

ネオアンチゲン候補ペプチドの配列とHLAへの結合親和性を予測 ネオアンチゲン予測解析



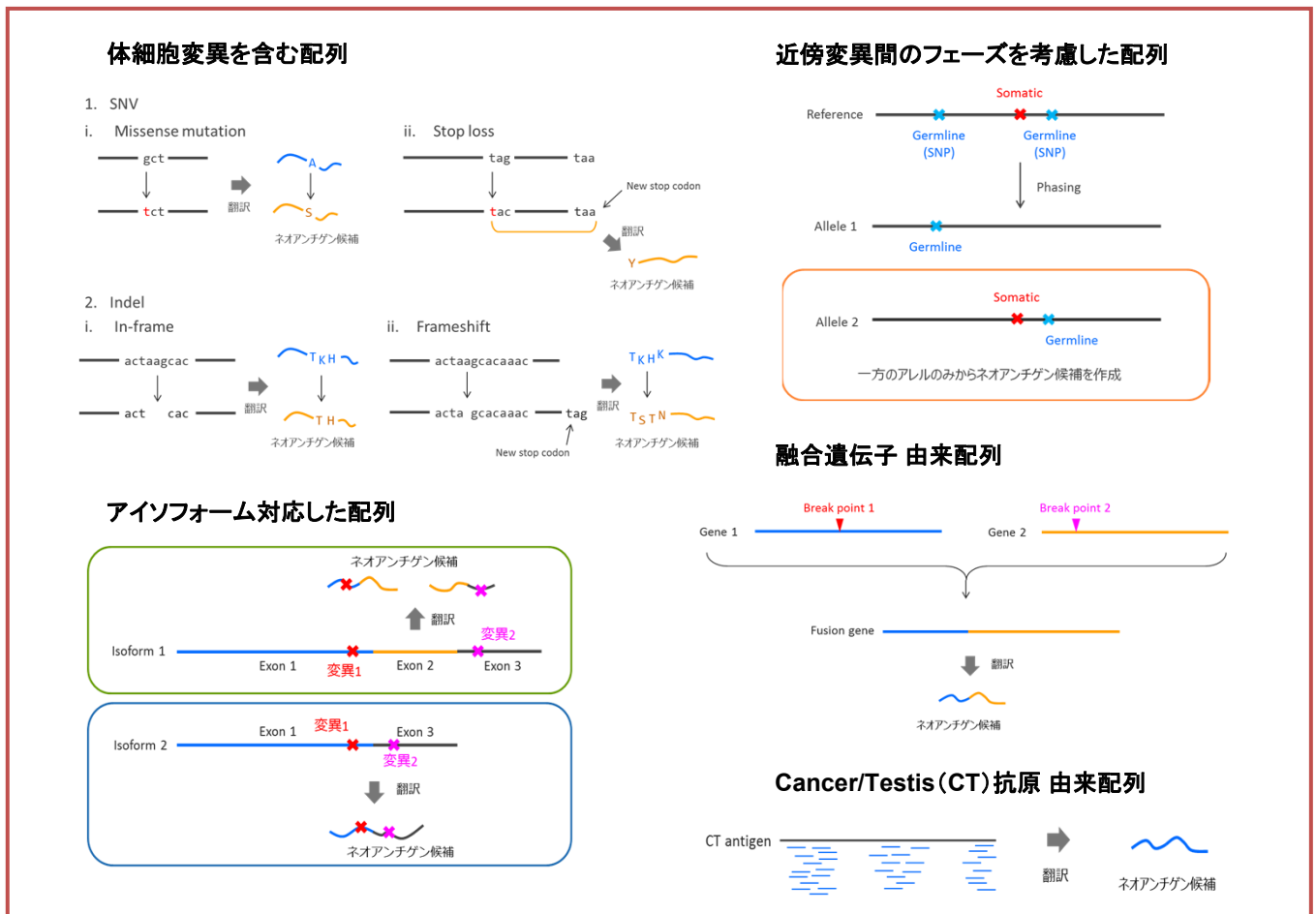
がん細胞特異的な遺伝子変異に由来する抗原は本来、正常細胞中に存在しないためネオアンチゲンと呼ばれ、これを標的としたがん免疫療法の開発が期待されています。タカラバイオでは、研究分野で培ってきた先端的な次世代シーケンサー解析の技術を活かし、がん細胞特異的な遺伝子変異情報にRNA発現量情報を組合わせたオミックス解析により、ネオアンチゲンのペプチド配列の予測を行います。

本解析は、東京大学医学部附属病院免疫細胞治療学講座 垣見和宏先生らの研究グループとの共同研究のもと開発されました。

全エクソンシーケンスまたは全ゲノムシーケンスおよびRNA-Seqデータから複合的に予測



■ ネオアンチゲン候補ペプチド配列



■ 受入データ

- fastq形式シーケンスデータ
- 全エクソーム解析データまたは全ゲノムシーケンス解析ペアエンドシーケンスされた正常検体および腫瘍検体のペアのシーケンスデータ
 - RNAシーケンス解析データペアエンドシーケンスされたシーケンスデータ

- シーケンスデータ量目安
- 正常検体の WES 平均50-100x
 - 腫瘍検体の WES 平均150x以上
 - 腫瘍検体の RNA-Seq 8,000万リード以上

ネオアンチゲン予測解析

■ 納品物

- 作業報告書
- ネオアンチゲン候補ペプチドリスト (Excel)
- マッピング結果 (BAM)
 - 正常検体 WES (またはWGS)
 - 腫瘍検体 WES (またはWGS)
 - 腫瘍検体RNA-Seq
- 変異検出結果 (VCF)
 - 生殖細胞変異
 - 体細胞変異
 - 体細胞変異と生殖細胞変異をマージしたVCF
 - 腫瘍検体CNV
- 遺伝子単位 & 転写産物単位 発現解析結果 (Excel)
- 融合遺伝子検出結果 (Excel)
- Purity推定結果 (Excel)
- HLAタイピング結果 (Excel)

← 遺伝子情報 ← トランスクリプト情報 ← ペプチド配列情報

J	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q
Type	Gene	Gene_ID	TPM_gene	Mutation_ID	Other_mutation	Flag_gene	Breakpoint_ID	Transcript_ID	Pept_tumor	Pept_start	Pept_length	Pept_tumor	Pept_normal	HLA_min	Kd_tumor	Kd_normal	
1	SNV	ANM1	ENS000000445	4643	ENS100004018		0		ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57	
2	OT	NLR2	ENS000000432	27556				ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		
3	SNV	BDPFR	ENS000000107	19508	0	ENS1000002166		0	ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57	
4	OT	PCPN	ENS000000095	37871				ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		
5	OT	MAGEA2	ENS000000134	37871				ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		
6	OT	NLR2	ENS000000432	27556				ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		
7	FG	CDC32	ENS000000286	8671				ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		
8	OT	MAGE2	ENS000000067	37871				ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		
9	OT	HEPL1	ENS000000181					ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		
10	FG	HEPL1	ENS000000181					ENSEMBL:ENST00000274	195	195	9	FLN1P1P1	HLA-A*02:01	5.81	5.57		

HLA型、MHC親和性

J	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH
Kd_ratio_min	HLA_1	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_1	HLA_2	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_2	HLA_3	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_3	HLA_4	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_4	HLA_5
1	0.99	HLA-A*02:01	5.81	5.57	0.99	HLA-A*02:01	622.02	624.93	0.87	HLA-B*07:02	1048.32	1141.79	1.09	HLA-E*03:01	1247.56	1341.84	0.94
2		HLA-A*02:01	5.66			HLA-A*02:01	2956.31			HLA-B*07:02	11559.43			HLA-E*03:01	10088.6		
3	1.07	HLA-A*02:01	5.89	6.4	1.07	HLA-A*02:01	9338.11	9777.6	1.05	HLA-B*07:02	12554.47	13037.79	1.04	HLA-E*03:01	12385.15	13827.35	1.12
4		HLA-A*02:01	6.01			HLA-A*02:01	10227.64			HLA-B*07:02	15455.2			HLA-E*03:01	15031.49		
5		HLA-A*02:01	6.03			HLA-A*02:01	389.94			HLA-B*07:02	3904.48			HLA-E*03:01	11558.82		
6		HLA-A*02:01	6.08			HLA-A*02:01	2539.49			HLA-B*07:02	11671.5			HLA-E*03:01	12578.36		
7		HLA-A*02:01	6.42			HLA-A*02:01	4225.29			HLA-B*07:02	8878.13			HLA-E*03:01	12065.79		
8		HLA-A*02:01	7.06			HLA-A*02:01	8516.64			HLA-B*07:02	10677.63			HLA-E*03:01	12932.49		
9		HLA-A*02:01	7.07			HLA-A*02:01	13363.54			HLA-B*07:02	17214.44			HLA-E*03:01	18397.67		

染色体上の変異位置やリード配列統計値など

J	AI	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY	AZ	BA	
HLA_5	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_5	HLA_6	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_6	Mutation_gene	Copy_number	COF	Depth_DNA	VAF_DNA	Depth_RNA	VAF_RNA	Breakpoint_name	Score_F1	IGV	IGV_2		
1	373.01	469.37	1.26	HLA-D*01:03	461.81	580.09	1.26	chr2:24529121	2	1	275	0.42	7	0					link	
2	136.44			HLA-D*02:02	115.69															link
3	518.84	1139.49	2.2	HLA-D*01:03	342.65	753.47	2.2	chr4:96294209	1	0.73	308	0.39	0	0					link	
4	995.02			HLA-D*01:03	690.41															link
5	247.78			HLA-D*01:03	314.84															link
6	4205			HLA-D*01:03	502.75															link
7	253.06			HLA-D*01:03	190.8															link
8	384.15			HLA-D*01:03	353.23															link
9	6518.12			HLA-D*01:03	5982.86															link
10																				link

ネオアンチゲン候補ペプチドリスト (Excel)

■ 価格・納期

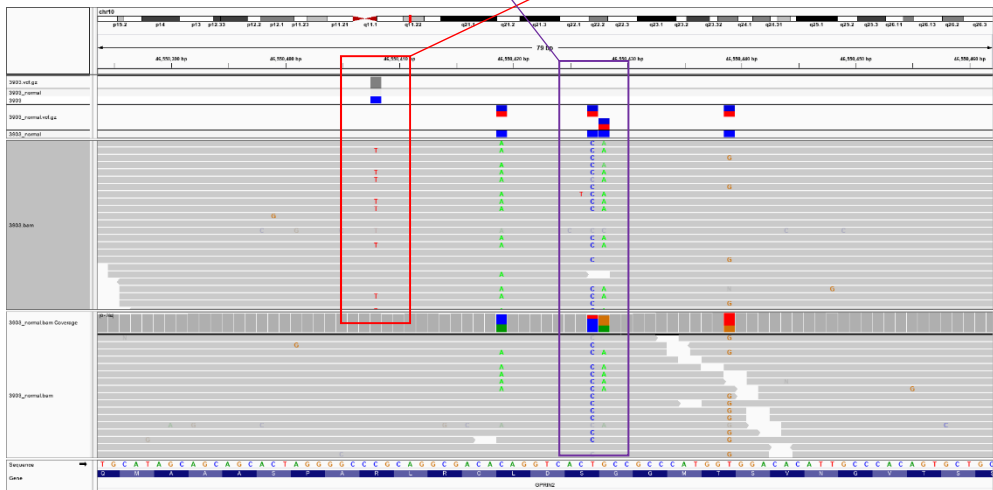
症例数やデータ種類により異なりますのでお問い合わせください。
 【例】3症例のWESおよびRNA-Seqデータの解析 30万円 (税別) 3週間

■ ペプチド予測結果: 文献データとの比較 Gros et al. Nat. Med. 2016; 22: 433-438.

患者ID: 3903
 変異: GPRIN2 R110Q

手法	ペプチド配列
Gros et al.	VSTMGGSDLCRLQAPSAAAMQRSHS
タカラバイオ	VGNVSTMGGGDLCLRLQAPSAAAMQRSHSDLV

近傍のSNPを含めた配列を予測できる



ご興味をお持ちの方は、弊社ウェブサイトのお問い合わせフォームからご連絡ください。
<https://www.takara-bio.co.jp/research/support/jutaku/index.php>

*本チラシに記載された社名および製品名は、特に記載がなくても各社の商標または登録商標です。
 *本チラシ記載の価格は2020年12月1日現在の参考価格です。価格に消費税は含まれておりません。

2020年12月作成N

タカラバイオ株式会社

取扱店

■ 受託サービスに関するお問い合わせ
 滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058
 TEL 077-565-6999

Website <https://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>