



# HLA検査のエッセンス Vol.3 LABType

HLA Fusionを使用したLABTypeの解析

株式会社ベリタス

2025/3/5

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

測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

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

測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

# 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

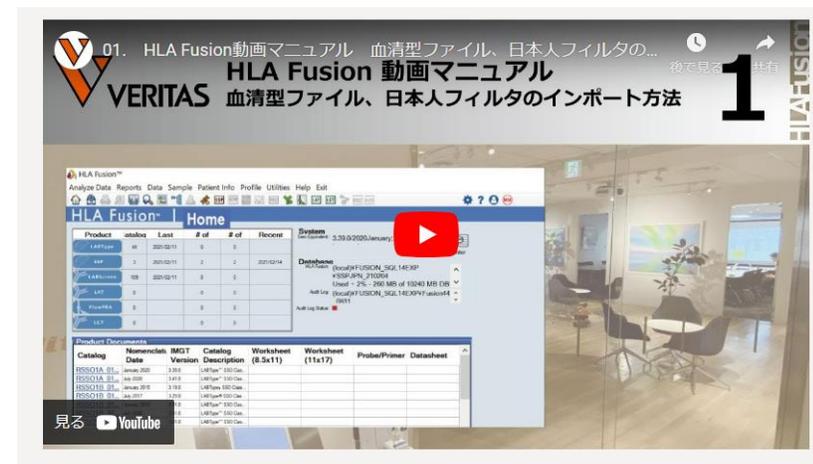
種類	内容	更新のタイミング	最新版（2025/3月現在）
血清型ファイル	すべてのアレル・血清型情報が含まれるファイル	年に2回	sero_equivalent_2024July
カタログファイル	試薬に使われているビーズ番号とアレルの情報	血清型ファイルの更新時 ロット変更時	IMGT 3.57版のファイル
日本人フィルタ	日本人推定アレル一覧表に記載されているアレルのリスト	血清型ファイルの更新時 JSHIアレル一覧表の更新時	ver1_2024_July_2024JSHI_allelefilter

## • インポート方法の動画マニュアル

- ベリタスTopページ > HLA > HLAトップ
- ラーニングコーナー HLA記事「動画で学ぶ HLAをより深く知るために」
- マニュアル動画の項目
- <https://www.veritastk.co.jp/sciencelibrary/learning/hla-video-compilation.html>

## • スライド資料

- ベリタスTopページ>HLA>解析ソフト設定ファイル
- 各ファイル・フィルタのインポートマニュアルがあります



# カタログファイルについて

- カタログファイル名は「**製品コード\_Lot\_バージョン**」
  - SSO A Locus Lot 019 の最新版：RSSO1A\_019\_04
  - CWD DR Locus Lot 005 の最新版：RSSOW2B1\_005\_01
- 最新のファイルは弊社ウェブページよりダウンロード可能です
  - ベリタストップ画面>HLA>解析ソフト設定ファイル>HLA Fusionカタログファイル
  - [https://www.veritastk.co.jp/hla/setting\\_file\\_fusion\\_catalogue.html](https://www.veritastk.co.jp/hla/setting_file_fusion_catalogue.html)



LABType カタログファイル (2024 July版 血清型ファイル対応) 2024/12/9更新  
LABType SSO HLA A Locus

試業ロット	カタログファイル
019	<a href="#">RSSO1A_019_04</a>
020	<a href="#">RSSO1A_020_02</a>

LABType SSO HLA B Locus

試業ロット	カタログファイル
023	<a href="#">RSSO1B_023_03</a>
024	<a href="#">RSSO1B_024_02</a>

- 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、結果がG1～G3に分類される

	HLA 推定アレル一覧表に含まれるか	
	アレル1	アレル2
<b>G1</b>	○	○
<b>G2</b>	○	×
	×	○
<b>G3</b>	×	×

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

**G1**

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

**G2**

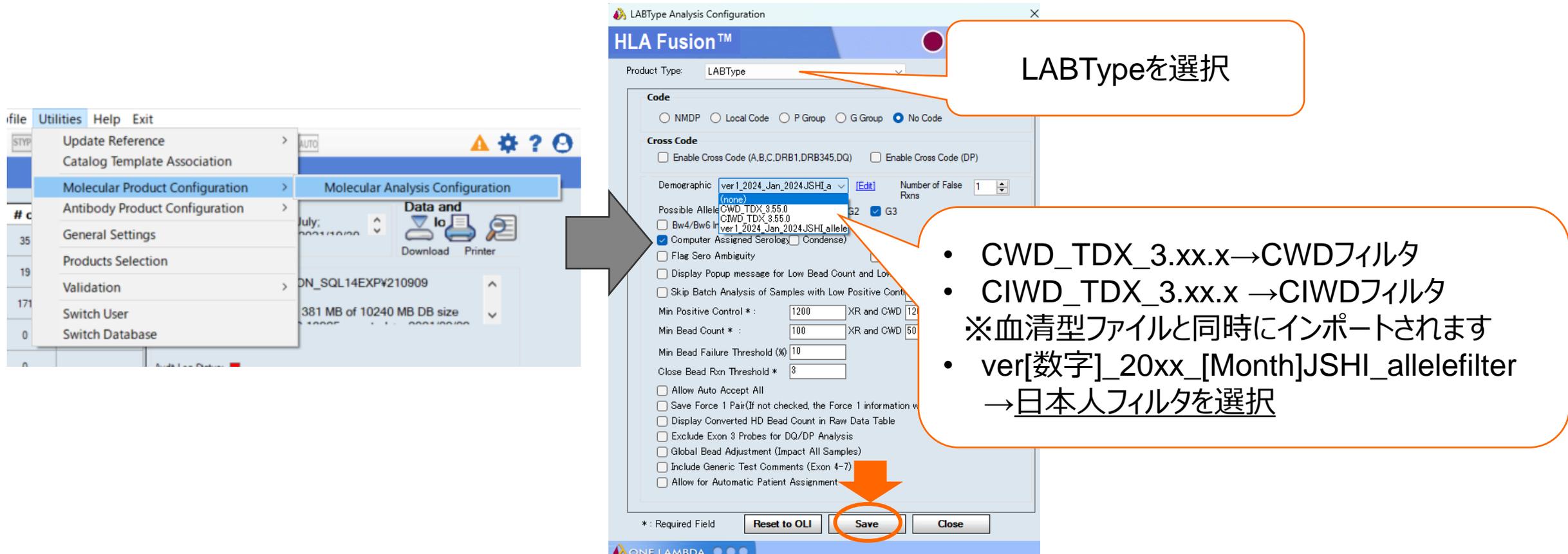
A*02:01:01:01	A*02:01:01:03	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:04	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:05	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:06	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:07	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:08	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:09	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:10	G2

**G3**

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

# 日本人フィルタの解析設定（初回および更新時）

- インポート方法は動画・マニュアル参照
- Molecular Product Configuration>Molecular Analysis Configuration
- 最新の日本人フィルタを選択しSaveで保存



LABType Analysis Configuration

HLA Fusion™

Product Type: LABType

LABTypeを選択

Code

NMDP  Local Code  P Group  G Group  No Code

Cross Code

Enable Cross Code (A,B,C,DRB1,DRB345,DQ)  Enable Cross Code (DP)

Demographic: ver1\_2024\_Jan\_2024JSHI\_a

Possible Allele: CWD\_TDX\_3.55.0, CIWD\_TDX\_3.55.0, ver1\_2024\_Jan\_2024JSHI\_allele

Computer Assigned Serology  Condense

Flag Sero Ambiguity

Display Popup message for Low Bead Count and Low Positive Control

Skip Batch Analysis of Samples with Low Positive Control

Min Positive Control \*: 1200 XR and CWD 12

Min Bead Count \*: 100 XR and CWD 50

Min Bead Failure Threshold (%): 10

Close Bead Rxn Threshold \*: 3

Allow Auto Accept All

Save Force 1 Pair (If not checked, the Force 1 information will be lost)

Display Converted HD Bead Count in Raw Data Table

Exclude Exon 3 Probes for DQ/DP Analysis

Global Bead Adjustment (Impact All Samples)

Include Generic Test Comments (Exon 4-7)

Allow for Automatic Patient Assignment

\*: Required Field

Reset to OLI Save Close

- CWD\_TDX\_3.xx.x→CWDフィルタ
- CIWD\_TDX\_3.xx.x →CIWDフィルタ
- ※血清型ファイルと同時にインポートされます
- ver[数字]\_20xx\_[Month]JSHI\_allelefilter →日本人フィルタを選択

# CIWDフィルタとは

- **CIWD** (Common, intermediate and well-documented HLA alleles: CIWD version 3.0.0) \*
  - 従来の分類システム (CWD2.0) のアップデート版
  - 約 800 万件の全世界の HLA アレルのデータをアジア、ヨーロッパなど 7 地域に分けて集計
  - DPA1、DQA1は対象外 (CWDは対象)
- 血清型ファイルのインポート時に自動でインポート
  - C, I, WDに分類されるアレルの有無によりG1～G3に分類
- 海外検体の場合は使用を推奨

分類	アレルの定義	アレルの色
C (Common)	7 つ全ての地域で 1/10,000 人 (0.01%) 以上の頻度のアレル	青
I (Intermediate)	アフリカ、ネイティブアメリカン、中東以外で 1/100,000 ~ 1/10,000 人 (0.001~0.01%) の頻度のアレル	紫
WD (Well Documented)	Common/Intermediate 以外のアレルで、各地域で 5 人以上に見つかったアレル	ピンク
-	上記以外のアレル	白

\*Hurley, et al., 2020, HLA <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7317522/>

# CIWDフィルタを使用した場合の判定結果の例

日本人フィルタ使用でA\*03:01, A\*24:02と判定された検体の場合

頻度

JSHIのルール(頻度0.001%以上)に従った場合の報告対象アレル

G1\*

A*03:01:01:01	A*24:02:01:01	A*03:01:01:03	A*24:02:01:01	A*03:01:01:03	A*24:02:05
A*03:01:01:01	A*24:02:05	A*03:81	A*24:02:01:04		
A*03:01:01:01	A*24:120	A*03:04:01	A*24:120	A*03:56:01:01	A*24:79

G2\*

A*03:01:01:01	A*24:93	A*03:01:01:02N	A*24:02:01:01
A*03:01:01:03	A*24:02:01:03	A*03:206	A*24:02:05
A*03:38	A*24:21:02	A*03:39	A*24:194

G3\*

A*03:01:46	A*24:02:01:124	A*03:01:01:21	A*24:607
A*03:162N	A*24:02:104	A*03:01:01:22	A*24:02:01:38

分類	アレルの色
C (Common)	青
I (Intermediate)	紫
WD (Well Documented)	ピンク
-	白

\*掲載しているアレルペア以外の結果も解析ソフトでは表示されています

# インポートした解析ファイルの確認

- 血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのIMGTバージョンが同じことを確認する

## Home画面

血清型ファイルのバージョン  
3.53.0/2023July

Catalog	Nomenclature Date	IMGT Version	Catalog Description	Worksheet (8.5x11)	Worksheet (11x17)	Probe/Primer	Datasheet
<a href="#">RSS01A_018_04</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas...				
<a href="#">RSS01A_019_02</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas				
<a href="#">RSS01B_022_05</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl				
<a href="#">RSS01B_023_01</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl				
<a href="#">RSS01C_016_04</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl				
<a href="#">RSS01C_017_01</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO				
<a href="#">RSS02345_015_05</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO				
<a href="#">RSS02345_016_03</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cla				
<a href="#">RSS02B1_021_05</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas...				
<a href="#">RSS02B1_022_04</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas...				
<a href="#">RSS02B_011_03</a>	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cla				

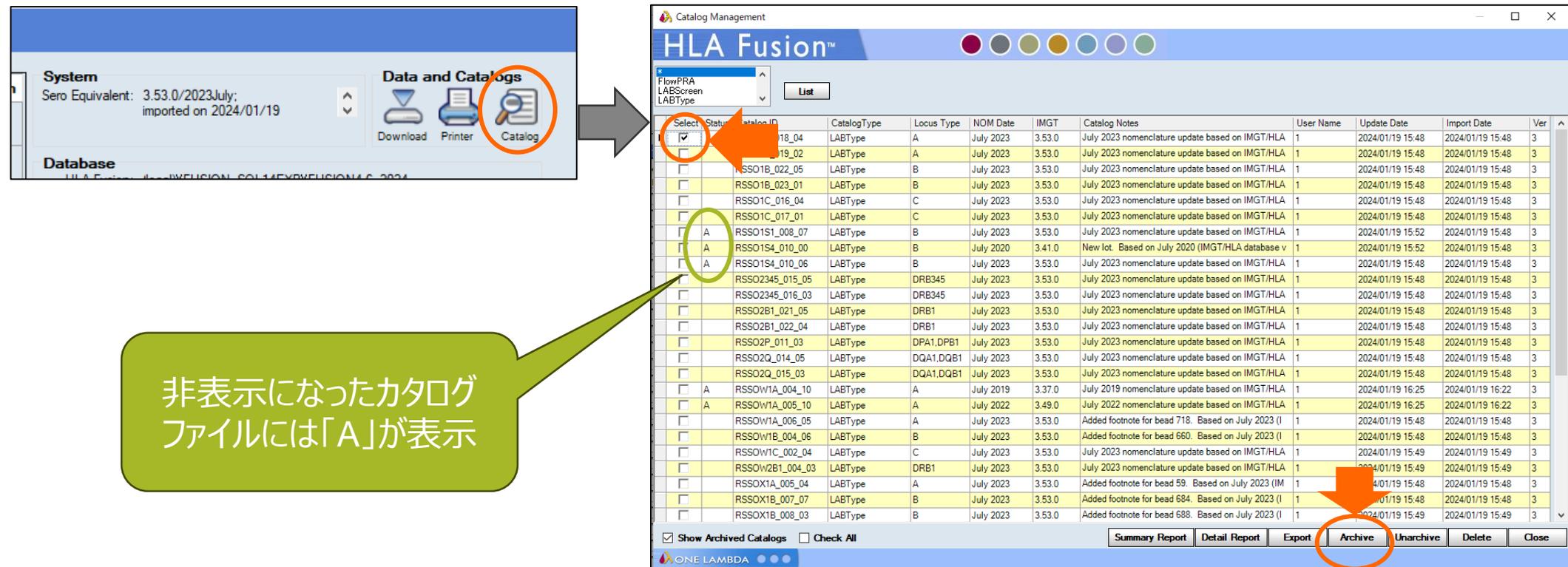
カタログファイルのバージョン  
3.53.0

## データインポート画面右上

日本人フィルタのバージョン  
2023\_Jul

# カタログファイルを非表示にする方法

- 旧ロットのカタログファイルは非表示にすることをおすすめします
  - インポート時に表示されませんので、カタログファイルの選択ミスの軽減につながります
- Home画面上の「Catalog」をクリック
- 非表示にするカタログファイルにチェックを入れ、「Archive」をクリック



非表示になったカタログファイルには「A」が表示

Select	Status	Catalog ID	Catalog Type	Locus Type	NOM Date	IMGT	Catalog Notes	User Name	Update Date	Import Date	Ver
<input checked="" type="checkbox"/>		RSSO1B_022_05	LABType	A	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO1B_023_01	LABType	B	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO1C_017_01	LABType	C	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSO1S1_008_07	LABType	B	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:52	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSO1S4_010_00	LABType	B	July 2020	3.41.0	New lot. Based on July 2020 (IMGT/HLA database v	1	2024/01/19 15:52	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2345_015_05	LABType	DRB345	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO281_021_05	LABType	DRB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO281_022_04	LABType	DRB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2Q_014_05	LABType	DQA1,DQB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2Q_015_03	LABType	DQA1,DQB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSOW1A_004_10	LABType	A	July 2019	3.37.0	July 2019 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 16:25	2024/01/19 16:22	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSOW1A_005_10	LABType	A	July 2022	3.49.0	July 2022 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 16:25	2024/01/19 16:22	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW1A_006_05	LABType	A	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 718. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW1B_004_06	LABType	B	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 660. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW1C_002_04	LABType	C	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:49	2024/01/19 15:49	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW2B1_004_03	LABType	DRB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:49	2024/01/19 15:49	3
<input type="checkbox"/>		RSSOX1A_005_04	LABType	A	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 59. Based on July 2023 (IM	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOX1B_007_07	LABType	B	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 684. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOX1B_008_03	LABType	B	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 688. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:49	2024/01/19 15:49	3

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

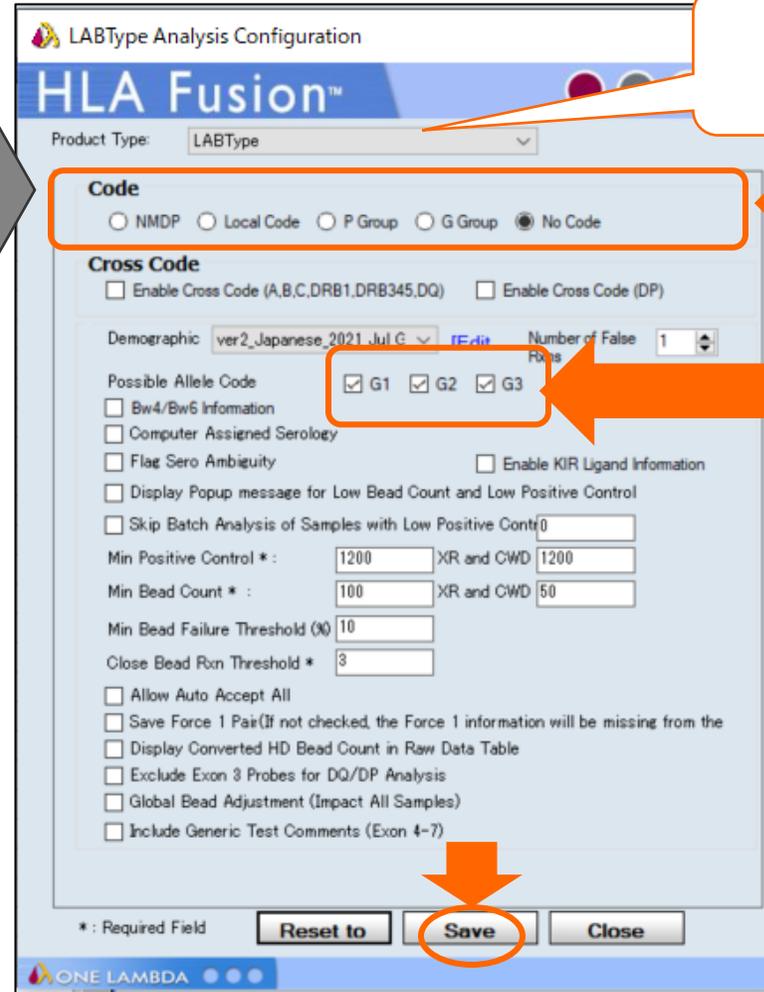
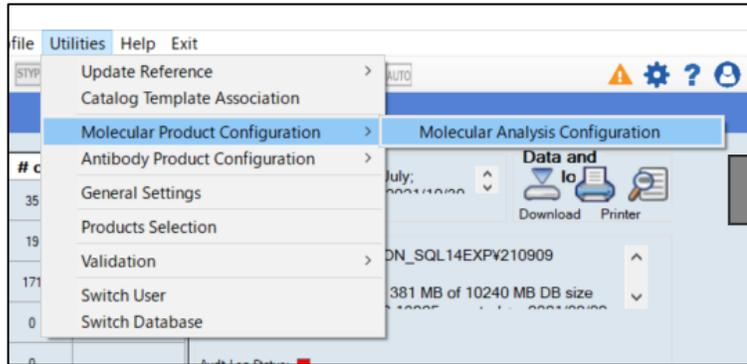
測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

# 解析の設定 (初回のみ)

- Molecular Product Configuration>Molecular Analysis Configurationで設定



LABTypeを選択



アレルの表示形式の設定  
推奨は「No Code」



結果に表示するグループの設定  
推奨はG1~G3すべてにチェック

変更後は「Save」で保存

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

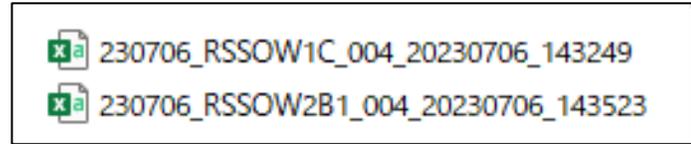
測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

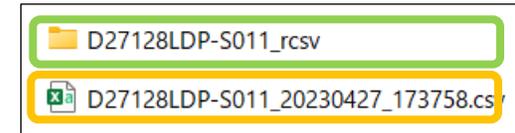
結果の保存、レポート出力

# 解析に必要な測定ファイル

- SSO A/C/DR、CWD全ローカス：csvファイルのみ  
※rcsvフォルダがあっても問題ありません

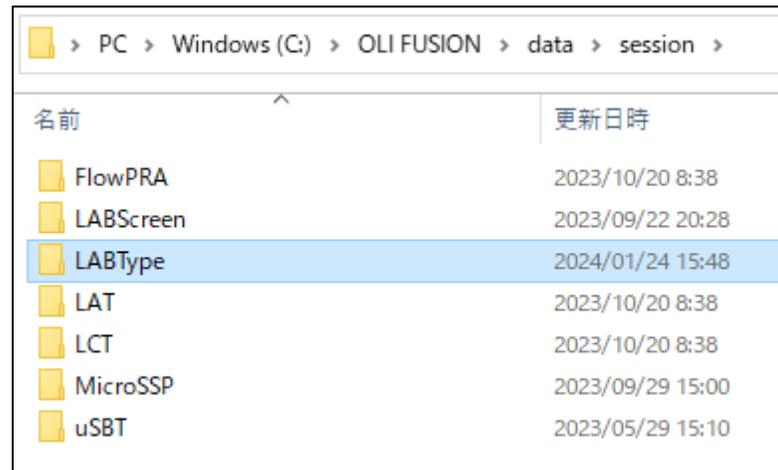


- SSO B/DQ/DP：csvファイル + rcsvフォルダ



- 解析をするPCにファイルをコピーする

–Windows(C:) > OLI Fusion > data > session > LABType：のフォルダに保管を推奨



# データのインポート①インポート画面を立ち上げる

- TOP画面のLABTypeあるいはアイコンをクリック

データインポート画面

The screenshot shows the HLA Fusion software interface. The top navigation bar includes 'Analyze Data', 'Reports', 'Data', 'Sample', 'Patient Info', 'Profile', and 'Utilities'. The main content area is titled 'HLA Fusion™ | LABType'. On the left, a table lists LABTypes with columns for Product, Catalogs, Last Updated, # of Sessions, and #. The 'LABType' icon is circled in orange. Below this table, a 'CSV File Name' list is shown, containing files like '230808\_RSSOX1B\_007\_20230808\_145108'. A red box highlights this list, with an arrow pointing to the text '未取り込みデータ' (Data not imported). In the center, a table shows 'Locus Type', 'Catalogs', 'Last Updated', '# of Sessions', '# of Tests', and 'Recent Session'. Below this, a 'Product Documents' table lists various catalog entries with columns for Catalog, Nomenclature Date, IMGT Version, Catalog Description, and Worksheet. A red box highlights the 'Allele Frequency Filter' field, which is set to 'ver1\_2023\_Jul\_2023JSHI\_allelefilter', with an arrow pointing to the text '解析に使用する日本人フィルタ' (Japanese filter used for analysis). On the right, a 'Data and Catalogs' section includes 'Download', 'Printer', and 'Catalog' buttons. A red box highlights the 'Imported On' column in the 'Data and Catalogs' table, with an arrow pointing to the text '取り込み済データ' (Data imported).

未取り込みデータ

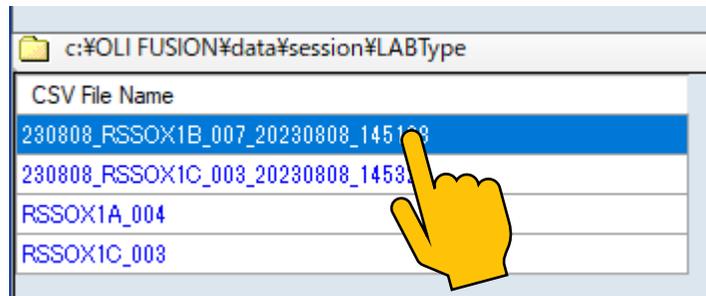
解析に使用する  
日本人フィルタ

取り込み済データ

カタログファイル情報

# データのインポート②データの選択、情報入力

- 画面左側のリストからインポートするファイル名を選択
- 必要に応じてセッション名の編集、検体情報の入力を行う



セッション名

Luminex : 4.3.309.1 / SN FM3DD14231002    Template : RSSOX1B\_007\_LS3D\_42

Session ID : 230808\_RSSOX1B\_007\_20230808\_145108\_HD    Date : 2023/08/08    Samples : 2

File Path : c:\OLI FUSION\data\session\LABType\230808\_RSSOX1B\_007\_20230808\_145108.csv

Catalog ID : RSSOX1B\_007\_07    NOM/Img: July 2023/3.53.0

Set empty Patient ID     Auto Analysis    Supplemental Import Delete Patient

Well	Sample	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor	PC Values	Luminex Min Bead Cnt	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity	Patient/Donor
2(1,B1)	Sample1				5949	50	Y					
3(1,C1)	Sample2											

Sample名等、検体情報を入力できます

# データのインポート③カタログファイルの選択、データのインポート

- 自動でカタログファイルが選択されるので、テンプレートファイル名などを参考にファイルが正しいことを確認する
  - 製品名、ロット、IMGTのバージョン
- 異なるカタログファイルが選択されている場合
  - Catalog IDのプルダウンから変更
- 確認後Importボタンをクリックする

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

カタログの確認画面

正しいカタログファイルを選択

Well	Sample	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor
2(1,B1)	Sample1			
3(1,C1)	Sample2			

Catalog ID	Nomenclature Date	Imgt Version
RSSOX1B_007_07	July 2023	3.53.0

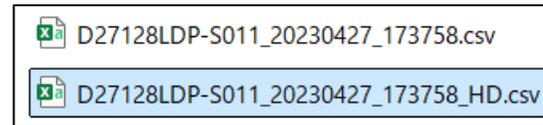
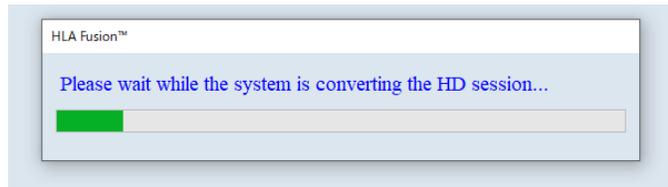
# データのインポート④インポート後

- インポートが成功すると右側のNavigatorタブにデータが表示される

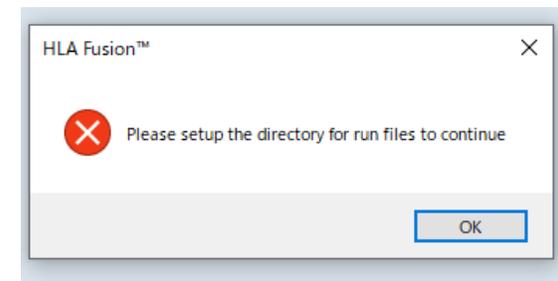


解析していないデータは青字で表示される

- rscvフォルダがある場合、インポート後に新しく「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



- 「Please setup the directory...」エラーが出た場合
  - rcsvフォルダがcsvファイルを保存しているフォルダにない場合に表示される
  - rcsvフォルダを保存し再度インポートを行う



# 異なるカタログファイルを使用してインポートした場合

- csvファイルの再インポートが必要です

## 再インポート方法

- インポート画面で「Include imported」にチェックを入れる
- 再インポートするcsvファイルを選択
- 正しいカタログファイルを選択しインポート
- 誤って読み込んだファイルが残っている場合はSession IDの名前を変更
  - 同じSession IDではインポートができません

**LABType**

Include Imported

c:\OLI FUSION\data\session\LABType

CSV File Name

230706_RSSOW1C_004_20230706_143249
230706_RSSOW2B1_004_20230706_143523
230808_RSSOX1B_007_20230808_145108
230808_RSSOX1B_007_20230808_145108_HD
230808_RSSOX1C_003_20230808_145325
230808_RSSOX1C_003_20230808_145325_HD

Luminex : FlexMAP 3D/xPONENT - 4.3.309.1 / SN FM3DD14231002

Session ID : 230808\_RSSOX1B\_007\_20230808\_145108\_HD Date :

File Path : c:\OLI FUSION\data\session\LABType\230808\_RSSOX1B\_007

Catalog ID : RSSOX1B\_007\_07 NOM/Imgt: July 2023/3.53.0

Set empty Patient ID  Auto Analysis

Supplemental Import Delete Patient

Well	Sample	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor	PC Values	Luminex Min Bead Cnt	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity	Patient/Donor
2(1,B1)	Sample1				5949	50	Y					
3(1,C1)	Sample2				6344	50	Y					

古いHDファイルがある場合は  
名前を変更する

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

測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

○検体ごとに下記をすべて満たす必要がある

## Positive control ビーズの値

- SSO : 1200-7000
- CWD : 1000以上

Positive ControlビーズはExonごとに含まれる  
→試薬の種類、ローカスにより解析対象のExonが異なるため、Positive controlビーズの数は製品により異なる

## Negative control ビーズの値

- SSO、CWD : 100以下

## ビーズカウントの値（最低値）

- SSO : 75以上
- CWD : 50以上

# Summary画面の見方

- データを取り込んだ後Navigatorからデータを選ぶ
- Summaryタブ：測定した全検体の情報が一覧表示

Edit	Exclude	Position	Sample	Patient	Possible Allele Code 1	Possible Allele Code 2	Exon2	Exon3	Exon4&5	NC	System Comment
	<input type="checkbox"/>	1(1,A1)	Sample1		A*02:03:01:01:02:03:01:02:02:03:0	A*24:02:01:01:01:24:02:01:03:24:02:0	5827	7017	4168	5	
	<input type="checkbox"/>	2(1,B1)	Sample2		A*24:02:01:01:01:24:02:01:03:24:02:0	A*26:01:01:01:01:26:01:01:02:26:01:0	7333	6489	4040	8	
	<input type="checkbox"/>	3(1,C1)	Sample3		A*11:01:01:01:01:11:01:01:02:11:01:0	A*24:02:01:01:01:24:02:01:03:24:02:0	6753	5976	3717	12	
	<input type="checkbox"/>	4(1,D1)	Sample4				7963	5867	4228	9	
	<input type="checkbox"/>	5(1,E1)	Water				17	10	2	11	Low Positive Control (0032(10),0513(17),0654(21)). No Solution(A).

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

表示する項目は変更、並べ替え可能

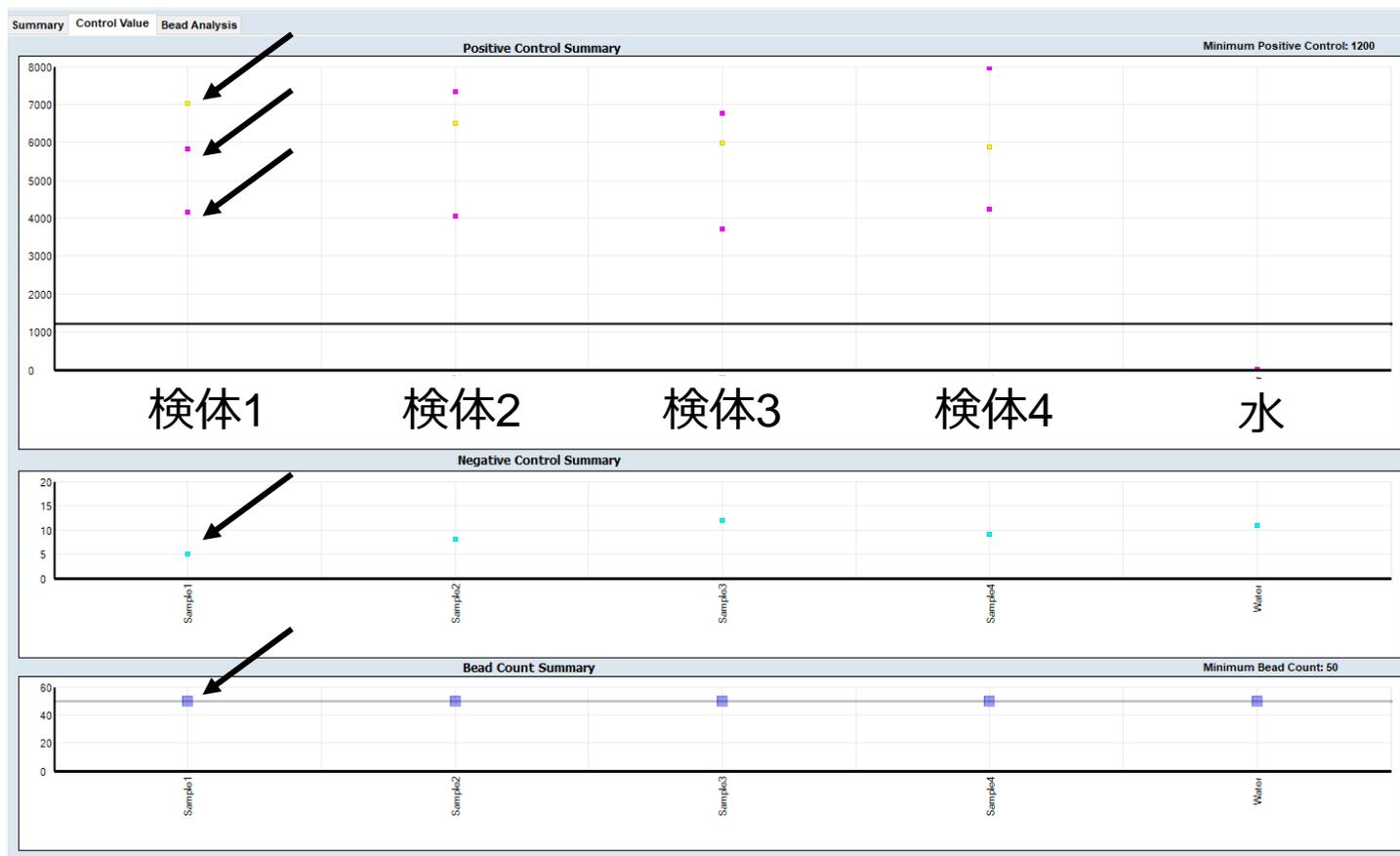
Positive Controlの値

Negative Controlの値

基準を満たしていない値は赤字で表示

# Control Value画面の見方

- 検査成立基準を確認
- ネガティブコントロールサンプル（水）を測定している場合は増幅していないことを確認



Positive Controlのカットオフ

- SSO : 1200-7000
- CWD : 1000以上

Negative Controlのカットオフ

- SSO、CWD : 100以下

ビーズカウント

- SSO : 75以上
- CWD : 50以上

- Summaryタブの検体名をダブルクリックすると、解析結果の画面が開く

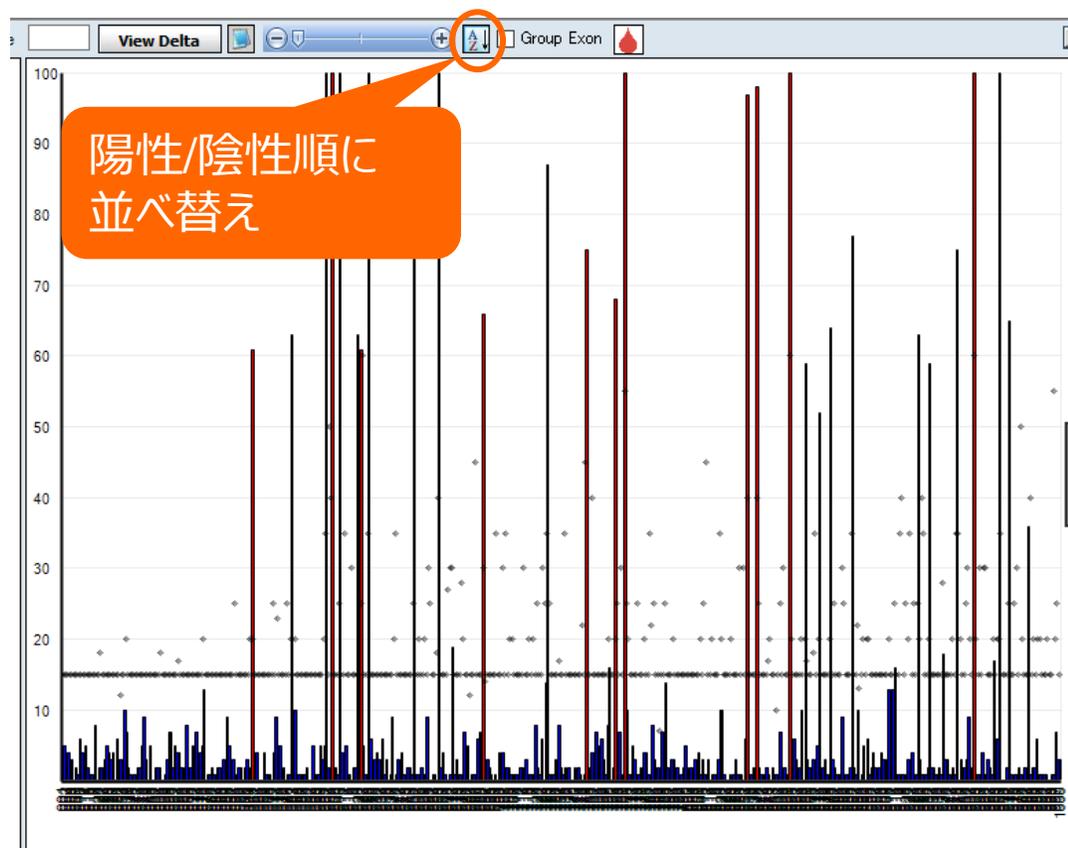
The screenshot displays the Veritas HLA analysis software interface. On the left, a table lists samples and their positions. A yellow hand icon points to the 'Sample2' entry in the 'Sample' column, with an arrow indicating the transition to the main analysis view. The main view is divided into several panels:

- Top Left:** A bar chart titled "One LambdaのQC結果" (QC results for One Lambda), showing a series of blue bars representing signal intensity for a specific probe (ID 0561, A2267G).
- Top Right:** A bar chart titled "ビーズごとの測定結果" (Measurement results for each bead), showing a few colored bars (green, red, grey) representing individual bead measurements.
- Bottom Left:** A large chromatogram titled "全ビーズの判定結果" (Call results for all beads), showing a dense array of peaks for various beads. A yellow box highlights a specific region of the chromatogram.
- Bottom Right:** A panel titled "自動判定によるタイピング結果" (Typing results by automatic determination), displaying a list of allele pairs and codes. The list includes groups of alleles and their corresponding codes, such as "A\*02:03:01:01 A\*24:02:01:01 (G1)".

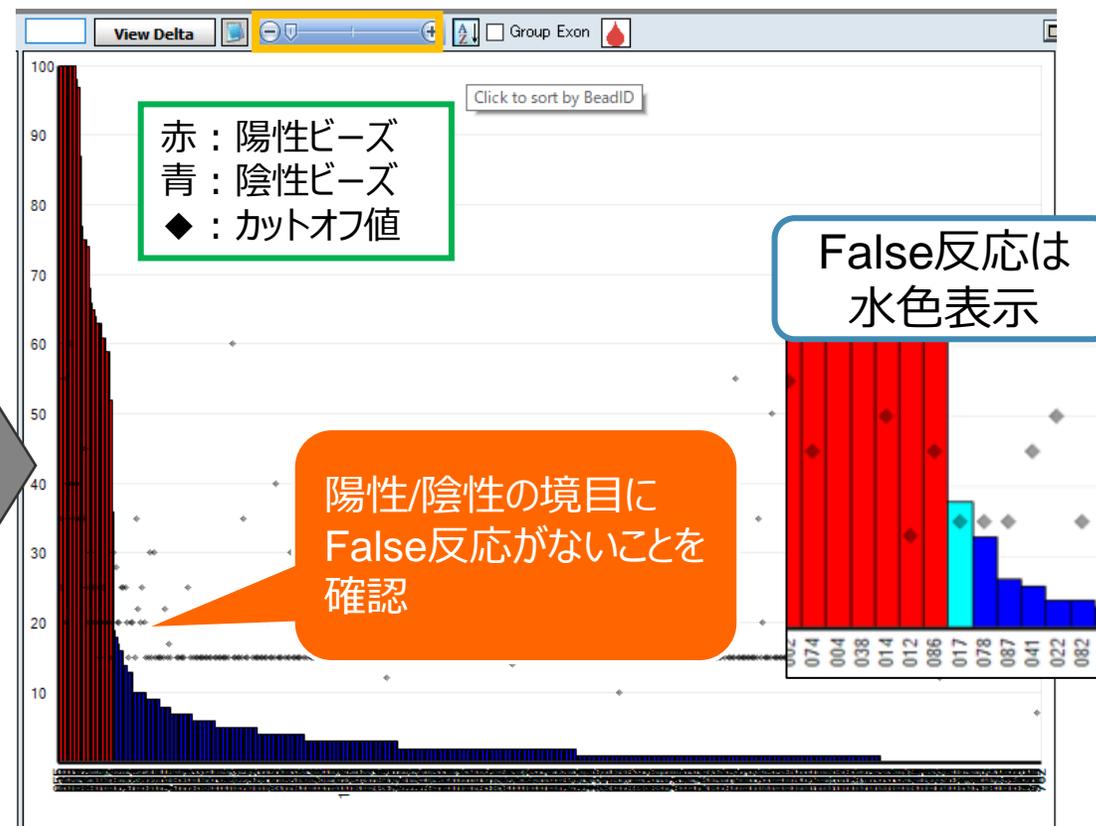
Additional interface elements include a "Sample Date" field, "QC" and "Bead" tabs, and various control buttons like "Exclude", "Reset", and "QC".

# ビーズの反応の確認①

- Normal値で並びかえ、全体の反応性や陽性と陰性の境目のビーズを確認する
  - 陽性・陰性の境目が明確か
  - False反応のビーズがあるか

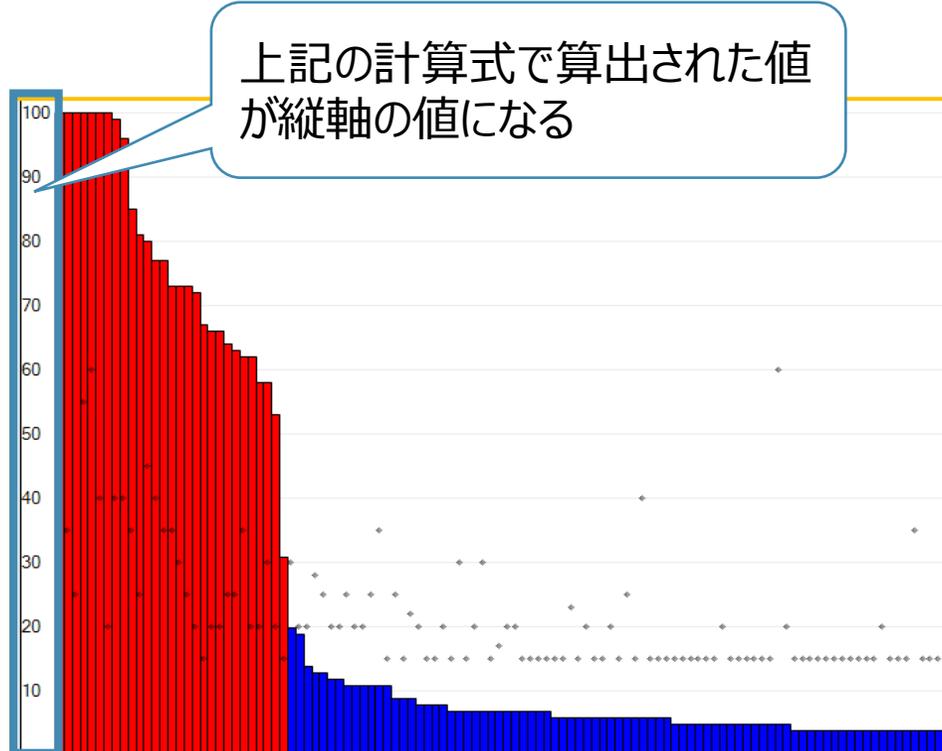


グラフの拡大/縮小



# 陽性/陰性の判定方法

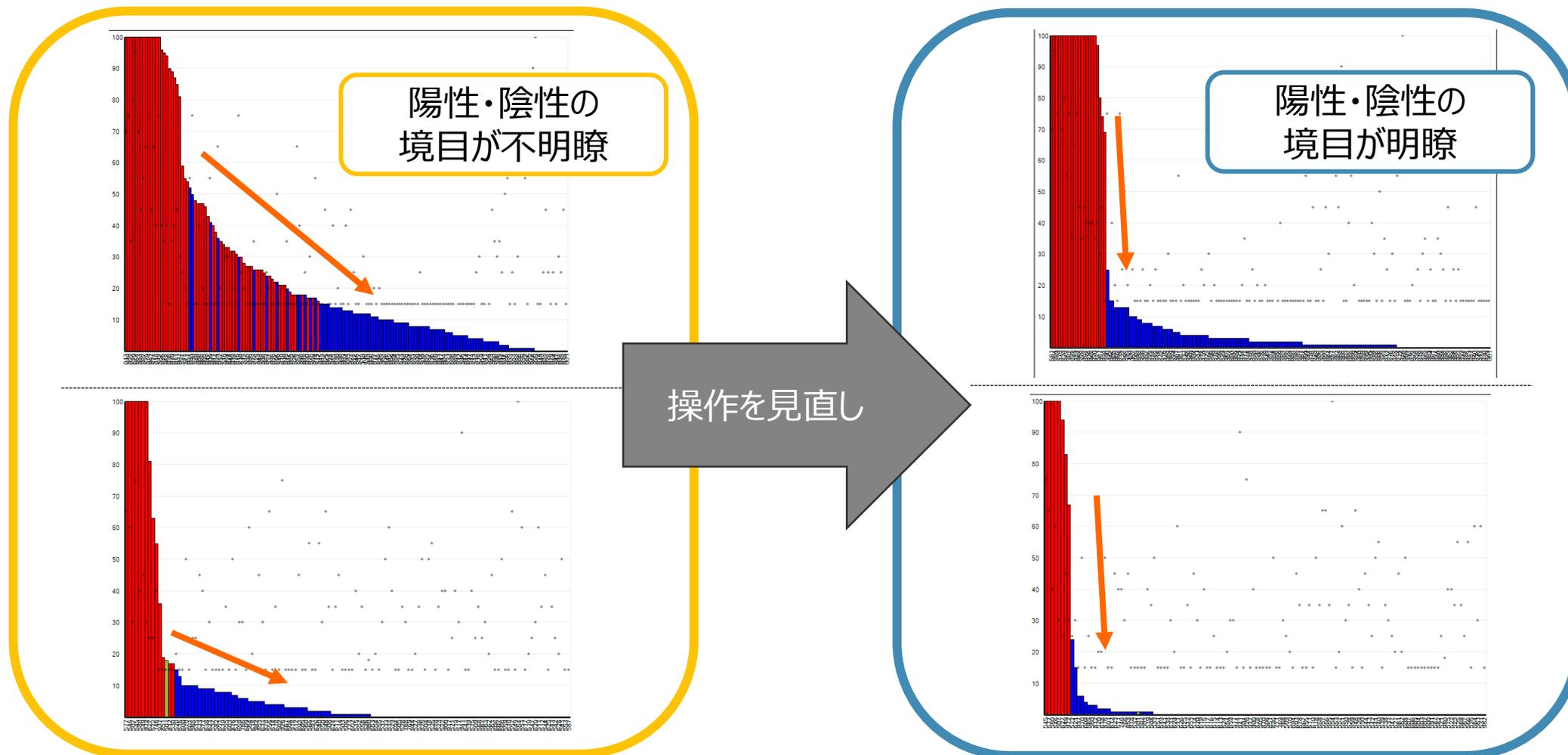
- Normal値とOne Lambda設定のカットオフ値を比較して陽性/陰性が判定される
- Normal値の算出方法
  - $(\text{各ビーズ値} - \text{NCビーズ値}) / (\text{PCビーズ値} - \text{NCビーズ値}) \times 100(\%)$



- 各ビーズの検出対象領域 (Exon) と同じ領域のPCビーズの値が使用される
  - 例：Exon2が対象のビーズはExon2のPCビーズの値を使用
- PCRの増幅効率はDNAの品質やアレルの種類に影響を受けるため、PCビーズの値で割り算することで結果への影響を取り除いている

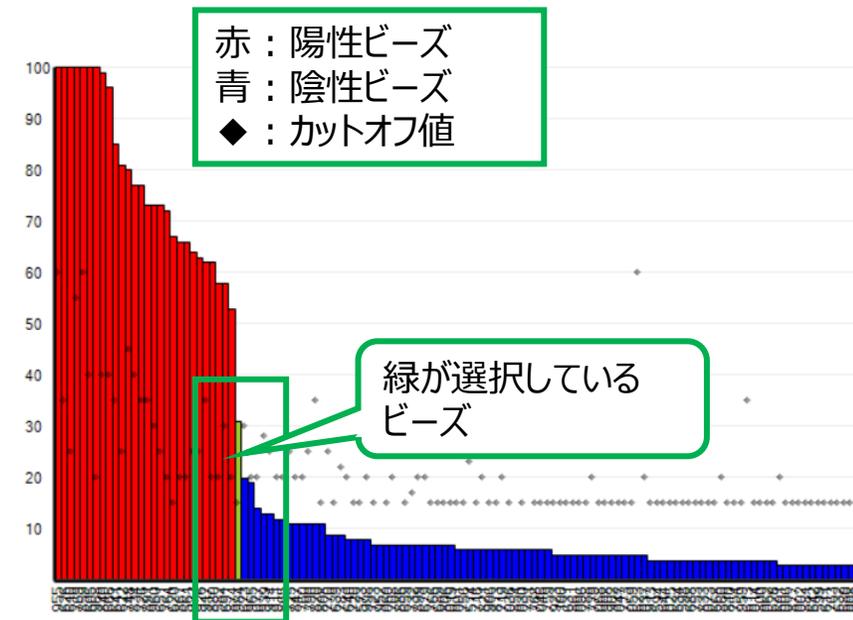
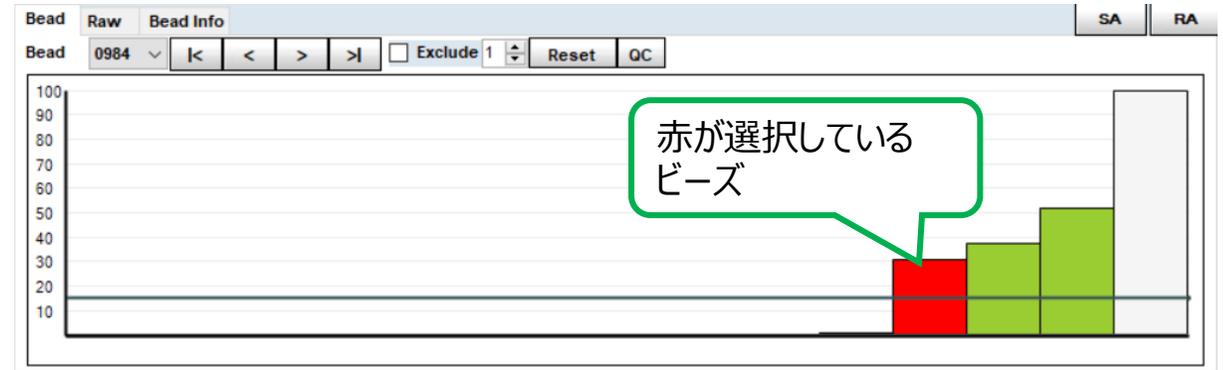
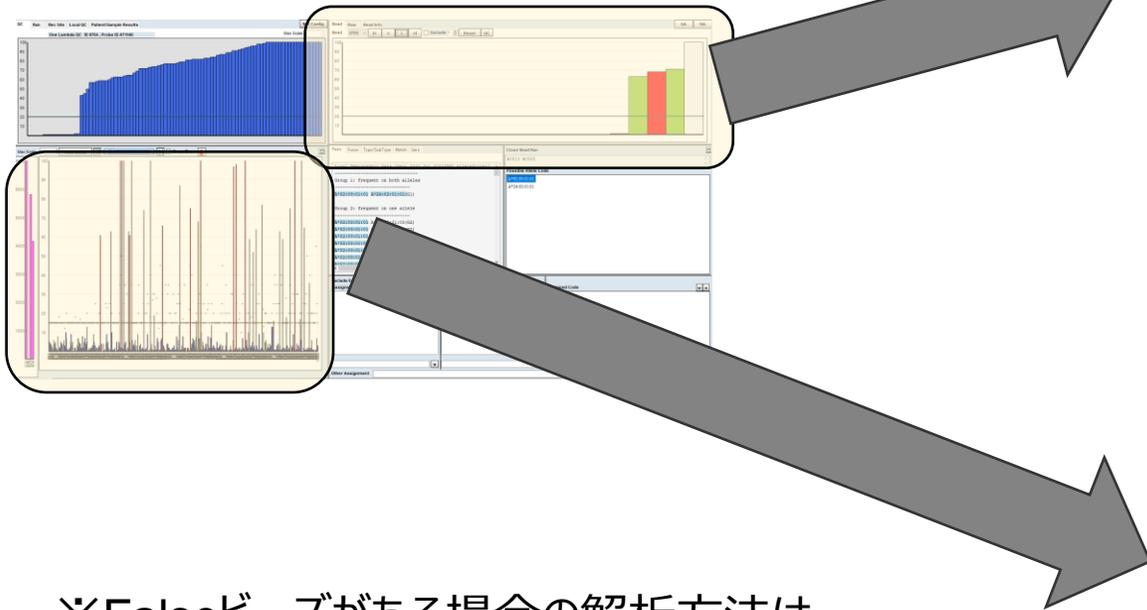
# 陽性/陰性の境目が不明瞭な場合

- 洗浄やハイブリダイゼーションの反応に不備がある場合、判定困難となることがあります



# ビーズの反応の確認② False反応のビーズがない場合

- ビーズの反応性（とくに陽性/陰性の境目）を確認
- 反応性に問題がない場合は解析終了



※Falseビーズがある場合の解析方法は、のちほど説明いたします

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

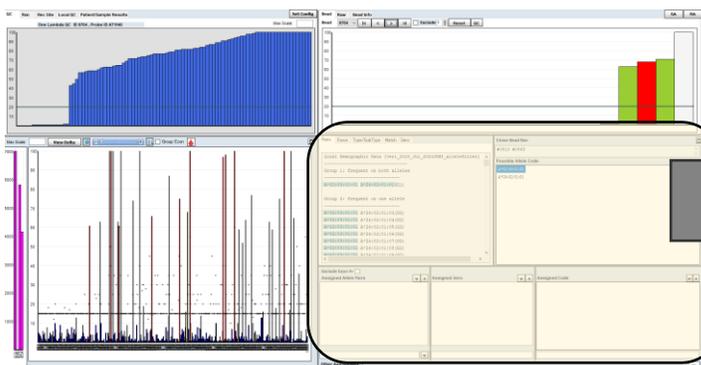
測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

# 解析結果の記録・保存

- 結果表示ウィンドウからダブルクリックで結果を記録、Saveで保存



Pairs Force Type/SubType N ver1\_2024\_Jan\_2024JSHI\_allelefilter

Find Allele

Drag a column header here to group by that column.

+	DPA1
-	DPB1

Fusion4.7よりα鎖とβ鎖が  
分かれて表示されるよう  
になりました

Pairs Force Type/SubType Match Sero

Local Demographic Data [ver1\_2023\_Jul\_2023JSHI\_allelefilter]

Group 1: frequent on both alleles

A\*02:03:01:01 A\*24:02:01:01 (G1)

Group 2: frequent on one allele

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

Close Bead Rxn #0913 #0965

Possible Allele Code

A\*02:03:01:01:02:03:01:02:02:03:01:03:02:03:01:04:02:03:01:05:02:03:02:02:03:03:02:03:04:02:03:05:02:03:06  
A\*24:02:01:01:24:02:01:03:24:02:01:04:24:02:01:05:24:02:01:06:24:02:01:07:24:02:01:08:24:02:01:09:24:02:01:

Exclude Exon 4+

Assigned Allele Pairs A\*02:03:01:01 A\*24:02:01:01

Assigned Sero A203 A24

Assigned Code A\*02:03:01:01:02:03:01:02:02:03:01:03:02:03:01:04:02:03:01:05:02:03:02:02:03:03:02:03:04:02:03:05:02:03:06  
A\*24:02:01:01:24:02:01:03:24:02:01:04:24:02:01:05:24:02:01:06:24:02:01:07:24:02:01:08

Other Assignment

333N/02:971/02:1068Q/02:1070

Saveをクリックして保存

Save Confirm

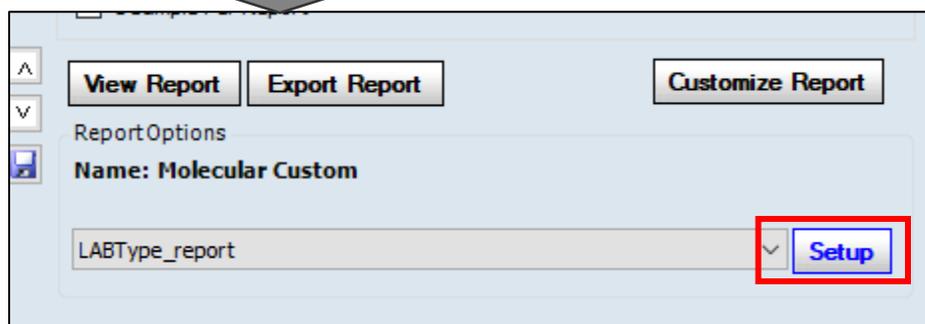
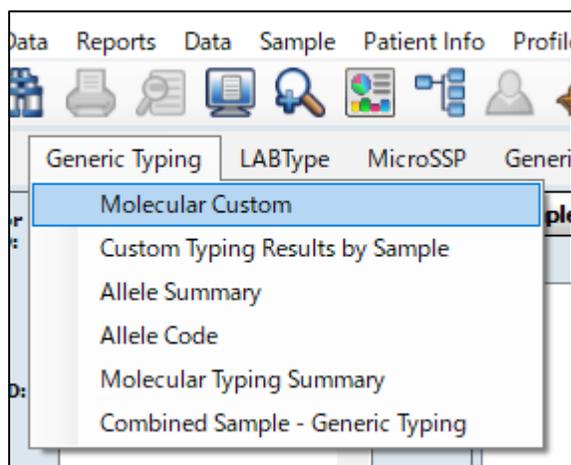
タイピング結果として記録され、  
レポートに表示される

Saveをクリックして保存

# レポート出力項目の設定

- Reports>Generic Typing>Molecular Custom
- Setupで出力する項目を設定、テンプレートとして保存

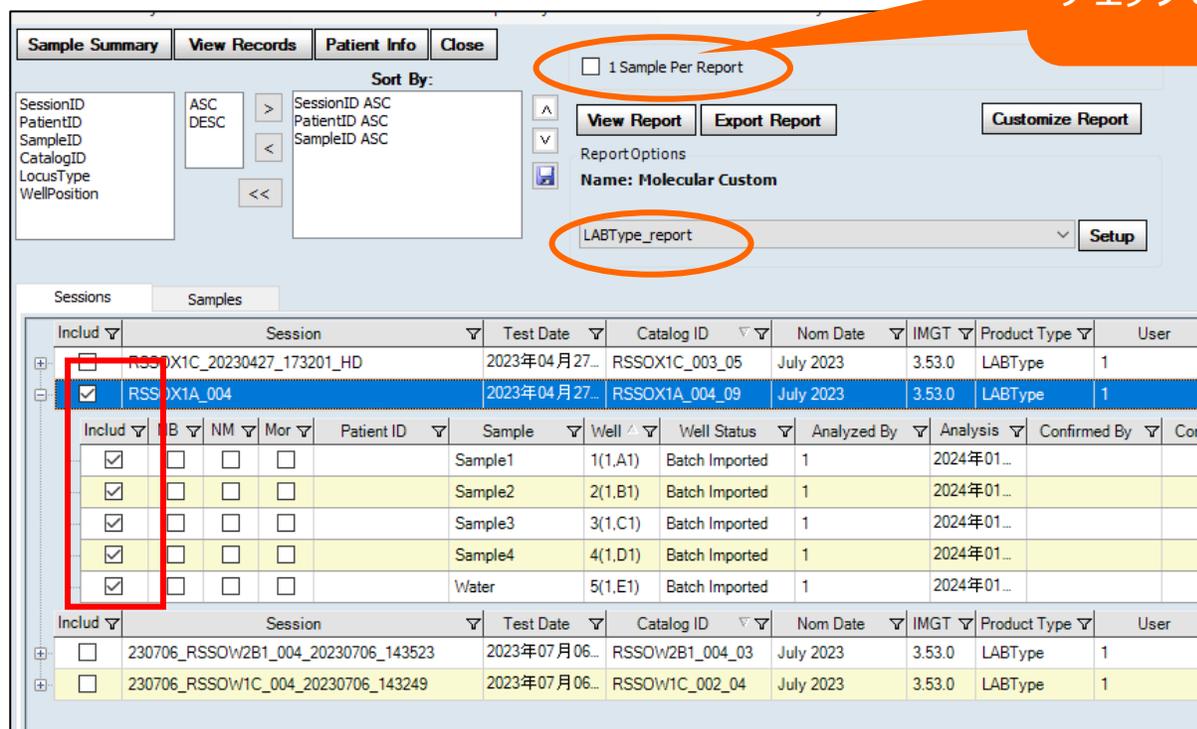
設定例



テンプレート名を  
入力してSave

- 出力するセッションや検体名を選択
- テンプレートを指定
- View Reportでプレビュー、印刷
- Export Reportで出力（csvやpdfなど任意の形式で保存）

1検体ずつ別ファイルに保存する場合は  
チェックを入れてExport Report



The screenshot shows the 'Sample Summary' tab with various controls. A red box highlights the '1 Sample Per Report' checkbox, which is currently unchecked. Another red box highlights the 'LABType\_report' dropdown menu. Below these, there are 'View Report' and 'Export Report' buttons. The 'Export Report' button is highlighted with a red box. The table below shows a list of sessions and samples. A red box highlights the 'Include' checkbox for the selected session 'RSSOX1A\_004'.

Includ	Session	Test Date	Catalog ID	Nom Date	IMGT	Product Type	User
<input type="checkbox"/>	RSSOX1C_20230427_173201_HD	2023年04月27...	RSSOX1C_003_05	July 2023	3.53.0	LABType	1
<input checked="" type="checkbox"/>	RSSOX1A_004	2023年04月27...	RSSOX1A_004_09	July 2023	3.53.0	LABType	1

Includ	LB	NM	Mor	Patient ID	Sample	Well	Well Status	Analyzed By	Analysis	Confirmed By	Conf
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample1	1(1,A1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample2	2(1,B1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample3	3(1,C1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample4	4(1,D1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Water	5(1,E1)	Batch Imported	1	2024年01...		

Includ	Session	Test Date	Catalog ID	Nom Date	IMGT	Product Type	User
<input type="checkbox"/>	230706_RSSOW2B1_004_20230706_143523	2023年07月06...	RSSOW2B1_004_03	July 2023	3.53.0	LABType	1
<input type="checkbox"/>	230706_RSSOW1C_004_20230706_143249	2023年07月06...	RSSOW1C_002_04	July 2023	3.53.0	LABType	1

レポートに出力する  
検体を選択

- Setupで選択した項目が出力される

LABType_report			
Patient ID:		Name:	
Sample ID: Sample1		Local ID:	
Sample Date:	Test	4 27, 2023	
Saved By: 1, 1	Date: 2 19, 2024	Confirmed By:	Date:
Interpretation			
Assigned Allele Code	A*02:03:01:01/02:03:01:02/02:03:01:03/02:03:01:04/02:03:01:05/02:03:02/02:03:03/02:03:04/02:03:05/02:03:06/02:03:07/02:03:08/02:03:09/02:03:10/02:774/02:775N/02:833N/02:971/02:1068Q/02:1070 A*24:02:01:01/24:02:01:03/24:02:01:04/24:02:01:05/24:02:01:06/24:02:01:07/24:02:01:08/24:02:01:09/24:02:01:10/24:02:01:11/24:02:01:12/24:02:01:13/24:02:01:14/24:02:01:15/24:02:01:16/24:02:01:17Q/24:02:01:18/24:02:01:19/24:02:01:20/24:02:01:21/24:02:01:22/24:02:01:23/24:02:01:24/24:02:01:25/24:02:01:26/24:02:01:27/24:02:01:28/24:02:01:29/24:02:01:30/24:02:01:31/24:02:01:32/24:02:01:33/24:02:01:34/24:02:01:35/24:02:01:36/24:02:01:37/24:02:01:38/24:02:01:39/24:02:01:40/24:02:01:41/24:02:01:42/24:02:01:43/24:02:01:44/24:02:01:45/24:02:01:46/24:02:01:47/24:02:01:48/24:02:01:49/24:02:01:50/24:02:01:51/24:02:01:52/24:02:01:53/24:02:01:54/24:02:01:55/24:02:01:56/24:02:01:57/24:02:01:58/24:02:01:59/24:02:01:60/24:02:01:61/24:02:01:62/24:02:01:63/24:02:01:64/24:02:01:65/24:02:01:66/24:02:01:67/24:02:01:68/24:02:01:69/24:02:01:70/24:02:01:71/24:02:01:72/24:02:01:73/24:02:01:74/24:02:01:75/24:02:01:76/24:02:01:77/24:02:01:78/24:02:01:79/24:02:01:80/24:02:01:81/24:02:01:82/24:02:01:83/24:02:01:84/24:02:01:85/24:02:01:86/24:02:01:87/24:02:01:88/24:02:01:89/24:02:01:90/24:02:01:91/24:02:01:92/24:02:01:93/24:02:01:94/24:02:01:95/24:02:01:96/24:02:01:97/24:02:01:98/24:02:01:99/24:02:01:100/24:02:01:101/24:02:01:102/24:02:01:103/24:02:01:104/24:02:01:105/24:02:01:106/24:02:01:107/24:02:01:108/24:02:01:109/24:02:01:110/24:02:01:111/24:02:01:112/24:02:01:113/24:02:01:114/24:02:01:115/24:02:01:116/24:02:01:117/24:02:01:118/24:02:01:119/24:02:01:120/24:02:01:121/24:02:01:122/24:02:01:123/24:02:01:124/24:02:01:125/24:02:01:126/24:02:01:127/24:02:01:128/24:02:01:129/24:02:01:130/24:02:01:131/24:02:01:132/24:02:01:133/24:02:01:134/24:02:01:135/24:02:01:136/24:02:04/24:02:05/24:02:06/24:02:10/24:02:13/24:02:14/24:02:18/24:02:19/24:02:20/24:02:22/24:02:24/24:02:25/24:02:26/24:02:28/24:02:30/24:02:31/24:02:32/24:02:35/24:02:36/24:02:37/24:02:39/24:02:41/24:02:42/24:02:43/24:02:44/24:02:46/24:02:47/24:02:48/24:02:50/24:02:51/24:02:52/24:02:53/24:02:54/24:02:56/24:02:57/24:02:59/24:02:62/24:02:63/24:02:64/24:02:65/24:02:66/24:02:67/24:02:68/24:02:76/24:02:77/24:02:78/24:02:79/24:02:80/24:02:81/24:02:82/24:02:83/24:02:84/24:02:85/24:02:86/24:02:87/24:02:90/24:02:91/24:02:92/24:02:94/24:02:95/24:02:97/24:02:98/24:02:99/24:02:101/24:02:102:01/24:02:102:02/24:02:103/24:02:104/24:02:105/24:02:108/24:02:109/24:02:110/24:02:113/24:02:114/24:02:116/24:02:117/24:02:118/24:02:119/24:02:120/24:02:121/24:02:122/24:02:123/24:02:124/24:02:125/24:02:126/24:02:127/24:02:128/24:02:129/24:02:131/24:02:132/24:02:133/24:02:134/24:02:135/24:02:136/24:02:139/24:02:140/24:02:141/24:02:143/24:02:145/24:02:147/24:02:149/24:02:150/24:02:151/24:02:154/24:02:155/24:02:156/24:02:159/24:02:161/24:02:162/24:02:163/24:02:166/24:02:167/24:353/24:385/24:388N/24:389N/24:391/24:392/24:393/24:396N/24:398/24:400/24:401/24:402/24:416/24:417/24:418/24:419/24:422/24:423/24:426N/24:428N/24:431:01/24:431:02/24:432/24:433N/24:434N/24:436/24:437/24:442/24:443/24:445N/24:448N/24:451/24:454/24:455/24:456N/24:460:01/01/24:460:01:02/24:462/24:463/24:464/24:465/24:466/24:468/24:469/24:470/24:473Q/24:474/24:476/24:479Q/24:480/24:484/24:486/24:487/24:490/24:492/24:496/24:497/24:500/24:501/24:507/24:509/24:511/24:513Q/24:518N/24:519/24:520/24:521/24:529N/24:530/24:533/24:536Q/24:538/24:543/24:545/24:547/24:548/24:549/24:550/24:552/24:554/24:558/24:564/24:565/24:567N/24:568N/24:571/24:573/24:575/24:576N/24:578/24:581/24:582/24:585:01/24:585:02/24:587/24:591/24:592/24:594/24:595/24:596N/24:602		
Assigned Serology:	A203 A24		
Assigned Allele Pairs	A*02:03:01:01 A*24:02:01:01		

## Falseビーズの確認

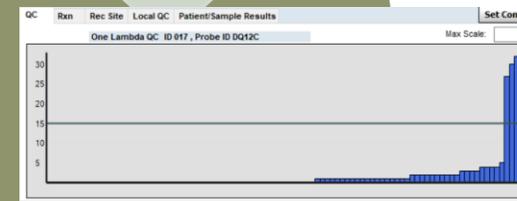
Pairs	Force	Type/SubType	Match	Sero
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:01	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:02	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:03	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:04	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:05	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:01	FP#	017	
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:02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

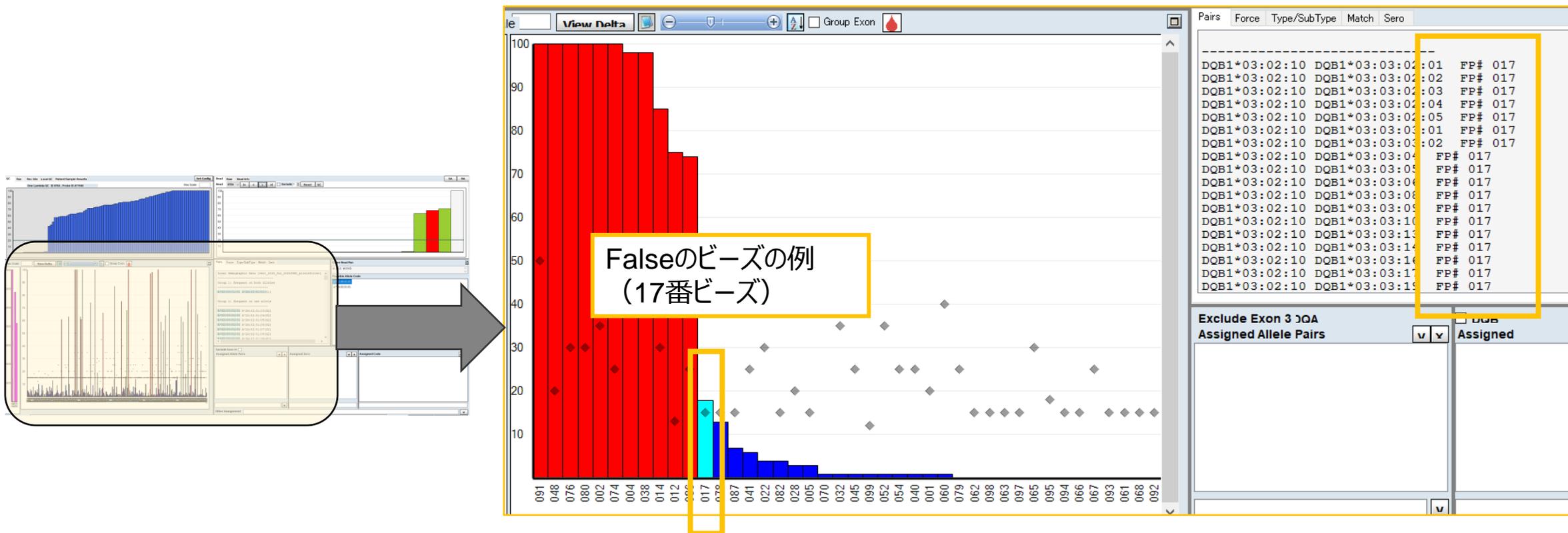
## One LambdaのQC結果の確認



## カットオフ値の変更/再検査の判断

# Falseビーズの確認

- 全ビーズの判定結果のグラフとPairsタブで確認



# プローブの確認

- Beadタブで該当ビーズの反応を確認
- Bead Infoタブでビーズに結合しているプローブの情報を確認

**表示するビーズの変更**

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

**ビーズに結合しているプローブの認識  
部位 & 対象アレル**

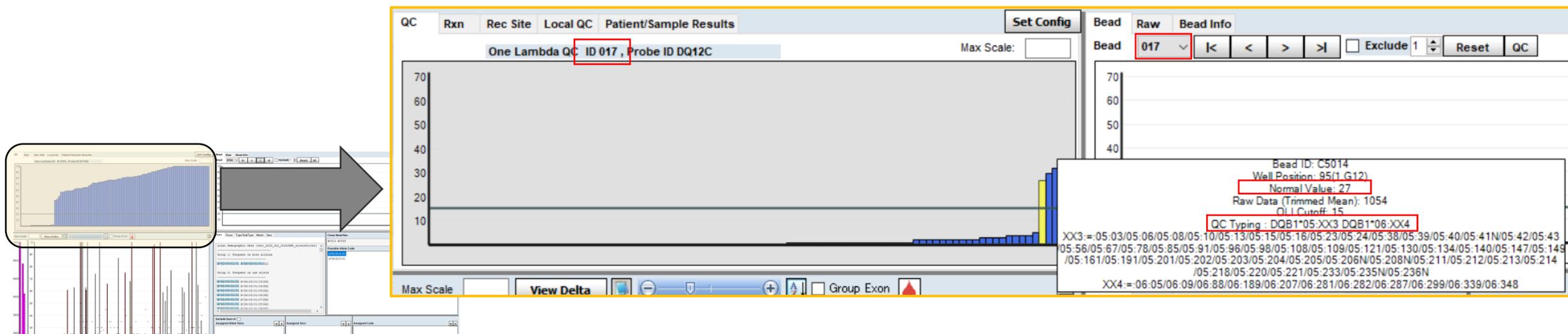
Bead ID #: 017    Rec Site: 24-L-Y-32

Probe ID: DQ12C  
Exon 2

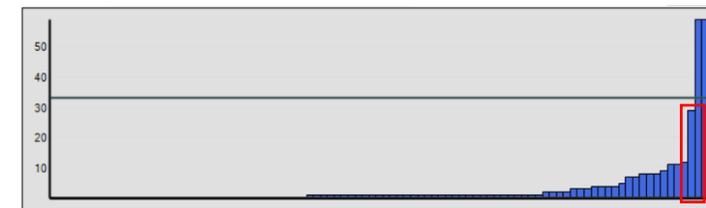
DQB1\*06:02:07, DQB1\*06:05:01, DQB1\*06:05:02, DQB1\*06:06, DQB1\*06:09:01:01, DQB1\*06:09:01:02, DQB1\*06:09:02, DQB1\*06:09:03, DQB1\*06:09:05, DQB1\*06:09:06, DQB1\*06:09:07, DQB1\*06:09:08, DQB1\*06:09:09, DQB1\*06:09:10, DQB1\*06:09:11, DQB1\*06:09:12, DQB1\*06:11:02, DQB1\*06:11:03, DQB1\*06:11:04, 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\*06:94, 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\*06:282, 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結果の確認

- QCタブでOne Lambda QCパネルを使用した場合の該当ビーズの反応性を確認

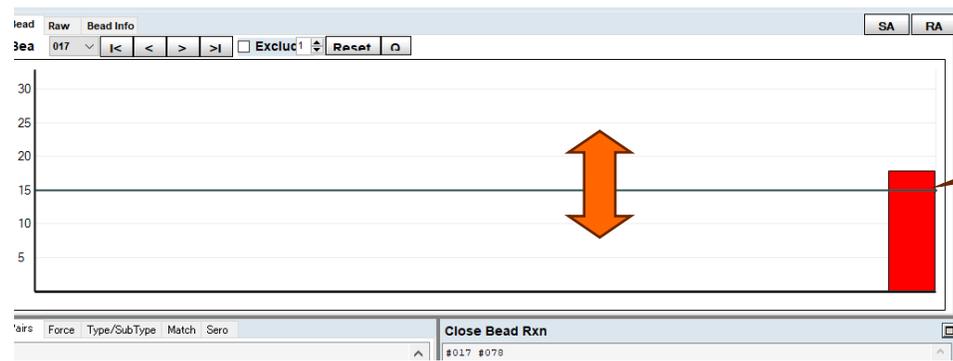


- グラフにカーソルを合わせると、One LambdaでQCに使用した検体の情報が表示される
- 表示例はDQB1\*05/DQB1\*06のDNAを使用した結果で、Normal Valueは27で陽性判定
- カットオフ値に近い結果の検体情報を確認することで、False反応が起こりやすい（カットオフ値付近の結果になりやすい）アレルがわかる



# カットオフ値の変更/再検査の判断

- ①ビーズに結合しているプローブ情報をもとに反応するアレルを確認
  - ②One LambdaのQC結果を確認
  - ③測定結果がOne Lambdaのカットオフ値と比較してどの程度乖離しているかを確認
  - ④ハプロタイプ（他のローカスのタイピング結果がある場合）
- 上記のような情報を加味し、「カットオフ値を変更」、「再検査を行う（SSO、もしくは別法）」等の判断をお願いします

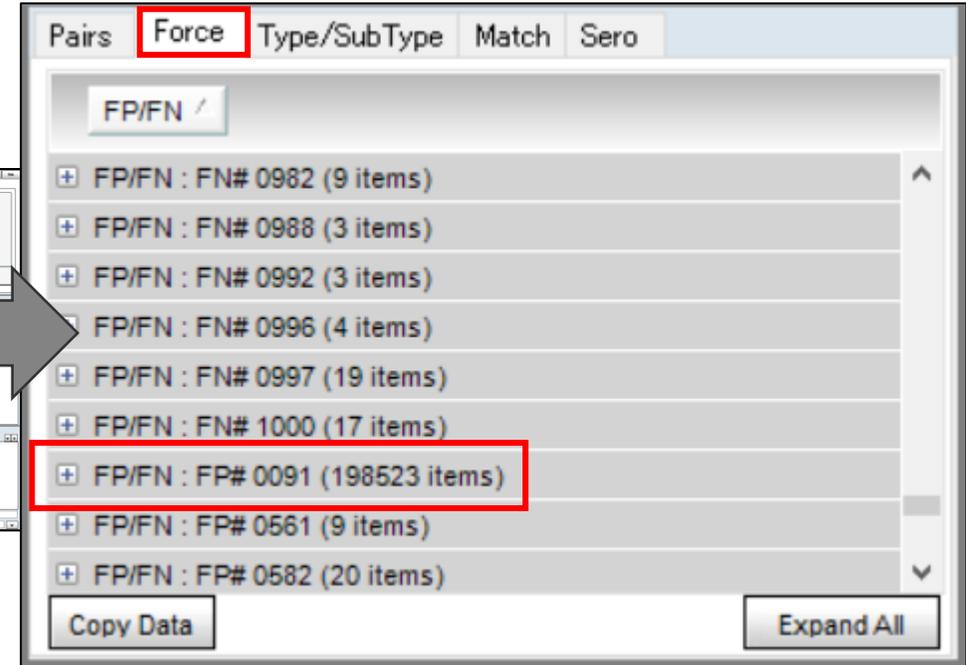
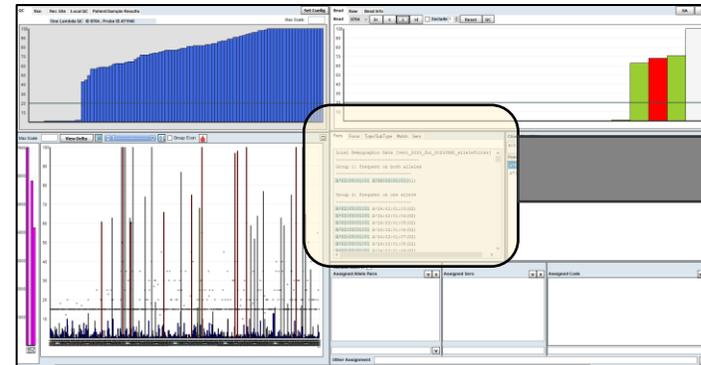
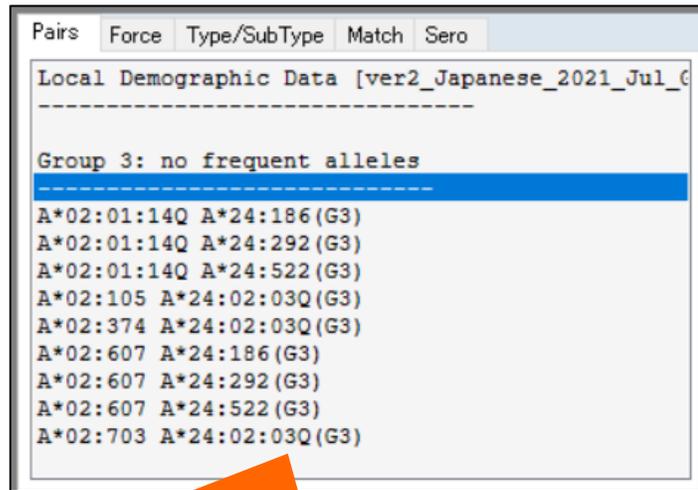


カットオフラインを動かすことで、陰性/陽性の判定が変更になる

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、基準を各施設様で設定することを推奨します

# Falseビーズがなく、G1の結果が表示されない場合

- ① 海外の方の検体の場合はフィルタを変更して解析
- ② ForceタブでFalse反応の可能性が高いビーズを確認し、False反応ビーズの確認と同じ手順で確認
  - カットオフ値の変更/再検査/結果採用の判断を行う



G3の結果しか表示されていない

# フィルタの変更方法

- 検体解析画面で個別にフィルタを変更する
  - 海外の方の検体はCIWDフィルタを使用した解析を推奨

Set Configボタンをクリック

解析に使用するフィルタを選択

日本人フィルタ使用

Allele 1	Allele 2	G	SA
DRB1*04:05:01:01	DRB1*14:05:01:01	G1	
DRB1*04:05:01:01	DRB1*14:05:01:02	G2	
DRB1*04:05:01:01	DRB1*14:05:01:03	G2	
DRB1*04:05:01:01	DRB1*14:05:01:04	G2	
DRB1*04:05:01:01	DRB1*14:05:04	G2	
DRB1*04:05:01:01	DRB1*14:05:05	G2	

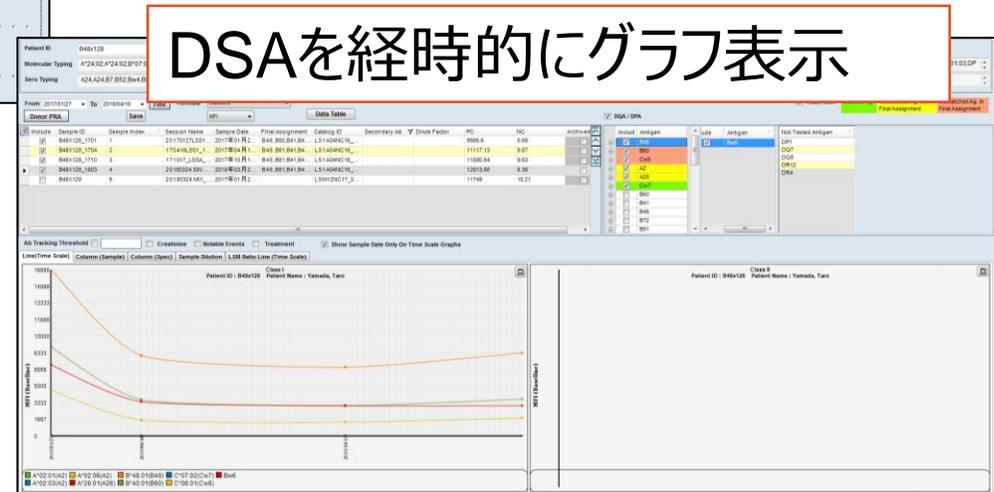
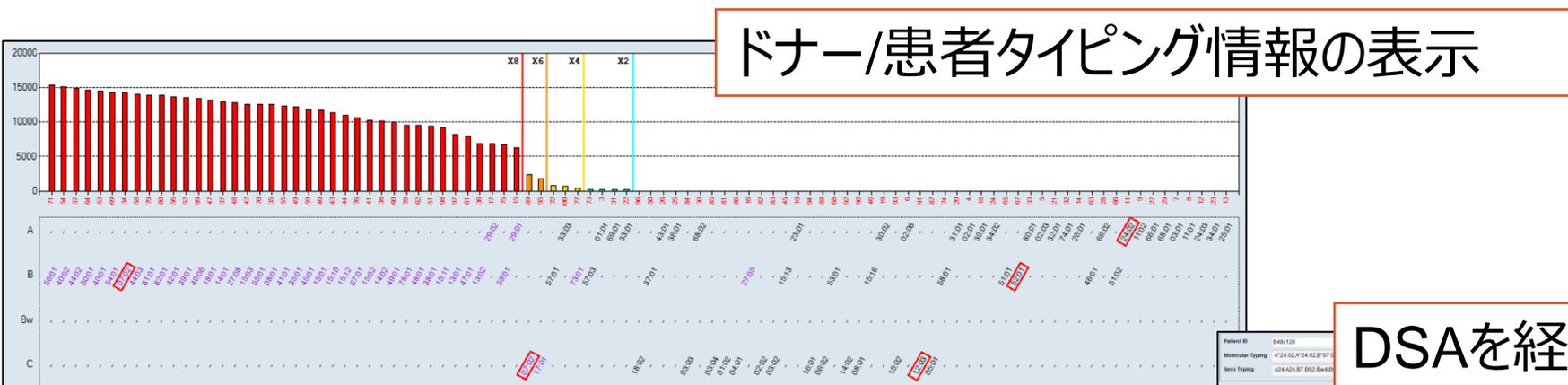
CIWDフィルタ使用

Allele 1	Allele 2	G	SA
DRB1*04:05:03	DRB1*14:05:01:01	G2	
DRB1*04:05:03	DRB1*14:05:01:02	G2	
DRB1*04:05:03	DRB1*14:05:01:03	G2	
DRB1*04:05:03	DRB1*14:05:01:04	G2	
DRB1*04:05:03	DRB1*14:05:04	G2	
DRB1*04:05:03	DRB1*14:05:05	G2	

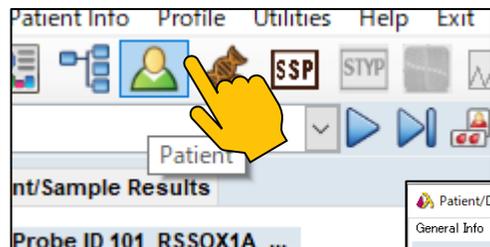
分類	アレルの色
C (Common)	青
I (Intermediate)	紫
WD (Well Documented)	ピンク
-	白

# 移植検査でタイピング情報を活用する方法

- タイピング情報を患者・ドナー情報として登録するとMatchMakerによるエプレットマッチングが可能
- LABScreenの結果にも紐づけできる：タイピング情報の表示やDSAの確認・エプレット解析への活用が可能



# 患者/ドナー情報の登録



解析結果の保存後、解析画面上のPatientボタンをクリック

患者・ドナーの別

患者・ドナー ID

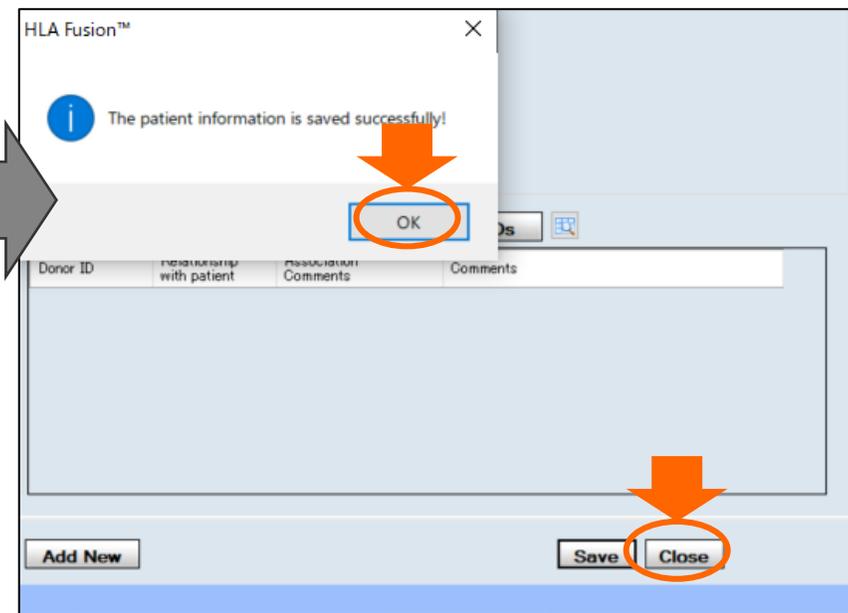
名

姓

最低限の情報を入力

入力後、Saveで保存

保存後、OK→Closeの順にクリック



# タイピング結果の登録

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

登録情報が正しく表示されていることを確認

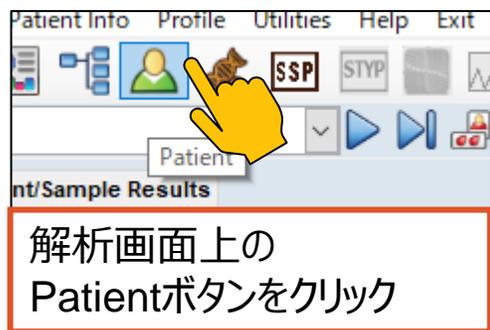
登録される内容

Patient Assignにチェックを入れ、Saveをクリック



Save

# 登録内容の確認



サンプルID

Possible Allele Codeの情報  
※No Code + G1~G3すべて表示にしている場合は、  
不要なAmbiguityも登録されるため削除が必要

Seroの情報

登録内容を編集するときに  
チェックを入れる

Saveをクリックして保存

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。

