Homgen® HLA 分型 Panel

202205V5

产品介绍

HLA 全名是人类白细胞抗原（Human Leucocyte Antigen, HLA），是人类主要组织相容性复合体（MHC）的表达产物，位于 6 号染色体的短臂上，是目前所知人体最复杂的多态性系统，每一个基因都具有数千个等位基因。HLA 与许多自身免疫性和传染性疾病的敏感性和耐药性有关。

一代测序法是当前 HLA 分型的主要方法，已应用于 HLA 组织配型实验室和各临床医院，但通量低和耗时长。基于探针杂交捕获的二代测序，可高通量、低成本的实现高分辨 HLA 分型，相较于基于 PCR 的靶标序列富集方式，杂交捕获对于序列多态性的高容忍度是一个突出的优势，面对 HLA 超高多态性序列时，何因生物结合 HLA 数据库（IPD-IMGT/HLA 数据库），利用公司在杂交捕获探针设计上的算法经验和优势，对多态性的基因序列进行加密探针设计，研发和生产推出了用于 HLA 高精度分型的 NGS Panel 检测试剂盒。

预期用途

多样本、高通量、进行高精度 HLA 分型的检测。

产品优势

* HLA-Small Panel ：经典 HLA-I 全长（A、B、C），HLA-II 编码区（DR、DP、DQ）和非经典 HLA-I（E、F、G），HLA-II（DO、DM）等相关基因加密多态性探针区域设计;

* HLA-BIG Panel ：经典 HLA-I（A、B、C），HLA-II（DR、DP、DQ）等 11 个基因（HLA-A、HLA-B、HLA-C、HLA-DQB1、HLA-DPB1、HLA-DQA1、HLA-DPA1、HLA-DRB1、HLA-DRB3/4/5），基因全长，加密多态性探针区域设计;

* 杂交捕获+NGS 测序方式，较少的测序数量获得高测序深度，获得稳定的高分辨 HLA 分型；

* DNA 探针，稳定性高；支持多样本杂交；支持 spike in 混合使用。

探针产品规格

名称	货号	规格	存贮	货期
HLA-Small Panel（Probe）	P10011-12	12 rxns	-20℃ 2 年	现货
HLA-Small Panel（Probe）	P10011-96	96 rxns	-20℃ 2 年	现货
HLA-BIG Panel（Probe）	P10036-12	12 rxns	-20℃ 2 年	现货
HLA-BIG Panel（Probe）	P10036-96	96 rxns	-20℃ 2 年	现货

sales@homgen.com
上海何因生物科技有限公司
上海市松江区车阳路 169 号 2 幢 7 层

HLA 探针设计和验证：

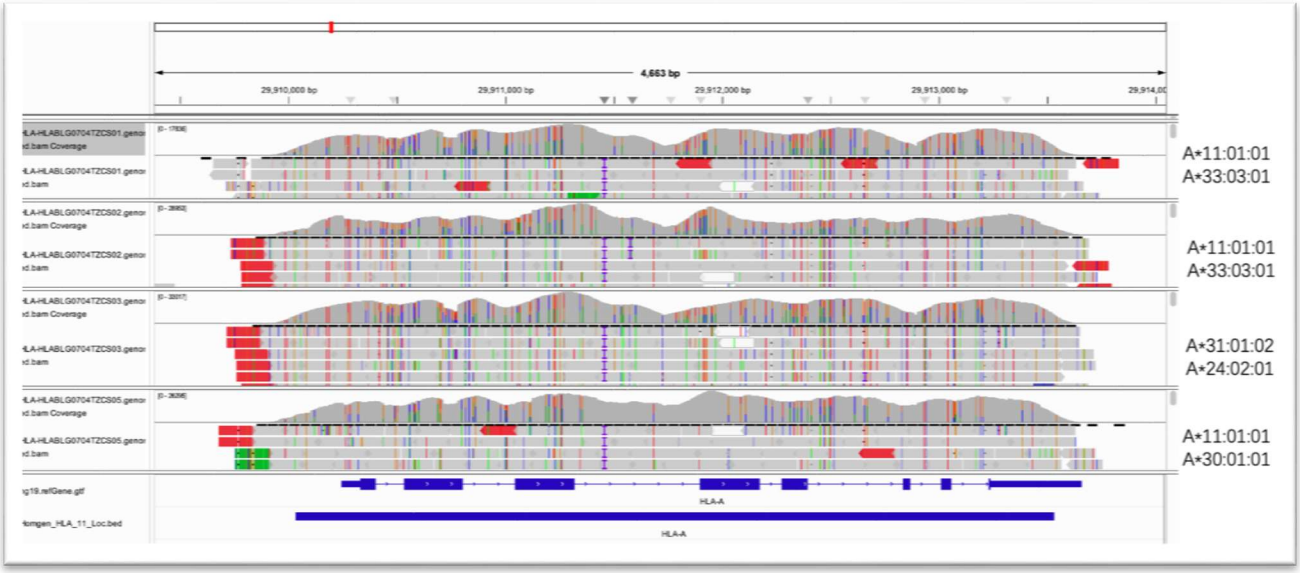
HLA 数据库（IPD-IMGT/HLA 数据库）作为设计依据。

针对性基因组全长/编码区设计 DNA 探针，优化探类型。合成探针，对探针等比例混合。

选取批次样本和已知分型进行样本杂交捕获实验和二代测序（illumina 和 MGI PE150）后统计和分析。

对捕获区域探针进行优化设计和调整并再次进行样本测试/统计/分析。

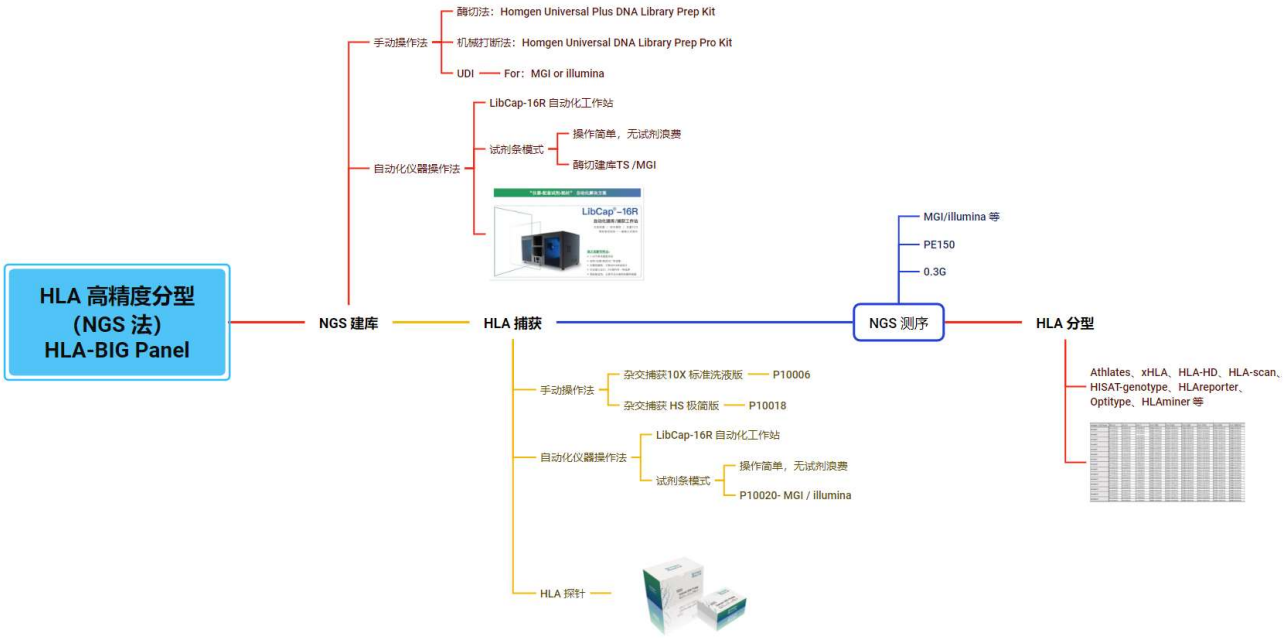
HLA 数据展示：



HLA 结果展示：（illumina NovaSeq & MGI T7 PE150 ~0.5G 数据）

Homgen - HLA Panel	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DRB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DRB3/4/5
Sample1	A*11:01:01	B*58:01:01	C*03:02:02	DRB1*03:01:01	DQA1*05:01:01	DQB1*06:01:01	DPA1*01:03:01	DPB1*05:01:01	DRB3*02:02:01
	A*33:03:01	B*40:01:02	C*07:02:01	DRB1*08:03:02	DQA1*01:03:01	DQB1*02:01:01	DPA1*02:02:02	DPB1*04:01:01	DRB3*02:02:01
Sample2	A*11:01:01	B*56:01:01	C*01:02:01	DRB1*13:12:01	DQA1*05:03:06	DQB1*03:01:01	DPA1*01:03:01	DPB1*05:01:01	DRB3*02:02:01
	A*02:07:01	B*46:01:01	C*01:02:01	DRB1*09:01:02	DQA1*03:02:01	DQB1*03:03:02	DPA1*02:02:02	DPB1*02:01:02	DRB4*01:03:01
Sample3	A*31:01:02	B*15:07:01	C*01:02:01	DRB1*14:05:01	DQA1*03:01:01	DQB1*05:03:01	DPA1*01:03:01	DPB1*19:01:01	DRB3*02:02:01
	A*24:02:01	B*54:01:01	C*03:03:01	DRB1*04:03:01	DQA1*01:04:01	DQB1*03:02:01	DPA1*02:02:01	DPB1*02:01:02	DRB4*01:03:01
Sample4	A*30:01:01	B*13:02:01	C*06:02:01	DRB1*03:01:01	DQA1*02:01:03	DQB1*02:02:01	DPA1*02:01:01	DPB1*17:01:02	DRB3*02:02:01
	A*33:03:01	B*58:01:01	C*03:02:02	DRB1*07:01:01	DQA1*05:01:01	DQB1*02:01:01	DPA1*01:03:01	DPB1*04:01:01	DRB4*01:03:01
Sample5	A*11:01:01	B*15:01:01	C*06:02:01	DRB1*12:02:01	DQA1*06:01:01	DQB1*03:01:01	DPA1*02:02:01	DPB1*19:01:01	DRB3*02:02:01
	A*30:01:01	B*13:02:01	C*07:02:01	DRB1*07:01:01	DQA1*02:01:06	DQB1*02:02:01	DPA1*02:01:01	DPB1*17:01:02	DRB4*01:03:01
Sample6	A*11:02:01	B*15:11:01	C*03:03:01	DRB1*08:03:02	DQA1*01:04:01	DQB1*05:03:01	DPA1*02:02:02	DPB1*05:01:01	DRB3*02:02:01
	A*31:01:02	B*39:01:01	C*07:02:01	DRB1*14:05:01	DQA1*01:03:01	DQB1*06:01:01	DPA1*02:02:02	DPB1*05:01:01	DRB3*02:02:01
Sample7	A*02:01:01	B*51:01:01	C*01:02:01	DRB1*09:01:02	DQA1*03:01:01	DQB1*03:03:02	DPA1*02:02:02	DPB1*05:01:01	DRB4*01:03:01
	A*24:02:01	B*46:01:01	C*01:02:01	DRB1*04:03:01	DQA1*03:02:13	DQB1*03:02:01	DPA1*02:02:02	DPB1*05:01:01	DRB4*01:03:01
Sample8	A*30:01:01	B*13:02:01	C*08:01:01	DRB1*07:01:01	DQA1*06:01:01	DQB1*03:01:01	DPA1*02:02:02	DPB1*05:01:01	DRB3*03:01:03
	A*11:01:01	B*40:06:01	C*06:02:01	DRB1*12:02:01	DQA1*02:01:02	DQB1*02:02:01	DPA1*02:01:01	DPB1*17:01:10	DRB4*01:03:01
Sample9	A*26:01:01	B*39:01:01	C*03:03:01	DRB1*15:01:01	DQA1*03:03:01	DQB1*06:02:01	DPA1*02:02:02	DPB1*05:01:01	DRB3*02:27:11
	A*01:01:01	B*37:01:01	C*06:02:01	DRB1*04:01:01	DQA1*01:02:01	DQB1*03:01:01	DPA1*02:02:02	DPB1*05:01:01	DRB4*01:03:01
Sample10	A*02:06:01	B*51:01:01	C*16:02:01	DRB1*03:01:01	DQA1*05:01:01	DQB1*06:01:01	DPA1*01:03:01	DPB1*02:01:02	DRB3*02:02:01
	A*11:01:01	B*55:01:01	C*03:03:01	DRB1*15:02:01	DQA1*01:03:01	DQB1*02:01:01	DPA1*01:03:01	DPB1*04:01:01	DRB3*02:04:02
Sample11	A*02:01:01	B*37:01:01	C*06:02:01	DRB1*04:01:01	DQA1*03:03:01	DQB1*05:01:01	DPA1*01:03:01	DPB1*02:01:02	DRB4*01:03:01
	A*01:01:01	B*40:02:01	C*03:04:01	DRB1*10:01:01	DQA1*01:05:02	DQB1*03:01:01	DPA1*01:03:01	DPB1*04:02:01	DRB4*01:02:06
Sample12	A*11:01:01	B*13:01:01	C*03:04:01	DRB1*14:04:02	DQA1*06:01:01	DQB1*05:03:01	DPA1*02:02:02	DPB1*14:01:01	DRB3*02:02:01
	A*24:02:01	B*40:06:01	C*15:02:01	DRB1*12:02:01	DQA1*01:04:02	DQB1*03:01:01	DPA1*02:01:01	DPB1*05:01:01	DRB3*03:01:03
Sample13	A*02:03:01	B*55:02:01	C*01:02:01	DRB1*15:01:01	DQA1*03:02:11	DQB1*05:02:01	DPA1*02:01:01	DPB1*14:01:08	DRB4*01:03:02
	A*24:02:01	B*40:01:02	C*03:04:01	DRB1*09:01:02	DQA1*01:02:01	DQB1*03:03:02	DPA1*02:02:02	DPB1*13:01:01	DRB5*01:01:01
Sample14	A*02:01:01	B*18:01:01	C*07:01:01	DRB1*13:02:01	DQA1*05:01:01	DQB1*02:01:01	DPA1*02:01:01	DPB1*13:01:01	DRB3*03:01:01
	A*30:02:01	B*49:01:01	C*05:01:01	DRB1*03:01:01	DQA1*01:06:11	DQB1*06:04:01	DPA1*01:03:01	DPB1*04:01:01	DRB3*02:02:01
Sample15	A*11:01:01	B*13:01:01	C*03:04:01	DRB1*14:04:02	DQA1*06:01:01	DQB1*05:03:01	DPA1*02:02:02	DPB1*14:01:05	DRB3*02:02:01
	A*24:02:01	B*40:06:01	C*15:02:01	DRB1*12:02:01	DQA1*01:04:02	DQB1*03:01:01	DPA1*02:01:01	DPB1*05:01:01	DRB3*03:01:03

HLA 高精分型方案流程



方案全套产品订购

用途模块	商品名	货号	规格	货期
建库试剂（酶切法）	Homgen Universal Plus DNA Library Prep Kit-V2	PK10003HGV2	12 / 96 rxns	现货
建库接头	ShortADPT-ILMN-TS	AB10012-100	100 rxns	现货
建库 UDI-index	UDI-ILMN-TS-XXX+XXX	CD10002-XXXX	25 rxns	现货
杂交试剂（10X /HS /LibCap 自动化试剂）	ProbeCap WASH&HYB KIT / ProbeCap WASH&HYB HS / LibCap 捕获试剂	P10006 / P1018/ P10020	12 / 96 rxns	现货
探针（HLA Probe）	HLA-Small Probe / HLA-BIG Probe	P10011 / P10036	12 / 96 rxns	现货

杂交捕获使用方法

HLA 高分 Panel 是由**探针池（HLA Probe）**和 **Homgen 杂交捕获配套试剂**组合而成，

具体实验操作流程请参考何因生物

《探针杂交捕获操作说明书 10X 标准洗液版 For NGS DNA Library》 or

《探针杂交捕获操作说明书 HS / HE 版 For NGS DNA Library》 or

《LIbCap 自动化文库工作站-杂交捕获说明书》。

探针池（HLA Probe）使用前请冰上自然融化，混匀。取探针 **Probe 2 μL /rxns** 按照说明书使用。

POST-PCR 基础循环数：15

* 若需要额外添加区域和分析 BED，请联系何因生物获取。

sales@homgen.com
上海何因生物科技有限公司
上海市松江区车阳路 169 号 2 幢 7 层

HLA 基因突变统计（Release 3.59 | 2025-01）

Numbers of HLA Alleles	
HLA class I alleles	28409
HLA class II alleles	12594
HLA alleles	41003
Other non-HLA alleles	1023
Number of confidential alleles	4

HLA class I						
Gene	*A*	*B*	*C*	*E*	*F*	*G*
Alleles	8556	10346	8657	376	115	176
Proteins	5004	6172	4776	141	22	52
Nulls	449	370	388	10	3	6

HLA class I - Pseudogenes													
Gene	*H*	*J*	*K*	*L*	*N*	*P*	*R*	*S*	*T*	*U*	*V*	*W*	*Y*
Alleles	82	33	7	6	5	5	2	7	9	7	4	13	3
Proteins	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nulls	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

HLA class II														
Gene	*DRA*	*DRB*	*DQA1*	*DQA2*	*DQB1*	*DQB2*	*DPA1*	*DPA2*	*DPB1*	*DPB2*	*DMA*	*DMB*	*DOA*	*DOB*
Alleles	78	4812	872	42	2813	41	765	6	2795	7	62	100	121	80
Proteins	17	3168	448	11	1682	9	373	0	1611	0	9	9	16	17
Nulls	0	215	21	0	122	1	33	0	145	0	0	0	1	1

HLA class II - DRB Alleles									
Gene	*DRB1*	*DRB2*	*DRB3*	*DRB4*	*DRB5*	*DRB6*	*DRB7*	*DRB8*	*DRB9*
Alleles	3787	1	523	273	215	4	2	1	6
Proteins	2443	0	399	169	157	0	0	0	0
Nulls	135	0	28	27	25	0	0	0	0

Other non-HLA Genes					
Gene	*HFE*	*MICA*	*MICB*	*TAP1*	*TAP2*
Alleles	6	585	307	19	106
Proteins	4	278	49	11	13
Nulls	0	9	25	1	0

HLA 分型相关生信分析软件

HLA 分型软件的分析原理可分为 2 大类，一类是 reads 比对方式，另一类则是 reads 组装方式。reads 比对方式是将测序样本的 reads 比对到所有已知 HLA 数据库基因型参考序列文件，通过比对的结果进行分型。组装方式则是先将 reads 构建更大的片段 contig，然后再比对到所有已知 HLA 数据库基因型参考序列。组装方式可以让 reads 更准确的比对到参考序列文件上，但测序深度性要求更高。相关软件列举：Athlates、xHLA、HLA-HD、HLA-scan、HISAT-genotype、HLAreporter、Optitype、HLAminer 等。

注：因 HLA 变异的复杂性，不同分析软件、不同版本的数据库，可能产生不同的分型结果和分型精度。实际场景下，部分基因型和 8 分位分型可能需要有经验的专家结合生信分析结果、人群变异频率等做进一步校对。

sales@homgen.com
上海何因生物科技有限公司
上海市松江区车阳路 169 号 2 幢 7 层