

高感度かつ低バイアスな高品質データを提供いたします！

TCR／BCRレパトア解析

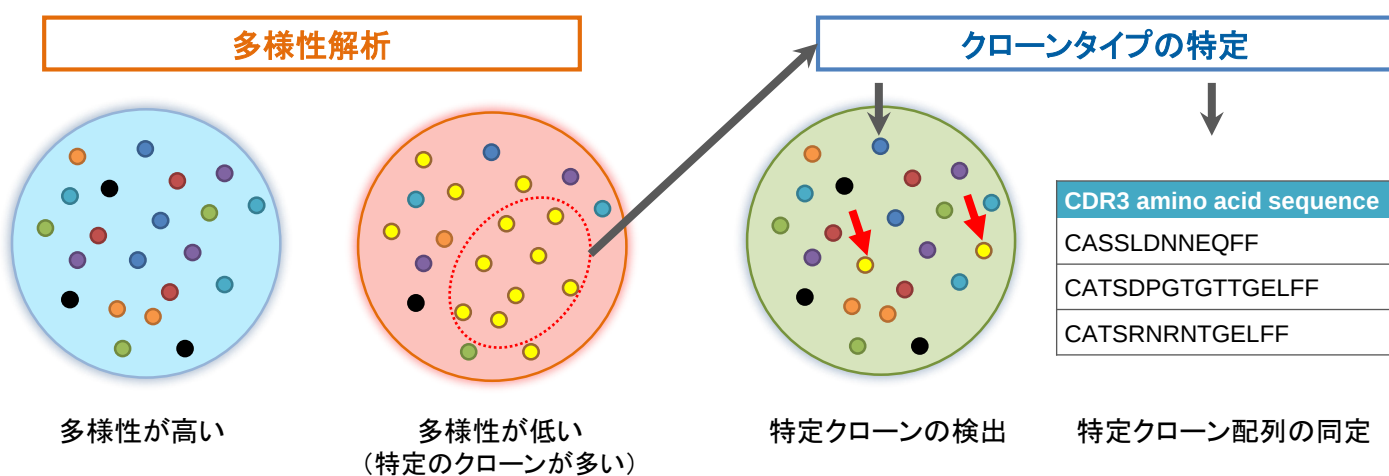
- ✓ 低バイアスな遺伝子増幅法を用いた解析
- ✓ ヒト・マウス・ラットの複数遺伝子のレパトア解析が可能
- ✓ 検体ごとのクローン比較に加えて多様な情報解析が可能



■ 受託解析の流れ

RNA抽出～核酸品質検定	T細胞/B細胞を含む検体からRNA抽出を行い、品質検定を実施
TCR／BCR領域増幅	CDR3可変領域全体と3'側の定常領域の一部を低バイアスに増幅
シーケンス	NextSeq 2000（イルミナ社）によるシーケンス解析
V(D)Jセグメント同定 クローナリティ解析	アライメントおよびV(D)Jセグメント同定 CDR3配列ごとのクローンタイプの解析
解析結果生成	統計処理ならびに結果データの可視化 レパトア多様性の解析結果ならびに各種グラフの生成

■ TCR／BCRレパトア解析の応用例



期待されるアプリケーション

【悪性リンパ腫・白血病、がん免疫研究】

- ・腫瘍を認識するTCR／BCRをクローンレベルで決定
- ・微小残存病変(MRD)を認識するT細胞、B細胞の検出

【感染症】

- ・ウイルス特異的またはウイルス抗原特異的TCRの同定
- ・同定したTCR配列によるウイルスの高感度検出
- ・ウイルス抗原特異的抗体遺伝子の同定

【治療薬の評価】

- ・腫瘍浸潤T細胞のレパトア解析による治療薬の有効性評価
- ・ワクチン、免疫細胞療法の有用性の評価、開発

【TCR遺伝子治療法の開発】

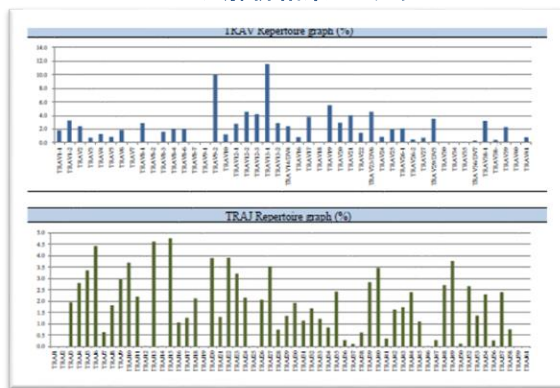
- ・腫瘍特異的TCR遺伝子の同定
- ・有用なCAR-T作製のための抗体遺伝子の探索

【診断マーカーの探索】

- ・レパトア解析を用いた新たな高感度診断ツールの開発

■ 情報解析例

レパトア解析結果 2Dグラフ



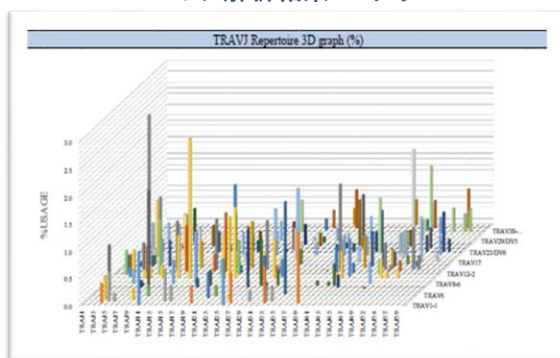
V遺伝子、J遺伝子の使用頻度を集計したグラフ。
横軸に遺伝子名、縦軸に使用頻度を表示

ユニークリードランキング

TRA Ranking Top1-50					
Rank	TRAV	TRAJ	CDR3	Reads	%Reads
1	TRAV1-1	TRAJ6	CAAPSSGGGYPTF	307,281	2.13
2	TRAV19	TRAJ32	CATPGTSYGKLT	217,924	1.80
3	TRAV8-1	TRAJ10	CAVKGSGGGNKLTF	200,436	1.61
4	TRAV9-2	TRAJ15	CALSNQAGTALF	192,212	1.58
5	TRAV6	TRAJ35	CALAPGPGNVLC	185,040	1.53
6	TRAV12-2	TRAJ22	CAVKGSGGGNKLTF	176,716	1.46
7	TRAV13-1	TRAJ8	CAALTGPKLVF	141,947	1.17
8	TRAV1-2	TRAJ39	CAVSPDAGNKLTF	139,501	1.15
9	TRAV38-1	TRAJ40	CAPMEQNTGNQPYF	133,420	1.10
10	TRAV13-1	TRAJ40	CAAQGGGTYKVF	131,388	1.08
11	TRAV8-3	TRAJ27	CAVPERNAGKSTF	115,266	0.95
12	TRAV20	TRAJ5	CAADTGKALTF	111,789	0.92
13	TRAV22	TRAJ44	SYTGAKSLTF	111,637	0.92
14	TRAV12-1	TRAJ9	CVVHTGGFRTF	110,911	0.91
15	TRAV1-1	TRAJ13	CAVPSGGYKVF	109,825	0.91
16	TRAV25	TRAJ40	CAGQTSSTGYKVF	106,576	0.88
17	TRAV1-1	TRAJ11	CAVSGGYSTLTF	105,733	0.87
18	TRAV29-DV3	TRAJ27	CAAPLNAGKSTF	102,720	0.85
19	TRAV8-6	TRAJ17	CAVSDGWNMAAGNKLTF	101,579	0.84
20	TRAV12-3	TRAJ20	CAMGNSDYKLSF	100,647	0.83

V-J-CDR3 アミノ酸配列が同一のInframe readを集計し、ユニークリードの使用頻度を表示。左から「ランキング」、「V遺伝子」、「J遺伝子」、「CDR3アミノ酸配列」、「該当するInframe read数」、「Inframe read中の使用頻度(%)」を表示

レパトア解析結果 3Dグラフ



V遺伝子、J遺伝子の使用頻度を集計したグラフで、2Dグラフとは異なり、V-J遺伝子の組み合わせが一致するリードを積み重ねたグラフ。
横軸にJ遺伝子、奥行にV遺伝子、縦軸に頻度を表示

■ 解析仕様

供与検体	total RNA (PBMC/T細胞/B細胞由来)、total RNA (全血/組織由来)、組織、血液、単離細胞 (PBMC、培養細胞、ソート細胞)
生物種	ヒト、マウス、ラット ※ラットはBCR解析のみ
シーケンスデータ量	200,000~400,000リード/検体(1遺伝子)
価格・納期	ご依頼内容によって変わります。 お問い合わせください。
納品物	- 作業報告書 - シーケンスデータ (fastq) - 解析データシート (検体ごとの検出クローンの情報のサマリー)、検体間比較 (シーケンス情報、多様性指数、ユニークリードの共通性)

■ 解析対象遺伝子

生物種	解析対象遺伝子
ヒト	TCR: α , β , γ , δ BCR: IgM, IgG, IgA, IgD, IgE, IgL, IgK
マウス	TCR: α , β BCR: IgM, IgG, IgA, IgD, IgE, IgL, IgK
ラット	BCR: IgG, IgL, IgK

・ライセンスなどに関する最新の情報は弊社ウェブサイトをご覧ください。

・本チラシに記載されている会社名および商品名などは、各社の商号、または登録済みもしくは未登録の商標であり、これらは各所有者に帰属します。 2025年8月作成G

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