



# Omixon Holotype HLA und Omixon HLA Twin

## Bekannte Produkteinschränkungen

Version 4

Veröffentlicht am 19.10.2018

## 1 Revisions- und Änderungshistorie

Version	Zusammenfassung der Änderungen
v1	Sammlung algorithmischer Einschränkungen. Dokument mit Dokument zur Holotype HLA-spezifischen Einschränkung zusammengeführt.
v2	Einschränkungen in Bezug auf die IMGT/HLA-Datenbank wurden aktualisiert, um IMGT/HLA v3.28.0 und v3.29.0.1 zu entsprechen. Der Abschnitt zur Softwarelimitierung wurde erweitert, um die folgenden Softwareversionen abzudecken: Twin 2.1.3, Twin 2.1.4 und Twin 2.5.0.
v3	Zusätzliche auf Phasenlagen bezogene Fälle wurden hinzugefügt. Eine kurze Anleitung zur Identifizierung von falschen Phasenlagen wurde hinzugefügt. Einschränkungen in Bezug auf die IMGT/HLA-Datenbank wurden aktualisiert, um IMGT/HLA v3.30.0 zu entsprechen. Der Abschnitt zur Softwarelimitierung wurde erweitert, um die folgenden Softwareversionen abzudecken: Twin 2.5.1 und Twin 3.0.0.
v4	Einschränkungen in Bezug auf die IMGT/HLA-Datenbank wurden aktualisiert, um IMGT/HLA v3.31.0 zu entsprechen. Der Abschnitt zur Softwarelimitierung wurde erweitert, um die folgenden Softwareversionen abzudecken: Twin 3.1.0 und Twin 3.1.1. Informationen in Bezug auf Software und IMGT/HLA-Versionen, die älter als 12+1 Monate sind, wurden entfernt. Betroffene Versionen: Omixon HLA Twin 2.1.3 und 2.1.4, IMGT/HLA 3.28.0_4. Spezifische Beispiele für Probleme, bei denen die Allelspezifität nicht nachgewiesen werden konnte, wurden entfernt. Für den statistischen Genotypisierungsalgorithmus wurden zusätzliche Einschränkungen hinzugefügt.

## 2 Geltungsbereich dieses Dokuments

Zweck dieses Dokuments ist es, eine umfassende Liste bekannter Produkteinschränkungen für Holotype HLA und Omixon HLA Twin zur Verfügung zu stellen. Die aktuelle Version (v4) dieses Dokuments wurde unter Verwendung der Holotype HLA-Versionen 1 und 2.1 und Omixon HLA Twin-Versionen 2.5.0 (CE&RUO), 2.5.1 (CE&RUO), 3.0.0 (RUO), 3.1.0 (RUO) und 3.1.1 (CE&RUO) mit IMGT/HLA 3.29.0.1\_5, 3.30.0\_5 und 3.31.0\_5 zusammengestellt. Sofern nicht anders angegeben, betreffen die aufgeführten Einschränkungen alle Proben-, Software- und Datenbankversionen im Rahmen dieses Dokuments.

## 3 Übersicht bekannter Produktbeschränkungen

### 3.1 Holotype HLA-spezifische Einschränkungen

#### 3.1.1 Holotype HLA-spezifische Unklarheiten

Dieser Abschnitt enthält Unklarheiten, die durch das Design des Omixon Holotype HLA-Proben und die technologischen Einschränkungen von NGS verursacht werden (d. h. die Lage und Reihenfolge der Primer-Sites und die Fragmentgrößenverteilung, die durch die im Protokoll verwendete Größenauswahlmethode erzeugt wird). Diese Unklarheiten sind nicht auflösbar und werden von allen Softwareversionen dargestellt.

Für jeden Ort, der alle Allelsequenzen und die Holotype-Primer-Sequenzen enthält, wurde eine multiple Sequenzausrichtung erstellt. Dann wurde diese Ausrichtung auf die Zielregion getrimmt (d. h. die Primer-Sites und jede Position außerhalb der Primer-Sites wurden getrimmt). Die resultierenden Sequenzen wurden dann auf exakte Duplikate und Untersequenz-Relationen überprüft; alle Unklarheiten auf Drei-Feld- oder niedrigerer Auflösung oder bei jeder Auflösung, die Allele mit nicht standardisierten Expressionsniveaus betreffen, wurden gesammelt.

### 3.1.2 Unklarheiten im ersten, zweiten und dritten Feld

**Richtlinien für Meldungen:** Als unklar melden

Unklare Allele		Hat Auswirkung auf die Expression	Betroffene IMGT/HLA-Version(en)	Grad der Unklarheit	Betroffene Probenversion(en)
DPB1*13:01:01	DPB1*107:01	NEIN	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	1. Feld	v1, v2.1
DPB1*105:01:01	DPB1*665:01	NEIN	v3.30.0_5 v3.31.0_5	1. Feld	v1, v2.1
DQB1*06:01:01	DQB1*06:01:151	NEIN	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	3. Feld	v1
DRB1*09:01:02	DRB1*09:31	NEIN	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	2. Feld	v1, v2.1
DRB1*12:01:01	DRB1*12:10	NEIN	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	2. Feld	v1, v2.1
DRB1*15:02:01	DRB1*15:140	NEIN	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	2. Feld	v1, v2.1

<sup>1</sup> Die Unklarheit wird aufgeklärt, wenn DQB1 Satz 1 Primer verwendet werden.

### 3.1.3 Expressionsbeeinflussende Unklarheiten

**Richtlinien für Meldungen:** Allele mit geringer Expression wurden als Ergebnis für 2. Feld gemeldet

Gemeinsame erste drei Felder in der Allelgruppe	4. Feld in der unklaren Allelgruppe
A*02:01:01	01, 02L, 16
B*39:01:01	03, 02L, 05

### 3.1.4 Cis/Trans-Unklarheiten

Cis/Trans-Unklarheiten (d. h. unklare Allel-Aufrufe, bei denen sich die verschiedenen Allelpaare nur in der cis/trans-Phasenlage unterscheiden) können mehrere Grundursachen haben. Die meisten dieser Unklarheiten werden aufgrund von technologischen Einschränkungen und Einschränkungen der IMGT/HLA-Datenbank gemeldet.

## 3.2 Liste der bekannten Einschränkungen für Omixon HLA Twin

## 3.3 Bekannte Einschränkungen des Konsens-Genotypisierungsalgorithmus

### 3.3.1 Einleitung

Alle unten aufgeführten Einschränkungen basierten auf von Holotype HLA-Kunden gemachten Beobachtungen oder wurden während interner Validierungs- und Regressionstest festgestellt. Diese Beobachtungen wurden vor Ende des Jahres 2018 an fast 100.000 Proben der weltweit verkauften Holotype HLA-Kits gemacht.

### 3.3.2 Falsche Neuheit aufgerufen

HLA Twin kann in unregelmäßigen Abständen falsche Neuheiten an den Endanwender melden. Beachten Sie, dass der größte Teil dieser falschen Neuheiten durch manuelle Prüfung der Ergebnisse im Omixon HLA Twin durch einen erfahrenen Anwender eliminiert werden können.

### 3.3.3 Lange neue Einsetzungen/Löschungen fehlen

Es wurden zwei Fälle beobachtet, in denen Omixon HLA Twin keine langen neuen Einsetzungen oder Löschungen gemeldet hat.

### 3.3.4 Doppelte neue SNP nicht gemeldet (fehlerbereinigte Version: Omixon HLA Twin 2.5.1)

Ein einziger Fall wurde beobachtet, in dem zwei aufeinander folgende neue SNPs nicht gemeldet wurden.

### 3.3.5 Falsche Phasenlage

Es wurden wenige Fälle beobachtet, bei denen die Konsenssequenz nicht die richtige Phasenlage hatte.

#### Identifikation von Konsenssequenzen mit falschen Phasenlagen

Eine falsche cis/trans-Phasenlage kann vermutet werden, wenn eines oder mehrere der folgenden Merkmale beobachtet werden:

- Zwei neue Allele werden innerhalb eines einzigen Best Match-Paares gemeldet.
- Es wird ein neues Allel und ein teilweise definiertes Allel gemeldet.
- Ein oder zwei seltene Allele werden gemeldet.
- Es gibt mehrere neue Positionen.

Bei Verdacht auf falsche Phasenlage wird dem Benutzer empfohlen, die Ergebnisse des statistischen Genotypisierungsalgorithmus zu überprüfen.

### 3.3.6 Cis/trans-Unklarheit durch ineffizientes Phasenlage

In einigen seltenen Fällen werden Mehrdeutigkeiten auf der 2- oder 3-Feld-Ebene aufgrund einer ineffizienten Phasenlage gemeldet. Für diese Fällen wird eine erneute Analyse der betroffenen Loci mit mehr Ablesungen vorgeschlagen.

### 3.3.7 Fehlerhaftes QC-Ergebnis gemeldet

Ausfallmodus	Fehlerbereinigte Version	Betroffene Softwareversion(en)
Rauschverhältnisswerte werden manchmal falschen Konsenspositionen zugeordnet	Twin 3.0.0	Twin 2.5.0, Twin 2.5.1

### 3.4 Bekannte Einschränkungen des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

#### 3.4.1 Einige Exon-Sequenzen, die in Exon-Only-Analysen falsch bestimmt wurden (fehlerbereinigte Version: Omixon HLA Twin 3.1.0)

Ausfallmodus	Fehlerbereinigte Version	Betroffene Softwareversion
Aufgrund einiger Inkonsistenzen in der IMGT/HLA-Datenbank und der mit Twin 3.1.0 eingeführten IMGT/HLA-Datenbank-Handhabungsmethode wurden einige Regionssequenzen für Nur-Exon-Analysen falsch bestimmt.	Twin 3.1.0	Twin 3.0.0

## 4 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-A

### 4.1 Spezifische Einschränkungen für Omixon HLA Twin

#### 4.1.1 Bekannte Einschränkungen des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

Bekanntes Fehlaufrufe des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

Aufgrund der Ähnlichkeit der Exon-Sequenzen einiger Allelpaare meldet der statistische Genotypisierungsalgorithmus in einigen Fällen für die folgenden Allelgruppen falsche Allele:

- A\*24:02/A\*24:253

## 5 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-B

### 5.1 Holotype HLA-spezifische Einschränkungen

#### 5.1.1 Allele, die eine geringe Verstärkung aufweisen können

Niedrige Verstärkung bedeutet, dass die erzeugte Ablesung für ein Allel für eine Genotypisierung nicht ausreichend ist. In extremen Fällen wird das Allel überhaupt nicht erfasst (Dropout).

Allele mit niedriger Verstärkung	Kompensation in HLA Twin	Erkennungsauflösung
B*51:01:02	JA	JA

### 5.2 Spezifische Einschränkungen für Omixon HLA Twin

#### 5.2.1 Bekannte Einschränkungen des Konsens-Genotypisierungsalgorithmus

Unklares Ergebnis, das durch den Verlust des Konsenses für eines der Allele berichtet wurde

Betroffenes Allel	Zusätzlich berichtete Allele
B*08:01:01	B*08:182, B*08:01:20
B*40:01:02	B*40:01:45
B*35:01:01	B*35:347, B*35:01:23, B*35:42:01

## HLA-B\*15:01 fehlaufgerufen

In einigen seltenen Fällen können Allele, die zu der folgenden Allelgruppe gehören, fehlaufgerufen werden:

- HLA-B\*15:01:01:01,
- HLA-B\*15:01:01:02N,
- HLA-B\*15:NEW

## 5.2.2 Bekannte Einschränkungen des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

HLA-B\*44:02:01 und HLA-B\*44:03:01 werden wegen des Vorhandenseins einer identischen Exonsequenz in HLA-C fehlaufgerufen.

Statistisches Genotypisierungsergebnis	Richtiges Ergebnis
HLA-B*40:01:02+HLA-B*44:188/HLA-B*44:46	HLA-B*40:01:02+HLA-B*44:03:01
HLA-B*45:01:01+HLA-B*44:188/HLA-B*44:46	HLA-B*45:01:01+HLA-B*44:03:01

# 6 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-C

## 6.1 Spezifische Einschränkungen für Omixon HLA Twin

### 6.1.1 Bekannte Einschränkungen des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

Häufige Fehlaufrufe des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

Aufgrund der Ähnlichkeit der Exon-Sequenzen einiger Allelpaare meldet der statistische Genotypisierungsalgorithmus in einigen Fällen für die folgenden Allelgruppen falsche Allele:

- C\*04:01/C\*04:09N
- C\*07:02/C\*07:01/C\*07:18

# 7 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-DPB1

## 7.1 Holotype HLA-spezifische Einschränkungen

### 7.1.1 Niedrige oder ausgefallene Verstärkung für HLA-DPB1 in DP-Multiplex

Ausfallmodus	Betroffene Probenversion
HLA-DPB1 zeigt eine niedrige Verstärkung an oder kann nicht verstärkt werden	Holotype HLA v1 - 11 Ortskonfiguration

### 7.1.2 Cis/Trans-Unklarheiten

**Richtlinien für Meldungen:** Das jeweilige Labor kann eigenverantwortlich entscheiden, ob die Unklarheit mittels G-Gruppen gemeldet wird oder ob die einzelnen unklaren Allel-Paare gemeldet werden.

Unklare Allele	Ursache der Unklarheit	2-Felder-Differenz
DPB1*02:01:02+ DPB1*04:02:01	DPB1*105:01+ DPB1*416:01	Phasenmangel zwischen Exon 2, Intron 2 (falls zutreffend) und Exon 3 JA

Unklare Allele		Ursache der Unklarheit	2-Felder-Differenz
DPB1*03:01:01+ DPB1*04:02:01	DPB1*351:01+ DPB1*463:01	Phasenmangel zwischen Exons 2 und 3	JA
DPB1*04:01:01+ DPB1*04:02:01	DPB1*105:01 / DPB1*665:01 + DPB1*126:01	Phasenmangel zwischen Exons 2 und 3	JA
DPB1*04:01:01+ DPB1*13:01:01 (DPB1*107:01)	DPB1*133:01+ DPB1*350:01	Phasenmangel zwischen Exons 2 und 3	JA
DPB1*04:01:01+ DPB1*14:01:01	DPB1*350:01+ DPB1*651:01	Phasenmangel zwischen Exons 2 und 3	JA
DPB1*04:02:01+ DPB1*17:01:01	DPB1*105:01+ DPB1*460:01	Phasenmangel zwischen Exon 2, Intron 2 (falls zutreffend) und Exon 3	JA
DPB1*04:01:01+ DPB1*463:01	DPB1*105:01+ DPB1*350:01	Phasenmangel zwischen Exons 2 und 3	JA

## 7.2 Spezifische Einschränkungen für Omixon HLA Twin

### 7.2.1 Bekannte Einschränkungen des Konsens-Genotypisierungsalgorithmus

Unklarheit nicht gemeldet

Von Twin aufgerufenes Ergebnis	Richtiges Ergebnis	Betroffene IMGT/HLA-Version(en)
DPB1*126:01+DPB1*665:01   DPB1*105:01+DPB1*126:01	DPB1*126:01+DPB1*665:01   DPB1*105:01+DPB1*126:01   <b>DPB1*04:01+DPB1*04:02</b>	v3.30.0_5, v3.31.0_5

## 8 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-DQB1

### 8.1 Holotype HLA-spezifische Einschränkungen

#### 8.1.1 Allele, die eine geringe Verstärkung aufweisen können

Niedrige Verstärkung bedeutet, dass die erzeugte Ablesung für ein Allel für eine Genotypisierung nicht ausreichend ist. In einigen Fällen wird das Allel überhaupt nicht gemeldet (Dropout).

Allele mit niedriger Verstärkung	Kompensation in HLA Twin	Erkennungsauflösung
DQB1*03	JA	JA <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Vermutung basiert auf Kopplungsungleichgewichten mit DQA1

## 9 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-DRB1

### 9.1 Technologische Einschränkungen

Ein moderates allelisches Ungleichgewicht ist bei Allelen mit deutlich längeren Sequenzen als der Durchschnitt zu beobachten (z. B. einige HLA-DRB1\*04-Allele). In einigen seltenen Fällen kann ein hohes allelisches Ungleichgewicht beobachtet werden: Gelegentlich ist mit Dropouts von Allelen zu rechnen.

## 9.2 Holotype HLA-spezifische Einschränkungen

### 9.2.1 Unspezifische Verstärkung

Ausfallmodus	Mögliche Auswirkungen	Betroffene Proben-version(en)
In einigen seltenen Fällen kann in der zweiten Hälfte des Gens ein zusätzliches Amplikon beobachtet werden (von Intron 4 über die gesamte 3'UTR).	Liegt das aspezifische Amplikon nur für eines der Allele vor, können für Intron 4 falsche Nichtübereinstimmungen gemeldet werden.	v1

### 9.2.2 Niedrige Verstärkung

Für HLA-DRB1\*07-Allele ist in einigen Fällen ein moderates bis hohes allelisches Ungleichgewicht zu beobachten. In den seltensten Fällen sind Allel-Dropouts zu erwarten.

## 9.3 Spezifische Einschränkungen für Omixon HLA Twin

### 9.3.1 Bekannte Einschränkungen des Konsens-Genotypisierungsalgorithmus

HLA-DRB1\*12:01 Unklarheit entgangen

Von Twin aufgerufenes Ergebnis	Richtiges Ergebnis	Betroffene IMGT/HLA-Version(en)
DRB1*12:10	DRB1*12:10/DRB1*12:01:01	v3.29.0.1_5, v3.30.0_5, v3.31.0_5

### 9.3.2 Bekannte Einschränkungen des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

Häufige Fehlaufrufe des statistischen Genotypisierungsalgorithmus

Aufgrund der Ähnlichkeit der Exon-Sequenzen einiger Allelpaare meldet der statistische Genotypisierungsalgorithmus für die folgenden Allelgruppen in einigen Fällen falsche Allele oder keine inhärenten Mehrdeutigkeiten:

- DRB1\*08:01:01/DRB1\*08:77
- DRB1\*09:01:02/DRB1\*09:31/DRB1\*09:21
- DRB1\*15:02:01/DRB1\*15:140

## 10 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-DRB3

### 10.1 Holotype HLA-spezifische Einschränkungen

#### 10.1.1 Unspezifische Verstärkung

Ausfallmodus	Mögliche Auswirkungen	Betroffene Proben-version(en)
In einigen seltenen Fällen kann in der zweiten Hälfte des Gens ein zusätzliches Amplikon beobachtet werden (von Intron 4 über die gesamte 3'UTR).	Liegt das aspezifische Amplikon nur für eines der Allele vor, können für Intron 4 falsche Nichtübereinstimmungen gemeldet werden.	v1

## 11 Bekannte Produkteinschränkungen für HLA-DRB4

### 11.1 Holotype HLA-spezifische Einschränkungen

#### 11.1.1 Allele, die eine geringe Verstärkung aufweisen können

Niedrige Verstärkung bedeutet, dass die erzeugte Ablesung für ein Allel für eine Genotypisierung nicht ausreichend ist. In extremen Fällen wird das Allel überhaupt nicht erfasst (Dropout). Für HLA-DRB4\*01:01 wurden häufig niedrige Verstärkungen und Allel-Dropouts beobachtet. In seltenen Fällen wurden Allel-Dropouts für HLA-DRB4\*01:03 Allele gemeldet. In beiden Fällen wird das Vorhandensein des Allels basierend auf dem Kopplungsungleichgewicht von Omixon HLA Twin angezeigt.

#### 11.1.2 Andere probenbezogene Einschränkungen

##### Falsch-positive Konzentrationsmessungen für HLA-DRB4

In einigen Proben sind hohe Amplikonkonzentrationen zu beobachten, obwohl:

- die Person nicht über eine Kopie des HLA-DRB4-Gens verfügt oder
- die Person über ein oder zwei Kopien des HLA-DRB4-Gens verfügt, aber die Amplifikation nicht erfolgreich war.

### 11.2 Spezifische Einschränkungen für Omixon HLA Twin

#### 11.2.1 Bekannte Einschränkungen des Konsens-Genotypisierungsalgorithmus

Unklarheit wird nicht gemeldet

Von Twin aufgerufenes Ergebnis	Richtiges Ergebnis
DRB4*01:02N	DRB4*01:02N/DRB4*01:03N
DRB4*01:01:01:01	DRB4*01:01:01:01/DRB4*01:03N