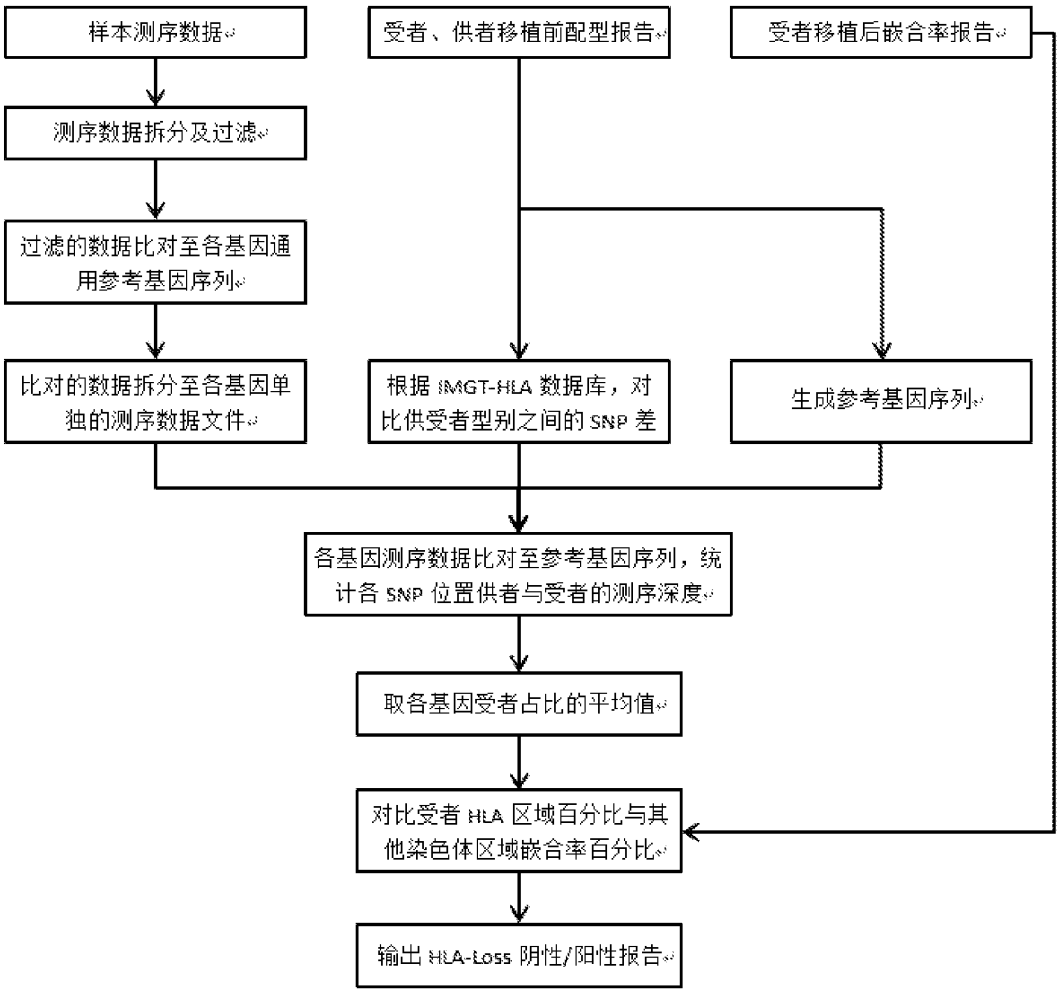
样本测序数据
受者、供者移植前配型报告
受者移植后嵌合率报告
测序数据拆分及过滤
过滤的数据比对至各基因通用参考基因序列
比对的数据拆分至各基因单独的测序数据文件
根据 IMGT-HLA 数据库，对比供受者型别之间的 SNP 差
生成参考基因序列
各基因测序数据比对至参考基因序列，统计各 SNP 位置供者与受者的测序深度
取各基因受者占比的平均值
对比受者 HLA 区域百分比与其他染色体区域嵌合率百分比
输出 HLA-Loss 阴性/阳性报告

图 1

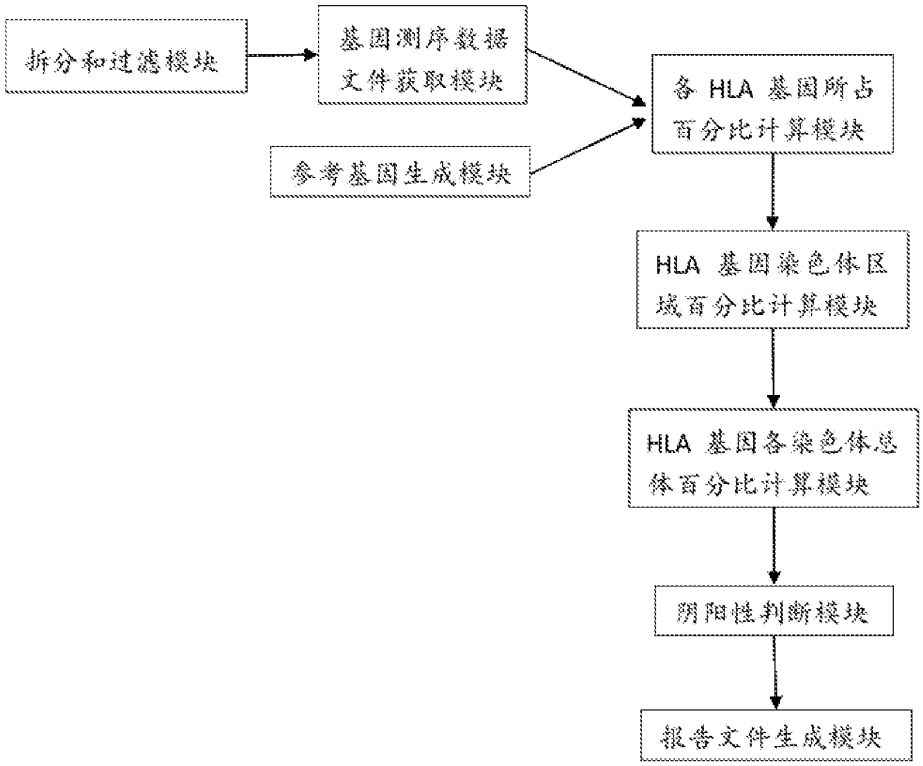
拆分和过滤模块
基因测序数据文件获取模块
参考基因生成模块
各 HLA 基因所占百分比计算模块
HLA 基因染色体区域百分比计算模块
HLA 基因各染色体总体百分比计算模块
阴阳性判断模块
报告文件生成模块

图 2

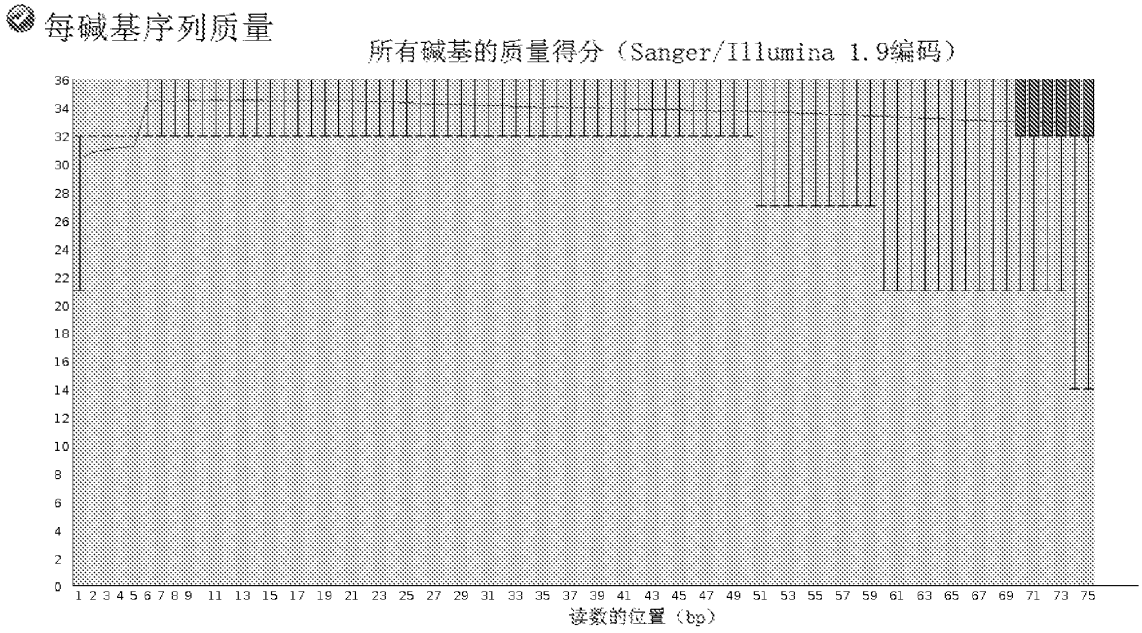
每碱基序列质量
所有碱基的质量得分（Sanger/Illumina 1.9编码）
读数的位置（bp）

图 3

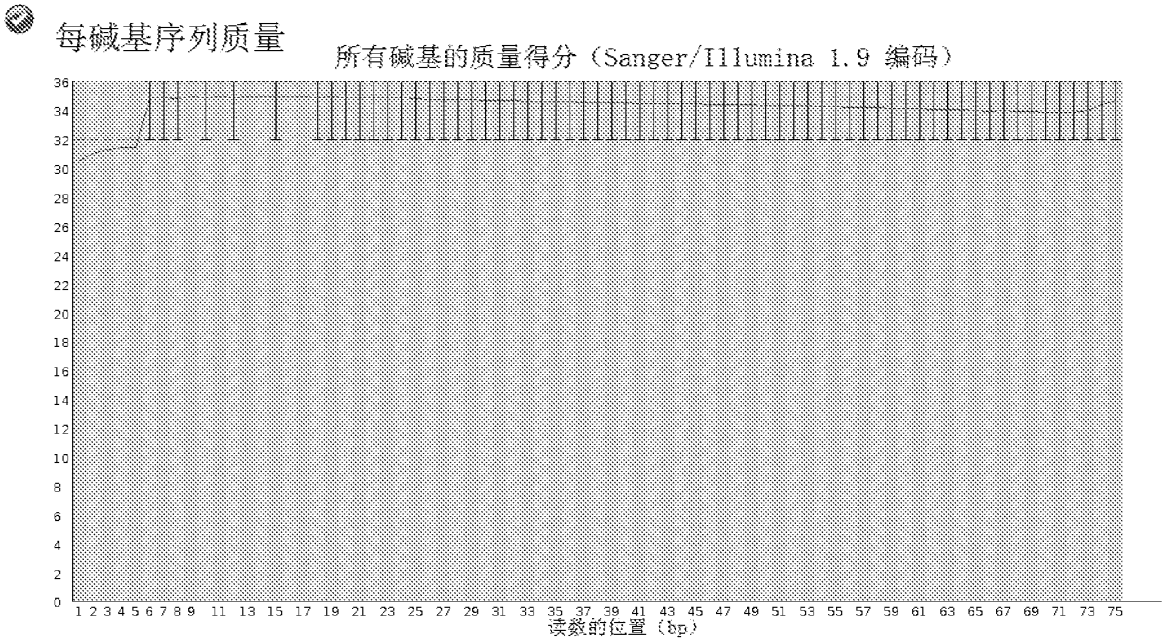
每碱基序列质量
所有碱基的质量得分（Sanger/Illumina 1.9 编码）
读数的位置（bp）

图 4

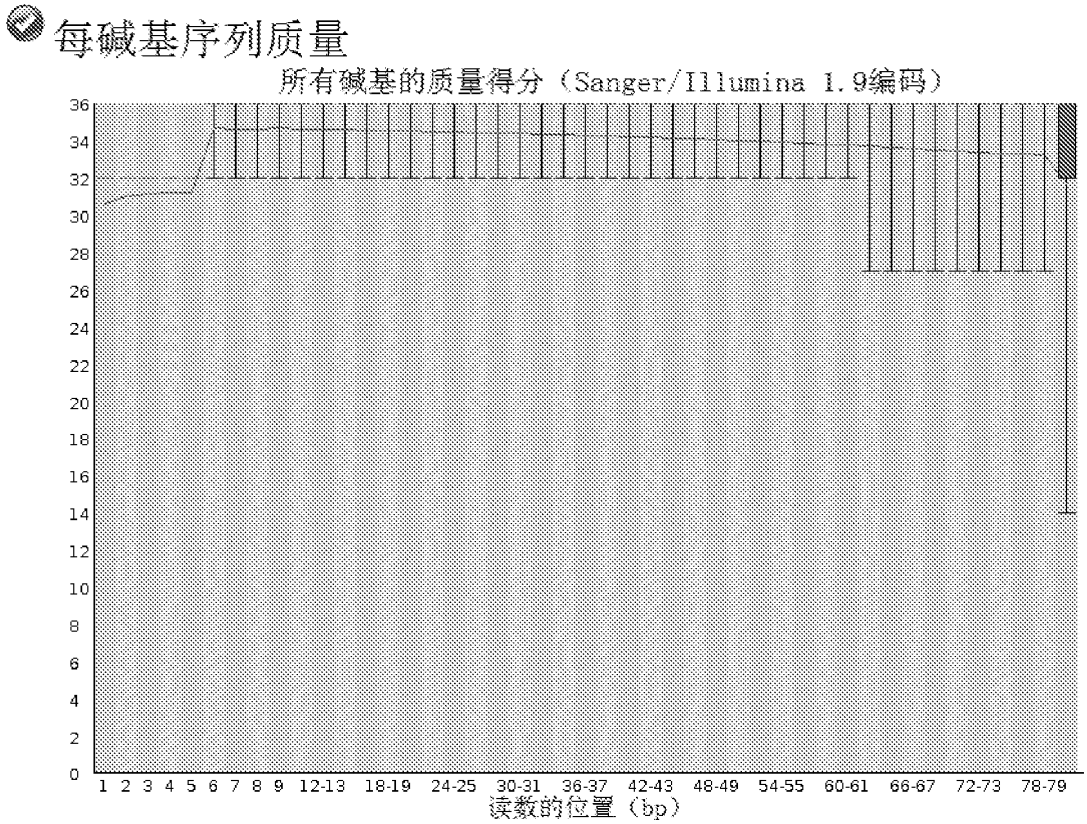
每碱基序列质量
所有碱基的质量得分（Sanger/Illumina 1.9编码）
读数的位置（bp）

图 5

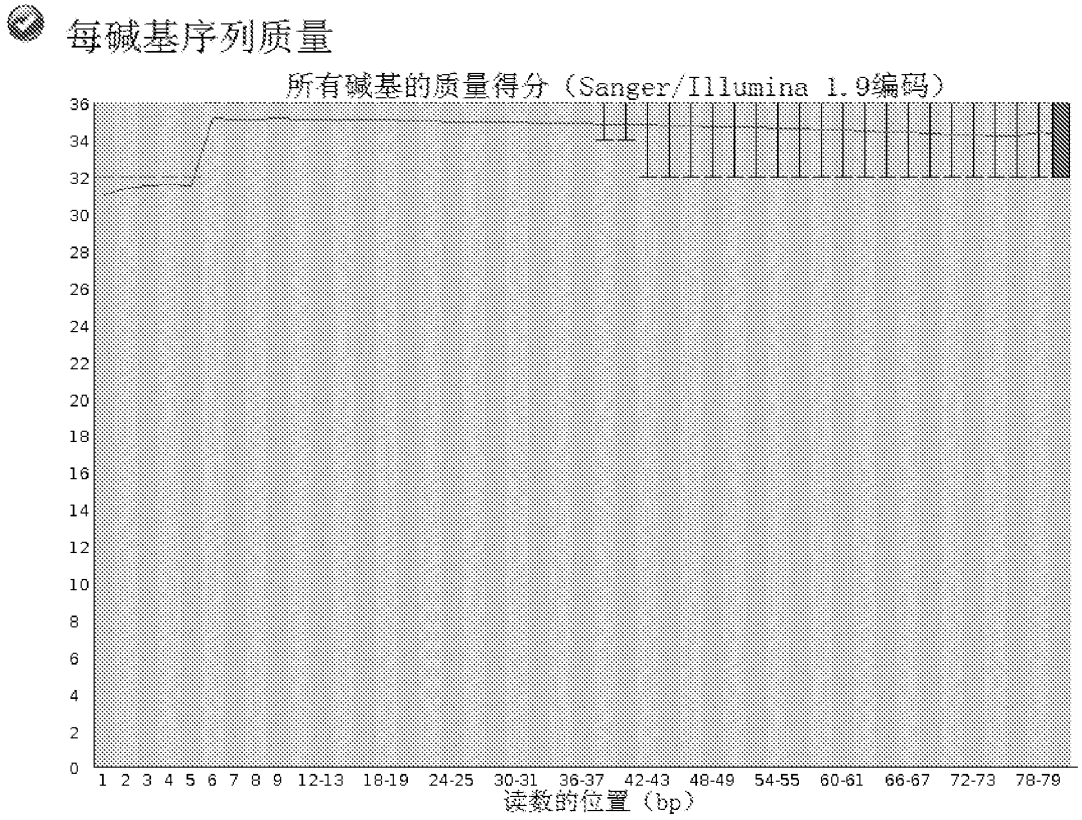
每碱基序列质量
所有碱基的质量得分（Sanger/Illumina 1.9编码）
36
34
32
30
28
26
24
22
20
18
16
14
12
10
8
6
4
2
0
1 2 3 4 5 6 7 8 9 12-13 18-19 24-25 30-31 36-37 42-43 48-49 54-55 60-61 66-67 72-73 78-79
读数的位置（bp）

图 6

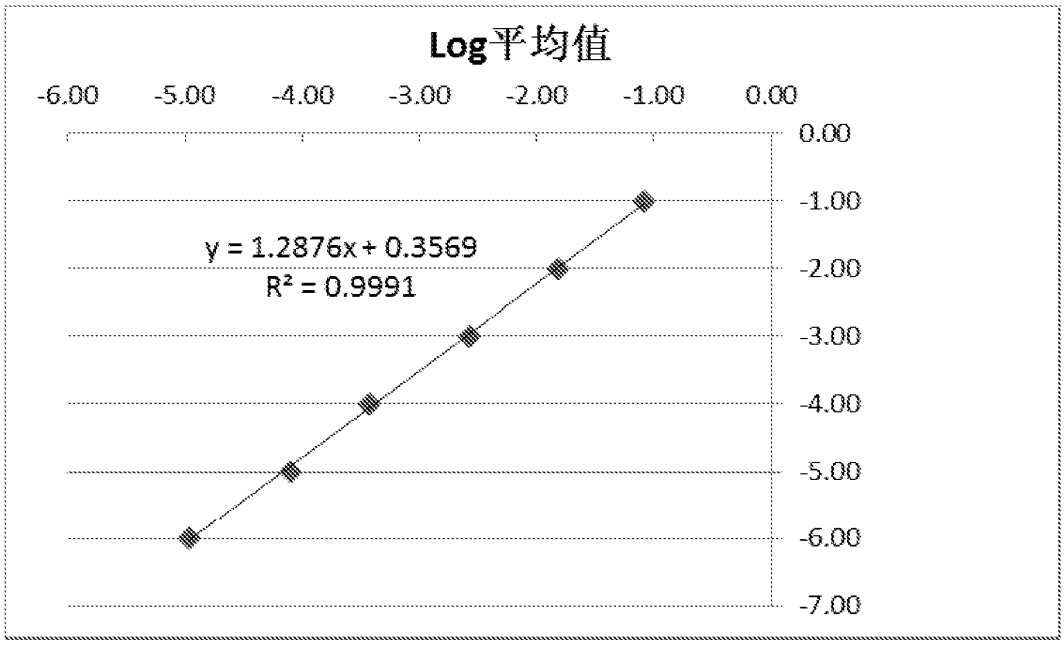
Log平均值
-6.00 -5.00 -4.00 -3.00 -2.00 -1.00 0.00
0.00
-1.00
-2.00
-3.00
-4.00
-5.00
-6.00
-7.00
y = 1.2876x + 0.3569
R² = 0.9991

图 7