

А.В. Ананьева, Е.И. Шагимарданова

РЕГИСТРАЦИЯ НОВЫХ АЛЛЕЛЕЙ HLA

Учебно-методическое пособие

А.В. Ананьева, Е.И. Шагимарданова

РЕГИСТРАЦИЯ НОВЫХ АЛЛЕЛЕЙ HLA

Учебно-методическое пособие

КАЗАНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ

2022

УДК 575.113.2: 577.212.3

ББК 28.04

С 59

*Печатается по рекомендации Учебно-методической комиссии
Института фундаментальной медицины и биологии КФУ,*

Рецензент –
ведущий научный сотрудник НЦ «Регуляторная геномика», к.б.н.
О. А. Гусев

Ананьева А. В.

С 59 Регистрация новых HLA аллелей. Учебно-методическое пособие /
А.В Ананьева, Е.И Шагимарданова / - Казань: Казан. ун-т, 2022. – 33 с.

В учебно-методическом пособии рассмотрены поэтапные действия при регистрации новых HLA аллелей. Предназначено для студентов биологического направления подготовки, изучающих курсы «Современные методы в биологии» (по направлениям), «Большой практикум» (по направлениям), «Физико-химические методы биологических исследований», «Молекулярная систематика и филогенетика» и др., а также для студентов медицинских направлений подготовки.

УДК 575.113.2: 577.212.3

ББК 28.04

© Ананьева А.В., Шагимарданова Е.И.,
2022

© Казанский университет, 2022

СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ	4
ТРЕБОВАНИЯ, ПРЕДЪЯВЛЯЕМЫЕ К ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМ.....	7
ПОРЯДОК РЕГИСТРАЦИИ НОВОГО АЛЛЕЛЯ.....	8
1. Выявление нового аллеля.....	9
2. Подача последовательности нового аллеля в GenBank™	10
3. Регистрация нового аллеля в Базе данных IPD-IMGT/HLA.....	20
ЛИТЕРАТУРА	32

ВВЕДЕНИЕ

HLA (от Human Leukocyte Antigens) – комплекс генов, кодирующих главный комплекс гистосовместимости человека, компактно расположенный на 6-й хромосоме. Группа белков HLA играет важную роль в «предоставлении» клеткам иммунной системы как собственных, так и чужеродных фрагментов белка для запуска иммунного ответа и в реализации системы комплимента. Важной особенностью данной группы генов является их крайне высокая полиморфность (рис. 1). С одной стороны, высокое разнообразие нуклеотидных последовательностей HLA является инструментом защиты от инфекционных агентов, с другой стороны, шансы совпадения всех HLA локусов у двух индивидов невелики, что затрудняет подбор доноров при трансплантациях гемопоэтических стволовых клеток и солидных органов. Уже в конце 60х годов стало ясно, что антигенов HLA настолько много, что необходим их специальный учет, для чего был основан Номенклатурный Комитет Всемирной Организации Здравоохранения по факторам системы HLA с целью дать официальные названия новым молекулам HLA (Thorsby et al., 2009). Комитет регулярно публикует список новых аллелей и их последовательности, а также

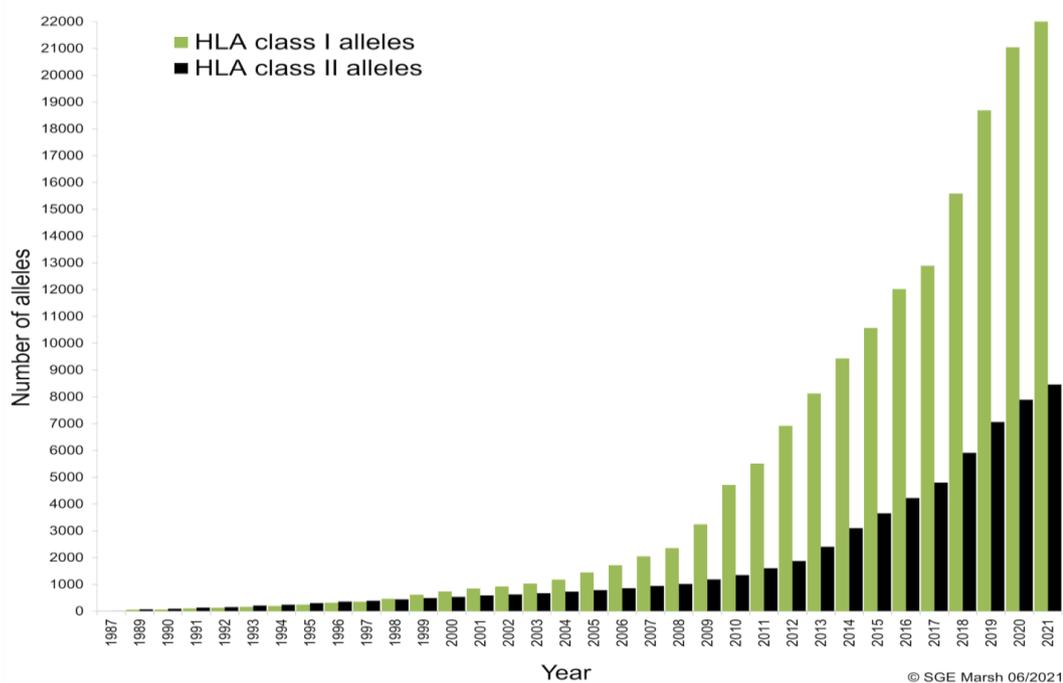


Рис. 1. Полиморфизм аллелей системы HLA в динамике открытия новых аллелей по годам с 1987 по 2021 г. (<http://hla.alleles.org/nomenclature/index.html>)

ошибки и уточнения по ранее опубликованным аллелям и их последовательностям. В качестве примера на рисунке 1 представлены данные по количеству аллелей I и II классов, зарегистрированных Комитетом. Номенклатура HLA неоднократно претерпевала изменения и дополнения, что связано, с переходом от серологического типирования поверхностных клеточных антигенов к молекулярным методам на основе секвенирования ДНК, с открытием новых аллельных вариантов HLA-генов, установлением полиморфизмов и в экзонных и в интронных областях генов, различиями в уровне экспрессии HLA-антигенов.

В настоящее время каждое название аллеля HLA имеет уникальный номер, состоящий из четырех групп цифр, разделенных двоеточиями (рис. 2).

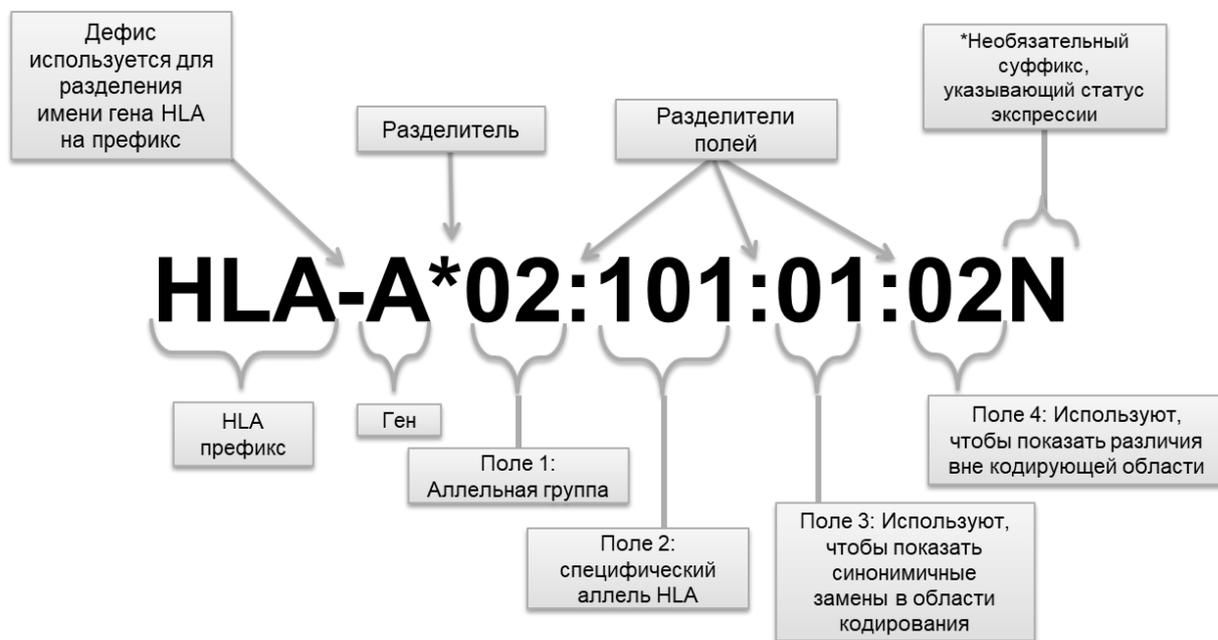


Рис. 2. Номенклатура HLA. Введена с апреля 2010 года.

(Источник: <http://hla.alleles.org/nomenclature/naming.html>)

Длина названия аллеля зависит от последовательности самого аллеля и наиболее похожей другой последовательности. Все аллели имеют, по меньшей мере, четырехзначное наименование, состоящее из первых двух групп цифр, разделенных двоеточием. После префикса HLA и наименования гена (A, B, C, DQB1 и т.д.) следует две цифры, которые обозначают аллельную группу и относятся к полю 1. Если аллель представлен только первым полем, то такой аллель считается типированным в низком разрешении. Второе поле отделяется

от первого двоеточием и предоставляет информацию о последовательности нуклеотидов в экзонах. Если HLA аллель представлен двумя и более полями, то он считается типированным на высоком разрешении. Третье поле также представляет собой информацию об экзонных последовательностях, но синонимичных. Цифры в четвертом поле несут информацию о нуклеотидах в интронах. Количество полей зависит от того, какая часть гена известна (один или несколько ключевых экзонов, все экзоны, некоторые или все интроны). В дополнение к уникальному номеру аллеля введены дополнительные необязательные суффиксы, которые могут быть добавлены в аллель для указания его экспрессии.

В настоящее время Номенклатурный Комитет Всемирной Организации Здравоохранения по факторам системы HLA поддерживает курируемую базу данных, содержащую информацию обо всех зарегистрированных аллелях, IPD-IMGT/HLA (<https://www.ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/>). В данной базе содержится информация о нуклеотидной последовательности каждого аллеля, лаборатории, впервые обнаружившую данный аллель, даты регистрации и последнего обновления информации по этому аллелю, этническая принадлежность, публикации.

При проведении секвенирования HLA генов современными высокопроизводительными методами, особенно при изучении популяции, в которых исследования распределения HLA генов ранее не проводились или проводились на малых выборках, часто возникают ситуации получения последовательностей, ранее не зарегистрированных номенклатурным комитетом.

Поэтому, регистрация новых последовательностей является важной задачей для характеристики исследуемых популяций, а также для практической медицины, где от регистрации ранее не описанного аллеля может зависеть решение о возможности проведения трансплантаций в случае необходимости.

ТРЕБОВАНИЯ, ПРЕДЪЯВЛЯЕМЫЕ К ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМ

Прежде чем регистрировать новый аллель необходимо убедиться, что соблюдены все необходимые условия регистрации новых HLA аллелей, утвержденных Номенклатурным Комитетом по факторам HLA системы Всемирной Организации Здравоохранения.

Инструкции по отправке новой последовательности:

1. Если последовательность получена из кДНК или продукты ПЦР субклонированы до секвенирования, несколько клонов должны быть секвенированы.
2. Секвенирование всегда должно выполняться в обоих направлениях.
3. Если выполняется прямое секвенирование ПЦР-амплифицированного материала, должны быть секвенированы продукты по крайней мере двух отдельных реакций ПЦР.
4. Если у лиц, гетерозиготных по локусу, один из аллелей является новым, новый аллель необходимо секвенировать отдельно от второго аллеля. Таким образом, последовательность аллеля, полученная с использованием методологии секвенирования по Сенгеру (принято называть SBT), где оба аллеля гетерозиготного индивида секвенированы вместе, является недостаточным доказательством для присвоения официального обозначения. По-возможности, новая последовательность должна быть подтверждена альтернативным методом, позволяющим проводить аллель-специфичное секвенирование
5. Последовательность, полученная исключительно из праймеров, используемых для амплификации аллеля, не должна включаться в представленную последовательность.
6. Последовательность должна быть депонирована в одной из мировых баз данных, ей должен быть присвоен номер (accession number). Последовательности могут быть отправлены в эти базы данных онлайн по следующим адресам:
EMBL: <http://embl/Submission/index.html>
GenBank: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/submit.html>
DDBJ: <http://www.ddbj.nig.ac.jp/submission-e.html>
7. Последовательности полной длины предпочтительны, но не обязательны; минимальные требования - экзоны 2 и 3 для последовательности HLA класса I и экзон 2 для последовательности HLA класса II.
8. Если новая последовательность отличается только внутри интрона или другой некодирующей части гена, должна быть получена полноразмерная последовательность, которая охватывает все кодирующие и некодирующие области. В отсутствии полноразмерной геномной последовательности из наиболее близкого аллеля может потребоваться, чтобы она также была секвенирована и представлена.
9. По возможности статья с описанием нового аллеля должна быть подготовлена для публикации. Черновик публикации можно отправлять в базу данных по электронной почте.

10. При HLA-типировании пациентов с гематологическими злокачественными новообразованиями необходимо подтвердить наличие новых аллелей из образцов ДНК, выделенных из буккального эпителия. Последовательности, полученные исключительно из опухолевого материала или без достаточных доказательств наличия нового аллеля в клетках зародышевой линии, не будут рассматриваться.
11. Для образца, в котором был обнаружен потенциально новый аллель необходимо предоставить типирование, как минимум, локусов HLA-A, -B, -DRB1. Кроме того, должна быть представлена последовательность второго аллеля в интересующем локусе у гетерозиготного индивидуума.
12. ДНК или другой материал, например, клеточные линии должны храниться либо в общедоступной коллекции образцов, либо, по крайней мере, в лаборатории-источнике.
13. Подача последовательности в Номенклатурный комитет должна выполняться с помощью онлайн-инструмента, доступного по адресу [/imgt/hla/subs/submit.html](http://imgt.hla/subs/submit.html). Исследователь должен заполнить анкету, характеризующую последовательность и предоставить сравнение новой последовательности с известными родственными аллелями. Если последовательность не может быть отправлена с использованием онлайн-инструментов, исследователям следует напрямую связаться с кураторами базы данных IPD-IMGT / HLA для получения подробной информации об альтернативных методах отправки.

После того как вы убедились, что все необходимые условия соблюдены, можно приступить к процедуре регистрации нового аллеля.

ПОРЯДОК РЕГИСТРАЦИИ НОВОГО АЛЛЕЛЯ

Порядок регистрации нового аллеля можно разбить на несколько этапов:

1. Выявление и подтверждение нового аллеля
2. Подача последовательности нового аллеля в GenBank
3. Регистрация нового аллеля в Базе данных IPD-IMGT/HLA

Последовательность нового аллеля, пригодную для регистрации, можно получить различными методами (ПЦП-SSOP, ПЦП-SSP, SBT и NGS). Поскольку, в настоящее время большинство новых аллелей выявляется с помощью современного метода NGS, который обеспечивает аллель-специфичное секвенирование в данном пособии рассмотрен данный метод.

Процесс подготовки образца к секвенированию может вестись с использованием разных коммерчески доступных наборов или с помощью самостоятельно разработанных методик. В данном пособии представлены данные, полученные с помощью наборов HOLOTYPE HLA™ (Омиксон, Венгрия) и соответствующего программного обеспечения HLA Twin™ Software.

1. Выявление нового аллеля

После получения данных об HLA-типировании человека программное обеспечение предоставляемое производителями наборов для подготовки библиотек может показать специальный значок и сообщение о новом аллеле (рис. 3).

The screenshot displays the 'Genotyping sample result' interface. At the top, there are navigation icons and a search bar. Below is a toolbar with various icons for actions like 'Browse Alignment', 'Genotype Details', 'Setup Loci', 'Assignment', etc. The main content area is divided into HLA-A and HLA-B sections. Under HLA-A, the genotype is shown as HLA-A*26:01:01:01, with a warning icon and a message: 'Novel allele with exon novelty detected on this locus'. A red box highlights the message: 'В этом локусе обнаружен новый аллель с экзонной заменой'. Under HLA-B, the genotype is shown as HLA-B*27:14 and HLA-B*44:02:01:01. The genotype details for HLA-A*26:01:01G + No G group show HLA-A*26:01:01:01 and HLA-A*26:01:01:01#1 with 'Exon mismatches 0/0'.

Рис. 3. Пример обнаруженного нового аллеля в программе HLA Twin™

После получения сообщения об обнаружении нового аллеля в первую очередь необходимо проверить качество полученных данных. Для этого используются метрики контроля качества - покрытие, фазировка, шумы, базовая статистика. Если какой-то из показателей вызывает сомнение, рекомендуется перетипировать такой образец. Кроме того, стоит отметить, что в случае выявления нового аллеля в образце ДНК, при проведении

подтверждающего типирования, его следует проводить из вновь выделенного образца ДНК. При получении данных, подтверждающих наличие нового аллеля, целесообразно начать работы по регистрации.

Для осуществления дальнейших шагов необходимо получить последовательность нового аллеля в формате FASTA.

2. Подача последовательности нового аллеля в GenBank™

Для отправки в базу данных GenBank™ последовательности перейдите на сайт: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/submit/> и нажмите ссылку **BankIt** (рис. 4).

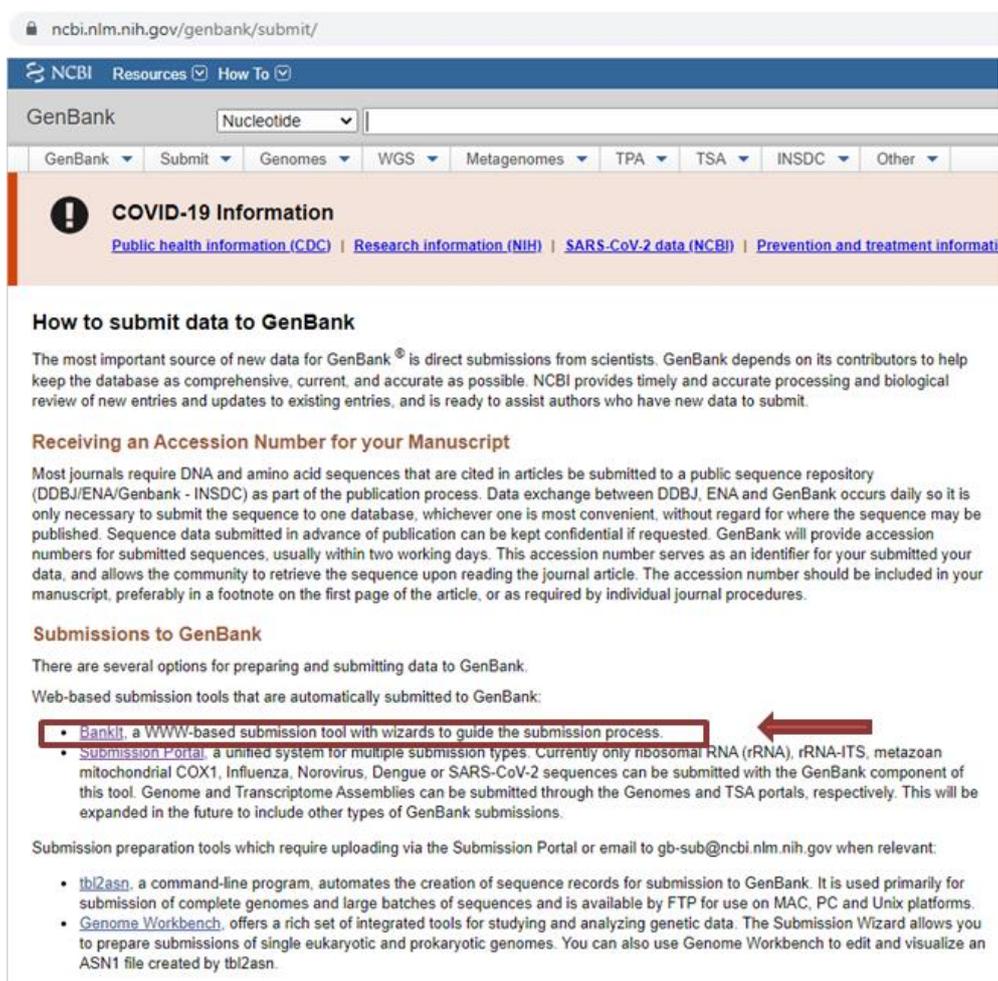


Рис. 4. Стартовая страница для подачи последовательности в базу GenBank™

На следующей странице необходимо войти в свой личный кабинет и выбрать тип загружаемых данных. Выберите пункт: данные секвенирования, не

указанные выше (через BankIt): мРНК, геномная ДНК, органелла, нкРНК, плазмиды, другие вирусы, фаги, синтетические конструкции. И нажмите **Start** (рис. 5).

Submit new sequences to GenBank

What type of sequence data do you have?

- SARS-CoV-2
- Ribosomal RNA (rRNA) or rRNA-ITS
- Metazoan (multicellular animal) COX1
- Influenza virus
- Norovirus
- Dengue virus
- Eukaryotic and Prokaryotic Genomes (WGS or Complete)
- Transcriptome Shotgun Assembly (TSA)
- Unassembled sequence reads (SRA)
- Sequence data not listed above (through BankIt): mRNA, genomic DNA, organelle, ncRNA, plasmids, other viruses, phages, synthetic constructs

Submission requirements:

- Sequence data in FASTA or alignment format
- Name(s) of the organism(s) where sequence data were isolated and any other descriptive data
- Sequence features (Examples: CDS, gene, tRNA, with nucleotide intervals and product names)

Start

Рис. 5. Страница выбора типа данных в базе GenBank™

Перейдите на страницу подачи новой последовательности. Для этого необходимо выбрать пункт **Start BankIt Submission** (рис. 6).

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

COVID-19 Information
Public health information (CDC) | Research information (NIH) | SARS-CoV.2 data (NCBI)

BankIt

Welcome BankIt User !

Click on one of the buttons below to start a new submission

- [Start SARS-CoV-2 Submission](#)
- [Start rRNA or rRNA/ITS Submission](#)
- [Start Metazoan COX1 Submission](#)
- [Start Influenza, Norovirus, Dengue submission](#)
- [Start BankIt Submission](#)

Don't see your submission here? Try searching in Submission Portal

Need help? Contact GenBank user services at info@ncbi.nlm.nih.gov.

[Download your completed submissions](#)

Рис. 6. Страница подачи новой последовательности в базе GenBank™

После перейдите к следующей странице и заполните свои контактные данные (рис. 7). После чего нажмите **Continue**.

The image shows a web form for GenBank Submissions. At the top, there is a blue header with the NIH logo and the text "National Library of Medicine National Center for Biotechnology Information". Below this is a grey bar with the word "BankIt". The main section is titled "GenBank Submissions" and "Contact Information". It contains several input fields: First Name, Last Name, Department, Institution, Street Address, City, State/Province, ZIP/Postal Code, Country, Phone, Fax, and Email. There is also a checkbox for "User profile update" and a "Continue" button highlighted with a red box. An example phone number is provided: "Example: 001-202-000-0000 (International), 202-000-0000 (U.S.A)".

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BankIt

GenBank Submissions

Contact Information

First Name

Last Name

Department

Institution

Street Address

City

State/Province

ZIP/Postal Code

Country

Phone

Fax Example: 001-202-000-0000 (International), 202-000-0000 (U.S.A)

Email

Please provide an alternative email address to ensure that messages are received.

Alternative Email

User profile update Retain changes to Contact information for all future BankIt submissions. (Uncheck if changes apply "only" to this submission)

Continue

Рис. 7. Страница контактных данных заявителя в базе GenBank™

На следующей странице появится уникальный регистрационный номер, присвоенный к данному процессу подачи данных. Заполните данные об авторах, подающих последовательность и данные о статусе публикации последовательности в журнале (рис. 8). После чего нажмите **Continue**.

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

COVID-19 Information
Public health information (CDC) | Research information (NIH) | SARS-CoV-2 data (NCBI) | Prevention and treatment information (HHS) | Español

BankIt

GenBank Submissions

Contact Reference Sequencing Technology Nucleotide Submission Category Source Modifiers Features Review and Correct

Submission # 2489783 ← Уникальный номер подачи

Sequence Authors

First Name	Middle Initial(s)	Last Name	Suffix	Remove
Anastasiia	V	Ananeva	▼	✕
Elena	I	Shagimardanova	▼	✕

← Авторы последовательности

[Add](#) more sequence authors.

Reference Information #1

Please provide the title and relevant publication details (volume, issue, etc.) of a paper that discusses this submission.

PUBLICATION STATUS

Unpublished In-Press Published ← Статус публикации

Reference Title

REFERENCE AUTHORS

Same As Sequence Authors
 Specify New Authors

[Add Another Reference](#)

[Continue](#)

Рис. 8. Страница вкладки информации на ссылки (reference) при депонировании новой последовательности в базе GenBank™

Далее приступайте к заполнению информации о новой последовательности. Введите данные о технологии секвенирования: метод секвенирования, сборка последовательности, программное обеспечение (рис. 9). После чего нажмите **Continue**.

ncbi.nlm.nih.gov/WebSub/?form=seqtech&sid=2489783&tool=genbank

GenBank Submissions

Contact Reference **Sequencing Technology** Nucleotide Submission Category Source Modifiers Features Review and Correct

Submission # 2489783

Sequencing Technology

This information is required if you are submitting over 500 sequences or if your sequences were generated using next-generation sequencing technology.

What methods were used to obtain these sequences?

Sanger dideoxy sequencing
 454
 Helicos
 Illumina ← **Метод секвенирования**
 IonTorrent
 PacBio
 SOLiD
 Other

Are these sequence(s):

unassembled sequence reads
 assembled sequences (consisting of two or more sequence reads) ← **Сборка последовательности**

What program(s) did you use to assemble these sequences?

Assembly Program	Version or Date	Remove
Twin	4.4.1	Remove

← **Программное обеспечение**

Add additional assembly programs.

Assembly Name:
Coverage:

Continue

Рис. 9. Страница вкладки информации о технологии секвенирования при депонировании новой последовательности в базе GenBank™

На следующей странице выберите дату обнаружения последовательности в открытом доступе и характеристику последовательности, формат данных и загрузите саму нуклеотидную последовательность (рис. 10). После чего нажмите **Continue**.

GenBank Submissions

Contact Reference Sequencing Technology **Nucleotide** Submission Category Source Modifiers Features Review and Correct

Submission # 2489783

Submission Release Date

When may we release your sequence record?

Immediately After Processing

Release Date: 17-Feb-2022

Release date must be after 6 months from today and before 10 years from today.

Дата выпуска
последовательности

Sequence(s) and Definition Line(s)

Molecule Type:

genomic DNA

Select the type of molecule that was isolated and sequenced.

Topology:

Linear

Подробная информация о
последовательности

Are you submitting the complete sequence of an organelle genome, virus, viral segment, viroid, plasmid, or cloning vector?

Yes No

Nucleotide Sequence Format

Sequence data format:

FASTA sequences (not an alignment, most common data format, [FASTA help](#))

For example:

```
>Seq1 [organism=genus species] Definition Line for Seq1  
aacccgatagagagaggga....  
>Seq2 [organism=genus species] Definition Line for Seq2  
atctgaatagagattattt....
```

Definition Lines which are used to describe each sequence, should be included with your sequence data.

Alignment (FASTA+GAP, NEXUS, PHYLIP, CLUSTAL(W), [alignment help](#))

Выберите формат
данных

Nucleotide Sequence(s)

Paste sequence data

```
>Seq [organism=Homo sapiens] HLA-A, gene, complete cds  
GCGGACCCAGTTCTCACTCCCATTGGGTGTCGGTTTCCAGAGAAGCCAATCAGT  
GTCGTGCGCGGTGCGGGTCTAAAGTCCGCACGCACCCACCGGGACTCAGATTCT  
CCCCAGACGCCGAGGATGGCCGTCATGGCGCCCCGAACCCTCGTCTGCTACTC  
TCGGGGGCCCTGGCCCTGACCCAGACCTGGGCGGGTGAGTGCGGGGTCGGGA  
GGGAAACGGCCTCTGTGGGAGAAGCAAGGGGCCCGCCCGCGGGGCGCAG
```

(OR)

Upload file

Выберите файл | Файл не выбран

Вставьте нуклеотидную последовательность
или загрузите файлы fasta

Continue

Рис. 10. Страница загрузки нуклеотидной последовательности в базе GenBank™

Далее выберите категорию подачи (рис. 11) и нажмите **Continue**.

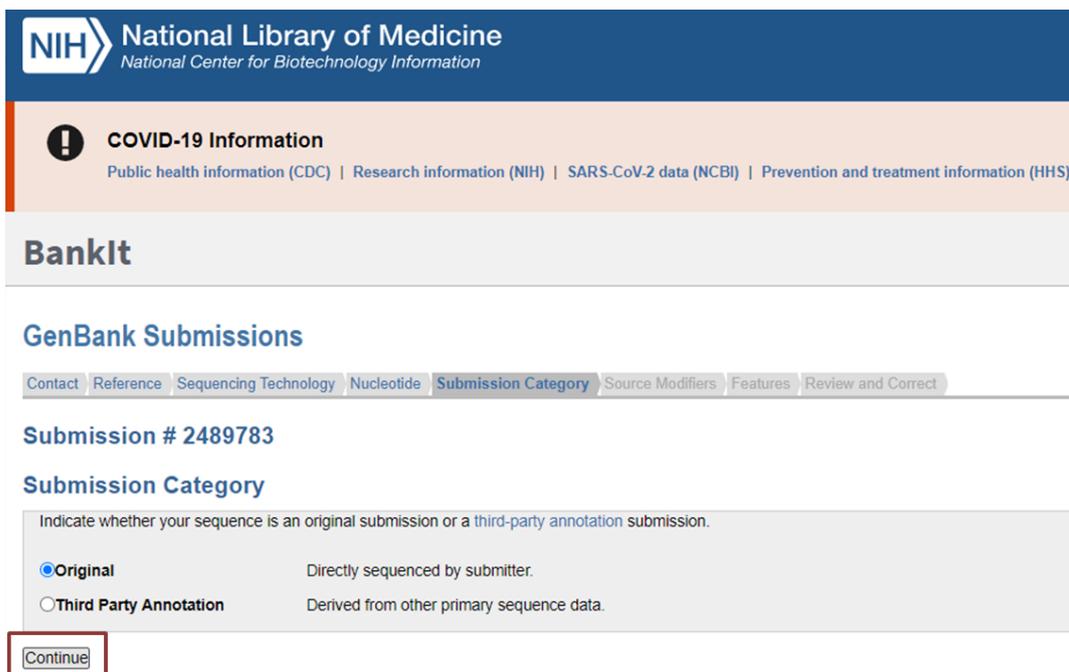


Рис. 11. Страница категории загрузки в базе GenBank™

На следующей вкладке заполните данные об образце (рис. 12) и нажмите Continue.

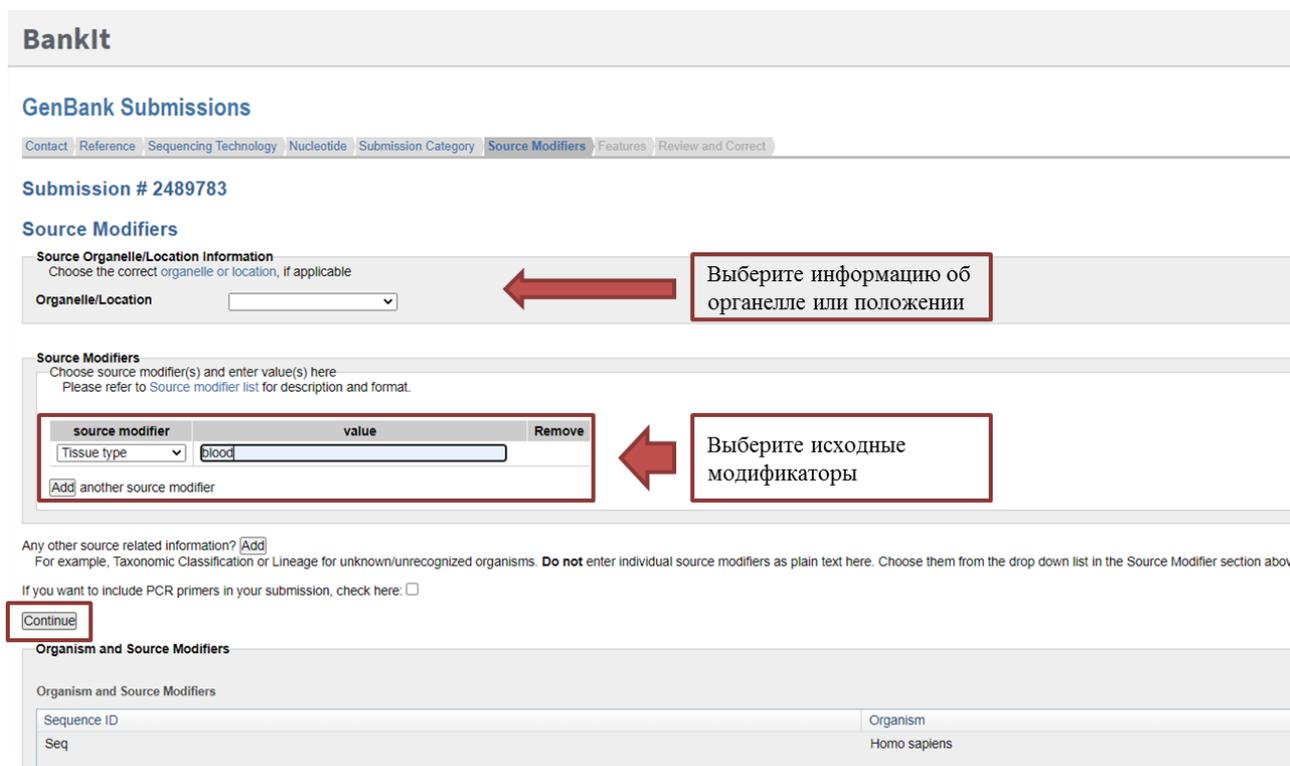


Рис. 12. Страница данных об исходном образце в базе GenBank™

На следующей странице необходимо ввести характеристики вашей последовательности (рис. 13). После чего нажмите [Continue](#).

BankIt

GenBank Submissions

Contact Reference Sequencing Technology Nucleotide Submission Category Source Modifiers **Features** Review and Correct

Submission # 2489783

Features (Overview)

Provide feature annotations for your submission using one of the options below: [INSDC feature definitions](#)

Add features by uploading five column feature table file

Add features by completing input forms ← Добавьте характеристики, заполнив форму ввода

- This method is suitable for annotating a single feature or a few features
- Features may be annotated across an entire sequence or using specific intervals within a sequence

To add a feature, select feature category and feature type within that category **then click 'Add'**.

Coding Region (CDS) / Gene / mRNA -- if your sequence encodes a protein, choose this option ← Выберите информацию, которую необходимо ввести для вашей последовательности

Add CDS by

providing intervals providing protein sequence data

RNA (rRNA, tRNA, non-coding RNA, misc_RNA, etc)

Repeat region (for sequence repeats, mobile elements and satellites)

Regulatory feature (promoter, TATA_signal, RBS etc.)

Other

Added Features for editing/removal
No features entered yet

Continue

Рис. 13. Страница характеристик загружаемой последовательности базы GenBank™

На следующей странице необходимо ввести характеристики загружаемой последовательности: границы экзонов новой последовательности, информацию о новой последовательности (рис. 14). После ввода нажмите [Add](#) и затем, нажмите [Ассепт](#).

GenBank Submissions

Contact Reference Sequencing Technology Nucleotide Submission Category Source Modifiers **Features** Review and Correct

Submission # 2489783

Features (Detail)

Adding Feature 'CDS' Information on Coding Sequences

Strand? (Pick strand for each span below)

Partial? 5' 3'

Is this a Pseudogene? Yes No

Is this an intronless gene? Yes No

Nucleotide Interval Spans: Entire Sequence Specific Spans - specify nucleotide numbers within your sequence. (Use this if your sequences contain introns)

Start	Stop	Strand
125	197	Plus
328	597	Plus
839	1114	Plus
1715	1990	Plus
2090	2206	Plus
2645	2677	Plus
2820	2867	Plus
3037	3041	Plus

more intervals

Protein Information

Protein Name:

Protein Description:

EC Number:

Gene Information

Gene feature will be added if gene name/allele is provided.

Gene Name:

Gene Allele:

Gene Description:

Does gene interval extend beyond the intervals provided for the coding region? No Yes

mRNA Information

Add mRNA

Does mRNA interval extend beyond the intervals provided for the coding region? No Yes

Qualifier	Value
<input type="text"/>	<input type="text"/>

more Qualifiers

Add clicked.

Заполните информацию о начале и конце каждого экзона

Заполните информацию о новой последовательности

Рис. 14. Страница детальных характеристик загружаемой последовательности базы GenBank™

Далее вы перейдете на страницу, где необходимо проверить введенные данные на предыдущих страницах (рис. 15). Если вы убедились в правильности введенных данных, нажмите **Continue**.

BankIt

GenBank Submissions

Contact Reference Sequencing Technology Nucleotide Submission Category Source Modifiers **Features** Review and Correct

Submission # 2489783

Features (Overview)

Provide feature annotations for your submission using one of the options below: [INSDC feature definitions](#)

Add features by uploading five column feature table file
 Add features by completing input forms

Added Features for editing/removal

[Remove All Features](#)

	Feature name	Strand	Interval range	Remove
Edit	CDS/Gene/mRNA	+	125..197, 328..597, 839..1114, 1715..1990, 2090..2206, 2645..2677, 2820..2867, 3037..3041	X

[Continue](#)

Features

```

gene             125..3041
                 /gene="HLA-A"
                 /allele="HLA-A*26:01"
                 /note="HLA-A belongs to the HLA class I heavy chain
                 paralogues. This class I molecule is a heterodimer
                 consisting of a heavy chain and a light chain (beta-2
                 microglobulin). The heavy chain is anchored in the
                 membrane. Class I molecules play a crucial role in the
                 immune system by presenting peptides derived from the
                 endoplasmic reticulum lumen. They are expressed in nearly
                 all cells. The heavy chain is approximately 45 kDa and its
                 gene contains 8 exons. Exon 1 encodes the leader peptide,
  
```

Рис. 15. Страница обзора и проверки загруженных данных в базе GenBank™

На следующей странице введите данные электронной почты, на которую будет приходить уведомление о статусе поданной новой последовательности и завершите подачу, нажав **Finish Submission** (рис. 16).

BankIt

GenBank Submissions

Contact Reference Sequencing Technology Nucleotide Submission Category Source Modifiers Features **Review and Correct**

Submission # 2489783

Review Submission

1. Additional Email Addresses?
Correspondence regarding this submission will be sent to the following email address:

Separate multiple email addresses with commas.

2. Resubmission?
If you were asked by GenBank staff to resubmit your sequence data, check here:

3. Submission Title (Optional)
If you want to title your submission for your own record-keeping, check here:

4. Additional Information
If you have additional or corrected source modifier or feature files, or other plain text description for your sequence data submission, check here:

5. Updates
You may update or revise your submissions at any time by sending new or corrected information in an email to update@ncbi.nlm.nih.gov. You may also contact us at this address with any questions.

Review Records of Your Set

Below please find your 1 genbank submission record(s) for your review.

You can download the complete set as a compressed ZIP file.

[Finish Submission](#)

Рис. 16. Страница обзора и проверки загруженных данных в базе GenBank™

После завершения подачи, на электронную почту поступит уведомление о подаче последовательности в Genbank. В течение некоторого времени на почту поступит письмо с регистрационным номером GenBank для вашей нуклеотидной последовательности.

3. Регистрация нового аллеля в Базе данных IPD-IMGT/HLA

После присвоения уникального номера GenBank можно приступить к регистрации нового аллеля в Базе данных IPD-IMGT/HLA. Для отправки в базу данных IPD-IMGT/HLA информации о новой последовательности перейдите на сайт: <https://www.ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/> и нажмите ссылку **Submit**, затем нажмите **Start your submission here** (рис. 17).

ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/submission/

IPD-IMGT/HLA

Overview | **IMGT/HLA** | KIR | MHC | NHKIR | HPA | ESTDAB

IPD / IMGT/HLA

Welcome to IPD-IMGT/HLA

Release 3.47 (2022-01) Version Report - Build 207cdce

The IPD-IMGT/HLA Database provides a specialist database for sequences of the human major histocompatibility complex (MHC) and includes the official sequences named by the WHO Nomenclature Committee For Factors of the HLA System. The IPD-IMGT/HLA Database was originally part of the international ImMunoGeneTics project (IMGT). For more information about the database and what data and tools are available please see our [about](#) page.

- Alignment**
The alignment tool provides access to pre-compiled alignments for individual HLA genes and sequence features >
- Alleles**
Query the IPD-IMGT/HLA database for officially named alleles with the allele query tool. >
- Statistics**
Latest IPD-IMGT/HLA Statistics and Release reports >
- Download**
Access to the IPD-IMGT/HLA ftp for downloading sequence files >
- Matching**
DPB T-Cell Epitope + HLA-B Leader matching tools >
- Cells**
Perform complex queries on the IPD cell database >
- Tools**
A complete list of tools for querying the IPD-IMGT/HLA Database >
- Submit**
Submit a sequence to the IPD-IMGT/HLA Database >

EMBL-EBI | Services | Research | Training | About us | EMBL-EBI

IPD-IMGT/HLA

Overview | **IMGT/HLA** | KIR | MHC | NHKIR | HPA | ESTDAB

IPD / IMGT/HLA / SUBMISSION

Submission Tool

The IPD-IMGT/HLA Database Submission Tool allows direct submission of sequences to the WHO HLA Nomenclature Committee for Factors of the HLA System. Once accepted the submitted sequence will be stored in the database and appear in the monthly updates published in Tissue Antigens, Human Immunology and the International Journal of Immunogenetics.

Start your submission here

Please read the guidelines below for submitting a new or confirmatory sequence before starting the submission procedure, as you will be asked to confirm you have read them during the submission process.

By clicking the following button to start your submission you are confirming that you have read and understood the conditions for acceptance of allele sequences listed below.

[Start your submission here](#)

Conditions for acceptance of new allele sequences.

As emphasized in previous reports and releases from the HLA database, there are required conditions for the acceptance of new sequences for official names. Please read the following conditions carefully before submitting sequences.

Рис. 17. Стартовая страница для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

Прежде чем начать пошаговое заполнение информации, необходимо убедиться все ли условия подачи соблюдены (рис. 18). Если какое-то условие не выполнено, невозможно начать процедуру подачи.

IPD-IMGT/HLA

Overview | **IMGT/HLA** | KIR | MHC | NHKIR | HPA | ESTDAB

IPD / IMGT/HLA / SUBMISSION / CHECKLIST

Submission Checklist

Please read through and complete the following checklist before starting you submission. If you cannot meet all these point please do not submit your sequences as it will not be named until all these conditions are met.

Checklist	
Has sequencing been performed in both directions ?	<input checked="" type="checkbox"/>
Has the novel allele been sequenced in isolation from the second allele?	<input checked="" type="checkbox"/>
Has the primers sequence used to amplify an allele been removed from the sequence being submitting?	<input checked="" type="checkbox"/>
Has an EMBL, GenBank or DDBJ accession number been obtained? If not the sequence must be submitted to one of these databases at the following addresses: <ul style="list-style-type: none">• EMBL: /embl/Submission/index.html• GenBank: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/submit.html• DDBJ: http://www.ddbj.nig.ac.jp/submission-e.html	<input checked="" type="checkbox"/>
Does your sequence meet the minimum requirements for sequence length? <ul style="list-style-type: none">• Or exon 2 at minimum for an HLA class II sequence?• Have exons 2 and 3 been sequenced at minimum for an HLA class I sequence? Or exon 2 at minimum for an HLA class II sequence?	<input checked="" type="checkbox"/>
Have you provided the HLA typing for the A, B and DRB1 genes of the source individual?	<input checked="" type="checkbox"/>
Has the material from which this sequence is derived come from an individual with no malignant diseases or has this sequenced been confirmed in the germ line ?	<input checked="" type="checkbox"/>

[Proceed to next step](#)

Рис. 18. Контрольный список подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

Теперь можно приступить к пошаговой подаче информации о новом аллеле. Для шага 1 необходимо заполнить свои контактные данные для получения уникального идентификатора отправителя. Этот идентификатор будет использоваться при всех следующих регистрациях новых аллелей (рис. 19).

New Submitters

If you do not have a Submitter ID please complete the form below in full as part of a submission, simply completing the section below is not sufficient. You will only receive a unique IPD-IMGT/HLA Submitter ID once your first completed submission has been received and processed. Therefore you must complete the entire submission process before your Submitter ID can be assigned. The submission ID is not a means of attributing a sequence to an individual, the opportunity for this is any publication, rather to provide a contact should further information be required.

Personal Details For New Submitters	
Title:	<input type="text" value="Mrs."/>
First or Given Name:	<input type="text"/>
Surname or Family Name:	<input type="text"/>
Address Details	
Department:	<input type="text"/>
Institute:	<input type="text"/>
Address:	<input type="text"/>
City:	<input type="text"/>
State:	<input type="text"/>
Post Code/ZIP:	<input type="text"/>
Country:	<input type="text"/>
Tel:	<input type="text"/> (including international dialling code)
Fax:	<input type="text"/> (including international dialling code)
Please ensure you type in a valid e-mail address. Confirmation of a successful submission will be sent to the address you enter.	
E-mail:	<input type="text"/>
<small>The contact details you provide to the IPD-IMGT/HLA Database are strictly confidential and will not be used for any other purpose. Your name will be listed with any sequences or cells you submit as the submitter of the sequence. If you do not wish your address to be available to the public please, check the following box. I wish my address to remain confidential. <input type="radio"/> Yes <input checked="" type="radio"/> No</small>	
Proceed to the next stage of the submission tool: <input type="button" value="Submit"/> <input type="button" value="Clear Form"/>	

Рис. 19. Регистрация контактных данных для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

На следующей странице будет представлена информация о присвоении номера регистрации и адреса для корреспонденции (рис. 20). Необходимо убедиться в правильности введённых данных. Затем нажмите **Continue**.

Stage 2 - Please Read The Submission Guidelines

Ms. Ananeva your submission number is HWS10063717. Please keep a record of this number and use it in all further communications regarding this submission.

The completed submission and any future correspondence regarding this submission will be emailed to **example@kpfu.ru**

Please complete the following forms as fully as possible, the more information provided the faster your submission can be dealt with.

Рис. 20. Информация о номере отправления и адреса для корреспонденции для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

Для шага 3 необходимо вписать основную информацию: наименование лаборатории, тип последовательности, уникальный номер базы данных GenBank и желаемую дату публикации в открытом доступе (рис. 21). После заполнения нажмите **Continue**.

Stage 3 - Basic Sequence Information

Please complete all sections

Local Name:	Наименование лаборатории	HLA Laboratory Kazan
Sequence Type:	Тип последовательности	Class I - Full Length CDS
Source Entries		
1. All submissions must contain a valid EMBL/GenBank/DBJ accession number. 2. Multiple accession numbers should be separated by a comma (,).		
Accession Number(s):	Номер присвоенный БД GenBank	MZ766135
IMGT/HLA Database Release Policy		
The IMGT/HLA Database will not release confidential sequences until the date you specify, upto a maximum of six months. If sequences are publically available in EMBL/Genbank/DBJ or published in a journal, we will make these public in the following release of the database.		
Release Date:	Дата выпуска	1 Oct 2021

Рис. 21. Пример заполненной базовой информации о последовательности для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

В шаге 4 необходимо заполнить информацию о ссылке на публикации по новому аллелю. Если публикации нет, то в строке **Status** выберите **Unpublished** (рис. 22). В случае наличия публикации необходимо ввести соответствующие данные. Для продолжения нажмите **Continue**.

Stage 4 - Submission Reference Details

Reference Details

Status: Unpublished

Please complete reference details as fully as possible.

Title:

Author(s): ie: Robinson J, Marsh SGE

Journal:

Pages:

Volume:

Issue:

Year:

Reference:

Рис. 22. Пример заполнения неопубликованной информации по новому аллелю для подачи в базу данных IPD-IMGT/HLA

Для шага 5 необходимо заполнить основную информацию о последовательности и ее особенности. В верхней части страницы выберите локус HLA, в котором найдена замена нуклеотида(ов) и укажите наиболее гомологичный известный аллель (рис. 23). Для поиска ближайшей известного аллеля можно использовать сервис <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>. Кроме того, необходимо заполнить полное описание, указывающее, чем ваша последовательность отличается от ближайшего известного аллеля. Нумерация нуклеотидов новой последовательности должна соответствовать выравниванию. Нельзя вести нумерацию с первого нуклеотида вашей конкретной последовательности. Для проведения выравнивания можно использовать сервис <https://www.ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/alignment/>.

Stage 5 - Submit Nucleotide Sequence and Sequence Features

Sequence Alignment

Launch BLAST server - You can use the BLAST server to provide the name of the closest matching HLA sequence and also to check for vector contamination using the EMVEC Database.

Please Select Locus: →

Closest known HLA Allele eg: 'A*01:01:01:01': →

Written Description

You **must** include a full written description indicating how your sequence differs from the closest known HLA allele you have listed above, as well as any additional features such as inserts or deletions. Sequence descriptions should be numbered according to the HLA alignments **and not** numbered from the first base of your sequence.

eg; B*07new has 1nt change from B*07:02:01 at nt 131 where C->T (codon 20 CCC->CTC) resulting in a coding change, 20P is changed to L.

A*26new has 1nt change from A*26:01:01:01 at nt 937 where G|->T (codon 289 GCT -> TCT) resulting in a coding change, S is changed to A.

↑

Полное описание, указывающее отличие от ближайшего известного аллеля

Рис. 23. Пример заполнения информации о последовательности для регистрации нового аллеля в базе данных IPD-IMGT/HLA

Также необходимо ввести данные об особенностях новой последовательности (рис. 24). Также необходимо ввести информацию о кодирующих и не кодирующих участках и непосредственно загрузить нуклеотидную последовательность. После введения всей необходимой информации, нажмите **Continue**.

Sequence Features

number of features = number of exons + number of introns + number of UTR's

Input Sequence Features: →

Number of Features: →

Nucleotide Sequence Features

Please enter the nucleotide sequence here, do not include numbering or any annotation in the sequence.

```
GGAGACGGGAAGGAGACGCTGCAGCGCAGGGTACCAAGGGCCACGGGGCGCCTCCCTGATCGCCTGTAGATCTCCCGGGCTGGCCCTCCCAAGGAGGGGAGACAATTGGGACCAAC
ACTAGAATATCGCCCTCCCTCTGGTCTGAGGGAGAGGAATCCTCTGGGTTTCCAGATCCTGTACCAGAGAGTGACTCTGAGGTTCCGCCCCTGCTCTGACACAATTAAGGGATAAAATCT
CTGAAGGAATGACGGGAAGACGATCCCTCGAATACTGATGAGTGGTTCCCTTTGACACACACCGGCAGCAGCCTTGGGCCCGTGACTTTTCCCTCAGGCCCTTGTCTCTGCTTCCACACTCA
ATGTGTGGGGTCTGAGTCCAGCACTCTGAGTCCCTCAGCCTCCACTCAGGTCAGGACCAAGTCCGCTGTTCCCTCTCAGGGACTAGAATTTCCACGGAATAGGAGATATCCGAGG
TGCCCTGTGCCAGGCTGGTGTCTGGTCTGTGCTCCCTCCCAATCCCAAGGTGCTCCTGATCTCAAGATAGCCACATGTGTGCTGGAGGAGTGTCCCATGACAGATGCAAAATGCCTGAA
TGTTCTGACTCTTCCCTGACAGACGCCCAAGACGCATATGACTCACCACGCTGTCTCTGACCATGAGGCCACCCCTGAGGTGCTGGGCCCTGAGCTTCAACCTGCGGAGATCACACTGACCT
GGCAGCGGGATGGGAGGACCAAGCCAGGACAGGAGCTCGTGGAGACCAGGCCCTGCAGGGGATGGGACCTTCCAGAAGTGGGGCTGTGGTGGTCCCTCTGGACAGGAGCAGAGA
TACACCTGCCATGTGCAGCATGAGGGTGTGCCAAGCCCTCACCTGAGATGGGGTAAGGAGGGAGACGGGGGTGTCATGTCTTTAGGGAAAGCAGGAGCCTCTGTACCTTTAGCAGG
GTACAGGGCCCTCACCTTCCCTCTTTCCAGAGCCGCTTCCAGCCCAACATCCCATCGTGGGCATCTTTCTGGCCTGTTCTCTTTGGAGCTGTGATCGCTGGAGCTGTGGTCCGCTGC
TGTGATGTGGAGGAGGAAGAGCTCAGGTGGGAAGGGATGAAGGTGGTCTGAGATTTCTGTCTCACTGAGGGTTCCAAAGACCCAGGTAGAAGTGTGCCCTGCCTGTTACTGGGAAGC
ACCATCCACAATATGAGCCTACCCAGCCTGGGCCCTGTGTGCCAGCACTACTCTTTGTAAAGCACCTGTTAAATGAAGGACAGATTATCACCTTGATTACGGCGGTGATGGGACCTGAT
```

Рис. 24. Пример заполнения полного описания последовательности для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

Шаг 6 является продолжением шага 5 об особенностях последовательности. В этом шаге необходимо ввести номер нуклеотида, соответствующего началу и концу каждого экзона и, по возможности интрона (рис. 25). Необходимо вводить нумерацию последовательно, начиная с первого нуклеотида, а не в соответствии с выравниванием. Если вы убедились в правильности введённых данных в шаге 6, нажмите **Continue**.

Stage 6 - Sequence Features

The sequence features are similar to those generated in the EMBL/GenBank/DBJ flatfiles. The CDS feature will be generated automatically from the information entered. If no sequence features are entered then the entire sequence will be assumed to be the CDS.

Sequence features should be numbered consecutively from the first base of your sequence and not numbered according to the HLA alignments.

For more information see the [sequence feature help page](#) (Netscape users only).

Sequence Features			
Feature	Number	Start	End
Exon	1	125	197
Exon	2	328	597
Exon	3	839	1114
Exon	4	1715	1990
Exon	5	2090	2206
Exon	6	2645	2677
Exon	7	2820	2867
Exon	8	3037	3041

Рис. 25. Пример заполнения особенностей последовательности для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

В шаге 7 база данных IPD-IMGT/HLA требует сведения об образце из которого выделялась ДНК. Если речь идет об образце, полученном из конкретного человека, желательно по возможности предоставить сведения об этнической принадлежности, поле, родственниках (рис. 26).

Stage 7 - Information on the Source Cell or Individual

This form allows you to enter details of the cell/individual from which the sequence originates. The IMGT/HLA Database requires details of the source cell/individual in order for the sequence to be submitted.

For help on any section of the cell details, click [here](#) to open the Cell Help Page in a separate window.

We would like to encourage all submitters to provide ethnic origin information when possible. This information is of great interest to the HLA community.

Cell/Individual Details	
Индивидуальный идентификатор Cell/Individual ID/Code:	<input type="text" value="YourID12345"/>
Important Note: Please do not use a person's name for this fields	
Other names:	<input type="text"/>
Ethnic origin: Этническая принадлежность	<input type="text" value="Unknown"/>
Sex of donor: Пол	<input type="text" value="Unknown"/>
Consanguineous: Родственники	<input type="text" value="Unknown"/>
Homozygous: Гомозигота	<input type="text" value="Unknown"/>
Comments: Комментарии	<input type="text"/>

Рис. 26. Пример заполнения сведения об индивидууме для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

Кроме того в шаге 7 необходимо заполнить контактные данные о лаборатории, в которой был выявлен новый аллель и в каком виде первичный материал храниться в лаборатории или биобанке (рис. 27).

Contact Information	
Lab of Origin:	Лаборатория → Kazan Federal University
Lab Contact:	Контактное лицо → Anastasiia Ananeva
Cell Availability	
Material Available:	Материал хранения → DNA
Cell Bank;	Клеточный банк → Not Available
Cell Workshop Details	
IHW No:	<input type="text"/>
7th Workshop:	<input type="text"/>
8th Workshop:	<input type="text"/>
9th Workshop:	<input type="text"/>
10th Workshop:	<input type="text"/>
Other Workshops;	<input type="text"/>

Рис. 27. Пример заполнения контактных данных о лаборатории для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

В шаге 8 нужно заполнить HLA-профиль исходного образца. Данные ДНК-типирования должны быть введены для каждого гена с использованием текущей номенклатуры. Аллели для каждого локуса должны быть введены через запятую. Типирование локусов HLA-A, B и DRB1 является обязательным. Если серологическое типирование не проводилось, оставьте поля внизу страницы пустыми (рис. 28).

Stage 8 - Source Sample Typing Profile

Source Sample Profile - HLA DNA Typing			
DNA typing data should be entered for each gene using the current nomenclature. DNA Typing includes entering your local allele designation in the appropriate box. HLA-A, B and DRB1 typing is mandatory.			
HLA-A*	<input type="text" value="26:01:01, 26"/>	HLA-DRB6*	<input type="text"/>
HLA-C*	<input type="text" value="01:02:01, 05:01:01"/>	HLA-DRB7*	<input type="text"/>
HLA-B*	<input type="text" value="07:02:01, 38:01:01"/>	HLA-DRB8*	<input type="text"/>
HLA-DRA*	<input type="text"/>	HLA-DRB9*	<input type="text"/>
HLA-DRB1*	<input type="text" value="01:01:01, 01:01:01"/>	HLA-DQA1*	<input type="text"/>
HLA-DRB3*	<input type="text"/>	HLA-DQB1*	<input type="text" value="02:01:01, 03:01:01"/>
Source Sample Profile - Serology			
If you have not performed serological typing, please do not infer serology typing from DNA typing methods, leave the boxes blank.			
HLA-A	<input type="text"/>	HLA-DR51	<input type="text"/>
HLA-C	<input type="text"/>	HLA-DR52	<input type="text"/>
HLA-B	<input type="text"/>	HLA-DR53	<input type="text"/>
HLA-Bw4/w6	<input type="text"/>	HLA-DQ	<input type="text"/>
HLA-DR	<input type="text"/>	HLA-DP	<input type="text"/>
<input type="button" value="Continue"/> <input type="button" value="Clear Form"/>			

Рис. 28. Пример HLA-профиля исходного образца для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

Для шага 9 необходимо заполнить максимально подробно методы типирования, которые использовались при обнаружении нового аллеля. Выберете из предложенных вариантов тип первичного и вторичного секвенирования, типы праймеров для ПЦР (рис. 29). Помните, что новый аллель необходимо подтвердить аллель-специфичным секвенированием. Т.е. нельзя предоставлять данные, полученные только методом SBT. Подтвердите, что секвенирование было выполнено в обоих направлениях. Выберете каким методом была подтверждена последовательность. При возможности впишите в комментарии дополнительную информацию, например, полезно указать

программное обеспечение, которое использовалось для анализа. Если вы убедились в правильности введенных данных в шаге 9, нажмите **Submit**.

Stage 9 - Methods

Once all cell entries are complete please enter method data below. Please complete all sections.

Methods

Primary Sequencing: NGS - Illumina Sequencing Technology ← Первичное секвенирование

Secondary Sequencing: No Secondary methods used ← Вторичное секвенирование

Types of PCR primers: Allele specific ← типы праймеров для ПЦР

Please confirm that your novel allele has been sequenced in isolation from any second allele of the same locus in a heterozygous DNA sample and that this allele has not only been determined by Sequencing Based Typing (SBT).

Sequenced in isolation: Yes ← Подтверждение, что ваш новый аллель был секвенирован отдельно

Sequencing Direction: It is mandatory to sequence in both directions. If sequencing has been performed in only one direction, your submission will be held until such a time as the work is completed.
Both ← Подтверждение, что секвенирование было выполнено в обоих направлениях.

Confirmation Methods

<input type="checkbox"/> PCR-SSO	<input type="checkbox"/> PCR-SSP	<input type="checkbox"/> PCR-RFLP	
<input type="checkbox"/> Reverse-SSOP	<input type="checkbox"/> SBT	<input checked="" type="checkbox"/> NGS	<input type="checkbox"/> None

Other Comments i.e. analysis software,, phasing methods
Дополнительная информация

For submitted novel alleles we check that the sequence was fully phased using HLA twin and Alloseq algorithms.

Submit Clear Form

Рис. 29. Пример заполнения методов для подачи нового аллеля в базу данных IPD-IMGT/HLA

На финальном этапе появится страница с информацией, что процесс завершен, а также на указанную электронную почту придет уведомление от администрации о подтверждении регистрации в базе данных IMGT/HLA.

После проведения проверки зарегистрированной последовательности кураторами базы данных IPD-IMGT/HLA, на указанный e-mail придет письмо, содержащее официальное наименование, присвоенное последовательности (рис. 30).



saving the lives
of people with
blood cancer

Ms Anastasiia Ananeva
Institute of Fundamental Medicine and Biology
Kazan Federal University
Volkova 18
Kazan
Republic of Tatarsan 420012
Russia

30 November, 2021

Dear Ms Anastasiia Ananeva

Thank you for the communication regarding your new HLA sequence (submission number HWS10063717). The WHO Nomenclature Committee for factors of the HLA System has officially named your sequence:

A*26:220

This information will be included in the next full Nomenclature report and will also be listed in a monthly update on new sequences assigned which will be published in *HLA, Human Immunology* and the *International Journal of Immunogenetics*.

In the publication where this sequence first appears, it is suggested a sentence on the nomenclature should be added:

*The name A*26:220 has been officially assigned by the WHO Nomenclature Committee for Factors of the HLA System in November 2021. This follows the agreed policy that, subject to the conditions stated in the most recent Nomenclature Report (Marsh et al. 2010), names will be assigned to new sequences as they are identified. Lists of such new names will be published in the following WHO Nomenclature Report.*

Reference

Marsh SGE, Albert ED, Bodmer WF, Bontrop RE, Dupont B, Erlich HA, Fernández-Viña M, Geraghty DE, Holdsworth R, Hurley CK, Lau M, Lee KW, Mach B, Maiers M, Mayr WR, Müller CR, Parham P, Petersdorf EW, Sasazuki T, Strominger JL, Svejgaard A, Terasaki PI, Tiercy JM, Trowsdale J : Nomenclature for Factors of the HLA System, 2010. *Tissue Antigens* (2010) **75** 291-455

I would appreciate a copy of any paper describing your allele sequence, once it has been published.

Best wishes,

Professor Steven GE Marsh

Chairman, WHO Nomenclature Committee for Factors of the HLA System
Chief Bioinformatics & Immunogenetics Officer and Deputy Director of Research, Anthony Nolan Research Institute
Professor of Immunogenetics, UCL Cancer Institute

steven.marsh@ucl.ac.uk
Direct Line +44 20 7284 8321

ANTHONY NOLAN
Research Institute
The Royal Free Hospital
Pond Street
London NW3 2QG

anthonymolan.org
0303 303 0303
@anthonymolan
#anthonymolan



Anthony Nolan is a registered charity no 80376/SC038827 and registered as a limited company no 2179280 in England and Wales. Registered address: Royal Free Hospital, Pond Street, London NW3 2QG.

Рис. 30. Пример письма, содержащего официальные названия, присвоенные последовательностям, представленным в базу данных IPD-IMGT/HLA

ЛИТЕРАТУРА

1. Thorsby E. A short history of HLA. *Tissue Antigens*. 2009 Aug;74(2):101-16. doi: 10.1111/j.1399-0039.2009.01291.x. Epub 2009 Jun 11. PMID: 19523022.
2. Nomenclature for Factors of the HLA System [Электронный ресурс] // Anthony Nolan Research Institute. – Режим доступа: <http://hla.alleles.org/nomenclature/index.html>, свободный.
3. IPD-IMGT/HLA [Электронный ресурс] // EMBL-EBI, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Cambridgeshire. - Режим доступа: <https://www.ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/>, свободный.
4. EMBL [Электронный ресурс] // EMBL-EBI, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Cambridgeshire. - Режим доступа: <http://embl/Submission/index.html>, свободный.
5. GenBank [Электронный ресурс] // National Center for Biotechnology Information, U.S. National Library of Medicine. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/submit/>, свободный.
6. DDBJ [Электронный ресурс] // Research Organization of Information and Systems National Institute of Genetics, DNA Data Bank of Japan. - Режим доступа: <http://www.ddbj.nig.ac.jp/submission-e.html>, свободный.
7. IPD-IMGT/HLA. Submission [Электронный ресурс] // EMBL-EBI, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Cambridgeshire. - Режим доступа: <https://www.ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/submission/>, свободный.
8. GenBank [Электронный ресурс] // National Center for Biotechnology Information, U.S. National Library of Medicine. - Режим доступа: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>, свободный.
9. IPD-IMGT/HLA [Электронный ресурс] // EMBL-EBI, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Cambridgeshire. - Режим доступа: <https://www.ebi.ac.uk/ipd/imgt/hla/alignment/>, свободный.

Ананьева Анастасия Викторовна
Шагимарданова Елена Ильясовна

РЕГИСТРАЦИЯ НОВЫХ АЛЛЕЛЕЙ HLA

Учебно-методическое пособие

Типография «Юкард»
420100, Казань, Проспект Победы, 144а
Тел. +7 (843) 202 37 07
Печать цифровая. Бумага офсетная
Формат 60x90/16
Тираж 100 экз.
Заказ № 5185
Подписано в печать 05.04.2022