



HLA検査のエッセンス Vol.2 抗HLA抗体検査

第2部 LABScreenの解析

株式会社ベリタス

2024年10月30日

本日の内容

- 解析準備
- 解析結果とレポート (Mixed)
- 解析結果 (Single Antigen)
- データ解析 (Single Antigen)
- レポート (Single Antigen)

解析準備：HLA Fusionの解析に必要なファイル

- 血清型ファイル

- 最新の血清型、アレル情報を含む
- 年に2回更新(1月と7月のIMGT更新にあわせて更新される)
- ファイル名の例：sero_equivalent_2023January.csv

IMGTのバージョン

- カタログファイル

- 各製品で検出ができるアレル情報を含む
- 製品&ロットごとに作成
- ファイル名の例：LS1A04NC26_014_00.cat

製品コード

NC血清のロット

製品ロット

バージョン

- 下記よりダウンロード可能

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



カタログファイル、テンプレートファイルは下記ページよりダウンロードできます。

HLA Fusion カタログファイル	LABScanシステム テンプレートファイル	LABScan3D テンプレートファイル
		
HLA Fusion™ カタログファイル	LABScanシステム用 テンプレートファイル	LABScan3D™ テンプレートファイル

HLA Fusion 血清型ファイル(Nomenclature)

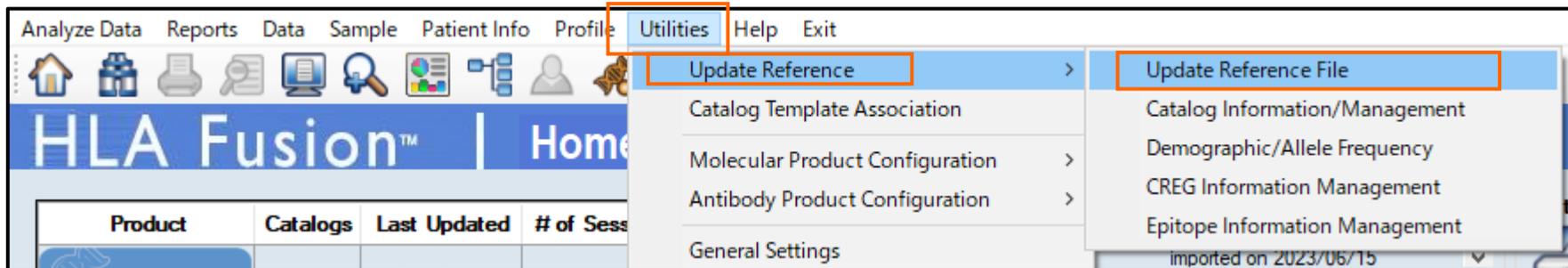
One Lambdaより提供されているIMGT/HLAの血清型ファイルです。LABScreen、LABType、マイクロSSPが対象です。

血清型ファイル (IMGT 3.51/2023 January版 2023/6/28 更新)

HLA Fusion™ へのインストール方法

解析ファイルのインポート

- Utilities>Update Reference>Update Reference Fileの順にクリック

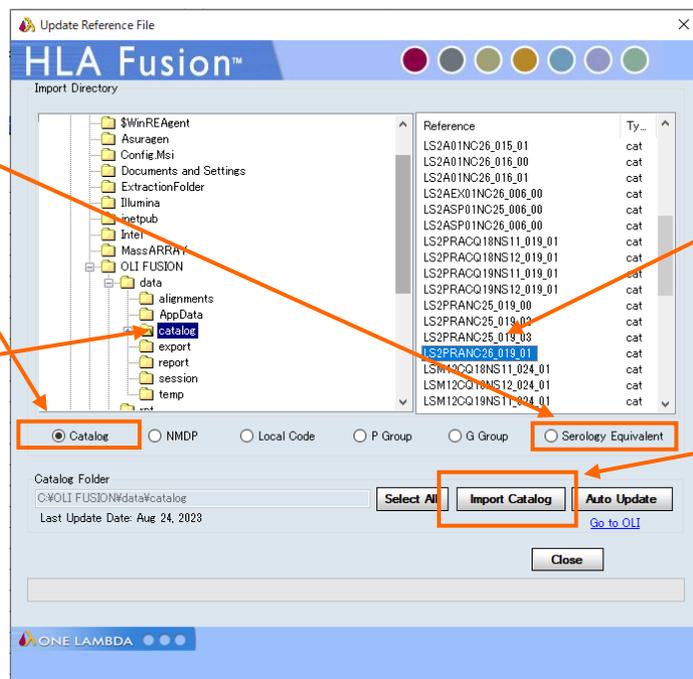


①「Catalog」もしくは「Serology Equivalent」を選択

②ファイルを保存したフォルダを選択

③インポートするカタログファイルもしくは血清型ファイルを選択

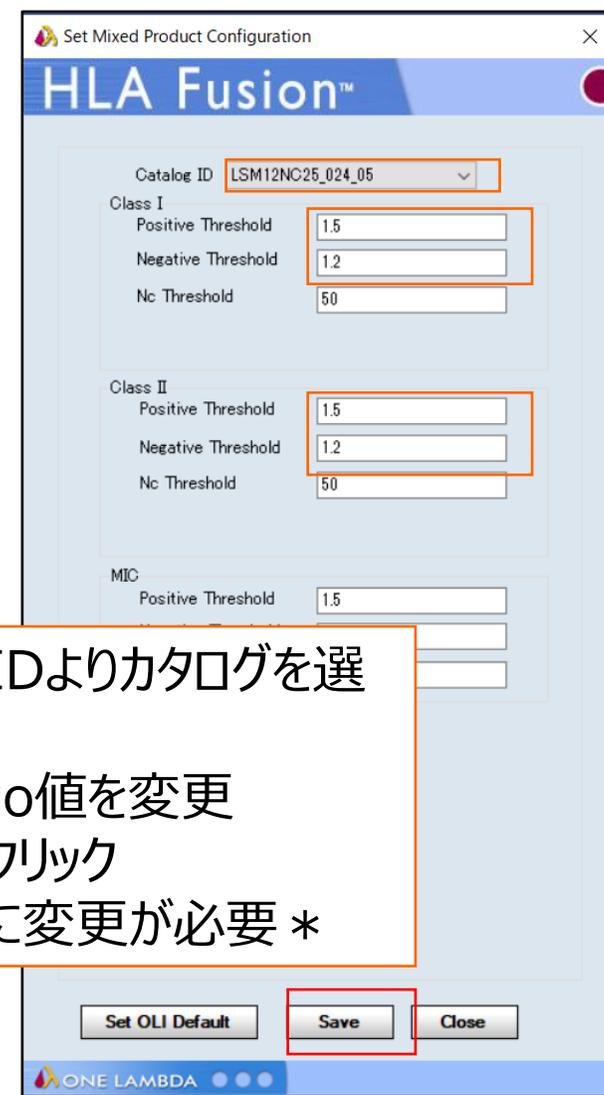
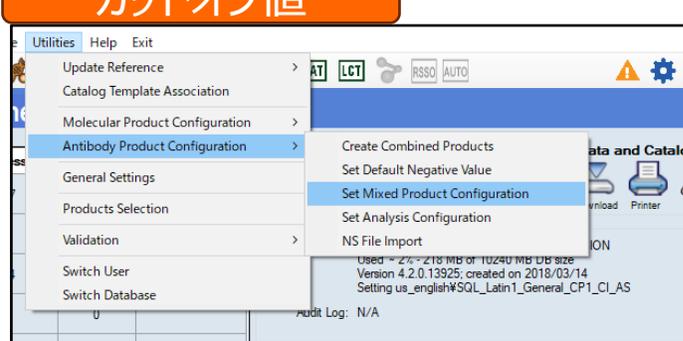
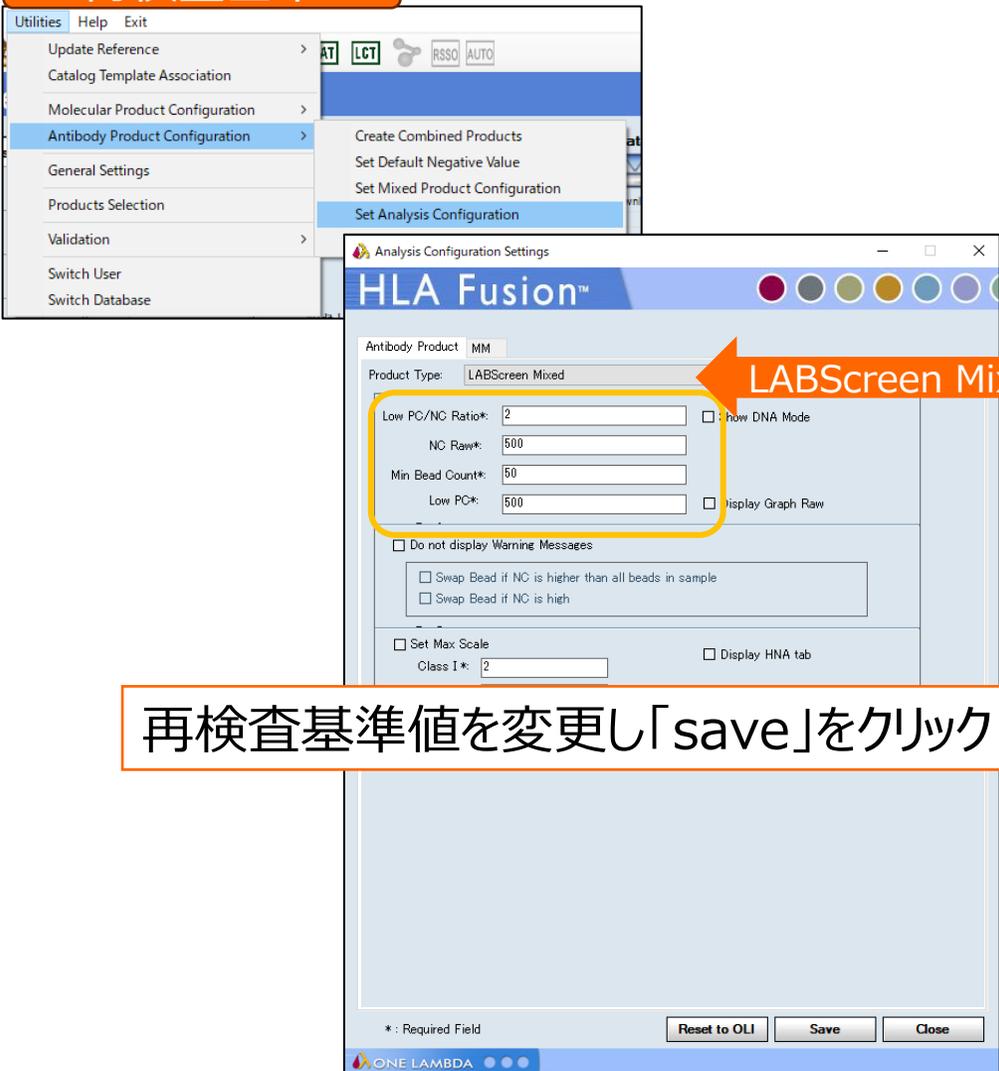
④「Import Catalog」もしくは「Import Serology」をクリック



解析条件の設定 (Mixed)

再検査基準

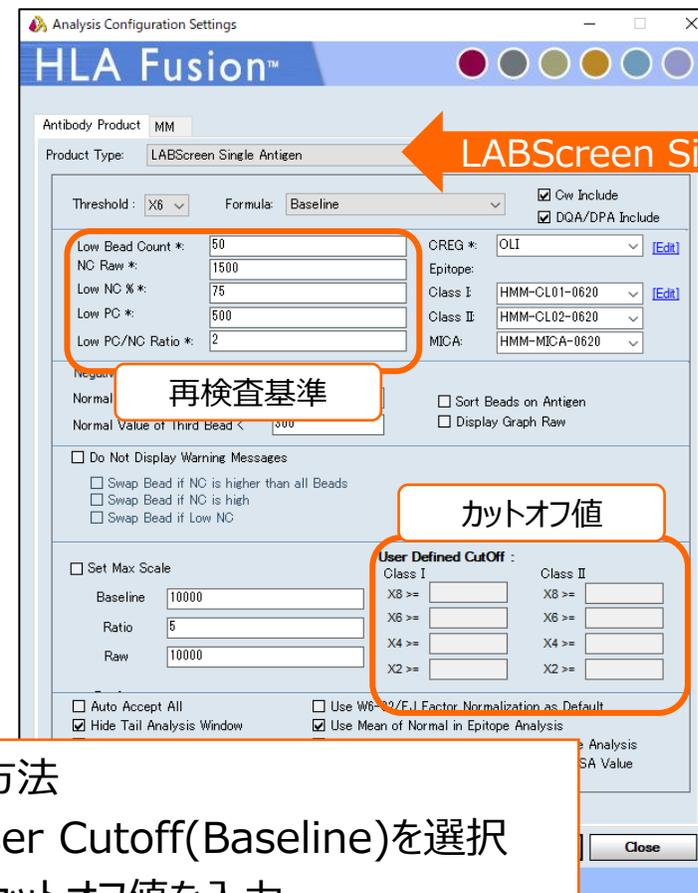
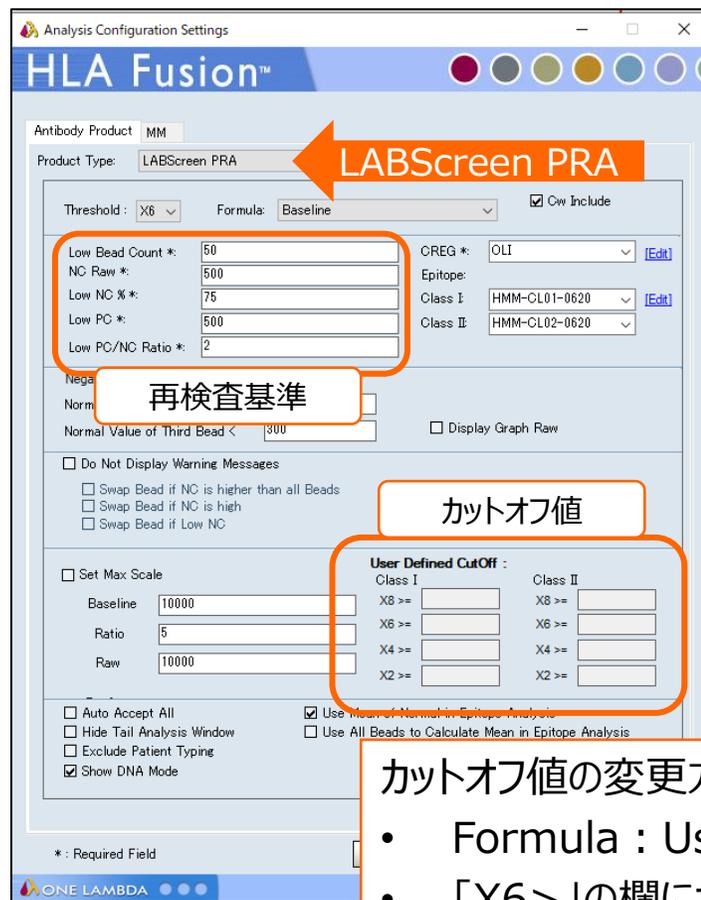
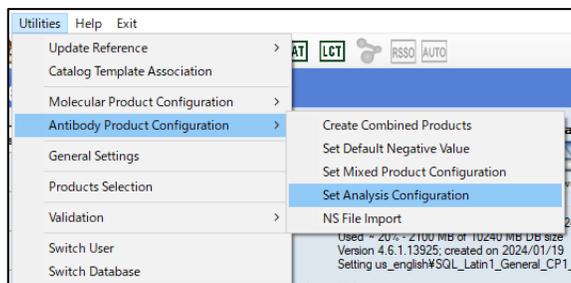
カットオフ値



再検査基準値を変更し「save」をクリック

1. Catalog IDよりカタログを選択
 2. NBG Ratio値を変更
 3. 「save」をクリック
- * カタログごとに変更が必要 *

解析条件の設定 (PRA/Single Antigen)



カットオフ値の変更方法

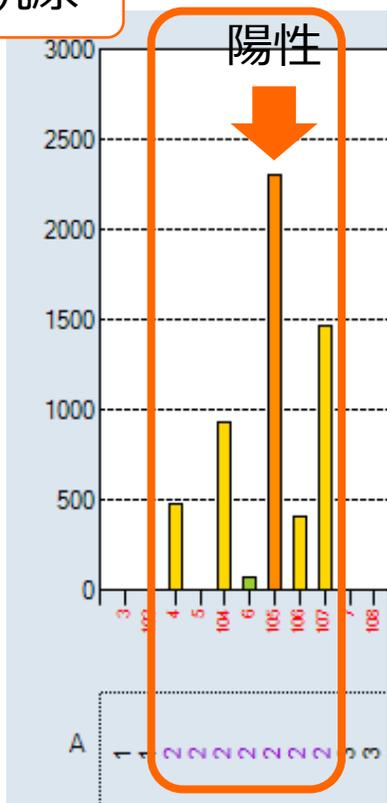
- Formula : User Cutoff(Baseline)を選択
- 「X6>」の欄にカットオフ値を入力
 - Threshold「x 6」以上が陽性と判定される
 - 「x 8」～「x 2」の全ての項目に数値を入力
- 入力後、「save」をクリック

※ Epitope Analysis Resultsの値の違い

- 抗原ごとの平均nMFI値の算出方法は解析設定の「Use All Beads to...」のON/OFFで異なります（推奨はOFF）

Use All Beads to Calculate Mean in Epitope Analysis
 Use Active Formula for Match (Mismatch, P&A) Value

例：A2抗原



チェックボックスOFF

陽性と判定したA2ビーズのみの平均値が表示

Epitope Analysis Results			
Spec.	>= X6	< X6	Mean (Ba...
A2	1	6	2312.07

チェックボックスON

試薬に含まれるA2ビーズすべての平均値が表示

Epitope Analysis Results			
Spec.	>= X6	< X6	Mean (Ba...
A2	1	6	810.03

データインポートの手順

LABScreenボタン
もしくは
抗体ボタンをクリック

施設内で毎回同程度のデータが
出ることを確認

メーカーQC
測定データ

- ① インポートするcsvファイルを選択
- ② カタログファイル選択
- ③ NC血清を選択
- ④ NC血清の値を確認
- ⑤ データのインポート

再検査基準の確認

Summary Report

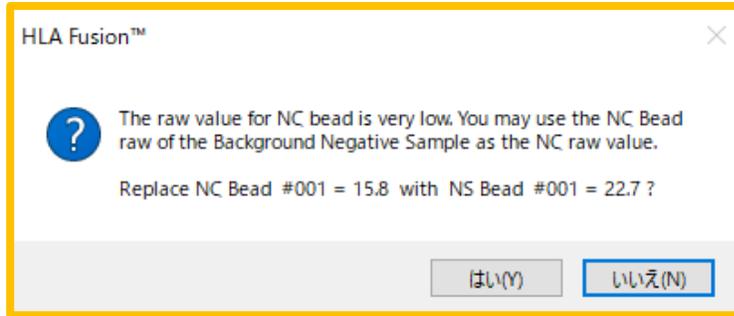
Session : reQCWS_LS1PRA017_NC19_20180515_125702 Catalog : LS1PRANC19_017_00 Session Date: 2018/05/25

Edit	Position	Sample	▼ Patient	Class I Suggested	Class I +/-	Class I Final	Class I % PRA	Class I Tail	Class I Epitope	Min BeadCnt	NC	PC	PCNCRatio
	1(1,A1)	NC		Neg			0	Negative	Negative	100	77.08	9082.96	117.838
	2(1,B1)	3001		Pos			4	B44	B44	88	1957.47	11309.74	5.778
	3(1,C1)	3001ad		Pos			4	B44	B44	96	526.69	11092.16	21.06
	4(1,D1)	3002		Pos			53	A2,A24,A68,A69,B46	A2,A68,B58,B57,A69,A24	43	1140.23	8559.1	7.506
	5(1,E1)	3002ad		Pos			53	A2,A24,A68,A69,B46	A2,A68,B58,B57,A69,A24	65	1408.23	10119.35	7.186

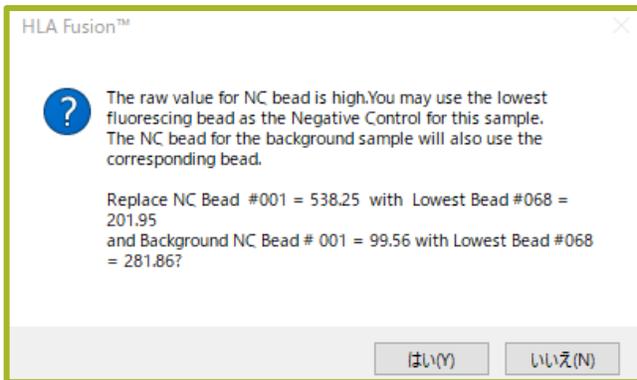
- 下記の条件を満たしていることを確認
 - Min Bead Cnt : 50以上
 - NC : 1,500以下
 - PC : 500以上
 - PC/NCRatio : 2以上

基準を満たしていない場合は
再検査を行ってください

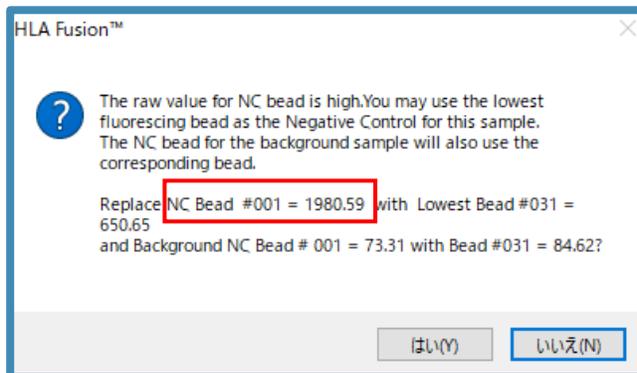
データインポート時のメッセージ



* 検体のNCビーズが、NC血清のNCビーズより低い時に表示されます
検体のNCビーズの値をNC血清のNCビーズの値と書き換えますか？
→「いいえ」を選択



* 検体のNCビーズが、検体の他の抗原ビーズより高い時に表示されます
検体のNCビーズの値が高いので、検体の一番低いビーズの値と書き換え
ますか？それに伴って、NC血清のNCビーズも変更しますか？
→「いいえ」を選択

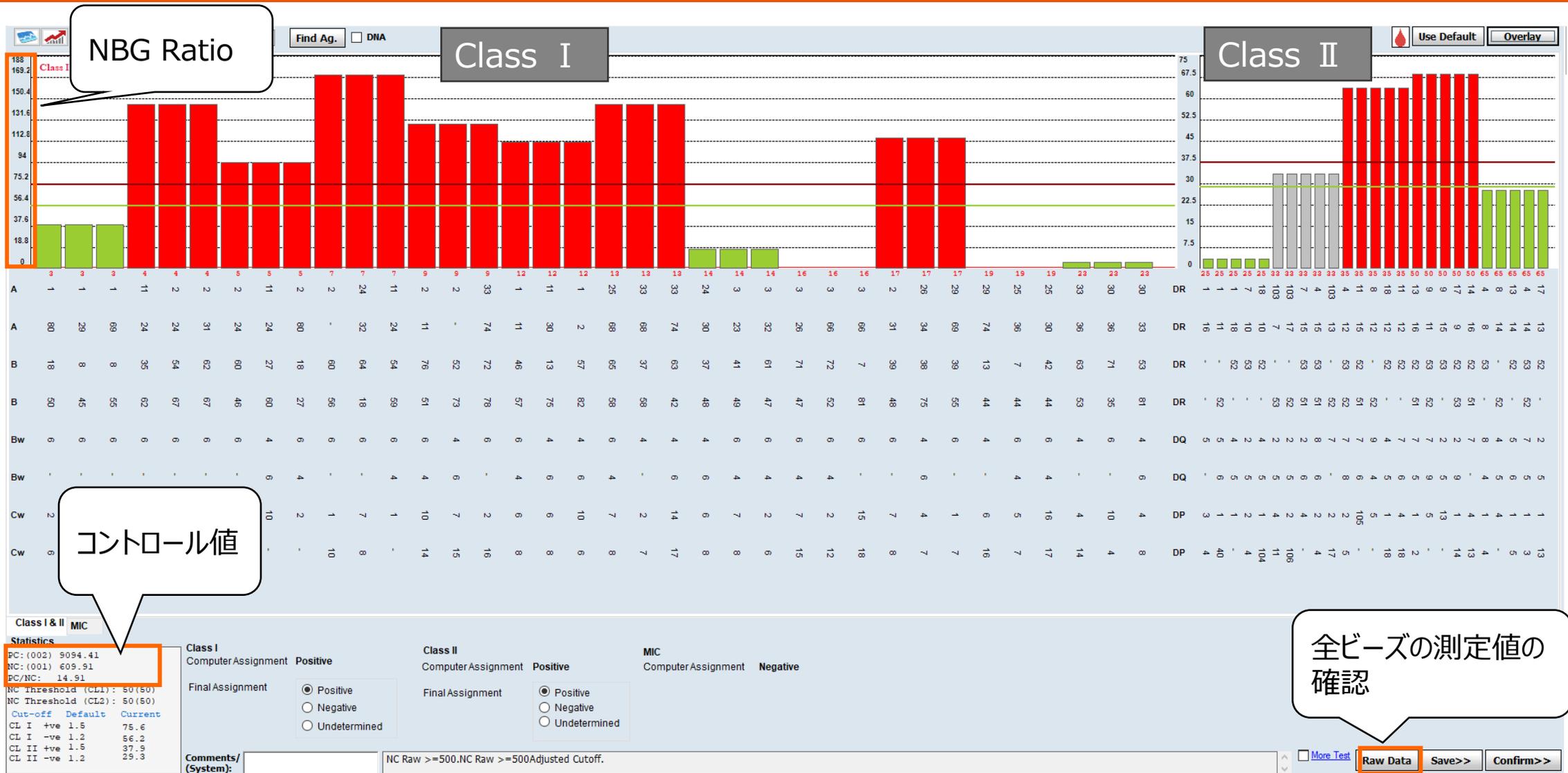


検体のNCビーズ値が1500を超えている場合は
再検査をしてください



解析結果とレポート (Mixed)

解析画面 (Mixed)



全ビーズの測定値の確認

NBG Ratio

- NBG Ratio = Normalized Background Ratio
- 算出方法
(検体の各ビーズ値-検体のNCビーズ値)
/(NC血清の各ビーズ値-NC血清のNCビーズ値)
✓分母が50未満の場合は分母は50として計算される

Bead ID	Class	Sample Raw	Sample NC	LSNS Raw	LSNS NC	NBG Ratio	Baseline	Rxn	Count	St
001	NC	609.91	609.91	40.67	40.67	0	0		187	
002	PC	9094.41	609.91	9873.95	40.67	0.8628	0		160	
003	I	5545.42	609.91	166.77	40.67	39.1396	809.41	1	151	A1
003	I	5545.42	609.91	166.77	40.67	39.1396	809.41	1	151	A1
003	I	5545.42	609.91	166.77	40.67	39.1396	809.41	1	151	A1
004	I	15660.4	609.91	144.37	40.67	145.1349	4946.79	8	104	A2
004	I	15660.4	609.91	144.37	40.67	145.1349	4946.79	8	104	A2
004	I	15660.4	609.91	144.37	40.67	145.1349	4946.79	8	104	A1
005	I	14819.17	609.91	192.34	40.67	93.6854	4057.59	8	124	A2
005	I	14819.17	609.91	192.34	40.67	93.6854	4057.59	8	124	A1
005	I	14819.17	609.91	192.34	40.67	93.6854	4057.59	8	124	A2
007	I	16885.34	609.91	135.66	40.67	171.3383	6180.44	8	108	A2
007	I	16885.34	609.91	135.66	40.67	171.3383	6180.44	8	108	A2
007	I	16885.34	609.91	135.66	40.67	171.3383	6180.44	8	108	A1
009	I	16417.99	609.91	164.23	40.67	127.9385	5684.52	8	115	A2
009	I	16417.99	609.91	164.23	40.67	127.9385	5684.52	8	115	A2
009	I	16417.99	609.91	164.23	40.67	127.9385	5684.52	8	115	A2

各検体の解析画面の右下の「Raw Data」をクリックすると表示される

解析画面 (Mixed)

陽性カットオフライン

陰性カットオフライン

陽性及び陰性のカットオフラインは手動で上下に動かすことができます
判定結果はソフトが自動判定した結果が反映されますが、手動で変更できます

陽性と陰性カットオフの間にあるビーズはグレー表示

判定結果の確認

解析結果の保存

Class I	Class II	MIC
Computer Assignment Positive	Computer Assignment Positive	Computer Assignment Negative
Final Assignment	Final Assignment	
<input checked="" type="radio"/> Positive	<input checked="" type="radio"/> Positive	
<input type="radio"/> Negative	<input type="radio"/> Negative	
<input type="radio"/> Undetermined	<input type="radio"/> Undetermined	

Comments/ (System): NC Raw >=500.NC Raw >=500Adjusted Cutoff.

More Test Raw Data **Save>>** Confirm>>

レポート-1

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

Home Print Search MicroSSP STYP SSO LAT LGT

Patient Generic Typing LABType MicroSSP Generic Antibody LABScreen Specialty Statis

Sample Summary **LSM Details** LSM Summary LSM Overview Product Compare

Patient or Donor ID: *
Session: *
Batch: *
Sample ID: *

SessionID
WellPosition
SampleID
PatientID

LSM Detail

Approved By: _____ Date: _____

Session ID: 200907_LSM022_NC023_20200907_124154
Catalog: LSM12NC23_022_00

NS Sample: NC

Background Values	005	007	132.31	008	129.79	013	114.74	018	128.56	030	129.09	041	123.49	043	133.09	053	133.52	059	126.96
061	128.84	062	143.13	078	92	081	109.28	083	107.59	084	66.02	096	95.5	099	90.6	100	90.09	NC	114.76
PC	1212247																		

Class I Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class I Sensitivity/MFI: 0
Class II Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class II Sensitivity/MFI: 0
MIC Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 HNA Sensitivity/MFI: 0

Patient ID: _____ Patient Name: _____ Local ID: _____

Status: _____

Transplant Type	Class I						Class II						Sample Date		
	Overall Positive	Bead	Result	Raw Data	Ratio	Count	Overall Positive	Bead	Result	Raw Data	Ratio	Count			
[2(1,B)]FL1-64		005	Positive	831.5	16.21	112		078	Undetermined	95.78	1.49	157	NC	21.16	168
		007	Positive	977.6	19.13	192		081	Positive	232.02	4.22	163	PC	9278.56	148
		008	Positive	622.27	12.02	147		083	Negative	68.14	0.94	155	PC/NC Ratio		438.5
		013	Positive	849.77	16.57	101		084	Positive	137.78	2.33	152			
		018	Positive	951.22	18.60	100		096	Negative	75.5	1.09	151			
		030	Positive	775.82	15.09	148									
		041	Positive	703.83	13.65	169									
		043	Positive	885.08	17.28	162									
		053	Positive	706.84	13.71	197									
		059	Positive	698.43	13.55	142									
		061	Positive	650.73	12.59	159									
		062	Positive	942.17	18.42	184									

MIC

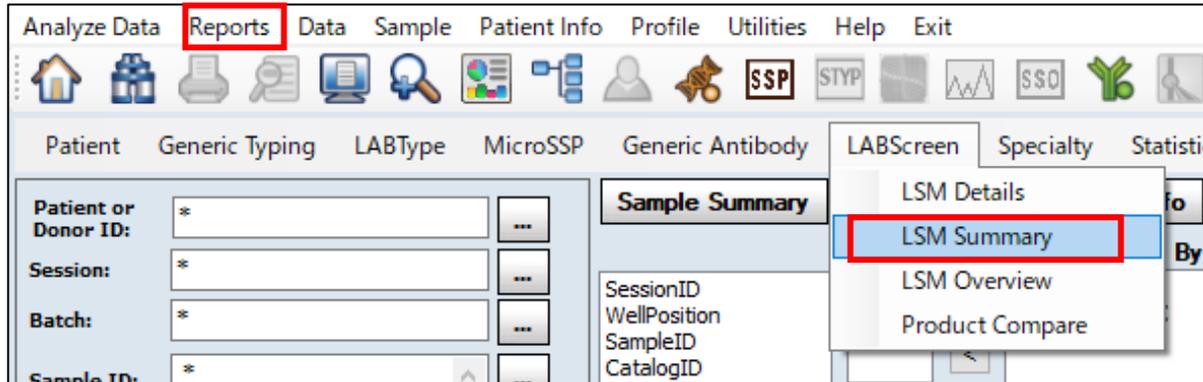
Overall	Bead	Result	Raw Data	Ratio	Count
Negative	099	Negative	24.83	0.07	147
	100	Negative	22.72	0.03	170

Sec. Ab: _____ Treatment: _____
Saved By: 1,1 Saved Date: 11/22/2020
Confirmed By: _____ Confirmed Date: _____
Comment: _____
User Comment: _____

11/22/2020 HLA Fusion™ 4.4.0.13925 Page 1 of 1

全てのビーズのNBG Ratioやビーズカウントが表示される

レポート-2



LSM Summary

Approved By: _____ Date: _____

Session ID: 200907_LSM022_NC023_20200907_124154
Catalog ID: LSM12NC23_022_00

NS Sample: NC

Background Values

005	121.21	007	132.31	008	129.79	013	114.74	018	128.56	030	129.09	041	123.49	043	133.09	053	133.52	059	126.96
061	128.84	062	143.13	078	92	081	109.28	083	107.59	084	66.02	096	95.5	099	90.6	100	90.09	NC	114.76
PC	12122.47																		

Class I Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class I Sensitivity/MFI: 0
Class II Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 Class II Sensitivity/MFI: 0
MIC Positive Cutoff: 1.5 Negative Cutoff: 1.2 NC Threshold: 50 HNA Sensitivity/MFI: 0

[WellPosition]	Sample ID	Class I	Class II	MIC	Raw	Count	Raw	Count	PCNC
[2(1,B1)]	FL1-64	Positive	Positive	Negative	21.16	168	9278.56	148	438.5

Patient ID: _____ Patient Name: _____

Sec. Ab: _____ Treatment: _____
Saved By: 1,1 Saved Date: 11/22/2020
Confirmed By: _____ Confirmed Date: _____ Sample Date: _____
Comment: _____
User Comment: _____

1, 1

11/22/2020 HLA Fusion™ 4.4.0.13925 Page 1 of 1

陽性/陰性の結果のみ表示される



VERITAS

Veritas Corporation

解析結果 (Single Antigen)

解析画面 (Single Antigen)

2桁、4桁表示の切り替え

nMFI値 (縦軸) のスケール変更

nMFI値

グラフの拡大表示

アレル情報、CREG

カットオフ、コントロール値

自動判定結果(x6以上)を表示

判定結果入力欄

nMFIの確認

Spec.	>= X6	< X6	Mean(Ba...)
B7	2	0	25888.41
B42	2		
B55	3		
B56	2		
B67	1		
B81	1		
B54	1	0	24677.46

Ab Assignment Epitope Assignment

Final Assignment **PAq** **DAq**

Spec. Assign -ve Combine

nMFIの確認 Raw Data Save>> Confirm>

nMFIとは

- nMFI = normalized Mean Fluorescence Intensity
 - LABScreenではTrimmed Meanの値をnMFIとして採用
 - 抗体価の目安として使用され、LABScreen製品独自の値
- HLA Fusion上ではBaselineとして表示される
- 計算式

(検体の各ビーズ値-検体のNCビーズ値) -

各ビーズのバックグラウンド除去

(NC血清の各ビーズ値 - NC血清のNCビーズ値)

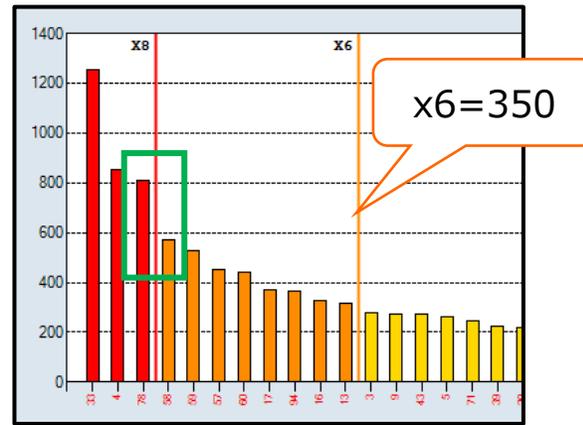
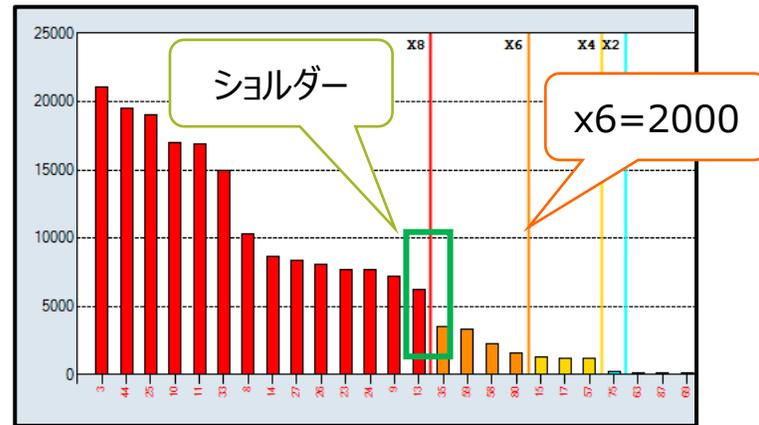
各検体におけるバックグラウンド
除去

nMFI

Bead ID	Sample Raw	Sample NC	LSNS Raw	LSNS NC	Baseline	NBG Ratio	Rxn	Count
077	17810.08	319.22	155.32	21.77	17357.31	7.82	8	142
028	16957.76	319.22	84.86	21.77	16575.45	13.63	8	140

自動判定方法

- HLA Fusionでは自動判定により、x8、x6、x4、x2を決定する
- デフォルトではx6以上が陽性となるように設定されている
 - x6のカットオフ値は検体により異なるため、判定の際はnMFI値も必ず確認する



- x8 : 検体内で1番高いビーズの蛍光値の70%以上
- x6 : 30%以上
- x4 : 5%以上
- x2 : 2%以上

CREGとショルダー（前後のビーズとのnMFI値の差）も加味して判定される



VERITAS

Veritas Corporation

データ解析 (Single Antigen)

カットオフ値の変更

手動で変更できます

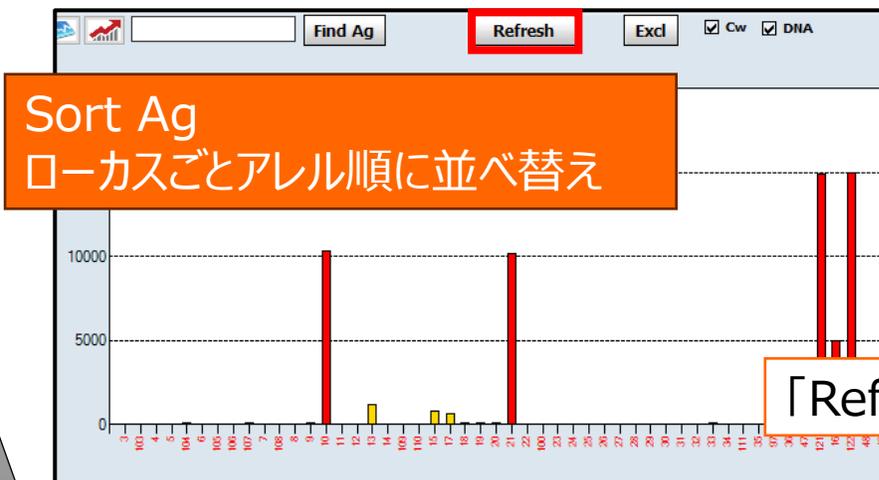
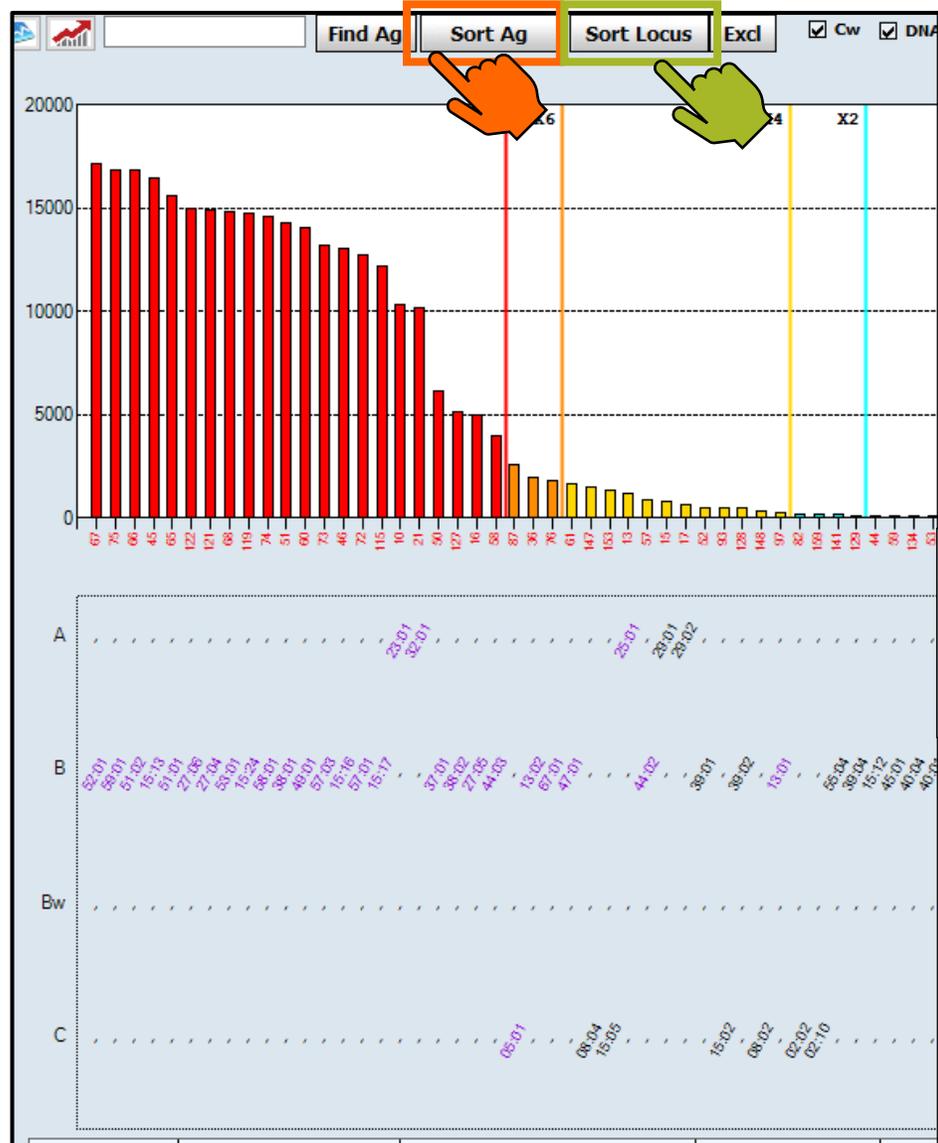
ユーザーカットオフ値への変更

独自で設定したカットオフ値とデフォルトのカットオフ値の切り替えができます

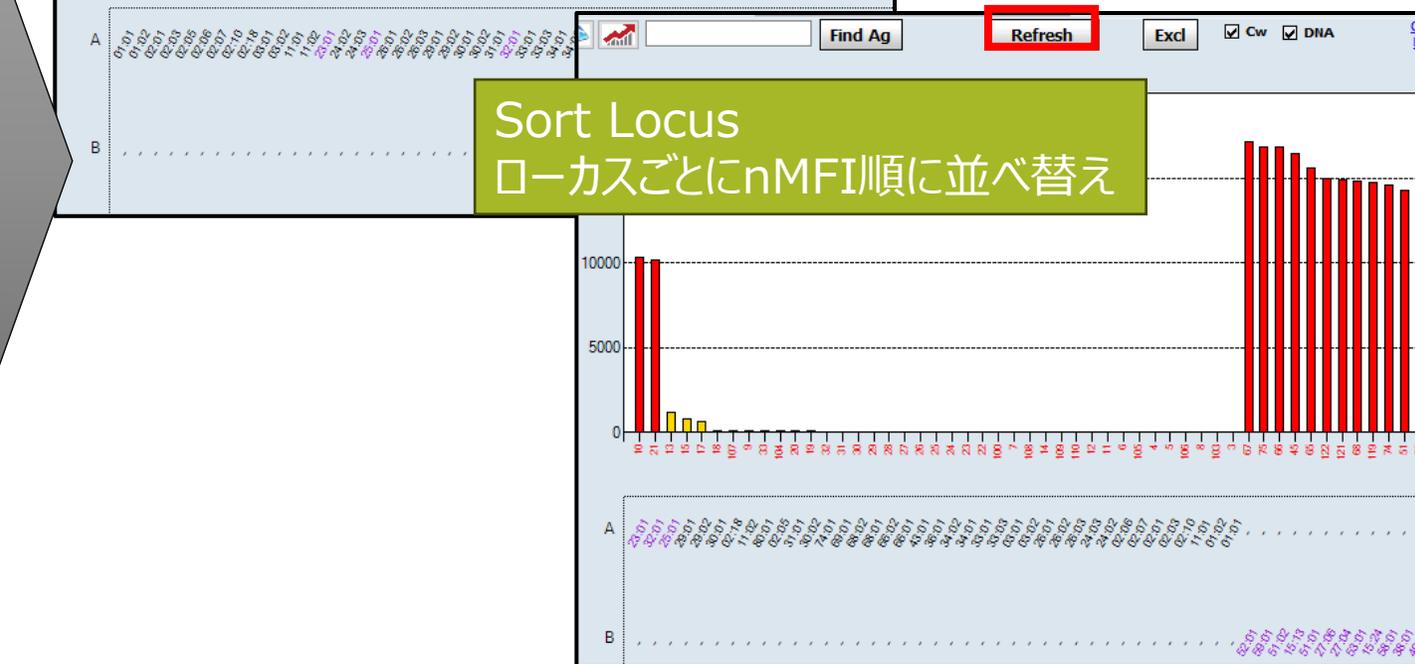
Spec.	>= X6	< X6	Mean(Ba...)
B7	2	0	25888.41
B42	2	0	25803.93
B55	3	0	25268.37
B56	2	0	25252.38
B67	1	0	25125.25
B81	1	0	24869.32
B54	1	0	24677.46

Final Assignment	Ab Assignment	Epitope Assignment
PAg DAg Manual New		
Spec.		

データの並べ替え



「Refresh」でデフォルトに戻る



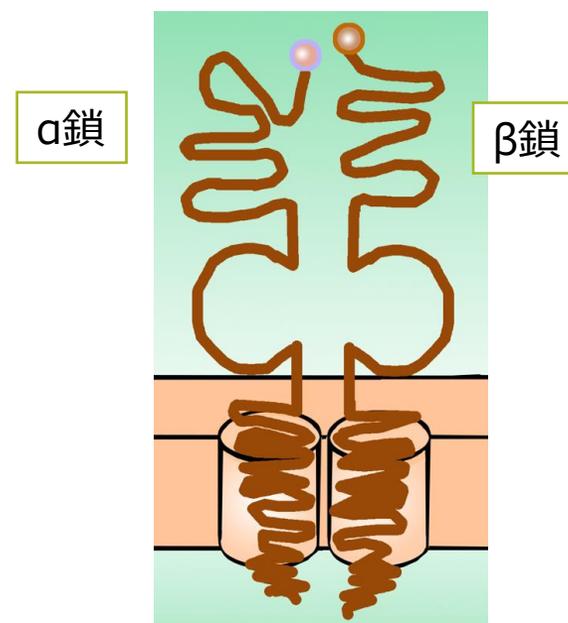
Class IIの解析での注意点

- DP/DQのビーズには2種類のHLA抗原が結合している
- 判定する場合は、該当ビーズの反応がα鎖とβ鎖のどちらによる反応であるかを判断することが必要

データシートの例

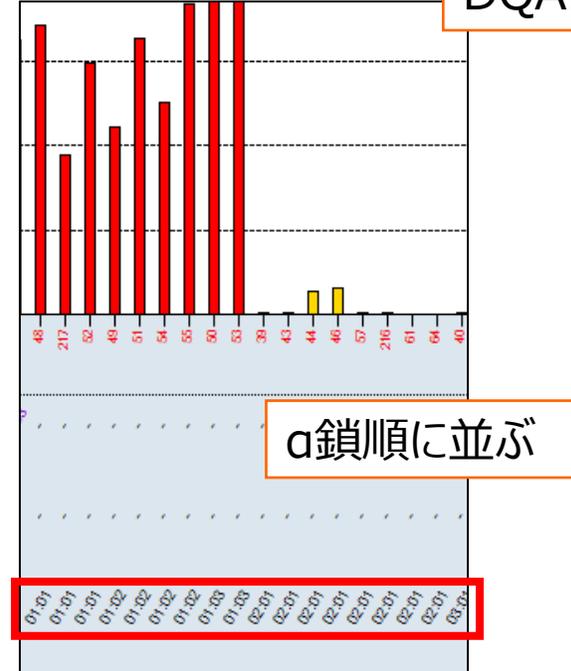
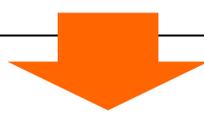
40	rDQ0201A0301	DQA1*03:01,DQB1*02:01	DQ2
41	rDQ0201A0401	DQA1*04:01,DQB1*02:01	DQ2
42	C4987DQ0201	DQA1*05:01, DQB1*02:01	DQ2
43	rDQ0202A0201	DQA1*02:01, DQB1*02:02	DQ2
44	rDQ0401A0201	DQA1*02:01, DQB1*04:01	DQ4
45	C4107DQ0401	DQA1*03:03, DQB1*04:01	DQ4
46	rDQ0402A0201	DQA1*02:01, DQB1*04:02	DQ4
47	rDQ0402A0401	DQA1*04:01, DQB1*04:02	DQ4
48	C4905DQ0501	DQA1*01:01, DQB1*05:01	DQ5

Class IIの構造



Class II DP/DQはソフトの自動判定の結果をそのまま採用せず、ご自身で確認をお願いいたします

データの並べ替え (Class II)



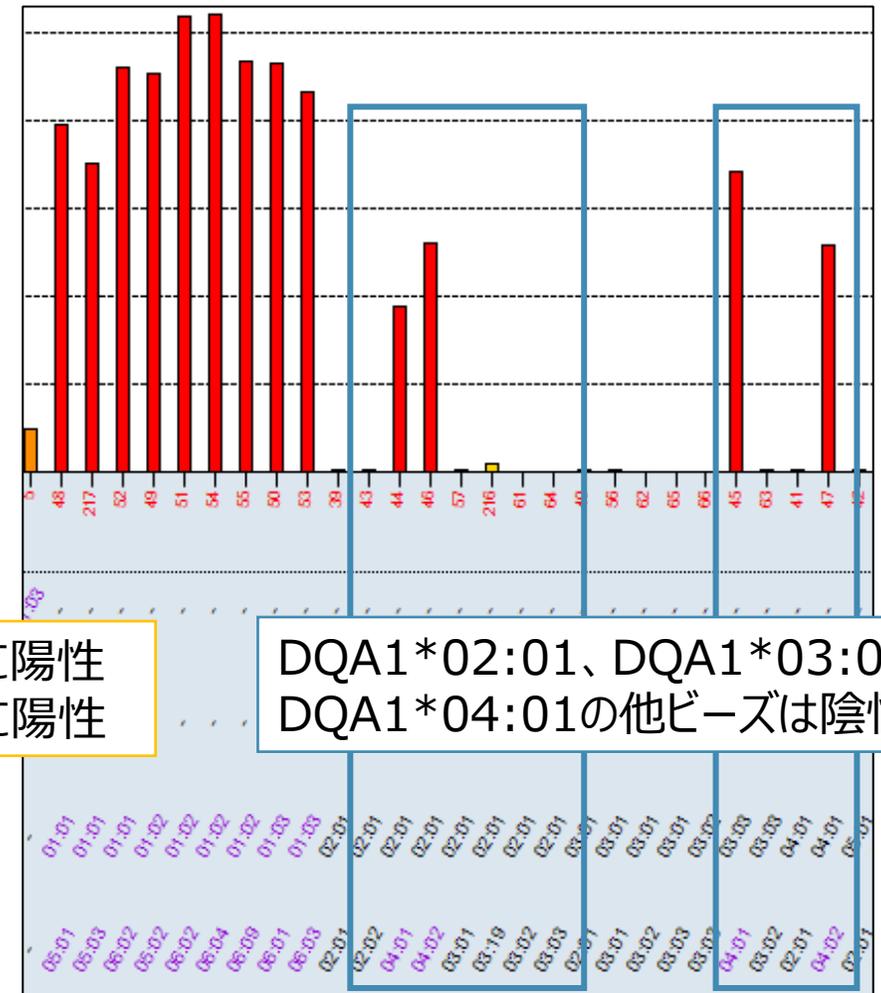
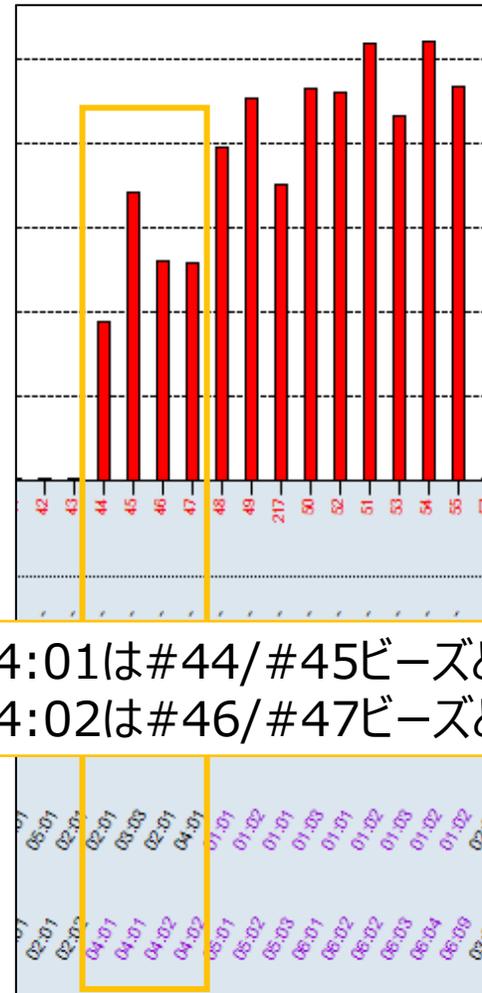
該当ビーズの反応がα鎖とβ鎖のどちらによる反応であるかを判断する際に使用してください

Class IIの解析例

例：#44~47のDQA1はなぜ陰性？

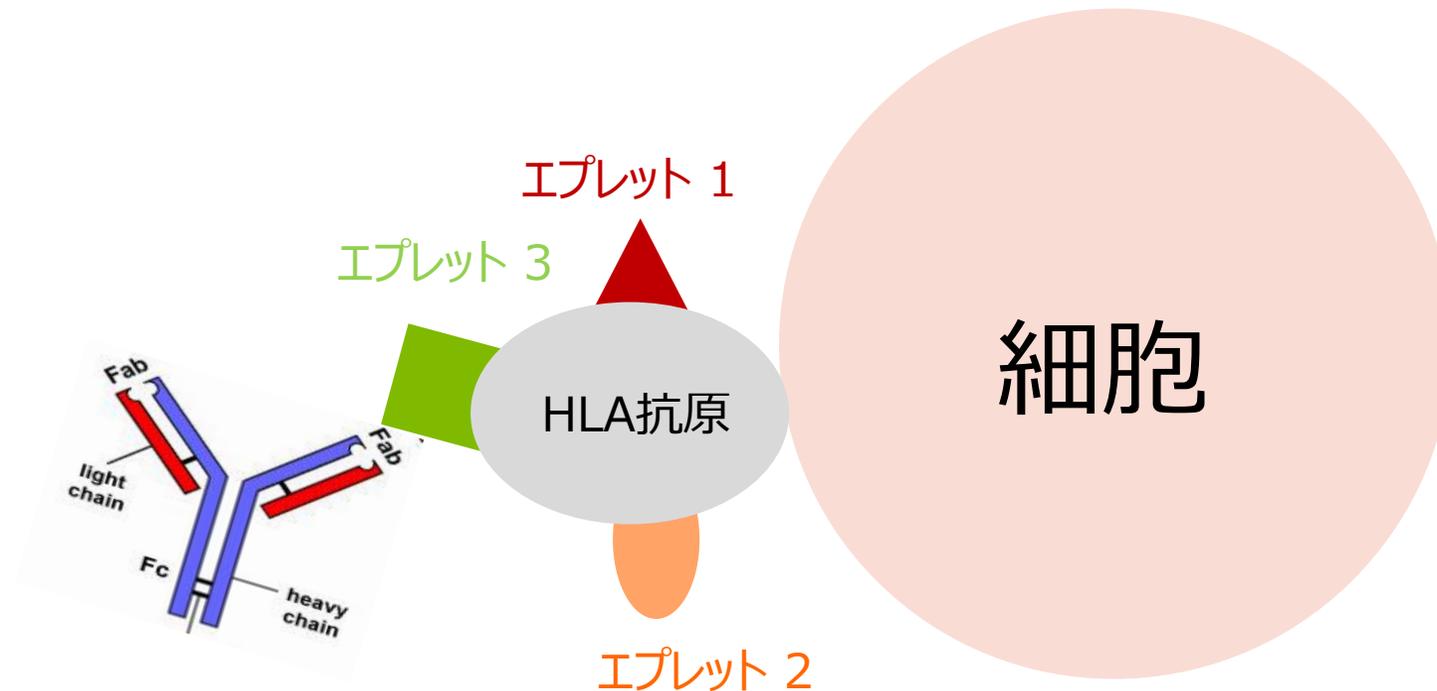
β鎖順に並び替え

α鎖順に並び替え



→ #44~47の反応はDQB1由来と判断できます

- 抗HLA抗体はHLA抗原の特異的な構造（＝アミノ酸配列）に対して産生される
- HLA抗原に特異的に結合するのではなく、HLA抗原が有するエプレットに特異的に結合する



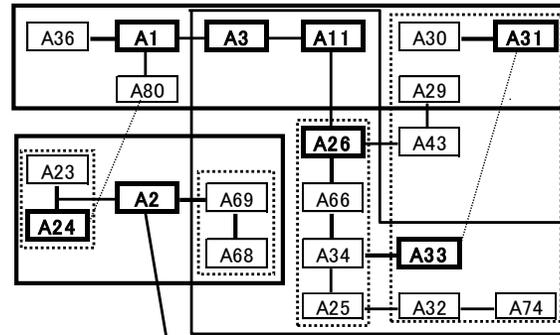
CREG (Cross Reactive Group)

実際に見つかった抗血清の特異性

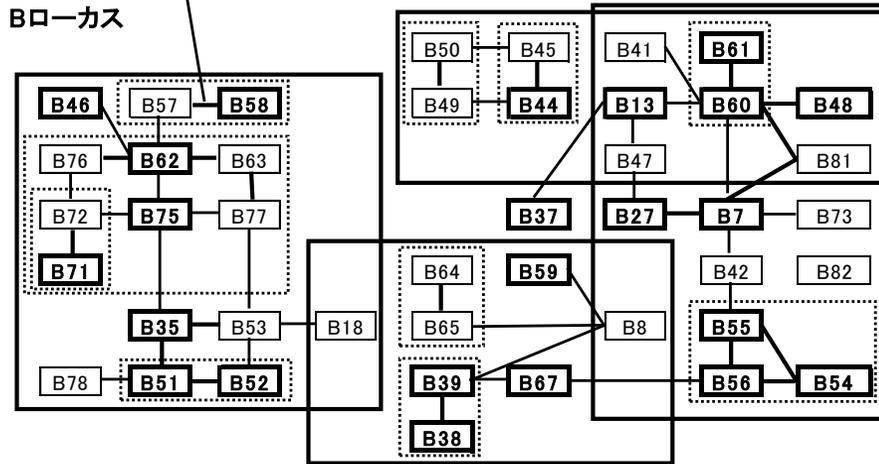
- A1+A36
- A1+A36+A80+
- A2A3+A24
- A3+A11
- A30+A31
- A31+A33
- A2+A24
- A2+A68+A69
- A2+B57+B58
- B62+B75
- B62+B57
- B35+51+B53
- B51+B52
- B38+B39+B67
- B44+B45
- B7+B27
- B7+B60+B48
- B60+B61+B13
- B54+B55
- B55+B56 etc



Aローカス



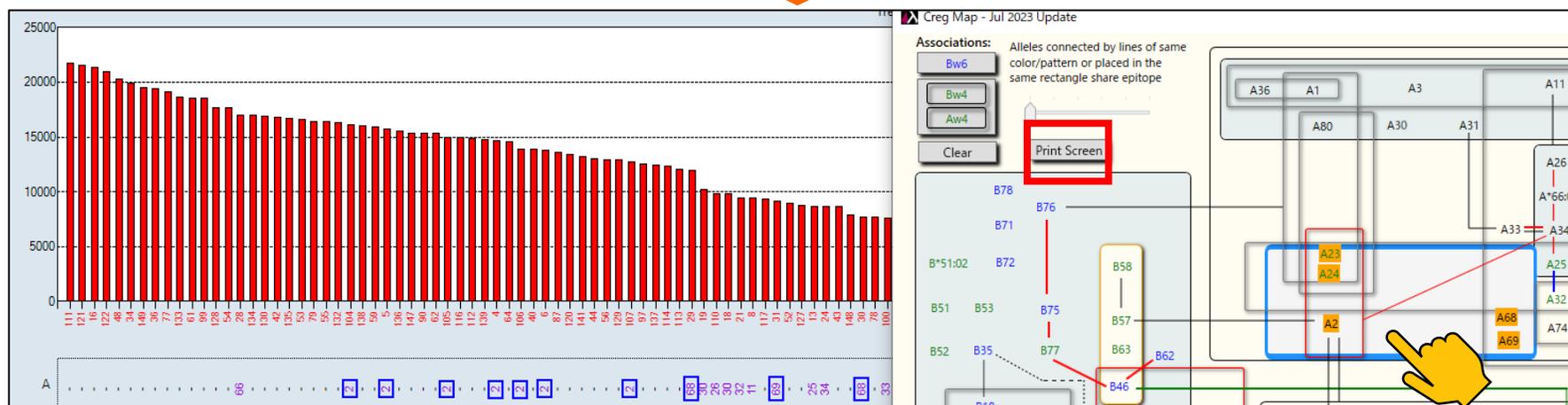
Bローカス



* Nakajima F. *MHC* Vol.13, No2: 2006

1C(10)		1C(19)				1C						2C										
A25(4)	A26	A34	A66	A29	A30	A31	A32(4)	A33	A74	A1	A36	A80	A43	A23(4)	A24(4)	A3	A11	A23(4)	A24(4)	A68	A69	A2

CREG Mapの表示

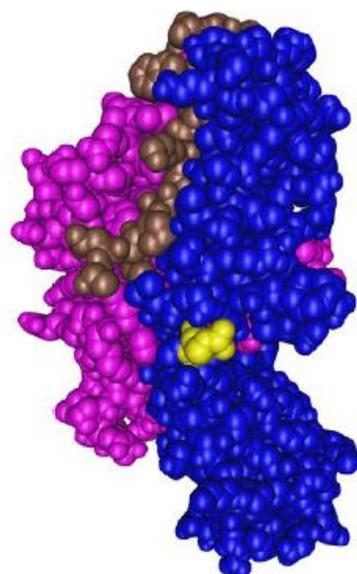


CREG Map上でグループを選択すると製品に含まれるアレルはオレンジ色にハイライトされ、解析結果上では青枠で囲まれる
Clearをクリックするとハイライトが消える
※HLA Fusion4.7からは「Print Screen」でpdf出力可能に

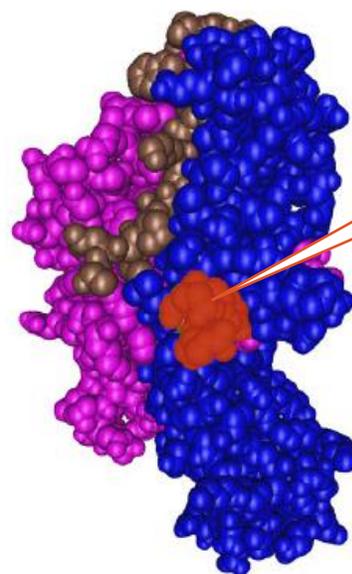
Epitope (エピトープ) とEplet (エプレット)

- Epitope (エピトープ)
 - Functional Epitope (機能的エピトープ) 、 Structural Epitope (構造エピトープ)
- Functional Epitope \doteq Eplet (エプレット)

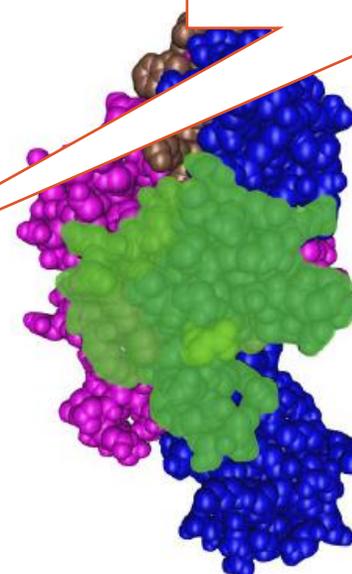
一般的に現在「エピトープ解析」はこの赤の領域



Polymorphic amino acid



Eplet
3Å radius



Epitope
15Å radius

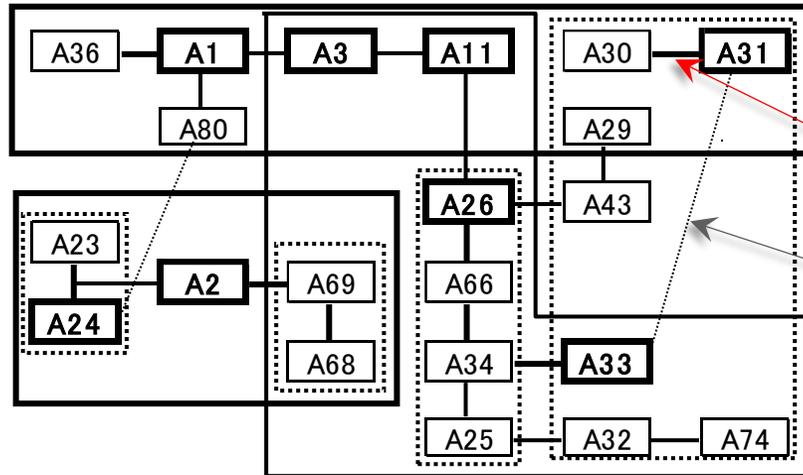
* *Am J Transplant.* 2019;19:1708–1719.

抗体特異性に基づく抗原の分類で、抗原をグループ化して類似性を図式化したもの

抗原のアミノ酸配列に基づく抗体認識部位の分類で、アミノ酸の位置と種類で示す

- 抗体の反応性に基づく分類 ↔ 抗原の設計図に基づく分類
- 旧来からの経験則 ↔ HLA遺伝子解析で明確化
- 実際の反応 ↔ 反応の予測
- 説明のつかない反応もある ↔ 予測どおりに反応しない場合もある

Aローカス



* Nakajima F. *MHC* Vol.13, No2: 2006 (一部改変)

HLA allele	$\alpha 1$ -domain
Position	111233333334444555666677777788889 37917940123456134824623567034678901230
Consensus	HYFSREADTQFVRFQAQRRIQQQERNVHTDVLGTLRGA
HLA-A*01:01	-----K-----M-AN-----D
HLA-A*02:01	-----G-K-H-----
HLA-A*11:01	--Y-----Q-----D
HLA-A*24:02	--S-----E-GK--EN-RIALR--
HLA-A*26:01	--Y-----RN-----AN-----D
HLA-A*30:01	--S-S-----R-----I-----
HLA-A*31:01	--T-----R-----I-----
HLA-A*33:03	--T-----RN-----I-----

抗原抗体反応は1:1の反応ではなく、1つの抗体は複数の抗原と反応する

判定結果の記録

解析結果の保存



レポート (Single Antigen)

The screenshot displays the HLA Fusion software interface. The 'Reports' menu is highlighted in the top-left corner. A dropdown menu is open, showing options like 'Antibody Custom', 'Antibody Screening/Identification', and 'Single Antigen'. The 'Custom Antibody Screening Report Setup' dialog box is open, showing various configuration options for the report. The 'Setup' button in the dialog is highlighted with a red box. An orange arrow points from the 'Setup' button to a text box containing the instruction 'レポートに出力する項目を選択' (Select items to output to the report).

Reports Data Sample Patient Info Profile Utilities Help Exit

Generic Typing LABType MicroSSP Generic Antibody LABScreen Specialty Statistical Miscellaneous My Favorite Tools

Antibody Custom
Antibody Screening/Identification
Antibody Screening
Single Antigen

Custom Antibody Screening Report Setup

HLA Fusion™

Type or enter the report name*: LABScreen

Lab Information

Patient 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
 UNOS CPRA
 Donor Info
 Molecular Typing Sero Typing
 Antibody Assignment
 Match / Mismatch
 Add MFI Baseline
 Acceptable Antigens
 Unacceptable Antigens
 AM DFC ETKAS DFC
 Unacceptable Epitopes

Sample Information

Sample ID (REQUIRED) Barcode
 System Comments User Comments
 Sample Source Dilution Factor

Session Information

Session ID/Date (REQUIRED for this group)
 Lumindex Info
 Session Details: Catalog ID, Locus Type, Test Position, Date, NS Sample
 More Tests and Tests Remarks
 Quantiplex/SFI

Test Configuration

User Settings:
Excluded Antigens, Positive Region Threshold, Normalization Formula, Allele Level
 NU and PC Values, % PRA -or- %SA and Cutoffs by Region

Overall Results/Assignments

Overall Pos/Neq Other
 % PRA % Donor PRA
 Antibody New Antibody
 Possible Epitope Amino Acid Position

Epitope Analysis Results

Antibody Specificity (REQUIRED for this group)
 CREG Analysis Details:
TP, FN, Mean (Raw) of Positives
 CREG Chart, Circle DSA

Tail Analysis Results

Antibody Specificity (REQUIRED for this group)
 Tail Analysis Details:
TP/FP/FN/TN, R Value, Average Score, % Inclusion, Strength Index
 Manual Tail Assignment

Test and Catalog Details

Bead ID or Test Well (REQUIRED for this group)
 Test Values: Rxn, Raw, Normalized, Count
 SFI Raw, SFI Normal
 Sero Specificity
 Allele Specificity

Sort by: Bead ID
 ASC DESC

Cutoff Summary
 Bead MFI Chart
 Raw Data Baseline
 Sort Antigen Using HLA Order
 Rxn Score Sort Alphanumerically

1 Sample Per Report

Customize Report

Setup

レポートに出力する項目を選択

ONE LAMBDA

レポート例①



Custom Antibody Screening Report Setup

HLA Fusion™

Type or enter the report name*: LABScreen

Lab Information

Patient Information

Check All **Uncheck All**

- 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
- UNOS CPRA
- Donor Info
- Molecular Typing Sero Typing
- Antibody Assignment
- Match / Mismatch
 - Add MFI Baseline
- Acceptable Antigens
- Unacceptable Antigens
- AM DFC ETKAS DFC
- Unacceptable Epitopes

Test Configuration

Check All **Uncheck All**

- User Settings: Excluded Antigens, Positive Region Threshold, Normalization Formula, Allele Level
- NC and PC Values, % PRA -or- %SA and Cutoffs by Region

Overall Results/Assignments

Check All **Uncheck All**

- Overall Pos/Neg Other
- % PRA % Donor PRA
- Antibody New Antibody
- Possible Epitope Amino Acid Position

Epitope Analysis Results

Check All **Uncheck All**

- Antibody Specificity (REQUIRED for this group)
- CREG Analysis Details: TP, FN, Mean (Raw) of Positives
- CREG Chart, Circle DSA

Sample Information

Check All **Uncheck All**

- Sample ID (REQUIRED) Barcode
- System Comments User Comments
- Sample Source Dilution Factor

Session Information

Check All **Uncheck All**

- Session ID/Date (REQUIRED for this group)
- Luminex Info
- Session Details: Catalog ID, Locus Type, Test Position, Date, NS Sample
- More Tests and Tests Remarks
- Quantiplex/SFI

Check All **Uncheck All** **Save**

LABScreen

Approved By: Date:

Lab Name: VERITAS Lab Code:

Institute: **施設情報** Contact: @veritasutk.co.jp

Street: State/Province: TOKYO Email: 03-5576-0078

Lab City: Region: Zip/Postal Code: 105-0013 Phone: 03-5576-0078

Country: JAPAN Fax: 03-5576-0078

Notes:

Patient ID: **患者、ドナー情報** Patient Name: Yamada, Taro

Ethnicity: Oriental DOB: 11, 2000 Gender: M

Patient/Molecular: Donor PRA: 02, DRB1*15:02, DRB1*01:01, DQA1*01:03, DQA1*01:01, DQB1*06:01, DQB1*05:01, 03

Serology: B*7, B*6, A*26, A*24, B*2, B*7, C*7, DR3, DR1, DQ6, DQ5, DP2, DP3

Patient Donor Match / Mismatch:

Donor ID: 12345

Serology Typing: A2 A26, B48, B60, Bw6, Bw6, Cw7, Cw8, DR4, DR12, DQ7, DQ8, DP1, DP1

Molecular Typing: A*02:06, A*26:01, B*40:01, B*48:01, C*07:02, C*08:01, DRB1*04:07, DRB1*12:01, DQA1*03:01, DQA1*05:05, DQB1*03:01, DQB1*03:02, DPA1*01:03, DPA1*01:03, DPB1*02:01, DPB1*06:01

Serology Typing	Molecular Typing	MFI	(Baseline)	Match / Mis Match
A2	A*02:01	10.4	0	Mismatch not in Final Assignment
	A*02:03	12.55	0	
	A*02:06	17.71	0	Mismatch not in Final Assignment
A26	A*26:01	27.49	0	Mismatch not in Final Assignment
B60	B*40:01	3812.53	3694.31	Mismatch
B48	B*48:01	8411.12	8329.07	Mismatch
Cw7	C*07:02	63.04	0	Match
Cw8	C*08:01	1904.87	1763.96	Mismatch

Acceptable Antigens:

Unacceptable Antigens:

Sample ID: B48X128_1803 Local ID:

Sec. Ab: Sample Date: 3/24, 2018 Test Date: 3/24, 2018

Treatment:

Test Results	Class I	Class II	MIC
Overall (Pos/Neg)			
Antibody Assignment	B48, B81, B41, B45, B50, B60, B72, B61, B78, B76, B62, B18, B71, B39, Cw8, B75, B35, Cw5, B64		

Test Configuration

	Threshold	%SA8	%SA6	%SA4	%SA2	PC	NC	PC/NC	M
Class I	X6	1	22	24	28	12914	8	1541.01	
Class II									
MIC									

Epitope Analysis

	Specificity	DSA	TP	FN	Mean (Baseline) of Positives

赤 : 陽性と判定したDSA
 黄色 : 陰性のDSA
 緑 : ドナーと患者で共通の抗原/アレル

解析画面で陽性と記録した抗原/アレル、%PRAが表示

PC、NCの情報

レポート例②

Custom Antibody Screening Report Setup

HLA Fusion™

Type or enter the report name*: LABScreen

Lab Information

Check All **Uncheck All**

Patient 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

UNOS CPRA

Donor Info

Molecular Typing Sero Typing

Antibody Assignment

Match / Mismatch

Add MFI Baseline

Acceptable Antigens

Unacceptable Antigens

AM DFC ETKAS DFC

Unacceptable Epitopes

Check All **Uncheck All**

Sample ID (REQUIRED) Barcode

System Comments User Comments

Sample Source Dilution Factor

Session Information

Check All **Uncheck All**

Session ID/Date (REQUIRED for this group)

Luminex Info

Session Details: Catalog ID, Locus Type, Test Position, Date, NS Sample

More Tests and Tests Remarks

Quantiplex/SFI

Test Configuration

Check All **Uncheck All**

User Settings:
Excluded Antigens, Positive Region Threshold, Normalization Formula, Allele Level

NC and PC Values, % PRA -or- %SA and Cutoffs by Region

Overall Results/Assignments

Check All **Uncheck All**

Overall Pos/Neg Other

% PRA % Donor PRA

Antibody New Antibody

Possible Epitope Amino Acid Position

Epitope Analysis Results

Check All **Uncheck All**

Antibody Specificity (REQUIRED for this group)

CREG Analysis Details:
TP, FN, Mean (Raw) of Positives

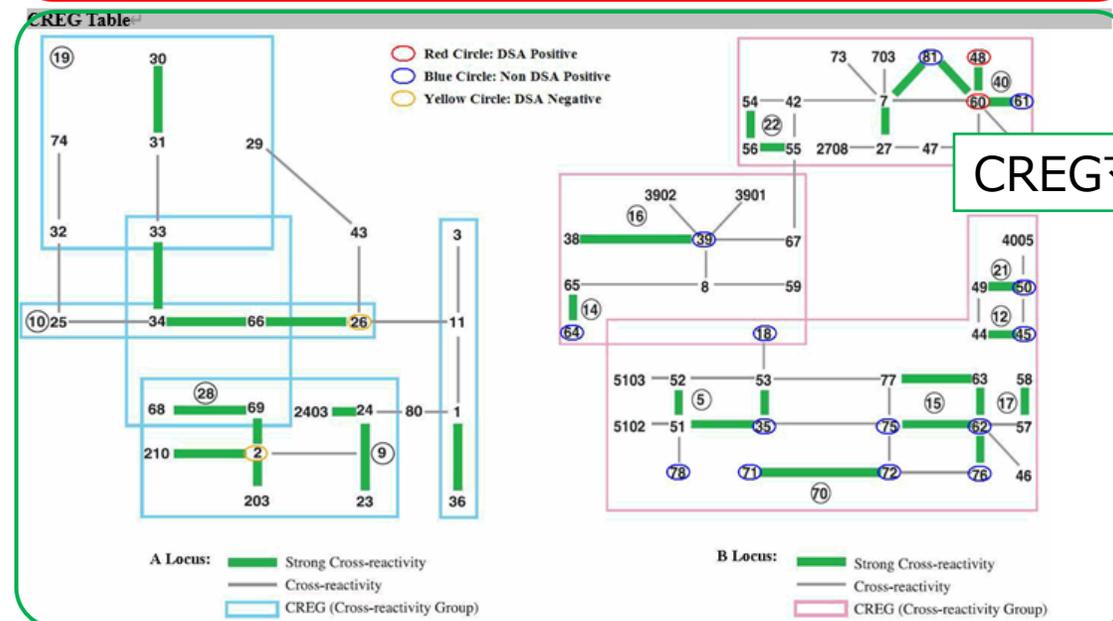
CREG Chart, Circle DSA

Check All **Uncheck All** **Save**

Epitope Analysis

Class I	Specificity	DSA	TP	FN	Mean (Baseline) of Positives
	B48		1	0	8329.07
	B81		1	0	4022.35
	B41		1	0	3972.47
	B45		1	0	3972.03
	B50		1	0	3823.94
	B60		1	0	3694.81
	B72		1	0	3665.06
	B61		2	0	3526.54
	B78		1	0	3194.77
	B76		1	0	3078.66
	B62		1	0	2749.4
	B18		1	0	2615.14
	B71		1	0	2489.25
	B39		1	0	2276.31
	Cw8		1	0	1763.96
	B75		2	0	1657.23
	B35		1	0	1469.18
	Cw5		1	0	1136.33
	B64		1	0	1089.43
	B13		0	2	0
	B65		0	1	0
	B8		0	1	0
	B47		0	1	0

自動判定結果 (x6以上)の情報



CREGマップ

Rxn Score

8	B48
6	B81, B41, B45, B50, B60, B72, B61, B61, B78, B76, B62, B18, B71, B39, Cw8, B75, B75, B35, Cw5, B64
4	B8, B13
2	B47, B65, A32, B13

レポート例③

Allele
SA

Tail Analysis Results

Antibody Specificity (REQUIRED for this)

Tail Analysis Details:
TP/FP/FN/TN, R Value, Average Score, % Inclusion, Strength Index

Manual Tail Assignment

Test and Catalog Details

Bead ID or Test Well (REQUIRED for this)

Test Values: Rxn, Raw, Normalized, Count

SFI Raw, SFI Normal

Sero Specificity Sort by: Bead ID

Allele Specificity ASC DESC

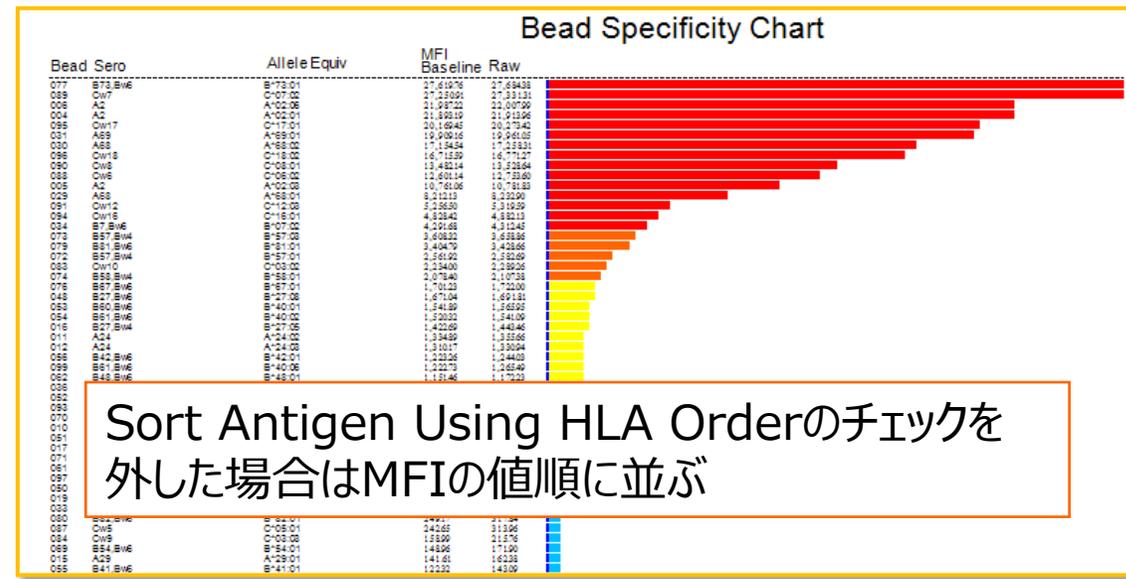
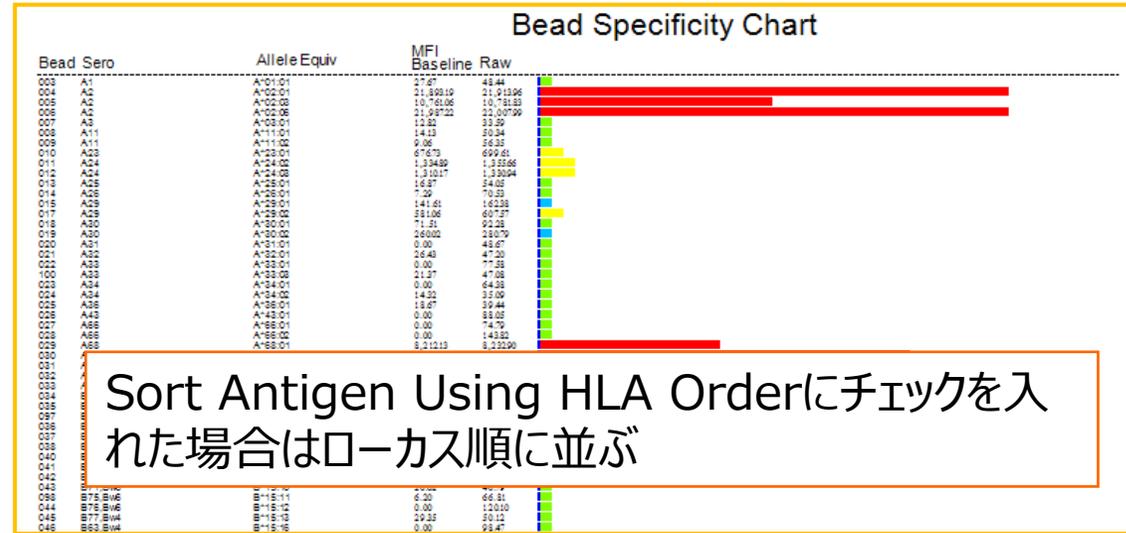
Cutoff Summary

Bead MFI Chart

Raw Data Baseline

Sort Antigen Using HLA Order

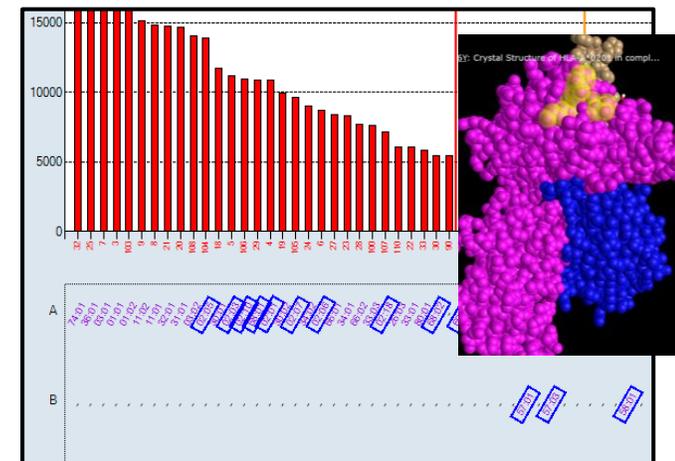
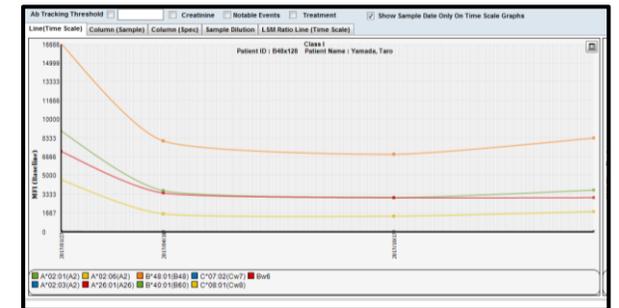
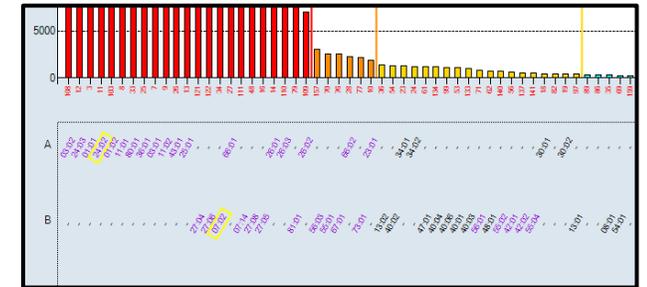
Rxn Score Sort Alphabetically

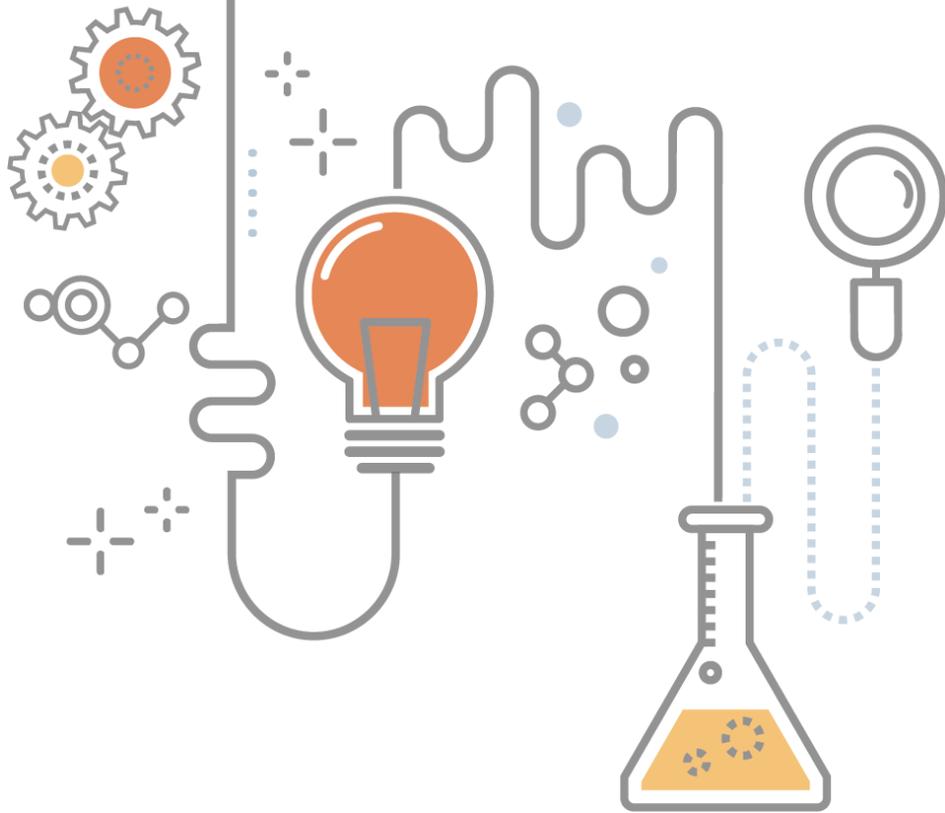


その他解析で利用できる機能

- DSA、自己抗体の表示
 - ドナー・患者タイピング情報を登録すると利用可
- Antibody tracking（同一検体の経時モニタリング）
 - DSAトラッキングも可能
- Matchmakerを使ったエプレット解析

- 過去の弊社ウェビナー
- HLAワークショップ
- One Lambdaチュートリアル動画をぜひ活用ください！





ご清聴ありがとうございました。