

UCLA INTERNATIONAL HLA DNA EXCHANGE

117TH SUMMARY

JANUARY 23, 2013

MEGAN ANDERSON, JOHN MURAMOTO, RAJA RAJALINGAM, PH.D.
J. MICHAEL CECKA, PH.D AND ELAINE F. REED, PH.D



DNA Sample	
#723	#726
#724	#727
#725	#728

DNA #723 ASIAN

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	11:01	24:02	211/212	123/123	92/106
B*	15:25	54:01	210/212	142/144	97/102
C*	01:02	04:03	185/186	129/130	92/100
DRB1*	04:05	11:06	218/218	141/141	92/106
DRB3*	02:02		54/55	25/26	2/5
DRB4*	01:03		54/54	23/25	1/5
DQA1*	03:03	05:05	86/86	29/29	4/4
DQB1*	03:01	04:01	194/194	132/133	82/88
DPB1*	05:01	28:01	78/78	67/67	37/40
DPA1*	02:02	04:01	30/30	26/26	2/2

This sample from an Asian donor has an agreement greater than 90%.

This sample was previously sent in Exchange #16 as DNA #120 (1996). This retyping updates DQA1*03:01 to DQA1*03:03 (100%), DQA1*05:01 to DQA1*05:05 (100%), C*01 to C*01:02 (98%), and C*04 to C*04:03 (100%).

11 labs, including 9 sequencing labs, noted a new DPB1 variant. The labs stated the novel allele shared an exon 2 sequence with DPB1*28:01. 7 labs detected mismatches in exon 3. 2 labs noted 6 mismatches at codons 96, 98, 107, 118, 170, and 179. 3 other labs detected R instead of G at position 623 (codon 179). The sequence for this new DPB1* variant has not been submitted to the WHO Nomenclature Committee.

DRB1*11:06 was reported with a consensus of 100%, but is a possible DRB1*11:129. 3 sequencing labs originally reported DRB1*11:129, 9 labs reported DRB1*11:06/129, 4 labs reported 11:06:01G, 3 labs reported 11:06P, and a further 8 labs commented that they were unable to exclude DRB1*11:129. DRB1*11:129 was assigned in May 2012, according to the IMGT website, and differs from DRB1*11:06 in exon 3 at codon 179 (AGC->AAC), causing an amino acid change (Ser->Asn).

Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 34:XX	Not excluded: 11:27/119, 24:02L/10/21
B*: 07:02, 15:01, 62:XX	Not excluded: 54:17/24
C*: 01:03, 14:XX	Not excluded: 01:58, 04:16/107
DRB1*:	Not excluded: 04:03/90, 11:47/129
DRB3*: 01:01	Not excluded: 02:26
DRB4*: 01:01	Not excluded: 01:01
DQA1*:	Not excluded: 03:02, 05:09/10/11
DQB1*: 04:02	Not excluded: 03:21/29, 04:05/6

DNA #724

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	01:01	29:02	211/212	120/123	94/106
B*	44:03	58:01	210/212	129/133	96/102
C*	07:18	16:01	186/186	110/117	79/100
DRB1*	07:01	11:01	217/218	137/137	94/106
DRB3*	02:02		55/56	25/26	2/6
DRB4*	01:01		56/56	26/26	2/6
DQA1*	02:01	05:05	86/86	45/45	4/4
DQB1*	02:02	03:01	193/194	135/135	78/88
DPB1*	05:01	11:01	90/90	80/80	42/44
DPA1*	02:01	02:02	32/32	28/28	2/2

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

This sample was previously sent in Exchange #24 as DNA #166. Agreement for DQB1*02:02 increased from 74% to 100%. This retyping updates DQA1*05:01 to DQA1*05:05 (100%) and C*07:01 to C*07:18 (87%).

Discrepancies or ambiguities reported:

A*: 01:03, 01:XX, 29:01	Not excluded: 01:01N/4N, 29:26
B*: 13:01, 15:02, 44:02	Not excluded: 44:114
C*: 07:01/6	Not excluded: 07:01
DRB1*: 11:XX	Not excluded: 07:18, 11:91/97/100
DRB3*: 01:01	Not excluded: 02:26
DRB4*:	Not excluded: 01:03
DQA1*:	Not excluded: 05:09/10/11
DQB1*: 03:XX	Not excluded: 02:03/6, 03:04/19/21/29
DPB1*:	Not excluded: 05:10, 135:01

DNA #725 BLACK

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	02:02	30:02	208/208	134/134	99/108
B*	15:03	57:02	207/208	137/137	89/104
C*	02:10	18:02	179/180	102/112	84/100
DRB1*	07:01	10:01	213/214	147/147	104/108
DRB4*	01:03		53/53	20/22	2/6
DQA1*	01:05	02:01	82/82	45/46	4/4
DQB1*	02:02	05:01	190/190	135/135	84/90
DPB1*	04:01	17:01	84/84	71/71	41/44
DPA1*	02:01	03:01	32/32	28/28	2/2

The agreement for this sample from a Black donor has an agreement greater than 90%, except at C-locus.

This sample contains the B*15:03-C*02:10 association, which commonly occurs in Black populations, as stated in ASHI Abstract 213-P, *Haplotypic Associations of Cw*0210 in African Americans and Caucasians* (Eliason, et al. Human Imm 2009;70,supp.1: S1-S178).

B*57:02-C*18:02 is the other probable association. C*18:02 commonly associates with B*57. B*57:03-C*18:02 is a known association, as noted in *The novel HLA-Cw*1802 allele is associated with B*5703 in the Bubi population from Equatorial Guinea* (Vilches, et al. Tissue Antigens 1997;49(6): 644-648). B*57:02 is similar to B*57:03, differing in exon 3 in codon 156 (CTG->CGG), resulting in an amino acid change (Leu->Arg). DNA #484, extracted from a Hispanic donor, also has the unusual B*57:02-C*18:02 association.

Discrepancies or ambiguities reported:

A*:	Not excluded: 02:320, 30:10/33
B*: 72:XX	Not excluded: 15:103/220, 57:28N
C*: 02:02, 06:XX, 18:01	Not excluded: 02:02, 18:01
DRB1*: 04:XX	Not excluded: 07:18, 10:03
DRB4*: 01:01	Not excluded: 01:01/7
DQA1*: 01:01/4	Not excluded: 01:01/4
DQB1*:	Not excluded: 02:06, 05:02/7/12/77
DPB1*:	Not excluded: 120:01N, 126:01, 131:01

DNA #726 HISPANIC

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	68:01	68:03	206/206	129/129	93/110
B*	35:01	40:02	205/206	111/114	89/106
C*	03:05	04:01	176/176	108/108	85/102
DRB1*	04:07	14:02	212/212	123/126	90/110
DRB3*	01:01		51/51	20/20	3/5
DRB4*	01:03		50/51	18/20	1/5
DQA1*	03:01	05:03	82/82	45/45	4/4
DQB1*	03:01	03:02	186/186	128/128	80/90
DPB1*	04:02	14:01	80/80	72/72	43/44
DPA1*	01:03	02:01	30/30	24/24	2/2

The agreement for this sample from a Hispanic donor is 90%.

C*03:05 has been previously typed in the DNA Exchange as DNA #380 (2003) and #647 (2010). C*03:05 has also been typed in the UCLA Cell Exchange as Cell #1061 (2000), Cell #1240 (2005), Extract #302 (2004), and Extract #376 (2006). All samples were derived from Hispanic donors. B*40:02-C*03:05 was found in all these samples, except Extract #302.

B*35:01-C*04:01 is the other likely association. B*35:01-C*04:01 is a very common B-C association in individuals of Hispanic descent (HF = 0.05155), according to the Bioinformatics website.

Discrepancies or ambiguities reported:

A*:	Not excluded: 68:03/11N
B*: 35:04, 40:03/4, 40:XX, 61:XX	Not excluded: 35:04/42, 40:03
C*: 03:04	Not excluded: 03:25/27, 04:07/9N/10/82
DRB1*: 04:03/5	Not excluded: 04:08/92, 14:06/46/51
DRB3*:	Not excluded: 01:11/12
DRB4*: 01:01, BLANK	Not excluded: 01:01
DQA1*:	Not excluded: 05:07
DQB1*:	Not excluded: 03:03/4/21/27/29/32/37
DPB1*:	Not excluded: 105:01

DNA #727 HISPANIC

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	02:01	31:02	206/206	121/125	94/106
B*	15:15	51:01	205/206	125/128	88/102
C*	01:02	15:02	178/178	115/115	87/98
DRB1*	04:07	08:02	211/212	129/130	86/106
DRB4*	01:03		52/52	18/20	1/4
DQA1*	03:01	04:01	82/82	46/46	4/4
DQB1*	03:02	05:02	185/186	120/120	79/86
DPB1*	04:01		40/40	33/33	21/22
DPA1*	01:03		15/15	13/13	1/1

The agreement for this sample from a Hispanic donor is 90%.

The sample contains the probable extended haplotype A*31:02-B*51:01-C*15:02-DRB1*04:07-DQB1*03:02, which is found in Hispanic populations (HF = 0.00047), according to the NMDP Bioinformatics website. A*02:01-B*15:15-C*01:02-DRB1*08:02-DQB1*05:02 is the other likely haplotype.

Four labs, including one sequencing lab, mistyped A*31:02 as A*31:01. A*31:02 differs from A*31:01 in exon 2 in codon 66 (AAT->AAA), resulting in an amino acid change (Asn->Lys).

Discrepancies or ambiguities reported:

A*:	31:01	Not excluded:	02:01L/9
B*:	15:01/8, 62:XX	Not excluded:	15:08/144, 51:07/11N
C*:		Not excluded:	01:25/48, 15:10/13
DRB1*:	04:04, 04:XX	Not excluded:	04:20/92, 08:07/42
DRB4*:	01:01	Not excluded:	01:01
DQA1*:		Not excluded:	03:02
DQB1*:	03:XX	Not excluded:	03:05/37, 04:03/4
DPB1*:		Not excluded:	120:01N, 126:01

DNA #728 CAUCASIAN

	ALLELE		AGREEMENT (n/total)		SBT LABS
	#1	#2	low	high	Allele level
A*	23:01	30:01	206/206	108/108	79/104
B*	49:01		103/103	64/64	44/50
C*	07:01		88/88	52/52	39/48
DRB1*	11:01	15:01	214/214	120/120	82/106
DRB3*	02:02		52/53	18/20	1/4
DRB5*	01:01		53/53	38/38	2/4
DQA1*	01:02	05:05	82/82	27/27	3/4
DQB1*	03:01	06:02	186/186	122/122	77/86
DPB1*	04:01		40/40	33/33	21/22
DPA1*	01:03		15/15	13/13	1/1

The agreement for the sample from a Caucasian donor is 100%, except at DRB3-locus.

The likely extended haplotypes for this sample are A*23:01-B*49:01-C*07:01-DRB1*11:01-DRB3*02:02-DQB1*03:01 and A*30:01-B*49:01-C*07:01-DRB1*15:01-DRB5*01:01-DQB1*06:02, as found on the NMDP HaploStats website (HF = 0.001315 and 0.00002894, respectively).

Nine labs, including eight sequencing labs, were unable to distinguish DRB1*11:01 from the rare DRB1*11:97. DRB1*11:97 differs from DRB1*11:01 in exon 3 in codon 98 (AAG->AAT), resulting in an amino acid change (Lys->Asn).

Discrepancies or ambiguities reported:

A*:		Not excluded:	23:17/21, 30:11
C*:		Not excluded:	07:06
DRB1*:		Not excluded:	11:04/97/100, 15:02/3/55/69
DRB3*:	01:01, 02:12	Not excluded:	02:29N
DQA1*:		Not excluded:	01:09, 05:09/10
DQB1*:		Not excluded:	03:19/27/29, 06:47/50
DPB1*:		Not excluded:	120:01N, 126:01

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 #723

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	04	11	302	401	03	05	03	04	11	24	15	54	01	04				
16	0405	110601/129	30202	40103	0302/3	0505/9	0301	0401	0501/13501	2801	0202	0401	1101	2402	152501	540101	0102	0403
80	04	11	302	401	03	05	03	04	NT	NT	0202	0401	11	24	15	54	01	04
124	0405	11	302	401	03	05	0301	0401	05	2801			11	24	1525	54	01	0403
134	0405	1106	30202	40103			0301	0401	0501	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
138	0405	1106	302	401	03	05	0301	0401	0501	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
139	04	1106/47					03	0401/5					11	24	1525	54	01	04
142	04	11	302	401			03	04					11	24	15	54		
143	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
144	0405	1106			0302/3	05	030101G	040101G					110101G	240201G	1525	540101G	010201G	0403
147	0405	1106	30202	40103	0303	0505	0301	0402	0501	2801			1101	2402	1525	54	0102	0403
148	0405	1106P	30202	40103			0301	0401	0501P	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
151	0405	1106											1101	2402	1525	5401		
152	04	11											11	24	15	54		
155													1101	2402	1525	5401	0102	0403
156	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
158	0405	1106	30202	40103	03	05	0301	0401	0501	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
160																		
162	040501	110601					030101	040101					110101	2402	1525	5401	010201	0403
164	04	11											11	24	15	54		
168	04	11											11	24	15	54		
173	0405	1106			0302/3	0505/9	0301	0401/6					11	24	15	54		
174	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1501	0702	0102	0403
175	0405	1106/129					03	04					1101	2402	1525	5401	0103	0403
176	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
185	040501/3	110601G					03	040101					11	24	152501G	540101G	010201G	0403
187	0405	1106P	NT	NT	NT	NT	0301	0401	NT	NT	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
188																		
189	0405	1106	30202	40101/3	0302/3	0505/9	0301	0401	NT	NT	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
190	04	11	3	4			03	04					11	24	15	54	01	04
192	0405	1106	30202	40103			0301	0401	050101G	5101/5301			1101	2402	1525	5401	0102	0403
193	0405	1106											11	24	1525	5401		
195																		
199	04	11	3	4			03	04										
201																		
205	0405	1106	30202P	40103	0303	0505	0301	0401	0501	2801	0202	0401	1101	2402	1525	5401	0102	0403
206	04	11											11	24	15	54		
207	0405	1106	30202	40103	0302/3	0505/9	0301	0401	NT	NT			1101	2402	1525	5401	0102	0403
208	0405	1106											1101/27	2402/10	1525	5401		
209	04	11					03	04					11	24	15	54	01	04
212																		
213																		
214													11	24	152501	540101	01	04
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT
218	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
222	04	11					03	04					11	24	15	54		
223	0405	1106	NT	NT	0303	0505	0301	0401	NT	NT	NT	NT	NT	NT	1525	5401	0102	0403
225	0405	1106	30101	40101			0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
226	04	11	302	401	03	05	03	04	05	28	02	04	1101	2402	1525	5401	0102	0403
227	0405	110601	NT	NT	NT	NT	030101	0401	NT	NT	NT	NT	110101	2402	1525	5401	0102	0403
228																		
229																		
230	0405	1106	30202	40103	03	05	0301	0401	0501	2801	0202	0401	1101	2402	1525	5401	0102	0403
232	04	11					03	04					11	24	15	54	01	04
234	04	11			0303	0505	03	04	0501	2801			11	24	15	54	01	04
237	04	11					03	04					11	24	15	54		
238																	0102	0403
239	0405/90	1106	30202/26	40103	0303	0505/11	0301/21	0401/6	0501	2801	0202	0401	11	24	15	54	01	04
240																		
242																		
244																		
245	0405	1106			0302/3	0505/9	03	04					11	24	1525	54	01	04
246																		
249	040501	110601G					030101	040101	050101	2801			110101	240201	152501	540101	010201	0403
250	04	11	3	4			03	04					11	24	15	54	01	14
251																		
252	04	11	3	4	NT	NT	03	04	NT	NT	NT	NT	11	24	15	54	01	04
255	04	11											11	24	15	54		
258																		
259	04	11					0301	04					1101	24	62	54		
260	0405	1106	3	4			0301	0401					11	24	15	54	01	04
262	04	11	3	4														
263	0405	1106	NT	NT	NT	NT	0301	0401	0501	2801	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
264	040501	110601G					030101G	040101G	050101G	2801	020202	0401	110101G	240201G	152501G	540101G	010201G	0403
265																		
266	04	11	3	4			03	04					34	24	15	54	01	04
267	0405	1106	30202	40101	0302/3	0505/9	0301	0401	NT	NT	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
268	04	11					03	04					11	24	15	54		
271																		
273	0405	1106	30202	40103			0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403

DNA #723

CENTER	DRB1	DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus		
274	0405	1106			0303	0505	0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
275	0405	1106	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	1101	2402	1525	5401	NT	NT
276																		
278	0405	1106	30202	40103	0302/3	0505/9	0301	0401	0501	2801	0202	0401	1101	2402	1525	5401	0102	0403
401	0405	1106/129			0302/3	0505/9	0301/29	0401	0501	2801								
452	0405	1106	30202	40103	NT	NT	0301	0401	0501	2801	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
519	0405	1106/129	302	401	0303	0505	0301	0401	0501	2801	0202	0401	1101	2402	1525	5401	0102	0403
615	0405	1106	3020201G	401			0301	040101G	050101G	2801								
616	04	11											11	24	15	54	01	04
635	04	11	3	4			03	04					11	24	15	54	01	04
702	0405	1106	30202	40103	0303	0505	0301	0401	0501	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
714	0405	110601G	NT	NT	NT	NT	0301	0401	NT	NT	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
726	0405	1106	302	401	0303	0505	0301	0401	0501	2801	0202	0401	1101	2402	1525	540101G	0102	0403
732	04	11	NT	NT	03	05	03	04					110101	2402	152501	540101	0102/58	0403/107
769	0405	1106	30202P	40103	NT	NT	0301	0401	0501	2801	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
805	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
1113	04	11			0302/3	0505/9	03	04	0501	2801			11	24	1525	54	01	04
1189	0405	1106/129	30202	40103			0301	0401	NT	NT			1101	2402	1525	5401	0102	0403
1212	0405	1106	30202	40103			0301	04	NT	NT			1101	2402	1525	5401/17	0102	0403
1251	0405	1106	30202	40103	0303	0505	0301	04	0501	2801			11	24	1525	54	0102	0403
1498	040501	110601G	3020201G	40103	0303	0505/10	030101G	040101G	050101G	28			1101	2402/2L	1525	5401	0102	0403
1647	0405	1106	3	4			0301	0401	0501	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
1686																		
1905	0405	1106	302	40101P			0301	0401	0501	2801	0202	0401	1101	2402	1525	5401	0102	0403
2004																		
2013	0405	110601G	NT	NT	NT	NT	0301	0401	NT	NT	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
2015													1101	2402	152501	540101	0102	0403
2063																		
2347	0405	1106	3	4	03	05	0301	0401	NT	NT	NT	NT	1101	2402	1525	5401	0102	0403
2411	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
2518	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
2549	0405	110601G	302	401	0303	0505	0301	0401	05	28			1101/119	2402/21	1525	5401	0102	0403
3248																		
3261	0405	1106/129	302	401			0301	0401	0501	NT								
3264	04	11	NT	NT	NT	NT	03	04	NT	NT			11	24	15	54	01	04
3325	0405	1106	30202	40103	0303	0505	0301	0401					11	24	15	54	01	04
3410	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
3438	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
3522																		
3582	0405	1106/129	302	401	NT	NT	0301	0401	0501/13501	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
3600																		
3614	0405	1106			03	05	0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
3625	0405	1106/129	3	4			0301	0401	0501	2801			11	2402	1525	5401/24	0102	0403
3807	0405	1106/129					0301	0401	05	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
3849	0405	1106	302	401	0303	0505	0301	0401					11	24	1525	54	01	0403/16
4237																		
4281																		
4420	0405	1106											1101	2402	1525	5401	0102	0403
4545	0405	1106	30202	401	0303	05	0301	0401	0501	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
4551	0405	1106	30202	40103	03	05	0301	0401	NT	NT			11	24	15	54	01	04
4585	04	1106/47			0302/3	0505/9	03	04					11	24	1525	54	01	04
4613																		
4653	04	1106			0302/3	05	0301	04					11	24	1525	54	01	0403
4709	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
5451																		
5982																		
6051	0405	1106	302	401	03	05	0301	0401	0501	2801	0202	0401	11	24	1525	540101G	01	0403/107
6313	0405	1106					0301	0401					1101	2402	1525	5401	0102	0403
9221	04	11	3	4	03	05	03	04	0501	2801			11	24	15	54	01	04
197H	0405	1106P					0301	0401	0501P	2801			1101	2402	1525	5401	0102	0403
197L	04	11	302	401	03	05	03	04			0202	0401	11	24	1525	54	01	04
4582H	0405	1106	30202	40103	0303	0505	0301	0401	0501	2801	0202	0401	1101	2402	1525	5401	0102	0403
4582L	04	11	302	401	03	05	03	04	05	28	02	04	11	24	15	54	01	04

DNA #724

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus										
7	07	11	302	401	02	05	02	03	01	29	44	58	07	16					
16	070101	1101	30202	40101	0201	0505/9	0202	0301	0501/13501	110101	0201	0202	0101	2902	440301	580101	0718	160101	
80	07	11	302	401	0201	05	02	03	0501	1101	0201	0202	01	29	44	58	07	16	
124	0701	11	302	401	0201	05	0202	0301	05	1101			01	29	4403	58	07	1601	
134	0701	1101	30202	40101			0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601	
138	0701	1101	302	401	02	05	0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601	
139	07	11					0202	03					01	29	44	58	07	16	
142	07	11	302	401			02	03					01	29	44	58			
143	0701	1101/97					0202/3	0301/4					0101	2902/26	4403	5801	0701/6	1601	
144	0701	110101G			0201	05	0202	0301					010101G	290201G	4403	580101G	070101G	1601	
147	0701	1101	30202	40101	0201	0505	0202	0301	0501	1101			01	2902	4403/114	5801	0718	1601	
148	0701	1101	30202	40101			0202	0301	0501P	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601	
151	0701	1101/97											0101	2902	4403	5801			
152	07	11											01	29	44	58			
155													0101	2902	4403	5801	0718	1601	
156	0701	1101					0202	0301					0101	2902	4403	5801	0718	1601	
158	0701	1101	30202	40101	0201	05	0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601	
160																			
162	070101	110101					0202	030101					010101	290201	440301	5801	070101G	160101	
164	07	11											01	29	44	58			
168	07	11											01	29	44	58			
173	0701	1101			0201	0505/9	0202	0301					01	29					
174	0701	1101					0202	0301					0101	2902	1301	1502	0701/6	1601	
175	0701	1101					02	03					0103	2902	4403	5801	07	16	
176	0701	1101					0202	0301					0101	2902	4403	5801	0718	1601	
185	070101G	1101/100					0202/3	03					010101G	290201G	440301G	580101G	07	16	
187	0701	1101P	NT	NT	NT	NT	0202	0301	NT	NT	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0701P	1601	
188																			
189	0701	1101	30202	40101/3	0201	0505/9	0202	0301	NT	NT	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0718	1601	
190	07	11	3	4			02	03					01	29	44	58	07	16	
192	0701	1101	30202	40101			0202	0301	050101G	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601	
193	07	11											01	29	4403	5801			
195																			
199	07	11	3	4			03	03											
201																			
205	0701	1101	30202P	40101	0201	0505	0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101	2902	4403	5801	0718	1601	
206	07	11											01	29	44	58			
207	0701	1101/100	30202	40101	0201	0505/9	0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601	
208	0701	1101/97											0101/4N	2902	4403	5801			
209	07	11					02	03					01	29	44	58	07	16	
212																			
213																			
214																			
215	NT	NT	NT	NT									01	29	44	580101	07	16	
218	0701	1101					0202	0301					NT	NT	NT	NT	NT	NT	
222	07	11					02	03					0101	2902	4403	5801	0718	1601	
223	0701	1101	NT	NT	0201	0505	0202	0301	NT	NT	NT	NT	01	01	44	58			
225	0701	1101	30101	40101			0202	0301					NT	NT	4403	5801	0718	1601	
226	07	11	302	401	02	05	02	0301	05	11	02	02	0101	2901	4402	5801	0701	1601	
227	070101	1101	NT	NT	NT	NT	0202	030101	NT	NT	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0701	1601	
228													0101	290201	440301	5801	0718	160101	
229																			
230	0701	1101	30202	40101	02	05	0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101	2902	4403	5801	0718	1601	
232	07	11					02	03					01	29	44	58	07	16	
234	07	11			0201	0505/10	02	03	0501/10	1101			01	29	44	58	07	16	
237	11	11					02	03					01	29	44	58			
238																			
239	0701/18	1101/91	30202/26	40101	0201	0505/11	0202/6	0301/21	0501	1101	0201	0202	01	29	44	58	0701	1601	
240																	07	16	
242																			
244																			
245	0701	11			0201	0505/9	0202	03					01	2902/26	44	58	07	1601	
246																			
249	070101	110101					0202	030101	050101	110101			010101	290201	440301	580101	0718	160101	
250	07	11	3	4			02	03					01	29	44	58	07	16	
251																			
252	07	11	3	4	NT	NT	02	03	NT	NT	NT	NT	01	29	44	58	07	16	
255	07	11											01	29	44	58			
258																			
259	07	11					02	0301					01	29	44	58			
260	0701	1101	3	4			0202	0301					01	29	44	58	07	16	
262	07	11	3	4															
263	0701	1101	NT	NT	NT	NT	0202	0301	0501	1101	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0701	1601	
264	070101G	110101G					020101G	030101G	050101G	110101	020101	020202	010101G	290201G	440301G	580101G	070101G	160101	
265																			
266	07	11	3	4			02	03					01	29	44	58	07	16	
267	0701	1101	30202	40101	0201	0505/9	0202	0301	NT	NT	NT	NT	0101	2901	4402	5801	0701	1601	
268	07	11					02	03					01	29	44	58			
271																			
273	0701	1101	30202	40101			0202	0301					0101	2902	4403	5801	0718	1601	

DNA #724

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
274	0701	1101			0201	0505/9	0202	0301/19					0101	2902	4403	5801	0718	1601
275	0701	1101	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	0101	2902	4403	5801	NT	NT
276																		
278	0701	1101	30202	40101	0201	0505/9	0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101/1N	2902	4403	5801	0718	1601
401	0701	11			0201	0505/9	0202	0301/29	0501	1101								
452	0701	1101	30202	40101	NT	NT	0202	0301	0501	1101	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0718	1601
519	0701	1101/97	302	401	0201	0505	0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101	2902	4403	5801	0701/18	1601
615	070101G	110101G	3020201G	401			0202	0301	050101G	1101								
616	07	11											01	29	44	58	07	16
635	07	11	3	4			02	03					01	29	44	58	07	16
702	0701	1101	30202	40101	0201	0505	0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601
714	0701	1101	NT	NT	NT	NT	0202	0301	NT	NT	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0718	1601
726	0701	1101	302	401	0201	0505	0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101	2902	4403	5801	0718	1601
732	070101	110101	302	4010101	02	05	0202	03					010101	290201	440301	580101	07	160101
769	0701	1101/97	30202P	40101	NT	NT	0202	0301	0501	1101	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0718	1601
805	0701	1101					0202	0301					0101	2902	4403	5801	070101G	1601
1113	07	11			0201	0505/9	0202	03	0501	1101			01	29	44	58	07	16
1189	0701	1101	30202	40101			0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	0718	1601
1212	0701	1101	30202	40101			0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	58	0718	1601
1251	0701	11	30202	401010101	0201	0505	0202	0301	0501	1101			01	2902	44	5801	0718	1601
1498	070101	110101	3020201G	4010101G	0201	0505/10	0202/6	030101G	0501	1101			0101/1N	2902	4403	5801	070101G	1601
1647	0701	110101G	3	4			0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	070101G	1601
1686																		
1905	0701	1101	302	40101P			0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101	2902	4403	5801	0718	1601
2004																		
2013	0701	1101	NT	NT	NT	NT	0202	0301	NT	NT	NT	NT	0101	2902	4403	5801	0718	1601
2015													01010101	290201	440301	580101	0718	160101
2063																		
2347	0701	1101	3	4	02	05	0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101	2902	4403	5801	0701/18	1601
2411	0701	1101					0202	0301					0101	2902	4403	5801	0701	1601
2518	0701	1101					020101G	0301					0101	2902	4403	5801	070101G	1601
2549	0701	1101	302	401	0201	0505	0202	0301	05	11			0101	2902	4403	5801	0718	1601
3248																		
3261	0701	1101	302	401			0202	0301	0501	1101								
3264	07	11	NT	NT	NT	NT	02	03	NT	NT			01	29	44	58	07	16
3325	0701	1101	30202	40101	0201	0505	0202	0301					01	29	44	58	07	16
3410	0701	1101					0202	0301					0101	2902	4403	5801	0718	1601
3438	0701	1101					0202	0301					01	29	44	58	07	16
3522																		
3582	0701	1101	302	401	NT	NT	0202	0301	0501/13501	1101			0101	2902	4403	5801	0701	1601
3600																		
3614	0701	1101			0201	05	0202	0301					0101	2902	4403	5801	0718	1601
3625	0701	1101/97	3	4			0202	0301	0501	1101			0101	29	4403	5801	0718	16
3807	0701	1101					0202/3	0301/4	0501	1101			0101	2902	4403	5801	07	16
3849	0701	1101/97	302	401	0201	0505	0202	0301					01	29	44	58	07	16
4237																		
4281																		
4420	0701	1101											0101	2902	4403	5801	07	1601
4545	0701	110101G	30202	401	0201	05	0202	0301	0501	1101			0101	2902	4403	5801	070101G	1601
4551	0701	1101	30202	40101	02	05	0202	0301	NT	NT			01	29	44	58	07	16
4585	07	11			0201	0505/9	0202/6	03					01	29	44	58	07	16
4613																		
4653	07	11			0201	05	0202	0301					01	29	44	58	07	16
4709	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
5451																		
5982																		
6051	0701	1101	302	401	0201	05	0202	0301	0501	1101	0201	0202	01	29	44	58	07	16
6313	0701	1101					0202	0301					0101	2902	4403	5801	0718	1601
9221	07	11	3	4	02	05	02	03	0501	1101			01	29	44	58	07	16
197H	0701	1101P					0202	0301	0501P	1101			0101	2902	4403	5801	0701P	1601
197L	07	11	302	401	0201	05	0202	03			0201	0202	01	29	44	58	07	16
4582H	0701	1101	30202	40101	0201	0505	0202	0301	0501	1101	0201	0202	0101	2902	4403	5801	0718	1601
4582L	07	11	302	401	02	05	02	03	05	11	02	02	01	29	44	58	07	16

DNA #725

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	07	10	401	BLANK	01	02	02	05				02	30	15	57	02	18	
16	070101	100101	40103	BLANK	010101G	0201	0202	0501/12	040101	1701	0201	0301	0202	300201	150301	570201	0210	1802
80	07	10	401	BLANK	01	0201	02	05	0401	1701	0201	0301	02	30	15	5702	02	18
124	0701	1001	401	BLANK	01	0201	0202	0501	04	17			0202	30	15	5702	0210	18
134	0701	1001	40103	BLANK			0202	0501	0401	1701			0202	3002	1503	5702	0210	1802
138	0701	1001	401	BLANK	01	02	0202	0501	0401	1701			0202	3002	1503	5702	0210	1802
139	07	1001/3					0202	0501/7					02	3002/10	15	5702	02	18
142	07	10	401	BLANK			02	05					02	30	15	57		
143	0701	1001					0202	0501					0202	3002	1503/220	5702	0210	1801/2
144	0701	1001			01	0201	0202	0501					0202	300201G	150301G	5702	0210	180101G
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
148	0701	1001	40103	BLANK			0202	0501	0401P	1701P			0202	3002	1503P	5702	0210	1802
151	0701	1001											0202	3002	1503	5702		
152	07	10											02	30	15	57		
155													0202	3002	1503/103	5702	0210	1802
156	0701	1001					0202	0501					0202	3002	1503/220	5702	0210	1802
158	0701	1001	40103	BLANK	01	0201	0202	0501	0401	1701			0202	3002	1503	5702	0210	1802
160																		
162	070101	100101					0202	050101					0202	300201	1503	570201	0210	1801/2
164	07	10											02	30	15	57		
168	07	10											02	30	15	57		
173	0701	1001			0101/4	0201	0202	0501					02	30				
174	0701	1001					0202	0501					0202	3002	1503	5702	0202/10	1801/2
175	0701	1001					02	05					0202	3002	1503	5702	02	18
176	0701	1001					0202	0501					0202	3002	1503	5702	0210	1802
185	070101G	100101					0202	05010101/2					0202	300201G	150301G	570201	0210	180101G
187	0701	1001	NT	NT	NT	NT	0202	0501	NT	NT	NT	NT	0202	3002	1503P	5702	0210	1801P
188																		
189	0701	1001	40101/3	BLANK	0101/5	0201	0202	0501	NT	NT	NT	NT	0202	3002	1503	5702	0210	1802
190	07	10	4	BLANK			02	05					02	30	15	57	02	18
192	0701	1001	40103	BLANK			0202	0501	0401	1701			0202	3002	1503	5702	0210	1802
193	0701	1001											0202	3002	1503	5702		
195																		
199	07	10	4	BLANK			02	05										
201																		
205	0701	1001	40103	BLANK	0105	0201	0202	0501	0401	1701	0201	0301	0202	3002	1503P	5702	0210	1802
206	07	10											02	30	15	57		
207	0701	1001	NT	NT	01	0201	0202	0501/12	0401	1701			02	30	15	5702	0210	1801/2
208	0701	1001											0202	3002	1503	5702		
209	07	10					02	05					02	30	15	57	02	18
212																		
213																		
214																		
215	NT	NT	NT	NT									0202	300201	150301	570201	0210	1801
218	0701	1001					0202	0501					0202	3002	1503	5702	0210	1802
222	07	04					02	05					02	30	15	57		
223	0701	1001	NT	NT	0105	0201	0202	0501	NT	NT	NT	NT	NT	NT	1503	5702	0210	1802
225	0701	1001	40101	BLANK			0202	0501					0202	3002	1503	5702	0202	1802
226	07	10	401	BLANK	01	02	02	05	04	17	02	03	0202	3002	1503	5702	0210	1802
227	070101	100101	NT	NT	NT	NT	0202	050101	NT	NT	NT	NT	0202	300201	1503	5702	0210	1802
228																		
229																		
230	0701	1001	40103	BLANK	01	02	0202	0501	0401	1701	0201	0301	0202	3002	1503	5702	0210	1802
232	07	10					02	05					02	30	15	57	02	18
234	0701	1001			NT	NT	0202/6	0501/77	NT	NT			0202	3002	1503	5702	0210	1801
237	07	10					02	05					02	30	15	57		
238																		
239	0701/18	1001	40103/7	BLANK	0105	0201	0202/6	0501/7	0401	1701	0201	0301	02	30	15	5702/28N	0210	1801
240																		
242																		
244																		
245	0701	1001			01	0201	0202	0501/12					0202/320	3002/33	15	5702	0202/10	1801/2
246																		
249	070101	100101					0202	050101	040101	1701			0202	300201	150301	570201	0210	1802
250	07	10	4	BLANK			02	05					02	30	15	57	02	18
251																		
252	07	10	4	BLANK	NT	NT	02	05	NT	NT	NT	NT	02	30	1503	57	02	18
255	07	10											02	30	15	57		
258																		
259	07	10					02	05					02	30	72	57		
260	0701	1001	4	BLANK			0202	0501					0202	3002	15	57	02	18
262	07	10	4	BLANK														
263	0701	1001	NT	NT	NT	NT	0202	0501	0401	1701	NT	NT	0202	3002	1503	5702	0202	1801
264	070101G	100101					020101G	050101G	040101G	170101G	020101	0301	0202	300201G	150301G	570201	0210	180101G
265																		
266	07	10	4	BLANK			02	05					02	30	15	57	02	06
267	0701	1001/3	40101	BLANK	0101	0201	0202	0501	NT	NT	NT	NT	0202	3002	1503	5702	0202	1801/2
268	07	10					02	05					02	30	15	57		
271																		
273	0701	1001	40103	BLANK			0202	0501					0202	3002	1503	5702	0210	1802

DNA #725

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1				DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
274	0701	1001			0104/5	0201	0202	0501							0202	3002	1503	5702	0202/10	1802
275	0701	1001	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT		0202	3002	1503	5702	NT	NT
276																				
278	07	1001	40103	BLANK	01	0201	0202	0501	0401	1701	0201	0301		0202	3002	1503	5702	0202/10	1802	
401	0701	1001			01	0201	0202	0501	0401	1701										
452	0701	1001	40103	BLANK	NT	NT	0202	0501	0401	1701	NT	NT		0202	3002	1503	5702	0210	1802	
519	0701	1001	401	BLANK	0105	0201	0202	0501	0401/12001N	1701	0201	0301		0202	3002	1503/103	5702	0210	1801/2	
615	070101G	1001	401	BLANK			0202	050101G	040101G	170101G										
616	07	10												02	30	15	57	02	18	
635	07	10	4	BLANK			02	05						02	30	15	57	02	18	
702	0701	1001	40103	BLANK	0105	0201	0202	0501	0401	1701				0202	3002	1503	5702	0210	1802	
714	0701	1001	NT	NT	NT	NT	0202	0501	NT	NT	NT	NT		0202	3002	1503	5702	0210	1802	
726	0701	1001	401	BLANK	0105	0201	0202	0501	0401	1701	0201	0301		0202	3002	1503	5702	0210	1802	
732	070101	100101	4010301	BLANK	01	02	0202	050101						0202	300201	1503/103	570201	0210	1802	
769	0701	1001	40103	BLANK	NT	NT	0202	0501	0401	1701	NT	NT		0202	3002	1503P	5702	0210	1802	
805	0701	1001					0202	0501						0202	3002	1503	5702	0210	180101G	
1113	07	10			01	0201	0202	0501/12	0401/12601	1701/13101				02	30	15	5702	02	18	
1189	0701	1001	40103	BLANK			0202	0501	0401	1701				0202	3002	1503/103	5702	0210	1802	
1212	0701	1001	40103	BLANK			0202	0501	0401	1701				0202	3002	1503	5702	0202	1801	
1251	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT		NT	NT	NT	NT	NT	NT	
1498	070101	100101	40103	BLANK	0105	0201	0202/6	0501/7	40101G/12001	170101G				0202	3002	150301G	5702	0210	1801/2	
1647	0701	1001	4	BLANK			0202	0501	0401	1701				0202	3002	1503	5702	0210	180101G	
1686																				
1905	0701	1001	401	BLANK			0202	0501	0401P	1701P	0201	0301		0202	3002	1503	5702	0210	1802	
2004																				
2013	0701	1001	NT	NT	NT	NT	0202	0501	NT	NT	NT	NT		0202	3002	1503	5702	0210	1802	
2015														0202	300201	150301	570201	0210	1802	
2063																				
2347	07	10	4	BLANK	01	02	02	05	0401	1701	0201	0301		02	30	15	57	02	18	
2411	0701	1001					0202	0501						0202	3002	1503	5702	0210	1801	
2518	0701	1001					020101G	0501						0202	3002	1503	5702	0210	180101G	
2549	0701	1001	401	BLANK	0105	0201	0202	0501	04	17				0202	3002	1503	5702	0210	1802	
3248																				
3261	0701	1001	401	BLANK			0202	0501	0401	1701										
3264	07	10	NT	NT	01	0201	0202	0501	NT	NT				02	30	15	57	NT	NT	
3325	0701	1001	40103	BLANK	0105	0201	0202	0501						02	30	15	57	02	18	
3410	0701	1001					0202	0501						0202	3002	1503	5702	0210	1802	
3438	0701	1001					0202	0501						0202	3002	1503	5702	0210	1801/2	
3522																				
3582	0701	1001	401	BLANK	NT	NT	0202	0501	0401	1701				0202	3002	1503	5702	0210	1802	
3600																				
3614	0701	1001			01	0201	0202	0501						0202	3002	1503	5702	0202/10	1802	
3625	0701	1001	4	BLANK			0202	0501	0401	1701/13101				02	3002	15	5702	02	1801/2	
3807	0701	1001					0202	0501	0401	1701				0202	3002	15	5702	0210	1802	
3849	0701	1001	401	BLANK	0105	0201	0202	0501						02	30	15	57	0210	1801/2	
4237																				
4281																				
4420	0701	1001												0202	3002	1503	5702	0202/10	1801/2	
4545	0701	1001	40103	BLANK	0105	0201	0202	0501	040101G	170101G				0202	3002	150301G	5702	0210	180101G	
4551	0701	1001	40103	BLANK	01	02	0202	0501	NT	NT				02	30	15	57	02	18	
4585	07	1001/3			01	0201	0202/6	0501						02	30	15	5702	02	18	
4613																				
4653	07	1001/3			01	0201	0202	0501						0202	3002	1503	5702	02	18	
4709	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT				NT	NT	NT	NT	NT	NT	
5451																				
5982																				
6051	0701	1001	401	BLANK	01	0201	0202	0501/12	0401	1701	0201	0301		02	30	1503	5702	02	18	
6313	0701	1001					0202	0501						0202	3002	1503	5702	0210	1802	
9221	07	10	4	BLANK	01	02	02	05	0401	1701				02	30	15	57	02	18	
197H	0701	1001					0202	0501	0401	1701				0202	3002	1503P	5702	0210	1801P	
197L	07	10	401	BLANK	01	0201	0202	05			0201	0301		02	30	15	5702	02	18	
4582H	0701	1001	40103	BLANK	0105	0201	0202	0501	0401	1701	0201	0301		0202	3002	1503	5702	0210	1802	
4582L	07	10	401	BLANK	01	02	02	05	04	17	02	03		02	30	15	57	02	18	

DNA #726

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus										
7	04	14	301	401	03	05	03	03	040201	1401	0103	0201	68	68	35	40	03	04	
16	040701/92	1402	30101/11	40103	0301	0503/7	0301	0302/37	040201	1401	0103	0201	680102/11N	680301	3501/42	400201	0305	040101	
80	04	14	301	401	0301	05	03	03	0402	1401	0103	02	68	6803	35	40	03	04	
124	04	1402	30101	401	0301	05	0301	0302	04	1401			68	6803	35	40	0305	04	
134	0407	1402	30101	40103			0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401	
138	0407	1402	301	401	03	05	0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401	
139	04	1402/51					03	0302					6801/3	68	35	40	03	04	
142	04	14	301	401			03	03					68	68	35	40			
143	0407/92	1402					0301/3	0302/4					6801	6803	3501/4	4002/3	0305	0401/9N	
144	040701G	1402			0301	0503/7	030101G	030201G					680102G	6803	350101G	400201G	0305	040101G	
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
148	04	14	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT	68	68	35	40	NT	NT	
151	0407	1402											6801	6803	3501	4002			
152	04	14											68	68	35	40			
155													6801	6803	3501	4002	0305	0401	
156	0407/92	1402					0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401/82	
158	0407	1402	30101	40103	0301	05	0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401	
160																			
162	040701	1402					030101	030201					680102	680301	350101	4002	0305	040101G	
164	04	14											68	68	35	40			
168	04	14											68	68	35	40			
173	0407/8	1402/51			0301	0503/7	0301	0302					68	68					
174	0407	1402					0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401	
175	0407/92	1402					03	03					6801	6803	3501	4002	03	04	
176	0407	1402					0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401	
185	040701G	1402					03	03					680102G	680301	350101G	400201G	0305/27	0401/10	
187	0407P	1402	NT	NT	NT	NT	0301	0302	NT	NT	NT	NT	680102G	6803	3501P	4002	0305	0401P	
188																			
189	0407	1402	30101/11	40101/3	0301	0503/7	0301	0302	NT	NT	NT	NT	6801	6803	3501	4002	0305	0401	
190	04	14	3	4			03	03					68	68	35	40	03	04	
192	0407	1402	30101	40103			0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401	
193	0407	1402											6801	6803	35	40			
195																			
199	04	14	3	BLANK			03	03											
201																			
205	0407P	1402	30101	40103	0301	0503	0301	0302	0402	1401	0103	0201	6801	6803	3501	4002	0305	0401	
206	04	14											68	68	35	40			
207	0407	14	NT	NT	0301	0503/7	03	0302/37	0402	1401			68	6803	35	40	0305	04	
208	0407	1402											6801	6803	35	40			
209	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT	NT	NT	
212																			
213																			
214													680102	680301	35	40	03	04	
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT	
218	0407	1402					0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401	
222	04	14					03	03					68	68	35	40			
223	0407	1402	NT	NT	0301	0503	0301	0302	NT	NT	NT	NT	NT	NT	3501	4002	0305	0401	
225	0405	1402	30101	40101			0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401	
226	04	14	301	401	03	05	03	03	04	14	01	02	6801	6803	3501	4002	0305/27	0401	
227	040701	1402	NT	NT	NT	NT	030101	030201	NT	NT	NT	NT	680102	680301	3501	400201	0305	0401	
228																			
229																			
230	0407	1402	30101	40103	03	05	0301	0302	0402	1401	0103	0201	6801	6803	3501	4002	0305	0401	
232	04	14					03	03					68	68	35	40	03	04	
234	0407	1402			NT	NT	0301/21	0302/32	NT	NT			6801	6803	3501	4002	0305	0401/9N	
237	04	14					0301	0302					68	68	35	4002			
238																			
239	04	14	3	4	NT	NT	03	03	NT	NT	NT	NT	68	68	35	40	0305	0401	
240																			
242																			
244																			
245	04	1402/51			0301	0503/7	03	03					68	68	35	40	0305	0401	
246																			
249	040701	1402					030101	030201	040201	1401			680102	680301	350101	400201	0305	040101	
250	04	14	3	4			03	03					68	68	35	40	03	04	
251																			
252	04	1402/6	3	4	NT	NT	0301	0302	NT	NT	NT	NT	68	68	35	4002	03	04	
255	04	14											68	68	35	40			
258																			
259	04	14					0301	0302					68	68	35	61			
260	0407	1402	3	4			0301	0302					680102G	6803	35	40	03	04	
262	04	1402	3	4															
263	0403	1402	NT	NT	NT	NT	0301	0302	0402	1401	NT	NT	6801	6803	3501	4002	0304	0401	
264	040701G	1402					030101G	030201G	040201G	1401	010301G	020101	680102G	680301	350101G	400201G	0305	040101G	
265																			
266	04	14	3	4			03	03					68	68	35	40	03	04	
267	0405	1402	30101	40101	0301	0503/7	0301	0302	NT	NT	NT	NT	6801	6803	3501	4002	0305	0401	
268	04	14					03	03					68	68	35	40			
271																			
273	0407	1402	30101	40103			0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401	

DNA #726

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
274	0407	1402			0301	0503	0301	0302				6801	6803	3501	4002	0305	0401	
275	0407/92	1402	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	6801	6803	3501	4002	NT	NT	
276																		
278	0407	1402	30101	40103	0301	0503/7	0301	0302	0402	1401	0103	0201	6801	6803	3501	4002	0305	04
401	0407/92	1402			0301	0503/7	0301/29	0302	0402	1401								
452	0407	1402	30101	40103	NT	NT	0301	0302	0402	1401	NT	NT	6801	6803	3501	4002	0305	0401
519	0407/92	1402	301	401	0301	0503	0301	0302	0402	1401	0103	0201	6801/11N	6803	3501/42	4002	0305	0401/82
615	040701G	1402	3010102G	401			0301	030201G	040201G	1401								
616	04	14											68	68	35	40	03	04
635	04	14	3	4			03	03					68	68	35	40	03	04
702	0407	1402	30101	40103	0301	0503	0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401
714	0407	1402	NT	NT	NT	NT	0301	0302	NT	NT	NT	NT	6801	6803	3501	4002	0305	0401
726	0407	1402	301	401	0301	0503	0301	0302	0402	1401	0103	0201	6801	6803	3501	4002	0305	0401
732	0407/92	1402	3010102	4010301	03	05	03	030201					680102	680301	3501/42	400201	0305/27	04
769	0407P	1402	30101	40103	NT	NT	0301	0302	0402	1401	NT	NT	6801	6803	3501P	4002	0305	0401
805	0407	1402					0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	040101G
1113	04	14			0301	0503/7	03	0302/37	0402	1401			68	6803	35	40	03	04
1189	0407	1402	30101	40103			0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401
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	040701G	1402	30101/12	40103	030101	0503	030101G	030201G/37	0402	1401			6801/11N	6803	3501/42	4002	0305	040101G
1647	040701G	1402	3	4			0301	0302	0402	1401			680102G	6803	350101G	4002	0305	040101G
1686																		
1905	0407	1402	30101/11	40101P			0301	0302	0402P	1401	0103	0201	6801	6803	3501	4002	0305	0401
2004																		
2013	0407	1402	NT	NT	NT	NT	0301	0302	NT	NT	NT	NT	6801	6803	3501	4002	0305	0401
2015													6801	6803	3501	4002	0305	0401
2063																		
2347	04	14	3	4	03	05	0301	0302	0402	1401	0103	0201	68	68	35	40	03	04
2411	0407	1402					0301	0302					6801	6803	3504	4003	0305	0401
2518	0407	1402					0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401
2549	040701G	1402	301	401	0301	0503	0301	0302	04	14			6801	6803	3501	4002	0305	0401
3248																		
3261	0407	1402	301	401			0301	0302	0402	1401								
3264	04	14	NT	NT	0301	05	03	03	NT	NT			68	68	35	40	NT	NT
3325	0407	1402	30101	40103	0301	0503	0301	0302					68	68	35	40	03	04
3410	0407	1402					0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401
3438	0407	1402					0301	0302					68	68	35	40	03	04
3522																		
3582	0407/92	1402	30101	401	NT	NT	0301	0302	0402/10501	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401
3600																		
3614	0407	1402			0301	05	0301	0302					6801	6803	3501	4002	0305	0401
3625	0407/92	1402	3	4			0301	0302	0402	1401			6801/11N	6803	3501	4002	0305	04
3807	0407/92	1402/46					0301	0302	0402	1401			6801/11N	6803	35	40	0305	04
3849	0407/92	1402	301	401	0301	0503	0301	0302					68	68	35	40	03	04
4237																		
4281																		
4420	0407/8	1402											6801	6803	35	40	0305	0401/7
4545	040701G	1402	301	401	0301	0503	0301	0302	040201G	1401			6801/11N	6803	3501/42	4002	0305	040101G
4551	0407	1402	30101	40103	0301	0503/7	0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401
4585	04	14			0301	0503/7	03	0302/32					68	6803	35	40	03	04
4613																		
4653	04	1402			0301	05	0301	0302					68	6803	35	40	0305	04
4709	0407	1402			0301	05	0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401
5451																		
5982																		
6051	0407/8	1402/51	301	401	0301	05	0301/27	0302/37	0402	1401	0103	0201	68	68	35	4004	0305/25	04
6313	04	14					03	0302					68	68	35	40	03	04
9221	0407	1402	3	4	03	05	03	03	NT	NT			68	68	35	40	03	04
197H	0407P	1402					0301	0302	0402	1401			6801	6803	3501	4002	0305	0401P
197L	04	14	301	401	0301	05	03	03			0103	02	68	6803	35	40	03	04
4582H	0407	1402	30101	40103	0301	0503	0301	0302	0402	1401	0103	0201	6801	6803	3501	4002	0305	0401
4582L	04	14	301	401	03	05	03	03	04	14	01	02	68	68	35	40	03	04

DNA #727

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1				DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
7	04	08	401	BLANK	03	04	03	04					02	31	15	51	01	15		
16	0407/92	0802	40103	BLANK	030101G	0401	0302	0402/3	040101	BLANK	0103	BLANK	020101	3102	1515	510101	0102	1502		
80	04	08	401	BLANK	03	0401	03	04	0401	BLANK	0103	BLANK	02	31	1515	51	01	15		
124	04	0802	401	BLANK	03	0401	0302	0402	04	BLANK			02	3102	1515	51	01	15		
134	0407	0802	40103	BLANK			0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502		
138	0407	0802	401	BLANK	03	04	0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502		
139	0407/20	0802					0302/5	0402/4					02	31	15	51	01	15		
142	04	08	401	BLANK			03	04					02	31	15	51				
143	0407/92	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502		
144	040701G	0802			0301	04	030201G	0402					020101G	3102	1515	510101G	010201G	15		
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	
148	04	08	NT	NT			NT	NT	NT	NT			02	31	15	51	NT	NT		
151	0407	0802											0201	3102	1515	5101				
152	04	08											02	31	15	51				
155													0201	3102	1515	5101	0102	1502		
156	0407/92	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502		
158	0407	0802	40103	BLANK	03	0401	0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502		
160																				
162	040701	080201					030201	0402					020101	3102	1508/15	5107/1	010201	150201		
164	04	04											02	31	15	51				
168	04	08											02	31	15	51				
173	0407	0802			0301/2	0401	0302/5	0402/3					02	31						
174	0407	0802					0302	0402					0201/9	3102	1515	5101	0102	1502		
175	0407/92	0802					03	04					0201	3102	1515	5101	01	15		
176	0407	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502		
185	040701G	080201					0302/5	0402/3					020101G	3102	1515	510101G	010201G	150201G		
187	0407P	0802	NT	NT	NT	NT	0302	0402	NT	NT	NT	NT	0201	3102	1515	5101	0102P	1502P		
188																				
189	0407	0802	40101/3	BLANK	03	0401	0302	0402	NT	NT	NT	NT	0201	3102	1515	5101	0102	1502		
190	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	15	51	01	15		
192	0407	0802	40103	BLANK			0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502		
193	0407	0802											02	31	1515	5101				
195																				
199	04	08	4	BLANK			03	04												
201																				
205	0407P	0802	40103	BLANK	0301	0401	0302	0402	0401	BLANK	0103	BLANK	0201	3102	1515	5101	0102	1502		
206	04	08											02	31	15	51				
207	0407/92	0802	NT	NT	NT	NT	03	0402	0401	BLANK			02	31	15	51	01	15		
208	0407	0802											0201	3102	1515	5101				
209	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT	NT	NT		
212																				
213																				
214													020101	3102	15	51	01	15		
215	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT	NT	NT		
218	0407	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502		
222	04	08					03	03					02	31	15	51				
223	0407	0802	NT	NT	0301	0401	0302	0402	NT	NT	NT	NT	NT	NT	1515	5101	0102	1502		
225	0407	0802	40101	BLANK			0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502		
226	04	08	401	BLANK	03	04	03	04	04	BLANK	01	BLANK	0201	3101	1515	5101	0102	1502		
227	0407	0802	NT	NT	NT	NT	030201	0402	NT	NT	NT	NT	0201	3102	1515	510101	0102	1502		
228																				
229																				
230	0407	0802	40103	BLANK	03	04	0302	0402	0401	BLANK	0103	BLANK	0201	3102	1515	5101	0102	1502		
232	04	08					03	04					02	31	15	51	01	15		
234	0407/92	0802			0301/2	0401	0302/5	0402/3	NT	NT			0201/9	3102	1515	5101/11N	0102/25	1502/13		
237	04	08					0302	04					02	31	1501	51				
238																				
239	04	08	4	BLANK	NT	NT	03	04	NT	NT	NT	NT	02	31	15	51	01	15		
240																				
242																				
244																				
245	0407/92	0802			03	0401	03	0402/3					02	3102	1515	51	01	15		
246																				
249	040701	080201					030201	040201	040101	BLANK			020101	3102	1515	510101	010201	150201		
250	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	15	51	01	15		
251																				
252	04	08	4	BLANK	NT	NT	03	04	NT	NT	NT	NT	02	3102	15	51	01	15		
255	04	08											02	31	15	51				
258																				
259	04	08					0302	04					02	31	62	51				
260	0407	0802	4	BLANK			0302	0402					02	31	15	51	01	15		
262	04	0802	4	BLANK																
263	0404	0802	NT	NT	NT	NT	0302	0402	0401	BLANK	NT	NT	0201	3101	1501	5101	0102	1502		
264	040701G	080201					030201G	040201	040101G	BLANK	010301G	BLANK	020101G	3102	1515	510101G	010201G	150201G		
265																				
266	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	15	51	01	15		
267	0407	0802	40101	BLANK	0301	0401	0302	0402	NT	NT	NT	NT	0201	3101	1508	5101	0102	1502		
268	04	08					03	04					02	31	15	51				
271																				
273	0407	0802	40103	BLANK			0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502		

DNA #727

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
274	0407	0802			0301	0401	0302	0402				0201	3102	1515	5101	0102	1502	
275	0407/92	0802	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	0201	3102	1508/15	5107/1	NT	NT	
276																		
278	0407	0802	40103	BLANK	03	0401	0302	0402	0401	BLANK	0103	BLANK	02	3102	1515	5101	0102	1502
401	0407/92	0802			03	0401	0302	0402	0401	BLANK								
452	0407	0802	40103	BLANK	NT	NT	0302	0402	0401	BLANK	NT	NT	0201	3102	1515	5101	0102	1502
519	0407/92	0802	401	BLANK	0301	0401	0302	0402	0401/12001N	BLANK	0103	BLANK	0201	3102	1515	5101	0102	1502
615	040701G	0802	401	BLANK			030201G	0402	040101G	BLANK								
616	04	08											02	31	15	51	01	15
635	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	15	51	01	15
702	0407	0802	40103	BLANK	0301	0401	0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502
714	0407	0802	NT	NT	NT	NT	0302	0402	NT	NT	NT	NT	0201	3102	1515	5101	0102	1502
726	0407	0802	401	BLANK	0301	0401	0302	0402	0401	BLANK	0103	BLANK	0201	3102	1515	5101	0102	1502
732	0407/92	080201	4010301	BLANK	03	04	0302/5	0402/3					020101	3102	1515	510101	0102	150201
769	0407P	0802	40103	BLANK	NT	NT	0302	0402	0401	BLANK	NT	NT	0201P	3102	1515	5101	0102	1502
805	0407	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502
1113	04	08			03	0401	03	0402/3	0401/12601	BLANK			02	31	1515	51	01	15
1189	0407	0802	40103	BLANK			0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502
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	040701G	080201	40103	BLANK	030101	0401	030201G/37	0402/4	0401/12001N	BLANK			0201/1L	3102	1515	5101	0102	1502
1647	040701G	0802	4	BLANK			0302	0402	0401	BLANK			020101G	3102	1515	5101	0102	1502
1686																		
1905	0407	0802	401	BLANK			0302	0402	0401P	BLANK	0103	BLANK	0201	3102	1515	5101	0102	1502
2004																		
2013	0407	0802	NT	NT	NT	NT	0302	0402	NT	NT	NT	NT	0201	3102	1515	5101	0102	1502
2015													0201	3102	1515	510101	0102	1502
2063																		
2347	04	08	4	BLANK	03	04	0302	04	0401	BLANK	0103	BLANK	02	31	15	51	01	15
2411	0407	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502
2518	0407	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502
2549	040701G	0802	401	BLANK	0301	0401	0302	0402	04	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502
3248																		
3261	0407	0802	401	BLANK			0302	0402	0401	BLANK								
3264	0407/92	0802	40103	BLANK	NT	NT	0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502
3325	0407	0802	40103	BLANK	0301	0401	0302	0402					02	31	15	51	01	15
3410	0407	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502
3438	0407	0802					0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502
3522																		
3582	04	08	401	BLANK	03	04	03	04	NT	NT			02	31	15	51	01	15
3600																		
3614	0407	0802			03	0401	0302	0402					0201	3102	1515	5101	0102	1502
3625	0407/92	08	4	BLANK			0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515/144	51	0102	1502
3807	0407/92	0802					0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102/48	1502/10
3849	0407/92	0802	401	BLANK	0301	0401	0302	0402					02	31	1515	51	01	15
4237																		
4281																		
4420	0407	0802/7											0201	3101	15	51	0102	1502
4545	040701G	0802	401	BLANK	0301	0401	0302	0402	040101G	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502
4551	0407	0802	40103	BLANK	03	0401	0302	0402	0401	BLANK			020101G	3102	1515	5101	0102	1502
4585	0407/92	0802/42			03	0401	03	0402/3					02	31	1515	51	01	15
4613																		
4653	0407	0802			03	0401	03	0402/3					02	31	1515	51	01	15
4709	0407	0802			03	0401	0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502
5451																		
5982																		
6051	0407/92	0802	401	BLANK	03	0401	0302/5	0402/3	0401	BLANK	0103	BLANK	02	31	1508/15	51	01	15
6313	04	08					03	0402					02	31	15	51	01	15
9221	0407	08	4	BLANK	03	04	03	04	NT	NT			02	31	15	51	01	15
197H	0407P	0802					0302	0402	0401	BLANK			0201	3102	1515	5101	0102	1502
197L	04	08	401	BLANK	03	0401	03	04			0103	BLANK	02	31	1515	51	01	15
4582H	0407	0802	40103	BLANK	0301	0401	0302	0402	0401	BLANK	0103	BLANK	0201	3102	1515	5101	0102	1502
4582L	04	08	401	BLANK	03	04	03	04	04	BLANK	01	BLANK	02	31	15	51	01	15

DNA #728

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus									
7	11	15	302	501	01	05	03	06				23	30	49	BLANK	07	BLANK	
16	1101	1501	30202	50101	010201G	0505/9	0301	0602/47	040101	BLANK	0103	BLANK	230101/17	300101	490101	BLANK	070101	BLANK
80	11	15	302	50101	01	05	03	06	0401	BLANK	0103	BLANK	23	30	49	BLANK	07	BLANK
124	11	1501	302	50101	0102	05	0301	0602	04	BLANK			23	30	4901	BLANK	07	BLANK
134	1101	1501	30202	50101			0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
138	1101	1501	302	501	01	05	0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
139	11	15					03	06					23	30	4901	BLANK	07	BLANK
142	11	15	302	501			03	06					23	30	49	BLANK		
143	1101/97	1501					0301	0602					2301/17	3001	4901	BLANK	0701/6	BLANK
144	110101G	1501			0102	05	030101G	0602					230101G	300101G	4901	BLANK	070101G	BLANK
147	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
148	11	15	NT	NT			NT	NT	NT	NT			23	30	49	BLANK	NT	NT
151	1101/97	1501											2301	3001	4901	BLANK		
152	11	15											23	30	49	BLANK		
155													NT	NT	NT	NT	NT	NT
156	1101	1501/69					0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
158	1101	1501	30202	50101	01	05	0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
160																		
162	110101	150101					030101	060201					230101	300101	4901	BLANK	070101G	BLANK
164	11	15											23	30	49	BLANK		
168	11	15											23	30	49	BLANK		
173	1101/4	1501/2			0102	0505/9	0301	0602					23	30				
174	1101	1501					0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701/6	BLANK
175	1101	1501					03	06					2301	3001	4901	BLANK	07	BLANK
176	1101	1501					0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
185	1101/100	150101G					03	060201/2					2301/21	3001/11	490101G	BLANK	070101G	BLANK
187	1101P	1501	NT	NT	NT	NT	0301	0602	NT	NT	NT	NT	2301P	3001	4901	BLANK	0701P	BLANK
188																		
189	1101	1501	30202	50101	0102	0505/9	0301	0602	NT	NT	NT	NT	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
190	11	15	3	5			03	06					23	30	49	BLANK	07	BLANK
192	1101	1501	30202	50101			0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
193	11	15											2301	3001	4901	BLANK		
195																		
199	11	15	3	5			03	06										
201																		
205	1101	1501	30202P	50101	0102P	0505	0301	0602	0401	BLANK	0103	BLANK	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
206	11	15											23	30	49	BLANK		
207	11	1501	NT	NT	NT	NT	03	0602/47	0401	BLANK			23	30	49	BLANK	07	BLANK
208	1101/97	1501											2301	3001	4901	BLANK		
209	NT	NT					NT	NT					NT	NT	NT	NT	NT	NT
212																		
213																		
214													23	30	490101	BLANK	070101	BLANK
215	11	15	3	5									23	30	49	BLANK	07	BLANK
218	1101	1501					0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
222	11	15					03	06					23	30	49	44		
223	1101	1501	NT	NT	0102/9	0505	0301	0602	NT	NT	NT	NT	NT	NT	4901	BLANK	0701	BLANK
225	1101	1501	30101	50101			0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
226	11	15	302	501	01	05	03	06	04	BLANK	01	BLANK	2301	3001	49	BLANK	0701	BLANK
227	1101	1501	NT	NT	NT	NT	030101	0602	NT	NT	NT	NT	230101	300101	4901	BLANK	070101	BLANK
228																		
229																		
230	1101	1501	30202	50101	01	05	0301	0602	0401	BLANK	0103	BLANK	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
232	11	15					03	06					23	30	49	BLANK	07	BLANK
234	1101/97	1501/55			0102	0505/9	0301/27	0602/47	NT	NT			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
237	11	15					03	06					23	30	49	44		
238																		
239	11	15	3	5	NT	NT	03	06	NT	NT	NT	NT	23	30	49	BLANK	0701	BLANK
240																		
242																		
244																		
245	11	1501			01	0505/9	03	0602/47					23	30	49	BLANK	07	BLANK
246																		
249	110101	150101					030101	060201	040101	BLANK			230101	300101	490101	BLANK	070101	BLANK
250	11	15	3	5			03	06					23	30	49	44	07	BLANK
251																		
252	11	15	3	5	NT	NT	03	06	NT	NT	NT	NT	23	30	49	44	NT	NT
255	11	15											23	30	49	BLANK		
258																		
259	11	15					0301	06					23	30	49	44		
260	1101	1501	3	5			0301	0602					23	30	49	BLANK	07	BLANK
262	11	1501	3	5														
263	1101	1501	NT	NT	NT	NT	0301	0602	0401	BLANK	NT	NT	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
264	110101G	150101G					030101G	060201G	040101G	BLANK	010301G	BLANK	230101G	300101G	490101	BLANK	070101G	BLANK
265																		
266	11	15	3	5			03	06					23	30	49	15	07	BLANK
267	1101	1501	30212	50101	0102	0505/9	0301	0602	NT	NT	NT	NT	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
268	11	15					03	06					23	30	49	BLANK		
271																		
273	1101	1501	30202	50101			0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK

DNA #728

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
274	1101	1501			0102	0505/9	0301/19	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
275	11	15	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	2301/21	3001/11	4901	BLANK	NT	NT
276																		
278	1101	1501	30202	50101	01	0505/9	0301	0602	0401	BLANK	0103	BLANK	2301	3001	4901	BLANK	07	BLANK
401	11	1501			01	0505/9	0301/29	0602/47	0401	BLANK								
452	1101	1501	30202	50101	NT	NT	0301	0602	0401	BLANK	NT	NT	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
519	1101/97	1501	302	501	0102	0505	0301	0602	0401/12001N	BLANK	0103	BLANK	2301/17	3001	4901	BLANK	0701/6	BLANK
615	110101G	150101G	3020201G	50101			0301	060201G	040101G	BLANK								
616	11	15											23	30	49	BLANK	07	BLANK
635	11	15	3	5			03	06					23	30	49	BLANK	07	BLANK
702	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
714	1101	1501	NT	NT	NT	NT	0301	0602	NT	NT	NT	NT	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
726	1101	1501	302	501	0102	0505	0301	0602	0401	BLANK	0103	BLANK	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
732	110101	1501	302	5010101	01	05	03	060201					2301/17	300101	490101	BLANK	07	BLANK
769	1101/97	1501	30202P	50101	NT	NT	0301	0602	0401	BLANK	NT	NT	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
805	1101	1501					0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	070101G	BLANK
1113	11	15			01	0505/9	03	0602/47	0401/12601	BLANK			23	30	49	BLANK	07	BLANK
1189	1101	1501	30202	50101			0301	0602	0401	BLANK			2301/17	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
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	110101	1501	3020201G	50101	010201G	0505/10	030101G	060201G/50	0401/12001N	BLANK			2301/17	3001	4901	BLANK	070101G	BLANK
1647	110101G	1501	3	5			0301	0602	0401	BLANK			230101G	3001	4901	BLANK	070101G	BLANK
1686																		
1905	1101	1501	302	50101			0301	0602	0401P	BLANK	0103	BLANK	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
2004																		
2013	1101	1501	NT	NT	NT	NT	0301	0602	NT	NT	NT	NT	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
2015													230101	300101	490101	BLANK	0701	BLANK
2063																		
2347	11	15	3	5	01	05	0301	06	0401	BLANK	0103	BLANK	23	30	49	BLANK	07	BLANK
2411	1101	1501					0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
2518	1101	1501					0301	0602					230101G	3001	4901	BLANK	070101G	BLANK
2549	1101	1501	302	501	0102	0505	0301	0602	04	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
3248																		
3261	1101	1501	302	501			0301	0602	0401	BLANK								
3264	1101/97	1501	30202/29N	50101	NT	NT	0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
3325	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0602					23	30	49	BLANK	07	BLANK
3410	1101	1501					0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
3438	1101	1501					0301	0602					23	30	49	BLANK	07	BLANK
3522																		
3582	11	15	302	501	01	05	03	06	NT	NT			23	30	49	BLANK	07	BLANK
3600																		
3614	1101	1501			01	05	0301	0602					2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
3625	1101/97	1501	3	5			0301	0602	0401	BLANK			2301/17	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
3807	11	15					0301	0602	0401	BLANK			2301/17	3001	4901	BLANK	07	BLANK
3849	1101/97	1501	302	501	0102	0505	0301	0602					23	30	49	BLANK	07	BLANK
4237																		
4281																		
4420	1101	1501/3											2301/17	3001	4901	BLANK	0701/6	BLANK
4545	110101G	1501	302	50101	0102	05	0301	0602	040101G	BLANK			2301/17	3001	4901	BLANK	070101G	BLANK
4551	1101	1501	30202	50101	01	0505/9	0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	490101G	BLANK	070101G	BLANK
4585	11	15			01	0505/9	03	0602/47					23	30	49	BLANK	07	BLANK
4613																		
4653	11	15			01	05	0301	0602					23	30	49	BLANK	07	BLANK
4709	1101	1501			01	05	0301	0602	0401	BLANK			2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
5451																		
5982																		
6051	1101	1501	302	501	01	05	0301	0602/47	0401	BLANK	0103	BLANK	23	30	49	BLANK	07	BLANK
6313	11	15					03	0602					23	30	49	BLANK	07	BLANK
9221	11	15	3	5	01	05	03	06	NT	NT			23	30	49	BLANK	07	BLANK
197H	1101P	1501					0301	0602	0401	BLANK			2301P	3001	4901	BLANK	0701P	BLANK
197L	11	15	302	50101	01	05	03	06			0103	BLANK	23	30	49	BLANK	07	BLANK
4582H	1101	1501	30202	50101	0102	0505	0301	0602	0401	BLANK	0103	BLANK	2301	3001	4901	BLANK	0701	BLANK
4582L	11	15	302	501	01	05	03	06	04	BLANK	01	BLANK	23	30	49	BLANK	07	BLANK

PARTICIPANTS AND METHODS

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus
7									
16	SBT-At,SSO-OL	SSO-OL,SSP-Invit	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	SSP-OL					SSO-OL		
124									
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-Ole,SSP-Oli		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
139	SSO-Gen			SSO-Gen			SSO-Gen	SSO-Gen	SSO-Gen
142	SSO	SSO		SSO			SSO	SSO	SSO
143	SBT-Invit			SBT-Invit			SBT-Invit	SBT-Invit	SBT-Invit
144	SBT-Pro	SSO-Gen		SBT-Pro			SBT-Pro	SBT-Pro	SBT-Pro
147									
148	SBT-At,SSP-Bio	SBT-Gen		SBT-Pro	SBT-At		SBT-At,SSP-Bio	SBT-At,SSP-Bio	SBT-At
151	SBT-Sec						SBT-Sec	SBT-Sec	
152	SSP-OL						SSP-OL	SSP-OL	
155							SBT-inh,SSP-Invit	SBT-inh,SSP-Invit	SBT-inh,SSP-Invit
156	SBT,SSO,SSP			SBT,SSO,SSP			SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
158	SSP-Invit	SSP-Invit	SSO-Lum,Ing	SSP-Ing	SSP-Invit		SSP-Bio,Ole	SSP-Bio,Ole	SSP-Bio,Ole
160									
162	SBT,SSP-Bios			SBT,SSP-Bios			SBT,SSP-Bios	SBT,SSP-Bios	SBT,SSP-Bios
164	LIPA						LIPA	LIPA	
168	SSO-Wak						SSO-Wak	SSO-Wak	
173	SBT-At,SSO-Lum		SSO-Lum,Dy	SSO-Lum,Dy			SSO-Lum		
174	SSO			SSO			SSO	SSO	SSO
175	SBT,SSO			SSO-Invit			SSO,SSP-Invit	SSO,SSP-Invit	SSO-Invit
176	SBT-Cap			SBT-Cap			SBT-Cap	SBT-Cap	SBT-Cap
185	SBT-inh			SBT-inh			SBT-inh	SBT-inh	SBT-inh
187	SBT-At,SSO-OL			SBT-At			SBT-At,SSO-OL	SBT-At,SSO-OL	SBT-At,SSO-OL
188									
189	SSO-Oli,SSP-Life	SSO-Oli	SSO-Oli	SSO-Oli			SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
190	SSP-Ole	SSP-Ole		SSP-Ole			SSP-Ole	SSP-Ole	SSP-Ole
192	SBT,SSP	SSP		SBT,SSP	SBT,SSP		SBT,SSP	SBT,SSP	SBT,SSP
193	SSO-OL						SSO-OL	SSO-OL	
195									
199									
201									
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	SBT,SSO,SSP	SSP	SSO	SBT,SSO,SSP	SSO,SSP		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
208	SBT-Invit						SBT-Invit	SBT-Invit	
209	SSP-Bior			SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL,SSP-Bior
212									
213									
214									
215	SSP-Biot	SSP-Biot					Inhouse SSP-Biot	Inhouse SSP-Biot	Inhouse SSP-Biot
218	SBT-NGS,SSP			SBT-NGS,SSP			SBT-NGS,SSP	SBT-NGS,SSP	SBT-NGS,SSP
222	SSP-Invit			SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	
223	SSO,SSP		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP			SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP
225	SSO-OL	SSO-OL		SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
226	SSO	SSO	SSO	SSO	SSO	SSO	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
227	SBT-Abt,SSO-OL			SBT-Abt,SSO-OL			SBT-Abt,SSO-OL	SBT-Abt,SSO-OL	SBT-Abt,SSO-OL
228									
229									
230	SBT-Life	SSO-OL	SSP-Ole				SBT-Life	SSO-OL	SSP-Ole
232									
234	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP		SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP	SBT,SSO,SSP
237	SSP-Uni	SSP-Uni	SSP-Uni	SSP-Uni			SSP-Uni	SSP-Uni	SSP-Uni
238									SBT,SSP
239	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL
240									
242									
244									
245	SSO-OL		SSO-OL	SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
246									
249	SBT-Bwu			SBT-Bwu	SBT-Bwu		SBT-Bwu	SBT-Bwu	SBT-Bwu
250	SSP-Invit	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
255	SSO-OL						SSO-OL	SSO-OL	
258									
259	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit			SSP-Invit	SSP-Invit	SSP-Invit
260	SSP-Invit	SSP-Invit		SSP-Invit			SBT,SSO,SSP	SSO-Bior	SSO-Bior,SSP-Pro
262	SSP-Pro	SSP-Pro							
263	SSO-Tep			SSO-Tep	SSO-Tep		SSO-Tep	SSO-Tep	SSO-Tep
264	SBT			SBT	SBT	SBT	SBT	SBT	SBT
265									
266	SSP-OL	SSP-OL		SSP-OL			SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL
267	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL			SSO-OL	SSO-OL	SSO-OL
268	SSP			SSP			SSP	SSP	
271									
273	SSO,SSP	SSO,SSP		SSO,SSP			SSO,SSP	SSO,SSP	SSO,SSP

