

# 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



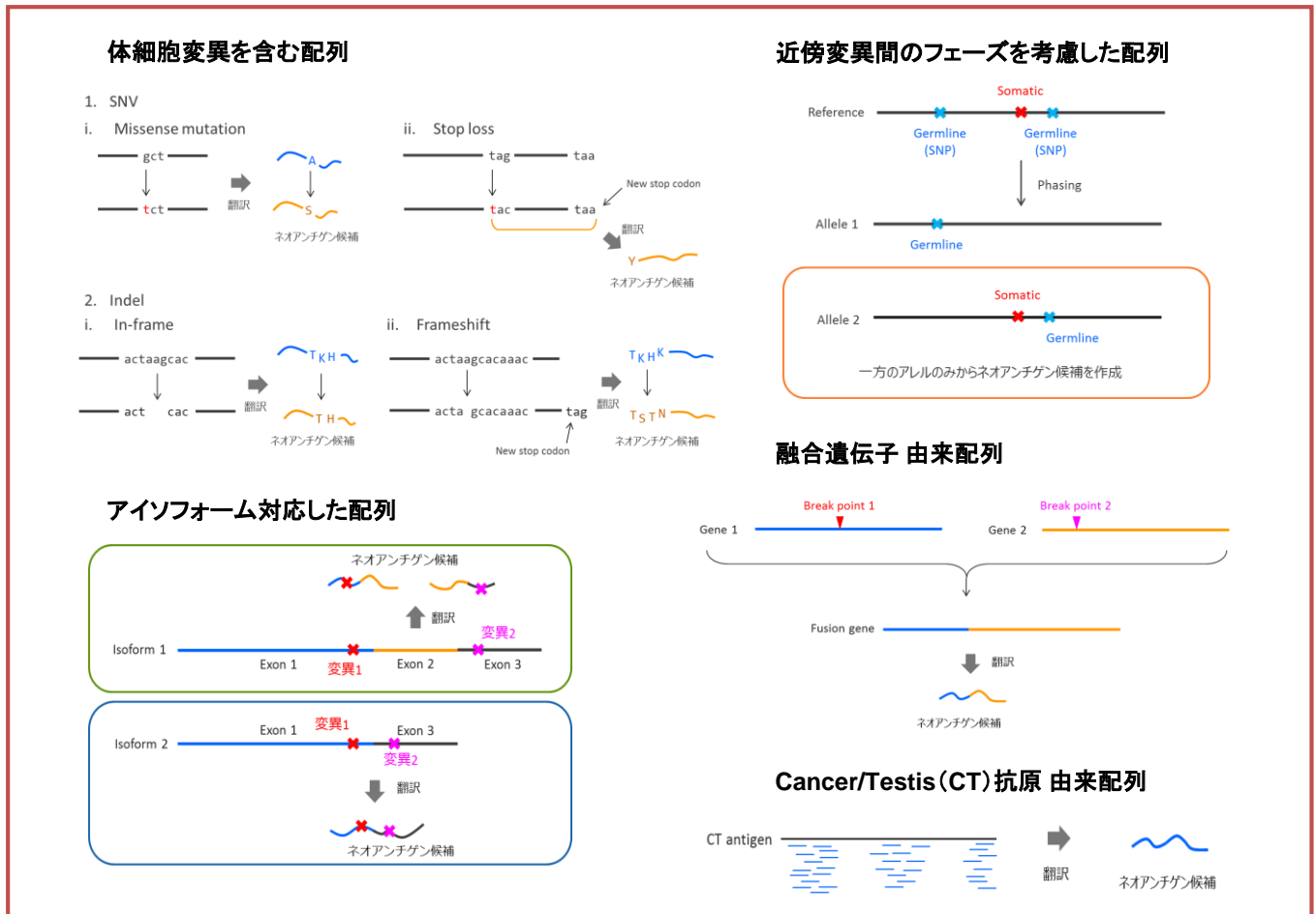
がん細胞特異的な遺伝子変異に由来する抗原は本来、正常細胞中に存在しないためネオアンチゲンと呼ばれ、これを標的としたがん免疫療法の開発が期待されています。タカラバイオでは、研究分野で培ってきた先端的な次世代シーケンサー解析の技術を活かし、がん細胞特異的な遺伝子変異情報にRNA発現量情報を組合わせたオミックス解析により、ネオアンチゲンのペプチド配列の予測を行います。

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

Type	Gene	Gene_ID	TPM_gene	Mutation_CD	Other_mutatis	Flag_gene	Breakpoint_DS	Transcript_ID	Pept_tumor_b	Pept_start	Pept_length	Pept_tumor	Pept_normal	HLA_min	Kd_tumor	Kd_normal
SNV	ANKRD1	ENS000000445	4.643	ENST000004018			0		FRKELDARITFLA284_195_195	95	9	FRKELDARITFLA284_195_195	FRKELDARITFLA284_195_195	HLA-A*02:01	5.61	5.57
OT	NUP2	ENS000000432	27.556				0	ENST00000271488ALQITVIG181	65	9	YMSYFNSREY	YMSYFNSREY	HLA-A*02:01	5.66		
SNV	BORHR1	ENS000000107	0	ENST000002166			0	ZMYVYDGLDIPFPI73_173_173	173	9	PLGSGIGATP	PLGSGIGATP	HLA-A*02:01	5.99	6.4	
OT	RORP4	ENS000000052	19.536					ENST000004568DMGSPRPF2	163	9	PTTETLEATP	PTTETLEATP	HLA-A*02:01	6.01		
OT	MAGEA2	ENS000000134	37.971					ENST000005787FFDSEFQV2	112	9	FRKELDFRLP	FRKELDFRLP	HLA-A*02:01	6.08		
OT	NUP2	ENS000000432	27.556					ENST00000271488ADLCPFAE5	120	9	FRKELINFI	FRKELINFI	HLA-A*02:01	6.08		
FG	CDC32-CBIC	ENS000000126					ENST000005903	HMFRSADQPA377_77_77	77	9	YLAASVIAL	YLAASVIAL	HLA-A*02:01	6.42		
OT	MAGE2	ENS000000067	86.71					ENST000002474PPASRHSRIF9	317	9	FRKESRNTY	FRKESRNTY	HLA-A*02:01	7.06		
FG	HEPHE1-PANX	ENS000000181					ENST000003957	HMFRSADQPA377_416_416	416	9	FLAKFILA	FLAKFILA	HLA-A*02:01	7.07		

HLA型、MHC親和性

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	AH
0.99	HLA-A*02:01	5.61	5.57	0.99	HLA-A*02:01	6.02	6.04	0.99	HLA-B*07:02	10432.2	11413.79	0.91	HLA-E*03:01	12427.56	12414.64	0.94	
3	HLA-A*02:01	5.66			HLA-A*02:01	2956.31			HLA-B*07:02	11359.43			HLA-E*03:01	10089.6			
1.07	HLA-A*02:01	5.99	6.4	1.07	HLA-A*02:01	9338.11	9777.6	1.05	HLA-B*07:02	12554.47	13037.79	0.96	HLA-E*03:01	12385.15	12627.35	1.12	
5	HLA-A*02:01	6.01			HLA-A*02:01	10227.64			HLA-B*07:02	15455.2			HLA-E*03:01	13539.49			
6	HLA-A*02:01	6.03			HLA-A*02:01	389.94			HLA-B*07:02	3404.48			HLA-E*03:01	11559.83			
7	HLA-A*02:01	6.08			HLA-A*02:01	2524.49			HLA-B*07:02	11671.5			HLA-E*03:01	12579.36			
8	HLA-A*02:01	6.42			HLA-A*02:01	4225.29			HLA-B*07:02	8878.13			HLA-E*03:01	12065.79			
9	HLA-A*02:01	7.06			HLA-A*02:01	8516.64			HLA-B*07:02	10677.83			HLA-E*03:01	12382.49			
10	HLA-A*02:01	7.07			HLA-A*02:01	13363.54			HLA-B*07:02	17214.44			HLA-E*03:01	13897.67			

染色体上の変異位置やリード配列統計値など

HLA_5	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_5	HLA_6	Kd_tumor	Kd_normal	Kd_ratio_6	Mutation_gene	Copy_number	ODF	Depth_DNA	VAF_DNA	Depth_RNA	VAF_RNA	Breakpoint_name	Score_F1	IGV_1	IGV_2
HLA-A*02:01	373.01	469.37	1.26	HLA-D*01:03	461.81	580.09	1.26	chr2:245229121	2	1	275	0.42	7	0			link	
HLA-A*02:01	136.44			HLA-D*01:03	115.89												link	
HLA-A*02:01	518.64	1139.49	2.2	HLA-D*01:03	342.65	753.47	2.2	chr1:486294209	1	0.73	308	0.39	0	0			link	
HLA-A*02:01	895.02			HLA-D*01:03	680.41												link	
HLA-A*02:01	247.78			HLA-D*01:03	314.84												link	
HLA-A*02:01	4205			HLA-D*01:03	502.75												link	
HLA-A*02:01	253.06			HLA-D*01:03	190.8										chr15:40261981	2	link	
HLA-A*02:01	284.15			HLA-D*01:03	353.23												link	
HLA-A*02:01	6518.12			HLA-D*01:03	5982.86										chr1:84967750	3	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。

## ■ ペプチド予測結果: 文献データとの比較

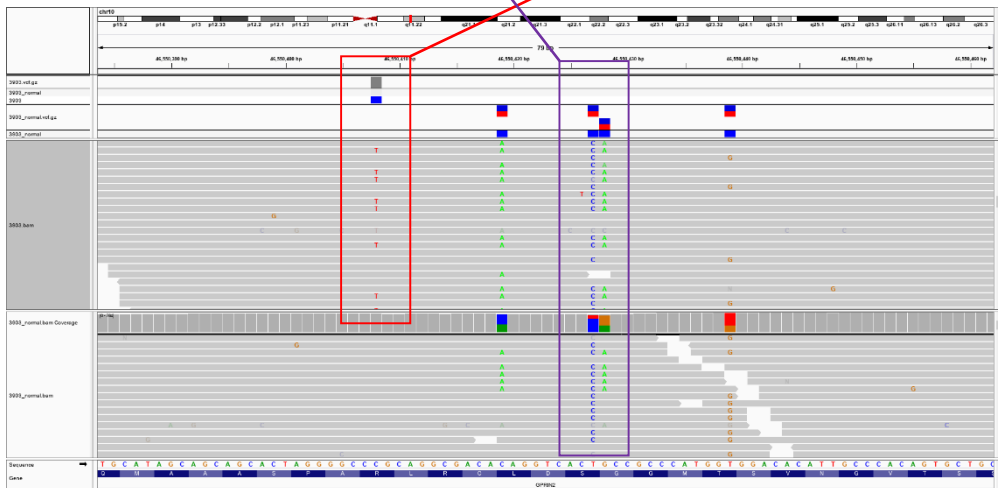
Gros et al. Nat. Med. 2016; 22: 433-438.

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	VGNVSTMGG <sup>G</sup> DLCLRLQAPSAAAMQRS <sup>D</sup> SLV

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/>

\*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。

2024年3月作成N

## タカラバイオ株式会社

■ 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/>

取扱店