



Omixon Holotype HLA and Omixon HLA Twin

Limitările cunoscute ale produsului

Version 7

Published on 06/04/2019

1 Sfera de aplicabilitate a acestui document

Scopul acestui document este de a furniza o listă completă a limitărilor cunoscute ale produselor pentru Holotype HLA și Omixon HLA Twin. Versiunea curentă a acestui document a fost compilată utilizându-se Holotype HLA, versiunile 1, 2.1 și 3.0 și Omixon HLA Twin, versiunile 2.5.1 (CE&RUO), 3.0.0 (RUO), 3.1.0 (RUO), 3.1.1 (CE&RUO) și 3.1.3 (RUO), cu versiunile IMGT/HLA 3.32.0_5, 3.32.0_7, 3.33.0_7, 3.34.0_8 și 3.35.0_8. Cu excepția cazurilor în care se specifică altceva, limitările enumerate afectează toate versiunile de teste, software și baze de date incluse în sfera de aplicabilitate a prezentului document.

Pentru o prezentare generală a versiunilor anterioare și a modificărilor acestui document, consultați secțiunea „Istoricul reviziilor și modificărilor”.

2 Prezentare generală a limitărilor cunoscute ale produsului

2.1 Limitările specifice Holotype HLA

2.1.1 Ambiguitățile specifice Holotype HLA

Această secțiune conține ambiguități cauzate de designul testului Omixon Holotype HLA și de limitările tehnologice ale NGS (adică amplasamentul și secvența situsurilor pentru primer și distribuția dimensiunilor fragmentelor, generată de metoda de selectare a dimensiunilor care se utilizează în cadrul protocolului). Aceste ambiguități nu pot fi soluționate și există în toate versiunile software-ului.

S-a creat o aliniere cu secvențe multiple pentru fiecare locus care conține toate secvențele de alele și secvențele de primer Holotype. Apoi s-au îndepărtat porțiuni din aliniere, aceasta acoperind doar regiunea vizată (adică s-au îndepărtat situsurile pentru primer și orice poziție care se află în afara situsurilor pentru primer). Secvențele rezultate au fost verificate pentru a se identifica duplicatele exacte și relațiile subsecvențe și s-au înregistrat toate ambiguitățile cu rezoluții pe trei câmpuri sau mai scăzute sau cu orice rezoluție, dar care afectau alelele cu nivele de expresie non-standard.

2.1.2 Ambiguități pentru primul, al doilea și al treilea câmp

Linii directe cu privire la raportare: Raportează ca prezentând ambiguități

Ambiguități care afectează toate versiunile Holotype HLA

Alele cu ambiguități		Versiune(i) IMGT/HLA afectată(e)	Nivel de ambiguitate
DPB1*13:01:01	DPB1*107:01	Toate ¹	Primul câmp
DPB1*105:01:01	DPB1*665:01	Toate ¹	Primul câmp
DPB1*584:01:01	DPB1*584:01:02	v3.35.0_8	Al treilea câmp
DRB1*03:01:01	DRB1*03:147	v3.34.0_8 v3.35.0_8	Al doilea câmp
DRB1*09:01:02	DRB1*09:31	Toate ¹	Al doilea câmp
DRB1*09:21	DRB1*09:31	Toate ¹	Al doilea câmp
DRB1*12:01:01	DRB1*12:10	Toate ¹	Al doilea câmp

Alele cu ambiguități		Versiune(i) IMGT/HLA afectată(e)	Nivel de ambiguitate
DRB1*15:02:01	DRB1*15:140/ DRB1*15:149	Toate ¹	Al doilea câmp/ al doilea câmp

¹ Toate: Toate versiunile bazei de date incluse în sfera de aplicabilitate a acestui document sunt afectate.

Ambiguități care afectează exclusiv v1 a Holotype HLA

Aceste ambiguități pot fi eliminate când se utilizează primeri din setul 1 DQB1.

Alele cu ambiguități		Versiune(i) IMGT/HLA afectată(e)	Nivel de ambiguitate
DQB1*02:02:01	DQB1*02:02:06	v3.34.0_8 v3.35.0_8	Al treilea câmp
DQB1*03:01:01	DQB1*03:297/ DQB1*03:01:41	v3.33.0_7 v3.34.0_8 v3.35.0_8	Al doilea câmp/ al treilea câmp
DQB1*03:01:01	DQB1*03:01:43	v3.35.0_8	Al treilea câmp
DQB1*03:02:01	DQB1*03:289	v3.34.0_8 v3.35.0_8	Al doilea câmp
DQB1*06:01:01	DQB1*06:01:15	Toate ¹	Al treilea câmp

¹ Toate: Toate versiunile bazei de date incluse în sfera de aplicabilitate a acestui document sunt afectate.

2.1.3 Ambiguități care afectează expresia

Linii directe cu privire la raportare: Alelele cu expresie scăzută sunt raportate ca rezultate aferente câmpului 2

Grupuri de alele cu ambiguități

- 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 Ambiguitatea este prezentă în cazul testului IMGT/HLA 3.32.0_5, versiunile v2 și v3, dar nu afectează bazele de date IMGT/HLA v3.33.0 și versiunile ulterioare. Holotype HLA v1 este afectat, pentru toate versiunile bazei de date mai recente decât versiunea 3.31.0.

2.1.4 Ambiguități cis/trans

Ambiguitățile cis/trans (adică alele cu ambiguități în care perechile diferite de alele se diferențiază numai în faza cis/trans) pot avea mai multe cauze. Majoritatea acestor ambiguități sunt raportate din cauza limitărilor tehnologiei și din cauza bazei de date IMGT/HLA.

Linii directe cu privire la raportare: Laboratoarele trebuie să aleagă fie raportarea ambiguității cu ajutorul grupurilor G, fie raportarea perechilor specifice de alele care sunt ambigue.

2.2 Lista limitărilor cunoscute pentru Omixon HLA Twin

2.2.1 Limitările cunoscute ale Algoritmului de genotipare a consensului

Introducere

Toate limitările indicate mai jos au la bază observațiile raportate de clienții Holotype HLA sau observațiile efectuate în cursul procesului de validare internă și în cursul testelor de regresie. Rețineți că înainte de sfârșitul anului 2018, aceste observații au fost rezultatul probelor efectuate pe aproape 100.000 de eșantioane de kituri Holotype HLA vândute în întreaga lume.

Noi expresii false identificate

În cazuri rare, există posibilitatea ca HLA Twin să raporteze noi expresii false către utilizatorul final. Rețineți că marea majoritate a acestor noi expresii false poate fi eliminată printr-o inspecție manuală a rezultatelor obținute prin intermediul Omixon HLA Twin, efectuată de un utilizator instruit corespunzător.

2.2.2 Ambiguitatea nu este raportată pentru alele noi

Din motive legate de design, o singură alelă nouă este raportată de algoritmul de genotipare a consensului. În situații foarte rare pot fi identificate alele noi multiple cu probabilitate egală, dar numai una dintre aceste opțiuni este identificată de algoritm.

Indels (inserțiile/delețiile) pentru expresia nouă nu au fost identificate

În cazuri extrem de rare, inserțiile sau delețiile expresiei noi nu sunt raportate de Omixon HLA Twin.

Fază incorectă

În cazuri rare, faza secvențelor consens a fost incorectă.

Identificarea secvențelor consens cu fază incorectă

Fazele cis/trans incorecte pot fi suspectate dacă se observă una sau mai multe dintre caracteristicile de mai jos:

- Două alele noi sunt raportate în cadrul aceleiași perechi de potriviri.
- Se raportează o alelă nouă și o alelă parțial definită.
- Se raportează una sau două alele rare.
- Există mai multe poziții noi.

Dacă se suspectează existența fazei incorecte, se recomandă ca utilizatorul să inspecteze rezultatele algoritmului de genotipare statistică.

Ambiguitate cis/trans cauzată de faza ineficientă

În anumite cazuri rare sunt raportate ambiguități pentru al doilea și al treilea câmp, din cauza fazei ineficiente. În aceste cazuri, se recomandă efectuarea din nou a analizei locusurilor afectate, cu efectuarea mai multor citiri.

Rezultat CC incorect raportat

Mod eroare	Versiune care include remediarea	Versiune(i) software afectată(e)
Valorile aferente ratei perturbațiilor sunt asociate unor poziții consens incorecte	Twin 3.0.0	Twin 2.5.1



2.2.3 Nu s-a raportat niciun rezultat, deși consensul a fost generat cu succes (Versiune care include remediarea: Omixon HLA Twin 3.1.1)

Mod eroare	Versiune care include remediarea	Versiune(i) software afectată(e)
În anumite cazuri rare nu s-a raportat nicio alelă, deși o secvență consens fusese generată cu succes	Twin 3.1.1	Twin 2.5.1 Twin 3.0.0 Twin 3.1.0

2.2.4 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare statistică

Anumite secvențe exonice determinate incorect în analize efectuate exclusiv pe exoni (Versiune care include remedierea: Omixon HLA Twin 3.1.0)

Mod eroare	Versiune care include remedierea	Versiune software afectată
Din cauza unor neconcordanțe la nivelul bazei de date IMGT/HLA și a metodei de gestionare a bazei de date IMGT/HLA care a fost introdusă de Twin 3.1.0, anumite secvențe ale regiunii au fost determinate incorect pentru analize efectuate exclusiv pe exoni.	Twin 3.1.0	Twin 3.0.0

3 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-A

3.1 Limitările specifice Omixon HLA Twin

3.1.1 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare statistică

Identificări eronate cunoscute ale algoritmului de genotipare statistică

Din cauza similarității secvențelor exonice ale anumitor perechi de alele, algoritmul de genotipare statistică raportează alele incorecte în anumite cazuri, pentru următoarele grupuri de alele:

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

4 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-B

4.1 Limitările specifice Holotype HLA

4.1.1 Alele pentru care este posibil să se afișeze o amplificare redusă

Amplificarea redusă înseamnă că numărul de citiri generat pentru o alelă nu este suficient pentru genotipare. În cazuri extreme, este posibil ca alela să nu fie raportată deloc (dropout).

Alele cu amplificare redusă	Compensare în HLA Twin	Rezoluție detectare
B*51:01:02	DA	DA

4.2 Limitările specifice Omixon HLA Twin

4.2.1 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare a consensului

Secvențe consens incorecte din cauza detecției ineficiente pentru cross-mapping (corelare)

- În anumite cazuri rare au fost raportate rezultate ambigue, din cauza pierderii parțiale a consensului la începutul acestuia.
- S-au raportat, în situații rare, noi expresii false din cauza unei secvențe consens incorecte în apropierea începutului consensului.

Identificare greșită HLA-B*15:01

În situații rare, alelele care fac parte din grupul de alele de mai jos pot fi identificate eronat, iar informația cu privire la aminoacid poate fi incorectă din cauza unor neconcordanțe din baza de date:

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

4.2.2 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare statistică

Unele alele HLA-B sunt identificate greșit din cauza prezenței unei secvențe exonice identice la nivelul HLA-C

Un grup de alele HLA-B alele (mai multe alele HLA-B*44 și HLA-B*47:04) au o secvență exonică 2 identică cu HLA-C*16:85. Din cauza acestei similarități, există posibilitatea identificării eronate a acestor alele de către algoritmul de genotipare statistică.

5 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-C

5.1 Limitările specifice Omixon HLA Twin

5.1.1 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare statistică

Identificări eronate comune ale algoritmului de genotipare statistică

Din cauza similarității secvențelor exonice ale anumitor perechi de alele, algoritmul de genotipare statistică raportează alele incorecte în anumite cazuri, pentru următoarele grupuri de alele:

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

6 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-DPB1

6.1 Limitările specifice Holotype HLA

6.1.1 Amplificare redusă sau nereușită pentru HLA-DPB1 în DP-multiplex

Mod eroare	Versiunea testelor afectate
În anumite cazuri, HLA-DPB1 este caracterizată de amplificare redusă sau nu se amplifică	Holotype HLA v1 – configurație cu 11 locusuri

6.2 Limitările specifice Omixon HLA Twin

6.2.1 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare a consensului

Ambiguitatea nu este raportată

În situații rare, ambiguitățile cis/trans de nivel de grup G nu sunt raportate.

7 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-DQB1

7.1 Limitările specifice Holotype HLA

7.1.1 Alele pentru care este posibil să se afișeze o amplificare redusă

Amplificarea redusă înseamnă că numărul de citiri generat pentru o alelă nu este suficient pentru genotipare. În anumite cazuri, este posibil ca alela să nu fie raportată deloc (dropout).

Alele cu amplificare redusă	Compensare în HLA Twin	Rezoluție detectare
DQB1*03	DA	DA ¹

¹ Sugestie bazată pe dezechilibrele de la nivelul înlănțuirii (LD) cu DQA1

7.1.2 Alele care nu sunt amplificate

DQB1*03:276N – din cauza unei deleții lungi care acoperă situsul pentru primer de amplificare 5', această alelă nu este amplificată.

7.1.3 Amplificare redusă pentru primerii din setul 1 ai Holotype HLA v1

În anumite cazuri, ampliconul generat de primerii din setul 1 ai Holotype HLA v1 este caracterizat de amplificare redusă.

8 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-DRB1

8.1 Limitări tehnologice

Se pot observa dezechilibre moderate ale alelelor în cazul alelelor cu secvențe semnificativ mai lungi față de medie (de exemplu, anumite alele HLA-DRB1*04). În situații rare, se pot observa dezechilibre semnificative ale alelelor. Se preconizează existența sporadică a situațiilor în care alelele nu sunt raportate deloc (dropouts).

8.2 Limitările specifice Holotype HLA

8.2.1 Amplificare nespecifică

Mod eroare	Efecte posibile	Versiuni ale testelor afectate
În anumite cazuri rare, se poate observa prezența unui amplicon suplimentar în a doua jumătate a genei (de la intronul 4 și până la 3'UTR inclusiv).	Dacă ampliconul nespecific este prezent numai pentru una dintre alele, este posibil să se raporteze neconcordanțe false pentru intronul 4.	v1

8.2.2 Amplificare redusă

În anumite situații se pot observa dezechilibre moderate spre semnificative ale alelelor pentru alelele HLA-DRB1*07. Se preconizează existența, în situații foarte rare, a situațiilor în care alelele nu sunt raportate deloc (dropouts).

8.3 Limitările specifice Omixon HLA Twin

8.3.1 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare a consensului

Ambiguitatea HLA-DRB1*12:01 nu este identificată în anumite cazuri

Rezultat identificat de Twin	Rezultatul corect
DRB1*12:10	DRB1*12:10/ DRB1*12:01:01

8.3.2 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare statistică

Identificări eronate comune ale algoritmului de genotipare statistică

Din cauza similarității secvențelor exonice ale anumitor perechi de alele, algoritmul de genotipare statistică raportează alele incorecte sau nu raportează ambiguități inerente, în anumite cazuri, pentru următoarele grupuri de alele:

- 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 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-DRB3

9.1 Limitările specifice Holotype HLA

9.1.1 Amplificare nespecifică

Mod eroare	Efecte posibile	Versiuni ale testelor afectate
În anumite cazuri rare, se poate observa prezența unui amplicon suplimentar în a doua jumătate a genei (de la intronul 4 și până la 3'UTR inclusiv).	Dacă ampliconul nespecific este prezent numai pentru una dintre alele, este posibil să se raporteze neconcordanțe false pentru intronul 4.	v1

10 Limitările cunoscute ale produsului pentru HLA-DRB4

10.1 Limitările specifice Holotype HLA

10.1.1 Alele pentru care este posibil să se afișeze o amplificare redusă

Amplificarea redusă înseamnă că numărul de citiri generat pentru o alelă nu este suficient pentru genotipare. În cazuri extreme, este posibil ca alela să nu fie raportată deloc (dropout). S-au observat frecvent, pentru HLA-DRB4*01:01, cazuri de amplificare redusă și de neraportare a alelelor. În cazuri rare, au existat situații de neraportare a alelelor pentru alelele HLA-DRB4*01:03. În ambele cazuri, prezența alelei este sugerată de dezechilibrul la nivelul înlănțuirii indicat de Omixon HLA Twin.



10.1.2 Alte limitări legate de test

Măsurători ale concentrației cu rezultate fals pozitive pentru HLA-DRB4

S-au observat concentrații ridicate de ampliconi pentru anumite probe, chiar dacă:

- individul nu prezenta o copie a genei HLA-DRB4 sau
- individul prezenta una sau două copii ale genei HLA-DRB4, dar amplificarea nu s-a realizat cu succes.

10.2 Limitările specifice Omixon HLA Twin

10.2.1 Limitările cunoscute ale algoritmului de genotipare a consensului

Ambiguitatea nu este raportată

Rezultat identificat de Twin	Rezultatul corect
DRB4*01:02N	DRB4*01:02N/DRB4*01:03N
DRB4*01:01:01:01	DRB4*01:01:01:01/DRB4*01:03N

11 Istoricul reviziilor și modificărilor

Versiunea	Data aprobării	Autorul	Rezumatul modificărilor	Aprobat de
v1	5 iulie 2017	Krisztina Rigó	Limitări algoritmice colectate. Document fuzionat cu documentul privind limitările specifice Holotype HLA.	Efithymia Melista, Zoltán Simon, Peter Meintjes, Gabriella Adlovits
v2	31 ianuarie 2018	Krisztina Rigó	Limitările legate de baza de date IMGT/HLA au fost actualizate în vederea concordanței cu IMGT/HLA v3.28.0 și v3.29.0.1. Secțiunea cu limitări ale programului software a fost extinsă, în vederea concordanței cu versiunile de software de mai jos: Twin 2.1.3, Twin 2.1.4 și Twin 2.5.0.	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v3	4 iulie 2018	Krisztina Rigó	S-au adăugat cazuri suplimentare legate de fază. S-a adăugat un scurt ghid pentru identificarea fazei incorecte. Limitările legate de baza de date IMGT/HLA au fost actualizate în vederea concordanței cu IMGT/HLA v3.30.0. Secțiunea cu limitări ale programului software a fost extinsă, în vederea concordanței cu versiunile de software de mai jos: Twin 2.5.1 și Twin 3.0.0.	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v4	19 octombrie 2018	Krisztina Rigó	Limitările legate de baza de date IMGT/HLA au fost actualizate în vederea concordanței cu IMGT/HLA v3.31.0. Secțiunea cu limitări ale programului software a fost extinsă, în vederea concordanței cu versiunile de software de mai jos: Twin 3.1.0 și Twin 3.1.1. Informațiile legate de versiunile software-ului și ale IMGT/HLA care erau mai vechi de 12+1 luni au fost eliminate. Versiuni afectate: Omixon HLA Twin 2.1.3 și 2.1.4, IMGT/HLA 3.28.0_4. S-au eliminat exemple specifice pentru situații în care specificitatea alelelor nu a putut fi dovedită. S-au adăugat limitări suplimentare pentru algoritmul de genotipare statistică.	Márton Pogány, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits

Versiunea	Data aprobării	Autorul	Rezumatul modificărilor	Aprobat de
v5	14 ianuarie 2019	Krisztina Rigó	<p>Limitările legate de baza de date IMGT/HLA au fost actualizate în vederea concordanței cu IMGT/HLA v3.32.0.</p> <p>Informațiile legate de versiunile IMGT/HLA care erau mai vechi de 12+1 luni au fost eliminate.</p> <p>Versiune afectată: IMGT/HLA 3.29.0.1_5.</p> <p>Secțiunile cu privire la limitările testului au fost extinse, incluzându-se următoarea versiune a testului: Holotype HLA v3.0.</p> <p>S-a modificat formatarea secțiunii „Ambiguități care afectează expresia” și s-a adăugat un nou caz.</p> <p>S-a adăugat un nou caz în secțiunea „Ambiguități cis/trans” HLA-DPB1.</p> <p>Modificări minore și actualizări suplimentare.</p>	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v6	26 martie 2019	Krisztina Rigó	<p>Limitările legate de baza de date IMGT/HLA au fost actualizate în vederea concordanței cu IMGT/HLA 3.32.0_7, 3.33.0_7 și 3.34.0_8.</p> <p>Secțiunea cu limitări ale programului software a fost extinsă, în vederea concordanței cu versiunea de software de mai jos: Twin 3.1.3.</p> <p>Informațiile legate de versiunile software-ului și ale IMGT/HLA care erau mai vechi de 12+1 luni au fost eliminate. Versiuni afectate: Omixon HLA Twin 2.5.0, IMGT/HLA 3.30.0_5 și 3.31.0_5.</p> <p>Versiunile produsului care sunt afectate de ambiguitatea DQB1*03:276N au fost corectate și actualizate.</p> <p>Au fost eliminate exemple specifice din secțiunea cu ambiguități cis/trans HLA-DPB1.</p> <p>Modificări minore și actualizări suplimentare.</p>	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits
v7	26 aprilie 2019	Krisztina Rigó	<p>Limitările legate de baza de date IMGT/HLA au fost actualizate în vederea concordanței cu IMGT/HLA 3.35.0_8.</p> <p>A fost actualizată o limitare cunoscută a algoritmului de genotipare statistică cauzată de secvențe identice ale regiunii în locusuri diferite.</p> <p>A fost actualizată o limitare a algoritmului de genotipare a consensului legată de indels (inserțiile/delețiile) pentru expresia nouă.</p> <p>Secțiunea „Ambiguități pentru primul, al doilea și al treilea câmp” a fost reorganizată.</p>	Efithymia Melista, Gergely Tölgyesi, Gabriella Adlovits