

# UCLA INTERNATIONAL HLA DNA EXCHANGE

## 113TH SUMMARY

MAY 16, 2012

MEGAN ANDERSON, MARIE LAU, JOHN MURAMOTO  
J. MICHAEL CECKA, PH.D AND ELAINE F. REED, PH.D



DNA Sample	
#699	#702
#700	#703
#701	#704

### DNA #699

	ALLELE		AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	02:06	11:02	218/218	130/131	88/114
B*	15:11	27:04	214/214	131/131	97/108
C*	03:03	12:02	182/182	113/113	91/104
DRB1*	04:03	08:03	224/224	145/149	98/108
DRB4*	01:03		61/61	24/25	4/7
DQA1*	01:03	03:01	84/84	55/55	7/8
DQB1*	03:02	06:01	200/200	141/141	88/92
DPB1*	02:01	05:01	90/90	87/87	46/46
DPA1*	01:03	02:02	29/30	26/28	2/2

This sample has an agreement greater than 90%.

This sample was first typed in 1996 as DNA #138, sent in Exchange #19. Agreement for DRB4\*01:03 increased from 75% to 96%. The B-locus was typed to the allele level for the first time in this exchange. Agreement is 100% for both B\*15:11 and B\*27:04, alleles predominantly found in Asians.

4 labs mistyped A\*11:02 as A\*11:53, including 3 sequencing labs. 7 sequencing labs assigned A\*11:02/11:53. The sequence of A\*11:53 has been shown to be identical to the corrected A\*11:02:01 sequence and has, thus, been abandoned, according to *Nomenclature for factors of the HLA system*, update November 2011 (Marsh, et al. Tissue Antigens 2012 Mar; 79(3):222-9).

#### Discrepancies or ambiguities reported:

A\*: 02:01:01:01, 11:01:01/53

B\*:

C\*:

DRB1\*: 04:01:01/5/7, 08:01:01

DRB4\*: 01:04

DQA1\*:

DQB1\*:

DPB1\*:

DPA1\*: 02:01, 03:02

Not excluded: 02:10/126, 11:53/110

Not excluded: 15:76/209N, 27:10/68

Not excluded: 03:11/20N, 12:11/36/49

Not excluded: 04:52/93, 08:14

Not excluded: 01:08

Not excluded: 03:02

Not excluded: 03:32/37, 06:35/43

Not excluded: 123:01

Not excluded:

### DNA #700 ASIAN

	ALLELE		AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	34:01		108/108	69/69	52/56
B*	15:21	40:01	214/214	138/139	98/108
C*	04:03	12:03	182/182	128/128	95/104
DRB1*	04:05	15:02	224/224	147/150	95/108
DRB4*	01:03		61/61	25/26	4/7
DRB5*	01:01		60/61	36/36	7/7
DQA1*	01:02	03:03	82/82	50/50	6/8
DQB1*	04:02	05:02	200/200	151/151	88/92
DPB1*	01:01		45/45	44/44	23/23
DPA1*	02:02		15/15	14/14	1/1

This sample has an agreement greater than 95%.

This sample was first typed in 1997 as DNA #165, sent in Exchange #24. Agreement for B\*15:21 increased from 79% to 99%, for C\*04:03 from 50% to 100%, and for DQA1\*03:03 from 54% to 100%.

The NMDP Bioinformatics website notes that the A\*34:01-B\*15:21-C\*04:03 is a fairly common class I association (HF=0.00170) in Asians/Pacific Islanders, almost exclusively found in individuals of Filipino descent. A\*34:01-B\*40:01-C\*12:03 is the other likely association.

#### Discrepancies or ambiguities reported:

A\*:

B\*: 15:02

C\*:

DRB1\*: 04:01:01, 15:01

DRB4\*: 01:01

DRB5\*: BLANK

DQA1\*: 03:01/2

DQB1\*:

Not excluded: 34:05

Not excluded: 40:10/55

Not excluded: 04:16, 12:06/23

Not excluded: 04:03/28/90, 15:11/44

Not excluded:

Not excluded:

Not excluded: 03:01

Not excluded: 04:01/4, 05:03/5

**DNA #701 HISPANIC**

	ALLELE		AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
<b>A*</b>	36:01	69:01	218/218	144/144	107/114
<b>B*</b>	07:02	55:01	111/112	110/111	82/108
<b>C*</b>	01:02	07:02	180/180	109/110	83/102
<b>DRB1*</b>	11:01	15:03	223/224	143/144	91/108
<b>DRB3*</b>	02:02		62/63	28/29	5/7
<b>DRB5*</b>	01:01		62/62	37/37	7/7
<b>DQA1*</b>	01:02	05:03	84/84	46/46	5/6
<b>DQB1*</b>	03:01	06:02	200/200	143/143	88/92
<b>DPB1*</b>	04:01		45/45	38/38	19/22
<b>DPA1*</b>	01:03		15/15	14/14	1/1

This sample from a Hispanic donor has an agreement greater than 95%.

This sample contains the extended haplotype A\*69:01-B\*55:01-C\*01:02-DRB1\*11:01-DQB1\*03:01, which is commonly found in Hispanics (HF=0.00327). A\*36:01-B\*07:02-C\*07:02-DRB1\*15:03-DQB1\*06:02 is the other likely haplotype.

11 out of 54 sequencing labs were unable to distinguish the rare B\*07:61 from B\*07:02. B\*07:61 differs from B\*07:02 in exon 5 in codon 300 (GGA->AGA), producing an amino acid change (Gly->Arg), as noted in *Thirty-six novel HLA alleles: 7 HLA-A, 11 HLA-B, 15 HLA-C and 3 HLA-DRB1* (Anholts, et al. Tissue Antigens 2009 Nov:74(5):424-8).

## Discrepancies or ambiguities reported:

A*:	Not excluded: 36:05
B*: 15:01	Not excluded: 07:10/61, 55:44
C*: 07:05/27/108	Not excluded: 01:07/17, 07:50
DRB1*: 03:XX, 15:01:01	Not excluded: 11:90/97/100, 15:01
DRB3*: 01:01/14, 02:01	Not excluded: 02:14/23/27/28
DQA1*:	Not excluded: 05:07/97
DQB1*:	Not excluded: 03:21/27/29, 06:33/47
DPB1*:	Not excluded: 120:01N/126:01/134:01

**DNA #702 BLACK**

	ALLELE		AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
<b>A*</b>	02:01	23:17	209/210	83/97	73/116
<b>B*</b>	14:01	15:01	206/206	113/113	91/108
<b>C*</b>	03:04	08:02	172/172	103/104	86/100
<b>DRB1*</b>	04:01	13:01	220/220	130/130	85/108
<b>DRB3*</b>	02:02		60/60	26/27	4/6
<b>DRB4*</b>	01:03		60/60	23/24	3/6
<b>DQA1*</b>	03:01	03:03	78/78	43/44	3/6
<b>DQB1*</b>	03:02	03:03	190/192	137/138	88/90
<b>DPB1*</b>	02:01	17:01:01G	86/86	80/80	41/42
<b>DPA1*</b>	02:01		14/14	12/12	1/1

This sample has an agreement greater than 95%, except at the A-locus.

This sample was previously sent in 2009 as DNA #583, in Exchange #93. In the 2009 typing, the A-locus was typed as A\*02:01 and A\*23:01 with an agreement of 100% and 85%, respectively. This present retyping updates the A\*23 allele to the infrequently found A\*23:17, which was officially recognized in November 2007. A\*23:17 is most similar to A\*23:01, but differs in exon 5 in codon 300 (CAC->CCC) with a subsequent His ->Pro amino acid change. This sample was typed as A\*23:17 with an agreement of 66%; however, 14 labs typed this sample as A\*23:01. The detection of A\*23:17 has not significantly improved since May 2011. DNA #672 from Exchange #108, also from a donor of African descent, was typed as A\*23:17 with an agreement of 64%.

## Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 03:XX, 23:01	Not excluded: 02:01L/7/9/53N/60, 23:01
B*: 39:XX	Not excluded: 14:14, 15:01N/4/34/70
C*: 03:06	Not excluded: 03:06/28/87, 08:04/33/52N
DRB1*:	Not excluded: 04:16, 13:105/117
DRB3*: 02:01	Not excluded: 02:23/27/28
DRB4*: 01:01	Not excluded:
DQA1*: 03:01/2	Not excluded: 03:01
DQB1*: 02:01, 04:XX	Not excluded: 03:32/37, 03:31
DPB1*:	Not excluded: 123:01
DPA1*:	Not excluded: 02:02

**DNA #703 BLACK**

	ALLELE		AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	23:01	66:02	203/204	92/92	82/110
B*	42:02	57:03	197/198	90/94	59/102
C*	17:01	18:02	170/170	76/79	53/98
DRB1*	12:01	16:02	218/218	117/117	79/108
DRB3*	01:01		59/60	25/26	4/6
DRB5*	02:02		59/59	31/32	5/6
DQA1*	01:02	01:05	80/80	47/47	4/8
DQB1*	05:01	05:02	190/192	130/130	78/90
DPB1*	40:01	85:01	85/86	81/82	44/44
DPA1*	02:02	03:01	28/28	26/26	2/2

This sample has an agreement greater than 95%.

15 sequencing labs noted that this sample failed to amplify or had weak amplification for one or more of the class I loci in exons 2 and 3. Following subsequent testing, the gel check and optical density of the sample were determined to be within acceptable ranges. Unfortunately, at this time, the cause of the amplification issues has not been resolved.

This sample has 2 associations, B\*42:02-C\*17:01 and B\*57:03-C\*18:02, found predominantly in Black individuals, with HF=0.00706 and HF=0.01168, respectively.

Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 11:XX	Not excluded: 23:07N/17, 66:03
B*: 42:01, 57:01:02	Not excluded: 42:01, 57:17/39
C*: 18:01	Not excluded: 17:02/3, 18:01
DRB1*: 12:02/5	Not excluded: 12:06/10/17, 16:05
DRB3*: BLANK	Not excluded: 01:11/12/15
DRB5*: 02:01	Not excluded:
DQA1*: 01:01/4	Not excluded: 01:01
DQB1*: 03:XX, 06:XX	Not excluded: 05:02/7/14
DPB1*: 27:01	Not excluded:

**DNA #704 CAUCASIAN**

	ALLELE		AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	29:02	68:01	212/212	113/114	85/110
B*	44:02	44:03	208/208	110/111	80/106
C*	07:04	16:01	176/176	106/106	82/100
DRB1*	07:01	13:02	219/220	147/147	95/108
DRB3*	03:01		58/61	31/31	5/6
DRB4*	01:01		61/61	24/24	3/6
DQA1*	01:02	02:01	80/80	66/66	8/8
DQB1*	02:02	06:04	192/192	128/128	79/90
DPB1*	04:02	11:01	86/86	81/81	39/42
DPA1*	01:03	02:01	26/26	22/22	2/2

This sample has an agreement greater than 98%.

This sample contains the strong association DRB1\*13:02-DQB1\*06:04, which carries a haplotype frequency of 0.03208 in Caucasians. The other association is most likely the common DRB1\*07:01-DQB1\*02:02, found in all populations.

Both class I associations are quite frequent in Caucasians. A\*29:02-B\*44:03-C\*16:01 has a haplotype frequency of 0.02340 and A\*68:01-B\*44:02-C\*07:04 has a haplotype frequency of 0.00410.

Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 29:01:01:01	Not excluded: 29:06/23/26, 68:07/11N
B*: 44:02:01	Not excluded: 44:03/19N/27/37
C*:	Not excluded: 07:11/63/199, 16:08
DRB1*: 13:XX	Not excluded: 13:103/123
DRB3*: 01:XX, 02:XX	Not excluded:
DQB1*:	Not excluded: 02:06, 06:34
DPB1*:	Not excluded: 11:01, 105:01
DPA1*:	Not excluded: 02:02

**ACKNOWLEDGMENT:**

*The UCLA Immunogenetics Center expresses its thanks to the following for contributing to this Exchange: One Legacy and all organ and tissue donors and families for giving the gift of life and the gift of knowledge by their generous donation to the education and advancement of the study of HLA.*

# DNA #699

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	04	08	401	BLANK	01	03	03	06	02	11	15	27	03	12				
16	040301	080302	40103	BLANK	0103	030101G	0302/37	0601/43	020102	0501	0103	0202	020601	110201/110	151101	270401	030301/20N	120201
80	04	08	401	BLANK	0103	03	03	06	0201	0501	0103	0202	02	11	15	27	03	12
124	04	08	401	BLANK	0103	03	0302	0601	0201	0501			0206/126	11	1511	27	03	1202
134	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
138	0403	0803	401	BLANK	01	03	0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
139																		
142	04	08	401	BLANK			03	06					02	11	15	27		
143	0403	0803					0302	0601					0206	1102/53	1511/76	2704/10	0303	1202
144	0403	0803			0103	03	030201G	0601					020601G	110201G	1511	270401G	030301G	1202
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
148	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501			0206	110201G	1511	2704	0303	1202
151	0403	0803											0206	1102	1511	2704		
152	04	08											02	11	15	27		
155													0206	1153	1511	2704	0303	1202
156	0403	0803					0302	0601					0206	1102/110	1511	2704	0303	1202
158	0403	0803	40103	BLANK	0103	03	0302	0601	0201	0501			0206	1153	1511	2704	0303	1202
160																		
162	040301	080302					030201	060101					020601	110201				
164	04	08											02	11				
167																		
168	04	08											02	11	15	27		
173	0403/52	0803			0103	0301/2	0302	0601/43					02	11	15	27		
174																		
175	0403	0803					0302	0601					0206	1102	1511	2704		
176	0403	0803					0302	0601					0206	1153	1511	2704	0303	1202
179	04	08	4	BLANK	0103	03	0302	0601					02	11	1511	2704	03	1202
180																		
185	040301	080302					030201	060101					020601G	110201G	151101G	270401G	030301G	120201G
186																		
187																		
188	0403	0803											0206	1102	1511	2704	0303	1202
189	0403	0803	401	BLANK	0103	03	0302	0601					02	11	15	27	03	12
190	04	08	4	BLANK			03	06					0206	1102	1511	2704	0303	1202
192	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501			02	11	15	27	03	12
193	0403	0803											0206	1102	1511	2704		
195	0403	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
199	04	08	4	BLANK			03	06										
200																		
201	0403	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501			02	11	15	27	03	12
205	0403	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102	1511	2704	0303	1202
206	04	08											02	11	15	27		
207	0403	0803	40103	BLANK	0103	03	0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
208	0403	0803/14											0206	1102/53	1511	2704		
209	04	08	NT	NT			03	06	NT	NT			02	11	15	27	03	12
210																		
212																		
213	0403	0803											0206	11	1511	2704	0303/20N	1202
214													02	11	151101	270401	03	12
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	0403	0803					0302	0601					0206	1153	1511	2704	0303	1202
220																		
222	04	08	401	BLANK			03	06					02	11	15	27		
224	04	08	401	BLANK			03	06					02	11	15	27		
225	040101	080101	40104	BLANK			030201	060101					02010101	110101	151101	270401	030301	120201
226	0403	0803	401	BLANK	01	03	0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102/53	1511	2704	03	1202/49
227	040301	080302					030201	060101					020601	110201	151101	270401	030301	120202
228	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601										
229																		
230	0403	0803	40103	BLANK	01	03	0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
232	04	08					03	06					02	11	15	27	03	12
234	04	08			0103	0301	03	06	0201	0501			02	11	15	27	03	12
235	04	08	4	BLANK			03	06					02	11	15	27	03	12
236																		
237	04	08					03	06					02	11	15	27		
238	0403	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601										
239	0403/93	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302/32	0601	0201	0501	0103	0202	02	11	15	27	03	12
240	0403	0803			0103	0301	0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
242																		
244													0206	1102	1511	2704	0303	1202
246	0403	0803					03	06										
249	040301	080302					030201	060101	020102	050101			020601	110201	151101	270401	030301	120202
250	04	08	4	BLANK			03	06					02	11	15	27		
251																		
252	04	08	4	BLANK			0302	06					02	11	1511	27	03	12

# DNA #699

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
255	04	08					02	11	15	27								
257																		
258	0403	0803				0302	0601				0206	1102	1511	2704	0303	1202		
259	04	08									02	11	15	27				
260	0403	0803	4	BLANK	0103	0301	0302	0601			02	11	15	27	03	12		
262	04	0803	4	BLANK	0103	0301	0302	0601			02	11	15	27	03	12		
263	0405	0803							0201	0501								
264	040301G	080302					030201G	060101G	020102	050101G	010301	020202	020601G	110201G	151101G	270401G	030301G	120201G
278	0403	0803	40103/8	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102	1511	2704/68	0303	1202/36
401	0403	0803					0302	0601	0201	0501								
452	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
519	0403	0803	401	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102/53	1511	2704	0303/20N	1202
615	0403	0803	401	BLANK			030201G	060101G	0201	050101G								
616	04	08											02	11	15	27	03	12
635	04	08	4	BLANK			03	06					02	11	15	27	03	12
702	0403	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
714	0403	0803					0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
726	0403	0803	401	BLANK	0103	0301P	0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102	1511	2704	0303	1202
732	040301	080302	4010301	BLANK			030201	0601					020601	1102/53	151101	270401	030301	120202
769	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
805	0403	0803					0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
1113	0403/52	0803			0103	03	0302/32	0601/43	0201	0501			02	11	15	27	03	12
1189	04	08	4	BLANK			03	06	0201	0501			02	11	15	27	03	12
1212	04	08					03	06					02	11	15	27		
1251	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
1498	040301	080302	40103	BLANK	0103	030101	0302/32	0601/35	0201/12301	0501			0206	1102/110	1511	2704	0303/20N	1202
1647	0403	0803					0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
1686																		
1905	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102P	1511	2704	0303	1202
2004																		
2013	0403	0803	401	BLANK			0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
2015													020601	110201	151101	270401	0303	1202
2063																		
2347	0403	0803	4	BLANK	01	03	0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102	1511	2704	0303	1202
2411	04	08					0302	0601					0206	1102	15	27	0303	1202
2518	0403	0803	NT	NT			0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
2549	0403	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501			0206	1102/53	1511	2704	0303	1202
3248																		
3261	0403	0803					0302	0601	0201	0501								
3264	04	08	NT	NT	NT	NT	03	06	NT	NT			02	11	15	27	03	12
3324	04	08	401	BLANK			03	06					02	11	15	27	03	12
3325	0407	08	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601					02	11	15	27	03	12
3410	0403	0803					0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
3438	0403	0803					0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
3522																		
3582	0403	0803	401	BLANK	NT	NT	0302	0601	0201	0501			0206	1102/110	1511	2704	0303/20N	1202
3614	0403	0803			0103	03	0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
3625	0403	0803	4	BLANK			0302	0601	0201	0501			0206	1102/53	1511	2704	0303/20N	1202
3807	0403	0803/14					0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303/20N	1202
3849	0403	0803	401	BLANK	0103	0301	0302	0601					02	110201G	1511/209N	27	03	12
4237																		
4281																		
4420	0403	0803											0206	1102	1511	2704	0303	1202
4545	0403	0803	401	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501			0206	1102/110	1511	2704	0303/20N	1202
4551	0403/52	0803	NT	NT	0103	03	0302	0601/43	NT	NT			02	11	15	27	03	12
4585	04	08			0103	03	0302/32	0601/43					02	11	15	27	03	12
4613													0206	1102	1511	2704	0303	1202
4653	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
4709	0403	0803	40103	BLANK	0103	0301	0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
5204																		
5982																		
6051	0403/52	0803	401	BLANK	0103	0301/2	0302	0601/43	0201	0501	0302	0201	0206/10	11	1511/209N	2704/10	0303/11	1202/11
6313	0403	0803					0302	0601					0206	1102	1511	2704	0303	1202
9221	0403	0803	4	BLANK	01	03	03	06	NT	NT			02	11	15	27	03	12
197H	0403	0803					0302	0601	0201	0501			0206	1102	1511	2704	0303	1202
197L	04	08	401	BLANK	0103	03	0302	06			0103	0202	02	11	15	27	03	12
4582H	0403	0803	401	BLANK	0103	03	0302	0601	0201	0501	0103	0202	0206	1102	1511	2704	0303	1202
4582L	04	08	401	BLANK	01	03	03	06	02	05	01	02	02	11	15	27	03	12
5720H	0403	0803	40103	BLANK			0302	0601	0201	0501			0206	1102P	1511	2704	030301G	1202
5720L	04	08	401	BLANK			03	06					02	11	15	27	03	12

# DNA #700

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	04	15	401	501	01	03	04	05				34	BLANK	15	40	04	12	
16	0405	150201	40103	50101	010201G	030101G	0402	0502	010101	BLANK	0202	BLANK	340101	BLANK	1521	4001	0403	120301
80	04	15	401	50101	0102	03	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	34	BLANK	1521	40	0403	12
124	04	15	401	50101	0102	03	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	40	0403	1203/23
134	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
138	0405	1502	401	501	01	03	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
139																		
142	04	15	401	501			04	05					34	BLANK	15	40		
143	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203/23
144	0405	1502			0102	03	0402	050201G					3401	BLANK	1521	400101G	0403	120301G
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
148	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
151	0405	1502											3401	BLANK	1521	4001		
152	04	15											34	BLANK	15	40		
155													NT	NT	1521	4001	0403	1203
156	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
158	0405	1502	40103	50101	0102	03	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
160																		
162	040501	150201					0402	050201					3401	BLANK				
164	04	15											34	66				
167																		
168	04	15											34	BLANK	15	40		
173	0405	1502			0102	0301/2	0402	0502					34	BLANK	15	40		
174																		
175	0405	1501					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001		
176	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
179	0405/28	1502/11	4	NT	0102	03	0402	0502/5					3401	BLANK	1521	4001/55	0403	1203/23
180																		
185	040501/3	150201					040201	050201					340101	BLANK	1521	400101G	0403	120301G
186																		
187																		
188	0405	1502																
189	0405	1502	401	50101	0102	03	0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
190	04	15	4	5			04	05					34	BLANK	15	40	04	12
192	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
193	0405	1502																
195	0405	1502	40103	50101	0102	0303	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001/55	0403	1203
199	04	15	4	5			04	05										
200																		
201	0405	1502	40103	50101	0102	0303	0402	0502	0101	BLANK			34	BLANK	15	40	04	12
205	0405	1502	40103	50101	0102	0303	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
206	04	15											34	BLANK	15	40		
207	0405	1502	40103	50101	01	03	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
208	0405	1502											3401	BLANK	1521	4001		
209	04	15	NT	NT			04	05	NT	NT			3401	BLANK	15	40	04	12
210																		
212																		
213	0405	1502											3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
214													340101	BLANK	1521	400101	04	12
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
220																		
222	04	15	401	501			04	05					34	BLANK	15	40		
224	04	15	401	501			04	05					34	BLANK	15	40		
225	040101	150201	40101	50101			0402	0502					340101	BLANK	1521	400101	0403	12030101
226	0405/28	1502/11	401	501	01	03	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
227	0405	150201					0402	050201					3401	BLANK	1521	4001	0403	120301
228	0405	1502	40103	50101			0402	0502										
229																		
230	0405	1502	40103	50101	01	03	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
232	04	15					04	05					34	BLANK	15	40	04	12
234	04	15			0102	0303	04	05	0101	BLANK			34	BLANK	15	40	04	12
235	04	15	4	5			04	05					34	BLANK	15	40	04	12
236																		
237	04	15					04	05					34	11	15	40		
238	0405	1502	40103	50101	0102	0303	0402	0502										
239	0405/90	1502/44	40103	50101	0102	0303	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	34	BLANK	15	40	04	12
240	0405	1502			NT	NT	0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
242																		
244													3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
246	0405	1502					04	05										
249	040501	150201					040201	050201	010101	BLANK			340101	BLANK	1521	400102	0403	120301
250	04	15	4	5			04	05					34	26	15	40		
251																		
252	04	15	4	5			0402/1	05					34	66	1502	4001	04	12

# DNA #700

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
255	04	15					34	BLANK	15	40								
257																		
258	0405	1502				0402	0502				3401	BLANK	1521	4001	0403	1203		
259	04	15				04	05				34	26	15	40				
260	0405	1502	4	BLANK	0102	0303	0402	0502			34	BLANK	15	40	04	12		
262	0405	1502	4	5	0102	0303	0402	0502			34	BLANK	15	40	04	12		
263	0405	1501					0402	0502	0101	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203		
264	040501G	150201					040201	050201G	010101	BLANK	020202	BLANK	340101	BLANK	1521	400101G	0403	120301G
278	0405	1502	40103	50101	0102	0303/1	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
401	0405	1502					0402	0502	0101	BLANK								
452	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
519	0405	1502	401	501	0102	0303	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
615	0405	1502	401	50101			0402	050201G	0101	BLANK								
616	04	15											34	BLANK	15	40	04	12
635	04	15	4	5			04	05					34	BLANK	15	40	04	12
702	0405	1502	40103	50101	0102	03	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
714	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
726	0405	1502	401	501	0102	0301P	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
732	040501	150201	4010301	5010101			040201	050201	0101	BLANK			340101	BLANK	1521	4001	0403	120301
769	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
805	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
1113	0405	1502			0102	03	0402	0502	0101	BLANK			34	BLANK	1521	40	0403	12
1189	04	15	4	5			04	05	0101	BLANK			3401	BLANK	15	40	04	12
1212	04	15					04	05					34	25	15	40		
1251	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
1498	0405	1502	40103	50101	0102	0303	0402/4	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
1647	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
1686																		
1905	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
2004																		
2013	0405	1502	401	501			0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
2015													340101	BLANK	1521	4001	0403	1203
2063																		
2347	0405	1502	4	5	01	03	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
2411	04	15					0402	0502					3401	BLANK	15	40	0403	1203
2518	0405	1502	NT	NT			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
2549	0405	1502	40103	50101	010201G	0303	0402	0502/3	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
3248																		
3261	0405	1502					0402	0502	0101	BLANK								
3264	04	15	NT	NT	NT	NT	04	05	NT	NT			34	BLANK	15	40	04	12
3324	04	15	401	501			04	05					34	BLANK	15	40	04	12
3325	0405	1502	40103	50101	0102	0303	0402	0502					34	BLANK	15	40	04	12
3410	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
3438	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
3522																		
3582	0405	1502	401	50101	NT	NT	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
3614	0405	1502			0102	03	0402	0502					3401/5	BLANK	1521	4001	0403	1203
3625	0405	1502	4	5			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
3807	04	15					0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
3849	0405	1502	401	50101	0102	0303	0402	0502					3401/5	BLANK	1521	40	0403/16	12
4237																		
4281																		
4420	0405	1502											3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
4545	0405	1502	401	50101	0102	0303	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
4551	0405	1502	NT	NT	0102	03	0402	0502	NT	NT			34	BLANK	15	40	04	12
4585	04	15			0102	03	0402	0502					3401/5	BLANK	1521	40	0403	12
4613													3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
4653	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
4709	0405	1502	40103	50101	0102	0303	0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
5204																		
5982																		
6051	0405	1502	401	501	0102	0301/2	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401/5	BLANK	1521	4001/10	0403	1203/6
6313	0405	1502					0402	0502					3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
9221	0405	15	4	5	01	03	04	05	NT	NT			34	BLANK	15	40	04	12
197H	0405	1502					0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
197L	04	15	401	50101	0102	03	0402	0502			0202	BLANK	34	BLANK	1521	40	0403	12
4582H	0405	1502	401	50101	0102	03	0402	0502	0101	BLANK	0202	BLANK	3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
4582L	04	15	401	501	01	03	04	05	01	BLANK	02	BLANK	34	BLANK	15	40	04	12
5720H	0405	1502	40103	50101			0402	0502	0101	BLANK			3401	BLANK	1521	4001	0403	1203
5720L	04	15	401	501			04	05					34	BLANK	15	40	04	12

# DNA #701

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
7	11	15	302	501	01	05	03	06					36	69	07	55	01	07
16	1101/97	150301	30202/27	50101	010201G	0503/7	0301/27	0602/47	040101	BLANK	0103	BLANK	3601	6901	070201/61	550101	0102	070201/50
80	11	1503	30202	50101	0102	05	03	0602	0401	BLANK	0103	BLANK	36	6901	07	55	01	07
124	11	1503	30202/28	50101	0102	0503/7	0301	0602	0401/12601	BLANK			3601	6901	07	5501	01	07
134	1101	1503	30202	50101			0301	0602	0401	BLANK			3601	6901	0702	5501	0102	0702
138	1101	1503	302	501	01	05	0301	0602	0401	BLANK			3601	6901	0702	5501	0102	0702
139																		
142	11	15	302	501			03	06					36	69	07	55		
143	1101/97	1503					0301	0602					3601	6901	0702/61	5501	0102	0702/50
144	110101G	1503			0102	0503/7	030101G	0602					3601	6901	070201G	5501	010201G	070201G
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
148	110101G	1503	30202	50101			0301	0602	040101G	BLANK			3601	6901	070201G	5501	0102	0702
151	1101/97	1503											3601	6901	0702	5501		
152	11	15											36	69	07	55		
155													3601	6901	0702	5501	0102	0702
156	1101/97	1503					0301	0602					3601	6901	0702	5501	0102	0702
158	1101	1503	30202	50101	0102	05	0301	0602	0401	BLANK			3601	6901	0702	5501	0102	0702
160																		
162	110101	150301					030101	0602					3601	6901				
164	11	15											36	69				
167																		
168	11	15											36	69	07	55		
173	1101	1503			0102	0503/7	0301/27	0602					36	69	07	55		
174																		
175	1101	1503					0301	0602					36	6901	0702	5501		
176	1101	1503					0301	0602					3601	6901	0702	5501	0102	0702
179	11	1503	3	NT	0102	05	03	0602					3601	6901	07	55	01	07
180																		
185	1101/100	150301G					03	060201					3601	6901	070201G	550101G	010201G	070201G
186																		
187																		
188	1101P	1503																
189	1101	1503	30202	50101	0102	0503	0301	0602					3601	6901	0702	5501	0102	0702
190	11	15	3	5			03	06					36	69	07	55	01	07
192	1101	1503	30202	50101			0301	0602	0401	BLANK			3601	6901	0702	5501	0102	0702
193	1101	1503											3601/5	6901	0702	5501		
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
199	11	15	3	5			03	06										
200																		
201	1101	1503	30202	50101	0102	0501P	0301	0602	0401	BLANK			36	69	07	55	01	07
205	1101P	1503	302	50101	0102	0503/7	0301	0602	0401	BLANK	0103	BLANK	3601	6901	0702P	5501	0102	0702
206	11	15											36	69	07	55		
207	1101/97	1503	30202	50101	01	0503/7	0301	0602	0401	BLANK			3601	6901	0702	5501	0102	07
208	1101	1503											3601	6901	0702	5501		
209	1101	1503	30202	50101			0301	0602	0401	BLANK			36	69	0702	5501	0102	0702
210																		
212																		
213	1101	1503											3601	6901	0702/61	5501	0102	0702
214													3601	6901	07	55	01	07108
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	1101	1503					0301	0602					3601	6901	0702	5501	0102	0702
220																		
222	11	15	302	501			03	06					36	69	07	55		
224	11	15	302	501			03	06					36	69	07	55		
225	110101	150101	30201	50101			0301	0602					3601	6901	070201	550101	010201	07020101
226	11	1503	302	501	01	05	0301	0602	0401/12601	BLANK	0103	BLANK	3601	6901	07	55	0102/17	07
227	1101	1503					030101	0602					3601	6901	070201	550101	0102	0702
228	1101	1503	30202	50101			0301	0602										
229																		
230	1101	1503	30202	50101	01	05	0301	0602	0401	BLANK			3601	6901	0702	5501	0102	0702
232	11	15					03	06					36	69	07	55	01	07
234	1101	1503			NT	NT	0301	0602	NT	NT			3601	6901	0702	5501	0102	0702
235	11	15	3	5			03	06					36	69	07	55	01	07
236																		
237	11	03					03	06					36	69	07	55		
238	1101	1503	30202	50101	0102	0503	0301	0602										
239	1101/90	1503	30202	50101	0102	0503	0301/21	0602/33	0401	BLANK	0103	BLANK	36	69	07	55	01	07
240	1101	1503			0102	0503	0301	0602					3601	6901	0702	5501	0102	0702
242																		
244													3601	6901	0702	5501	0102	0702
246	1101	1503					03	06										
249	110101	150301					030101	060201	040101	BLANK			3601	6901	070201	550101	010201	070201
250	11	15	3	5			03	06					36	69	07	55		
251																		
252	11	15	3	5			03	06					36	69	NT	NT	01	07



# DNA #701

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus			
255	11	15					36	69	07	55		
257												
258	1101	1503			0301	0602	3601	6901	0702	5501	0102	0702
259	11	15				03	36	69	07	55		
260	1101	1503	3	5	0102	0503	36	69	07	55	01	07
262	1101	1503	3	5	0102	0503	36	69	07	55	01	07
263	1101	1503					3601	6901	0702	5501	0102	0702
264	110101G	150301G					3601	6901	070201G	550101G	010201G	070201G
278	1101/97	1503	30202	50101	0102	0503/7	3601	6901	0702/61	5501/44	0102	0702
401	11	1503					3601	6901	0702/47	5501/44	0102	0702
452	110101G	1503	3020201G	50101			3601	6901	0702	5501	0102	0702
519	1101/97	1503	302	501	0102	0503/7	3601	6901	0702/61	5501	0102	0702/50
615	110101G	150301G	3020201G	50101			3601	6901	0702/61	5501	0102	0702/50
616	11	15					36	69	07	55	01	07
635	11	15	3	5			36	69	07	55	01	07
702	1101	1503	30202	50101	0102	0503	3601	6901	0702	5501	0102	0702
714	1101	1503					3601	6901	0702	5501	0102	0702
726	1101	1503	302	501	0102	0501P	3601	6901	0702	5501	0102	0702
732	110101	150301	30202/28	5010101			3601	6901	0702/61	550101	0102	0702/50
769	1101/97	1503	30202	50101			3601	6901	070201G	5501	0102	0702
805	1101	1503					3601	6901	0702	5501	0102	070201G
1113	11	1503			0102	05	36	6901	07	55	01	07
1189	11	15	3	5			36	6901	07	55	01	07
1212	11	15					3601	6901	07	55		
1251	11	1503	30202	5010101	0102	0503	3601	6901	07	5501/44	01	07
1498	1101/97	150301	3020201G	50101	0102	0503/7	3601	6901	0702/61	5501	0102	0702/50
1647	1101	1503					3601	6901	0702	5501	0102	0702
1686												
1905	1101	1503	30202/23	50101			3601	6901	0702	5501	0102	0702
2004												
2013	1101	1503	302	501			3601	6901	0702	5501	0102	0702
2015							3601	6901	070201	550101	0102	0702
2063												
2347	11	15	3	5	01	05	36	69	07	55	01	07
2411	11	15					3601	6901	07	55	0102	0702
2518	1101	1503	30101/14	50101			3601	6901	0702	5501	0102	0702
2549	1101	1503	30202	50101	010201G	0503/7	3601	6901	0702/61	5501	0102	0702
3248												
3261	1101	1503					3601	6901	0702	5501	0102	0702
3264	11	1503	NT	NT	0102	05	36	6901	07	55	NT	NT
3324	11	15	302	501			36	69	07	55	01	07
3325	1101	1503	30202	50101	0102	05	36	69	07	55	01	07
3410	1101	1503					3601	6901	0702	5501	0102	0702
3438	1101	1503					36	69	07	55	01	07
3522												
3582	1101	1503	30202	50101	NT	NT	3601	6901	0702/61	5501	0102	0702
3614	1101	1503			0102	05	3601	6901	0702	5501	0102	0702
3625	1101/97	1503	3	5			3601	6901	0702/61	55	01	0702
3807	11	1503					3601	6901	0702/61	5501	0102	0702/50
3849	1101/97	1503	302	50101	0102	0503/7	36	6901	07	55	01	07
4237												
4281												
4420	1101	1503/1					3601	6901	0702	5501	0102	0702
4545	110101G	1503	302	50101	0102	0503	3601	6901	0702/61	5501	0102	0702/50
4551	1101	1503	NT	NT	0102	0503/97	36	69	07	55	01	07
4585	11	1503			0102	0503/7	3601/5	6901	07	55	01	07
4613							3601	6901	0702	5501	0102	0702
4653	1101	1503	30202	50101			3601	6901	0702	1501	0102	0702
4709	1101	1503	30202	50101	0102	0503	3601	6901	0702	5501	0102	0702
5204												
5982												
6051	1101/97	1503	302	501	0102	0503/7	3601/5	6901	0702/10	55	0102/7	0705/27
6313	1101	1503					3601	6901	0702	5501	0102	0702
9221	11	15	3	5	01	05	36	69	07	55	01	07
197H	1101P	1503					3601	6901	0702P	5501	0102	0702P
197L	11	1503	30202	50101	0102	05	36	6901	07	55	01	07
4582H	1101	1503	30202	50101	0102	0503/7	3601	6901	0702	5501	0102	0702
4582L	11	15	302	501	01	05	36	69	07	55	01	07
5720H	1101P	150301	30202P	50101			3601	6901	0702P	5501	0102	0702P
5720L	11	15	302	501			36	69	07	55	01	07

# DNA #702

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	04	13	302	401	03	03	03	03	02	23	14	15	03	08				
16	040101	130101/105	30202/27	40103	030101G	030101G	0302/37	0303/31	020102	170101G	0201/2	BLANK	020101	2317/1	140101	150101	030401	080201
80	04	13	30202	401	0301	03	03	03	0201	170101G	0201	BLANK	02	23	14	15	03	08
124	04	13	30202/28	401	0301	03	0302	03	0201	170101G			02	23	1401	15	03	0802/52N
134	0401	1301	30202	40103			0302	0303	0201	1701			0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
138	0401	1301	302	401	03	03	0302	0303	0201	170101G			0201	2317	1401	1501	0304	0802
139																		
142	04	13	302	401			03	03					02	23	14	15		
143	0401	1301					0302	0303					0201	2317/1	1401	1501	0304/28	0802/4
144	0401	130101G			03	03	030201G	030302G					020101G	230101G	1401	150101G	030401G	080201G
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
148	04	13	NT	NT			NT	NT	NT	NT			02	03	14	15	NT	NT
151	0401	1301											0201	2317/1	1401	1501		
152	04	13											02	23	14	15		
155													0201	2317	1401	1501	0304	0802
156	0401	1301					0302	0303					0201	2317	1401	1501	0304	0802
158	0401	1301	30202	40103	0301	03	0302	0303	0201	1701			0201	2317	1401	1501	0304	0802
160																		
162	040101	130101					030201	030302					0201	2317/1				
164	04	13											02	23				
167																		
168	04	13											02	23	14	15		
173	0401/16	1301			0301	0301/2	0302	0303/31					02	23	14	15		
174																		
175	0401	1301					0302	0303					02	2301	1401	15		
176	0401	1301					0302	0303					0201	2317	1401	1501	0304	0802
179	04	13	3	4	03	03	03	03					02	23	1401/14	1501/70	0304/28	0802/4
180																		
185	040101	1301/105					030201	030302					020101G	230101G	140101	150101G	03	08
186																		
187																		
188	0401	1301P																
189	0401	1301	30202	401	0301	03	0302	0303					0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
190	04	13	3	4			03	03					02	23	14	15	0304	08
192	0401	1301	30202	40103			0302	0303	0201	170101G			0201	2317	1401	1501	0304	0802
193	0401	1301											0201/9	2301	1401	1501		
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
199	04	13	3	4			03	04										
200																		
201	0401	1301	30202	40103	0301	0303	0302	0303	0201	1701			02	23	14	15	03	08
205	0401	1301/105	302	40103	0301	0303	0302	0303	0201	170101G	0201	BLANK	0201	2301P	1401	1501	0304	0802
206	04	13											02	23	14	15		
207	0401	1301/105	30202	40103	0301	03	0302	0303	0201	170101G			0201	2317	1401	1501	0304	0802
208	0401	1301											0201	2301	1401	1501		
209	04	13	NT	NT			03	03	NT	NT			02	23	14	15	03	08
210																		
212																		
213	0401	1301											0201	2317/1	1401	1501/1N	0304	0802
214													02	23	14	15	03	08
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	0401	1301					0302	0303					0201	2317	1401	1501	0304	0802
220																		
222	04	13	302	401			03	03					02	23	14	15		
224	04	13	302	401			03	03					02	23	14	15		
225	040101	130101	30201	40101			0302	0303					02010101	230101	1401	150101	03040101	080201
226	0401	13	302	401	03	03	0302	0303	0201	170101G	0201	BLANK	0201	2317/1	14	15	0304/87	0802/33
227	040101	130101					030201	030302					0201	2317	1401	15010101	030401	0802
228	0401	1301	30202	40103			0302	0303										
229																		
230	0401	1301	30202	40103	03	03	0302	0303	0201	170101G			0201	2317	1401	1501	0304	0802
232	04	13					03	03					02	23	14	15	03	08
234	0401	1301			NT	NT	0302	0303	NT	NT			0201	2301	1401	1501	0304	0802
235	04	13	3	4			03	03					02	23	14	15	03	08
236																		
237	04	13					03	03					02	23	14	15		
238	0401	1301	30202	40103	0301	0303	0302	0303										
239	04	13	3	4	NT	NT	03	03	NT	NT	NT	NT	02	23	14	15	03	08
240	0401	1301			NT	NT	0201	0303					NT	NT	NT	NT	NT	NT
242													NT	NT	NT	NT	NT	NT
244													NT	NT	NT	NT	NT	NT
246	0401	1301					03	03										
249	040101	130101					030201	030302	020102	170101G			020101	230101	140101	150101	030401	080201
250	04	13	3	4			03	03					02	23	39	15		
251																		
252	04	13	3	4			0302	0303					02	23	1401	1501/4	03	08

# DNA #702

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus			
255	04	13					02	23	14	15		
257												
258	0401	1301					0201	2301	1401	1501	0304	0802
259	04	13					02	23	14	15		
260	0401	1301	3	4	0301	0303	02	23	14	15	03	08
262	04	1301	3	4	0301	0303	02	23	14	15	03	08
263	0401	1301					0201	2301	1401	1501	0306	0802
264	040101	130101G					020101G	230101G	140101	150101G	030401G	080201
278	0401	1301/105	30202	40103	0301	0303/1	0201	2317/1	1401/14	1501	0304	0802
401	0401	13					0201	2317/1	1401/14	1501	0304	0802
452	0401	130101G	3020201G	40103			0201	2317	1401	1501	0304	0802
519	0401	1301/105	302	401	0301	0303	0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
615	0401	130101G	3020201G	401			0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
616	04	13					02	23	14	15	03	08
635	04	13	3	4			02	23	14	15	03	08
702	0401	1301	30202	40103	0301	03	0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
714	0401	1301					0201	2317	1401	1501	0304	0802
726	0401	1301	302	401	0301	0301P	0201	2317	1401	1501	0304	0802
732	040101	130101	30202/28	40103			020101G	2317/1	140101	150101	030401	080201
769	0401	1301/105	30202	40103			0201	2317	1401	1501	0304	0802
805	0401	1301					0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
1113	0401	13			0301	03	02	23	14	15	03	08
1189	04	13	3	4			02	23	14	15	03	08
1212	NT	NT					NT	NT	NT	NT		
1251	0401	13	30202	40103	0301	0303	02	2317	1401/14	1501	0304	08
1498	040101	1301/117	3020201G	40103	030101	0303	0201/1L	2317/1	1401	1501/1N	0304	0802
1647	0401	1301					0201	2301	1401	1501	0304	0802
1686												
1905	0401	1301	30202/23	40103			0201	2317	1401	1501	0304	0802
2004												
2013	0401	1301	302	401			0201	2317	1401	1501	0304	0802
2015							0201	2317	140101	1501	0304	0802
2063												
2347	04	13	3	4	03	03	02	23	1401	15	03	08
2411	04	13					0201	2301	14	15	0304	0802
2518	0401	1301	NT	NT			0201	230101G	1401	1501	0304	0802
2549	0401	1301/105	30202	40103	0301	0303	0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
3248												
3261	0401	1301					02	23	14	15	NT	NT
3264	04	13	NT	NT	0301	0301	02	23	14	15	NT	NT
3324	04	13	302	401			02	23	14	15	03	08
3325	0401	1301	30202	40103	0301	0303	02	23	14	15	03	08
3410	0401	1301					0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
3438	0401	1301					02	23	14	15	03	08
3522												
3582	0401	1301	30202	401	NT	NT	0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
3614	0401	1301			0301	03	0201/53N	2301	1401	1501	0304	0802
3625	0401	1301/117	3	4			0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
3807	0401	13					0201	2317/1	1401	1501	0304	0802
3849	0401	1301	302	401	0301	0303	02	23	14	15	03	08
4237												
4281												
4420	0401	1301					0201/60	2317/1	1401	1501	0304/6	0802
4545	0401	130101G	30202	401	0301	0303	0201	2317/1	1401	1501/1N	0304	0802
4551	0401	1301	30202	40103	0301	03	020101G	2301	1401	1501	0304	0802
4585	04	13			0301	03	02	23	14	15	03	08
4613							0201	2317	1401	1501	0304	0802
4653	0401	1301	30202	40103			0201	2301	1401	1501	0304	0802
4709	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
5204												
5982												
6051	0401	1301/105	302	401	0301	0301/2	0201/7	23	1401/14	1501/34	0304/6	0802/4
6313	04	13					02	23	14	15	03	08
9221	04	13	3	4	03	03	02	23	14	15	03	08
197H	0401	1301P					0201	2301P	1401	1501	0304	0802
197L	04	13	30202	401	03	03	02	23	14	15	03	08
4582H	0401	1301	30202	401	0301	03	0201	2317	1401	1501	0304	0802
4582L	04	13	302	401	03	03	02	23	14	15	03	08
5720H	0401	1301P	30202P	40103			0201	2301P	1401	150101G	0304	0802
5720L	04	13	302	401			02	23	14	15	03	08

# DNA #703

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	12	16	301	502	01	01	05	05			23	66	42	57	17	18		
16	120101G	160201	30101	50202	010201G	010101G	0501/7	0502/14	4001	8501	0202	0301	23	66	4202	57	17	18
80	12	16	30101	50202	0102	01	05	0502	4001	8501	0202	0301	23	66	4202	57	17	18
124	12	16	BLANK	50202	0102	01	05	0502	4001	8501			23	6602/3	4202	5703	NT	NT
134	1201	1602	30101	50202			0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	18
138	12	16	301	502	01	01	05	05	4001	8501			23	66	42	57	17	18
139																		
142	12	16	301	502			05	05					23	66	42	57		
143	1201/10	1602					0501	0502					2301/17	6602/3	4202/1	5703/39	1701/2	1802/1
144	120101G	1602			0102	01	0501	050201G					230101G	6602	4202	5703	17	18
147	1201	1602	30101	50202	0102	0105	0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1802
148	12	16	NT	NT			NT	NT	NT	NT			23	66	42	57	NT	NT
151	1201/10	1602											2301/17	6602	NT	NT		
152	12	16											23	66	42	57		
155													2301	6602	4202	5703	1701	1802
156	1201/6	1602					0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
158	1201/6	1602	30101	50202	0102	01	0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1802
160																		
162	120101G	160201					050101	050201					2301	6602				
164	12	16											23	66				
167																		
168	12	16											23	66	42	57		
173	1201/6	1602/5			0102	0101/4	0501/7	0502					23	66	42	57		
174																		
175	1201	1602					0501	0502					2301	6602	4202	5703		
176	1201	1602					0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
179	12	1602/5	3	NT	0102	01	0501	0502					23	6602/3	4202	5703	17	1802/1
180																		
185	120101G	160201					05010101/2	050201					230101G	6602	4202/1	5703/39	170101G	180101G
186																		
187																		
188	1201P	1602											2301	6602	4202	5703	1701	1802
189	1201	1602	30101	50202	0102	0105/1	0501	0502					23	66	42	57	17	18
190	12	16	3	5			05	05					2301	6602	4202	5703	1701	1802/1
192	1201	1602	30101	50202			0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1802/1
193	1201/10	1602											2301	6602	4202	5703		
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
199	12	16	3	5			05	06										
200																		
201	1201	1602	30101	50202	0102	0105	0501	0502	4001	8501			23	66	42	57	17	18
205	1201P	1602	30101/15	50202	0102	0105	0501	0502	4001	8501	0202	0301	23	66	4202	57	1701	1802
206	12	16											23	66	42	57		
207	12	1602/5	NT	NT	NT	NT	05	0502	NT	NT			23	66	42	57	17	18
208	1201/10	1602											2301	6602	4202	5703		
209	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
210																		
212																		
213	120101G	1602/5											23	66	NT	NT	17	18
214													NT	NT	NT	NT	NT	NT
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	1201	1602					0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
220																		
222	12	16	301	502			05	05					23	66	42	57		
224	12	16	301	502			05	05					23	66	42	57		
225	120101	160201	30101	50201			0501	0502					2301	6602	4201	570102	17010101	1801
226	12	1602	301	502	01	01	0501	0502	4001	8501	0202	0301	NT	NT	42	57	17	1802/1
227	120101	160201					050101	050201					2301	6602	4202	570301	1701	1802
228	1201	1602	30101	50202			0501	0502										
229																		
230	1201	1602	30101	50202	01	01	0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1802
232	12	16					05	05					23	66	42	57	17	18
234	1201	1602			0101/4	0101/4	0501/7	0502	NT	NT			2301/7N	6602	4202	5703	1701	1802/1
235	12	16	3	5			05	05					23	66	42	57	17	18
236																		
237	12	16					05	05					23	11	42	57		
238	1201	1602	30101	50202	0102	0105	0501	0502										
239	12	16	3	5	NT	NT	05	05	NT	NT	NT	NT	23	66	42	5703/39	17	18
240	1201	1602			0102	0105	0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
242																		
244													2301	6602	4202	5703	1701	1802
246	1201	1602					03	05										
249	120101	160201					050101	050201	4001	8501			230101	6602	4202	570301	170101	1802
250	12	16	3	5			05	05					23	66	42	57		
251																		
252	12	16	3	5			05	05					23	66	42	57	17	18

# DNA #703

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
255	12	16											23	66	42	57		
257																		
258	1201/10	1602					0501	0502					2301	6602	4202/1	5703/39	1701	1802/1
259	12	16					05	05					23	66	42	57		
260	1201	1602	3	5	0102	0105	0501	0502					23	66	42	57	17	18
262	1201	1602	3	5	0102	0105	0501	0502					23	66	42	57	17	18
263	1201	1602					0501	0502	4001	2701			2301	6602	4202	5701	1701	1801
264	120101G	160201					050101	050201G	4001	8501	020201	0301	230101G	6602	4202/1	570301/39	17010101G	180101G
278	1201/17	1602	30101	50202	0102	0105/1	0501	0502	4001	8501	0202	0301	2301	6602	4202	5703	1701	1802
401	12	1602					0501	0502	4001	8501								
452	120101G	1602	30101	50202			0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1802
519	1201/6	1602	301	502	0102	0105	0501	0502	4001	8501	0202	0301	2301/17	6602	4202	5703	1701/2	1802/1
615	120101G	1602	3010102G	50202			050101G	050201G	4001	8501								
616	12	16											23	66	42	57	17	18
635	12	16	3	5			05	05					23	66	42	57	17	18
702	1201	1602	30101	50202	0102	01	0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1802
714	1201	1602					0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
726	1201	1602	301	502	0102	0101P	0501	0502	4001	8501	0202	0301	2301	6602	4202	5703	1701	1802
732	1201/10	160201	3010102	50202			050101	050201					23	6602	42	57	17	1802/1
769	1201	1602	30101	50202			0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	180101G
805	1201	1602					0501	0502					23	66	42	57	170101G	180101G
1113	1202/5	16			0102	01	05	0502	4001	8501			23	66	4202	57	17	18
1189	12	16	3	5			05	05	4001	8501			23	66	42	57	17	18
1212	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT		
1251	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
1498	120101G	160201	30101/12	50202	0102	0105	0501/7	0502	4001	8501			23	66	42	57	17	18
1647	1201	1602					0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
1686																		
1905	1201	1602	30101/12	50202			0501	0502	4001	8501	0202	0301	23	66	42	57	17	18
2004																		
2013	12	16	301	502			05	05					23	66	42	57	17	18
2015													2301	6602	42	5703	1701	1802
2063																		
2347	12	16	3	5	01	01	05	05	4001	8501	0202	0301	23	66	42	57	17	18
2411	12	16					0501	0502					23	66	42	57	17	18
2518	1201	1602	NT	NT			0501	0502					230101G	6602	4202	5703	170101G	180101G
2549	1201	1602	30101	50202	010201G	010101G	0501	0502/14	4001	8501			2301	6602	4202/1	5703/39	1701	1802
3248																		
3261	1201	1602					0501	0502	4001	8501								
3264	12	1602	30101/11	50202	NT	NT	0501	0502	4001	8501			23	66	42	57	17	18
3324	12	16	301	502			05	05					23	66	42	52	17	18
3325	1201	1602	30101	50202	0102	0105	0501	0502					23	66	42	57	17	18
3410	1201	1602					0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
3438	1201/10	1602					0501	0502					2301/17	6602	4201	5703	1701	1802/1
3522																		
3582	12	16	301	502	01	01	05	05	4001	8501			23	66	42	57	17	18
3614	120101G	1602			0102	01	0501	0502					2301	6602	4202	5703	1701	1802
3625	12	1602	3	5			0501	0502	4001	8501			23	66	42	57	17	18
3807	12	1602					0501	0502	4001	8501			2301/17	6602	4202	57	17	1802
3849	120101G	1602	301	50202	0102	0105	0501	0502					23	6602/3	4202	57	170101G	180101G
4237																		
4281																		
4420	1201	1602											2301/17	6602	4202	5703	1701/3	1802/1
4545	120101G	1602	301	50202	0102	0105	0501	0502	4001	8501			230101G	6602	4202	5703	170101G	180101G
4551	1201/6	1602	30101	50202	0102	01	0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1802
4585	12	16			0102	01	05	0502					23	6602/3	4202	57	17	18
4613													2301	6602	4202	5703	1701	1802/1
4653	1201	1602	30101	50202			0501	0502	4001	8501			2301	6602	4202	5703	1701	1801
4709	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
5204																		
5982																		
6051	1201/6	1602/5	301	502	0102	0101/4	0501/7	0502	4001	8501	0202	0301	23	6602/3	4202	5703/17	17	1802/1
6313	12	16					0501	0502					23	6602	4202	57	17	18
9221	12	16	3	5	0102	01	05	05	40	85			23	66	42	57	17	18
197H	1201P	1602					0501	0502	4001	8501			NT	NT	NT	NT	NT	NT
197L	12	16	30101	50202	0102	01	05	0502			0202	0301	NT	NT	NT	NT	NT	NT
4582H	1201/17	1602	30101	50202	0102	01	0501	0502	4001	8501	0202	0301	2301	6602	4202	5703	1701	1802
4582L	12	16	301	502	01	01	05	05	40	85	02	03	23	66	42	57	17	18
5720H	1201P	1602	30101	50202			0501	0502	4001	8501			2301P	6602	4202	5703	1701P	1801P
5720L	12	16	301	502			05	05					23	66	42	57	17	18

# DNA #704

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus										
7	07	13	303	401	01	02	02	06				29	68	44	44	07	16		
16	070101	130201	30301	40101	010201G	0201	0202	0604/34	040201	110101	0103	0201/2	290201	680102/11N	440201/19N	440301	070401/11	160101	
80	07	13	30301	401	0102	0201	02	06	0402	1101	0103	02	29	68	44	44	07	16	
124	07	13	30301	401	0102	0201	0202	06	0402/10501	1101			2902/26	68	44	4403	0704/11	1601	
134	0701	1302	30301	40101			0202	0604	0402	1101			2902	6801	4402	4403	0704	1601	
138	0701	1302	301	401	01	02	0202	0604	0402	1101			2902	6801	4402	4403	0704	1601	
139																			
142	07	13	303	401			02	06					29	68	44	44			
143	0701	1302					0202	0604					2902	6801	4402	4403	0704/11	1601	
144	0701	1302			0102	0201	0202	0604					290201G	680102G	440201G	4403	070401G	1601	
147	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604	0402	1101			2902	6801	4402	4403	0704	1601	
148	07	13	NT	NT			NT	NT	NT	NT			29	68	44	44	NT	NT	
151	0701	1302											2902	6801	4402	4403			
152	07	13											29	68	44	44			
155													NT	NT	NT	NT	NT	NT	
156	0701	1302					0202	0604					2902	6801	4402	4403	0704	1601	
158	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604	0402	1101			2902	6801	4402	4403	0704	1601	
160																			
162	070101	130201					0202	060401					290201	680102					
164	07	13											29	68					
167																			
168	07	13											29	68	44	44			
173	0701	1302			0102	0201	0202	0604/34					29	68	44	44			
174																			
175	0701	1302					0202	0604					2902	6801	4402	4403			
176	0701	1302					0202	0604					2902	6801	4402	4403	0704	1601	
179	0701	1302	3	4	0102	0201	0202	06					2902/6	68	44	4403	0704/11	1601	
180																			
185	070101G	130201					0202	06					290201G	680102G	440201G	440301G	070401G	160101	
186																			
187																			
188	0701	1302											2902	6801	4402	4403	0704	1601	
189	0701	1302	30301	401	0102	0201	0202	0604					2902	68	44	44	07	16	
190	07	13	3	4			02	06					29	68	44	44			
192	0701	1302	30301	40101			0202	0604	0402	1101			2902	6801	4402	4403	0704	1601	
193	0701	1302											2902	6801	4402/27	4403			
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT	
199	07	13	3	4			02	06											
200																			
201	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604	0402	1101			29	68	44	44	07	16	
205	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604	0402	1101	0103	0201	2902	6801	4402	4403	0704	1601	
206	07	13											29	68	44	44			
207	0701	1302	NT	NT	NT	NT	0202	06	0402	1101			29	68	44	44	07	16	
208	0701	1302											2902	6801	4402	4403			
209	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT	
210																			
212																			
213	0701	1302											2902	6801/11N	4402/19N	4403	0704	1601	
214													290201	680102	440201	440301	07	16	
215	07	13	3	4									29	68	44	44	07	16	
218	0701	1302					0202	0604					2902	6801	4402	4403	0704	1601	
220																			
222	07	13	302	401			02	06					29	68	44	44			
224	07	13	302	401			02	06					29	68	44	44			
225	0701	1302	30301	40101			0202	0604					29010101	680102	440201	440201	070401	160101	
226	0701	1302/103	303	401	01	02	0202	0604	0402/1101	1101/10501	0103	0201	2902	6801/11N	4402/3	4403/19N	0704/11	1601	
227	070101	130201					0201	060401					290201	680102	440201G	440301	070401	160101	
228	0701	1302	30301	40101			0202	0604											
229																			
230	0701	1302	30301	40101	01	02	0202	0604	0402	1101			2902	6801	4402	4403	0704	1601	
232	07	13					02	06					29	68	44	44	07	16	
234	0701	1302/123			0102	0201	0202/6	0604/34	NT	NT			2902/23	6801	4402/27	4403/37	0704	1601	
235	07	13	3	4			02	06					29	68	44	44	07	16	
236																			
237	13	13					02	06					29	68	44	44			
238	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604											
239	07	13	3	4	NT	NT	02	06	NT	NT	NT	NT	29	68	44	44	07	16	
240	0701	1302			0102	0201	0202	0604					2902	6801	4402	4403	0704	1601	
242																			
244													2902	6801	4402	4403	0704	1601	
246	0701	1302					02	06											
249	070101	130201					0202	060401	040201	110101			290201	680102	440201	440301	070401	160101	
250	07	13	3	4			02	06					29	68	44	44			
251																			
252	07	13	3	4			02	06					29	68	44	44	07	16	

# DNA #704

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus			
255	07	13					29	68	44	44		
257												
258	0701	1302					2902	6801	4402	4403	0704	1601
259	07	13					29	68	44	44		
260	0701	1302	3	4	0102	0201	0202	0604			07	16
262	0701	1302	3	4	0102	0201	0202	0604			07	16
263	0701	1302					0202	0604	0402	1101	0704	1601
264	070101G	130201					020101G	060401G	040201G	110101	010301	020101
278	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604	0402	1101	0103	0201
401	0701	1302					0202	06	0402	1101		
452	0701	1302	30301	40101			0202	0604	0402	1101		
519	0701	1302	303	401	0102	0201	0202	0604	0402	1101	0103	0201
615	070101G	1302	3030101G	401			0202	060401G	040201G	1101		
616	07	13									07	16
635	07	13	3	4			02	06			07	16
702	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604	0402	1101		
714	0701	1302					0202	0604			0704	1601
726	0701	1302	303	401	0102	0201	0202	0604	0402P	1101	0103	0201
732	070101	130201	30301	4010101			0202	06			0704/11	160101
769	0701	1302	30301	40101			0202	0604	0402	1101		
805	0701	1302					0202	0604			0704	1601
1113	0701	1302			0102	0201	0202/6	06	0402	1101	07	16
1189	07	13	3	4			02	06	0402	1101	07	16
1212	NT	NT					NT	NT			NT	NT
1251	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
1498	0701	130201	30301	4010101	0102	0201	0202/6	060401G	0402	1101	0704/11	1601
1647	0701	1302					0202	0604			070401G	1601
1686												
1905	0701	1302	30301	40101			0202	0604	0402P	1101	0103	0201
2004												
2013	0701	1302	3	401			0202	0604			0704	1601
2015											0704	1601
2063												
2347	07	13	3	4	01	02	02	06	0402	1101	NT	NT
2411	07	13					0202	0604			0704	1601
2518	0701	1302	NT	NT			0202	0604			0704	1601
2549	0701	1302	30301	40101	010201G	0201	0202/6	060401G	040201G	1101	0704	1601
3248												
3261	0701	1302					0202	0604	0402	1101		
3264	0701	1302	30301	40101	NT	NT	0202	0604	0402	1101	0704	1601
3324	07	13	303	401			02	06			07	16
3325	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604			07	16
3410	0701	1302					0202	0604			0704	1601
3438	0701	1302					0202	0604			07	16
3522												
3582	07	13	303	401	01	02	02	06	NT	NT	07	16
3614	0701	1302			0102	0201	0202	0604			0704	1601
3625	0701	1302	3	4			0202	0604	0402	1101	0704	1601
3807	0701	13					0202	0604	0402	1101	0704/11	1601
3849	0701	1302	303	401	0102	0201	0202	0604			070401G	16
4237												
4281												
4420	0701	1302									0704/63	1601
4545	0701	1302	30301	401	0102	0201	0202	0604	040201G	1101	070401G	1601
4551	0701	1302	30301	40101	0102	0201	0202	0604	040201G	1101	0704	1601
4585	07	13			0102	0201	0202/6	06			07	16
4613											0704/199	1601
4653	0701	1302	30301	40101			0202	0604	0402	1101	0704	1601
4709	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
5204												
5982												
6051	0701	1302	303	401	0102	0201	0202	0604/34	0402	1101	0103	0201
6313	07	13					0202	0604			07	16
9221	07	13	3	4	0102	0201	02	06	0402	1101	07	16
197H	0701	1302					0202	0604	0402P	1101	0704P	1601
197L	07	13	30301	401	0102	0201	0202	06			0704	1601
4582H	0701	1302	30301	401	0102	0201	0202	0604	0402	1101	0103	0201
4582L	07	13	303	401	01	02	02	06	04	11	01	02
5720H	0701	1302	30301	40101			0202	0604	0402P	1101	0704P	1601
5720L	07	13	303	401			02	06			07	16

# PARTICIPANTS AND METHODS

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus
7	SSO-Oli	SSO-Oli	SSO-Oli	SSO-Oli			SSO-Oli	SSO-Oli	SSO-Oli
16	SBT-At,SSO-OL	SSO-OL,SSP-Life	SSO-OL	SSO-OL	SBT-At,SSO-OL	SSO-OL	SBT-At,SSO-OL	SBT-At,SSO-OL	SBT-At,SSO-OL
80	SSO-OL						SSO-OL		
124	SBT-inh	SBT-inh	SSO-OL	SBT-inh,SSO-OL	SBT-inh		SBT-inh	SBT-inh	SBT-inh
134	SBT,SSO,SSP	SSP-Geno		SSO-OL,SSP-Geno	SBT-At,SSP-Geno		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
138	SBT,SSO,SSP	SSO-Oli	SSO-Oli	SBT,SSO,SSP		SSO-Oli	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
139									
142	SSO	SSO		SSO			SSO	SSO	
143	SBT-SeC			SBT-SeC			SBT-SeC	SBT-SeC	SBT-SeC
144	SBT-Pro		SSO-Lab	SBT-Pro			SBT-Pro	SBT-Pro	SBT-Pro
147	SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP	SSP-Ole		SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP
148	SBT-At,SSP-Invit	SBT-Qia		SBT-Pro	SBT-At		SBT-At,SSP-Invit	SBT-At,SSP-Invit	SBT-At
151	SBT-SeC						SBT-SeC	SBT-SeC	
152	SSP-OL						SSP-OL	SSP-OL	
155							SBT,SSP-Invit	SBT,SSP-Invit	SBT,SSP-Invit
156	SBT,SSO,SSP			SBT,SSO,SSP			SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
158	SSO-OL	SSP-Invit	SSO-OL	SSP-OL	SSP-Invit		SSP-Ole	SSP-Ole	SSP-Ole
160									
162	SBT,SSP			SBT,SSP			SBT,SSP		
164	LIPA						LIPA		
167									
168	SSO-Wak						SSO-Wak	SSO-Wak	
173	SSO-Lum		SSO-Lum,Dy	SSO-Lum,Dy			SSO-Lum	SSO-Lum	
174									
175	SSO-Invit			SSO,SSP-Invit			SSO,SSP-Invit	SSO,SSP-Invit	SSO,SSP-Invit
176	SBT-Cap			SBT-Cap			SBT-Cap	SBT-Cap	SBT-Cap
179	SBT	SSO	SBT	SSO			SBT	SBT	SBT
180									
185	SBT-inh			SBT-inh			SBT-inh	SBT-inh	SBT-inh
186									
187									
188	SOONELAMBDA-SBTATRIA								
189	SSO-Oli	SSO-Oli	SSO-Oli	SSO-Oli			SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
190	SSP	SSP		SSP			SSP	SSP	SSP
192	SSP,SBT	SSP		SSP,SBT	SSP,SBT		SSP,SBT	SSP,SBT	SSP,SBT
193	SSO-OL						SSO-OL	SSO-OL	
195	SSO-Lab,SSP-Ole	SSP-Ole	SSO-Lab,SSP-Ole	SSO-Lab,SSP-Ole	SSP-Ole		SSO-Lab,SSP-Ole	SSO-Lab,SSP-Ole	SSO-Lab,SSP-Ole
199									
200									
201	SSP-Invit	SSP-Ole,Invit	SSP-Invit	SSP-Ole	SSP-Invit		SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
205	SBT,SSO,SSP	SSO-OL,SSP-Invit	SSO-OL,SSP-Invit	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SSO-OL,SSP-Invit	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
206	SSO-OL						SSO-OL	SSO-OL	
207	SSO,SSP	SSP	SSO	SBT,SSO	SSO,SSP		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
208	SBT-Invit						SBT-Invit	SBT-Invit	
209	SSP-Ole,SSO-OL	SSP-Ole		SSP-Ole	SSP-Ole		SSP-Ole,SSO-OL	SSP-Ole,SSO-OL	SSP-Ole,SSO-OL
210									
212									
213	SBT-At						SBT-At	SBT-At	SBT-At
214							Custom	Custom	Custom
215	SSP-Bio	SSP-Bio					SSP-Bio	SSP-Bio	SSP-Bio
218	SBT-inh,SSP			SBT-inh,SSP			SBT-inh,SSP	SBT-inh,SSP	SBT-inh,SSP
220									
222	SSP-Invit	SSP-Invit		SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	
224	SSP-Invit	SSP-Invit		SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	
225	SSP	SSP		SSP			SSP	SSP	SSP
226	SBT,SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab	SBT,SSO-Lab	SBT,SSO-Lab	SSO-Lab	SBT,SSO-Lab	SBT,SSO-Lab	SBT,SSO-Lab
227	SBT-Ab,SSO-OL			SBT-Ab,SSO-OL			SBT-Ab,SSO-OL	SBT-Ab,SSO-OL	SBT-Ab,SSO-OL
228	SSP-DYNAL	SSP-DYNAL		SSP-BAG					
229									
230	SBT-Life	SSO-OL	SSP-Ole				SBT-Life	SSO-Lum	SSP-Ole
232	SSO-Lum			SSO-Lum			SSO-Lum	SSO-Lum	SSO-Lum
234	SBT,SSO,SSP		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
235	SSP-GTI	SSP-GTI		SSP-GTI			SSP-GTI	SSP-GTI	SSP-GTI
236									
237	SSP-Uni	SSP-Uni	SSP-Uni	SSP-Uni			SSP-Uni	SSP-Uni	SSP-Uni
238	SBT,SSP	SBT,SSP		SBT,SSP					
239	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL
240	SSP,SSO-OL		SSP,SSO-OL	SSP,SSO-OL			SSP,SSO-OL	SSP,SSO-OL	SSP,SSO-OL
242									
244							SSP-Ole	SSP-Ole	SSP-Ole
246	SSP-Invit			SSP-Invit					
249	SBT-Bio			SBT-Bio	SBT-Bio		SBT-Bio	SBT-Bio	SBT-Bio
250	SSP-Invit	SSP-Invit		SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	
251									
252	SSP-Invit,Uni	SSP-Invit,Uni		SSP-Invit,Uni			SSP-Invit,Uni	SSP-Invit,Uni	SSP-Invit,Uni



# PARTICIPANTS AND METHODS

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus
255	SSO-Inno						SSO-Inno	SSO-Inno	
257									
258	SBT,SSP-Gen			SBT,SSP-Gen			SBT,SSP-Gen	SBT,SSP-Gen	SBT,SSP-Gen
259	SSP-Invit,Uni			SSP-Invit,Uni			SSP-Invit,Uni	SSP-Invit,Uni	
260	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP-Invit	SSP,SSO			SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO
262	SSP-Pro,SSO-Bio	SSP-Pro,SSO-Bio	SSP-Pro	SSP-Pro			SSP-Pro,SSO-Bio	SSP-Pro,SSO-Bio	SSP-Pro,SSO-Bio
263	SSO-Tep			SSO-Tep	SSO-Tep		SSO-Tep	SSO-Tep	SSO-Tep
264	SBT			SBT	SBT	SBT	SBT	SBT	SBT
278	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO
401	SBT-Cel			SBT-inh	SBT-Cel				
452	SBT,SSO,SSP	SSP-Ole,Invit		SBT,SSO,SSP	SBT,SSP		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
519	SBT-At	SSO-Lum	SSP-Invit	SBT-At	SSP-Invit	SSO-Lum	SBT-At	SBT-At	SBT-At
615	SBT			SBT					
616	SSO-Lab						SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab
635	SSP-OL	SSP-OL		SSP-OL			SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL
702	SBT,SSO	SSP-Ole	SBT,SSO	SBT,SSO	SBT		SBT,SSO	SBT,SSO	SBT,SSO
714	SBT-Cel,SSO-OL			SBT-Cel,SSO-OL			SBT-Cel,SSO-OL	SBT-Cel,SSO-OL	SBT-Cel,SSO-OL
726	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO
732	SSO-OL,SBT-inh	SBT-inh		SSO-OL,SBT-inh			SSO-OL,SBT-inh	SSO-OL,SBT-inh	SSO-OL,SBT-inh
769	SBT,SSO,SSP	SSO,SSP		SSO,SSP	SBT,SSO,SSP		SBT,SSO,SSP	SSO,SBT	SBT,SSO,SSP
805	SBT,SSO,SSP			SSO-Gen,SBT-Cel			SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
1113	SSO-OL		SSO-OL	SSO-OL	SSP-Geno		SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
1189	SSP-Life	SSP-Life		SSP-Life	SSP-Life		SSP-Life	SSP-Life	SSP-Life
1212	SSP-Ole			SSP-Ole			SSP-Ole	SSP-Ole	
1251	SSO-Lab	SSP-Bio	SSO-Lab,SSP-Bio	SSO-Lab,SSP-Bio	SSP-Bio		SSO-Lab,SSP-Bio	SSO-Lab,SSP-Bio	SSO-Lab,SSP-Bio
1498	SBT,SSO-inh	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit		SBT,SSP-inh	SBT,SSP-inh	SBT,SSP-inh
1647	SBT-Life			SBT-Life			SBT-Life	SBT-Life	SBT-Life
1686									
1905	SBT,SSO,SSP	SSP-Invit		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SSO-OL	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
2004									
2013	SSO-Gen,SBT-Qia	SSO-Gen		SSO-Gen,SBT-Qia			SSO-Gen,SBT-Qia	SSO-Gen,SBT-Qia	SSO-Gen,SBT-Qia
2015							SBT-Abb,SSP-Geno	SBT-Abb,SSP-Geno	SBT-Abb,SSP-Geno
2063									
2347	SBT,SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
2411	SSO-OL,SSP-inh			SBT,SSO,SSP			SBT,SSO,SSP	SSO-OL,SSP-inh	SBT,SSO,SSP
2518	SBT-Invit,SSP-OL	SSP-OL		SBT-Invit,SSP-OL			SBT-Invit,SSP-OL	SBT-Invit,SSP-OL	SBT-Invit,SSP-OL
2549	SBT,SSO,SSP	SSP-Invit	SSO-OL,SSP-Invit	SSO-OL,SSP-Invit	SBT-At		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT-At,SSP-Invit
3248									
3261	SBT-Qia			SBT-Qia	SSP-Ole				
3264	SBT,SSO,SSP	SSP-Ole	SSO-Ingen	SBT,SSO,SSP	SBT-At,SSP-Ole		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT-At,SSP-Ole
3324	SSP-Invit,Inh	SSP-Invit,Inh		SSP-Invit,Inh			SSP-Invit,Inh	SSP-Invit,Inh	SSP-Invit,Inh
3325	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit
3410	SBT,SSO,SSP			SBT,SSO,SSP			SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
3438	In-house			In-house			SSO-Ab,Life,OL	SSO-Ab,Life,OL	SSO-Ab,Life,OL
3522									
3582	SBT,SSO	SBT,SSO	SSO-Tep	SBT,SSO	SBT,SSO		SBT,SSO	SBT,SSO	SBT,SSO
3614	SSO-OL		SSO-OL	SSO-OL			SSO-OL,SSP	SSO-OL,SSP	SSO-OL,SSP
3625	SBT,SSP	SSP		SBT	SBT,SSP		SBT,SSP	SBT,SSP	SBT,SSP
3807	SBT-Life			SBT-Life	SBT-Life		SBT-Life	SBT,SSP-Life	SBT-Life
3849	SSO-inh	SSO-inh	SSO-inh	SSO-inh	SSO-inh	SSO-inh	SSO-inh	SSO-inh	SSO-inh
4237									
4281									
4420	WakFlow						WakFlow	WakFlow	WakFlow
4545	SBT-Cel,SSO-Oli	SSO-Oli	SSO-Oli,SSP-Invit	SBT-Cel,SSO-Oli	SBT-Cel,SSO-Oli		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
4551	SSO-OL,SSP-Ole	SSP-Ole	SSO-OL	SSO-OL,SSP-Ole	SSP-Ole		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
4585	SSO-Lab		SSO-Lab	SSO-Lab,SSP-inh			SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab
4613							SBT-Abb,SSP-Ole	SBT-Abb,SSP-Ole	SBT-Abb,SSP-Ole
4653	SBT-CTS	SSP-Ole		SBT-CTS	SSP-Ole		SBT-CTS	SBT-CTS	SBT-CTS
4709									
5204									
5982									
6051	SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab	SSO-Lab
6313	SBT-At,SSO-Inno			SBT-At,SSO-Inno			SBT,SSO-Inno	SBT,SSO-Inno	SBT,SSO-Inno
9221	SSP-Invit,SSO-OL	SSP-Invit,SSO-OL	SSO-OL	SSP-Invit,SSO-OL	SSP-Invit		SSP-Invit,SSO-OL	SSP-Invit,SSO-OL	SSP-Invit,SSO-OL
197H	SBT-At,SSP-Invit			SBT,SSO,SSP	SBT-At,SSO-OL		SBT-At,SSP-Invit	SBT-At,SSP-Invit	SBT-At,SSP-Invit
197L	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
4582H	SSO-Invit,SSP-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-Invit,SSP-OL	SSO-Invit,SSP-OL	SSO-OL	SSO-Invit,SSP-OL	SSO-Invit,SSP-OL	SSO-Invit,SSP-OL
4582L	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
5720H	SBT-Pro	SBT-Pro		SBT-Pro	SBT-At		SBT-Pro	SBT-Pro	SBT-Pro
5720L	SSO-Lifecodes	SSO-OL		SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL