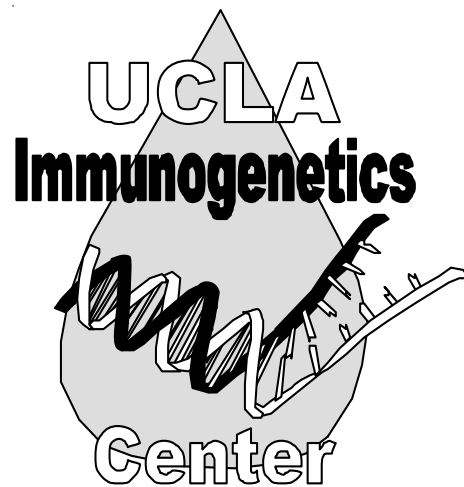


# SUMMARY OF THE 81st INTERNATIONAL HLA DNA EXCHANGE

John Muramoto CHS, CLSp(MB)

J. Michael Cecka PhD

Elaine F. Reed PhD



January 24, 2007

## EXCHANGE #81 CONSENSUS

### DNA #507 CAUC

	ALLELE #1	ALLELE #2	AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
			low	high	Allele level
A*	2402	2601	202/202	104/106	58/76
B*	3502	3801	200/200	132/132	72/74
Cw*	0401	1203	177/178	113/113	59/74
DRB1*	0301	0806	206/206	154/154	78/88
DRB3*	0101		72/72	54/54	17/17
DRB4*					
DRB5*					
DQA1*	0102	0501	54/54	39/39	9/12
DQB1*	0201	0602	180/180	140/141	50/50
DPB1*	0401	1101	56/56	56/56	26/32
DPA1*	0103	0201	12/12	11/11	4/4

Agreement for this sample is greater than 95%.  
 We thank G.M. Th Schreuder from Leiden University Medical Center - The Netherlands, for providing this B-cell line.

This is the second DRB1\*0806 to be sent in the DNA Exchange. The first DRB1\*0806 (DNA #36, June 1994) had a consensus of only 45%. With this sample, consensus is 100%.

This sample was also sent in the UCLA Cell Exchange B-cell line Exchange as Ter-295 (2002). In the 2002 Cell Exchange, 70% of labs reported DRB1\*0806. (Report of the 278th Cell Exchange, April 10, 2002).

M. Fernandez - Vina comments that this sample carries the common DRB1\* - DQB1\* haplotype; DRB1\*0806 - DQB1\*0602.

This is more common in North African populations however it may be found in sub Saharan populaions.

Discrepancies or ambiguities reported:  
 A\*: 2409, 2613. Not excluded: 2421/50/58, 2610/15/16.  
 B\*: Not excluded: 3504, 3809.  
 Cw\*: Not excluded: 0409, 1204 .  
 DRB1\*: Not excluded: 0312, 0804/22.

### DNA #508

	ALLELE #1	ALLELE #2	AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
			low	high	Allele level
A*	0205	3101	202/202	122/124	63/76
B*	3504	4901	202/202	139/140	74/76
Cw*	0401	0701	178/178	101/101	47/74
DRB1*	0405	0807	203/206	149/152	81/88
DRB3*					
DRB4*	0103		71/72	53/54	17/17
DRB5*					
DQA1*	0303	0401	54/54	33/35	9/12
DQB1*	0302	0402	179/180	150/150	49/50
DPB1*	0401	0402	56/56	56/56	32/32
DPA1*	0103		6/6	5/6	2/2

Agreement for this sample is greater than 95%. This is the first B\*3504 (98%) and DRB1\*0807 (97%) sent in the DNA Exchange.

We thank Eric Mickelson and John Hansen from Fred Hutchinson Cancer Research Center - Seattle, for providing this B-cell line.

This sample was also sent in the UCLA Cell Exchange B-cell line Exchange as Ter-323 (August 6, 2003). In that sendout, DRB1\*0807 was detected by 65%. (Report of the 292nd Cell Exchange, August 6, 2003).

In a Amerindian population study, DRB1\*0807 has a frequency of 0.1250. (Extended HLA haplotypes in a Carib Amerindian population: The Yucpa of the Perija Range. Zulay, L, et al. Human Immunology 2001: 62; 992-1000.)

Although no race information is available, M. Fernandez-Vina comments that B\*3504 and DRB\*0807 are common in Native Americans from Brazil and virtually absent outside South America. Probable haplotypes are; A\*0205 - B\*4901 - Cw\*0701 - DRB1\*0405 - DQB1\*0302 (South European) and A\*3101 - B\*3504 - Cw\*0401 - DRB1\*0807 - DQB1\*0402 (South American).

Discrepancies or ambiguities reported:  
 A\*: 0208, 3102. Not excluded: 0208, 3102/11.  
 B\*: 3502. Not excluded: 3502/9, 4905.  
 C\*: Not excluded: 0409, 0718.  
 DRB1\*: 0408, 0802, BLANK. Not excluded: 0445, 0801.

## EXCHANGE #81 CONSENSUS

### DNA #509 CAUC

	ALLELE #1	ALLELE #2	AGREEMENT ( n/total )		SBT LABS Allele level
			low	high	
A*	0101	0201	199/200	108/108	64/76
B*	2705	3701	200/200	125/126	59/76
Cw*	0202	0602	174/174	110/110	71/74
DRB1*	1001	1401	205/206	151/160	57/88
DRB3*	0202		71/71	52/52	16/16
DRB4*					
DRB5*					
DQA1*	0104	0105	46/50	23/25	8/12
DQB1*	0501	0503	177/178	146/146	50/50
DPB1*	0401	0402	54/54	54/54	32/32
DPA1*	0103		5/5	4/5	2/2

Agreement for this sample is greater than 95%, except at DRB1\*14.

Consensus at DRB1\*1401, based on all methods (SSP, SSOP, SBT) and including all commercial / in-house products is 91% (68/75). Compared against SBT results, consensus is 32% (14/44) DRB1\*1401 and 18% (8/44) DRB1\*1454. 39% (17/44) of SBT could not define the allele and reported DRB1\*1401/54.

Australian Red Cross reports that DRB1\*140101 differs from DRB1\*1454 by single nucleotide substitution in exon 3. Re-typing of 60 samples previously assigned as DRB1\*1401 revealed 58/60 (97%) to be DRB1\*1454.

Alternatively, a US lab reported that according to recent NMDP guidelines, further resolution is not necessary due to the rarity of the allele.

SBT labs able to sequence exon 3 confirm DRB1\*1454 in this sample. One commercial company's SSP tray allowed DRB1\*1454 to be detected. DRB1\*1454 was assigned October 25, 2005 (IMGT database).

Discrepancies or ambiguities reported:

B\*: 2701 Not excluded: 2705/13, 3703/8.  
 Cw\*: Not excluded: 0608/10.  
 DRB1\*: 1408. Not excluded: 1439/54.

### DNA #510 HISP

	ALLELE #1	ALLELE #2	AGREEMENT ( n/total )		SBT LABS Allele level
			low	high	
A*	2902	3101	200/200	117/118	70/76
B*	1501	3501	200/200	99/100	53/76
Cw*	0102	0304	176/176	114/114	70/74
DRB1*	1001	1402	203/206	167/169	83/88
DRB3*	0101		72/73	54/54	17/17
DRB4*					
DRB5*					
DQA1*	0105	0301	50/50	31/34	10/12
DQB1*	0302	0501	178/180	152/152	50/50
DPB1*	0201	0401	56/56	56/56	32/32
DPA1*	0103		5/5	4/4	2/2

Agreement for this sample is greater than 95%.

At B\*15, 24% of SBT reported B\*15XX. At B\*35, 13% of SBT could not exclude B\*3542, 24% reported at low resolution.

M. Fernandez-Vina comments that the B\* - Cw\* haplotype; B\*1501 - Cw\*0102 is found predominately in Native Americans. In Native Americans, DRB1\*1402 associates with DQB1\*0301 and less often with DQB1\*0302.

In a US population study, DRB1\*1402 has a frequency of 44% in Hispanics. The haplotype DRB1\*1402 - DRB3\*0101 has a frequency of 95% in Hispanics. (DRB1\*14 diversity and DRB3 associations in four major population groups in the United States. Gans, CP. et al. Tissue Antigens 2002: 59; 364-369).

A\*2902 and A\*3101 both have gene frequencies of 0.0491 in Hispanics. B\*1501 and B\*3501 have frequencies of 0.0278 and 0.0705, respectively, in Hispanics. (Analysis of the frequencies of HLA-A, B, and C alleles and haplotypes in the five major ethnic groups of the US reveals high levels of diversity in these loci and contrasting distribution patterns in these populations. Cao, K. et al. Human Immunology 2001: 62; 1009-1030).

Discrepancies or ambiguities reported:

A\*: Not excluded: 3106/11/14.  
 B\*: Not excluded: 1520, 3503/42.  
 Cw\*: Not excluded: 0107/11.  
 DRB1\*: 0804/6, 1303/37, BLANK. Not excluded: 1446/47.

## EXCHANGE #81 CONSENSUS

### DNA #511 BLACK

	ALLELE #1	ALLELE #2	AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
			low	high	Allele level
A*	2301	3001	198/198	124/124	73/76
B*	4201	5703	198/198	135/135	75/76
Cw*	1701	1802	176/176	101/103	43/74
DRB1*	0804	1303	199/204	163/165	81/88
DRB3*	0101		71/71	53/53	16/16
DRB4*					
DRB5*					
DQA1*	0303	0505	50/50	25/31	6/12
DQB1*	0202	0301	177/180	119/133	23/50
DPB1*	0201	0602	55/56	55/56	31/32
DPA1*	0103	0301	9/10	7/8	3/4

Agreement for this sample is greater than 95%, except at DQB1\*. Consensus at DQB1\*0202 is 89%. At DQB1\*0301 it is 90%. 24% (6/25) of SBT labs reported DQB1\*0203 and DQB1\*0304.

M Fernandez-Vina comments that this sample contains a novel allele that may be a variant of DQB1\*0202 or DQB1\*0301. There is a silent nucleotide substitution at the third nucleotide of codon 169.

Klaus Witter also comments that there is a "Y" in position 507, either DQB1\*02new or \*03new. M. Schroeder/Peter Bardy comment that they found a C/T at #603 instead of C.

Lab corporation of America found the C/T at position 169.3, exon 3. They used a HARP primer to isolate the polymorphism as a new DQB1\*02 allele.

Peter Krausa explains that the heterozgous sequence in exon 2 is ambiguous with DQB1\*0202/ \*0203/ \*030101/ \*0304. In exon 3 the C/T polymorphism is encountered at position #603. DQB1\*0202/ \*03101/ \*0304 all have C at this position. IMGT shows DQB1\*0203 has not been sequenced 3 prime of this position, the base is unknown. For the software, with position 603 unknown for DQB1\*0203, DQB1\*0203/ \*0304 is the only designation that makes sense by assuming DQB1\*0203 has a T.

In a US population study, DRB1\*0804 has a frequency of 79% in African Americans. (Diversity within the DRB1\*08 allele family in four populations from a US hematopoietic stem cell donor database and characterization of five novel DRB1\*08 alleles. Rizzuto, G. et al. Human Immunology 2003: 64; 607-613).

### DNA #512 ASIAN

	ALLELE #1	ALLELE #2	AGREEMENT ( n/total)		SBT LABS
			low	high	Allele level
A*	1101	2402	196/196	104/105	56/74
B*	1501	4801	196/196	104/104	54/74
Cw*	0102	0801	174/174	113/113	69/72
DRB1*	0901	1101	204/204	152/152	84/88
DRB3*	0202		72/72	54/54	17/17
DRB4*		0103	72/72	53/53	16/17
DRB5*					
DQA1*	0302	0505	50/50	29/31	7/12
DQB1*	0301	0303	178/178	138/138	48/50
DPB1*	0402	0501	56/56	56/56	32/32
DPA1*	0103	0202	10/10	9/10	4/4

Agreement for this sample is greater than 95%.

Although consensus at Cw\*0102 and Cw\*0801 are both 100%, Peter Krausa reports that there is a novel polymorphism in exon 6. It has not been determined which allele this polymorphism belongs to.

In a US population study, A\*1101 and A\*2402 have frequencies of 0.2312 and 0.1894 respectively, in Asians. B\*1501 and B\*4801 have frequencies of 0.0474 and 0.0237 respectively, in Asians. (Analysis of the fequencies of HLA-A, B, and C alleles and haplotypes in the five major ethnic groups of the US reveals high levels of diversity in these loci and contrasting distribution patterns in these populations. Cao, K. et al. Human Immunology 2001: 62; 1009-1030).

M. Fernandez-Vina comments that B\*1501 - Cw\*0102 appears to associate with DRB1\*0901 - DRB4\*0103 - DQB1\*0303 in Asians and Caucasians.

Discrepancies or ambiguities reported:

A*:	1112.	Not excluded:	1113/21, 2407/58.
B*:		Not excluded:	1507, 4803/9.
Cw*:		Not excluded:	0111, 0808.
DRB1*:		Not excluded:	0904/5, 1102/30/51.

# DNA #507

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
7	03	08	301	BLANK	01	05	02	06					24	26	35	38	04	12
16	030101	0806	30101	BLANK	01	05	02	0602/19	040101	110101			240201	26	350201	380101	0401/9	120301
61	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					24	26	35	38	04	12
80	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	01
124	0301	0806	301	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
134	0301	0806	30101	BLANK			0201	0601	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
138	0301	0806					0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
139																		
142	03	08	301	BLANK			02	06					24	26	3502	38		
144	0301	0806					0201	0602					2402	26	3502	3801	04	12
145	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					24	26	35	38	04	12
147																		
148	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
151	0301	0806	3	BLANK									2402	2601	3502	3801	0401	1203
152	03	08											24	26	35	38		
153	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
155													2402	2601	3502	3801	0401	1203
156	0301	0806											2402	2601	3502	3801	0401	1203
158	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
160																		
161																		
162	030101	0806	3010102	BLANK	010201	050101	0201	0602	040101	110101	010301	020101	240201	260101	350201	380101	040101	120301
163	03	08	3	BLANK									24	26	35	38		
164	03	08											24	26	35	38		
166																		
167	030101	0806											2402	2601	350201	3801	0401	1203
168	03	08											24	26	35	38		
170	030101	0806	30101	BLANK	010201	050101	0201	0602					24	26	35	38	04	12
171	0301	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602					24	26	35	38	04	12
173	0301/12	0804/6			0102	0501	0201	0602					24	26	35	38		
174	03	0804/6											24	26	3502	3801/9		
175	03	08	301	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	04	12
177																		
179	03	0804/6	3	BLANK	0102	05	0201	0602					24	26	350201	380101	04	120301
185	030101	0806					0201	0602					24	26	350201	3801	04	120301
186																		
187	0301	0806											24	26	35	38		
188	0301	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201/4	0602	0401	1101	0103	0201	24	26	35	38	04	12
189	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
190	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
192	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
193	03	0804/6											24	26	3502	3801/9		
194	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT		
195	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
196	0301	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	120301
197	0301	0806	301	BLANK	01	05	0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
199	03	08	3	BLANK			02	06										
200	0301	0806					0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
201	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					24	26	35	38	04	12
216	0301	0806	301	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
230	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
239	0301/28	0806	30101	BLANK			0201/4	0602					24	26	35	38		
278	0301/28	0806	30101	BLANK	01	05	0201/4	0602	0401	1101			2402/58	26	3502	3801/9	0401	1203
291	03	08	301	BLANK	0102	0501	0201/4	0602					24	26	3502/4	3801/9	04	12
401	0301	0806																
452	0301	0806					0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
519	0301	0806					02	0602/19					2402/50	2601/16	3502	3801	0401/9	1203
615	0301	0806	30101	BLANK	01	05	0201	0602	040101	110101								
635	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
642	030101	0806											240201	260101	350201	3801		
702	0301	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
714	0301	0806					0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
726	0301	0806					0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
732	030101	0806	30101	BLANK			020101	0602					240201	2601	350201	380101	0401/9	120301
743	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
805	0301	0806					0201	0602					24	26	35	38	04	12

# DNA #507

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
1018	0301	0806	3	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
1113	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
1189	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
1212	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
1251	0301	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203/4
1260	03	0804/6					02	0602/19					24	26	3502	3801/9	04	12
1498	030101	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602					24	26	35	38	04	12
1647	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
1686	0301	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602	0401	1101	0103	0201	2402	2601	3502	3801	0401	1203
1905	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402	2601	3502	3801	0401	1203
2004	030101	0806											24020101	260101	350201	380101	0401/9	120301
2013	0301	0806	3	BLANK			0201/2	06					24	26	35	38	04	12
2015													2402	2601	3502	3801	0401	1203
2019	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402	2601/15	3502/4	3801	0401	1203
2042																		
2063	0301	0806	301	BLANK			02	0602/19										
2347	03	08	3	BLANK			NT	NT					24	26	35	38	NT	NT
2375																		
2411	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38		
2518	0301	0806	NT	NT			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
2549																		
3248	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
3261	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
3324	0301	0806	301	BLANK	0102/6	05	0201	0602	0401	1101			24	26	3502	3801	0401/9	1203
3325	0301	0806	301	BLANK	0102	0501	0201	0602					2402	26	3502	3801	04	12
3410	0301	0806					0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
3438																		
3522	0301	0806			0102	0501	0201	0602					2402	2601	NT	NT	0401	1203
3548	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2409	2601	3502	3801	0401	1203
3582	0301	0806	301	BLANK	0102	0501	0201	0602	0401	1101			24	26	3502	3801	0401/9	1203
3600	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
3614	0301/12	0806/4					0201	0602					2402	2601	3502	3801/9	0401	1203
3625	0301	0806/22	301	BLANK	0102	05	0201	0602	0401	1101	01	0201	24	26	35	38	0401	1203
3631	0301	0806	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602	0401	1101	0103	0201	2402	2601	3502	3801	0401	1203
3798	03	08	301	BLANK	01	05	02	06					24	26	35	38	04	12
3807	030101	0806	30101	BLANK	0102	0501	020101	0602	0401	1101			24020101	260101	350201	380101	0401/9	120301
3849	0301	0806	301	BLANK	0102	0501	0201	0602					24	26	35	3801/9	04	12
4237	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
4281																		
4336	0301	0806					0201	0602					24	26	3502	3801	0401/9	1203
4349	0301	0806	301	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
4420																		
4545	0301/12	0804/6	30101	BLANK	0102	0501	0201	0602	0401	1101	0103	0201	2402/21	2601/10	3502	3801	0401/9	1203
4551	03	08	NT	NT			02	06	NT	NT			24	26	35	38	04	12
4582	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602					2402	2601	3502	3801	0401	1203
4585	03	08					0201	06					24	26	35	38	04	12
4613																		
4623	030101	0806	3010102	BLANK			020101	0602										
4653	030101	0806					0201	0602					240201	26	350201	380101	0401/9	120301
4679																		
4709	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
5204													24	26	35	38	04	12
5231																		
5365	03	08	3	BLANK			02	06					24	26	35	38	04	12
5720	0301	0806	30101	BLANK			0201	0602	0401	1101			2402/50	2601/16	3502	3801	0401	1203
5982	030101	0806					020101	0602	040101	110101			24020101	260101	350201	380101	040101	120301
6051	0301	0804/6	301	BLANK			02	0602	0401	1101			24	26	3502	3801/9	04	12
6313	03	08					0201	0602					24	26	3502/4	3801/9	04	12
9221	030101	0806	3	BLANK			02	06					24	2613	35	38	04	12

# DNA #508

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	35	49	04	07
16	040501	0807	40103	BLANK	03	04	0302	0402	040101	0402			0205	310102	350401	4901	0401/9	0701/18
61	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	31	35	49	04	07
80	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07
124	0405	0807	401	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
134	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
138	0405	0807					0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
139																		
142	04	08	401	BLANK			0302	0402					02	31	35	49		
144	0405	08					0302	0402					0205	31	3504	4901	0401/9	07
145	0405	0811	40103	BLANK			0302	0402					02	31	35	49	04	07
147																		
148	0405	0807	401	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
151	0405	0807	4	BLANK									0205	3101	3504	4901	0401	0701
152	04	08											02	31	35	49		
153	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07
155													0205	3101	3504	4901	0401	07
156	0405	0807											0205	3101	3504	4901	0401	0701
158	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
160																		
161																		
162	040501	0807	4010301	BLANK	0303	040101	030201	0402	040101	0402	010301	BLANK	0205	310102	350401	4901	040101	070101
163	04	08	4	BLANK									02	31	35	4901		
164	04	08											02	31	35	49		
166																		
167	040501	0807											0208	3102	350401	4901	0401	0701
168	04	08											02	31	35	4901		
170	0405	08	30103	BLANK	03	0404	030201	0402					02	31	35	49	04	07
171	0405	0807	40103	BLANK	0303	0401	0302	0402					02	31	35	49	04	07
173	0408	0802			0301	0401	0302	0402					02	31	35	49		
174	04	08											0205/8	31	3504/9	4901/5		
175	04	08	401	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	04	07
177																		
179	0405	0807	401	BLANK	03	04	0302	0402					0205/8	3101/2	350401	4901	04	07
185	0405	0807					0302	0402					02	31	350401	4901	04	07
186																		
187	0405	0807											02	31	35	49		
188	0405	0807	40103	BLANK	0303	0401	0302	0402	0401	0402	0103	BLANK	02	31	35	49	04	07
189	0405	0807	4	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
190	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07
192	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
193	04	08											0205/8	31	3504/9	4901/5		
194	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT		
195	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
196	0405	0807	40103	BLANK	0303	040101	0302	0402	0401	0402			0205	310102	3504	4901	0401	0701
197	0405	0807	401	BLANK	03	04	0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
199	04	08	4	BLANK			03	04										
200	BLANK	0807					0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
201	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					02	31	35	49	04	07
216	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
230	0405	0807	40103	BLANK			0302/7	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
239	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					02	31	35	49		
278	0405	0807	401	BLANK	03	04	0302	0402	0401	0402			0205	3101/11	3504	4901	0401	07
291	04	0807	401	BLANK	0303	0401	0302	0402					0205/8	31	3502/4	4901	04	07
401	0405	0807																
452	0405	0807					0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
519	0405	0807					0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401/9	07
615	040501	0807	401	BLANK	03	04	030201	0402	0401	0402								
635	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07
642	0405	0807											0205	310102	350401	4901		
702	0405	0807	40103	BLANK	0303	0401	0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
714	0405	0807					0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
726	0405	0807					0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
732	040501	0807	401030101	BLANK			030201	0402					0205	310102	350401	4901	0401/9	07
743	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	4901	04	07
805	0405	0807					0302	0402					02	31	35	49	04	07

# DNA #508

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
1018	0405	0807	4	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
1113	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
1189	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
1212	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
1251	0405	0807	40103	BLANK	0303	040101	0302	0402	0401	0402			0205	3101/11	3504	4901	0401	0701
1260	04	08					0302	0402					0205/8	31	3504/9	4901/5	04	07
1498	0405	0807	401	BLANK	0303	040101	0302	0402					02	31	35	4901	04	07
1647	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07
1686	0405	0807	40103	BLANK	0303	0401	0302	0402	0401	0402	0103	BLANK	0205	3101	3504	4901	0401	0701
1905	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
2004	040501	0807											0205	310102	350401	4901	0401/9	070101
2013	0405	0807	4	BLANK			0302	0401/2					02	31	35	4901	04	07
2015													0205	3101	3504	4901	0401	0701
2019	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
2042																		
2063	0405	0807	401	BLANK			0302	0402										
2347	04	08	4	BLANK			NT	NT					02	31	35	49	NT	NT
2375																		
2411	04	BLANK	4	BLANK			BLANK	04					02	31	35	49		
2518	0405	0807	NT	NT			0302	0407					0205	3101	3504	4901	0401	0701
2549																		
3248	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	310102	3504	4901	0401	0701
3261	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	4901	04	07
3324	0405	0807	401	BLANK	03	0401	0302	0402	0401	0402			0205/8	3101/2	3504	4901	0401/9	07
3325	0405	0807	401	BLANK	0303	0401	0302	0402					0205	3101	3502	4901	04	07
3410	0405	0807					0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
3438																		
3522	0405	0807			0303	0401	0302	0402					0205	3101	35	4901	04	07
3548	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
3582	0405	0807	401	BLANK	0302/3	04	0302	0402	0401	0402			0205/8	31	3504	4901	0401/9	07
3600	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07
3614	0405/45	0807					0302	0402					0205/8	3101/11	3504	4901/5	0401	0701
3625	0405	0807	401	BLANK	03	04	0302	0402	0401	0402	01	BLANK	0205/8	31	35	4901	0401	0701
3631	0405	0807	40103	BLANK	0303	0401	0302	0402	0401	0402	0103	BLANK	0205	3101	3504	4901	0401	0701
3798	04	08	401	BLANK	03	04	03	04					02	31	35	49	04	07
3807	0405	0807	40103	BLANK	0303	0401	030201	0402	0401	0402			0205/8	3101	350401	4901	0401/9	070101
3849	0405	0807	401	BLANK	0303	0401	0302	0402					0205/8	31	35	4901	04	07
4237	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
4281																		
4336	0405	0807					0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401/9	07
4349	0405	0807	401	BLANK			0302	0402					0205	3101	3504	4901	0401	0701
4420																		
4545	0405	0807	40103	BLANK	0303	0401	0302	0402	0401	0402	0103	BLANK	0205	3101	3504	4901	0401/9	07
4551	04	08	NT	NT			03	04	NT	NT			02	31	35	49	04	07
4582	0405	0807	401	BLANK			0302	0402					0205	310102	350401	4901	0401	0701
4585	04	08					03	0402					02	31	35	4901	04	07
4613																		
4623	040501	0807	401030101	BLANK			030201	0402										
4653	040501	BLANK					0302	0402					0205	310102	350401	4901	0401/9	0701/18
4679																		
4709	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
5204													02	31	35	49	04	07
5231																		
5365	04	08	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07
5720	0405	0807	40103	BLANK			0302	0402	0401	0402			0205	3101	3504	4901	0401	0701
5982	0405	0807					030201	0402	040101	0402			0205	310102	350401	4901	040101	070101
6051	0405	0801/7	401	BLANK			0302	0402	0401	0402			02	31	3504/9	4901/5	04	07
6313	04	08					0302	0402					0205/8	31	3502/4	4901	04	07
9221	0405	0807	4	BLANK			03	04					02	31	35	49	04	07

# DNA #509

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
7	10	14	302	BLANK	01	01	05	05					01	02	27	37	02	06
16	100101	1401/54	30202	BLANK	01	01	050101	050301	040101	0402			0101/4	0201	2705/13	370101	020202	060201
61	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503					01	0201	27	37	02	06
80	10	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
124	1001	1401/54	302	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
134	1001	1401/54	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
138	1001	1401					0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
139																		
142	1001	14	302	BLANK			0501	0503					01	02	27	37		
144	1001	1401					0501	0503					0101	0201	2705/13	3701	0202	0602
145	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503					01	02	27	37	02	06
147																		
148	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705/13	3701	0202	0602
151	1001	1401	3	BLANK									0101	0201	2703/5	3701	0202	0602
152	10	14											01	02	27	37		
153	10	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
155													0101	0201	2705/13	3701	0202	0602
156	1001	1401/54											0101	0201	2705	3701	0202	0602
158	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
160																		
161																		
162	100101	140101	3020201	BLANK	0104	0105	050101	050301	040101	0402	010301	BLANK	010101	020101	270502	370101	020202	060201
163	10	14	3	BLANK									01	02	27	37		
164	10	14											01	02	27	37		
166																		
167	100101	140101											0101	0201	270501	3701	020202	0602
168	10	14											01	02	27	37		
170	1001	1401	30202	BLANK	01	01	050101	050302					01	02	27	37	02	06
171	1001	1401	30202	BLANK	0104	BLANK	0501	0503					01	02	27	37	02	06
173	1408	1401/39			0101	BLANK	0501	0503					01	02	27	37		
174	1001	1401/54											01	02	27	3701/3		
175	1001	1401	302	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	02	06
177																		
179	100101	1401/54	3	BLANK	01	01	0501	0503					01	02	2705/13	370101	020202	0602/8
185	100101	1401/54					0501	0503					01	02	27	3701	020202	0602
186																		
187	1001	1401											01	02	27	37		
188	1001	1454	30202	BLANK	0104	0105	0501	0503	0401	0402	0103	BLANK	01	02	27	37	02	06
189	1001	1401/54	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602/10
190	1001	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
192	1001	1454	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
193	1001	1401/54											01	02	27	3701/3		
194	10	14	3	BLANK									01	02	27	37		
195	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
196	1001	1401	30202	BLANK	0104	BLANK	0501	0503	0401	0402			0101	0201	2701	3701	020202	0602
197	1001	1401/54	302	BLANK	01	01	0501	0503	0401	0402			01	02	2705	3701	0202	0602
199	10	14	3	BLANK			05	05										
200	1001	1401					0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
201	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503					01	02	27	37	02	06
216	1001	1401	NT	NT			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
230	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
239	1001	1401/54	30202	BLANK			0501	0503					01	02	27	37		
278	1001	1401/54	30202	BLANK	01	01	0501	0503	0401	0402			01	02	2705	3701	02	06
291	1001	14	302	BLANK	0104	0105	0501	0503					01	02	27	3701/3	02	06
401	1001	1401/54																
452	1001	1454					0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
519	1001	1401/54					0501	0503					0101	0201	2705/13	3701	0202	0602
615	100101	1454	3020201	BLANK	01	01	050101	050301	0401	0402								
635	10	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
642	100101	140101											010101	020101	2705	3701		
702	1001	1401	30202	BLANK	0104	01	0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
714	1001	1401					0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
726	1001	1401/54					0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
732	100101	1454	3020201	BLANK			050101	050301					010101	020101	2705/13	370101	020202	060201
743	1001	14	3	BLANK			05	05					NT	NT	NT	NT	NT	NT
805	1001	14					0501	0503					01	02	27	37	02	06

# DNA #509

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
1018	1001	1401	3	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
1113	1001	1401/54	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
1189	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
1212	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	37	0202	0602
1251	1001	1401	30202	BLANK	01	01	0501	0503	0401	0402			0101	0201	2701/5	3701	0202	0602
1260	1001	14					0501	0503					01	02	27	3701/3	02	06
1498	1001	1401/54	3020201	BLANK	0104	0104/5	0501	0503					01	02	27	37	02	06
1647	10	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
1686	1001	1454	30202	BLANK	0104	0105	0501	0503	0401	0402	0103	BLANK	0101	0201	2705	3701	0202	0602
1905	1001	1454	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
2004	100101	1401/54											010101	020101	2705/13	370101	020202	060201
2013	1001	1401	3	BLANK			05	05					01	02	27	3701	02	06
2015													0101	0201	2705	3701	0202	0602
2019	1001	1401/54	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705	3701	0202	0602
2042																		
2063	1001	1401/54	302	BLANK			0501	0503										
2347	10	14	3	BLANK			NT	NT					01	02	27	37	NT	NT
2375																		
2411	10	14	3	BLANK			05	06					01	02	27	37		
2518	1001	1401/54	NT	NT			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
2549																		
3248	1001	1401	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
3261	10	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
3324	1001	1401/39	302	BLANK	0104	0105	0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705/13	3701	0202	0602
3325	1001	1401	302	BLANK	0104	0105	0501	0503					0101	0201	2705	3701	02	06
3410	1001	1401					0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
3438																		
3522	1001	1401			0104	BLANK	0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
3548	1001	14	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2703/5	3701	0202	0602
3582	1001	1401/54	302	BLANK	NT	NT	0501	0503	0401	0402			01	02	2705/13	3701	0202	0602
3600	10	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
3614	1001	1401					0501	0503					0101	0201	2705	3701/3	0202/8	0602/10
3625	1001	1401	302	BLANK	0104	0101	0501	0503	0401	0402	01	BLANK	01	02	2705	37	02	06
3631	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
3798	10	14	302	BLANK	01	01	05	05					36	02	27	37	02	06
3807	100101	14	30202	BLANK	0104	0105	050101	050301	0401	0402			0101	0201	270504	370101	020202	0602
3849	1001	1401	302	BLANK	01	01	0501	0503					01	02	27	3701/3	02	06
4237	1001	1454	30202	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
4281																		
4336	1001	1401/54					0501	0503					0101	0201	2705/13	3701	0202	0602
4349	1001	1401	302	BLANK			0501	0503					0101	0201	2705	3701	0202	0602
4420																		
4545	1001	1401/54	30202	BLANK	0104	0105	0501	0503	0401	0402	0103	BLANK	01	0201	2705/13	3701	0202	0602
4551	10	14	NT	NT			05	05	NT	NT			01	02	27	37	02	06
4582	1001	1401	30202	BLANK			050101	050301					0101	0201	2705	3701/8	0202	0602
4585	1001	14					0501	0503					01	02	27	3701	02	06
4613																		
4623	100101	140101	3020201	BLANK			050101	050301										
4653	100101	1401/54					0501	0503					010101	020101	270502	3701	0202	060201
4679																		
4709	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
5204													01	02	27	37	02	06
5231																		
5365	10	14	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06
5720	1001	1454	30202	BLANK			0501	0503	0401	0402			0101	0201	2705/13	3701	0202	0602
5982	100101	1401/54					050101	050301	040101	0402			010101	020101	2705/13	370101	020202	060201
6051	1001	1401	302	BLANK			0501	0503	0401	0402			01	02	27	3701/3	02	06
6313	1001	14					0501	0503					01	02	27	3701/3	02	06
9221	1001	1401	3	BLANK			05	05					01	02	27	37	02	06

# DNA #510

CENTER	DRB1	DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus		
7	10	14	301	BLANK	01	03	03	05				29	31	15	35	01	03	
16	100101	1402	30101	BLANK	01	03	0302/11	050101	020102	040101		290201	310102	150101	3501/42	010201	030401	
61	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501				29	31	15	35	01	03	
80	10	14	3	BLANK			03	05				29	31	15	35	01	03	
124	1001	1402	301	BLANK			0302	0501	0201	0401		2902	3101	15	35	0102	0304	
134	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401		2902	3101	1501	3501	0102	0304	
138	1001	1402					0302	0501				2902	3101	1501	3501	0102	0304	
139																		
142	1001	14	301	BLANK			03	0501				29	31	15	35			
144	1001	1402					0302	0501				2902	3101/14	1501	3501	0102	0304	
145	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501				29	31	15	35	01	03	
147																		
148	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401		2902	3101	1501	3501/42	0102	0304	
151	1001	1402	3	BLANK								2902	3101	1501	3501	0102	0304	
152	10	14										29	31	15	35			
153	10	14	3	BLANK			03	05				29	31	15	35	01	03	
155												2902	3101	1501	3501/42	0102	0304	
156	1001	1402										2902	3101	1501	3501	0102	0304	
158	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401		2902	3101	1501	3501	0102	0304	
160																		
161																		
162	100101	1402	3010102	BLANK	0105	030101	030201	050101	020102	040101	010301	BLANK	290201	310102	150101	350101	0102	0304
163	10	14	3	BLANK									29	31	15	35		
164	10	14											29	31	15	35		
166																		
167	100101	1402											290201	310102	1501	350101	010201	030401
168	10	14											29	31	15	35		
170	1001	1402	30101	BLANK	0105	030101	030201	050101				29	31	15	35	01	03	
171	1001	1402	30101	BLANK	0105	0301	0302	0501				29	31	15	35	01	03	
173	1001	1402/46			0101	0301	0302	0501				29	31	15	35			
174	1001	1402/47										29	31	15	35			
175	1001	14	BLANK	BLANK			0302	0501				2902	3101	1501	3501	01	03	
177																		
179	0804/6	1303/37	3	BLANK	01	03	0302	0501				2902/6	3101	15	35	01	0304	
185	100101	1402					0302	0501				290201	310102	15	35	0102	0304	
186																		
187	1001	1402											29	31	15	35		
188	1001	1402	30101	BLANK	0105	0301	0302	0501	0201	0401	0103	BLANK	29	31	15	35	01	03
189	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
190	10	14	3	BLANK			03	05					29	31	15	35	01	03
192	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
193	1001	1402/47											29	31	15	35		
194	10	14	3	BLANK									29	31	15	35		
195	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
196	1001	1402	30101	BLANK	0105	030101	0302	0501	0201	0401			2902	310102	15	35	0102	0304
197	1001	1402	301	BLANK	01	03	0302	0501	0201	0401			2902	3101	1501	3501	0102	0304
199	10	14	3	BLANK			BLANK	05										
200	1001	1402					0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
201	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					29	31	15	35	01	03
216	1001	1402	301	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
230	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
239	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					29	31	15	35		
278	1001	1402	30101	BLANK	01	03	0302	0501	0201	0401			29	31	15	35	0102/11	0304
291	1001	1402/47	301	BLANK	0105	0301	0302	0501					29	31	15	35	01	03
401	1001	1402																
452	1001	1402					0302	0501	0201	0401			2902	3101	1501	3501	0102	0304
519	1001	1402					0302/11	0501					2902	3101	1501	3501/42	0102	0304
615	100101	1402	30101	BLANK	01	03	030201	050101	020102	040101								
635	10	14	3	BLANK			03	05					29	31	15	35	01	03
642	100101	1402											290201	310102	150101	350101		
702	1001	1402	30101	BLANK	0105	0301	0302	0501	0201	0401			2901	3101	1501	3501	0102	0304
714	1001	1402					0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
726	1001	1402					0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
732	100101	1402	30101	BLANK			030201	050101					290201	310102	1501/20	35	010201	030401
743	1001	14	3	BLANK			03	05					NT	NT	NT	NT	NT	NT
805	1001	1402					0302	0501					29	31	15	35	01	03

# DNA #510

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
1018	1001	1402	3	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
1113	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401			2902	3101/6	15	3501	0102/13	03
1189	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	3101	15	3501	0102	0304
1212	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
1251	1001	1402	30101	BLANK	0105	030101	0302	0501	0201	0401			2902	310102	1501	3501	0102	0304
1260	1001	1402/47					0302/11	0501					29	31	15	35	01	03
1498	1001	1402	30101	BLANK	0105	030101	0302	0501					29	31	15	35	01	03
1647	10	14	3	BLANK			03	05					29	31	15	35	01	03
1686	1001	1402	30101	BLANK	0105	0301	0302	0501	0201	0401	0103	BLANK	2902	3101	1501	3501	0102	0304
1905	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401			2902	3101	15	35	0102	0304
2004	100101	1402											290201	310102	150101	350101	010201	030401
2013	1001	1402	3	BLANK			0302	05					29	31	15	35	01	03
2015													2902	3101	1501	3501	0102	0304
2019	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401			2902	3101	1501	3503	0102	0304
2042																		
2063	1001	1402	301	BLANK			0302/11	0501										
2347	1001	1402	3	BLANK			0302	0501					29	31	1501	35	01	03
2375																		
2411	10	BLANK	3	BLANK			BLANK	05					29	31	15	35		
2518	1001	1402	NT	NT			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
2549																		
3248	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	310102	1501	3501	0102	0304
3261	10	14	3	BLANK			03	05					29	31	15	35	01	03
3324	1001	1402/46	301	BLANK	0104/5	03	0302	0501	0201	0401			2902	3101/14	15	35	0102/11	0304
3325	1001	1402	301	BLANK	0105	0301	0302	0501					2901/2	3101	1501	3501/3	01	03
3410	1001	1402					0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
3438																		
3522	1001	1402			0101	0301	0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
3548	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
3582	1001	1402	301	BLANK	NT	NT	0302	0501	0201	0401			2902	3101/14	15	35	0102	0304
3600	10	14	3	BLANK			03	05					29	31	15	35	01	03
3614	1001	1402					0302	0501					2902	3101/11	1501	3501	0102/7	0304
3625	1001	1402	301	BLANK	0104/5	03	0302	0501	0201	0401	01	BLANK	29	31	15	35	0102	0304
3631	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
3798	10	14	301	BLANK	01	03	03	05					29	31	15	35	01	03
3807	100101	1402/46	30101	BLANK	0105	0301/3	030201	050101	0201	0401			290201	310102	15	35	010201	030401
3849	1001	1402	301	BLANK	0105	0301	0302	0501					29	31	15	35	01	03
4237	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
4281																		
4336	1001	1402					0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
4349	1001	1402	301	BLANK			0302	0501					2902	3101	1501	3501	0102	0304
4420																		
4545	1001	1402	30101	BLANK	0105	0301	0302	0501	0201	0401	0103	BLANK	2902	3101	1501	3501	0102	0304
4551	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401			2902	3101	1501	3501	0102	0304
4582	1001	1402	30101	BLANK			0302	050101					2902	310102	1501	3501	0102	0304
4585	1001	14					0302	0501					29	31	15	35	01	03
4613																		
4623	100101	1402	3010102	BLANK			030201	050101										
4653	100101	1402					0302	0501					290201	310102	150101	350101	0102	0304
4679																		
4709	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401			2902	3101	1501	3501	0102	0304
5204													29	31	15	35	01	03
5231																		
5365	10	14	3	BLANK			03	05					29	31	15	35	01	03
5720	1001	1402	30101	BLANK			0302	0501	0201	0401			2902	3101	1501	3501/42	0102	0304
5982	100101	1402					030201	050101	020102	040101			290201	310102	150101	3501/42	010201	030401
6051	1001	1402	301	BLANK			0302/11	0501	0201	0401			29	31	15	35	01	03
6313	1001	1402/47					0302/11	050101					29	31	15	35	01	03
9221	1001	1402	3	BLANK			03	05					29	31	15	35	01	03

# DNA #511

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
7	08	13	301	BLANK	03	05	02	03					23	30	42	57	17	18
16	080401	130301	30101	BLANK	03	05	02	0301/9	020102	0602			2301	3001	4201	570301	17	1801/2
61	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					23	30	42	57	17	18
80	08	13	3	BLANK			02	03					23	30	42	57	17	18
124	0804	1303	301	BLANK			02	03	0201	0602			2301	3001	4201	5703	17	1802
134	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602			2301	3001	4201	5703	1701	1802
138	0804	1303					0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
139																		
142	08	13	301	BLANK			02	03					23	30	4201	57		
144	0804	1303					0202	0301					2301	3001	4201	5703	17	1801/2
145	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					23	30	42	57	17	18
147																		
148	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602			2301	3001	4201	5703	17	1801/2
151	0804	1303	3	BLANK									2301	3001	4201	5703	1701	1802
152	08	13											23	30	42	57		
153	08	13	3	BLANK			02	03					23	30	42	57	17	18
155													2301	3001	4201	5703	17	1801/2
156	0804	1303											2301	3001	4201	5703	1701	1802
158	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602			2301	3001	4201	5703	1701	1802
160																		
161																		
162	080401	130301	3010102	BLANK	0303	0505	0202	030101	020102	0602	010301	0301	2301	300101	4201	570301	1701	1802
163	08	13	3	BLANK									23	30	42	57		
164	08	13											23	30	42	57		
166																		
167	080401	130301											2301	300101	4201	570301	1701	1802
168	08	13											23	30	4201	57		
170	0804	1303	30101	BLANK	0303	05	0202	0301					23	30	42	57	17	18
171	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505	0202	0301					23	30	42	57	17	18
173	0804/6	1303/37			0301	0501	0201	0301					23	30	42	57		
174	0804	1303/33											23	30	4201	5701/3		
175	0804	1303	301	BLANK			0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1801
177																		
179	100101	1402	3	BLANK	03	05	0202	0301/13					23	3001	4201	570301	17	1801/2
185	0804	1303					0203	0304					2301/7	3001	4201	570301	17	1801/2
186																		
187	0804	1303											23	30	42	57		
188	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505	0202	0301	0201	0602	0103	0301	23	30	42	57	17	18
189	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
190	08	13	3	BLANK			02	03					23	30	42	57	17	18
192	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
193	0804	1303/33											23	3001	4201	5701/3		
194	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT		
195	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
196	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505/8	0202	0301	0201	0602			2301	3001	4201	5703	1701	1802
197	0804	1303	301	BLANK	03	05	0202	0301	0201	0602			2301	3001	4201	5703	1701	1802
199	BLANK	13	3	BLANK			02	BLANK										
200	0804	1303					0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
201	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					23	30	42	57	17	18
216	08	13	NT	NT			02	03					2301	3001	4201	5703	1701	1802
230	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
239	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301					23	30	42	57		
278	0804	1303	30101	BLANK	03	05	0201/2	0301	0201	0602			2301	30	4201	5703	1701	1802
291	0804/6	1303/37	301	BLANK	0303	0505/8	0202	0301/13					23	3001/15	42	5701/3	17	1801/2
401	0804	1303																
452	0804	1303					0202	0301	0201	0602			2301	3001	4201	5703	1701	1802
519	0804	1303					02	0301/9					2301	3001	4201	5703	17	1801/2
615	080401	130301	30101	BLANK	03	05	0202	0301	020102	0602								
635	08	13	3	BLANK			02	03					23	30	42	57	17	18
642	0804	1303											2301	300101	4201	570301		
702	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505	02	03	0201	0602			2301	3001	4201	5703	17	18
714	0804	1303					0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
726	0804	1303					0202	0301					2301	3001	4201	5703	1701	1802
732	080401	130301	30101	BLANK			02	0301/9					2301	300101	4201	570301	17	1801/2
743	08	13	3	BLANK			02	03					NT	NT	NT	NT	NT	NT
805	0804	1303					0202	0301					23	30	42	57	17	18

# DNA #511

CENTER	DRB1	DRB3/4/5		DQA1	DQB1		DPB1		DPA1	A-Locus		B-Locus		C-Locus				
1018	0804	1303	3	BLANK		0202	0301				2301	3001	4201	5703	1701	1802		
1113	0804	1303	30101	BLANK		0202	0301	0201	0602		2301	3001	4201/5	5703	1701/4	1802		
1189	0804	1303	30101	BLANK		0202	0301				2301	3001	4201	5703	1701/4	1802		
1212	NT	NT	NT	NT		NT	NT	NT	NT		NT	NT	NT	NT	NT	NT		
1251	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505	0202	0301	0201	0602	2301	3001	4201	5703	1701	1802		
1260	0804	1303/33					02	0301/9			23	30	4201	5701/3	17	1801/2		
1498	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505	0202	0301			23	30	42	57	17	1801/2		
1647	08	13	3	BLANK			02	03			23	30	42	57	17	18		
1686	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505	0202	0301	0201	0602	0103	0301	2301	3001	4201	5703	1701	1802
1905	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602			2301	3001	4201	5703	1701	1802
2004	080401	130301											2301	300101	4201	570301	1701	1801/2
2013	0804	1303	3	BLANK			0201/2	0301			2301	30	42	57	17	18		
2015											2301	3001	4201	5703	1701	1802		
2019	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602	2301	3001	4201	5703	1701/4	1802		
2042																		
2063	0804	1303	301	BLANK			02	0301/9										
2347	0804	1303	3	BLANK			0202	0301			23	30	42	57	17	18		
2375																		
2411	10	14	3	BLANK			05	06			23	30	42	57				
2518	0804	1303	NT	NT			02	03			2301	3001	4201	5703	1701	1802		
2549																		
3248	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301			2301	3001	4201	5703	1701	1802		
3261	08	13	3	BLANK			02	03			23	30	42	57	17	18		
3324	0804/20	1303	301	BLANK	03	05	0203	0304	0201	0402	2301	3001	4201	5703	17	1801/2		
3325	0804	1303	301	BLANK	0303	0505/8	0202	0301			2301/3	3001	4201	5703	17	18		
3410	0804	1303					0202	0301			2301	3001	4201	5703	1701	1802		
3438																		
3522	0804	1303			0303	0505	0202	0301/13			2301	3001	4201	5703	17	18		
3548	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301			2301	3001	4201	5703	1701	1802		
3582	0804	1303	301	BLANK	NT	NT	0202	0301/19	0201	0602	2301/7	3001	4201	5703	17	1801/2		
3600	08	13	3	BLANK			02	03			23	30	42	57	17	18		
3614	0804	1303					0202	0301			2301/11	3001	4201	5703	1701	1802		
3625	0804	1303	301	BLANK	03	05	0202	0301	0201	0602	01	BLANK	23	30	42	57	17	18
3631	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
3798	08	13	301	BLANK	03	05	02	03			23	30	42	57	17	18		
3807	0804	1303	30101	BLANK	0303	0505	0203	0304	0201	0602	2301	300101	4201	570301	17	1802		
3849	0804	1303	301	BLANK	0303	0505/8	02	0301			23	3001/15	4201	5703	17	1801/2		
4237	0806	1303	30101	BLANK			0202	0301			2301	3001	4201	5703	1701	1802		
4281																		
4336	0804	1303					0202/3	0304/9			2301	3001	4201	5703	17	1801/2		
4349	0804	1303	301	BLANK			0203	0304			2301	3001	4201	5703	1701	1801		
4420																		
4545	0804	1303	30101	BLANK	0302/3	0505	0202/3	0301/4	0201	0602	0103	0301/2	2301	3001	4201	5703	1701	1802
4551	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602	2301	3001	4201	5703	1701	1802		
4582	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301			2301	3001	4201/6	570301	1701	1802		
4585	08	13					02	03			23	3001	4201	57	17	18		
4613																		
4623	0804	1303	3010102	BLANK			0203	0304										
4653	0804	130301					0202	0301			2301	3001	4201	570301	1701/2	1801/2		
4679																		
4709	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602	2301	3001	4201	5703	1701	1802		
5204											23	30	42	57	17	18		
5231																		
5365	08	13	3	BLANK			02	03			23	30	42	57	17	18		
5720	0804	1303	30101	BLANK			0202	0301	0201	0602	2301	3001	4201	5703	1701	1802		
5982	0804	1303					0203	0304	020102	0602	2301	300101	4201	570301	17	1802		
6051	0804	1303	301	BLANK			02	0301/9	0201	0602	23	30	4201	5701/3	17	18		
6313	0804/6	1303/37					0202	0301/13			23	3001/15	42	5701/3	17	1801/2		
9221	0804	1303	3	BLANK			02	03			23	30	42	57	17	18		

# DNA #512

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
7	09	11	302	401	03	05	03	03					11	24	15	48	01	08
16	090102	110101	30202	40103	03	05	03	03	0402	0501			110101	240201	150101	4801	0102	080101
61	0901	1101	30202	40103			0301	0303					11	24	15	48	01	08
80	09	11	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08
124	0901	1101	302	401			0301/19	0303	0402	0501			1101/21	24	15	4801	0102	0801
134	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
138	0901	1101					0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
139																		
142	09	11	302	401			03	03					11	24	1501	48		
144	0901	1101					0301	0303					1101/21	2402	1501	4801/9	0102	0801
145	0901	1101	30202	40103			0301	0303					11	24	15	48	01	08
147																		
148	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
151	0901	1101	3	4									1101	2402	1501	4801	0102	0801
152	09	11											11	24	15	48		
153	09	11	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08
155													NT	NT	NT	NT	NT	NT
156	0901	1101											1101	2402	1501	4801	0102	0801
158	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
160																		
161																		
162	090102	110101	3020201	4010301	0302	0505	030101	030302	0402	0501	010301	020202	110101	240201	150101	4801	0102	080101
163	09	11	3	4									11	24	15	48		
164	09	11											11	24	15	48		
166																		
167	090102	110101											110101	2402	1501	4801	0102	0801
168	09	11											11	24	15	48		
170	0901	1101	30202	40103	0302	05	0301	0303					11	24	15	48	01	08
171	0901	1101	30202	40103	0302	0505	0301	0303					11	24	15	48	01	08
173	0901	1101/30			0301	0501	0301	0303					11	24	15	48		
174	09	11											11	24	15	48		
175	09	1101	302	401			0301	0303					1101	2402	1501	4801	01	08
177																		
179	090102	1101	3	401	03	05	0301/13	0303					11	24	15	48	0102/11	080101
185	090102	1101					0301	0303					11	24	15	4801/9	0102	080101
186																		
187	0901	1101											11	24	15	48		
188	0901	1101	30202	40103	0302	0505	0301	0303	0402	0501	0103	0202	11	24	15	48	01	08
189	0901	1101	30202	4			0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
190	09	11	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08
192	0901	1101	30202	40103			0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
193	09	11											11	24	15	48		
194	NT	NT	NT	NT									NT	NT	NT	NT		
195	0901	1101	30202	40103			0301	0303					1101	2402	1501	4801/9	0102	0801
196	090102	1101	30202	40103	0302	0505/8	0301	0303	0402	0501			1101	2402	15	4801/9	0102	0801
197	0901	1101	302	401	03	05	0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
199	09	11	3	4			03	03										
200	0901	1101					0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
201	0901	1101	30202	40103			0301	0303					11	24	15	48	01	08
216	0901	11	NT	NT			0301	0303					11	24	15	48	0102	0801
230	0901	1101	30202	40103			0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
239	09	1101	30202	40103			0301	0303					11	24	15	48		
278	0901	1101	30202	40103	03	05	0301	0303	0402	0501			11	2402/58	15	48	0102/11	0801
291	0901/5	11	302	401	0302	0505/8	03	0303/15					11	24	15	48	01	08
401	0901	1101																
452	0901	1101					0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
519	09	1101					03	03					1101	2402	1501	4801	0102	0801
615	090102	110101	3020201	4	03	05	030101	030302	0402	0501								
635	09	11	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08
642	090102	1101											110101	240201	1501/7	4801/3		
702	0901	1101	30202	40103	0302	0505	0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
714	0901	1101					0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
726	0901	1101					0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
732	090102	110101	3020201	4010302			030101	030302					110101	240201	150101	4801	010201	080101
743	09	11	3	4			03	03					NT	NT	NT	NT	NT	NT
805	09	1101					0301/16	0303					11	24	15	48	01	08

# DNA #512

CENTER	DRB1		DRB3/4/5		DQA1		DQB1		DPB1		DPA1		A-Locus		B-Locus		C-Locus	
1018	0901	1101	3	4			0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
1113	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101/13	2402	15	48	0102	0801
1189	0901	1101	30202	40103			0301	0303					1101	2402	15	4801	0102	0801
1212	NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT			NT	NT	NT	NT	NT	NT
1251	0901/4	1101	30202	40103	0302	0505	0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	48	0102	0801
1260	09	11					03	03					11	24	15	48	01	0801/8
1498	0901	1101	3020201	401	0302	0505/8	0301	0303					11	24	15	48	01	08
1647	09	11	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08
1686	0901	1101	30202	40103	0302	0505	0301	0303	0402	0501	0103	0202	1101	2402	1501	4801	0102	0801
1905	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501/7	4801/3	0102	0801
2004	090102	110101											110101	240201	150101	4801	0102	080101
2013	0901	1101	3	4			0301	0303					1101	24	15	48	01	08
2015													1101	2402	1501	4801	0102	0801
2019	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1112	2402	1501	4801	0102	0801
2042																		
2063	0901	1101	302	401			03	03										
2347	0901	1101	3	4			0301	0303					11	24	1501	48	01	08
2375																		
2411	09	11	3	4			03	03					11	24	15	4801		
2518	0901	1101/51	30202	40103			0301	030302					11	24	15	48	01	08
2549																		
3248	0901	1101	30202	40103			0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
3261	09	11	3	4			03	0303					11	24	15	48	01	08
3324	0901	1101	302	401	03	05	0301	0303	0402	0501			11	24	1501/7	4801/3	0102	0801
3325	0901	1101	302	401	0302	0505/8	0301	0303					1101/2	2402/7	1501	4801	01	08
3410	0901	1101					0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
3438																		
3522	0901	1101			0302	0505/8	0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
3548	0901	1101	30202	40103			0301	0303					1101	2402	1501/7	4801	0102	0801
3582	0901	1101	302	401	NT	NT	0301/19	0303	0402	0501			11	24	15	4801/9	0102	0801
3600	09	11	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08
3614	0901	1101					0301	0303					1101	2402	1501	4801/9	0102	0801/8
3625	0901	1101	302	401	03	05	0301	0303	0402	0501	01	0202	11	24	15	48	0102	0801
3631	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT	NT
3798	09	11	302	401	03	05	03	03					11	24	15	48	01	08
3807	090102	1101/30	30202	40103	0302	0505	030101	030302	0402	0501			110101	24020101	15010101	4801	010201	080101
3849	0901	1101	302	401	0302	0505/8	0301	0303					11	24	15	48	01	08
4237	0901	1101	30202	40103			0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
4281																		
4336	0901	1101					0301	0303					1101/19	2402/7	1501	4801	0102	0801
4349	0901	1101	302	401			0301	0303					1101	2402	1501	4801	0102	0801
4420																		
4545	0901	1101	30202	40103	0302	0505	0301	0303	0402	0501	0103	0202	1101	2402	1501	4801	0102	0801
4551	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
4582	0901	1101	30202	401			0301	0303					1101	2402	1501	48	0102	0801
4585	09	11					NT	NT					11	24	15	48	01	08
4613																		
4623	090102	110101	3020201	4010302			030101	030302										
4653	090102	110101					0301	0303					110101	240201	150101	4801	0102	080101
4679																		
4709	0901/4	1101/51	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	48	0102	0801
5204													11	24	15	48	01	08
5231																		
5365	09	11	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08
5720	0901	1101	30202	40103			0301	0303	0402	0501			1101	2402	1501	4801	0102	0801
5982	090102	1101					030101	030302	0402	0501			110101	24020101	150101	4801	010201	080101
6051	09	1101/2	302	401			0301/9	03	0402	0501			11	24	15	48	01	08
6313	0901/5	11					0301/13	03					11	24	15	48	01	08
9221	090102	1101	3	4			03	03					11	24	15	48	01	08

# PARTICIPANTS AND METHODS

CENTER	DRB1	DRB3/4/5	DQA1	DQB1	DPB1	DPA1	A-Locus	B-Locus	C-Locus
7	RSSOP-OL	RSSOP-OL	RSSOP-OL	RSSOP-OL			RSSOP-OL	RSSOP-OL	RSSOP-OL
16	RSSOP-OL/SBT	RSSOP-OL/SBT	RSSOP	RSSOP	RSSOP/SBT		RSSOP/SBT/SSP	RSSOP/SBT	RSSOP-OL/SBT/SSP
61	SSOP/SSP-INV TGN	SSOP/SSP-INV TGN		SSOP/SSP-INV TGN			SSOP/SSP-INV TGN	SSOP/SSP-INV TGN	SSOP/SSP-INV TGN
80									
124	SBT	SBT		SBT	SBT		SBT	SBT	SBT
134	SSP-GV/SBT-ATRIA	SSP-GV		SSP/SSOP	SSP-GV		SSP-GV/SBT-ATRIA	SSP-GV/SBT-ATRIA	SSP-GV/SBT-ATRIA
138	SBT-ATRIA/SSP-GV/RSSOP-OL			SSP/RSSOP			SBT-ATRIA/SSP-GV/RSSOP-OL	SBT-ATRIA/SSP-GV/RSSOP-OL	SBT-ATRIA/SSP-GV/RSSOP-OL
139									
142	SSOP	SSOP		SSOP			SSOP	SSOP	
144	SSP/SBT-PRTRNS			SSP/SBT-PRTRNS			SSP/SBT-PRTRNS	SSP/SBT-PRTRNS	SSP/SBT-PRTRNS
145	SSOP-BIOTST/SSP-GV	SSOP-BIOTST/SSP-GV		SSP-GV-DYNL			RSSOP/SSP	RSSOP-OL	SSP-BIOTST
147									
148	SBT	SSP-DYNL		RSSOP/SSP-DYNL	SBT		SBT-ATRIA	SBT	SBT
151	SSP-INV TGN	SSP-INV TGN					SSP-INV TGN	SSP-INV TGN	SSP-INV TGN
152	SSP-OL						SSP-OL	SSP-OL	
153	SSOP-DYNL/SSP-GV	SSOP-DYNL/SSP-GV		SSOP-DYNL/SSP-GV			SSOP-DYNL/SSP-GV	SSOP-DYNL/SSP-GV	SSOP-DYNL/SSP-GV
155							SBT	SBT	SBT
156	SBT-ATRIA/SSOP-DYNL/SSP-GV						SBT-ATRIA/SSOP-DYNL/SSP-GV	SBT-ATRIA/SSOP-DYNL/SSP-GV	SBT-ATRIA/SSOP-DYNL/SSP-GV
158	SSP-DYNL	SSP-DYNL		SSP-OL	SSP-DYNL		SSP-PF	SSP-PF	SSP-PF
160									
161									
162	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M	SBT-BIOSW M
163	SSP-GV	SSP-GV					SSP-GV	SSP-GV	
164	SSOP-LIPA						SSOP-LIPA	SSOP-LIPA	
166									
167	SSP-OL/SSOP/SBT						SSP-OL/SSOP/SBT	SSP-OL/SSOP/SBT	SSP-OL/SBT
168									
170	RSSOP-INLPA/SSP-DYNL	SSP-DYNL	SSP-DYNL	RSSOP-INLPA/SSP-DYNL			RSSOP-INLPA	RSSOP-INLPA	RSSOP-INLPA
171	SSP-DYNL	IDEM	SSP-DYNL	SSP-DYNL			SSOP-BIOTST	SSOP-BIOTST	SSP-OL
173	SBT-ATRIA		ROCHE	ROCHE			SSP-DYNL	SSP-DYNL	
174	RSSOP-OL						RSSOP-OL	RSSOP-OL	
175	SSOP-DYNL	SSOP-DYNL		SSOP-DYNL/SSP-PF			SSOP-DYNL/SSP-PF	SSOP-DYNL/SSP-PF	SSOP-DYNL
177									
179	SBT	SSOP	SBT	SSOP			SBT	SBT	SBT
185	SBT			SBT			SBT	SBT	SBT
186									
187	SBT-ATRIA						SSP-OL	SSP-OL	
188	SSOP/SSP/SBT	SSOP/SSP/SBT	SSOP/SSP	SSOP	SSP/SBT	SSP-GV	SSOP-INGNTCS	SSOP-INGNTCS	SSOP-INGNTCS
189	SSP	SSP		SSP			SSP-INV TGN	SSP-INV TGN	SSP-INV TGN
190	RSSOP-DYNL	RSSOP-DYNL		RSSOP-DYNL			RSSOP-DYNL	RSSOP-DYNL	RSSOP-DYNL
192	SBT/SSP/SSOP	SBT/SSP		SBT/SSP/SSOP			SBT/SSP/SSOP	SBT/SSP/SSOP	SBT/SSP/SSOP
193	RSSOP-OL						RSSOP-OL	RSSOP-OL	
194	SSP-OLRUP	SSP-OLRUP					SSP-OLRUP	SSP-OLRUP	
195	RSSOP-OL/SSP-OLRUP	RSSOP-OL/SSP-OLRUP		RSSOP-OL/SSP-OLRUP			RSSOP-OL/SSP-OLRUP	RSSOP-OL/SSP-OLRUP	RSSOP-OL/SSP-OLRUP
196	SSP-DYNL-GV/SBT	SSP-DYNL-GV/SBT	SSP-DYNL-GV/SBT	SSP-DYNL-GV/SBT	SSP-DYNL-GV/SBT		SSP-DYNL-GV/SBT	SSP-DYNL-GV/SBT	SSP-DYNL-GV/SBT
197	SBT-INV TGN/RSSOP-OL	SBT-INV TGN/RSSOP-OL	RSSOP-OL	SBT-INV TGN/RSSOP-OL	SBT-INV TGN/RSSOP-OL		SBT-INV TGN/RSSOP-OL	SBT-INV TGN/RSSOP-OL	SBT-INV TGN/RSSOP-OL
199									
200	SSP-DYNL			SSP-DYNL			SSP-DYNL	SSP-DYNL	SSP-DYNL
201	SSP-PF	SSP-PF		SSP-PRTRNS			RSSOP-OL	RSSOP-OL	SSP-PF
216	SBT-ATRIA/SSP-OL	SBT-ATRIA/SSP-OL		SBT-ATRIA/SSP-OL			SBT-ATRIA/SSP-INV TGN	SBT-ATRIA/SSP-INV TGN	SBT-ATRIA/SSP-INV TGN
230	RSSOP-TPNEL/SSP-GV	RSSOP-TPNEL/SSP-GV		RSSOP-TPNEL/SSP-GV			RSSOP-TPNEL/SSP-GV	RSSOP-TPNEL/SSP-GV	RSSOP-TPNEL/SSP-GV
239	SSP-OL	SSP-OL		SSP-OL			SSP-OL	SSP-OL	
278	SSP/RSSOP	SSP/RSSOP	SSP/RSSOP	SSP/RSSOP	SSP/RSSOP		SSP/RSSOP	SSP/RSSOP	SSP/RSSOP
291	RSSOP-INLPA	RSSOP-INLPA	RSSOP-INLPA	RSSOP-INLPA			RSSOP-INLPA	RSSOP-INLPA	RSSOP-INLPA
401	SBT								
452	SSOP/SBT/SSP			SSOP/SBT/SSP	SSP/SBT		SSOP/SBT/SSP	SSOP/SBT/SSP	SSOP/SBT/SSP
519	RSSOP-OL/SBT			RSSOP-OL			RSSOP-OL	RSSOP-OL	RSSOP-OL
615	SBT	SBT	SSP	SBT	SBT				
635	SSP-OL	SSP-OL		SSP-OL			SSP-OL	SSP-OL	SSP-OL
642	SBT						SBT	SBT	
702	SSP/SSOP/SBT	SSP/SSOP/SBT	SSP/SSOP/SBT	SSP/SSOP/SBT	SSP/SSOP/SBT		SSP/SSOP/SBT	SSP/SSOP/SBT	SSP/SSOP/SBT
714	SSP-PF			SSP-PF			SSP-PF	SSP-PF	SSP-PF
726	RSSOP-OL/SSP-PF-GV			RSSOP-OL/SSP-PF-GV			RSSOP-OL/SSP-PF-GV	RSSOP-OL/SSP-PF-GV	RSSOP-OL/SSP-PF-GV
732	SBT	SBT		SBT			SBT	SBT	SBT
743	SSP-INV TGN	SSP-INV TGN		SSP-INV TGN			SSP-INV TGN	SSP-INV TGN	SSP-INV TGN
805	SSOP-TEPNL/SSP-PF			SSOP/SSP			SSOP	SSOP	SSP-PF

