



2023年6月1日

Repertoire Genesis 株式会社

各 位

抗原予測解析アルゴリズムに関する論文掲載のお知らせ

この度、当社が開発した抗原予測解析アルゴリズムに関する論文が、Viruses の電子版（論文題目「Idiotope-Driven T-Cell/B-Cell Collaboration-Based T-Cell Epitope Prediction Using B-Cell Receptor Repertoire Sequences in Infectious Diseases」）に掲載されましたので、お知らせいたします。

リンパ球が持つ T 細胞受容体 (TCR) が認識する抗原を同定する技術は、未だに確立されていません。近年、機械学習などの AI 技術を利用した抗原予測技術の開発が進められていますが、これらの技術は主に抗原提示のしやすさを予測する技術です。また、その予測は既存のデータに大きく依存しているため、抗原が未知の場合には精度の高い予測ができないなどの問題が指摘されていました。この度当社が開発した抗原予測解析技術は、TCR や BCR のレパートリーを調べることができるレパートア解析技術を発展させたものであり、レパートア解析で得られた BCR の配列から抗原を予測します。本技術は、免疫ネットワーク理論と Idiotope-driven T-B collaboration という 2 つの考えに基づいており、体の免疫系が見ている抗原を全く新しい切り口から予測するという技術です。

通常、B 細胞はウイルスなどの外来抗原を非自己と認識して抗原特異的な抗体を作製することで体を守るために働いています。抗体は、その手にあたる部分（抗原認識部位）で抗原を認識し結合しますが、この抗原と抗体の手は相補的であり、抗原が非自己であるのであれば、その逆の手の形も非自己になり、免疫系からは抗体の手は非自己に見えることとなります。そうすると、外来抗原に対する抗体（抗体 1）を認識する第二の抗体（抗体 2）が作られませんが、抗体 2 の手は抗体 1 の手に相補的であるので、抗体 2 の手は抗体 1 の手の逆、つまり、元の抗原の形と同じになります。これが免疫ネットワーク理論の考え方になります。そこで、抗体 2 の BCR の配列を調べることで抗原が予測できるということになります。

本論文では、東京大学大学院医学系研究科（モイ・メン・リン (Moi Meng Ling) 教授）、東海大学大学院医学研究科（椎名 隆 教授）と行った共同研究において、本抗原予測解析技術をウイルス感染症患者の BCR に利用した抗原予測の結果を示しています。



REPertoire
GENESIS

当社では、今回開発した抗原予測技術とレパトア解析技術を駆使することで、各種感染症や自己免疫疾患、更にはがん領域における抗原予測を進め、アンメットな医療ニーズの解消に貢献していきたい考えです。

上記論文内容の詳細につきましては、以下の Web ページをご覧ください。

<https://www.mdpi.com/1999-4915/15/5/1186>

以 上

【当社概要】

Repertoire Genesis 株式会社は、「治らないをなくす」をミッションにして、免疫系に作用する新規治療法および診断法の開発に取り組んでいるバイオテクノロジー企業です。TCR／BCR レパトア解析やネオエピトープ解析をはじめとした、当社独自開発の免疫多様性解析技術を基盤として、生体内の免疫システムを詳細に解析するというアプローチにより、2014年10月の設立以来、未解決の医療ニーズ、なかでもがんや自己免疫疾患、感染症などの免疫が関与する疾患分野を注力領域と位置づけ、効果的な治療法や診断法を提供するために挑戦を続けています。

【本件に関するお問い合わせ先】

Repertoire Genesis 株式会社 管理部

東京オフィス：東京都中央区日本橋本町 3-11-5

日本橋ライフサイエンスビルディング 2 703

Email：ir@repertoire.co.jp

URL：<https://www.repertoire.co.jp>