



Omixon Holotype HLA and Omixon HLA Twin

Limitações conhecidas do produto

Version 7
Published on 06/04/2019

1 Âmbito deste documento

O objetivo deste documento é fornecer uma lista abrangente de limitações de produto conhecidas para o Holotype HLA e o Omixon HLA Twin. A versão atual deste documento foi compilada utilizando as versões Holotype HLA 1, 2.1 e 3.0 e as versões Omixon HLA Twin 2.5.1 (CE&RUO), 3.0.0 (RUO), 3.1.0 (RUO), 3.1.1 (CE&RUO) e 3.1.3 (RUO) com versões IMGT/HLA 3.32.0_5, 3.32.0_7, 3.33.0_7, 3.34.0_8 e 3.35.0_8. Salvo especificação em contrário, as limitações listadas estão a afetar todas as versões de teste, software e base de dados, no âmbito deste documento.

Para obter uma perspectiva geral das versões e alterações anteriores deste documento, consulte a secção «Histórico de revisões e alterações».

2 Aspectos gerais das limitações conhecidas do produto

2.1 Limitações específicas do Holotype HLA

2.1.1 Ambiguidades específicas do Holotype HLA

Esta secção contém ambiguidades que são causadas pelo design de teste do Omixon Holotype HLA e pelas limitações tecnológicas de NGS (ou seja, a localização e sequência de locais de iniciadores e a distribuição de tamanho de fragmento produzida pelo método de seleção de tamanho utilizado no protocolo). Essas ambiguidades não são solucionáveis e apresentam-se em todas as versões do software.

Foi criado um alinhamento de sequência múltipla para cada locus, incluindo todas as sequências de alelos e as sequências de iniciador Holotype. Em seguida, este alinhamento foi cortado para a região alvo (isto é, foram cortados os locais de iniciadores e qualquer posição fora dos locais de iniciadores). As sequências resultantes foram então verificadas relativamente a duplicados exatos e a relações de subsequência, tendo sido recolhidas todas as ambiguidades de campo três ou resolução mais baixa ou em qualquer resolução, porém afetando alelos com níveis de expressão não padronizados.

2.1.2 Ambiguidades de primeiro, segundo e terceiro campos

Diretrizes para comunicação: indicar como ambíguo

Ambiguidades que afetam todas as versões de Holotype HLA

Alelos ambíguos		Versões IMGT/HLA afetadas	Nível de ambiguidade
DPB1*13:01:01	DPB1*107:01	Todas ¹	1º campo
DPB1*105:01:01	DPB1*665:01	Todas ¹	1º campo
DPB1*584:01:01	DPB1*584:01:02	v3.35.0_8	3º campo
DRB1*03:01:01	DRB1*03:147	v3.34.0_8 v3.35.0_8	2º campo
DRB1*09:01:02	DRB1*09:31	Todas ¹	2º campo
DRB1*09:21	DRB1*09:31	Todas ¹	2º campo
DRB1*12:01:01	DRB1*12:10	Todas ¹	2º campo



Alelos ambíguos		Versões IMGT/HLA afetadas	Nível de ambiguidade
DRB1*15:02:01	DRB1*15:140/ DRB1*15:149	Todas ¹	2º campo/ 2º campo

¹ Todas: São afetadas todas as versões de base de dados no âmbito deste documento

Ambiguidades que afetam apenas os Holotype HLA v1

Estas ambiguidades podem ser resolvidas quando são utilizados iniciadores DQB1 série 1.

Alelos ambíguos		Versões IMGT/HLA afetadas	Nível de ambiguidade
DQB1*02:02:01	DQB1*02:02:06	v3.34.0_8 v3.35.0_8	3º campo
DQB1*03:01:01	DQB1*03:297/ DQB1*03:01:41	v3.33.0_7 v3.34.0_8 v3.35.0_8	2º campo/ 3º campo
DQB1*03:01:01	DQB1*03:01:43	v3.35.0_8	3º campo
DQB1*03:02:01	DQB1*03:289	v3.34.0_8 v3.35.0_8	2º campo
DQB1*06:01:01	DQB1*06:01:15	Todas ¹	3º campo

¹ Todas: São afetadas todas as versões de base de dados no âmbito deste documento

2.1.3 Ambiguidades que afetam a expressão

Diretrizes para comunicação: Os alelos de baixa expressão são comunicados como resultado de 2.º campo

Grupos de alelos ambíguos

- HLA-A*02:01:01:01/**02:01:01:02L**/02:01:01:16/02:01:01:50
- HLA-B*39:01:01:03/**39:01:01:02L**/39:01:01:05/39:01:01:09
- HLA-DQB1*03:01:01:01/03:01:01:10/03:01:01:20/03:01:01:41/03:01:43/**03:276N¹**

¹ A ambiguidade está presente em IMGT/HLA 3.32.0_5 com versões de ensaio v2 e v3, porém não afeta as bases de dados IMGT/HLA v3.33.0 e versões superiores. O Holotype HLA v1 é afetado por todas as versões de bases de dados superiores a 3.31.0.

2.1.4 Ambiguidades Cis/Trans

As ambiguidades Cis/Trans (ou seja, obtenção de alelos ambíguos em que os diferentes pares de alelos apenas diferem na fase Cis/Trans) podem ter várias causas principais. A maioria destas ambiguidades são comunicadas devido a limitações da tecnologia e da base de dados IMGT/HLA.

Diretrizes para comunicação: Fica ao critério de cada laboratório a comunicação da ambiguidade, utilizando os grupos G ou a indicação dos pares de alelos específicos que são ambíguos.

2.2 Lista de limitações conhecidas para o Omixon HLA Twin



2.2.1 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem consensual

Introdução

Todas as limitações listadas abaixo foram baseadas em observações comunicadas pelos clientes do Holotype HLA ou efetuadas durante a validação interna e o teste de regressão. Ter em atenção que, antes do final de 2018, estas observações foram efetuadas a partir de quase 100.000 amostras de kits Holotype HLA, vendidos em todo o mundo.

Novidades incorretas obtidas

Raramente, o HLA Twin pode comunicar novidades incorretas ao utilizador final. Ter em atenção que a grande maioria destas novidades incorretas podem ser eliminadas por verificação manual dos resultados no Omixon HLA Twin por um utilizador devidamente formado para o efeito.

2.2.2 A ambiguidade não é comunicada para alelos novos

Por predefinição, apenas é comunicado um alelo novo simples através do algoritmo de genotipagem consensual. Em casos bastante raros, é possível identificar vários alelos novos igualmente prováveis, porém apenas uma destas opções é obtida através do algoritmo.

Novidades de indels perdidos

Em casos extremamente raros, inserções ou eliminações de novidades não são comunicadas pelo Omixon HLA Twin.

Faseamento incorreto

Em casos raros, as sequências de consenso foram faseadas incorretamente.

Identificação de sequências de consenso faseadas incorretamente

Pode suspeitar-se de faseamento Cis/Trans incorreto se uma ou mais das seguintes características forem observadas:

- Dois alelos novos forem comunicados dentro de um único par de melhor correspondência.
- Se for comunicado um alelo novo e um alelo parcialmente definido.
- Se forem comunicados um ou dois alelos raros.
- Se existirem várias posições novas.

Se houver suspeita de faseamentos incorretos, o utilizador é aconselhado a verificar os resultados do algoritmo de genotipagem estatística.

Ambiguidade Cis/Trans devido a faseamento ineficiente

Em alguns casos raros, são comunicadas ambiguidades de segundo ou terceiro nível de campo devido a faseamentos ineficazes. Nestes casos, sugere-se nova análise dos loci afetados com mais leituras.

Comunicado resultado CQ incorreto



Modo de falha	Versão corrigida	Versões de software afetadas
Os valores da relação de ruído local são atribuídos a posições de consenso incorretas	Twin 3.0.0	Twin 2.5.1

2.2.3 Nenhum resultado comunicado apesar da geração de consenso bem sucedida (Versão corrigida: Omixon HLA Twin 3.1.1)

Modo de falha	Versão corrigida	Versões de software afetadas
Em alguns casos raros, não foi comunicada obtenção de alelos, apesar de ter sido gerada com sucesso uma sequência de consenso	Twin 3.1.1	Twin 2.5.1 Twin 3.0.0 Twin 3.1.0

2.2.4 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem estatístico

Algumas sequências de exões determinadas incorretamente em análises apenas de exões (versão corrigida: Omixon HLA Twin 3.1.0)

Modo de falha	Versão corrigida	Versão de software afetada
Devido a algumas inconsistências na base de dados IMGT/HLA e no método de tratamento de base de dados IMGT/HLA introduzido no Twin 3.1.0, algumas sequências de regiões foram determinadas incorretamente para análises apenas de exões.	Twin 3.1.0	Twin 3.0.0

3 Limitações conhecidas do produto para o HLA-A

3.1 Limitações específicas do Omixon HLA Twin

3.1.1 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem estatístico

Estimativas incorretas conhecidas do algoritmo de genotipagem estatístico

Devido à similaridade das sequências de exões de alguns pares de alelos, o algoritmo de genotipagem estatístico comunica alelos incorretos em alguns casos para os seguintes grupos de alelos:

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

4 Limitações conhecidas do produto para o HLA-B

4.1 Limitações específicas do Holotype HLA

4.1.1 Alelos que podem apresentar amplificação baixa

A amplificação baixa significa que a contagem gerada para um alelo não é suficiente para genotipagem. Em casos extremos, os alelos poderão nem chegar a ser comunicados (abandonados).

Alelos de amplificação baixa	Compensação no HLA Twin	Resolução de detecção
B*51:01:02	SIM	SIM

4.2 Limitações específicas do Omixon HLA Twin

4.2.1 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem consensual

Sequência de consenso incorreta devido a detecção de mapeamento cruzado ineficaz

- Em alguns casos raros, foram comunicados resultados ambíguos devido a perda parcial de consenso no início do consenso.
- Raramente, foram comunicadas novidades falsas devido a uma sequência de consenso incorreta no início do consenso.



HLA-B*15:01 obtido incorretamente

Em alguns casos raros, podem ser estimados incorretamente os alelos que pertencem ao seguinte grupo de alelos, e a informação relativa a aminoácidos pode estar incorreta devido a inconsistências na base de dados:

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

4.2.2 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem estatístico

Alguns alelos HLA-B são obtidos incorretamente devido à presença de uma sequência exônica idêntica em HLA-C

Um grupo de alelos HLA-B (vários alelos HLA-B*44 e HLA-B*47:04) possui uma sequência exônica 2 idêntica a HLA-C*16:85. Devido a esta semelhança, estes alelos podem ser obtidos incorretamente pelo algoritmo de genotipagem estatístico.

5 Limitações conhecidas do produto para HLA-C

5.1 Limitações específicas do Omixon HLA Twin

5.1.1 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem estatístico

Estimativas incorretas comuns do algoritmo de genotipagem estatístico

Devido à similaridade das sequências de exões de alguns pares de alelos, o algoritmo de genotipagem estatístico comunica alelos incorretos em alguns casos para os seguintes grupos de alelos:

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

6 Limitações conhecidas do produto para HLA-DPB1

6.1 Limitações específicas do Holotype HLA

6.1.1 Amplificação baixa ou falhada para HLA-DPB1 no DP-multiplex

Modo de falha	Versão de teste afetada
Em alguns casos, o HLA-DPB1 apresenta amplificação baixa ou falha ao amplificar	Holotype HLA v1 – configuração locus 11

6.2 Limitações específicas do Omixon HLA Twin

6.2.1 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem consensual

Ambiguidade não comunicada

Em alguns casos raros, não são comunicadas as ambiguidades cis/trans de nível de grupo G.

7 Limitações conhecidas do produto para HLA-DQB1

7.1 Limitações específicas do Holotype HLA

7.1.1 Alelos que podem apresentar amplificação baixa

A amplificação baixa significa que a contagem gerada para um alelo não é suficiente para genotipagem. Em alguns casos, os alelos poderão nem chegar a ser comunicados (abandonados).

Alelos de amplificação baixa	Compensação no HLA Twin	Resolução de detecção
DQB1*03	SIM	SIM ¹

¹ Sugestão baseada no desequilíbrio de ligação (LD) com DQA1

7.1.2 Alelos que não são amplificados

DQB1*03:276N – devido a eliminação longa abrangendo o local iniciador de amplificação 5', este alelo não está amplificado.

7.1.3 Amplificação baixa para iniciadores Holotype HLA v1 conjunto 1

Em alguns casos, o amplicon produzido pelos iniciadores Holotype HLA v1 conjunto 1 apresenta amplificação baixa.

8 Limitações conhecidas do produto para HLA-DRB1

8.1 Limitações tecnológicas

É possível observar um desequilíbrio alélico moderado para alelos com sequências significativamente mais longas do que a média (por exemplo, alguns alelos HLA-DRB1*04). Em alguns casos raros, pode ser observado um desequilíbrio alélico elevado. Esporadicamente, podem esperar-se alelos abandonados.

8.2 Limitações específicas do Holotype HLA

8.2.1 Amplificação não específica

Modo de falha	Efeitos possíveis	Versões de teste afetadas
Em alguns casos raros, é possível observar um amplicon adicional na segunda metade do gene (desde o intrão 4 através de 3'UTR).	Caso o amplicon não específico se encontre presente apenas num dos alelos, podem ser comunicadas incompatibilidades falsas para o intrão 4.	v1

8.2.2 Amplificação baixa

Em alguns casos, pode ser observado um desequilíbrio alélico moderado a elevado para alelos HLA-DRB1*07. Muito raramente, podem esperar-se alelos abandonados.

8.3 Limitações específicas do Omixon HLA Twin

8.3.1 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem consensual

A ambiguidade HLA-DRB1*12:01 falta em alguns casos

Resultado obtido por Twin	Resultado correto
DRB1*12:10	DRB1*12:10/ DRB1*12:01:01

8.3.2 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem estatístico

Estimativas incorretas comuns do algoritmo de genotipagem estatístico

Devido à similaridade das sequências de exões de alguns pares de alelos, o algoritmo de genotipagem estatístico comunica alelos incorretos ou não comunica ambiguidades inerentes em alguns casos para os seguintes grupos de alelos:

- DRB1*04:07:01/DRB1*04:92
- DRB1*08:01:01/DRB1*08:77
- DRB1*09:01:02/DRB1*09:31/DRB1*09:21
- DRB1*15:02:01/DRB1*15:140

9 Limitações conhecidas do produto para HLA-DRB3

9.1 Limitações específicas do Holotype HLA

9.1.1 Amplificação não específica

Modo de falha	Efeitos possíveis	Versões de teste afetadas
Em alguns casos raros, é possível observar um amplicon adicional na segunda metade do gene (desde o intrão 4 através de 3'UTR).	Caso o amplicon não específico se encontre presente apenas num dos alelos, podem ser comunicadas incompatibilidades falsas para o intrão 4.	v1

10 Limitações conhecidas do produto para HLA-DRB4

10.1 Limitações específicas do Holotype HLA

10.1.1 Alelos que podem apresentar amplificação baixa

A amplificação baixa significa que a contagem gerada para um alelo não é suficiente para genotipagem. Em casos extremos, os alelos poderão nem chegar a ser comunicados (abandonados). Têm sido observados frequentemente amplificação baixa e alelos abandonados para HLA-DRB4*01:01. Em casos raros, foram comunicados alelos abandonados para alelos HLA-DRB4*01:03. Em ambos os casos, a presença do alelo é sugerida com base no desequilíbrio de ligação do Omixon HLA Twin.



10.1.2 Limitações associadas a outro teste

Medições de concentração falsa positiva para HLA-DRB4

Podem ser observadas concentrações elevadas de amplicon em algumas amostras, apesar de:

- o indivíduo não possuir cópia do gene HLA-DRB4 ou
- o indivíduo possuir efetivamente uma ou duas cópias do gene HLA-DRB4, porém a amplificação não ter sido bem sucedida.

10.2 Limitações específicas do Omixon HLA Twin

10.2.1 Limitações conhecidas do algoritmo de genotipagem consensual

A ambiguidade não é comunicada

Resultado obtido por Twin	Resultado correto
DRB4*01:02N	DRB4*01:02N/DRB4*01:03N
DRB4*01:01:01:01	DRB4*01:01:01:01/DRB4*01:03N

11 Histórico de revisões e alterações

Versão	Data de aprovação	Autor	Resumo de alterações	Aprovado por
v1	05-jul-2017	Krisztina Rigó	Limitações algorítmicas recolhidas. Documento combinado com documento de limitações específicas do Holotype HLA.	Efithymia Melista, Zoltán Simon, Peter Meintjes, Gabriella Adlovits
v2	31-jan-2018	Krisztina Rigó	As limitações associadas à base de dados IMGT/HLA foram atualizadas, para corresponder à IMGT/HLA v3.28.0 e v3.29.0.1. A secção de limitação de software foi expandida para corresponder às seguintes versões de software: Twin 2.1.3, Twin 2.1.4 e Twin 2.5.0.	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v3	04-jul-2018	Krisztina Rigó	Foram adicionados casos associados a faseamentos adicionais. Foi adicionado um guia breve para identificar faseamentos incorretos. As limitações associadas à base de dados IMGT/HLA foram atualizadas, para corresponder à IMGT/HLA v3.30.0. A secção de limitação de software foi expandida para corresponder às seguintes versões de software: Twin 2.5.1 e Twin 3.0.0.	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v4	19-out-2018	Krisztina Rigó	As limitações associadas à base de dados IMGT/HLA foram atualizadas, para corresponder à IMGT/HLA v3.31.0. A secção de limitação de software foi expandida para corresponder às seguintes versões de software: Twin 3.1.0 e Twin 3.1.1. Foram removidas as informações relacionadas com o software e com as versões IMGT/HLA anteriores a 12+1 meses. Versões afetadas: Omixon HLA Twin 2.1.3 e 2.1.4, IMGT/HLA 3.28.0_4. Foram removidos exemplos específicos para questões em que não foi possível comprovar a especificidade do alelo. Foram adicionadas limitações adicionais para o algoritmo de genotipagem estatístico	Márton Pogány, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits

Versão	Data de aprovação	Autor	Resumo de alterações	Aprovado por
v5	14-jan-2019	Krisztina Rigó	<p>As limitações associadas à base de dados IMGT/HLA foram atualizadas, para corresponder à IMGT/HLA v3.32.0.</p> <p>Foram removidas as informações relacionadas com as versões IMGT/HLA anteriores a 12+1 meses. Versão afetada: IMGT/HLA 3.29.0.1_5.</p> <p>As secções de limitação de teste foram expandidas com a seguinte versão de teste: Holotype HLA v3.0.</p> <p>A formatação foi alterada na secção «Ambiguidades que afetam a expressão», tendo sido adicionado um caso novo.</p> <p>Foi adicionado um caso adicional à secção HLA-DPB1 «Ambiguidades Cis/Trans».</p> <p>Foram adicionadas alterações e atualizações menos importantes.</p>	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v6	26-mar-2019	Krisztina Rigó	<p>As limitações associadas à base de dados IMGT/HLA foram atualizadas, para corresponder à IMGT/HLA 3.32.0_7, 3.33.0_7 e 3.34.0_8.</p> <p>A secção de limitação de software foi expandida para corresponder à seguinte versão de software: Twin 3.1.3.</p> <p>Foram removidas as informações relacionadas com o software e com as versões IMGT/HLA anteriores a 12+1 meses. Versões afetadas: Omixon HLA Twin 2.5.0, IMGT/HLA 3.30.0_5 e 3.31.0_5.</p> <p>Foram corrigidas e atualizadas as versões do produto afetadas pela ambiguidade DQB1*03:276N.</p> <p>Foram removidos exemplos específicos da secção de ambiguidades Cis/Trans HLA-DPB1.</p> <p>Foram adicionadas alterações e atualizações menos importantes.</p>	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v7	26-abr-2019	Krisztina Rigó	<p>As limitações associadas à base de dados IMGT/HLA foram atualizadas, para corresponder à IMGT/HLA 3.35.0_8.</p> <p>Foi atualizada uma limitação do algoritmo de genotipagem estatístico, provocada por sequências de região idêntica em loci diferentes.</p> <p>Foi atualizada uma limitação do algoritmo de genotipagem consensual associada aos indels novos.</p> <p>A secção «Ambiguidades de primeiro, segundo e terceiro campos» foi reestruturada.</p>	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits