



Omixon Holotype HLA e Omixon HLA Twin

Limitazioni note del prodotto

Versione 4

Pubblicato il 19/10/2018

1 Storico revisioni e modifiche

Versione	Riepilogo delle modifiche
v1	Limitazioni algoritmiche raccolte. Documento unito al documento sulle limitazioni specifiche di Holotype HLA.
v2	Le limitazioni relative al database IMGT/HLA sono state aggiornate in riferimento alle versioni di IMGT/HLA v3.28.0 e v3.29.0.1. La sezione delle limitazioni del software è stata estesa per includere informazioni relative alle seguenti versioni del software: Twin 2.1.3, Twin 2.1.4 e Twin 2.5.0.
v3	Aggiunti ulteriori casi relativi alla ricostruzione degli aplotipi. Aggiunta una guida breve per l'identificazione dell'errata ricostruzione degli aplotipi. Le limitazioni relative al database IMGT/HLA sono state aggiornate in riferimento alla versione di IMGT/HLA v3.30.0. La sezione delle limitazioni del software è stata estesa per includere informazioni relative alle seguenti versioni del software: Twin 2.5.1 e Twin 3.0.0.
v4	Le limitazioni relative al database IMGT/HLA sono state aggiornate in riferimento alla versione di IMGT/HLA v3.31.0. La sezione delle limitazioni del software è stata estesa per includere informazioni relative alle seguenti versioni del software: Twin 3.1.0 e Twin 3.1.1. Le informazioni relative alle versioni del software e di IMGT/HLA che risalgono a oltre 12+1 mesi sono state rimosse. Versioni interessate: Omixon HLA Twin 2.1.3 e 2.1.4, IMGT/HLA 3.28.0_4. Rimossi alcuni esempi relativi a casi in cui risulta impossibile provare la specificità degli alleli. Aggiunte ulteriori limitazioni dell'algoritmo di genotipizzazione statistica.

2 Ambito di applicazione del presente documento

Il presente documento intende fornire un elenco completo delle limitazioni note del prodotto relative a Holotype HLA e Omixon HLA Twin. La versione attuale (v4) di questo documento è stata redatta in riferimento alle versioni 1 e 2.1 di Holotype HLA e alle versioni 2.5.0 (CE&RUO), 2.5.1 (CE&RUO), 3.0.0 (RUO), 3.1.0 (RUO) e 3.1.1 (CE&RUO) di Omixon HLA Twin con IMGT/HLA 3.29.0.1_5, 3.30.0_5 e 3.31.0_5. Se non specificato altrimenti, le limitazioni elencate interessano tutte le versioni del saggio, del software e del database che rientrano nell'ambito di applicazione del documento.

3 Panoramica delle limitazioni note del prodotto

3.1 Limitazioni specifiche di Holotype HLA

3.1.1 Ambiguità specifiche di Holotype HLA

Questa sezione contiene le ambiguità causate dal design del saggio Omixon Holotype HLA e le limitazioni tecnologiche del metodo NGS (vale a dire la posizione e la sequenza dei siti dei primer e la distribuzione dei frammenti di varie dimensioni prodotta dal metodo di selezione delle dimensioni utilizzato nel protocollo). Queste ambiguità, che non possono essere risolte, compaiono con tutte le versioni del software.

Per ciascun locus è stato creato un allineamento di sequenze multiple contenente tutte le sequenze di alleli e le sequenze dei primer Holotype. Tale allineamento è stato poi tagliato per isolare la regione di interesse (rimuovendo i siti dei primer ed eventuali posizioni esterne ai siti dei primer). Le sequenze così ottenute sono state controllate per rilevare i duplicati esatti e le relazioni tra sottosequenze; sono inoltre state registrate tutte le ambiguità a livello del terzo campo o a risoluzione più bassa, o a qualsiasi risoluzione ma relative ad alleli con livelli di espressione non standard.

3.1.2 Ambiguità a livello del primo, nel secondo e nel terzo campo

Linee guida per la refertazione: Riportare come ambiguo

Alleli ambigui		Influisce sull'espressione	Versione/i di IMGT/HLA interessata/e	Livello di ambiguità	Versione/i del saggio interessata/e
DPB1*13:01:01	DPB1*107:01	NO	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	1° campo	v1, v2.1
DPB1*105:01:01	DPB1*665:01	NO	v3.30.0_5 v3.31.0_5	1° campo	v1, v2.1
DQB1*06:01:01	DQB1*06:01:151	NO	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	3° campo	v1
DRB1*09:01:02	DRB1*09:31	NO	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	2° campo	v1, v2.1
DRB1*12:01:01	DRB1*12:10	NO	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	2° campo	v1, v2.1
DRB1*15:02:01	DRB1*15:140	NO	v3.29.0.1_5 v3.30.0_5 v3.31.0_5	2° campo	v1, v2.1

¹ L'ambiguità è risolta quando si utilizzano i primer DQB1 serie 1

3.1.3 Ambiguità relative all'espressione

Linee guida per la refertazione: Gli alleli con espressione bassa sono riportati a livello del 2° campo

I primi tre campi in comune nel gruppo di alleli	4° campo nel gruppo di alleli ambigui
A*02:01:01	01, 02L, 16
B*39:01:01	03, 02L, 05

3.1.4 Ambiguità Cis/Trans

Le ambiguità Cis/Trans (identificazioni di alleli ambigue, in cui coppie di alleli diverse si differenziano solo per la ricostruzione degli aplotipi Cis/Trans) possono avere diverse cause. La maggior parte di queste ambiguità è attribuita a limitazioni tecnologiche e del database IMGT/HLA.

3.2 Elenco delle limitazioni note per Omixon HLA Twin

3.3 Limitazioni note dell'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso

3.3.1 Introduzione

Tutte le limitazioni elencate in basso sono basate sulle osservazioni riportate dagli utenti di Holotype HLA o emerse durante la validazione interna e il test di regressione. Tenere presente che, prima della fine del 2018, queste osservazioni sono state tratte da oltre 100.000 campioni di kit Holotype HLA venduti in tutto il mondo.

3.3.2 Falsa scoperta identificata

Raramente, HLA Twin può riportare false scoperte all'utente finale. Va tenuto presente che la grande maggioranza di queste false scoperte può essere eliminata mediante l'ispezione manuale dei risultati di Omixon HLA Twin da parte di un utente esperto.

3.3.3 Nuove sequenze di inserzione e delezione lunghe non rilevate

Sono stati osservati due casi in cui le nuove sequenze di inserzione e delezione lunghe non sono state riportate da Omixon HLA Twin.

3.3.4 SNP doppio nuovo non riportato (Versione con correzione del problema: Omixon HLA Twin 2.5.1)

È stato osservato un singolo caso in cui due nuovi SNP consecutivi non sono stati riportati.

3.3.5 Errata ricostruzione degli aplotipi

Sono stati osservati alcuni casi di errata ricostruzione degli aplotipi nelle sequenze di consenso.

Identificazione dei casi di errata ricostruzione degli aplotipi nelle sequenze di consenso

È ipotizzabile una errata ricostruzione degli aplotipi Cis/Trans quando si osservano una o più delle seguenti caratteristiche:

- due nuovi alleli vengono riportati in una singola coppia con il migliore risultato;
- viene riportato un nuovo allele e un allele parzialmente definito;
- vengono riportati uno o due alleli rari;
- vengono riportate diverse nuove posizioni.

Se si ipotizza una errata ricostruzione degli aplotipi, l'utilizzatore deve controllare i risultati dell'algoritmo di genotipizzazione statistica.

3.3.6 Ambiguità Cis/Trans dovuta a ricostruzione degli aplotipi inefficace

In rari casi vengono riportate ambiguità nel secondo o nel terzo campo a causa di una ricostruzione degli aplotipi inefficace. In questi casi, si suggerisce una rianalisi dei loci interessati con un maggior numero di read.

3.3.7 Risultato errato del CQ riportato

Modalità di errore	Versione con correzione del problema	Versione/i del software interessata/e
I valori dello spot noise figure sono talvolta assegnati a posizioni del consenso scorrette	Twin 3.0.0	Twin 2.5.0, Twin 2.5.1

3.4 Limitazioni note dell’algoritmo di genotipizzazione statistica

3.4.1 Alcune sequenze di esoni non vengono determinate correttamente nelle analisi di soli esoni (Versione con correzione del problema: Omixon HLA Twin 3.1.0)

Modalità di errore	Versione con correzione del problema	Versione del software interessata
A causa di incongruenze nel database IMGT/HLA e nel suo metodo di gestione introdotto in Twin 3.1.0, alcune sequenze di regioni non sono state determinate correttamente nelle analisi di soli esoni.	Twin 3.1.0	Twin 3.0.0

4 Limitazioni note del prodotto per HLA-A

4.1 Limitazioni specifiche per Omixon HLA Twin

4.1.1 Limitazioni note dell’algoritmo di genotipizzazione statistica

Errori noti dell’algoritmo di genotipizzazione statistica

A causa della somiglianza delle sequenze di esoni di alcune coppie di alleli, in alcuni casi l’algoritmo di genotipizzazione statistica riporta alleli errati per i seguenti gruppi di alleli:

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

5 Limitazioni note del prodotto per HLA-B

5.1 Limitazioni specifiche di Holotype HLA

5.1.1 Alleli che possono risultare poco amplificati

Una bassa amplificazione significa che il conteggio di lettura generato per un allele non è sufficiente per la genotipizzazione. In casi estremi, l’allele può non essere riportato affatto (*dropout*).

Alleli a bassa amplificazione	Compensazione in HLA Twin	Risoluzione rilevabile
B*51:01:02	Sì	Sì

5.2 Limitazioni specifiche per Omixon HLA Twin

5.2.1 Limitazioni note dell’algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso

Risultato ambiguo attribuito alla perdita di consenso per uno degli alleli

Allele interessato	Altri alleli riportati
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 identificato scorrettamente

In casi rari, è possibile osservare errori nell'identificazione degli alleli appartenenti ai seguenti gruppi di alleli:

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

5.2.2 Limitazioni note dell'algoritmo di genotipizzazione statistica

HLA-B*44:02:01 e HLA-B*44:03:01 sono identificati scorrettamente per via della presenza di una sequenza di esoni identica in HLA-C

Risultato della genotipizzazione statistica	Risultato corretto
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 Limitazioni note del prodotto per HLA-C

6.1 Limitazioni specifiche per Omixon HLA Twin

6.1.1 Limitazioni note dell'algoritmo di genotipizzazione statistica

Errori comuni dell'algoritmo di genotipizzazione statistica

A causa della somiglianza delle sequenze di esoni di alcune coppie di alleli, in alcuni casi l'algoritmo di genotipizzazione statistica riporta alleli errati per i seguenti gruppi di alleli:

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

7 Limitazioni note del prodotto per HLA-DPB1

7.1 Limitazioni specifiche di Holotype HLA

7.1.1 Amplificazione bassa o non riuscita per HLA-DPB1 in DP-multiplex

Modalità di errore	Versione del saggio interessata
HLA-DPB1 mostra amplificazione bassa o non riuscita	Holotype HLA v1 – configurazione a 11 loci

7.1.2 Ambiguità Cis/Trans

Linee guida per la refertazione: Spetta al singolo laboratorio decidere se riportare l'ambiguità usando i gruppi G o le specifiche coppie di alleli ambigue.

Alleli ambigui		Causa dell'ambiguità	Differenza a livello del secondo campo
DPB1*02:01:02+ DPB1*04:02:01	DPB1*105:01+ DPB1*416:01	Sfasamento tra l'esone 2, l'introne 2 (se applicabile) e l'esone 3	Sì

Alleli ambigui		Causa dell'ambiguità	Differenza a livello del secondo campo
DPB1*03:01:01+ DPB1*04:02:01	DPB1*351:01 + DPB1*463:01	Sfasamento tra l'esone 2 e l'esone 3	Sì
DPB1*04:01:01+ DPB1*04:02:01	DPB1*105:01 / DPB1*665:01 + DPB1*126:01	Sfasamento tra l'esone 2 e l'esone 3	Sì
DPB1*04:01:01+ DPB1*13:01:01 (DPB1*107:01)	DPB1*133:01 + DPB1*350:01	Sfasamento tra l'esone 2 e l'esone 3	Sì
DPB1*04:01:01+ DPB1*14:01:01	DPB1*350:01+ DPB1*651:01	Sfasamento tra l'esone 2 e l'esone 3	Sì
DPB1*04:02:01+ DPB1*17:01:01	DPB1*105:01+ DPB1*460:01	Sfasamento tra l'esone 2, l'introne 2 (se applicabile) e l'esone 3	Sì
DPB1*04:01:01+ DPB1*463:01	DPB1*105:01+ DPB1*350:01	Sfasamento tra l'esone 2 e l'esone 3	Sì

7.2 Limitazioni specifiche per Omixon HLA Twin

7.2.1 Limitazioni note dell'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso

Ambiguità non riportata

Risultato identificato da Twin	Risultato corretto	Versione/i di IMGT/HLA interessata/e
DPB1*126:01+DPB1*665:01 DPB1*105:01+DPB1*126:01	DPB1*126:01+DPB1*665:01 DPB1*105:01+DPB1*126:01 DPB1*04:01+DPB1*04:02	v3.30.0_5, v3.31.0_5

8 Limitazioni note del prodotto per HLA-DQB1

8.1 Limitazioni specifiche di Holotype HLA

8.1.1 Alleli che possono risultare poco amplificati

Una bassa amplificazione significa che il conteggio di lettura generato per un allele non è sufficiente per la genotipizzazione. In alcuni casi, l'allele può non essere riportato affatto (*dropout*).

Alleli a bassa amplificazione	Compensazione in HLA Twin	Risoluzione rilevabile
DQB1*03	Sì	Sì ¹

¹ Suggerimento basato sul disequilibrio di associazione (LD) con DQA1

9 Limitazioni note del prodotto per HLA-DRB1

9.1 Limitazioni tecnologiche

È possibile osservare un moderato sbilanciamento allelico per gli alleli con sequenze significativamente più lunghe della media (ad es. per alcuni alleli HLA-DRB1*04). In casi rari, è possibile osservare uno sbilanciamento allelico elevato. In casi sporadici, è possibile che l'allele non venga riportato affatto (*dropout*).

9.2 Limitazioni specifiche di Holotype HLA

9.2.1 Amplificazione aspecifica

Modalità di errore	Possibili effetti	Versione/i del saggio interessata/e
In rari casi, è possibile osservare un amplicone aggiuntivo nella seconda metà del gene (dall'introne 4 fin nella regione 3'UTR).	Se l'amplicone specifico è presente solo per uno degli alleli, è possibile che vengano segnalati falsi abbinamenti errati per l'introne 4.	v1

9.2.2 Bassa amplificazione

In alcuni casi, è possibile osservare uno sbilanciamento allelico moderato o elevato per gli alleli HLA-DRB1*07. In casi rari, è possibile che l'allele non venga riportato affatto (*dropout*).

9.3 Limitazioni specifiche per Omixon HLA Twin

9.3.1 Limitazioni note dell'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso

Ambiguità relativa a HLA-DRB1*12:01 non rilevata

Risultato identificato da Twin	Risultato corretto	Versione/i di IMGT/HLA interessata/e
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 Limitazioni note dell'algoritmo di genotipizzazione statistica

Errori comuni dell'algoritmo di genotipizzazione statistica

A causa della somiglianza delle sequenze di esoni di alcune coppie di alleli, in alcuni casi l'algoritmo di genotipizzazione statistica riporta alleli errati o non riporta le ambiguità inerenti per i seguenti gruppi di alleli:

- 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 Limitazioni note del prodotto per HLA-DRB3

10.1 Limitazioni specifiche di Holotype HLA

10.1.1 Amplificazione aspecifica

Modalità di errore	Possibili effetti	Versione/ i del saggio interessata/e
In rari casi, è possibile osservare un amplicone aggiuntivo nella seconda metà del gene (dall'introne 4 fin nella regione 3'UTR).	Se l'amplicone specifico è presente solo per uno degli alleli, è possibile che vengano segnalati falsi abbinamenti errati per l'introne 4.	v1

11 Limitazioni note del prodotto per HLA-DRB4

11.1 Limitazioni specifiche di Holotype HLA

11.1.1 Alleli che possono risultare poco amplificati

Una bassa amplificazione significa che il conteggio di lettura generato per un allele non è sufficiente per la genotipizzazione. In casi estremi, l'allele può non essere riportato affatto (*dropout*). Una bassa amplificazione e il *dropout* dell'allele sono stati osservati frequentemente per HLA-DRB4*01:01. In casi rari, sono stati riportati *dropout* per gli alleli HLA-DRB4*01:03. In entrambi i casi, la presenza dell'allele viene suggerita da Omixon HLA Twin in base al disequilibrio di associazione.

11.1.2 Altre limitazioni correlate al saggio

Risultato falso positivo delle misurazioni della concentrazione per HLA-DRB4

È possibile osservare alte concentrazioni di ampliconi in alcuni campioni anche se:

- il soggetto non presenta una copia del gene HLA-DRB4 oppure
- il soggetto presenta una o due copie del gene HLA-DRB4, ma l'amplificazione non è andata a buon fine.

11.2 Limitazioni specifiche per Omixon HLA Twin

11.2.1 Limitazioni note dell'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso

L'ambiguità non è riportata

Risultato identificato da Twin	Risultato corretto
DRB4*01:02N	DRB4*01:02N/DRB4*01:03N
DRB4*01:01:01:01	DRB4*01:01:01:01/DRB4*01:03N