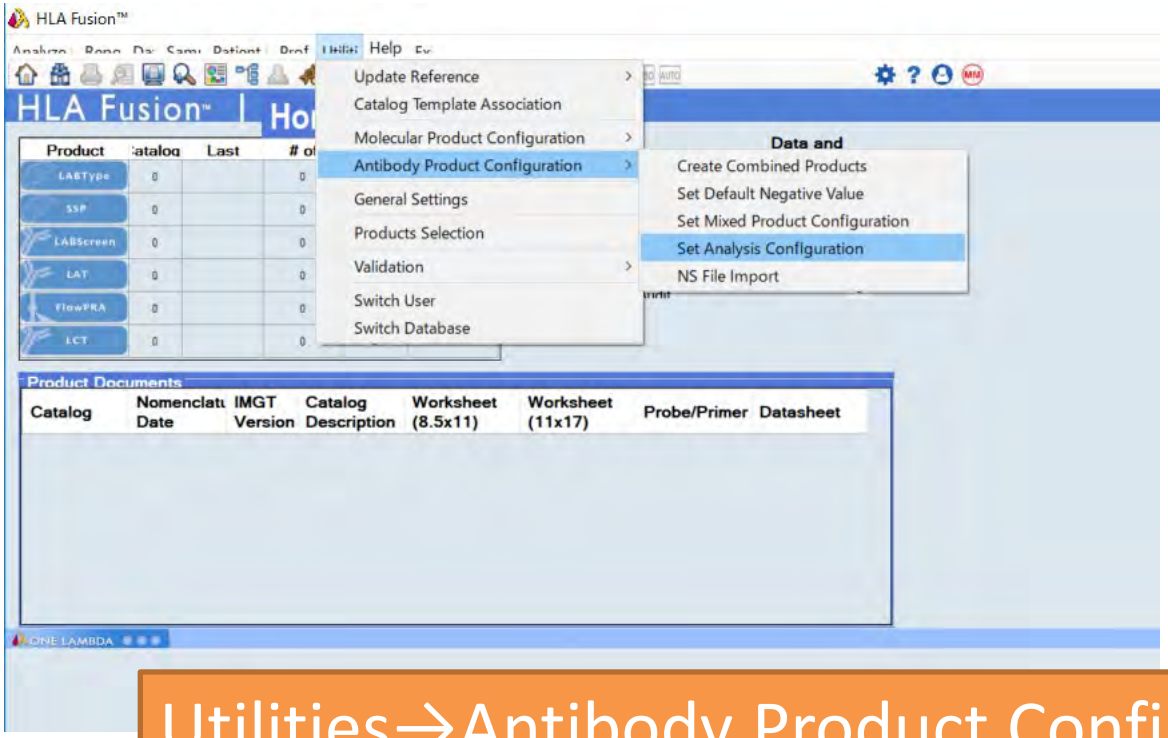


スライド6,7の操作を繰り返し、3つのファイルがリストに表示されることを確認し、インポート完了です。
Closeをクリックして画面を閉じます。
Saveをクリックしないでください。

Saveをクリックしないでください
Saveをクリックしますと、一部のデータが保存されません。

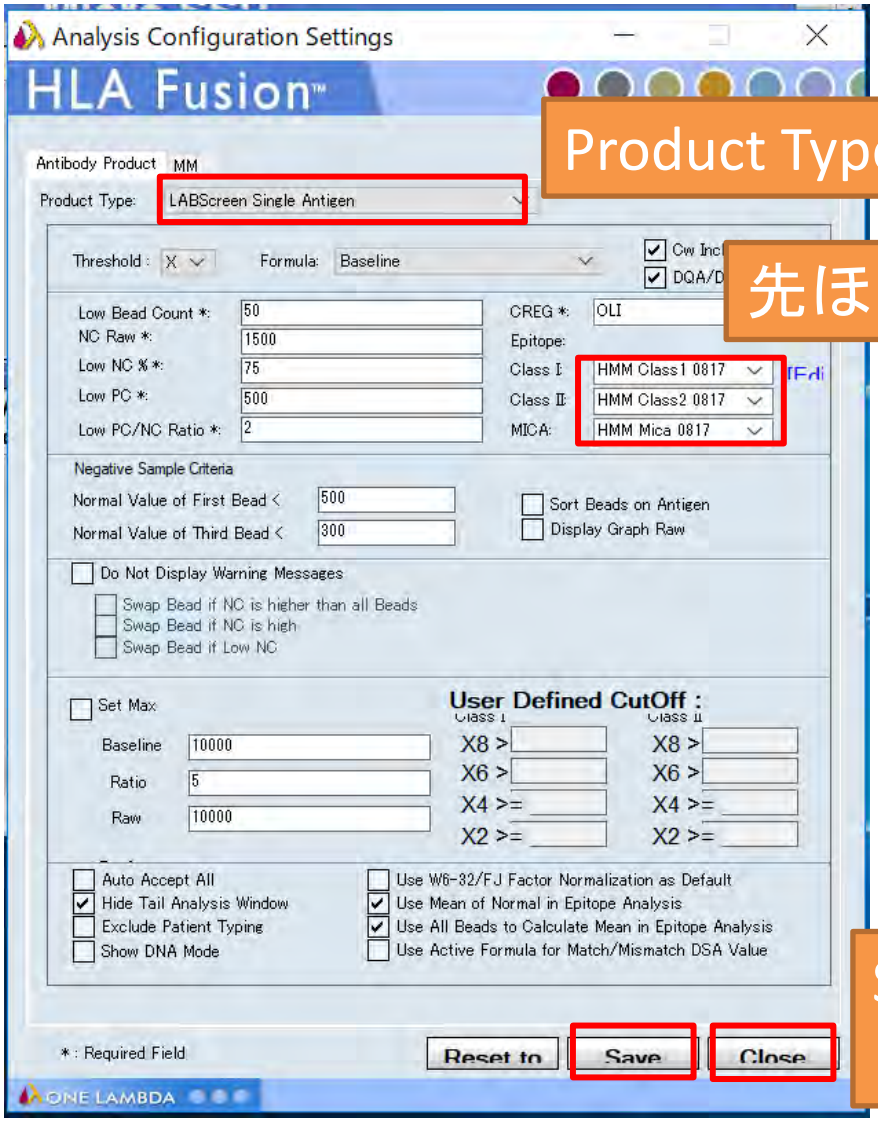
解析の設定-1

インポートした情報をLABScreen Single Antigenの解析の際に使用するための設定をします。



Utilities→Antibody Product Configuration→Set Analysis Configurationの順にクリック

解析の設定-2



Product Type : LABScreen Single Antigenを選択

先ほどインポートしたファイルを選択

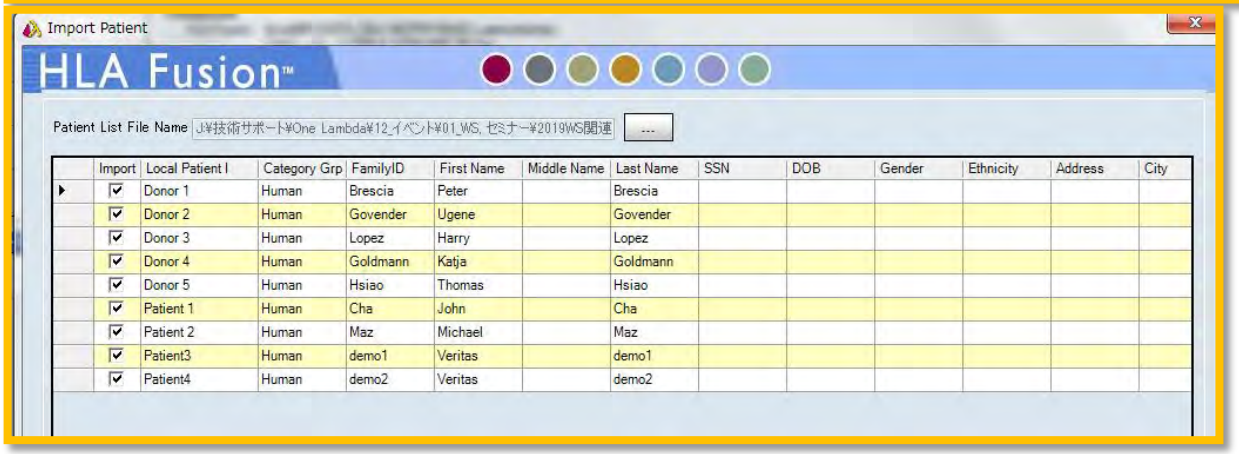
解析用ファイルの更新時は必ずスライドP5~10の操作を行い、最新の情報を使用して解析を行ってください。
更新情報は弊社のweb及びメールニュースにてご案内致します。

Save→Closeの順にクリックして終了です。

(参考) Patient情報インポート用ファイル

	A	B	C	D	E	F	G	AF	AG	AH	AI	AJ
1	PatientID	CategoryG	FamilyID	FirstName	MiddleNa	LastName	Ssn	RhBloodT	PatientDo	Associate	Associated DonorIDs	HLA1_
2	Patient 1			John		Cha			Patient		Donor 1,Donor 2,Donor 3,Donor 4,Donor 5	A*03:0
3	Patient 2			Michael		Maz			Patient		Donor 1,Donor 2,Donor 3,Donor 4,Donor 5	A*11:0
4	Donor 1			Peter		Brescia			Donor			A*34:0
5	Donor 2											A*23:1
6	Donor 3											A*29:0
7	Donor 4											A*03:0
8	Donor 5											A*01:0
9	Patient3			Veritas		demo1			Patient		Donor 1,Donor 2,Donor 3	A*11:0
10	Patient4			Veritas		demo2			Patient		Donor4	A*03:0

csvファイルを読み込むことでPatient情報をインポートすることができます。
ひな型がインストールCD内に入っています。

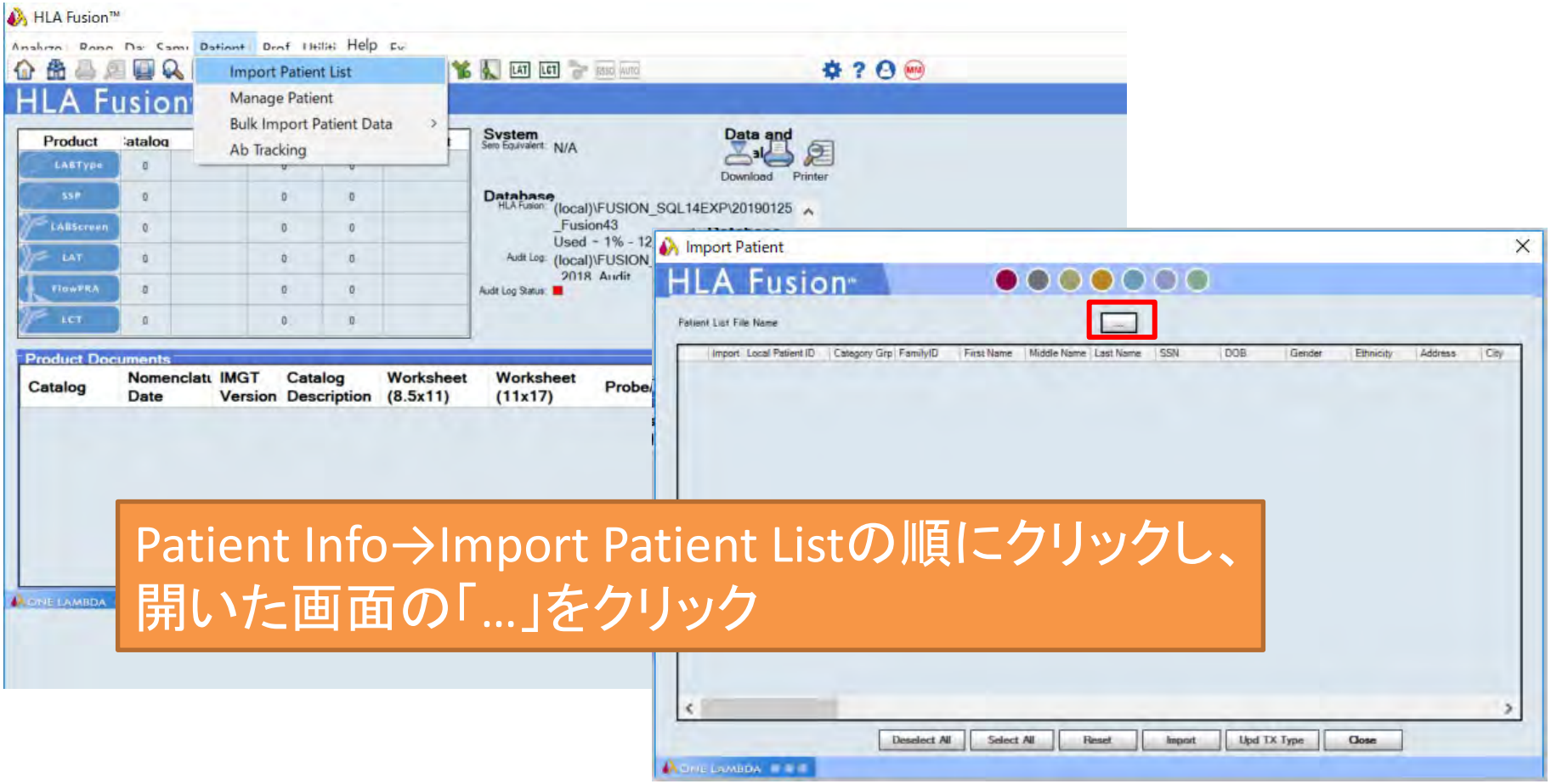


Import	Local Patient I	Category Grp	FamilyID	First Name	Middle Name	Last Name	SSN	DOB	Gender	Ethnicity	Address	City
☑	Donor 1	Human	Brescia	Peter		Brescia						
☑	Donor 2	Human	Govender	Ugene		Govender						
☑	Donor 3	Human	Lopez	Harry		Lopez						
☑	Donor 4	Human	Goldmann	Katja		Goldmann						
☑	Donor 5	Human	Hsiao	Thomas		Hsiao						
☑	Patient 1	Human	Cha	John		Cha						
☑	Patient 2	Human	Maz	Michael		Maz						
☑	Patient3	Human	demo1	Veritas		demo1						
☑	Patient4	Human	demo2	Veritas		demo2						

HLA Fusionにインポートした画面

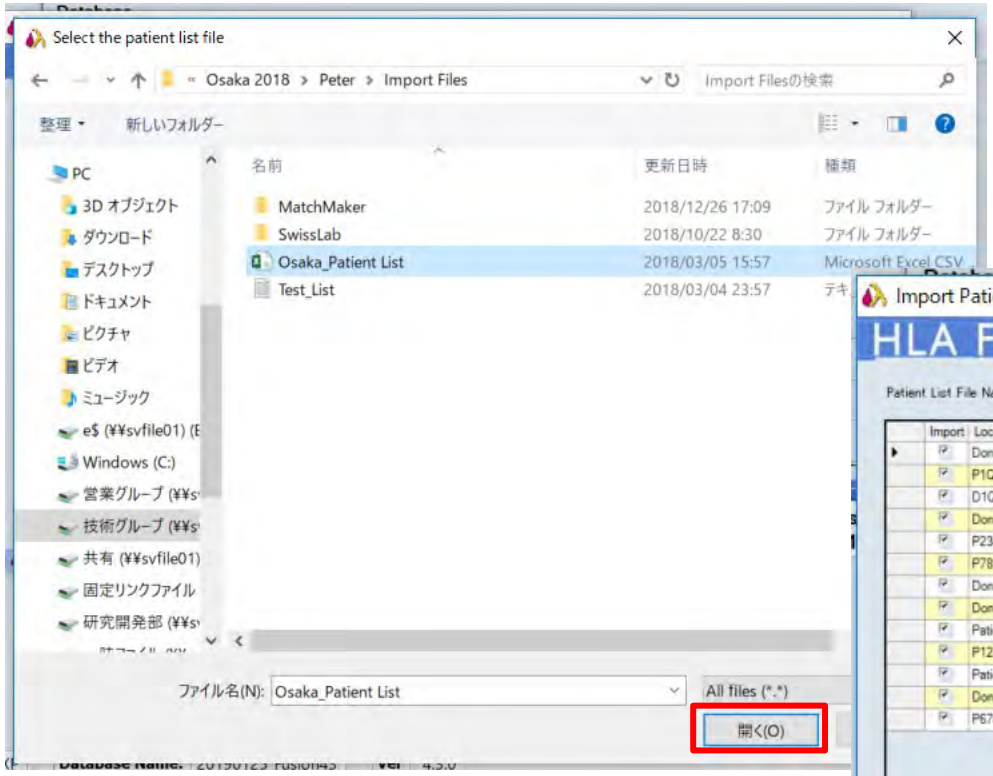
日本語不可です。半角英数字を使用してください。
AI列にDonor IDを入力することでPatient情報とDonor情報の紐づけができます。

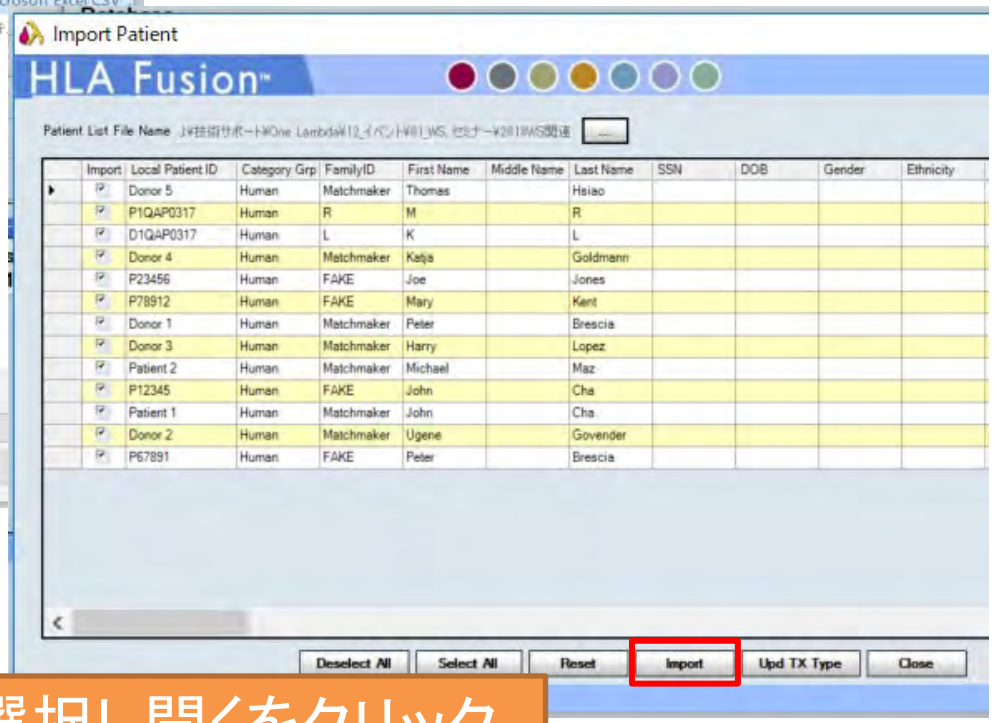
(参考)Patient情報のインポート-1



Patient Info→Import Patient Listの順にクリックし、開いた画面の「…」をクリック

(参考)Patient情報のインポート-2



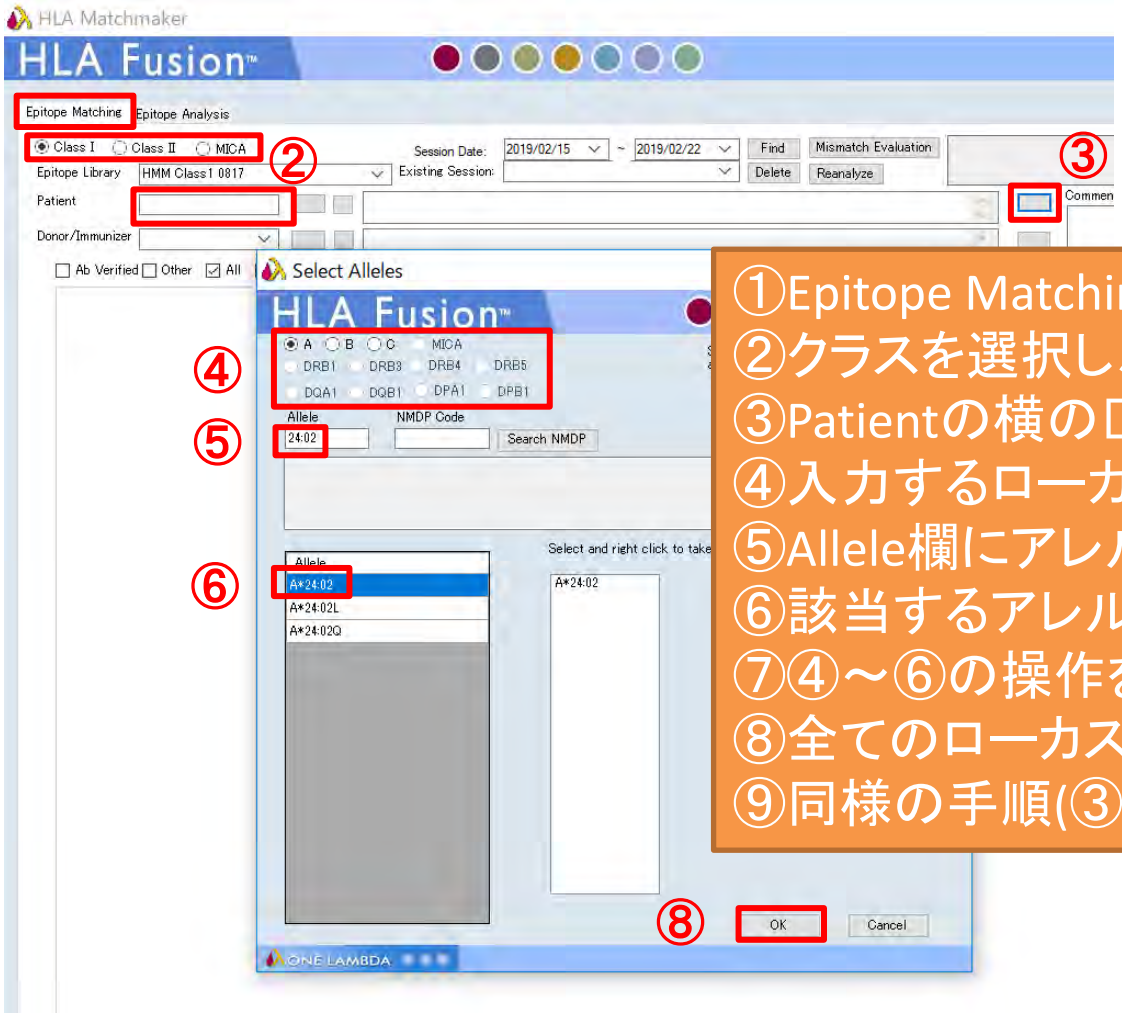


インポートするファイルを選択し開くをクリック
Importをクリックして終了です

Epitope Matching

タイピング情報の入力

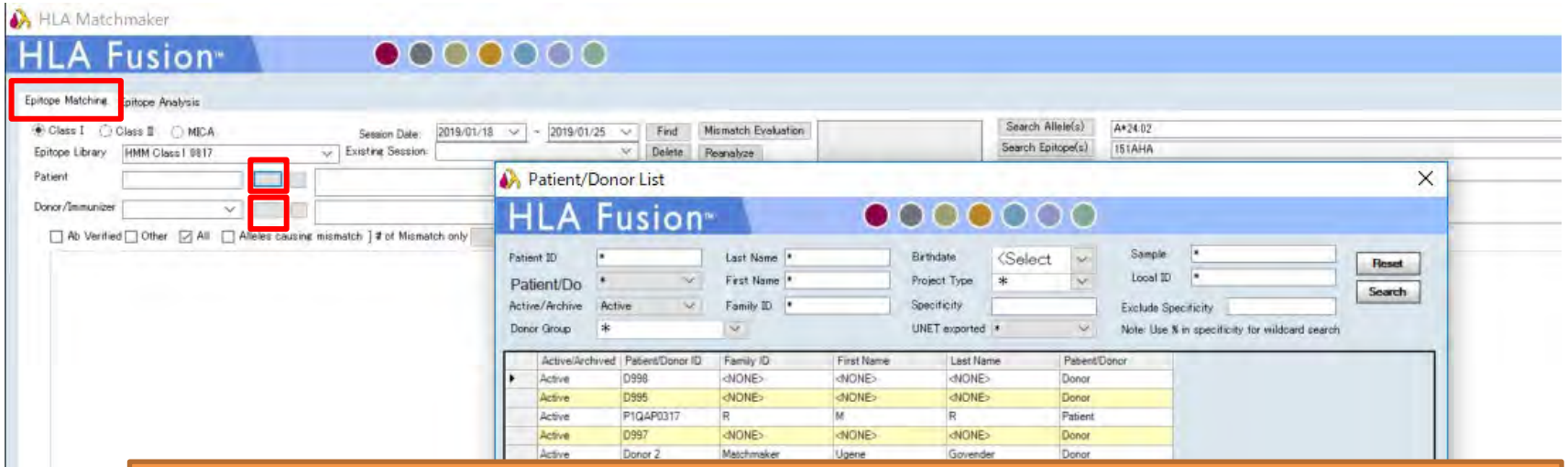
手入力する場合



①Epitope Matchingタブを開く
②クラスを選択し、Patient名を入力
③Patientの横の□(Select alleles)をクリック
④入力するローカスを選択
⑤Allele欄にアレルを入力
⑥該当するアレルをダブルクリック
⑦④～⑥の操作を繰り返す
⑧全てのローカスの入力が終了後OKをクリック
⑨同様の手順(③～⑧)でDonor情報も入力

タイピング情報の入力

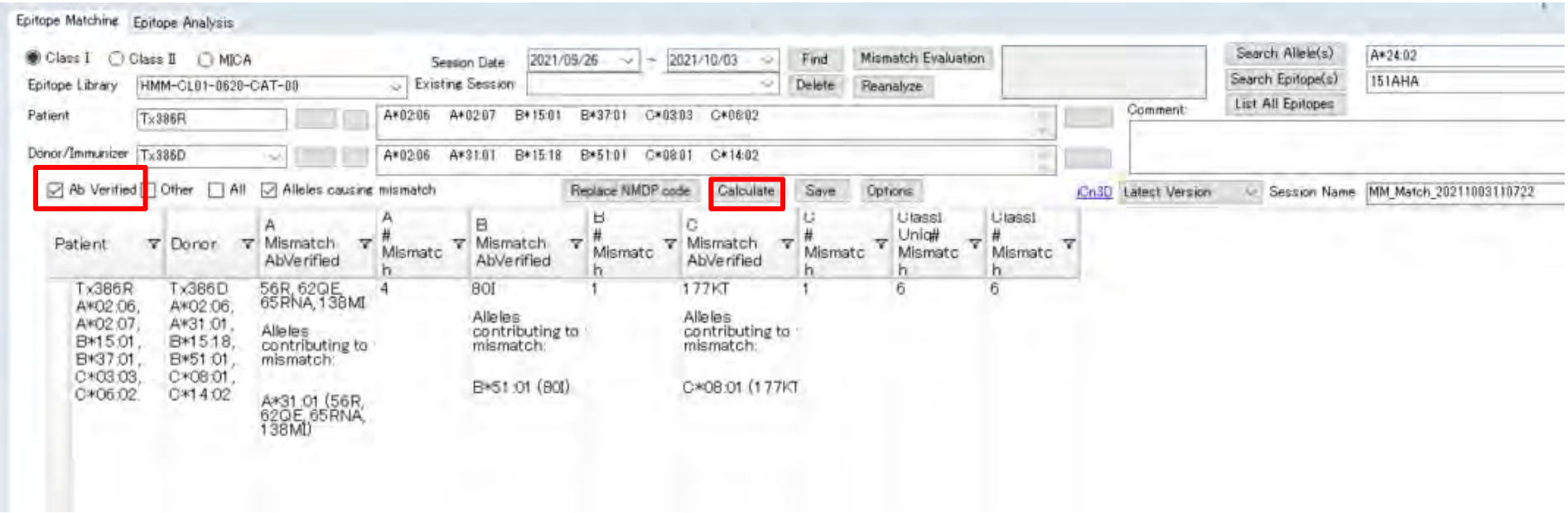
HLA Fusionのデータベースより呼び出す場合



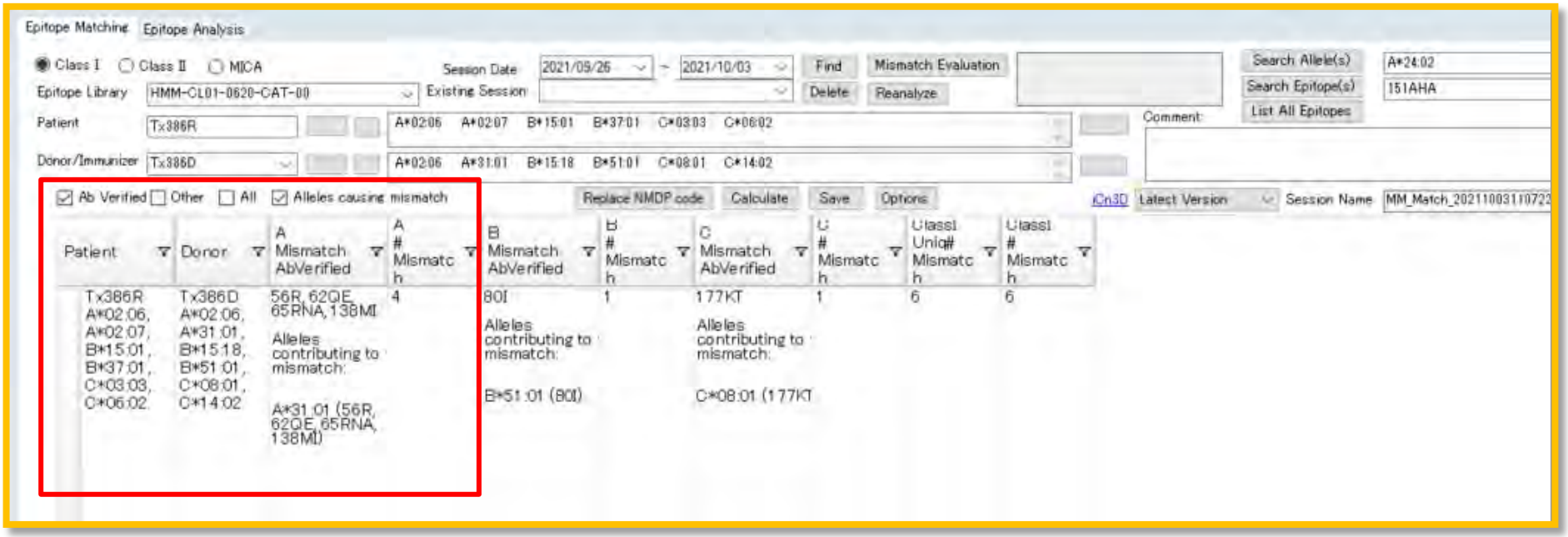
MatchMakerを開き、Epitope Matchingタブを開く
Patientの横の□(Select a patient from database)をクリック
登録されている情報が一覧で表示されるので、該当する情報を選択しダブルクリックする
Donor情報の入力も同様
インポートするcsvファイル内でPatientとDonor情報を紐づけて入力しておくことで、Patientを選択することで自動でDonor情報も入ります

ミスマッチ数の解析

- Patient及びDonorのタイピング結果を入力後、Calculateをクリック→結果が表示される
- Ab Verifiedの選択を推奨

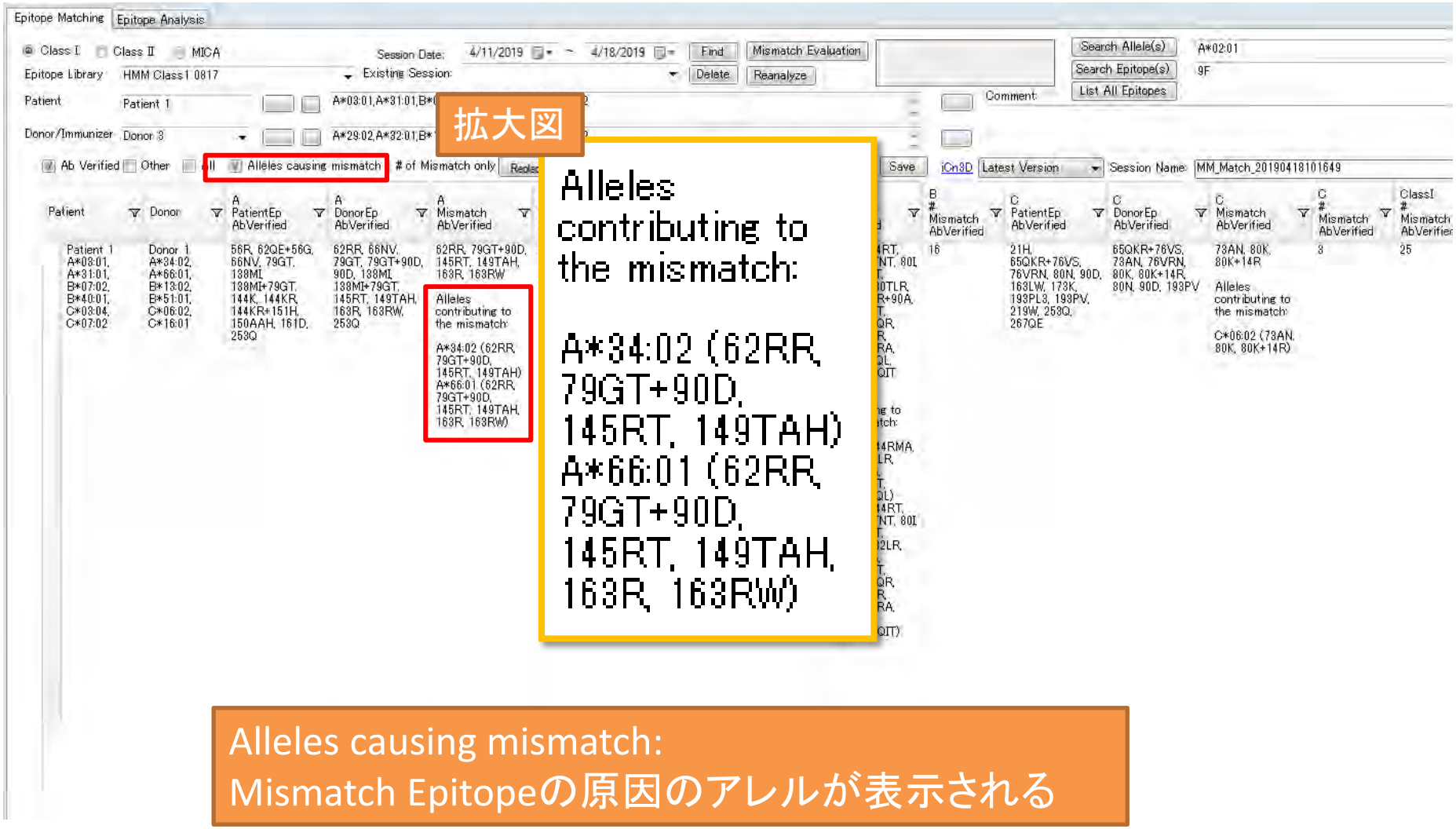


画面の見方



- Ab Verified：抗原抗体反応が実験で確認されたEpitope
- Other：理論的に存在すると考えられるEpitope（抗原抗体反応は確認されていない）
- All：Ab VerifiedとOtherの合計
- Patient：患者のHLAタイピング結果
- Donor：ドナーのHLAタイピング結果
- A Mismatch AbVerified： AローカスのMissMatch Epitope
- A# Mismatch AbVerified： AローカスのMissMatch Epitopeの数

Alleles causing mismatch



Alleles causing mismatch:
Mismatch Epitopeの原因のアレルが表示される

Uniq Mismatch

Patient 101 A*01:01 A*02:06 B*40:02 B*50:01 C*05:04 C*06:02

Donor/Immunizer 102 A*02:01, A*02:02, B*40:01, B*55:03, C*03:02, C*06:01

☐ Ab Verified ☐ Other ☑ All ☐ Alleles causing mismatch | Replace NMDP code | Calculate | Save | Options | iCn3D

Patient	Donor	A Mismatch All	A # Mismatch All	B Mismatch All	B # Mismatch All	C Mismatch All	C # Mismatch All	ClassI Uniq# Mismatch All	ClassI # Mismatch All
101 A*01:01, A*02:06, B*40:02, B*50:01, C*05:04, C*06:02	102 A*02:01, A*02:02, B*40:01, B*55:03, C*03:02, C*06:01 Not defined: C*06:01	43RRM	1	65QIA+76ESN, 66IY, 70IAQ, 73TVS, 76VRN, 76VS, 97T, 143S, 143S+76ESN, 147L, 180E	11	21H, 65QKR+76VS, 70QT, 71ATS, 73TDV, 73TVS, 76VRN, 76VS, 94IL, 173K, 219W	11	20	23

73TVS、76VRN、76VSのエピトープは、BローカスとCローカスにまたがって存在する

Mismatch All：２回カウントされ23となる

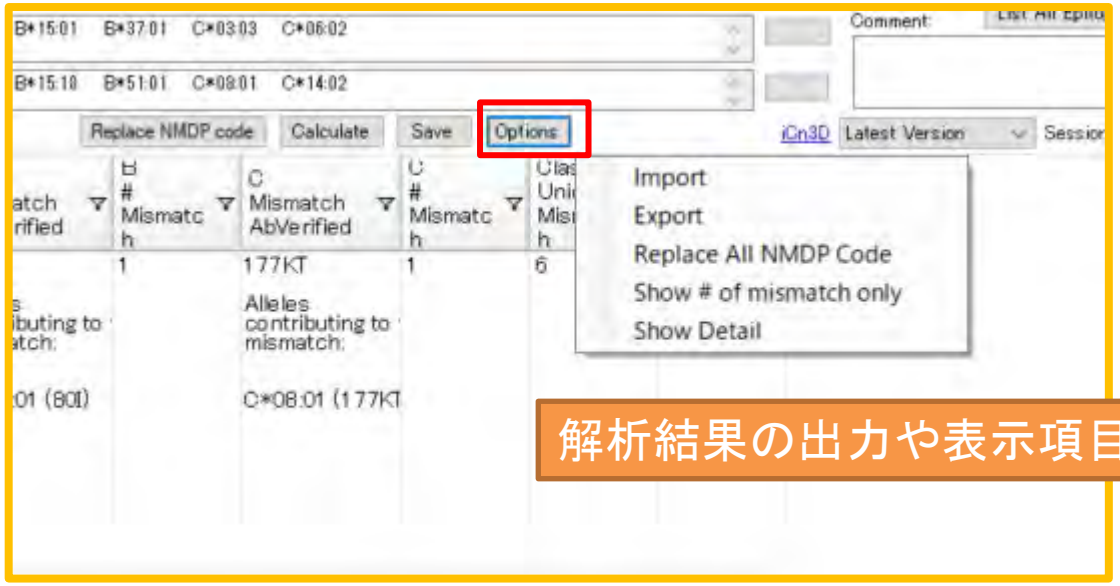
Uniq Mismatch：１度しかカウントされないため20となる

複数ドナーのMatching結果表示

Patient情報にDonor情報を紐づけることで、
各ドナーとのマッチング結果が表示
2桁、4桁ではなく、Epitopeミスマッチを見る
ことでドナー選択することができます

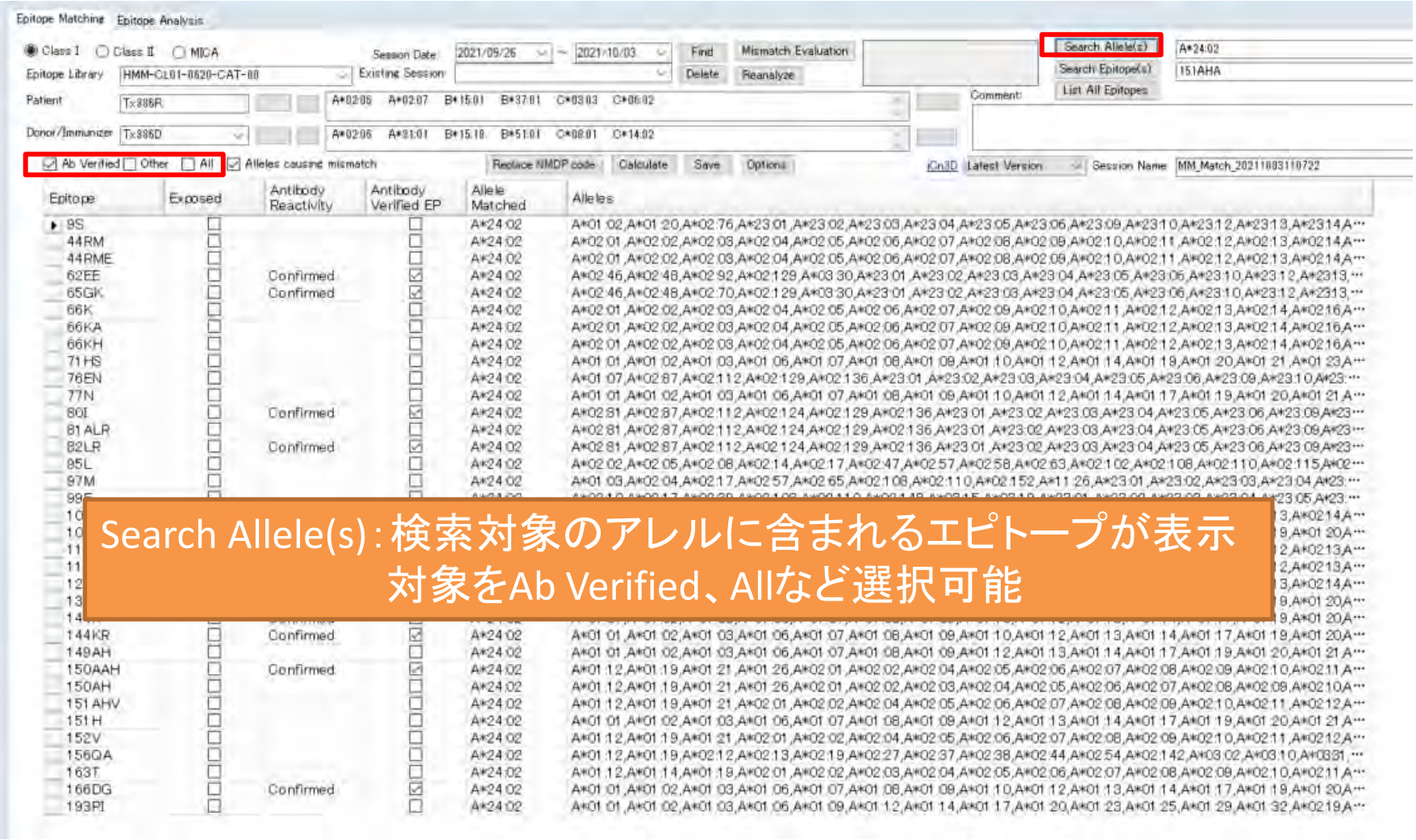
結果表示を削除する際は▼をクリックし
キーボードのDeleteを押します

Option機能

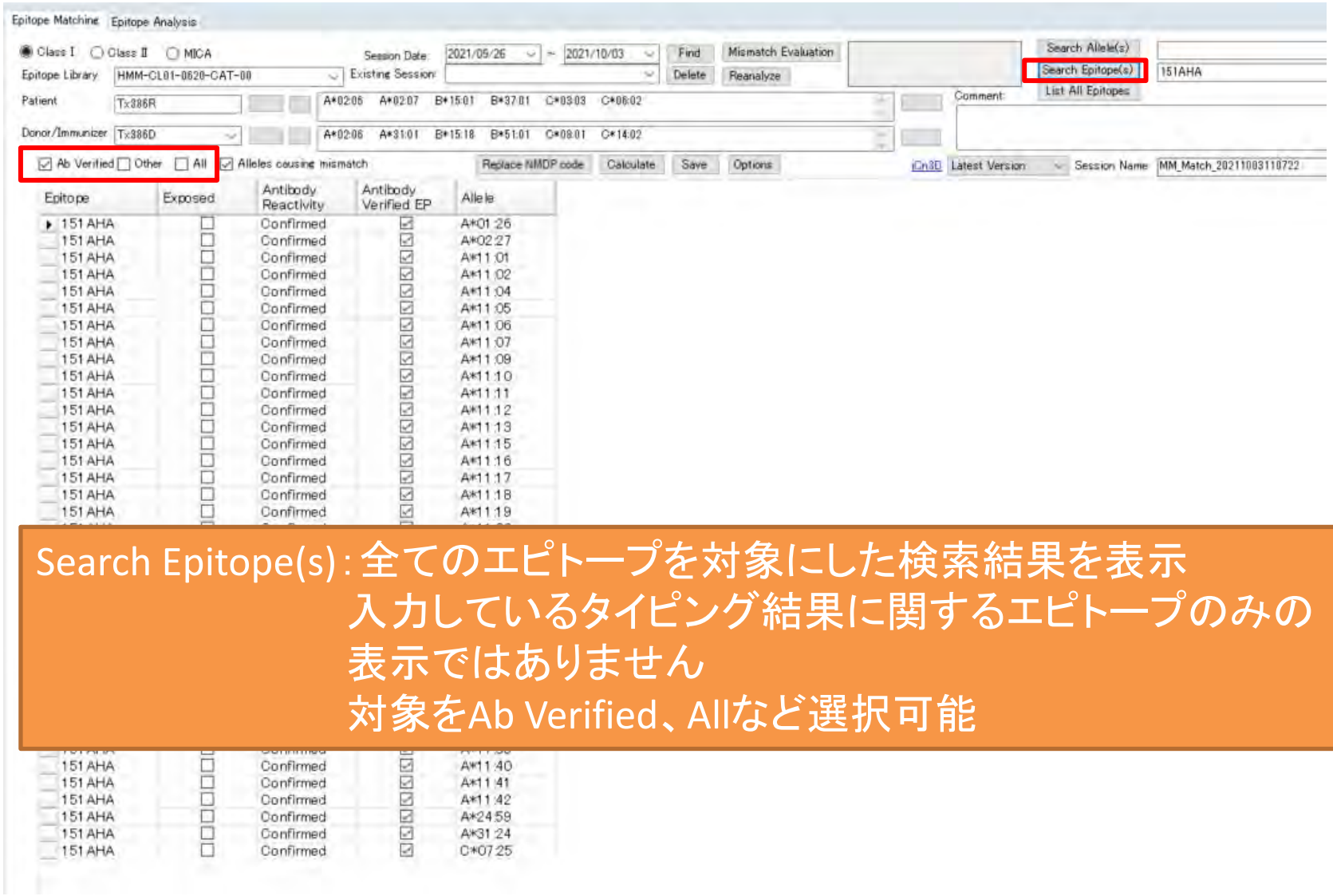


解析結果の出力や表示項目の変更ができます

Search Allele(s)



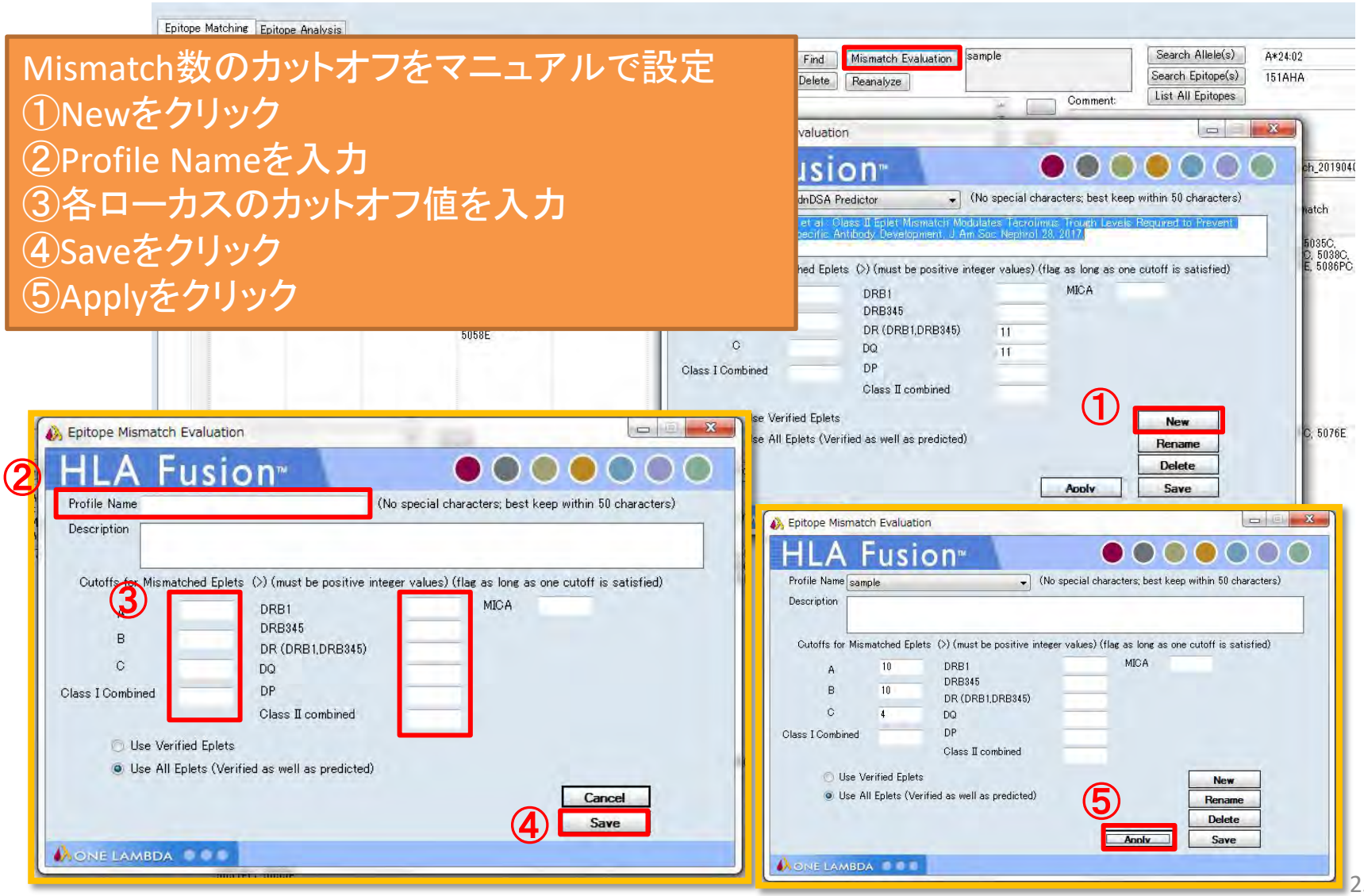
Search Epitope(s)



Search Epitope(s)：全てのエピトープを対象にした検索結果を表示
入力しているタイピング結果に関するエピトープのみの表示ではありません
対象をAb Verified、Allなど選択可能

Mismatch Evaluation-1

Mismatch数のカットオフをマニュアルで設定
①Newをクリック
②Profile Nameを入力
③各ローカスのカットオフ値を入力
④Saveをクリック
⑤Applyをクリック

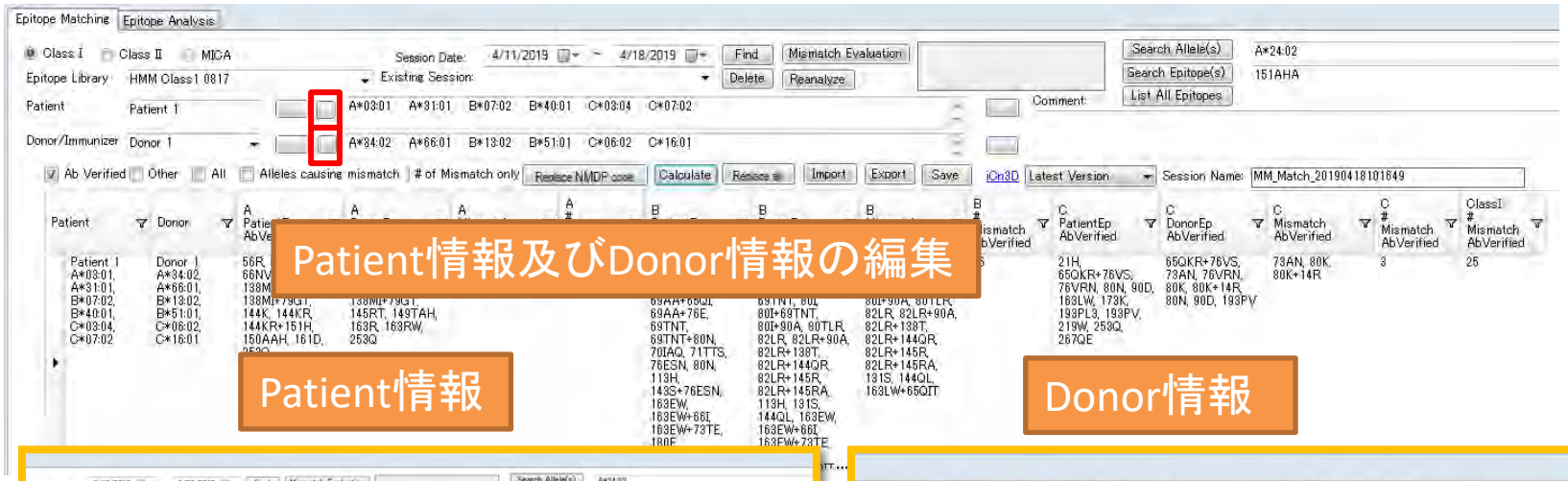


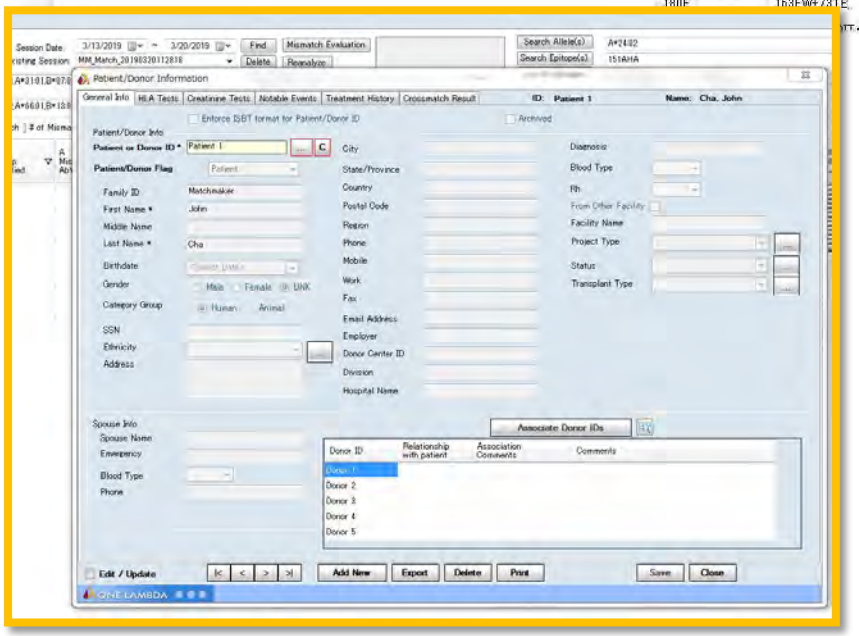
Mismatch Evaluation-2

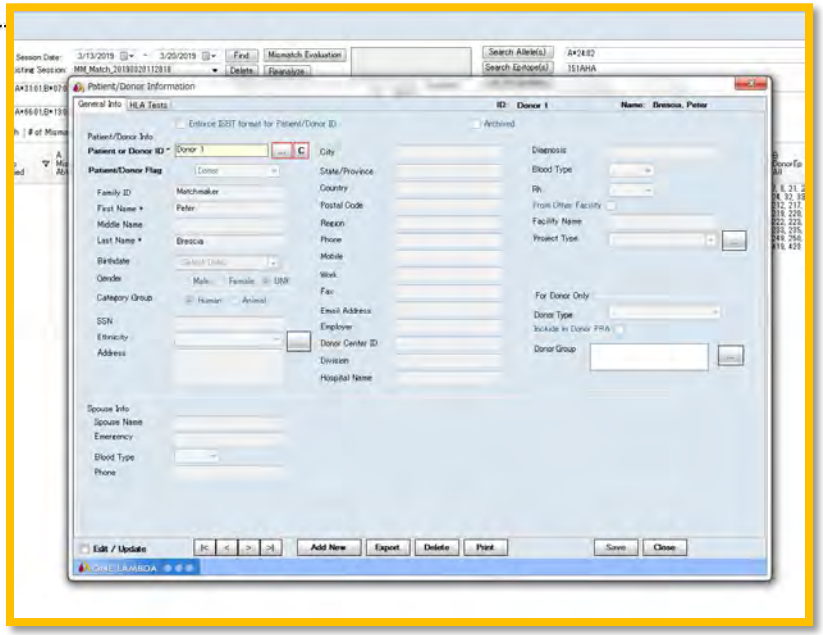
設定したカットオフ値よりもミスマッチ数が多いローカスが1つ以上ある場合に☑が入る

「All」の場合のみ使用可能

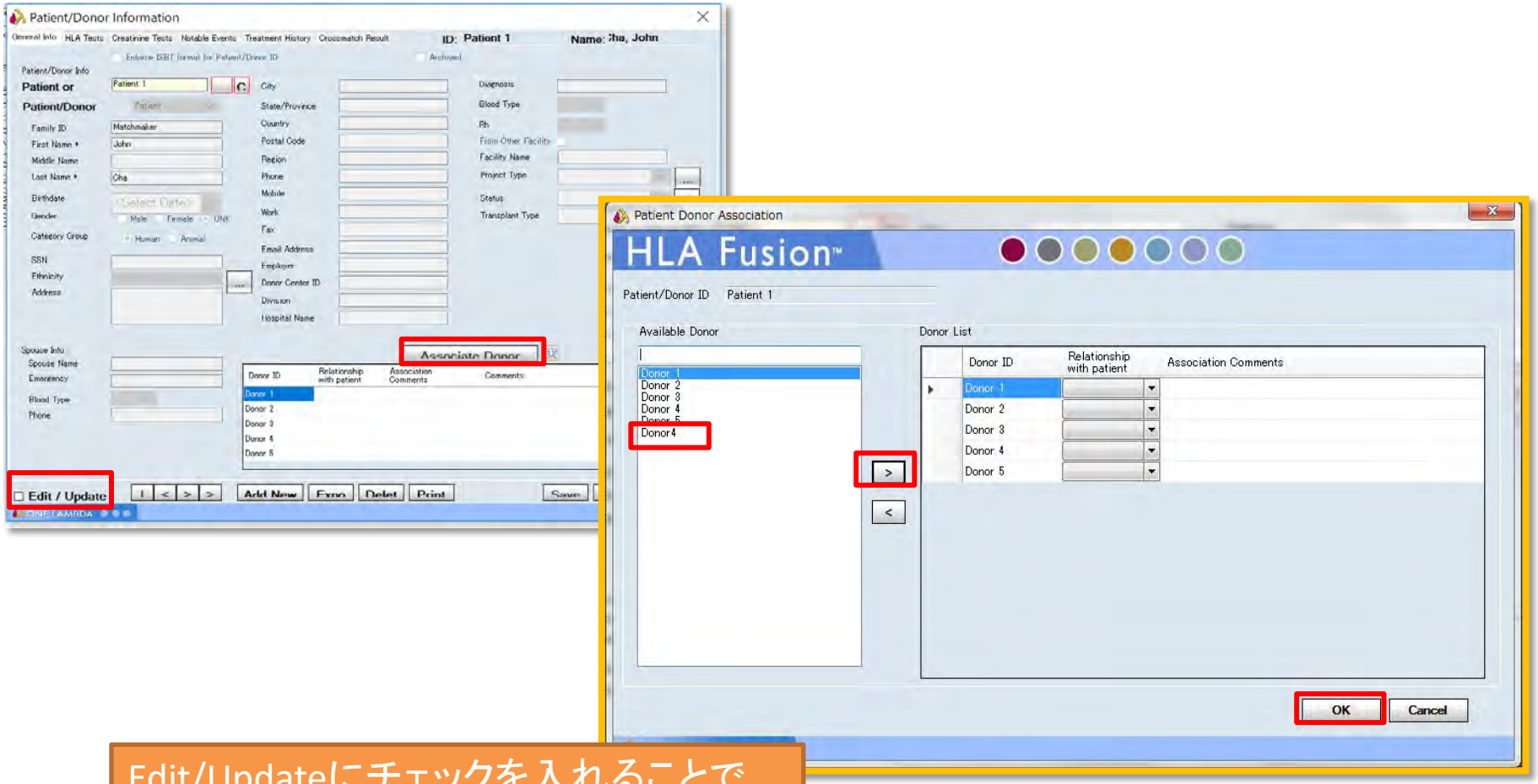
Patient及びDonor情報の編集





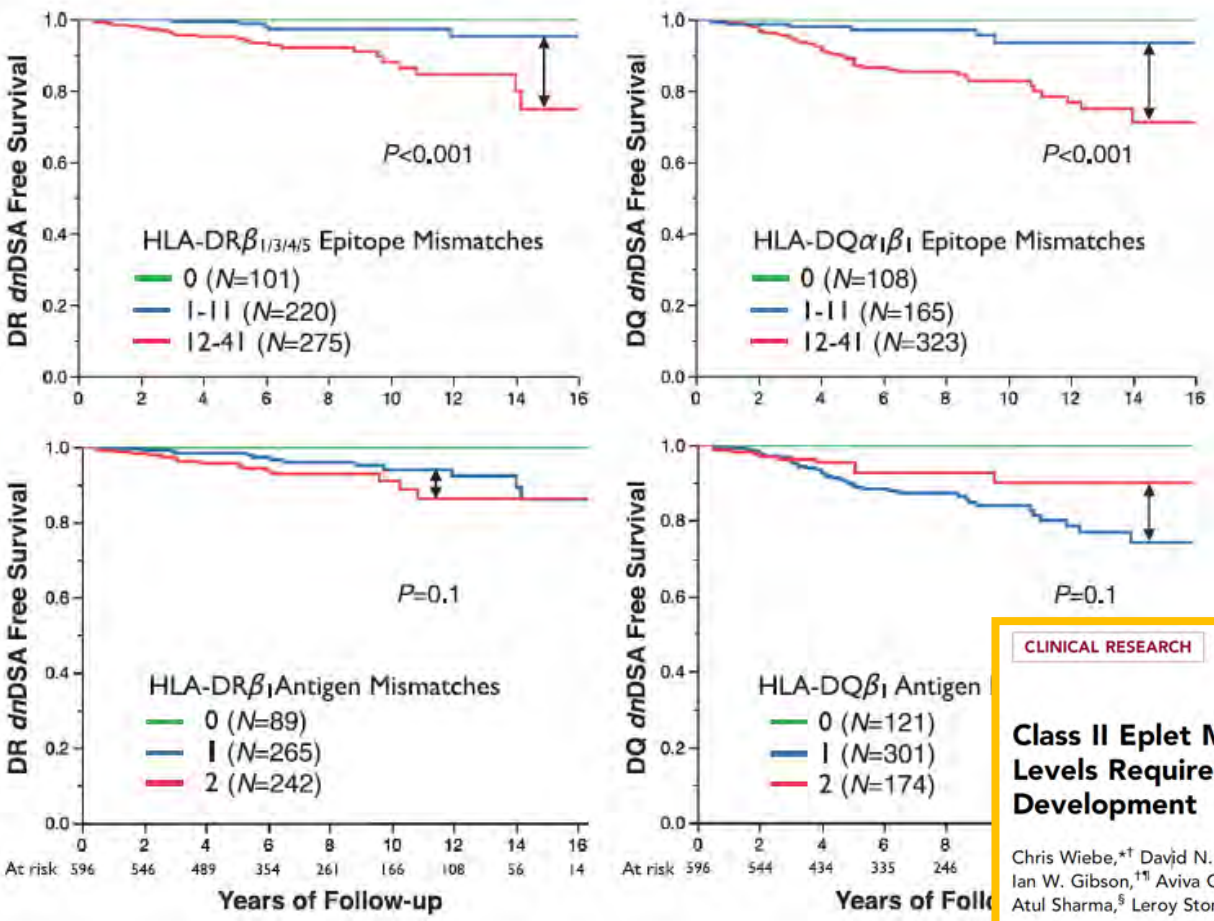


Patient情報の編集



Edit/Updateにチェックを入れることで「Associate Donor IDs」からPatient情報とDonor情報の紐づけが可能

論文の紹介



CLINICAL RESEARCH www.jasn.org

Class II Eplet Mismatch Modulates Tacrolimus Trough Levels Required to Prevent Donor-Specific Antibody Development

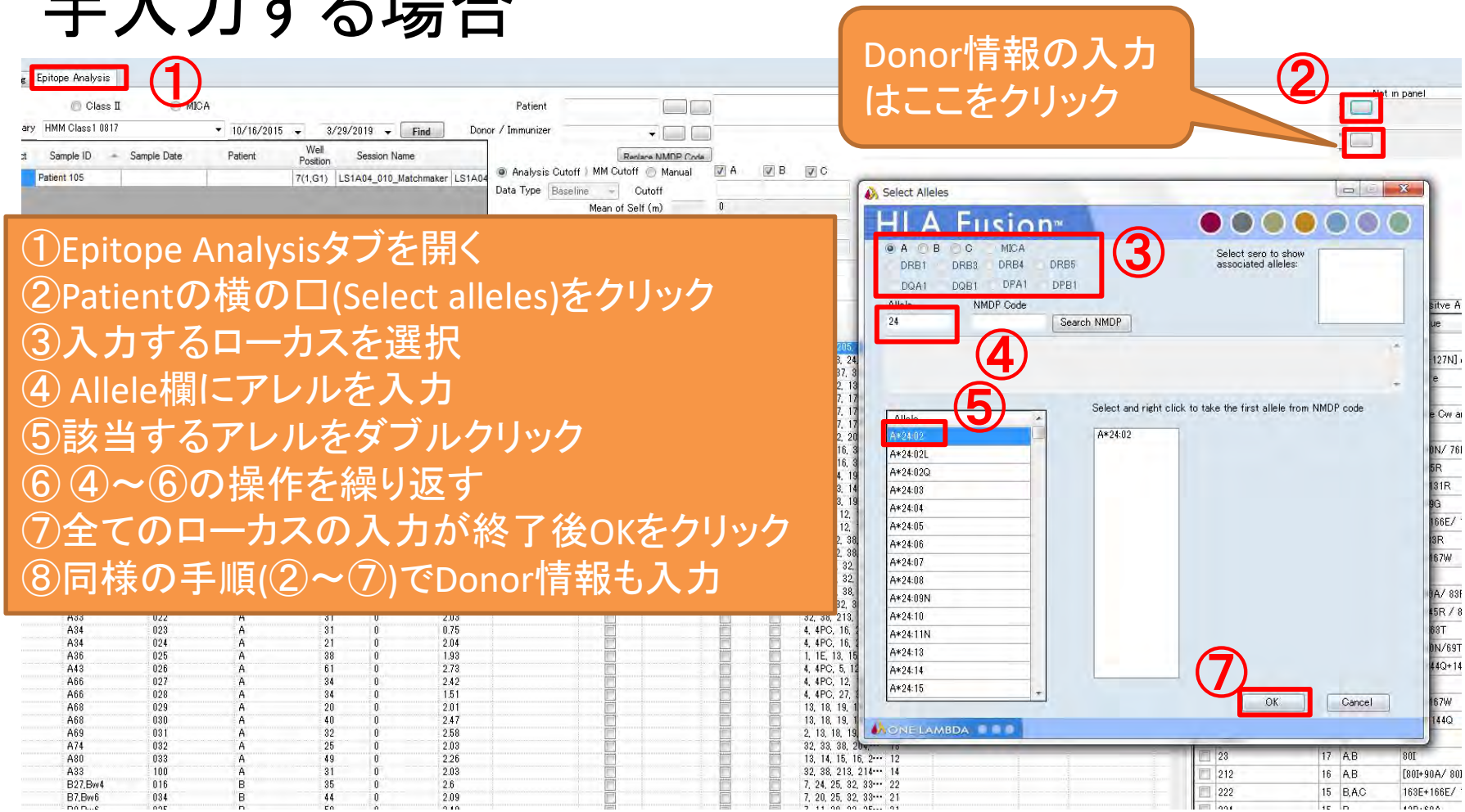
Chris Wiebe,*† David N. Rush,* Thomas E. Nevins,‡ Patricia E. Birk,§ Tom Blydt-Hansen,‖ Ian W. Gibson,†¶ Aviva Goldberg,§ Julie Ho,*** Martin Karpinski,* Denise Pochinco,† Atul Sharma,§ Leroy Storsley,* Arthur J. Matas,†† and Peter W. Nickerson*†**

Departments of *Medicine, §Pediatrics and Child Health, ¶Pathology, and **Immunology, University of Manitoba, Winnipeg, Manitoba, Canada; †Diagnostic Services of Manitoba, Winnipeg, Manitoba, Canada; Departments of ‡Pediatrics and ††Surgery, University of Minnesota, Minneapolis, Minnesota; and ‖Department of Pediatrics, University of British Columbia, Vancouver, British Columbia, Canada

Epitope Analysis

タイピング情報の入力

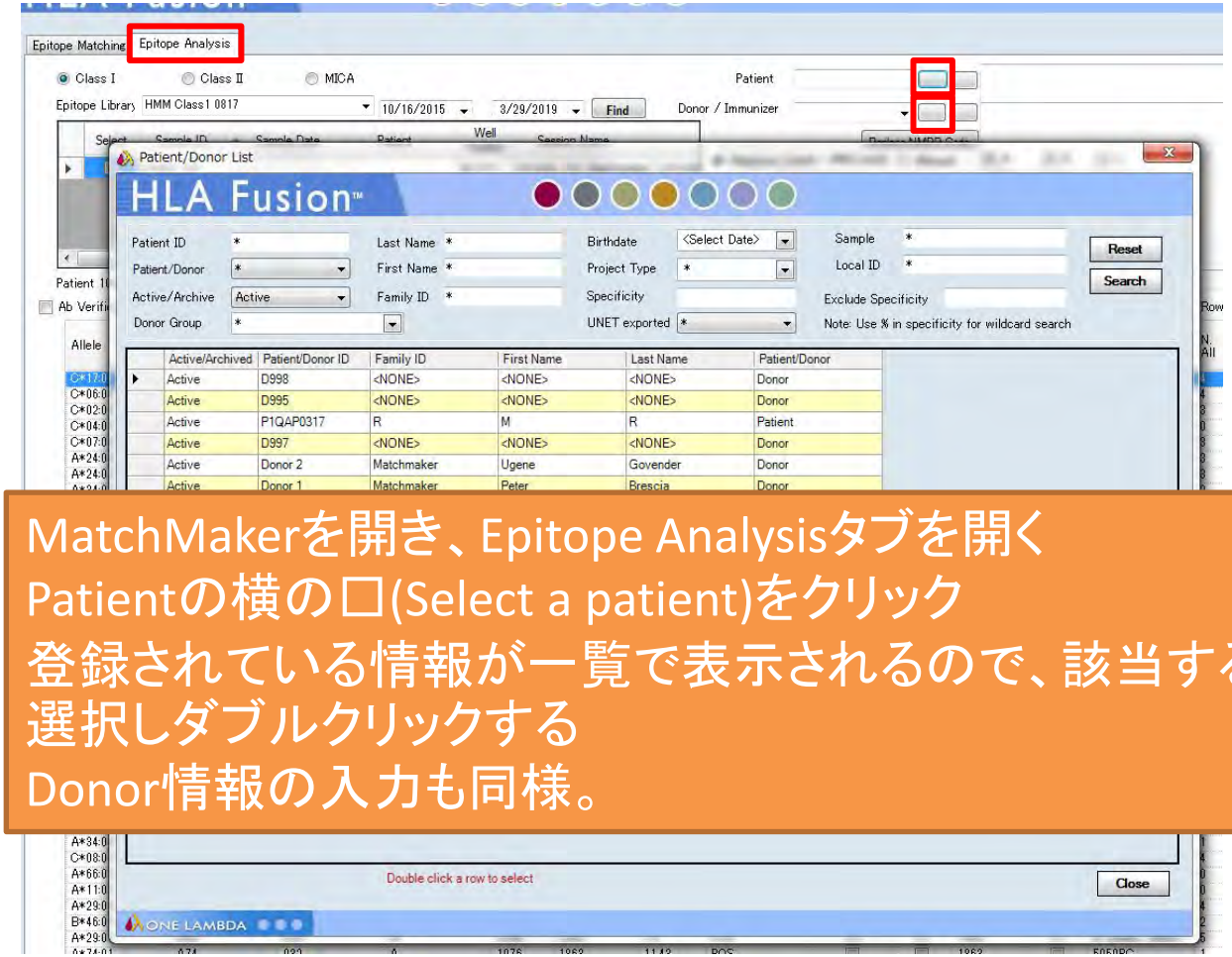
手入力する場合



①Epitope Analysisタブを開く
②Patientの横の□(Select alleles)をクリック
③入力するローカスを選択
④ Allele欄にアレルを入力
⑤該当するアレルをダブルクリック
⑥ ④～⑥の操作を繰り返す
⑦全てのローカスの入力が終了後OKをクリック
⑧同様の手順(②～⑦)でDonor情報も入力

タイピング情報の入力

HLA Fusionのデータベースより呼び出す場合



MatchMakerを開き、Epitope Analysisタブを開く
Patientの横の□(Select a patient)をクリック
登録されている情報が一覧で表示されるので、該当する情報を選択しダブルクリックする
Donor情報の入力も同様。

Patient及びDonor情報の編集

Patient情報、Donor情報の閲覧、編集ができる

LABScreen Single Antigenに含まれないアレルが表示される
この欄に表示されるアレルはEpitope解析に含まれない

解析結果画面の見方

☑ Ab Verified ☐ Other ☐ All ☐ # of Eplets Only ☐ Rxn Table iCn3D Latest Version

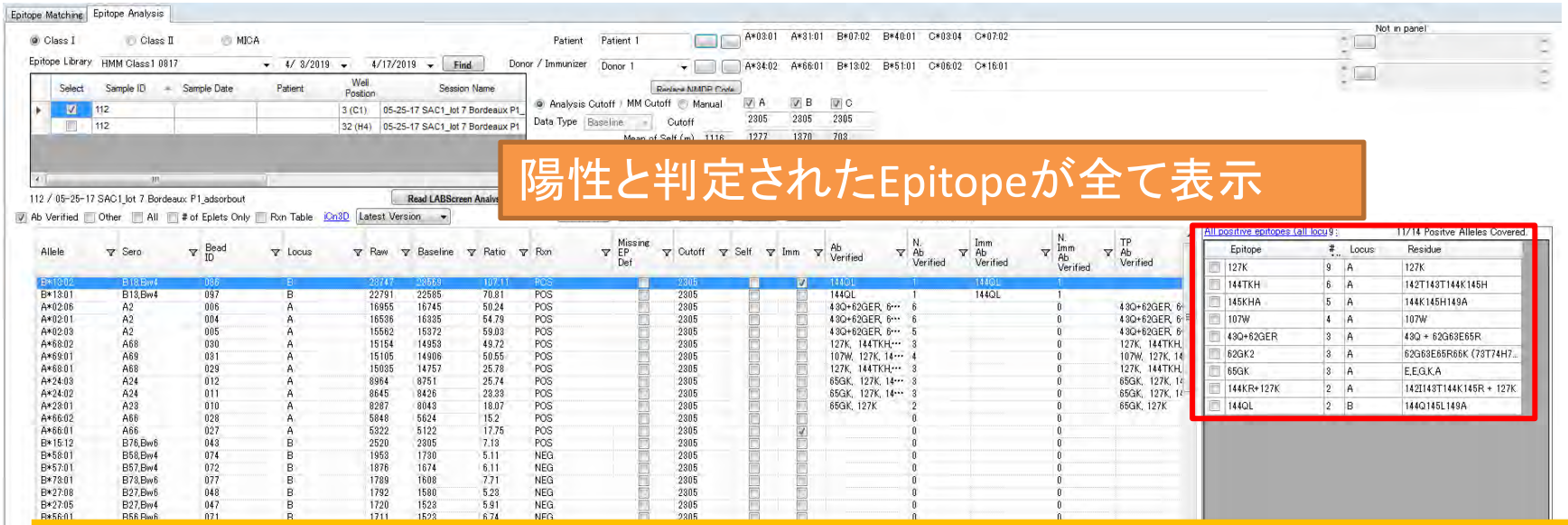
Show Self | Show Imm | Show POS | Reset | Export

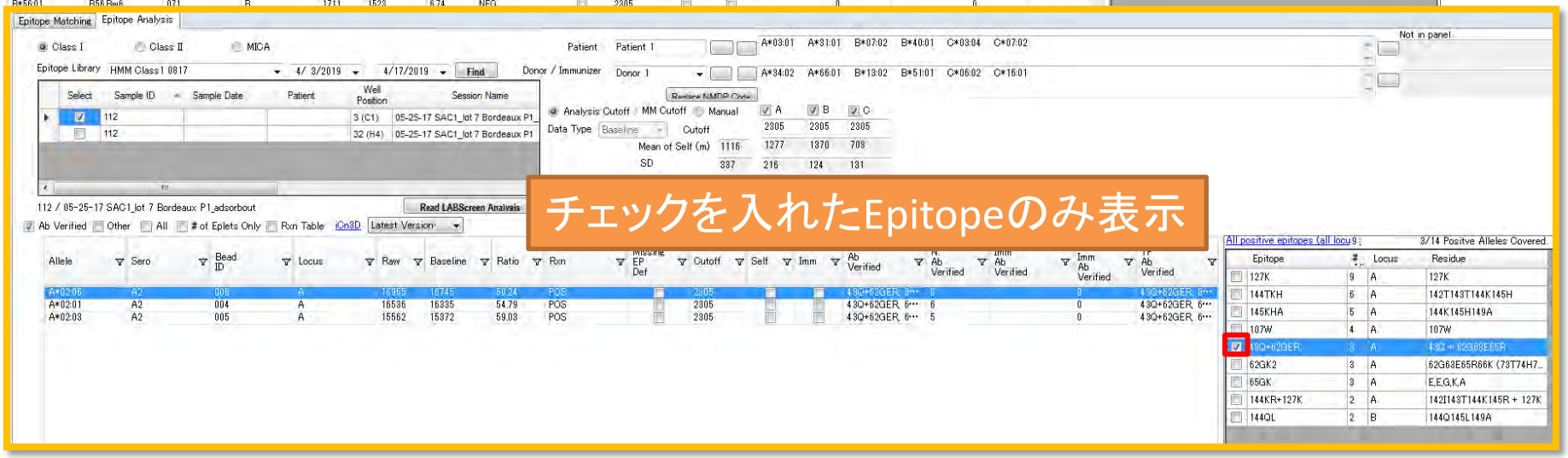
Row Count: 99

Allele	Sero	Bead ID	Locus	Raw	Baseline	Ratio	Rxn	Missing EP Def	Cutoff	Self	Imm	Ab Verified	N. Ab Verified	Imm Ab Verified	N. Imm Ab Verified	TP Ab Verified	N. TP Ab Verified
B*13:02	B13,Bw4	036	B	23747	23569	107.11	POS	☐	2305	☐	☑	144QL	1	144QL	1		0
B*13:01	B13,Bw4	097	B	22791	22585	70.81	POS	☐	2305	☐	☐	144QL	1	144QL	1		0
A*02:06	A2	006	A	16955	16745	50.24	POS	☐	2305	☐	☐	43Q+62GER,	6		0	43Q+62GER,	6
A*02:01	A2	004	A	16536	16335	54.79	POS	☐	2305	☐	☐	43Q+62GER,	6		0	43Q+62GER,	6
A*02:03	A2	005	A	15562	15372	59.03	POS	☐	2305	☐	☐	43Q+62GER,	5		0	43Q+62GER,	5
A*68:02	A68	030	A	15154	14953	49.72	POS	☐	2305	☐	☐	127K, 144TKH,	3		0	127K, 144TKH,	3
A*69:01	A69	031	A	15105	14906	50.55	POS	☐	2305	☐	☐	107W, 127K,	4		0	107W, 127K,	4
A*68:01	A68	029	A	15035	14757	25.78	POS	☐	2305	☐	☐	127K, 144TKH,	3		0	127K, 144TKH,	3
A*24:03	A24	012	A	8964	8751	25.74	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K,	3		0	65GK, 127K,	3
A*24:02	A24	011	A	8645	8426	23.33	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K,	3		0	65GK, 127K,	3
A*23:01	A23	010	A	8287	8043	18.07	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K	2		0	65GK, 127K	2
A*66:02	A66	028	A	5848	5624	15.2	POS	☐	2305	☐	☐		0		0		0
A*66:01	A66	027	A	5322	5122	17.75	POS	☐	2305	☐	☑		0		0		0
B*15:12	B76,Bw6	043	B	2520	2305	7.13	POS	☐	2305	☐	☐		0		0		0
B*58:01	B58,Bw4	074	B	1953	1730	5.11	NEG	☐	2305	☐	☐		0		0		0
B*57:01	B57,Bw4	072	B	1876	1674	6.11	NEG	☐	2305	☐	☐		0		0		0
B*73:01	B73,Bw6	077	B	1789	1608	7.71	NEG	☐	2305	☐	☐		0		0		0

Self: Patientのアレルにチェックが入る(タイピング結果を入力している場合)
Imm: Donorのアレルにチェックが入る(タイピング結果を入力している場合)
Ab Verified: Ab VerifiedのEpitope
N. Ab Verified: Ab VerifiedのEpitopeの数
Imm Ab Verified: ドナー由来と考えられるAb Verified
N. Imm Ab Verified: ドナー由来と考えられるAb VerifiedのEpitopeの数
TP Ab Verified: Third PartyのAb Verified
N. TP Ab Verified: Third PartyのAb Verifiedの数

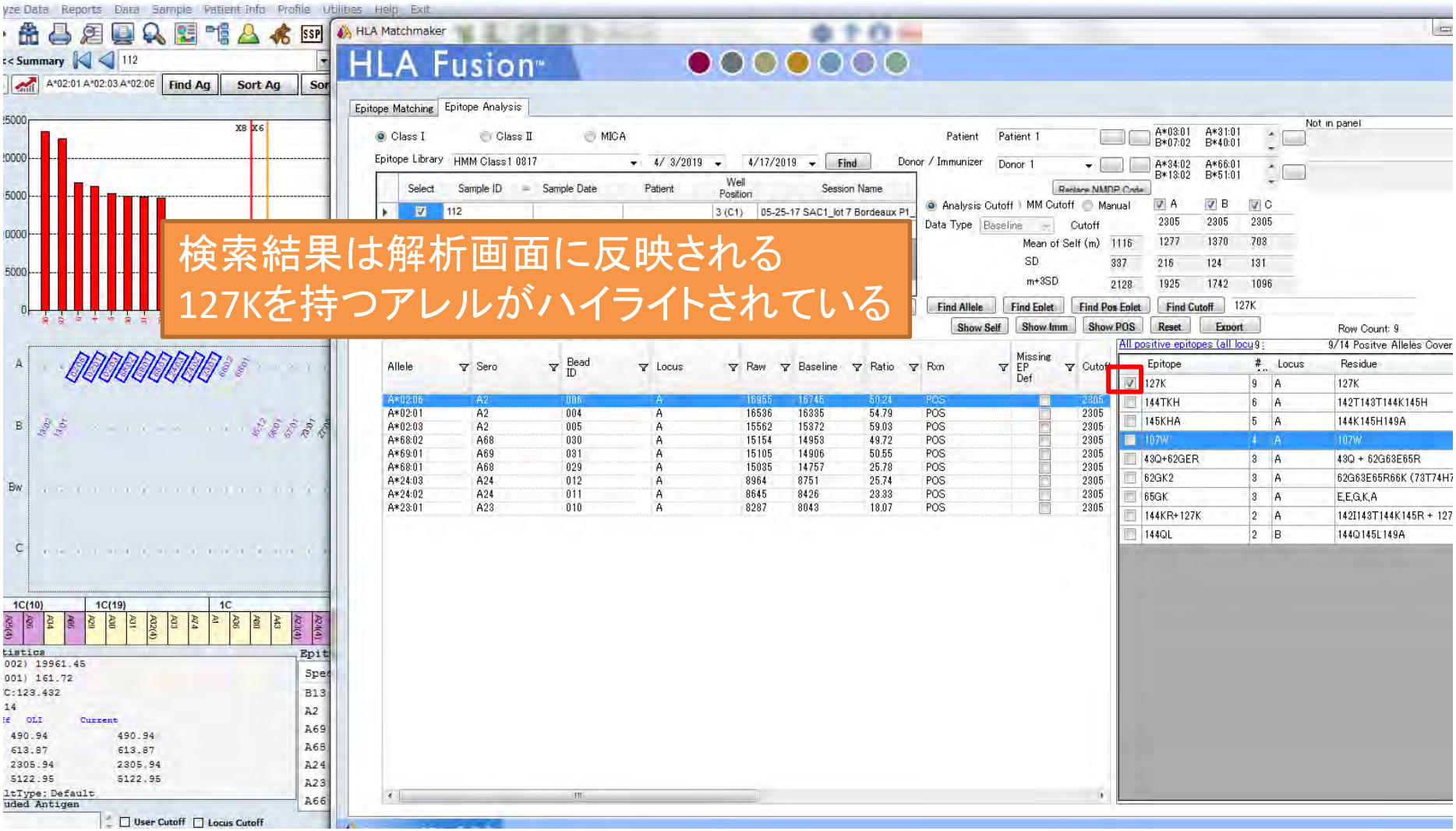
解析結果画面の見方



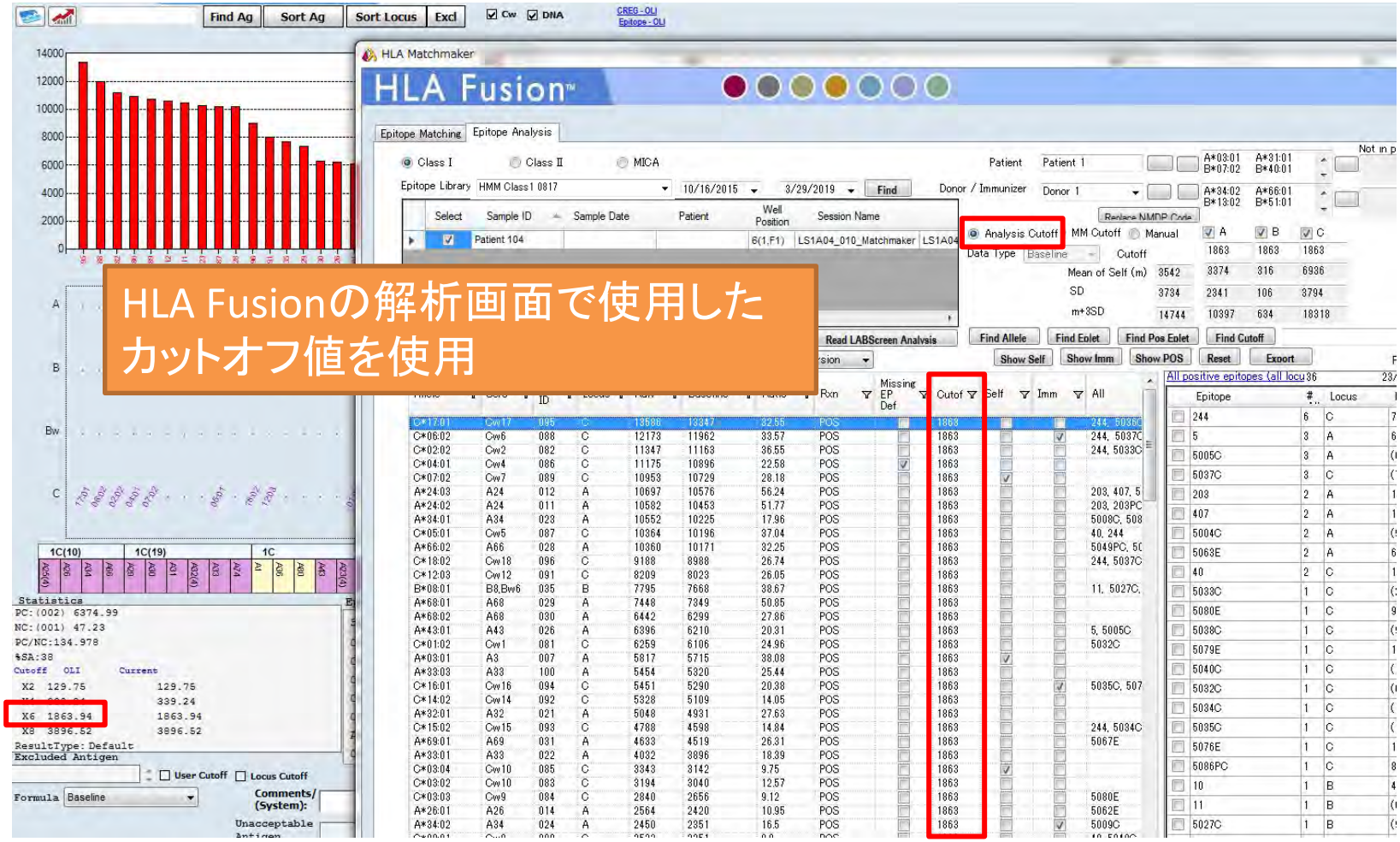


画面の表示

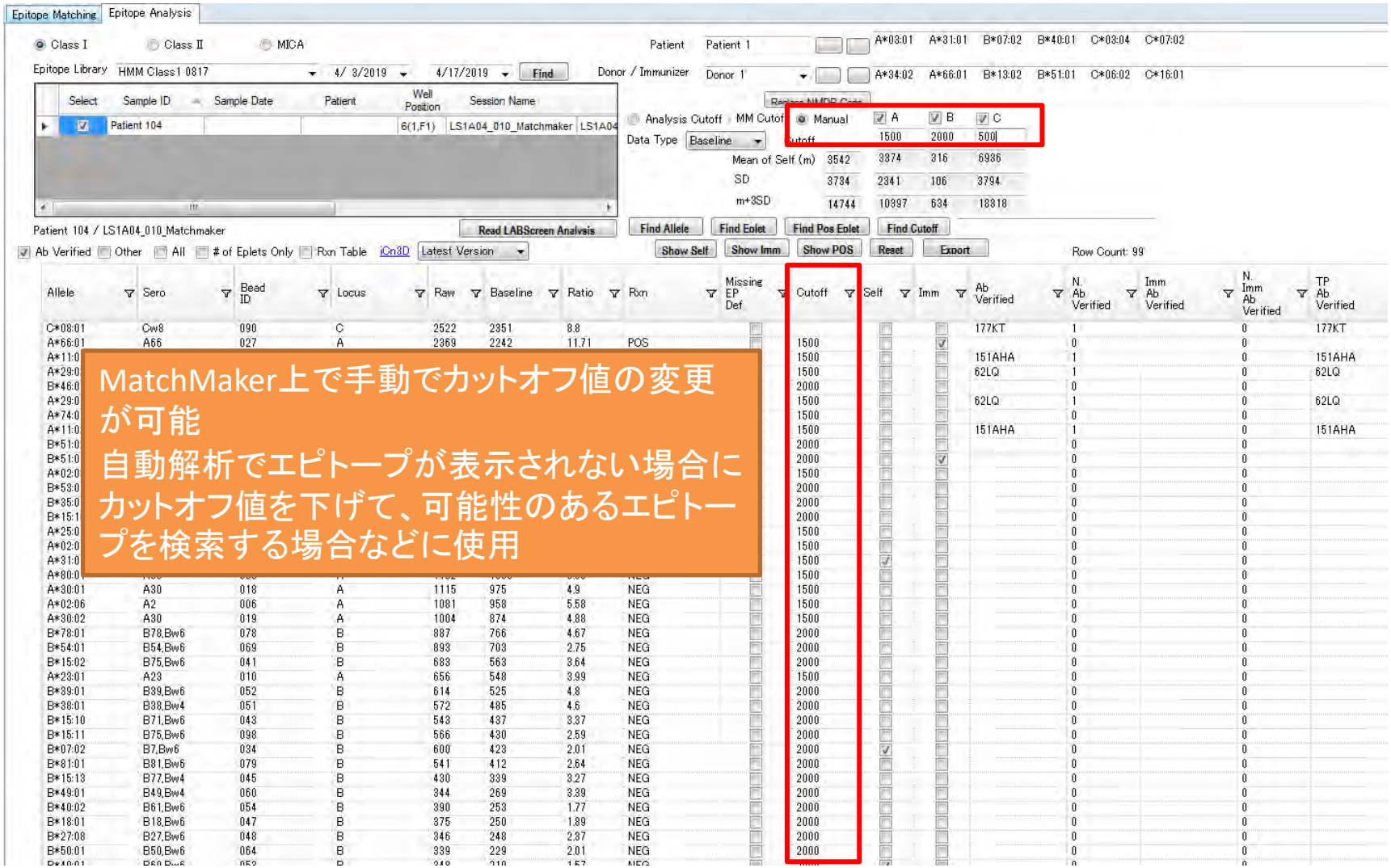
VERITAS



カットオフ値 -Analysis Cutoff



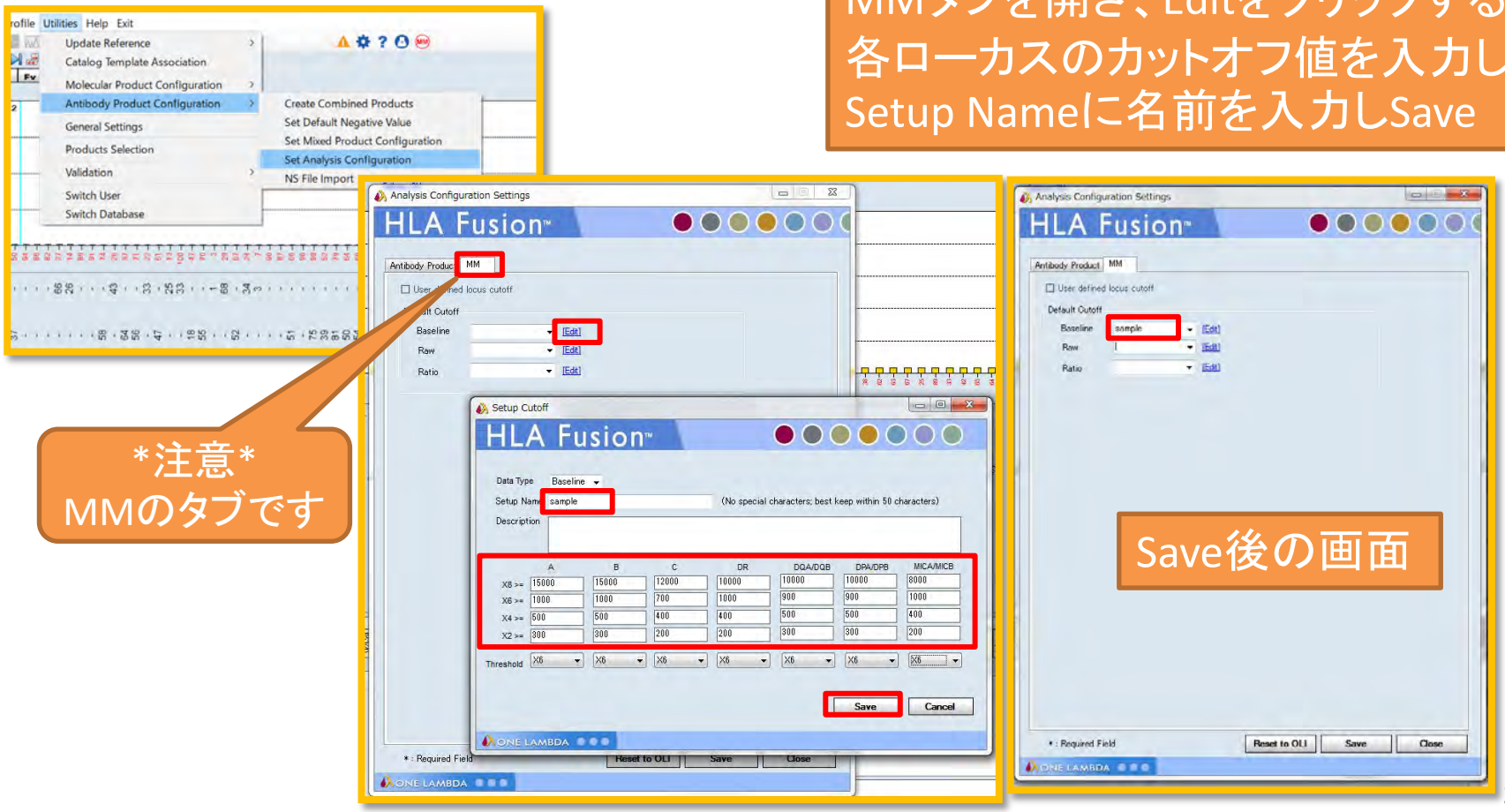
カットオフ値 -Manual cutoff



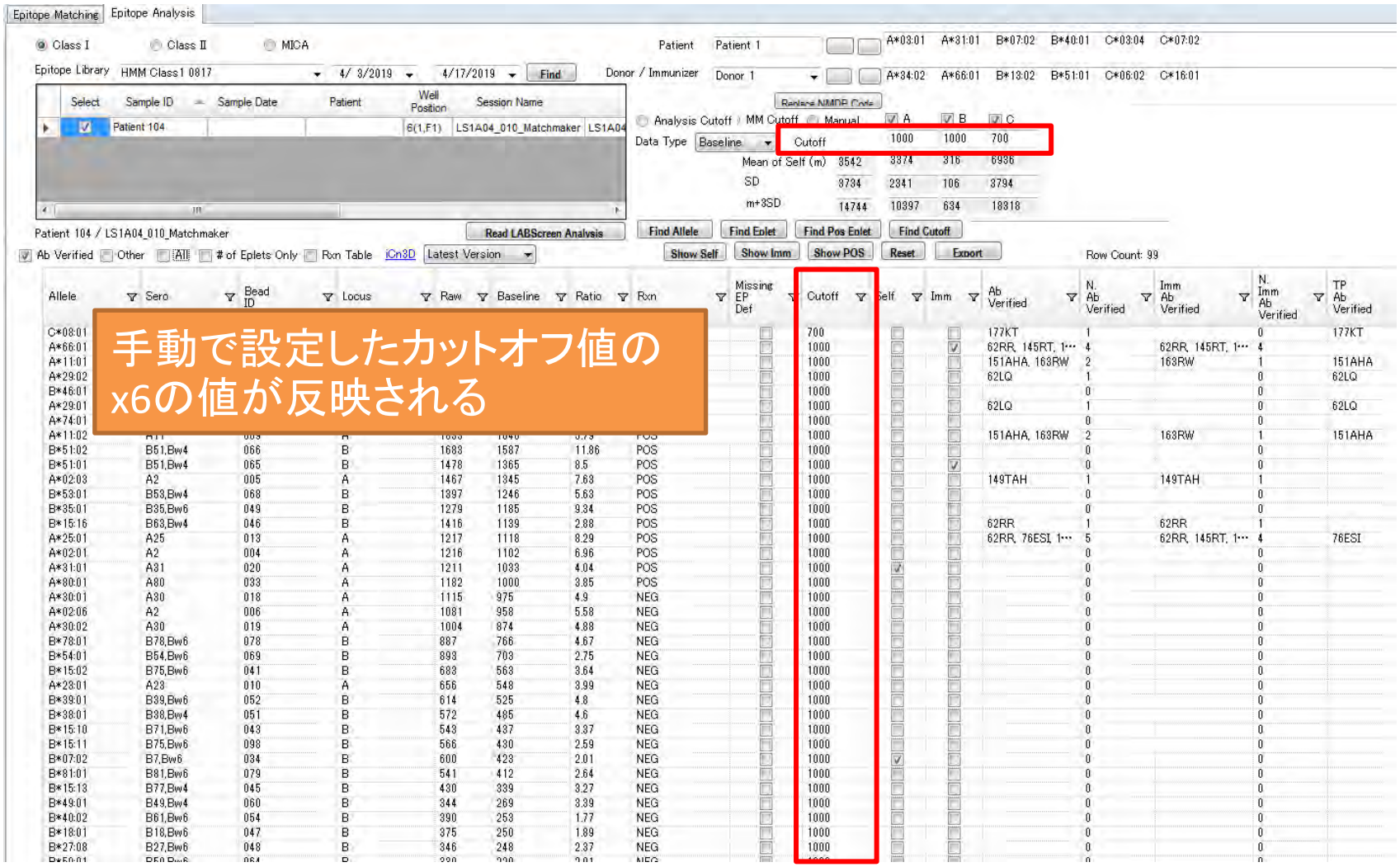
カットオフ値 -MM Cutoff-1

Utilities→Antibody Product Configuration→Set Abalysis Configurationの順にクリック

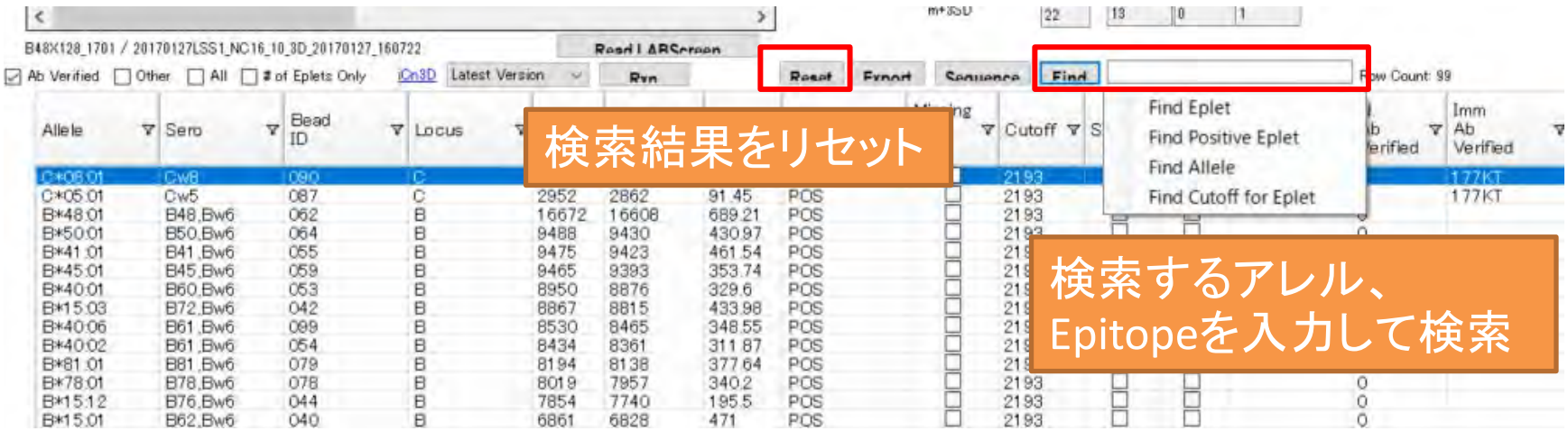
MMタブを開き、Editをクリックする
各ローカスのカットオフ値を入力し、
Setup Nameに名前を入力しSave



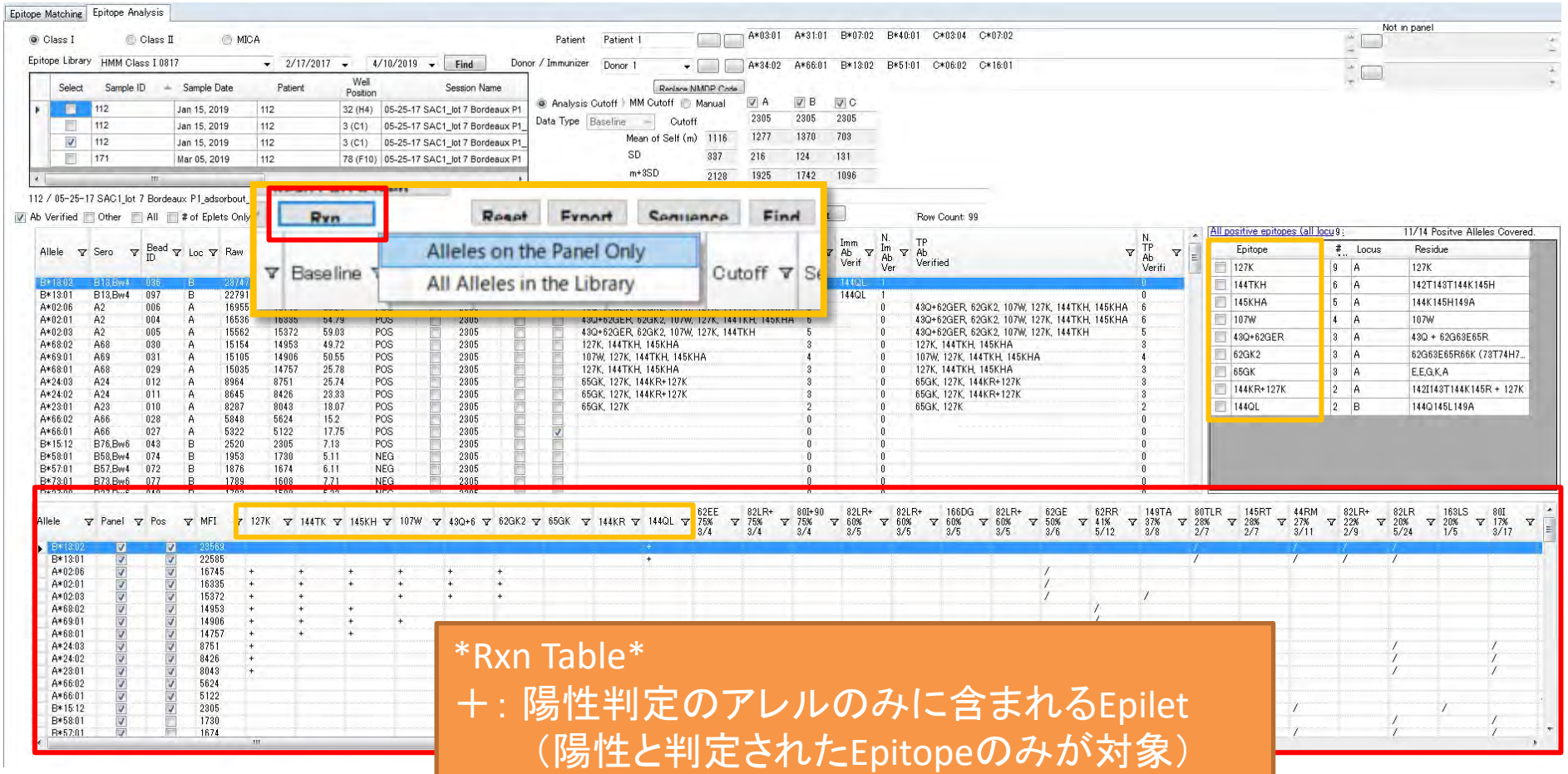
カットオフ値 -MM Cutoff-2



検索機能


B48X128_1701 / 20170127LSS1_NC16_10_3D_20170127_160722
Ab Verified
Other
All
# of Eplets Only
iCn3D
Latest Version
Reset
Export
Sequence
Find
Row Count: 99
Find Eplet
Find Positive Eplet
Find Allele
Find Cutoff for Eplet
Allele
Sero
Bead ID
Locus
Cutoff
Imm Ab Verified
検索結果をリセット
検索するアレル、
Epitopeを入力して検索

Rxn Table-1



Rxn Table

＋: 陽性判定のアレルのみに含まれるEpilet
（陽性と判定されたEpitopeのみが対象）

／: 陰性判定のアレルにも含まれるEpilet
陽性判定のアレルにのみ「/」が表示される
例）計4アレルのうち3アレルがPositive

Rxn Table-2

対象のエピトープを含むアレルの陽性率をXX%として表示

Allele	Panel	Pos	MFI	127K	144TK	145KH	107W	43Q+6	62GK2	65GK	144KR	144QL	62EE 75% 3/4	82LR+ 75% 3/4	80I+90 75% 3/4	82LF 60% 3/5
A*02:01	☑	☑	16335	+	+	+	+	+	+							
A*02:03	☑	☑	15372	+	+		+	+	+							
A*68:02	☑	☑	14953	+	+	+										
A*69:01	☑	☑	14906	+	+	+	+									
A*68:01	☑	☑	14757	+	+	+										
A*24:03	☑	☑	8751	+										/	/	/
A*24:02	☑	☑	8426	+										/	/	/
A*23:01	☑	☑	8043	+										/	/	/
A*66:02	☑	☑	5624													
A*66:01	☑	☑	5122													
B*15:12	☑	☑	2305													
B*58:01	☑	☐	1730													

ダブルクリックすると、下記のように検索結果が表示される

112 / 05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1_adsorbout_1

Read LABScreen Analysis | Find Allele | Find Eplet | Find Pos Eplet | Find Cutoff | 62EE

☑ Ab Verified ☐ Other ☐ All ☐ # of Eplets Only ☑ Rxn Table iCn3D Latest Version

Show Self | Show Imm | Show POS | Reset | Export

Allele	Sero	Bead ID	Loc	Raw	Baseli	Ratio	Rxn	Miss EP Def	Cutof	Self	Imm	Ab Verified	N. Ab Ve	Imm Ab Verif	N. Im Ab Ver
A*24:03	A24	012	A	8964	8751	25.74	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K, 144KR+127K	3		0
A*24:02	A24	011	A	8645	8426	23.33	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K, 144KR+127K	3		0
A*23:01	A23	010	A	8287	8043	18.07	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K	2		0
A*80:01	A80	033	A	1045	801	2.28	NEG	☐	2305	☐	☐		0		0

Single&Supplement Combine data

Read LABScreen Analysis
解析画面でSAとSupplementをcombineした状態でMatchMakerを立ち上げ、クリックするとCombineしたデータを表示

Epitope Matching | Epitope Analysis

Class I | Class II | MICA

Epitope Library: HMM Class1 0817 | 10/21/2015 | 4/ 3/2019 | Find

Select	Sample ID	Sample Date	Patient	Well Position	Session Name
	3001	Mar 01, 2019	3001	26(1,B4)	QCWS_LS1_20180416_123750
	3001_tk	Mar 12, 2019	3001	12(1,D2)	QCWS30_SA1_010NC019_tk_2018
	3001_tk	Mar 12, 2019	3001	14(1,F2)	QCWS30_Sup1_003NC019_tk_2018

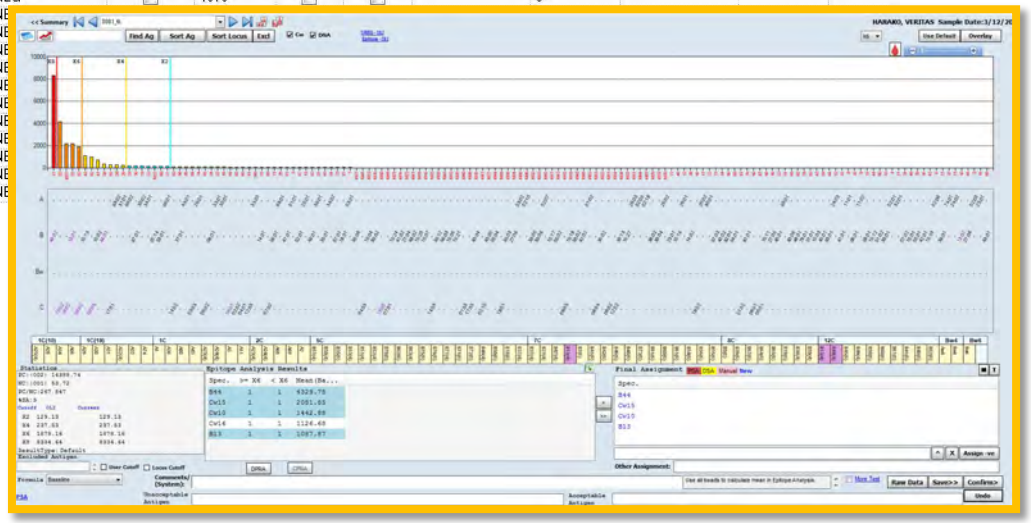
3001_tk / QCWS30_SA1_010NC019_tk_20180510_20180510_130503

Read LABScreen Analysis | Find Allele | Find Eplet | Find Pos Eplet | Find Cutoff

Ab Verified | Other | All | # of Eplets Only | Rxn Table | iCn3D | Latest Version | Combined | Show Self | Show Imm | Show POS | Reset | Export

Row Count: 153

Allele	Sero	Bead ID	Locus	Raw	Baseline	Ratio	Rxn	Missing EP Def	Cutoff	Self	Imm	Ab Verified	N. Ab Verified	Imm Ab Verified	N. Imm Ab Verified	TP Ab Verified
B*44:02	B44,Bw4	057	B	8496	8334	23.45	POS		1878				0			
		002		14388	4213	0.5							0		0	
C*15:02	Cw15	093	C	4325	4163	11.95	POS		1878				0			
C*16:02	Cw16	1057	C	5952	2194	1.11	POS		1878				0			
B*13:01	B13,Bw4	097	B	2310	2175	8.11	POS		1878				0			
C*03:02	Cw10	083	C	2025	1878	6.32	POS		1878				0			
B*15:13	B77,Bw4	045	B	1174	1073	6.2	NEG		1878				0			
C*03:04	Cw10	085	C	1185	1007	2.92	NEG		1878				0			
B*15:02	B75,Bw6	041	B	859	730	3.19	NE									
B*44:03	B44,Bw4	058	B	462	324	1.59	NE									
C*17:01	Cw17	095	C	477	298	1.17	NE									
A*68:02	A68	030	A	493	269	0.92	NE									
A*31:01	A31	020	A	381	237	1.23	NE									
A*66:02	A66	028	A	344	207	1.18	NE									
B*67:01	B67,Bw6	076	B	335	196	1.13	NE									
A*30:02	A30	019	A	305	182	1.23	NE									
A*34:01	A34	023	A	300	158	0.99	NE									
B*07:14	B7,Bw6	1012	B	3978	157	0.46	NE									
B*53:01	B53,Bw4	068	B	284	145	0.96	NE									



iCn3D表示機能

AlleleまたはSeroをクリックすると立体構造を確認することができます
インターネットに接続しているPCでのみ使用できます

-Latest Version：最新のwebsiteの閲覧
-Compatible Version：機能が制限されたページの閲覧
-Safe Mode：限られた機能のみでの閲覧

Positive Alleles Covered

11/14 Positive Alleles Covered
Positiveと判定されたアレルが14個
14個のうち11個がEpitopeをシェアしている

All positive epitopes (all locu 9 : 11/14 Positve Alleles Covered.

Epitope	#	Locus	Residue
127K	9	A	127K
144TKH	6	A	142T143T144K145H
145KHA	5	A	144K145H149A
107W	4	A	107W
43Q+62GER	3	A	43Q + 62G63E65R
62GK2	3	A	62G63E65R66K (73T74H
65GK	3	A	E,E,G,K,A
144KR+127K	2	A	142I143T144K145R + 127K
144QL	2	B	144Q145L149A

拡大図

拡大図

Positive:14個

Allele	Sero	Bead ID	Loc	Raw	Baseli	Ratio	Rxn	Miss EP Def	Cutof	Self	Imm	Ab Verified	N. Ab Ve	Imm Ab Verif	N. Im Ab Ver	TP Ab Ver
B*13:02	B13,Bw4	036	B				POS		2305		☑	144QL	1	144QL	1	
B*13:01	B13,Bw4	097	B				POS		2305			144QL	1	144QL	1	
A*02:06	A2	006	A				POS		2305			43Q+62GER, 62GK2, 107W, 127K, 144TKH, 145KHA	6		0	43C
A*02:01	A2	004	A	16536	16335	54.79	POS		2305			43Q+62GER, 62GK2, 107W, 127K, 144TKH, 145KHA	6		0	43C
A*02:03	A2	005	A	15562	15372	59.03	POS		2305			43Q+62GER, 62GK2, 107W, 127K, 144TKH	5		0	43C
A*68:02	A68	030	A	15154	14953	49.72	POS		2305			127K, 144TKH, 145KHA	3		0	127
A*69:01	A69	031	A	15105	14906	50.55	POS		2305			107W, 127K, 144TKH, 145KHA	4		0	107
A*68:01	A68	029	A	15035	14757	25.78	POS		2305			127K, 144TKH, 145KHA	3		0	127
A*24:03	A24	012	A	8964	8751	25.74	POS		2305			65GK, 127K, 144KR+127K	3		0	65C
A*24:02	A24	011	A	8645	8426	23.33	POS		2305			65GK, 127K, 144KR+127K	3		0	65C
A*23:01	A23	010	A	8287	8043	18.07	POS		2305			65GK, 127K	2		0	65C
A*66:02	A66	028	A	5848	5624	15.2	POS		2305				0		0	
A*66:01	A66	027	A	5322	5122	17.75	POS		2305		☑					
B*15:12	B76,Bw6	043	B	2520	2305	7.13	POS		2305							
B*58:01	B58,Bw4	074	B	1953	1730	5.11	NEG		2305							
B*57:01	B57,Bw4	072	B	1876	1674	6.11	NEG		2305				0		0	

11個のアレルがEpitopeをシェア

Missing Ep Def

Epitope Matching | Epitope Analysis

Class I | Class II | MICA

Epitope Library: HMM Class1 0817 | 4/ 3/2019 | 4/17/2019 | Find

Patient: Patient 1 — A*03:01 A*31:01 B*07:02 B*40:01 C*03:04 C*07:02

Donor / Immunizer: Donor 1 — A*34:02 A*66:01 B*13:02 B*51:01 C*06:02 C*16:01

Replace NMDP Code

Select	Sar	HMM Class1 0817	Patient	Well Position	Session Name
☑	112			3 (C1)	05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1_
☐	112			32 (H4)	05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1

Analysis Cutoff | MM Cutoff | Manual

Data Type: Baseline

		A	B	C
Cutoff		2305	2305	2305
Mean of Self (m)	1116	1277	1370	703
SD	337	216	124	131
m+3SD	2128	1925	1742	1096

112 / 05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1_adsorbout

Read LABScreen Analysis

Find Allele | Find Eplet | Find Pos Eplet | Find Cutoff

Ab Verified | Other | All | # of Eplets Only | Rxn Table | iCn3D | Latest Version

Show Self | Show Imm | Show POS | Reset | Export

Row Count: 14

Allele	Sero	Bead ID	Locus	Raw	Baseline	Ratio	Rxn	Missing EP Def	Cutoff	Self	Imm	Ab Verified	N. Ab Verified	Imm Ab Verified	N. Imm Ab Verified
B*13:02	B13,Bw4	036	B	23747	23569	107.11	POS	☐	2305	☐	☑	144QL	1	144QL	1
B*13:01	B13,Bw4	097	B	22791	22585	70.81	POS	☐	2305	☐	☐	144QL	1	144QL	1
A*02:06	A2	006	A	16955	16745	50.24	POS	☐	2305	☐	☐	43Q+62GER, 6···	6		0
A*02:01	A2	004	A	16536	16335	54.79	POS	☐	2305	☐	☐	43Q+62GER, 6···	6		0
A*02:03	A2	005	A	15562	15372	59.03	POS	☐	2305	☐	☐	43Q+62GER, 6···	5		0
A*68:02	A68	030	A	15154	14953	49.72	POS	☐	2305	☐	☐	127K, 144TKH,···	3		0
A*69:01	A69	031	A	15105	14906	50.55	POS	☐	2305	☐	☐	107W, 127K, 14···	4		0
A*68:01	A68	029	A	15035	14757	25.78	POS	☐	2305	☐	☐	127K, 144TKH,···	3		0
A*24:03	A24	012	A	8964	8751	25.74	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K, 14···	3		0
A*24:02	A24	011	A	8645	8426	23.33	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K, 14···	3		0
A*23:01	A23	010	A	8287	8043	18.07	POS	☐	2305	☐	☐	65GK, 127K	2		0
A*66:02	A66	028	A	5848	5624	15.2	POS	☐	2305	☐	☐		0		0
A*66:01	A66	027	A	5322	5122	17.75	POS	☐	2305	☐	☑		0		0
B*15:12	B76,Bw6	043	B	2520	2305	7.13	POS	☐	2305	☐	☐		0		0

Missing Ep Def
カタログに含まれるがEpitope Database
に含まれないアレルにチェックが入る
(カタログファイルとEpitope Databaseの
バージョンが異なる場合)

#of Eplets Only

#of Eplets Only
Epiletの数のみの表示となる

Epitope Matching | Epitope Analysis

Class I | Class II | MICA | Patient

Epitope Library: HMM Class1 0817 | 10/21/2015 | 4/ 3/2019 | Find | Donor / Immunizer

Select	Sample ID	Sample Date	Patient	Well Position	Session Name
	112				
☑	112				

Replace NMDP Code

A	B	C
2305	2305	2305

112 / 05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1_adsorbout | Find Cutoff | B*13:02

☑ Ab Verified ☐ Other ☐ All ☑ # of Eplets Only ☐ Rxn Table iCn3D Latest Version | Show Self | Show Imm | Show POS | Reset | Export | Row Count: 99

Allele	Sero	Bead ID	Locus	Raw	Baseline	Ratio	Rxn	Missing EP Def	Cutoff	Self	Imm	N. Ab Verif	N. Imm Ab Verified	N. TP Ab Verified
B*13:02	B13,Bw4	036	B	28747	28569	107.11	POS		2305			1		
B*13:01	B13,Bw4	097	B	22791	22585	70.81	POS		2305			1		
A*02:06	A2	006	A	16955	16745	50.24	POS		2305			6		
A*02:01	A2	004	A	16536	16335	54.79	POS		2305			6		
A*02:03	A2	005	A	15562	15372	59.03	POS		2305			5		
A*68:02	A68	030	A	15154	14953	49.72	POS		2305			3		
A*69:01	A69	031	A	15105	14906	50.55	POS		2305			4		

Epitope Matching | Epitope Analysis

Class I | Class II | MICA | Patient

Epitope Library: HMM Class1 0817 | 10/21/2015 | 4/ 3/2019 | Find | Donor / Immunizer

Select	Sample ID	Sample Date	Patient	Well Position	Session Name
	112			32 (H4)	05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1
☑	112			3 (C1)	05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1_

Replace NMDP Code

Analysis Cutoff | MM Cutoff | Manual

Data Type: Baseline | Cutoff

A	B	C
2305	2305	2305

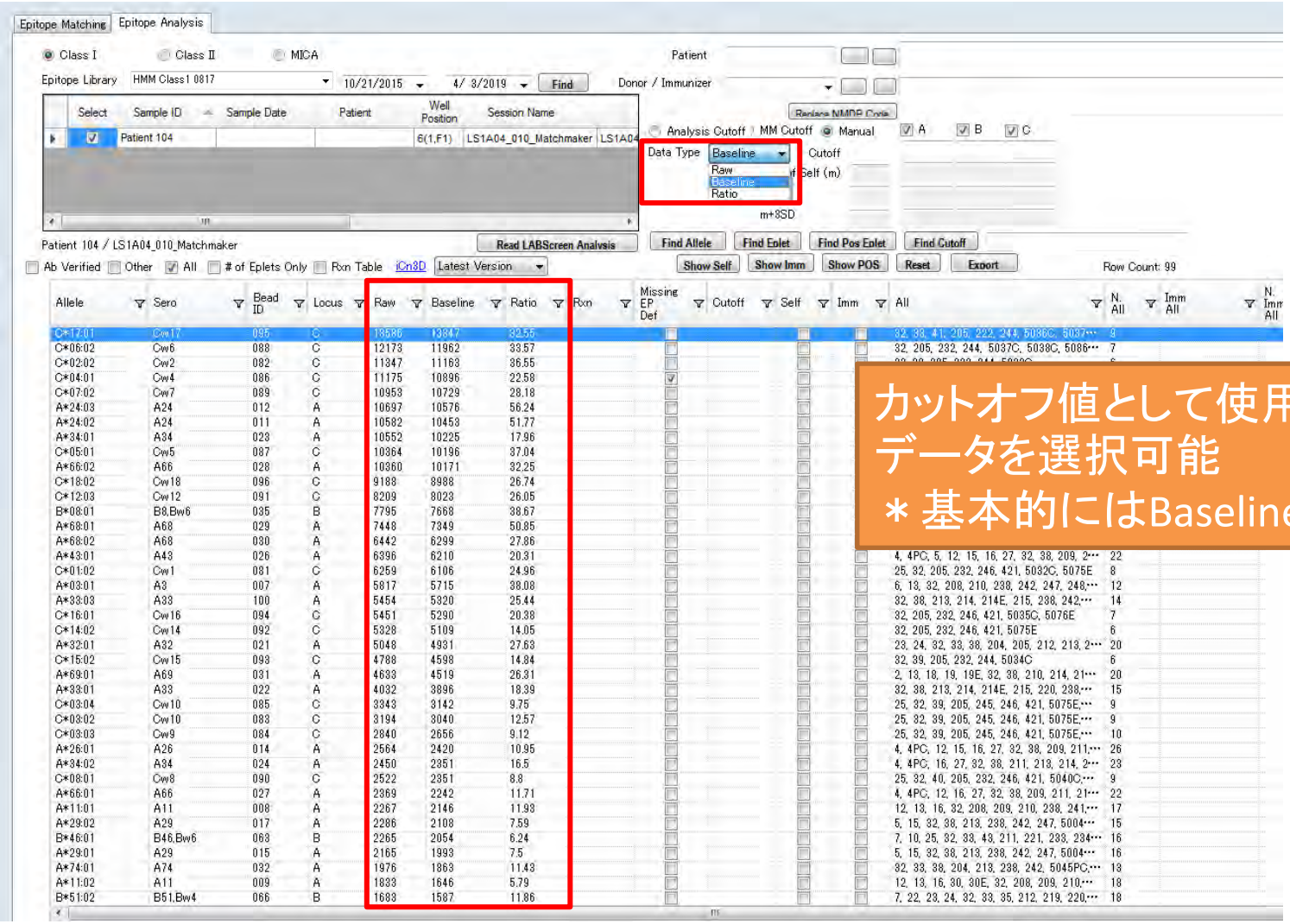
Mean of Self (m)
SD
m+3SD

112 / 05-25-17 SAC1_lot 7 Bordeaux P1_adsorbout | Read LABScreen Analysis | Find Allele | Find Eplet | Find Pos Eplet | Find Cutoff | B*13:02

☑ Ab Verified ☐ Other ☐ All ☑ # of Eplets Only ☐ Rxn Table iCn3D Latest Version | Show Self | Show Imm | Show POS | Reset | Export | Row Count: 99

Allele	Sero	Bead ID	Locus	Raw	Baseline	Ratio	Rxn	Missing EP Def	Cutoff	Self	Imm	Ab Verified	N. Ab Verif	Imm Ab Verified
B*13:02	B13,Bw4	036	B	28747	28569	107.11	POS		2305			144QL	1	
B*13:01	B13,Bw4	097	B	22791	22585	70.81	POS		2305			144QL	1	
A*02:06	A2	006	A	16955	16745	50.24	POS		2305			43Q+62GER, 62GK2, 107W, 127K, 144TKH, 1···	6	
A*02:01	A2	004	A	16536	16335	54.79	POS		2305			43Q+62GER, 62GK2, 107W, 127K, 144TKH, 1···	6	
A*02:03	A2	005	A	15562	15372	59.03	POS		2305			43Q+62GER, 62GK2, 107W, 127K, 144TKH	5	
A*68:02	A68	030	A	15154	14953	49.72	POS		2305			127K, 144TKH, 145KHA	3	
A*69:01	A69	031	A	15105	14906	50.55	POS		2305			107W, 127K, 144TKH, 145KHA	4	
A*68:01	A68	029	A	15035	14757	25.78	POS		2305			127K, 144TKH, 145KHA	3	

使用するデータの種類の選択



カットオフ値として使用するデータを選択可能
＊基本的にはBaselineを使用

アミノ酸配列の比較

手順

- IMGT/HLAにアクセス
  - https://www.ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/align.html
- 対象アレル、比較アレルを入力
- 出力された結果はコピー＆ペーストで各種ファイルに移動可能

VERITAS

Select the alignment options

Step 1	Select locus	DRB1
Step 2	Select features	Protein - Full Length Protein
Step 3	Choose reference sequence	04:01:01:01
Step 4	Any specific sequences required (separated by a new line or a comma):	04:03:01:01 04:04:01:01 04:05:01:01 04:06:01 04:07:01:01 04:10:01
Step 5	Only show exact matches (*e.g.* 02:10 will not match 02:100)	☑

アミノ酸配列での比較の場合は”Protein”を選択

Step 5	Only show exact matches (*e.g.* 02:10 will not match 02:100)	☑
Step 6	Display mismatches	Show mismatches between sequences
Step 7	Numbering format	In Blocks - nucleotide sequence displayed in blocks of 10 bases
Step 8	Filter unsequenced alleles	Omit unsequenced alleles
Step 9	Output format	Plain text - ideal for cut & paste (fast)

これらの項目は変更しない

Align Sequences Now

“Align Sequences Now”をクリック

```
AA Pos.                  -21        -11         -1         10         20         30         40         50         60         70
DRB1*04:01:01:01    MVCLKFPGG SCMAALTVTL MVLSSPLALA GDTRPRFLEQ VKHECHFFNG TERVRFLDRY FYHQEEYVRF DSDVGEYRAV TELGRPDAEY WNSQKDLLEQ
DRB1*04:03:01:01    ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ----------
DRB1*04:04:01:01    ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ----------
DRB1*04:05:01:01    ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ------S--- ----------
DRB1*04:06:01       ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ------S--- ---------- ---------- ----------
DRB1*04:07:01:01    ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ----------
DRB1*04:10:01       ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ------S--- ----------

AA Pos.                   80         90        100        110        120        130        140        150        160        170
DRB1*04:01:01:01    KRAAVDTYCR HNYGVGESFT VQRRVYPEVT VYPAKTQPLQ HHNLLVCSVN GFYPGSIEVR WFRNGQEEKT GVVSTGLIQN GDWTFQTLVM LETVPRSGEV
DRB1*04:03:01:01    R--E------ -----V---- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ----------
DRB1*04:04:01:01    R--------- -----V---- --
DRB1*04:05:01:01    R--------- ---------- --
DRB1*04:06:01       R--E------ -----V---- --
DRB1*04:07:01:01    R--E------ ---------- --
DRB1*04:10:01       R--------- -----V---- --

AA Pos.                  180        190
DRB1*04:01:01:01    YTCQVEHPSL TSPLTVEWRA RS
DRB1*04:03:01:01    ---------- ---------- --
DRB1*04:04:01:01    ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- -------
DRB1*04:05:01:01    ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- -------
DRB1*04:06:01       ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- -------
DRB1*04:07:01:01    ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- -------
DRB1*04:10:01       ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- ---------- -------
```

対象アレルに対して異なる部分が表示される。
”-”は対象アレルと同じ配列を示す。
IMGTに登録されていない場合には”*”として表示される。