

UCLA INTERNATIONAL HLA DNA EXCHANGE

109TH SUMMARY



SEPTEMBER 21, 2011

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

DNA Sample	
#675	#678
#676	#679
#677	#680

DNA #675

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	01:03	69:01	200/200	143/143	94/98
B*	51:01	73:01	192/197	131/133	90/97
C*	15:05	16:02	151/152	102/103	76/94
DRB1*	11:01	15:01	189/189	134/134	85/100
DRB3*	02:02		57/57	29/29	6/8
DRB5*	01:01		54/56	28/28	6/8
DQA1*	01:02	05:05	60/60	39/39	4/6
DQB1*	03:01	05:02	172/173	133/134	73/76
DPB1*	03:01:01G		37/37	36/36	22/23
DPA1*	01:03		10/10	9/9	0/0

Agreement for this sample was greater than 98%.

This cell was previously typed as DNA#144 in 1996. Several alleles have been updated in this retyping, including DRB1*15:02 to DRB1*15:01, DQA1*05:01 to DQA1*05:05, A*01:01 to A*01:03, B*51XX to B*51:01, and C*15XX to 15:05. Due to an ambiguity between DPB1*03:01:01 and DPB1*104:01, this cell was graded as homozygous DPB1*03:01:01G.

B*73:01 was most likely acquired from an archaic human group, the Denisovans, and differs from all other HLA-B genes in a ~9kb sequence as noted in *The Shaping of Modern Human Immune Systems by Multiregional Admixture with Archaic Humans* (L. Abi-Rached, et al. Science 2011; Publ. Online. Retrieved from www.sciencemag.org/content/early/2011/08/19/science.1209202).

Discrepancies or ambiguities reported:

B*: 07XX, 51:01:01/2

Not excluded: 51:24/50

C*: 15:04

Not excluded: 15:04/29

DRB1*:

Not excluded: 11:06/10/61/75/90/97/100,
15:03/6/42/45/46

DRB3*:

Not excluded: 02:23

DRB5*: 4*01XX

Not excluded: 01:14

DQA1*: 05:01/3

Not excluded: 05:01/9/10

DQB1*: 05:03

Not excluded: 03:09/21/27/29

DNA #676 ASIAN

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	02:03	34:01	198/202	131/132	91/96
B*	15:02	44:03	199/206	136/137	92/96
C*	07:06	08:01	153/158	82/87	58/92
DRB1*	07:01	12:02	207/211	148/149	96/98
DRB3*	03:01		60/61	33/34	4/7
DRB4*	01:03		60/61	26/27	4/8
DQA1*	02:01	06:01	73/74	59/60	5/6
DQB1*	02:02	03:01	165/170	120/121	69/74
DPB1*	02:02	04:01	76/80	71/75	41/44
DPA1*	01:03	02:02	18/18	16/16	0/0

Agreement for this Asian sample was 95%.

C*07:01 was incorrectly assigned by 2 labs and could not be excluded by 5 labs. C*07:06 differs from C*07:01 in exons 5 and 6, as well as in intron 3, intron 4, and the 3' UTR.

Six labs were unable to exclude the rare A*34:05 from A*34:01. The alleles differ at codon 125 (GCC->TCC, Ala->Ser). The substitution does not occur at an antigen binding site, so there may be no clinical significance.

Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 02:01:01:01, 30XX, 66XX

Not excluded: 34:05

B*: 42XX, 44:02:01:01, 51XX

Not excluded: 15:112/214, 44:07/96

C*: 04:01, 07:01/18, 15:06, BLANK

Not excluded: 07:01, 08:22

DRB1*: 03XX, 12:01:01, 14XX

Not excluded: 07:13/15/18, 12:13/23

DRB3*: 01:01:02:01, BLANK

Not excluded:

DRB4*: 01:01:01:01, BLANK

Not excluded: 01:08

DQA1*: 04:01, BLANK

Not excluded: 06:02

DQB1*: 02:01:01, 04XX, 05XX

Not excluded: 02:01/3/6, 03:04/13/21/27/29

DPB1*: 02:01, 33:01, 100:01,

Not excluded: 120:01N

DNA #677 BLACK

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	02:02	30:01	195/198	123/124	85/96
B*	13:02	42:01	193/200	125/127	87/96
C*	08:04	17:01	157/157	109/109	72/90
DRB1*	03:02	12:01	193/195	129/129	77/100
DRB3*	01:01		58/58	30/30	6/8
DQA1*	01:05	04:01	66/66	39/39	3/6
DQB1*	04:02	05:01	180/185	143/144	74/76
DPB1*	01:01	11:01	77/77	75/75	46/46
DPA1*	02:01	02:02	18/18	16/16	0/0

Agreement for this sample was greater than 96%.

The DRB1*03:02-DQB1*04:02 association is commonly found in African-American populations, with a HF=0.05941, according to the NMDP Bioinformatics website, <http://bioinformatics.nmdp.org/HLA>.

This cell includes the most common African-American class I haplotype, A*30:01-B*42:01-C*17:01 (HF=0.02943). The other haplotype is likely A*02:02-B*13:02-C*08:04 (HF=0.00042). Both of these haplotypes are found in Hispanic populations, albeit at lower frequencies.

Discrepancies or ambiguities reported

A*: 02:01:01:01, 34XX

Not excluded: 02:155/186/209, 30:11/24, 92:15

B*: 13:01, 42XX, 51XX

Not excluded: 13:11/38, 42:04/10

C*:

Not excluded: 08:13, 17:02/3/5

DRB1*: 07XX, BLANK

Not excluded: 03:38, 12:06/9/10/17

DRB3*:

Not excluded: 01:12/15

DQA1*: 01:01/4

Not excluded: 01:01, 04:02/4

DQB1*: 02XX, 03XX, 04:01

Not excluded: 04:04, 05:07

DPB1*:

Not excluded: 127:01

DNA #678 CAUCASIAN

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	01:01		198/200	122/122	80/96
B*	07:02	57:01	186/187	107/108	71/96
C*	06:02	07:02	157/157	103/103	70/88
DRB1*	07:01	15:01	212/213	150/151	92/100
DRB4*	01:03N		61/62	37/38	4/7
DRB5*	01:01		57/58	29/29	5/7
DQA1*	01:02	02:01	73/74	59/60	6/6
DQB1*	03:03	06:02	169/171	124/126	63/74
DPB1*	04:01	13:01	73/73	69/69	42/44
DPA1*	01:03	02:01	16/16	14/14	0/0

Agreement for this sample was greater than 98%.

This cell contains the most common Caucasian DRB1-DQB1 association, DRB1*15:01-DQB1*06:02 (HF=0.14155), which is also frequently found in other ethnic groups. The other association is DRB1*07:01-DQB1*03:03 (HF=0.03642). The probable haplotypes are DRB1*07:01-DRB4*01:03N-DQB1*03:03-DQA1*02:01 and DRB1*15:01-DRB5*01:01-DQB1*06:02-DQA1*01:02, as previously typed in DNA#131 (1996), DNA#365 (2003), and DNA#450 (2005).

Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 11XX, 68XX

Not excluded: 01:01N

B*: 07:01

Not excluded: 07:61/82, 57:10/18/20

C*:

Not excluded: 06:11, 07:50

DRB1*: 15:25

Not excluded: 07:09/18, 15:03/42/46

DRB4*: 01:01:01:01

Not excluded:

DRB5*: 3*XX

Not excluded: 01:14

DQA1*: 01:01

Not excluded:

DQB1*: 03:15, 06:01:01, BLANK

Not excluded: 03:20/30/31, 06:11

DPB1*: 120:01N

Not excluded: 13:01, 120:01N

DNA #679 CAUCASIAN

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS Allele level
	#1	#2	low	high	
A*	02:01	23:01	177/177	96/96	67/96
B*	27:05	50:02	183/188	116/119	78/98
C*	02:02	06:02	160/160	107/107	81/92
DRB1*	04:06	16:01	207/208	146/147	90/100
DRB4*	01:03		58/58	25/25	3/7
DRB5*	02:02		57/58	33/34	6/7
DQA1*	01:02	03:03	69/69	45/45	5/6
DQB1*	04:02	05:02	175/177	131/133	70/74
DPB1*	06:01	11:01	76/76	74/74	44/44
DPA1*	01:03	02:01	14/14	12/12	0/0

Agreement for this sample was greater than 97%.

This sample contains several alleles that are relatively infrequent in Caucasoid populations: B*50:02, DRB1*04:06, and DQB1*04:02, which have gene frequencies of 0.00045, 0.005, and 0.04, respectively. Several investigators have proposed a strong linkage disequilibrium of the following alleles: B*50:02-C*06:02-DRB1*04:06-DQB1*04:02, as present in this cell. Additionally, a linkage disequilibrium between A*23:01 and B*50:02 has been found in Caucasians of Northern European origin as described in *Characterization of the B*5002-Cw*0602-DRB1*0406-DQB1*0402 Haplotype: impact on the unrelated-bone marrow donor search strategy* (H. Ansart-Pirenne, et al. Tissue Antigens 2001; 57(2):163-6). This is the first cell typed in the DNA Exchange with this extended haplotype.

B*50:02 was previously typed in a Hispanic cell, DNA #280, in 2000.

Discrepancies or ambiguities reported:

A*:	Not excluded: 02:01L/9/60, 23:17
B*: 07XX, 27:03/4, 35XX, 45:01	Not excluded: 27:03/13
C*:	Not excluded: 02:10/29
DRB1*: 04:01:01	Not excluded: 04:49/85, 16:13N/15
DRB4*: 01:01:01:01	Not excluded:
DRB5*: 01:01:01	Not excluded:
DQA1*: 03:01/2, 05:02	Not excluded: 03:01
DQB1*: 04:01, 05:01:01	Not excluded: 04:04, 05:05

DNA #680 HISPANIC

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS Allele level
	#1	#2	low	high	
A*	11:01	29:02	187/189	109/110	80/96
B*	35:08	45:01	187/189	110/111	83/96
C*	04:01	06:02	151/151	93/93	68/90
DRB1*	04:02	07:01	209/211	148/149	92/100
DRB4*	01:01	01:03	104/105	36/37	6/14
DQA1*	02:01	03:01	65/65	39/39	5/6
DQB1*	02:02	03:02	162/163	115/116	68/74
DPB1*	02:01	09:01	71/71	69/69	42/44
DPA1*	01:03	02:01	14/14	12/12	0/0

Agreement for this sample was greater than 98%.

The probable associations in this cell are DRB1*04:02-DQB1*03:02 and DRB1*07:01-DQB1*02:02. The class I haplotypes are likely A*29:02-B*45:01-C*06:02 (HF=0.00241) and A*11:01-B*35:08-C*04:01 (HF=0.00052).

B*35:08 was also found in DNA#177 (1997), DNA#299 (2001), and DNA#432 (2004).

Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 29XX, 29:01:01:01	Not excluded: 11:21N/30/33, 29:06/9/10/21/26
B*: 35:01:01, 41XX	Not excluded: 35:45/100, 45:04/7/13
C*:	Not excluded: 04:07/9N/28/30/54/82, 06:09/37
DRB1*: 04:01:01, 08XX	Not excluded: 04:14, 07:15/18
DRB4*: 01:01:01:01	Not excluded: 01:03, 01:03N
DQA1*:	Not excluded: 03:02
DQB1*: 02:01:01	Not excluded: 02:01/6, 03:32
DPB1*: 08XX, 10XX, 46XX, 86XX	Not excluded: 123:01

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 #675

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	11	15	302	501	01	05	03	05	030101G	BLANK	0103	BLANK	01	69	51	73	15	16
16	1101/97	150101	30202	50101/14	0102	0505/9	0301/27	0502	030101G	BLANK	0103	BLANK	0103	6901	510101	7301	1505/29	160201
80	11	15	30202	501	01	05	03	05					01	69	51	73	15	16
124	1101/97	1501	30202	50101	0102	0505/9	0301	0502	03	BLANK			0103	6901	51	7301	1505/29	1602
134	1101	1501	30202	50101			0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
138	1101	1501	302	501	01	05	0301	0502	0301	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
139	11	15	302	501									0103	6901	51	7301		
142	11	15	302	501			03	05					01	69	51	73		
144	1101/97	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
148	110101G	1501	30202	50101			0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
151	1101	1501	3	5									0103	6901	5101	7301		
152	11	15											01	69	51	73		
156	1101/97	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
158	1101	1501	30202	50101	0102	05	0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
162	110101	150101					030101G	050201					0103	6901	510101	7301	1505	1602
164	11	15											01	69	51	73		
167	110101	150101					030101	050201	030101G	BLANK			0103	6901	510101	7301	150501	160201
168	11	15											01	69	51	73		
173	1101/10	1501/6			0102	0501/3	0301/9	0502					01	69	51	73		
174	1101	1501											0103	6901	5101	7301		
175	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	15	16
176	1101	1501											0103	6901	5101	7301	1505	1602
179	11	15			0102	05	03	0502					0103	6901	51	7301	1505	1602
185	110101/6	150101G					03	050201					0103	6901	510101G	7301	150501G	160201G
187	1101/75	1501/42			0102	05	0301	0502					0103	6901	51	7301	15	16
188	1101P	1501																
189	1101	1501	30202	50101/14	0102	0505/9	0301	0502	0301	BLANK	0103	BLANK	0103	6901	5101	7301	1505	1602
190	11	15	3	5			03	05					01	69	51	73	15	16
192	1101	1501	30202	50101			0301	0502	0301	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
193	1101	1501											0103	6901	5101	7301		
195	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
199	NT	NT	NT	NT			NT	NT										
200	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
205	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0502	030101G	BLANK	0103	BLANK	0103	6901	5101	7301	1505	1602
206	11	15											01	69	51	73		
207	1101/100	1501	30202	50101			0301	0502	030101	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
208	1101	1501											0103	6901	5101	7301		
209	11	15	3	5			03	05					01	69	51	73	15	16
214													0103	6901	510101	510101	1505/29	160201
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
222	11	15	302	401			03	05					01	69	51	07		
224	11	15	302	401			03	05					01	69	51	07		
225	NT	NT	NT	NT			NT	NT					NT	NT	NT	NT	NT	NT
226	NT	NT			NT	NT	NT	NT					NT	NT	NT	NT	NT	NT
227	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
228	1101	1501	30202	50101			0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
230	1101	1501	30202	50101	01	05	0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
232	11	15					03	05					01	69	51	73	15	16
234	1101/90	1501/46	NT	NT	NT	NT	0301/27	0502					0103	6901	5101/24	7301	1504	1602
235	11	15	3	5			03	05					01	69	51	73	15	16
237	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT		
238	1101	1501	30202	50101	0102	05	0301	0502					0103	6901	5101	7301	1504/5	1602
239	1101/61	1501/45	30202	50101	0102	0505	0301/21	0502	030101G	BLANK	0103	BLANK	01	69	51	73	15	16
240	1101	1501			0102	0505	0301	0502					0103	6901	5101	7301	1504/5	1602
246	1101	1501											01	69	51	07	15	16
247	1101	1501			0102	0505	0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	510101	7301	150501	160201
249	110101	150101					030101	050201	030101G	BLANK			01	69	51	73		
250	11	15	3	5			03	05					NT	NT	NT	NT		
251	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT		
252	11	15	3	5			0301	05					01	69	51	73	15	16
255	11	15	3	5									01	69	51	73		
258	110101	150101					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	160201
278	1101	1501	30202	50101	0102	0505/9	0301/27	0502	030101G	BLANK	0103	BLANK	0103	6901	5101	7301	1505	1602
401	1101/97	1501			0102	0505/9	0301/29	0502	0301	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
452	110101G	1501	30202	50101			0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
519	1101/97	1501	302	501	0102	0505	0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
615	110101G	1501	30202	50101			030101G	050201G	030101G	BLANK								
616	11	15											01	69	51	73		
635	11	15	3	5			03	05					01	69	51	73	15	16
702	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0502	0301	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
714	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
726	1101	1501	302	501			0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
732	1101/97	150101	3020201	5010101			03	050201					0103	6901	510101	7301	1505/29	160201
769	1101/97	1501	30202	50101			0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602

DNA #675

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
805	1101	1501					0301	0503					0103	6901	5101	7301	1505	1602
1113	1101	1501	302	50101			0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
1189	1101	1501	30202	50101			0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
1212	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
1251																		
1498	1101	1501	30202/23	50101	0102	0505/10	0301/21	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
1647	11	15	302	5			03	05					01	69	51	73	15	16
1686	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0502	030101G	BLANK	0103	BLANK	0103	6901	51	7301	1505	16
1905	1101	1501	30202/23	50101			0301	0502	0301P	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
2013	1101	1501	302	501			03	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
2063	1101/97	150101G	30202	50101/14	0102	0505/9	03	0502					0103	6901	510101	7301	1505/29	160202
2347	1101	1501	3	5	01	05	0301	0502	030101G	BLANK	0103	BLANK	0103	6901	5101	7301	1505	1602
2411	1101	1501					0301	0502					0103	6901	51	7301	15	16
2518	1101	1501	NT	NT			0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
3261	1101	1501	302	501			0301	0502	030101G	BLANK								
3264	11	15	NT	NT	NT	NT	03	05	NT	NT			01	69	51	73	15	16
3324	1101/97	1501	302	501	0102	0501/5	0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
3325	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
3410	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
3438	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
3582	1101	1501	30202	50101			0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
3614	1101	1501			0102	05	0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
3625	1101/97	1501	3	5	0102	05	0301	0502	0301	BLANK			0103	6901	5101/50	7301	1505/29	16
3807	11	1501					0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505/29	1602
3849	1101/97	1501	302	50101	0102	0505/10	0301	0502					01	6901	51	7301	1505/29	16
4420	1101	1501/3											0103	6901	5101	7301	1505	1602
4545	1101	1501	30202	501	0102	05	0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	150501G	1602
4551	1101	1501	NT	NT	NT	NT	0301	0502	NT	NT			01	69	51	73	15	16
4585	11	15			01	05	0301	0502					01	69	51	7301	15	16
4653	1101	1501											0103	6901	51	7301	15	16
5204	110101G	1501					030101G	0502					0103	6901	5101	7301	150501G	1602
6051	1101	1501			0102	0505/9	0301	0502	0301	BLANK	0103	BLANK	0103	6901	5102	7301	15	16
6313	1101	1501					0301	0502					0103	6901	5101	7301	1505	1602
9221	11	15	3	5			03	05	NT	NT			01	69	51	73	15	16
197H	1101	1501					0301	0502	030101G	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
197L	11	15	3	501	0102	0505	03	0502					0103	6901	51	7301	15	16
4582H	1101	1501	30202	50101	0102	0505/9	0301	0502	NT	NT	0103	BLANK	0103	6901	5101	7301	1505	1602
4582L	11	15	302	501	01	05	03	05	NT	NT	01	BLANK	01	69	51	73	15	16
5720H	1101	1501	30202	50101			0301	0502	0301P	BLANK			0103	6901	5101	7301	1505	1602
5720L	11	15	302	501			03	05					01	69	51	73	15	16

DNA #676

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus			
805	0701	1202		0202	0301		0203	3401	1502	4403	0701	0801
1113	0701	1202	30301	40103			0203	3401	1502	4403	0706	0801
1189	0701	1202	30301	40103			0203	3401	1502	4403	0706	0801/22
1212	0701	1202	30301	40103			0203	3401	1502	4403	0706	0801
1251	0701/18	1202/23	30301	40103/8	0201	0601	0202/6	03	0202	0401		
1498	0701	1202	30301	40103	0201	0601	0202/6	0301/21	0202	0401/12001N		
1647	07	12	BLANK	4			02	03				
1686	0701	1202	30301	40103	0201	0601	0202	0301	0202	0401	0103	0202
1905	0701	1202	30301	40103			0202	0301	0202	0401P		
2013	0701	1202	30205/3	401			0202	03				
2063	070101	120201	30301	401	0201	0601	0202/6	03				
2347	0701	1202	3	4	02	06	0202	0301	0202	040101G	0103	0202
2411	0701	1202					0202	0301				
2518	0701	1202	NT	NT			0202	0301				
3261	0701	1202	303	401			0202	0301	0202	0401		
3264	07	12	NT	NT	NT	NT	02	03	NT	NT		
3324	0701	1202	303	401	0201	0601	0202	0301	0202	0401		
3325	0701	1202	30301	40103	0201	0601	0202	0301				
3410	0701	1202					0202	0301				
3438	0701	1202					0202	0301				
3582	0701	1202	303	401			0202	0301	0202	040101G		
3614	0701	1202			0201	0601	0202	0301				
3625	0701	1202	3	4	0201	BLANK	0202	0301/13	0202	0401		
3807	0701	1202					0202/3	0301/4	02	04		
3849	0701	1202	303	401	0201	0601	0202	0301				
4420	0701	1202										
4545	0701	1202	30301	401	0201	0601	0202	0301	0202	0401		
4551	0701/18	1202/23	NT	NT	NT	NT	0202	0301	NT	NT		
4585	07	12			0201	0601	0202	0301				
4653	0701	1202										
5204	0701	1202					0202	030101G				
6051	0701	1202			0201	0601	0202	0301	0202	0401	0103	0202
6313	0701	1202					0202	0301				
9221	07	12	3	4			02	03	NT	NT		
197H	0701	1202					0202	0301	0202	0401		
197L	07	12	30301	401	0201	0601	02	03				
4582H	0701	1202/23	30301	401	0201	0601	0202	0301	0202	0401	0103	0202
4582L	07	12	303	401	02	06	02	03	02	04	01	02
5720H	0701	1202	30301	40103			0202	0301	0202	0401		
5720L	07	12	303	401			02	03				

DNA #677

CENTER	DRB1	DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus		
7	03	12	301	BLANK	01	04	04	05				02	30	13	42	08	17	
16	030201	120101/6	30101	BLANK	0101/4	0401	0402	0501	010101	110101	0201	0202	0202	300101	130201	420101	0804	170101/2
80	03	12	30101	BLANK	01	04	04	05				02	30	13	42	08	17	
124	0302	12	30101	BLANK	01	0401	0402	0501	0101	1101		0202	3001/24	1302/38	4201	0804	17	
134	0302	1201	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
138	0302	1201	301	BLANK	01	04	0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
139	03	12	301	BLANK								02	30	13	42			
142	03	12	301	BLANK								02	30	13	42			
144	0302	12					0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701/2	
148	0302	1201	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804/13	170101G	
151	0302	1201/10	3	BLANK								0202	3001	1302	4201			
152	03	12										02	30	13	42			
156	0302	1201/17					0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701	
158	0302	1201	30101	BLANK	01	0401	0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
162	030201	120101G					0402	050101				0202	300101	1302	4201	0804	170101G	
164	03	12										02	30	13	42			
167	030201	120101					040201	050101	010101	110101		0202	300101	130201	420101	0804	170101	
168	03	12										02	30	13	42			
173	0302	1201/6			0101/4	0401/2	0402	0501				02	30	13	42			
174	0302	1201/10										0202	3001	1302	4201			
175	0302	1201					0402	0501				0202/9215	3001	1302	4201	08	17	
176	0302	1201										0202	3001	1302	4201	0804	1701	
179	0302/38	12			01	04	0402	0501				0202	3001/24	1302/11	4201/4	0804/13	17	
185	030201	120101G					0402	0501				0202	300101G	130201G	420101	0804/13	1701/5	
187	0302	1201/6			0101/4	0401	0402	0501				02	30	13	42	0804	17	
188	0302	1201P																
189	0302	1201	30101	BLANK	01	0401	0402	0501	NT	NT	NT	NT	0202	3001	1302	4201	0804	1701
190	03	12	3	BLANK			04	05				02	30	13	42	08	17	
192	0302	1201	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
193	0302	1201/10										0202	3001	1302	4201			
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT		NT	NT	NT	NT	NT	NT	
199	03	12	3	BLANK			04	05										
200	0302	1201					0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	17	
205	0302	1201/17	30101	BLANK	0105	0401	0402	0501	0101	1101	0201	0202	0202	3001	1302	4201	0804	1701
206	03	12										02	30	13	42			
207	0302	12	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
208	0302	1201/10										0202	3001	1302	4201			
209	0302	1201	30101	BLANK			0402	05				0202	3001	1302	42	08	1701	
214												02	30	130201	420101	08	17	
215	NT	NT	NT	NT								NT	NT	NT	NT	NT	NT	
218	0302	1201					0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701	
222	07	12	301	401			02	03				02	34	51	44			
224	07	12	301	401			02	03				02	34	51	44			
225	030201	120101	301010201	BLANK			0401	050101				02010101	300101	1301	4201	0804	1701	
226	03	12			01	04	04	05				02	30	13	42	08	17	
227	0302	1201					0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701	
228	0302	1201	301	BLANK			0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701	
230	0302	1201	30101	BLANK	01	04	0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
232	03	12					04	05				02	30	13	42	08	17	
234	0302/38	1201/9	NT	NT	NT	NT	0402	0501	NT	NT		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
235	03	12	3	BLANK			04	05				02	30	13	42	08	17	
237	03	12					04	05				02	30	13	42			
238	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT										
239	0302	1201/10	30101	BLANK	0105	0401	0402	0501/7	0101	1101	0201	0202	02	30	13	42	08	17
240	0302	1201			0105	0401	0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701	
246	0302	1201										02	30	51	42	08	17	
247	0302	1201			0105	0401	0402	0501										
249	030201	1201/10					040201	050101	010101	110101		0202	300101	130201	420101	0804	170101	
250	03	BLANK	3	BLANK			04	05				02	30	13	42			
251	NT	NT					NT	NT				NT	NT	NT	NT			
252	0302	12	3	BLANK			04	05				02	30	13	42	08	17	
255	03	12	3	BLANK								02	30	13	42			
258	030201	1201/10					040201	050101				0202	3001	130201	420101	0804	1701/2	
278	0302	1201	30101	BLANK	01	0401	0402	0501	0101	1101	0201	0202	0202	3001	1302	4201	0804	1701
401	0302	1201			01	0401	0402	0501	0101	1101								
452	0302	1201	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
519	0302	1201/6	301	BLANK	0105	0401	0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701/3	
615	0302	120101G	3010102G	BLANK			0402	0501	0101	1101								
616	03	12										02	30	13	42			
635	03	12	3	BLANK			04	05				02	30	13	42	08	17	
702	0302	1201	30101	BLANK	0105	0401	0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	
714	0302	1201					0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701	
726	0302	1201	301	BLANK			0402	0501				0202	3001	1302	4201	0804	1701	
732	030201	1201/10	30101	BLANK			040201	050101				0202	300101	130201	420101	0804	1701	
769	0302	1201	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101		0202	3001	1302	4201	0804	1701	

DNA #677

CENTER	DRB1	DRB3/4/5			DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
805	0302	1201					0402	0501					0202	3001	1302	4201	0804	170101G
1113	0302	1201/10	30101/15	BLANK			0402	0501	0101	1101			0202/155	3001/11	1302	4201	0804	1701
1189	0302	1201/17	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	1701
1212	0302	1201/6	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	1701
1251	0302	12	30101	BLANK	0105	0401	0402	0501	0101/12701	1101			0202/209	30	13	4201	0804	1701
1498	0302	1201/6	30101/12	BLANK	0105	0401	0402/4	0501/7	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	1701/2
1647	18	12	3	BLANK			04	05					02	30	13	42	08	17
1686	0302	12	30101	BLANK	0105	0401	0402	0501	0101	1101	0201	0202	0202	3001	1302	4201	0804	1701
1905	0302	1201	301	BLANK			0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	1701
2013	0302	1201	301	BLANK			04	05					0202	3001	1302	4201	0804	1701
2063	030201	120101	30101	BLANK	01	0401	0402	0501					0202	30	130201	420101	0804	1701
2347	0302	12	3	BLANK	01	04	04	05	0101	1101	0201	0202	02	30	13	42	08	17
2411	03	12					0402	0501					0202	3001	13	42	0804	1701
2518	0302	1201	NT	NT			0402	0501					0202	3001	1302	4201	0804	170101G
3261	0302	1201	301	BLANK			0402	0501	0101	1101								
3264	03	12	NT	NT	01	0401	0402	0501	NT	NT			02	30	13	42	NT	NT
3324	0302	1201	301	BLANK	0105	0401/4	0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	1701/2
3325	0302	1201	30101	BLANK	0105	0401	0402	0501					0202	3001	1302	4201	0804	1701
3410	0302	1201					0402	0501					0202	3001	1302	4201	0804	1701
3438	0302	1201/6					0402	0501					NT	NT	NT	NT	NT	NT
3582	0302	120101G	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	1701/2
3614	0302	120101G			01	0401	0402	0501					0202	3001	1302	4201	0804	1701
3625	0302	12	3	BLANK	NT	NT	0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	17
3807	0302	12					0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	17
3849	0302	12	301	BLANK	0105	0401	0402	0501					02	30	13	42	0804/13	17
4420	0302	1201											0202	3001	1302	4201	0804	1701/3
4545	0302	120101G	NT	NT	0105	0401	0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	170101G
4551	0302	1201	NT	NT	NT	NT	0402	0501	NT	NT			02	30	13	42	08	17
4585	0302/38	12			01	0401	0402	0501					02	30	13	4201/10	0804	17
4653	0302	12											02	30	13	42	0804	17
5204	0302	120101G					0402	0501					0202	3001	1302	4201	0804	170101G
6051	0302	12			0101/4	0401	0402	0501	0101	1101	0201	0202	0202	3001	1301	4201/10	0804	17
6313	0302	1201					0402	0501					0202	3001	1302	4201	0804	1701
9221	0302	12	3	BLANK			04	05	NT	NT			02	30	13	42	08	17
197H	0302	120101G					0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	170101G
197L	03	12	30101	BLANK	01	0401	0402	0501					02	30	13	42	0804	17
4582H	0302	1201/17	30101	BLANK	01	0401	0402	0501	0101	1101	0201	0202	0202/186	3001/24	1302	4201	0804	1701
4582L	03	12	301	BLANK	01	04	04	05	01	11	02	02	02	30	13	42	08	17
5720H	0302	1201P	30101	BLANK			0402	0501	0101	1101			0202	3001	1302	4201	0804	1701P
5720L	03	12	301	BLANK			04	05					02	30	13	42	08	17

DNA #678

CENTER	DRB1	DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus		
7	07	15	401	501	01	02	03	06				01	01	07	57	06	07	
16	070101	150101	40103N	50101/14	0102	0201	0303/30	0602/11	040101G	130101G	0103	0201	010101	010101	070201	570101	060201	070201/50
80	07	15	40103N	501	01	02	03	06					01	01	07	57	06	07
124	0701	1501	401	50101	0102	0201	0303	0602	04	13			01	01	07	57	06	07
134	0701	1501	401030102N	50101			0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
138	0701	1501	401	501	01	02	0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
139	07	15	401	501									01	01	07	57		
142	07	15	401	501			03	06					01	01	07	57		
144	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702/61	5701	0602	0702/50
148	07	15	NT	NT			NT	NT	NT	NT			01	01	07	57	NT	NT
151	0701	1501	4	5									0101	0101	0702	5701		
152	07	15											01	01	07	57		
156	0701	1501					0303/31	0602					0101	0101	0702/61	5701	0602	0702
158	0701	1501	40103N	50101	0102	0201	0303	0602	0401	1301			0101	0101	0701	5701	0602	0702
162	070101	150101					030302	0602					010101	010101	0702	5701	060201	070201G
164	07	15											01	01	07	57		
167	070101	150101					030302	060201	040101	1301			010101	010101	070201	570101	060201	070201
168	07	15											01	01	07	57		
173	0701/18	1501/46			0102	0201	0303	0602/11					01	01	07	57		
174	0701	1501											0101	0101	0702	5701		
175	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	06	07
176	0701	1501											0101	0101	0702	5701	0602	0702
179	0701/9	1501/3			0102	0201	03	0602					01	01	07	57	06	07
185	070101G	150101G					030303	060202					010101G	010101G	0702/82	5701/10	060201G	070201G
187	0701/18	1501/42			0102	0201	0303	0602					01	01	07	57	06	07
188	0701	1501																
189	0701	1501	40103N	50101/14	0102	0201	0303	0602	NT	NT	NT	NT	0101	0101	0702	5701	0602	0702
190	07	15	4	5			03	06					01	01	07	57	06	07
192	0701	1501	401030102N	50101			0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
193	0701	1501											0101	0101	0702	5701		
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
199	07	15	4	5			BLANK	06										
200	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
205	0701	1501	40103N	50101	0102	0201	0303	0602	0401	1301	0103	0201	0101	0101	0702/61	5701	0602	0702
206	07	15											01	01	07	57		
207	0701	1501	40103N	50101			0303/30	0602/11	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
208	0701	1501											0101	0101	0702	5701		
209	0701	1501	40103	50101			0303	0602					0101	0101	0702	57	0602	0702
214													010101	010101	07	57	06	07
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
222	07	15	401	501			03	06					01	01	07	57		
224	07	15	401	501			03	06					01	01	07	57		
225	07010101	1525	401010101	5010101			030302	060101					01010101	01010101	070201	570101	0602	07020101
226	07	15			01	02	03	06					01	01	07	57	06	07
227	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
228	0701	1501	40103	50101			0315	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
230	0701	1501	40103N	50101	01	02	0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
232	07	15					03	06					01	01	07	57	0602	07
234	0701	1501	NT	NT	NT	NT	0303	0602	NT	NT			0101	0101	0702	5701	0602	0702
235	07	15	4	5			03	06					01	01	07	57	06	07
237	07	15					03	06					01	01	07	57		
238	0701	1501	40103	50101	0102	0201	0303	0602					01	01	07	57		
239	07	15	4	5	NT	NT	0303	06	NT	NT	NT	NT	01	01	07	5701/20	06	07
240	0701	1501			0102	0201	0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602/11	0702
246	0701	1501											01	01	07	57	06	07
247	0701	1501			0102	0201	0303	0602										
249	070101	150101					030302	060201	040101	1301			010101	010101	070201	570101	060201	070201
250	07	15	4	3			03	06					01	01	07	57		
251	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT		
252	07	15	4	5			0303	06					11	68	07	57	06	07
255	07	15	4	5									01	01	07	57		
258	070101	150101					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
278	0701/18	1501	40103N	50101	0102	0201	0303/30	0602	0401/1301	130101G	0103	0201	0101	0101	0702	5701	0602	0702
401	0701	1501					0303	0602	0401	1301								
452	0701	1501	4010302N	50101			0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
519	0701	1501	401	501	0102	0201	0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702/61	5701	0602	0702/50
615	0701	1501	40103N	50101			030302G	0602	040101G	130101G								
616	07	15											01	01	07	57		
635	07	15	4	5			03	06					01	01	07	57	06	07
702	0701	1501	40103	50101	0102	0201	0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
714	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
726	0701	1501	401	501			0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
732	070101	150101	401030102N	5010101			0303/31	060201					010101	010101	0702/61	570101	060201	0702/50
769	0701	1501	401030102N	50101			0303	0602	040101G	1301			0101	0101	0702/61	5701	0602	0702

DNA #678

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
805	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
1113	0701	1501	40103N	50101			0303/30	0602/11	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
1189	0701	1501	401030102N	50101			0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
1212	0701	1501	40103	50101			0303	0602/11	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
1251	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
1498	0701	1501	401030102N	50101	0102	0201	0303/20	0602	0401/12001N	1301			0101/N	0101/N	0702/61	5701	0602	0702/50
1647	07	15	401030102N	5			03	06					01	01	07	57	06	07
1686	0701	1501	401030102N	50101	0102	0201	0303	0602	0401	1301	0103	0201	0101	0101	0702	5701	0602	0702
1905	0701	1501	401030102N	50101			0303	0602	0401P	1301P			0101	0101	0702	5701	0602	0702
2013	0701	1501	401	501			03	06					0101	0101	0702	5701	0602	0702
2063	0701	150101	40103N	50101/14	0102	0201	03	0602					01010101	01010101	0702/61	570101	0602	07
2347	07	15	40103N	5	01	02	0303	06	040101G	130101G	0103	0201	01	01	07	57	06	07
2411	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
2518	0701	1501	40103N	NT			0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
3261	0701	1501	40103N	501			0303	0602	0401	1301								
3264	07	15	NT	NT	0102	0201	03	06	NT	NT			01	01	07	57	NT	NT
3324	0701	1501	401030102N	501	0102	0201	0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702/61	5701	0602	0702/50
3325	0701	1501	40103	50101	0102	0201	0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
3410	0701	1501					0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
3438	0701	1501					0303	0602					NT	NT	NT	NT	NT	NT
3582	0701	1501	401	50101			0303	0602	040101G	130101G			0101	0101	0702/61	5701	0602	0702
3614	0701	1501			0102	0201	0303	0602					0101	0101	0702	5701	0602	0702
3625	0701	1501	4	5	0102	0201	03	0602	0401	1301			0101	0101	0702/61	5701	06	0702
3807	0701	1501					0303/30	0602/11	12001N	130101G			0101	0101	0702/61	5701	0602	0702/50
3849	0701	1501	40103N	50101	0102	0201	0303	0602					01	01	07	57	06	07
4420	0701	1501											0101	0101	0702	5701	0602	0702
4545	0701	1501	40103N	501	0102	0201	0303	0602	040101G	130101G			0101/1N	0101/1N	0702/61	5701	0602	0702/50
4551	07010101	1501	401030102N	50101	0102	0201	0303	0602	0401	1301			0101	0101	0702	5701	0602	0702
4585	07	15			0102	0201	0303	0602					01	01	07	57	06	07
4653	0701	1501											01	01	07	57	06	07
5204	0701	1501					030302G	0602					010101G	010101G	070201G	5701	0602	070201G
6051	0701	1501			0102	0201	0303	0602	0401	1301	0103	0201	01	01	07	5701/18	06	07
6313	0701	1501					0303	0602					01	01	07	57	06	07
9221	07	15	4	5			03	06	0401	1301			01	01	07	57	06	07
197H	0701	1501					0303	0602	0401	130101G			0101	0101	0702	5701	0602	0702
197L	07	15	40103N	501	0101	0201	03	06					01	01	07	57	06	07
4582H	0701	1501	401030102N	50101	0102	0201	030302	0602	0401	1301	0103	0201	0101	0101	0702	5701	0602	0702
4582L	07	15	401	501	01	02	03	06	04	13	01	02	0101	01	07	57	06	07
5720H	0701	1501	40103N	50101			0303	0602	0401	1301P			010101G	010101G	0702P	5701	0602	0702P
5720L	07	15	401	501			03	06					01	01	07	57	06	07

DNA #679

CENTER	DRB1	DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus		
7	04	16	401	502	01	03	04	05				02	23	27	50	02	06	
16	0406	160101	40103	50202	0102	0301/3	0402	0502	0601	110101	0103	0201	020101	230101/17	2705/13	5002	020202	060201
80	04	16	401	50202	01	03	04	05					02	23	27	5002	02	06
124	0406	1601	401	50202	0102	03	0402	0502	0601	1101			02	23	2705/13	5002	0202/29	06
134	0406	1601	40103	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
138	0406	1601	401	502	01	03	0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
139	04	16	401	502									02	23	27	50		
142	04	16	401	502			04	05					02	23	27	50		
144	0406	1601					0402	0502					0201	2301/17	2705	5002	0202	0602
148	04	16	NT	NT			NT	NT	NT	NT			02	23	27	5002	NT	NT
151	0406	1601	4	5									0201	2301/17	2705	5002		
152	04	16											02	23	27	50		
156	0406	1601					0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
158	0406	1601	40103	50202	0102	03	0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
162	040601G	160101					0402	050201					020101	230101	2705	5002	020202	060201
164	04	16											02	23	27	50		
167	0406	160101					040201	0502	0601	110101			020101	230101	270502	5002	020202	060201
168	04	16											02	23	27	50		
173	0406	1601			0102	0301/2	0402	0502					02	23	27	50		
174	0406	1601											0201/9	2301	2705	5002		
175	0406	1601					0402	0502/5					0201	2301	2705	5002	02	06
176	0406	1601											0201	2301	2705	5002	0202	0602
179	04	1601/15			0102	03	0402	0502/5					02	23	2705/13	5002	0202/29	0602
185	040601G	160101					040201	050201					020101G	230101G	270502G	5002	020202G	060201G
187	0406/85	1601			0102	0301/2	0402	0502					02	23	27	5002	02	06
188	0406	1601																
189	0406	1601	401	50202	0102	03	0402	0502	NT	NT	NT	NT	0201	2301	2705	5002	0202	0602
190	04	16	4	5			04	05					02	23	27	5002	02	06
192	0406	1601	40103	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
193	0406	1601											0201/9	2301	2705	5002		
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
199	04	16	4	5			04	05										
200	0406	1601					0402	0502					0201	2301/17	2705	5002	0202	0602
205	0406	1601	40103	50202	0102	0303	0402	0502	0601	1101	0103	0201	0201	2301/17	2705	5002	0202	0602
206	04	16											02	23	27	50		
207	0406	1601	NT	NT			0402	0502	NT	NT			02	23	27	50	02	06
208	0406	1601											0201	2301/17	2705	5002		
209	NT	NT	NT	NT			NT	NT					NT	NT	NT	NT	NT	NT
214													02	23	270502	5002	02	06
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	0406	1601					0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
222	04	16	401	502			04	05					02	23	27	50		
224	04	16	401	502			04	05					02	23	27	50		
225	040101	160101	401010101	5010101			0401	050101					0201010101	2301	2703	5002	020201	0602
226	04	16			01	03	04	05					02	23	27	50	02	06
227	0406	1601					0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
228	0406	1601	40103	50202			0402	0502										
230	0406	1601	40103	50202	01	03	0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
232	04	16					04	05					02	23	27	50	02	06
234	04	16	40103	50202	0102	0303	04	05	0601	1101			02	23	27	50	02	06
235	04	16	4	5			04	05					02	23	27	50	02	06
237	04	16					04	05					02	23	27	35		
238	0406	1601	40103	50202	0102	0303	0402	0502										
239	04	16	4	5	NT	NT	04	05	NT	NT	NT	NT	02	23	27	50	02	06
240	0406	1601			0102	0303	0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
246	0406	1601											02	23	27	07	02	06
247	0406	1601			0102	0303	0402	0502										
249	040601	160101					040201	050201	0601	110101			020101	230101	270502	5002	020202	060201
250	04	16	40103	5			04	05					02	23	27	50		
251	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT		
252	NT	NT	NT	NT			NT	NT					NT	NT	NT	NT	NT	NT
255	04	16	401	5									02	23	27	50		
258	0406	1601					040201	050201					020101	230101	2705	5002	0202	0602
278	0406	1601	40103	50202	0102	03	0402	0502	0601	1101	0103	0201	0201	2301	2705	5002	0202	0602
401	0406	1601			0102	03	0402	0502	0601	1101								
452	0406	1601	40103	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
519	0406	1601	401	502	0102	0303	0402	0502	0601	1101			0201	2301/17	2705/13	5002	0202	0602
615	040601G	1601	40101G	50202			0402	050201G	0601	1101								
616	04	16											02	23	27	50		
635	04	16	4	5			04	05					02	23	27	50	02	06
702	0406	1601	40103	50202	0102	0303	0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
714	0406	1601					0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
726	0406	1601	401	502			0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
732	0406	160101	401030101	50202			040201	050201					020101	2301/17	2705/13	5002	020202	060201
769	0406	1601	40103	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602

DNA #679

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
805	0406	1601					0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
1113	04	16	NT	NT			04	05	0601	1101			02	23	27	5002	02	06
1189	0406/49	1601	40103	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301/17	2705	5002	0202	0602
1212	NT	NT	NT	NT			NT	NT	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	0406	1601	40103	50202	0102	0303	0402/4	0502	0601	1101			0201/L	2301/17	2705/13	5002	0202	0602
1647	04	16	4	5			04	05					02	23	27	50	02	06
1686	0406	1601	40103	50202	0102	0303	0402	0502	0601	1101	0103	0201	0201	2301	2705	5002	0202	0602
1905	0406	1601	40103	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
2013	0406	1601	401	50202			04	05					0201	2301	2705	5002	0202	0602
2063	0406	160101	401	50202	0102	03	0402	0502					020101	230101	270502	5002	0202	060201
2347	04	16	4	5	NT	NT	04	05	0601	1101	NT	NT	02	23	27	50	02	06
2411	0406	1601					0402	0502					0201	2301	27	5002	0202	0602
2518	0406	1601	NT	NT			0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
3261	0406	1601	401	502			0402	0502	0601	1101								
3264	0406	1601	40103	50202	NT	NT	0402	0502	0601	1101			0201	2301	2705	5002	0202	0602
3324	0406	1601	401	502	0102	0303	0402	0502	0601	1101			0201	2301/17	2705/13	5002	0202	0602
3325	0406	1601	40103	50202	0102	0303	0402	0502					0201	2301	2704	4501	0202	0602
3410	0406	1601					0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
3438	0406	1601					0402	0502					0201	2301/17	2705/13	5002	0202	0602
3582	0406	1601	401	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301/17	2705	5002	0202	0602
3614	0406	1601			0102	03	0402	0502					0201	2301	2705	5002	0202	0602
3625	0406	1601	4	5	0102	03	0402	0502	0601	1101			0201	23	27	5002	02	06
3807	0406/49	1601					0402	0502	0601	1101			0201	2301/17	2705/13	5002	0202	0602
3849	0406	1601	401	50202	0102	0303	0402	0502					02	23	27	50	02	06
4420	0406	1601											0201/60	2301/17	2703/5	5002	0202/10	0602
4545	0406	1601	401	50202	0102	0303	0402	0502	0601	1101			0201	2301/17	2705/13	5002	0202	0602
4551	0406	1601	40103	50202	0102	03	0402	0502	0601	1101			0201	2301/17	2705/13	5002	0202	0602
4585	0406/85	1601/13N			0102	03	0402	0502					02	23	27	5002	02	06
4653	0406	1601											02	23	27	5002	02	06
5204	0406	1601					0402	0502					020101G	230101G	270502G	5002	0202	0602
6051	0406	1601			0102	0301	0402	0502	0601	1101	0103	0201	02	23	27	50	02	06
6313	0406	1601					0402	0502										
9221	04	16	4	5			04	05	0601	1101			02	23	27	5002	02	06
197H	0406	1601					0402	0502	0601	1101			0201	2301	270502G	5002	0202	0602
197L	04	16	401	50202	0102	0502	0402	0502					02	23	27	5002	02	06
4582H	0406	1601	401	50202	0102	03	0402	0502	0601	1101	0103	0201	0201	2301	2705	5002	0202/29	0602
4582L	04	16	401	502	01	03	04	05	06	11	01	02	02	23	27	50	02	06
5720H	0406	1601	40103	50202			0402	0502	0601	1101			0201	2301P	2705P	5002	0202	0602
5720L	04	16	401	502			04	05					02	23	27	50	02	06

DNA #680

CENTER	DRB1	DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
7	04	07	401	401	02	03	02	03				11	29	35	45	04	06
16	0402	070101	40101	40103	0201	0301/2	0202/6	0302/32	020102	0901	0103	0201	110101	290201	350801	4501	0401
80	0402	07	401	401	02	03	02	03				11	29	35	45	04	06
124	0402	0701	401	401	0201	03	0202	0302	0201	0901		11	2902/26	3508	45	04	06
134	0402	0701	40101	40103			0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602
138	0402	0701	401	401	02	03	0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602
139	0402/14	07	401	401								11	29	3508/45	45		
142	04	07	401	401			02	03				11	29	35	45		
144	0402	0701					0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401/30	0602
148	04	07	NT	NT			NT	NT	NT	NT		11	29	35	45	NT	NT
151	0402	0701	4	4								1101	2902	3508	4501		
152	04	07										11	29	35	45		
156	0402	0701					0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401	0602
158	0402	0701	40101	40103	0201	03	0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602
162	0402	070101					0202	030201				110101	290201	350801	4501	0401	0602
164	04	07										11	29	35	45		
167	0402	070101					0202	030201	020102	0901		110101	290201	350801	4501	040101	060201
168	04	07										11	29	35	45		
173	0402	0701/15			0201	0301/2	0201/2	0302				11	29	35	45		
174	0402	0701										1101	2902	3508	4501		
175	0402	0701					0202	0302				1101	2902	3508	4501	04	06
176	0402	0701										1101	2902	3508	4501	0401	0602
179	0402	0701			0201	03	0202	0302				1101/21N	2902/6	3508/45	45	04	0602/9
185	0402	070101G					0202	030201				110101G	290201G	3508/45	4501/4	0401/54	0602/9
187	0402	0701			0201	0301/2	0202/6	0302/32				11	29	35	45	04	06
188	0402	0701															
189	0402	0701	401	401	0201	03	02	0302	NT	NT	NT	NT	1101	2902	3508	4501	0401
190	04	07	4	4			02	03				11	29	35	45	04	06
192	0402	0701	40101	40103			0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602
193	0402	0701										1101	2902/10	3508	4501		
195	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT		NT	NT	NT	NT	NT	NT
199	04	07	4	4			02	03									
200	0402	0701					0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401	0602
205	0402	0701	40101	40103	0201	0301	0202	0302	0201	0901	0103	0201	1101	2902	3508	4501	0401
206	04	07										11	29	35	45		
207	0402	07	NT	NT			0202/6	0302/32	NT	NT		11	29	35	45	04	06
208	0402	0701										1101	2902	3508	4501		
209	NT	NT	NT	NT			NT	NT				NT	NT	NT	NT	NT	NT
214												11	29	35	45	04	06
215	NT	NT	NT	NT								NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	0402	0701					0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401	0602
222	04	07	401	401			02	03				11	29	35	45		
224	04	07	401	401			02	03				11	29	35	45		
225	040101	07010101	401010101	401010101			020101	030201				110101	29010101	350101	4501	04010101	0602
226	04	07			02	03	02	03				11	29	35	45	04	06
227	0402	0701					0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401	0602
228	0402	0701	40101	40103			0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401	0602
230	0402	0701	40101	40103	02	03	0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602
232	04	07					02	03				11	29	35	45	04	06
234	0402	0701/18	NT	NT	NT	NT	0202/6	0302/32	NT	NT		1101/30	2902/6	3508/100	4501/7	0401/28	0602/37
235	04	07	4	4			02	03				11	29	35	45	04	06
237	04	08					02	03				29	29	35	41		
238	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT									
239	04	07	4	4			02	0302	NT	NT	NT	NT	11	29	35	45	04
240	0402	0701			0201	0301	0202	0302								0401	0602
246	0402	0701										11	29	35	45	04	06
247	0402	0701			0201	0301	0202	0302									
249	040201	070101					0202	030201	020102	0901		110101	290201	350801	4501	040101	060201
250	04	07	4	4			02	03				11	29	35	45		
251	04	07					02	03				11	29	35	45		
252	NT	NT	NT	NT			NT	NT				NT	NT	NT	NT	NT	NT
255	04	07	4	4								11	29	35	45		
258	040201	070101					0202	030201				1101	2902	3508	4501	040101	060201
278	0402	0701	40101	40103	0201	03	0202/6	0302/32	0201	0901	0103	0201	1101	2902	3508	4501	0401
401	0402	0701			0201	03	0202	0302	0201	0901							
452	0402	0701	4010101G	40103			0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602
519	0402	0701	401	401	0201	0301	0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401/82	0602
615	0402	0701	4010101G	4010101G			0202	0302	0201	0901							
616	04	07										11	29	35	45		
635	04	07	4	4			02	03				11	29	35	45	04	06
702	0402	0701	40101	40103	0201	0301	0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602
714	0402	0701					0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401	0602
726	0402	0701	401	401			0202	0302				1101	2902	3508	4501	0401	0602
732	0402	070101	401010101	401030101			0202	030201				110101	290201	350801	4501	04	060201
769	0402	0701	40101	40103			0202	0302	0201	0901		1101	2902	3508	4501	0401	0602

DNA #680

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
805	0402	0701					0202	0302					1101	2902	3508	4501	0401	0602
1113	04	07	NT	NT			02	03	0201	0901			11	29	35	45	04	06
1189	0402	0701	40101/103N	40103			0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	0401	0602
1212	NT	NT	NT	NT			NT	NT	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	0402	0701	01010101/103	40103	0201	030101	0202/6	0302/32	0201/12301	0901			1101	2902	3508	4501	04019N	0602
1647	04	07	4	4			02	03					11	29	35	45	04	06
1686	0402	0701	40101/103	40103	0201	0301	0202	0302	0201	0901	0103	0201	1101	2902	3508	4501	0401	0602
1905	0402	0701	40101/103N	40103			0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	0401	0602
2013	0402	0701	401	401/201N			0202	0302					1101	2902	3508	4501	0401	0602
2063	0402	070101	401	401	0201	03	0202/6	0302/32					110101/33	290201/9	350801	4501	040101	06
2347	04	07	4	4	NT	NT	02	03	0201	0901	NT	NT	11	29	35	45	04	06
2411	0402	07					02	0302					1101	2902	3508	45	0401	0602
2518	0402	0701	NT	NT			0202	0302					1101	2902	3508	4501	0401	0602
3261	0402	0701	401	401			0202	0302	0201	0901								
3264	0402	0701	40101/103N	40103	NT	NT	0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	0401	0602
3324	0402	0701	401	401	0201	0301	0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	0401/54	0602/9
3325	0402	07	4	4	0201	0301	02	0302					1101	2902	3508	4501	0401	0602
3410	0402	0701					0202	0302					1101	2902	3508	4501	0401	0602
3438	0402	0701					0202	0302					NT	NT	NT	NT	NT	NT
3582	0402	0701	401	401			0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	0401	0602
3614	0402	0701			0201	03	0202	0302					1101	2902	3508	4501	0401	0602
3625	04	0701	4	4	0201	03	0202	03	0201	0901			1101	2902	3508	4501	04	06
3807	0402	0701					0202	0302	08/10	86/46			1101	2902	3508	4501	04	0602
3849	0402	0701	401	401	0201	0301	0202	0302					11	29	35	45	04	06
4420	0402	0701											1101	2902	3508	4501	0401/7	0602
4545	0402	0701	NT	NT	0201	0301	0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	040101G	0602
4551	0402	0701	40101	40103	0201	03	0202/6	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	0401	0602
4585	0402	07			0201	03	0202	0302					11	29	3508/45	45	04	06
4653	0402	0701											11	29	35	45	04	06
5204	0402	0701					0202	0302					1101	2902	3508	4501	040101G	0602
6051	0402	0701			0201	03	0202	0302	0201	0901	0103	0201	11	29	3508/45	45	04	06
6313	0402	0701					0202	0302					11	29	35	45	04	06
9221	04	07	4	4			02	03	0201	0901			11	29	35	45	04	06
197H	0402	0701					0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	040101G	0602
197L	0402	07	401	401	0201	03	02	03					11	29	35	45	04	06
4582H	0402	0701	401	401	0201	03	0202/6	0302	0201	0901	0103	0201	1101	2902/21	3508	4501/13	0401	0602
4582L	04	07	401	401	02	03	02	03	02	09	01	02	11	29	35	45	04	06
5720H	0402	0701	40101	40103			0202	0302	0201	0901			1101	2902	3508	4501	040101G	0602
5720L	04	07	401	401			02	03					11	29	35	45	04	06

PARTICIPANTS AND METHODS

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus
7	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
16	SSO-OL,SBT-Atria	SSO-OL,SSP-Invit	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL,SBT-Atria	SSO-OL	SSO-OL,SBT-Atria	SSO-OL,SBT-Atria	SSO-OL,SBT-Atria
80	SSO-OL	SSO-OL					SSO-OL	SSO-OL	
124	SBT	SBT	SSO-Lum	SBT	SBT		SBT	SBT	SBT
134	SSO,SSP,SBT	SSP-Geno		SSO,SSP,SBT	SBT-Atria,SSP-Geno		SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT
138	SSO,SSP,SBT	SSO-OL	SSO-OL	SSO,SSP,SBT	SSP-OL		SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT
139	SSO-Lum, Gen	SSO-Lum, Gen					SSO-Lum, Gen	SSO-Lum, Gen	
142		SSO		SSO			SSO	SSO	
144	SBT-Pro			SBT-Pro			SBT-Pro	SBT-Pro	SBT-Pro
148	SBT-Atria,SSP-Invit	SBT-Qia		SBT-Pro	SBT-Atria		SBT-Atria,SSP-Invit	SBT-Atria,SSP-Invit	SBT-Atria
151	SBT-Secore						SBT-Secore	SBT-Secore	
152	SSP-OL						SSP-OL	SSP-OL	
156	SBT-At,SSP,SSO-OL			SBT-At,SSP,SSO-OL			SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT
158	SSO-Lab	SSP-Invit	SSO-Lab	SSP-OL	SSP-Invit		SSP-Ole,Geno	SSP-Ole,Geno	SSP-Ole,Geno
162	SSP-Bio,SBT			SSP-Bio,SBT			SSP-Bio,SBT	SSP-Bio,SBT	SSP-Bio,SBT
164	LIPa						LIPa	LIPa	
167	SSP,SSO,SBT-OL			SSP,SBT-OL	SBT-OL		SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT	SSP,SBT-OL
168	SSO-Dynal						SSO-Dynal	SSO-Dynal	
173	SSO-Lum		SSO-Dynal	SSO-Dynal			SSO-Lum	SSO-Lum	
174									
175	SSO-Invit			SSO, SSP-Invit			SSO, SSP-Invit	SSO, SSP-Invit	SSO, SSP-Invit
176	SBT-Capitalbio						SBT-Capitalbio	SBT-Capitalbio	SBT-Capitalbio
179	SBT		SBT	SSO			SBT	SBT	SBT
185									
187	SSO-OL		SSO-OL	SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
188	SSO-OL,SBT-Atria								
189	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-Lum,SSP-Invit	SSO-OL	SSP-At,SSP-Invit	SSP-At,SSP-Invit	SSP-At,SSP-Invit
190	SSP	SSP		SSP			SSP	SSP	SSP
192	SBT, SSP	SSP		SBT, SSP	SBT, SSP		SBT, SSP	SBT, SSP	SBT, SSP
193	SSO-OL						SSO-OL	SSO-OL	
195	SSP-Ole,SSO	SSP-Ole	SSP-Ole,SSO	SSP-Ole,SSO	SSP-Ole		SSP-Ole,SSO	SSP-Ole,SSO	SSP-Ole,SSO
199									
200	SBT-Invit			SBT-Invit			SBT-Invit	SBT-Invit	SBT-Invit
205	SSO,SSP,SBT	SSO-OL,SSP-Invit	SSO-OL,SSP-Invit	SSO,SSP,SBT	SSO-OL,SSP-Invit	SSO-OL,SSP-Invit	SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT
206	SSO-OL						SSO-OL	SSO-OL	
207	SBT,SSO	SSP		SBT,SSO	SBT, SSP		SBT,SSO	SBT, SSP, SSO	SBT, SSP, SSO
208	SBT-Secore, Invit						SBT-Secore, Invit	SBT-Secore, Invit	
209	SSP-Ole, Inno	SSP-Ole		SSP-Ole			SSP-Ole, Inno	SSP-Ole, Inno	SSP-Ole, Inno
214							Custom Genotyping	Custom Genotyping	Custom Genotyping
215							SSP-Bio	SSP-Bio	SSP-Bio
218	SBT-inhouse			SBT-inhouse			SBT-inhouse	SBT-inhouse	SBT-inhouse
222	SSP-Invit	SSP-Invit		SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	
224	SSP-Invit	SSP-Invit		SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	
225	SSP-Invit	SSP-Invit		SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit
226	SSO-Lum,Lab		SSO-Lum,Lab	SSO-Lum,Lab			SSO-Lum,Lab	SSO-Lum,Lab	SSO-Lum,Lab
227	SBT-AbT,SSO-OL			SBT-AbT,SSO-OL			SBT-AbT,SSO-OL	SBT-AbT,SSO-OL	SBT-AbT,SSO-OL
228	SSP-Dynal	SSP-Dynal		SSP-BAG					
230	SSP-Invit	SSO-OL	SSP-Ole				SBT-Invit	SSO-OL	SSP-Ole
232									
234									
235	SSP-GTI						SSP-GTI		
237	SSP	SSP	SSP				SSP	SSP	SSP
238	SSP-Ole,Pro	SSP-Ole,Pro	SSP-Ole,Pro	SSP-Ole,Pro					
239	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
240	SSO-OL			SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
246	SSP-Invit						SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit
247	SSP-Invit		SSO,LiPA	SSO,LiPA					
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	SSP-Invit			SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	
252									
255	SSO-Invit	SSO-Invit					SSP-Invit,Uni	SSP-Invit,Uni	SSP-Invit,Uni
258	SBT,SSP-Gendx			SBT,SSP-Gendx			SBT,SSP-Gendx	SBT,SSP-Gendx	SBT,SSP-Gendx
278	SSP,SSO	SSP,SSO	SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSO	SSP,SSO	SSP,SSO	SSP,SSO
401									
452	SSO,SSP,SBT	SSP-Invit,Ole		SSO,SSP,SBT	SBT,SSP-Invit,Ole		SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT	SSO,SSP,SBT
519	SBT-Atria	SSO-Luminex	SSP-Invit	SBT-Atria	SSP-Invit		SBT-Atria	SBT-Atria	SBT-Atria
615	SBT	SBT		SBT					
616	SSP-Ole						SSP-Ole	SSP-Ole	
635	SSP-OL	SSP-OL		SSP-OL			SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL
702	SSO,SBT	SSP	SSO,SBT	SSO,SBT	SBT		SSO,SBT	SSO,SBT	SSO,SBT
714	SBT-At,Sec,SSP			SBT-At,Sec,SSP			SBT,SSP	SBT,SSP	SBT,SSP
726	SSO-OL,SSP	SSO-OL		SSO-OL,SSP-Ole			SSO-OL,SSP	SSO-OL,SSP	SSO-OL,SSP
732	Lab-OL,SBT-inh	SBT-inhouse		SBT-inhouse			Lab-OL,SBT-inh	Lab-OL,SBT-inh	Lab-OL,SBT-inh
769	SSO,SBT,SSP	SSO,SSP		SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP		SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP

PARTICIPANTS AND METHODS

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus
805	SSO,SBT,SSP			SSP-Invit			SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP
1113	SSO,SBT,SSP	SSP-Bio		SSO,SBT,SSP	SSP-Geno,SBT-AbT		SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSP-Bio,SBT-AbT
1189	SBT,SSP-Invit	SSP-Invit		SBT,SSP-Invit	SBT,SSP-Invit		SBT,SSP-Invit	SBT,SSP-Invit	SBT,SSP-Invit
1212	Lum,OL	SSP-Ole		Lum,SSP-OL	SSP-Invit		Lum,SSP-Ole	Lum,SSP-Ole	Lum,SSP-Ole
1251	SSO,SSP	SSP	SSO,SSP	SSO,SSP	SSP		SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP
1498	SBT-inhouse	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit		SBT-inhouse	SBT-inhouse	SBT-inhouse
1647	SSO-GenProbe	SSO-GenProbe		SSO-GenProbe			SSO-GenProbe	SSO-GenProbe	SSO-GenProbe
1686	SSP	SSP	SSP	SSP			SSP	SSP	SSP
1905	SSO,SBT,SSP	SSP-Invit		SSO,SBT,SSP	SBT-Abt,SSP-Invit		SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP
2013	SSO,SBT,SSP	SSO-Gen,SBT-Qia		SSO-GenProbe			SSO-Gen,SBT-Qia	SSO-Gen,SBT-Qia	SSO-Gen,SBT-Qia
2063	SSO,SBT	SSO	SSO	SSO			SSO,SBT,SSP	SSO,SBT	SSO,SBT,SSP
2347	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO	SSO,SBT,SSP	SSO,SSP	SSO	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP
2411									
2518	SBT-Cel,SSP-OL	SSP-OL		SBT-Cel,SSP-OL			SBT-Cel,SSP-OL	SBT-Cel,SSP-OL	SBT-Cel,SSP-OL
3261	SBT-Qia,SSO-OL	SSO-OL		SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP				
3264	SSO,SBT,SSP	SSP-Ole	SSP-Invit	SSO,SBT,SSP	SBT-Atria		SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP
3324	Luminex	SSP-Invit	SSP-Ole,SBT-At	SSP-Ole,SBT-At	SSP-Ole,SBT-At		SSP-Lum,Invit	SSP-Ole,SBT-At	SSP-Ole,SBT-At
3325	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit
3410	SBT-Atr,SSO-Gen,Ole			SBT-At,SSO-Gen,Ole			SBT-At,SSO	SBT-At,SSO	SBT-At,SSO
3438	Inhouse			Inhouse			SBT-AbT_Life	SBT-AbT_Life	SBT-AbT_Life
3582	SBT-Conexio	SBT-Conexio		SBT-Conexio	SBT-Conexio		SBT-Conexio	SBT-Conexio	SBT-Conexio
3614	SSO-OL		SSO-OL	SSO-OL			SSO-OL,SSP-OL	SSO-OL,SSP-OL	SSO-OL,SSP-OL
3625	SSP,SBT	SSP	SSP	SSP	SSP,SBT		SSP,SBT	SSP,SBT	SSP,SBT
3807	SBT-Life			SBT-Life	SBT-Life		SBT-Life	SBT-Life	SBT-Life
3849	SSO-inhouse	SSO-inhouse	SSP-Lum	SSO-inh,SBT-Lum			SSO-inhouse	SSO-inhouse	SSO-inhouse
4420	Wak Flow						Wak Flow	Wak Flow	Wak Flow
4545	SBT-Cel,SSO-Oli	SSO-Oli,SSP-Invit	SSO-Oli,SSP-Invit	SBT-Cel,SSO-Oli	SSO,SBT,SSP		SBT-Cel,SSO-Oli	SBT-Cel,SSO-Oli	SBT-Cel,SSO-Oli
4551	SSO-OL,SSP-Ole	SSP-Olerup	SSO-OL	SSO-OL,SSP-Ole	SSP-Invit		SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP
4585	SSO-OL,Lab		SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab			SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab
4653	SBT-Pro						SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
5204	SSO,SBT,SSP			SSO-OL,SSP-Invit			SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP	SSO,SBT,SSP
6051	SSO-OL,Lab		SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab	SSO-OL,Lab
6313	SSO-Gen,SBT-At,Pro			SSO-Gen,SBT-At,Pro			SSO-Gen,SBT	SSO-Gen,SBT	SSO-Gen,SBT
9221	SSP-Invit,SSO-OL	SSP-Invit,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-At,Invit,SSO-OL	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-OL,SSP-Invit	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL,SSP-Invit	SSO-OL,SSP-Invit	SSO-OL	SSO-OL,SSP	SSO-OL,SSP	SSO-OL,SSP
4582L	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
5720H	SBT-Pro	SBT-Pro,SSP-Geno		SBT-Pro	SBT-Atria		SBT-Pro	SBT-Pro	SBT-Pro
5720L	SSO-Gen	SSO-OL		SSO-Gen			SSO-Gen	SSO-Gen	SSO-Gen