

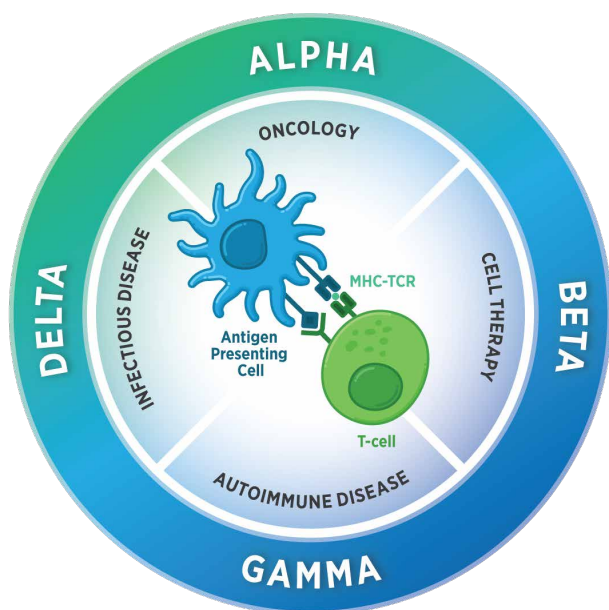


nCounter® TCR Diversity Panel

遺伝子発現パネル

バイオマーカー開発・免疫プロファイリング・スクリーニング

酵素ステップやシーケンスを行うことなく、がん、感染症、自己免疫、移植臓器に反応する受容体の可変性領域を直接検出する新規アッセイを用いて、T細胞受容体（TCR）可変領域の使用状況とTCR多様性の変化を迅速に特定します。最短のハンズオンタイムで、 α 、 β 、 γ 、 δ の可変領域および定常領域の存在量をオーバーナイトでプロファイルし、各サンプルに対する多様性スコアを含む自動レポートを数分で受け取ることができます。



Product Highlights

- 129 のヒト遺伝子を直接プロファイル。T細胞受容体可変領域および定常領域、その他のT細胞マーカーである以下を含みます。
 - α 、 β 、 γ 、 δ の可変領域
 - 定常領域
 - CD3/CD4/CD8
- 疾患または治療法にตอบสนองする TCR 多様性における変化を測定
- 効率化されたワークフローで TCR 多様性と T細胞表現型を同時に測定
- 各サンプルに対する TCR 多様性スコアを含むレポートを数分で取得可能
- 最大 55 遺伝子の Panel Plus によるカスタマイズができ、詳細な T細胞生物学のコンテンツの追加が可能

特長	製品説明
ターゲット数	129 (ヒト)、10の内在性リファレンス遺伝子を含む
サンプルインプット量：標準（増幅不要）	150～500 ng*
サンプルタイプ	培養細胞/細胞溶解液、ソートした細胞、FFPE由来RNA、トータルRNA、断片化RNA、PBMC、全血/血漿
カスタマイズ可能	Panel-Plusによる最大55の独自の遺伝子の追加が可能、または最大10のカスタムタンパク質ターゲットの追加が可能
結果取得までの時間	約24時間
データ解析	nSolver™ 解析ソフトウェアおよびROSALIND® プラットフォーム

*ユーザーがサンプルに存在すると思われるT細胞の予測画分を検討し、インプット量をその都度調節する必要があります。

T細胞がより豊富なPBMC またはソートしたT細胞の場合、150 ng以上が推奨されます。サンプル量に制限がなければ、300 ngがインプット量に最も適しています。

T細胞画分が通常、50%を下回る固形組織または非免疫組織の場合、500 ng以上が推奨されます。

免疫特権組織または免疫的難治性がん組織の場合、最適化が常に推奨されます。これらの組織例には、膠芽細胞腫、乳癌組織などがあり、これらのサンプルではT細胞画分が少ない低い可能性があります。

カートリッジ内のプローブ許容量が飽和状態に達する前に、TRBC1/2プローブによって2,500カウントに達する際の許容可能なアッセイ条件を用い、TRBC1/2プローブに応じて調整することで、インプット材料を最適化できます。

本パネルのインプット量は、カートリッジが飽和することなく最小量から大幅に増やせますが、インプット量が多い場合でも可能です。インプット量およびアッセイ最適化に関するご質問は、NanoStringフィールドアプリケーションサイエンティストにご相談ください。

対応可能な領域

T 細胞受容体 (TCR) の多様な集団は、健康で問題のない獲得免疫系の特徴です。一方で、TCR 可変領域の再構成パターンは病原体、がんまたは移植臓器などの状況に応じて変化します。TCR 多様性における変化は、疾患発症および疾患進行、治療に対する奏効または非奏効、あるいは疾患回復の指標になります。TCR Diversity Panel は、がん、感染症、自己免疫疾患および臓器移植に対するバイオマーカー開発、免疫プロファイリングおよび細胞スクリーニングにおいて幅広い適用性を備えています。

	バイオマーカー開発	免疫プロファイリング	細胞スクリーニング
TCR Diversity Panelが対応可能な課題	- TCR可変領域の再構成パターンは、疾患重症度や疾患進行とどの程度相関しているのか？ - 治療に対する奏効例と非奏効例を比較した場合、TCR可変領域の再構成パターンにおいてどのような差があるのか？	- 疾患への応答や回復に関与する、TCRレベルでの獲得免疫応答はどのようなものか？ - 治療前後でTCR多様性はどのように変化するか？ - どのTCR可変領域が使用されており、変化が生じているのか？ - 細胞療法による治療前後でTCR多様性はどのように変化するか？ - ワクチン接種後または疾患回復後、TCR集団のパターンはどのように変化するか？	- どの細胞集団がディープシーケンスに値する新規TCRフィンガープリントを有しているか？ - どのサンプルが細胞療法のための開始点として望ましいTCR集団を含んでいるか？

パネルの内容

ヒトには α 、 β 、 γ および δ の4種類のT細胞受容体遺伝子座位があります。TCR Diversity Panel は、各遺伝子座内の機能的な可変セグメントおよび定常セグメントすべてを対象としています。さらに、主要なT細胞マーカーを対象とし、表現型、活性状態、さらにNK細胞の主要マーカーを特定します。

鎖のタイプ	定常部	可変部
Alpha	TRAC	TRAV_ 45 probes, 46 genes TRAV8-2 and 8-4 covered by 1 probe
Beta	TRBC1/2	TRBV_ 46 probes, 48 genes TRBV6-3 and 6-2 covered by 1 probe TRBV12-4 and 12-3 covered by 1 probe
Gamma	TRGC1, TRGC2	TRGV_ 5 probes, 6 genes TRGV3 and 5 covered by 1 probe
Delta	TRDC	TRDV_ 3 probes, 3 genes
免疫細胞マーカー		
CD3D/E/G, CD4, CD8A/B, PTPRC (CD45), CD45RO, CD45RA, SELL (CD62L), CCR7, CD28, CD40LG, IL2RA (CD25), NCR1 (NKp46)		

ROSALIND® プラットフォーム

ROSALIND® は、バイオインフォマティクスまたはプログラミングスキルが不要なクラウドベースのプラットフォームであり、差別的な遺伝子発現データの解析と解釈を行います。以下のガイドモジュールを用いて nCounter® のデータ解析を簡単に行えます。

- ・ ノーマライゼーション
- ・ 品質管理
- ・ 個別のパスウェイ解析
- ・ 差次的発現
- ・ 遺伝子セット解析



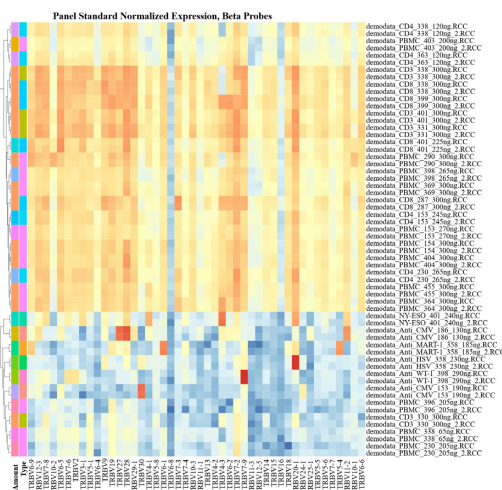
nCounter® をご使用のお客様は、www.rosalind.bio/nanostring から ROSALIND® にアクセスいただけます

TCR多様性レポート

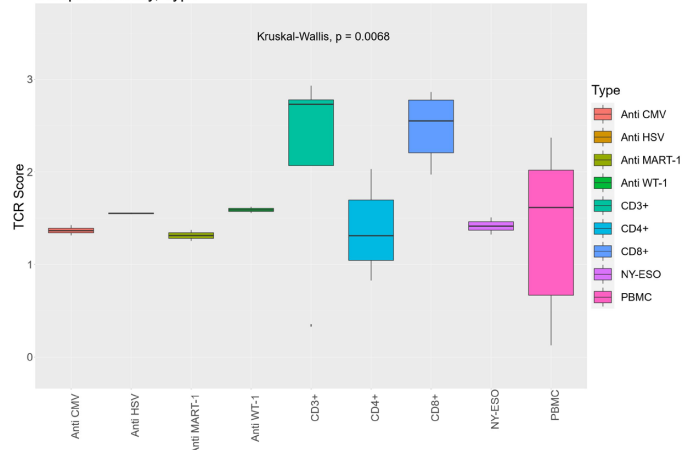
TCR 多様性レポートは、ROSALIND® 内で使用するために個別に購入する必要があります。このレポートでは、T 細胞受容体の可変領域 (α 、 β 、 γ 、 δ) の発現について評価されています。可変領域は全体的な発現（バックグラウンド以上または以下）に対して評価され、パネルスタンダードにノーマライズされます。これにより、これらの可変領域のより正確な定量が可能になります。TCR 多様性の推定値が算出され、指定したグループピング変数との関連を示します。TCR スコアにより、サンプル内の T 細胞受容体 β 可変領域の多様性が算出されます。このスコアは、ある集団内の種の多様性の数学的尺度である、Shannon 多様性指数計算に基づいています。この生態学的な計算により、特定のサンプル内と特定のデータセット内の T 細胞受容体集団内に存在する可変領域の存在量と均一性が説明されます。与えられたスコアはデータセット内の相対値となります。高い TCR スコアは可変領域のより多様性のある集団、すなわちクローン性の低い集団であることを意味し、低い TCR スコアは多様性が低い、すなわちよりクローン性の高い集団であることを意味します。実際のクローン性は、T 細胞受容体の全シーケンスによってのみ特定できますが、クローン性の推測は TCR β 可変領域の多様性を測定することで可能です。

このレポートには以下の 3 種類のタブがあります。

概要	ヒートマップ	TCR スコア
バックグラウンドを超えて検出されたプローブ数、可変領域別の分類、解析用に選択したグループピング変数に対するプロット。レポートおよび表に表示された関連するアッセイQC情報の説明。	バックグラウンドを超えて検出されたプローブのヒートマップ、および可変領域別に分類した、パネルスタンダードにノーマライズされたヒートマップ。	各サンプルに対する TCR スコアはさまざまな方法で表示され、その解析内のグループピング変数の種類に応じて異なります。



Sample Diversity, Type



ご注文情報

遺伝子発現パネルは到着後すぐに使用できます。

製品	製品説明	数量	カタログ番号
nCounter® Human TCR Diversity Panel	129遺伝子とデータノーマライゼーション用に10の内在性リファレンス遺伝子を含みます。	12 Reactions	XT-CSO-HTCR 1-12
nCounter® Human TCR Diversity Panel Standard	このStandardには合成DNAオリゴヌクレオチドプールが含まれます。これは本パネル内の119の固有のプローブターゲットのそれぞれのターゲット配列に一致します。	12 Reactions	PSTG-H-TCRDIV-12
nCounter® Master Kit (Max or FLEX Systems) Reagents and Cartridges	nCounter MAX SystemおよびFLEX Systemでのサンプル処理に必要な試薬、カートリッジ、消耗品	12 Reactions	NAA-AKIT-012
nCounter® SPRINT Cartridge 1 Cartridge, 12 lanes	nCounter® SPRINT System用のサンプルカートリッジ	12 Reactions	SPRINT-CAR-1.0
nCounter® SPRINT Reagent Pack	nCounter® SPRINT Reagent Packには試薬A、B、Cおよびハイブリダイゼーションバッファーが含まれています。	192 Reactions	SPRINT-REAG-KIT

Selected Panel References

1. Jost L. Entropy and diversity. *Oikos*. 2006;113(2): 363-375.
2. Zhang M. et al. A New Approach to Simultaneously Quantify Both TCR α- and β-Chain Diversity after Adoptive Immunotherapy. *Clin Cancer Res*. 2012;18, 4733-4742.

詳細は、nanosttring.com/tcr-diversity をご覧ください。

NanoString Technologies, Inc.

530 Fairview Avenue North
Seattle, Washington 98109

T (888) 358-6266
F (206) 378-6288

nanosttring.com
info@nanosttring.com

Sales Contacts

United States us.sales@nanosttring.com
EMEA: europa.sales@nanosttring.com
Asia Pacific apac.sales@nanosttring.com

Japan japanmarketing@nanosttring.com
Other Regions info@nanosttring.com

本製品の使用目的は研究用で、診断には使用できません。

©2017-2022 NanoString Technologies, Inc. All rights reserved. NanoString, NanoString Technologies, GeoMx, NanoString 社のロゴ, nCounter, nSolver は、米国若しくはその他の国、またはその両方における NanoString Technologies Inc. の商標または登録商標です。 NanoString 社に帰属しない上記以外の商標については、それぞれの所有者に帰属します。