

次世代レパトア解析 結果の見方について (1/5)

① レポート種類



Repertoire Analysis Report (Human TRA)

② レポート生成日、検体 I D

Date of report:	20180925
Project ID:	18-999-D
Sample ID:	KAZ01a

③ シーケンス情報

to Biocubator

④ 多様性指数

, 567-0085 Japan, Sheet ver. hTRA20180901

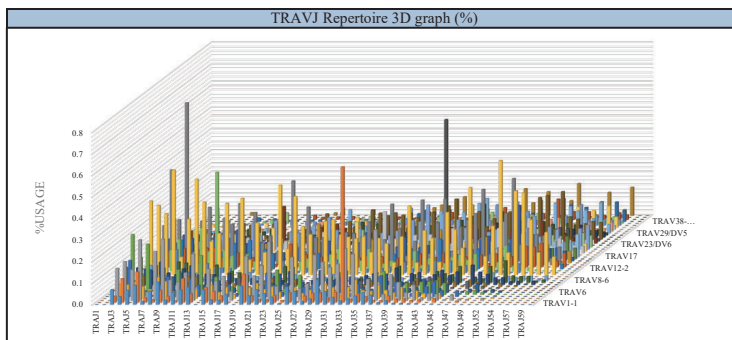
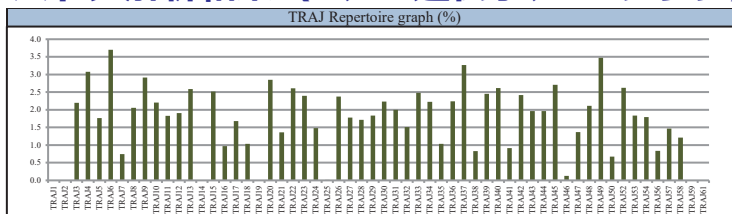
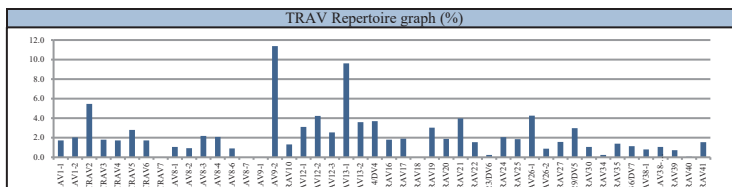
Sequencing Summary			
Total reads	: 139,575	reads	
Assigned reads	: 124,177	reads	89.0 %
Functional reads	: 124,177	reads	100.0 %
In frame reads	: 111,699	reads	90.0 %
Unique reads	: 30,613	reads	27.4 %
In frame / Unique	: 3.65		
Comment			

Diversity Index	
Shannon-Weaver index H'	: 9.798
Healthy donor (PBMC n=18)	: 7.221-9.845 (mean: 8.929)
Inv. Simpson's index 1/λ	: 8300
Healthy donor (PBMC n=18)	: 27-8300 (mean: 1261)
Pielou's evenness	: 0.949
Healthy donor (PBMC n=18)	: 0.774-0.951 (mean: 0.887)
DE50	: 0.153
Healthy donor (PBMC n=18)	: 0.051-0.215 (mean: 0.123)

TRA Ranking Top1-50					
Rank	TRAV	TRAJ	CDR3	Reads	%Reads
1	TRAV25	TRAJ36	CPRKSQTGANLFF	543	0.49
2	TRAV12-1	TRAJ11	CVVNEGYSTLTF	414	0.37
3	TRAV1-2	TRAJ33	CAVRSNSYQLIW	132	0.12
4	TRAV13-1	TRAJ33	CAASRWDSNYQLIW	127	0.11
5	TRAV24	TRAJ15	CASVDQAGTALIF	102	0.09
6	TRAV20	TRAJ26	CAVQADWHGYGQNEVF	101	0.09
7	TRAV1-2	TRAJ33	CAATDSNYQLIW	96	0.09
8					0.07
9					0.07
10					0.06
11	TRAV14/DV4	TRAJ24	CAMREGTDSWGKQFQ	69	0.06
12	TRAV19	TRAJ30	CALISMNRDDKIIF	67	0.06
13	TRAV5	TRAJ13	CAESKETGGYQKVTF	65	0.06
14	TRAV1-2	TRAJ33	CAVMDSNYQLIW	61	0.05
15	TRAV1-2	TRAJ33	CAVLDSNYQLIW	58	0.05
16	TRAV9-2	TRAJ6	CARASGGSIPTF	55	0.05
17	TRAV2	TRAJ13	CAVEGLGGYQKVTF	51	0.05
18	TRAV13-1	TRAJ6	CAASKGGSIPTF	51	0.05
19	TRAV9-2	TRAJ20	CALNDYKLSF	49	0.04
20	TRAV30	TRAJ36	CGTERETGANLFF	49	0.04
21	TRAV38-1	TRAJ12	CAFVSVDSYKLIIF	48	0.04
22	TRAV19	TRAJ12	CALSGVDSYKLIIF	47	0.04
23	TRAV13-2	TRAJ30	CAEKAGNRDDKIIF	47	0.04
24	TRAV19	TRAJ32	CALSDDEGGATNKLIF	45	0.04
25	TRAV13-1	TRAJ49	CAASNTGNQFYF	45	0.04
26	TRAV12-2	TRAJ23	CAVGNQGGKLIIF	44	0.04
27	TRAV9-2	TRAJ20	CALRPNDYKLSF	42	0.04
28	TRAV24	TRAJ33	CAFLDSNYQLIW	42	0.04
29	TRAV16	TRAJ6	CALSAGPGGSIPTF	42	0.04
30	TRAV13-1	TRAJ37	CAASKIWNKGKLIIF	42	0.04
31	TRAV10	TRAJ18	CVVSDRSTLGRLYF	42	0.04
32	TRAV24	TRAJ15	CALLAGTALIF	41	0.04
33	TRAV20	TRAJ13	CAVYSGGYQKVTF	40	0.04
34	TRAV2	TRAJ29	CAVPSGNTPLVF	40	0.04
35	TRAV17	TRAJ46	CATDQDKLTF	40	0.04
36	TRAV9-2	TRAJ4	CALRSSGGYKLIIF	39	0.03
37	TRAV20	TRAJ16	CAVQVGGQKLLF	39	0.03
38	TRAV1-2	TRAJ33	CAAMDSNYQLIW	39	0.03
39	TRAV21	TRAJ35	CAVTRKIGFQGNVLC	38	0.03
40	TRAV12-3	TRAJ58	CAMASGSRITF	38	0.03
41	TRAV12-2	TRAJ26	CAAPGYGQNEVF	38	0.03
42	TRAV1-2	TRAJ33	CAVKDSNYQLIW	38	0.03
43	TRAV5	TRAJ4	CAESPLFSGYKLIIF	37	0.03
44	TRAV13-1	TRAJ6	CAARAGGSIPTF	37	0.03
45	TRAV12-2	TRAJ42	CAVQSGQGNLIF	37	0.03
46	TRAV9-2	TRAJ20	CALSDKVYKLSF	36	0.03
47	TRAV9-2	TRAJ10	CALTTGGGNLTF	36	0.03
48	TRAV21	TRAJ18	CAVSRGSTLGRLYF	36	0.03
49	TRAV19	TRAJ30	CALSEERDDKIIF	36	0.03
50	TRAV14/DV4	TRAJ45	CAMREGGADGLTF	36	0.03

⑦ ユニークリード ランキングTOP50

⑤ レパトア解析結果 (V、J 遺伝子、2Dグラフ)



⑥ レパトア解析結果 (V-J 遺伝子、3Dグラフ)

次世代レパトア解析 結果の見方について (2/5)

① レポート種類



Repertoire Analysis Report (Human IGH)

② レポート生成日、検体 I D

Date of report:	20180925
Project ID:	18-999-D
Sample ID:	KAZ01G

③ シーケンス情報

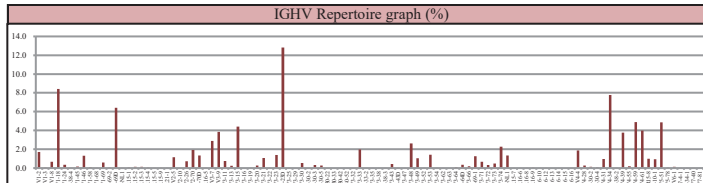
aito Biocubatec

④ 多様性指数

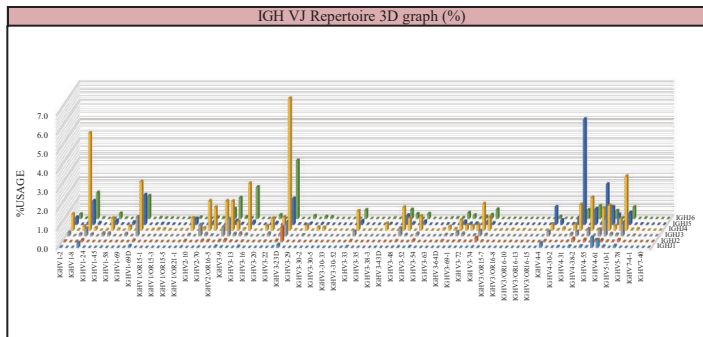
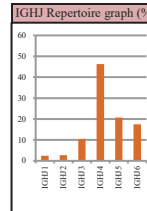
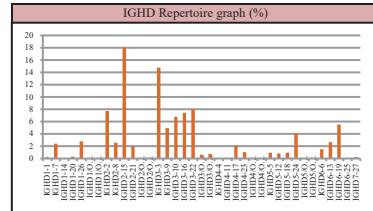
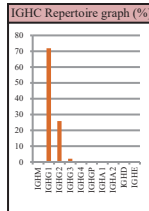
ika, 567-0085 Japan, Sheet ver. hIGH20180901

Sequencing Summary		
Total reads	138386	reads
Assigned reads	101141	reads
	73.1	%
In frame reads	99870	reads
	98.7	%
Unique reads	24086	reads
	24.1	%
In frame / Unique	4.15	

Diversity Index	
Shannon-Weaver index H'	8.78
Healthy donor (PBMC n=12)	7.101-9.612 (mean: 8.456)
Inv. Simpson's index 1/λ	519.357944
Healthy donor (PBMC n=12)	107.5538 (mean: 1460)
Pielou's evenness	0.870
Healthy donor (PBMC n=12)	0.728-0.924 (mean: 0.851)
DE50	0.057
Healthy donor (PBMC n=12)	0.009-0.093 (mean: 0.047)



⑤ レパトア解析結果 (V、D、J、C 遺伝子、2Dグラフ)



⑥ レパトア解析結果 (V-J 遺伝子、3Dグラフ)

IGH Ranking Top1-30									
Rank	IGHV	IGHD	IGHJ	CDR3	IGHC	Reads	%Reads		
1	IGHV4-34	IGHD2-15	IGHJ5	CARAGYCGGSCAYNWFDPW	IGHG1	3646	3.65		
2	IGHV3-15	x	IGHJ4	CTTETGYFDYW	IGHG1	1368	1.37		
3	IGHV2-70D,IGHV2-70	x	IGHJ4	CARKNQQLGTYFDYW	IGHG1	586	0.59		
4	IGHV4-28,IGHV4-59,IGHV4.4	IGHD3-16	IGHJ5	CAKPTLGLWLYNYFDPW	IGHG1	427	0.43		
5	IGHV1-69D	IGHD5-24	IGHJ5	CARAGRWLQFAFW	IGHG1	424	0.42		
6	IGHV3-23D	x	IGHJ2	CARGTKQWPWFYDLW	IGHG1	420	0.42		
7	IGHV4-34	IGHD2-15	IGHJ5	CARAGYCGGSCAYNWFDPW	IGHG2	382	0.38		
8	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARGLDGLVDSRLDYW	IGHG1	239	0.24		
9	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARGLDGLVDSRLDYW	IGHG1	239	0.24		
10	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARGLDGLVDSRLDYW	IGHG1	239	0.24		
11	IGHV4-59	x	IGHJ6	CARGGILPMDVW	IGHG1	297	0.30		
12	IGHV4-34	IGHD2-15	IGHJ5	CARAGYCGGSCAYNWFDPW	IGHG1	267	0.27		
13	IGHV1-69D	IGHD3-9	IGHJ3	CARAIPALLRAFNGAFVW	IGHG1	262	0.26		
14	IGHV2-70D,IGHV2-70	x	IGHJ4	CARKNQQLGTYFDYW	IGHG1	240	0.24		
15	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARGLDGLVDSRLDYW	IGHG1	239	0.24		
16	IGHV1-69D	IGHD2-15	IGHJ5	CARGGSGSRDKYNWFDPW	IGHG1	232	0.23		
17	IGHV5-10-1	IGHD3-22	IGHJ4	CARGIFTYRESSGYKSYW	IGHG1	219	0.22		
18	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARGLDGLVDSRLDYW	IGHG1	239	0.24		
19	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARGLDGLVDSRLDYW	IGHG1	239	0.24		
20	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARGLDGLVDSRLDYW	IGHG1	239	0.24		
21	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARYLWVERPGGDYW	IGHG2	193	0.19		
22	IGHV4-59,IGHV4-4	x	IGHJ1	CARSPKVEYFQDW	IGHG1	186	0.19		
23	IGHV2-70D,IGHV2-70	x	IGHJ4	CARKNQQLGTYFDYW	IGHG1	185	0.19		
24	IGHV4-61,IGHV4-59,IGHV4.4	x	IGHJ1	CARSPKVEYFQHW	IGHG1	170	0.17		
25	IGHV3-15	x	IGHJ4	CTTETGYFDYW	IGHG2	166	0.17		
26	IGHV3-23D	x	IGHJ4	CAKHSPLFCW	IGHG2	163	0.16		
27	IGHV1-18	x	IGHJ6	CARETIVPGGDYVYYGMDVW	IGHG1	155	0.16		
28	IGHV3-9	IGHD3-10	IGHJ4	CAKNMVRGVIFQAYFDSW	IGHG1	153	0.15		
29	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARYSYVFDVW	IGHG1	153	0.15		
30	IGHV4-61,IGHV4-59	x	IGHJ3	CAREDSFDAFDW	IGHG1	152	0.15		
31	IGHV3-23D	x	IGHJ6	CAKDRGGKVALVYYDYALDVW	IGHG1	149	0.15		
32	IGHV5-51	IGHD3-9	IGHJ4	CARETGLDGLTYGRHYFEFW	IGHG1	144	0.14		
33	IGHV1-18	x	IGHJ5	CARDTYNKFDYW	IGHG1	140	0.14		
34	IGHV1-18	x	IGHJ4	CARYTYVFDYW	IGHG1	136	0.14		
35	IGHV3-23D	x	IGHJ5	CAKELSDWYASQSGSW	IGHG2	130	0.13		
36	IGHV4-34,IGHV4-31	x	IGHJ5	CAIDNGVGAW	IGHG1	129	0.13		
37	IGHV1-69D	x	IGHJ3	CAGLSGAFDIW	IGHG1	128	0.13		
38	IGHV3-23D	IGHD6-19	IGHJ4	CAKVQYSSGECLDYW	IGHG1	126	0.13		
39	IGHV1-18	IGHD1-7	IGHJ4	CARDSKRVEDNWNVYRFDYW	IGHG1	126	0.13		
40	IGHV3-15	IGHD2-8	IGHJ3	CARETATGVVYAFDIW	IGHG1	123	0.12		
41	IGHV3-15	IGHD2-2	IGHJ6	CSTDLRPCSTNCYHYVYFVMDVW	IGHG1	116	0.12		
42	IGHV1-69D	IGHD3-3	IGHJ4	CATNMRALFGVAFDYW	IGHG1	116	0.12		
43	IGHV3-23D	IGHD2-2	IGHJ5	CAKVVIPAAIFWVFDPW	IGHG2	114	0.11		
44	IGHV3-21	x	IGHJ4	CVRSYVW	IGHG1	114	0.11		
45	IGHV4-59	x	IGHJ1	CARSPKVEYFQDW	IGHG1	113	0.11		
46	IGHV1-69D	IGHD3-3	IGHJ4	CAINMRAIFGVAFDIW	IGHG1	113	0.11		
47	IGHV1-18	IGHD1-7	IGHJ4	CVRDSKRTEDNWNVYRFDYW	IGHG1	113	0.11		
48	IGHV4-34,IGHV4-31	x	IGHJ6	CARGSYGVGYVGDVW	IGHG1	111	0.11		
49	IGHV3-15	x	IGHJ4	CVWSATVYRFAAW	IGHG2	110	0.11		
50	IGHV2-5	IGHD3-22	IGHJ4	CARYYYDSRGLYFDYW	IGHG1	105	0.11		

⑦ ユニークリード ランキングTOP50



次世代レパトア解析 結果の見方について (3/5)

① レポート種類

- 動物種、遺伝子種類に対応した解析シート
- レポートのバージョン

② レポート生成日、検体ID

- Date of report : 解析ソフトによってレポートが生成された日付
- Project ID : 案件番号
- Sample ID : 解析時に使用された検体ID + 解析遺伝子 (例↓)
(TCR α , β , γ , δ : a, b, c, d, BCR IgM, G, A, D, E, L, K : M, G, A, D, E, L, K)

③ シーケンス情報

- Total reads : 次世代シーケンサーで得られたリード数
- Assigned reads : 解析ソフトで TCR 遺伝子として判定されたリード数
- Functional reads : V遺伝子、J遺伝子のシュード遺伝子を除いたリード数 (TCRのみ)
- In frame reads : CDR3 領域がアミノ酸配列に変換可能な (機能的な) リード数
- Unique reads : In frame reads のうち、固有の組み合わせを持つリード数
- In frame / Unique : Unique read が持つ In frame read数の平均値

④ 多様性指数

- レパトアの多様性の程度を4種類の多様性指数で表示しています。
数字が大きいくほど多様性が高いと評価します。

- Shannon-Weaver index H' : シャノン指数

頻度の低いリード (リード数の少ないユニークリード) も考慮するため、検体のレパトアの豊富さに対して感度が高い特徴があります。レパトアの多様性を表す指数としては適正です。一方、その特性により、クローナリティーが高い検体では感度が低下する可能性があります。

- Inv. Simpson's index $1/\lambda$: シンプソン指数 (逆数)

頻度の高いリード (リード数の多いユニークリード) を強調する特徴があり、クローナリティーが高い検体の評価に適しています。一方、レパトアの豊富さに対して感度が低下する可能性があります。

- Pielou's evenness : ピールー指数

evenness (均等性) を強調し、シャノン指数やシンプソン指数 (逆数) のような特異性や多様性にフォーカスしない特徴があります。安定的な評価系であるため、数値的なデータの差が出にくい可能性があります。

- DE50 (Diversity Evenness score) :

クローナリティー (クローンの程度) を示す指標で、上位ランキングのユニークリードから In frame reads を足し合わせ、50%の In frame reads を占めるユニークリード数の割合を評価します。

⑤ レパトア解析結果 2D グラフ

- 検体のレパトアにおいて、V 遺伝子、D 遺伝子 (判定可能な場合のみ)、J 遺伝子、C 遺伝子 (判定可能な場合のみ) の使用頻度を集計したグラフです。
- 横軸に遺伝子名、縦軸に使用頻度 (100%表示、縦軸のレンジは可変) を表示します。

⑥ レパトア解析結果 3D グラフ

- 検体のレパトアにおいて、V 遺伝子、J 遺伝子の使用頻度を集計したグラフです。
- 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です。
- 横軸に J 遺伝子、奥行きに V 遺伝子、縦軸に使用頻度 (100%表示、縦軸のレンジは可変) を表示します。
- このグラフでは CDR3 のアミノ酸配列は識別せず積み上げており、棒グラフの中には複数の Unique readが含まれます。

⑦ Unique read ランキング Top 50

- V-J-CDR3 アミノ酸配列が同一の Inframe read を集計することで、Unique read の使用頻度を表示します。
- 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 (%)」を示します。
- 50 位以降のリードについては、同じエクセルファイルのタブ「back_data」に、すべての集計結果が保存されています。

※効率よくレパトア解析結果を読みほくコツ

- まずは 3D グラフで何か特徴があるか確認します。
→ そのピークは他の検体で高いですか？ 検体固有ですか？
→ グラフの傾向は類似しますか？
- ランキングデータを見て 1%以上のモノをピックアップしましょう。
→ 特異的な反応を起こしているクローンの候補となります。
- 多様性指数は大きいですか？ 小さいですか？
→ 客観的な数値として、検体のクローナリティーを把握します。

※注意すべき点

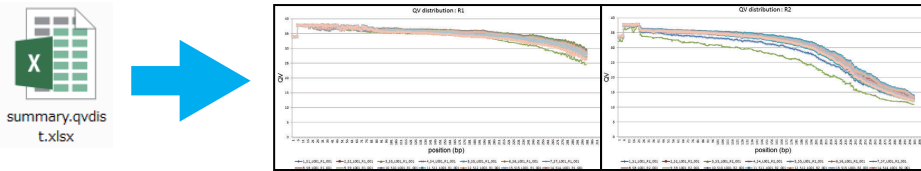
細胞数が少ない検体、RNA 濃度が薄い、品質が低下している検体、組織検体では、レパトア (多様性) が始めから少ない場合があるため、比較対象の条件を踏まえたうえで、クローナリティーについて言及する必要があります。

次世代レパトア解析 結果の見方について (4/5)

※補足資料として、フォルダ「Stat」には、以下の5つの資料があります。

- 1: シーケンス QV スコア
- 2: 検体間比較 (シーケンス情報、多様性指数)
- 3: 検体間比較 (Unique read 共通性)
- 4: データベース更新に伴う遺伝子名の対応表 (2017年9月納品以前)
- 5: 追加されたBCRシールド遺伝子 (ver.20180912) (2018年9月納品以前)

補足資料 1: シーケンス QV スコア (ファイル名: summary.qvdist.xlsx)

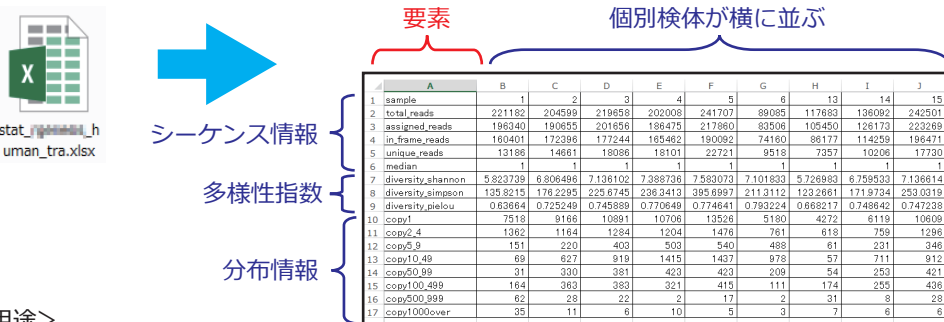


<用途>

- 各検体のシーケンスリードの品質 (R1, R2) を評価することができます。
 - QV20 を下回る検体 (品質が低下している検体) は、結果を考慮する必要があります。
- ※Miseq では塩基配列を両側から読むため、R1 (表側)、R2 (裏側) のデータが得られます。裏側は品質が低下する傾向があり、R1 側で J 遺伝子と CDR3 アミノ酸配列、R2 側で V 遺伝子を判定します。各検体のエクセルレポートでは、レパトア解析により自動的に R1、R2 から得られた情報を結合し集計します。

補足資料 2: 検体間比較 (シーケンス情報、多様性指数)

ファイル名: stat_ 案件名 _ 動物種 _ 遺伝子名 .txt もしくは .xlsx

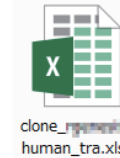


<用途>

- 個別検体のファイルを開くことなく、シーケンス情報を確認できます。
- 多様性指数の抜粋、統計処理時に効率よく作業ができます。

補足資料 3: 検体間比較 (Unique read 共通性)

ファイル名: clone_ 案件名 _ 動物種 _ 遺伝子名 .txt もしくは .xlsx



<用途>

- 個別検体のファイルを開くことなく、特定の Unique read について効率よく検索ができます。
- 各検体間で共通するユニークリードが一覧になっているため、特定ユニークリードにおける経時的変化の評価がしやすくなります。
- 評価の注意点は、あくまでも「リード数」表記であるため、レパトアの存在頻度 (%) を見る際は、各検体の総inframeリードで割り算した値を取得してください。

Unique read 情報 (対象検体を網羅)

個別検体が横に並ぶ

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	col1	col2	col3	col4	total	1	2	3	4	5	6	13
2	TRAV19	TRAJ22	CALTPPSGSGARQLTF	in-frame	181712	8173	8140	6062	7082	5060	3090	4902
3	TRAV19	TRAJ6	CALSRGSGS YPTF	in-frame	123480	1260	5994	6512	4017	4364	2489	663
4	TRAV1-2	TRAJ83	CAVMDSNYQLW	in-frame	84459	185	2799	3651	4347	3066	1883	122
5	TRAV17	TRAJ20	CATDNINDYKLSF	in-frame	66285	382	4030	2755	2031	2752	735	215
6	TRAV1-2	TRAJ83	CAVRCDSNYQLW	in-frame	30489	3	1377	1333	1237	921	843	3
7	TRAV1-2	TRAJ12	CAVMDSYKLIFF	in-frame	18673	1	1770	482	1007	378	221	0
8	TRAV1-2	TRAJ83	CAALDSNYQLW	in-frame	16854	0	595	750	1185	207	335	0
9	TRAV2	TRAJ83	CAVAGKQLSYVHW	out-of-fra	16824	2852	336	430	208	340	110	1433
10	TRAV1-2	TRAJ83	CAVLDSNYQLW	in-frame	15821	1	681	704	310	996	359	1
11	TRAV29	TRAJ13	CAAWYSGYGKVTFF	in-frame	13822	1299	784	320	467	345	129	605
12	TRAV1-2	TRAJ83	CAAMDSNYQLW	in-frame	13535	0	288	234	813	537	393	0
13	TRAV4	TRAJ89	CLVGNINAGNMLTF	in-frame	13137	2	0	2830	2	0	0	0
14	TRAV1-2	TRAJ83	CAVTDSDNYQLW	in-frame	13065	0	509	341	1309	359	110	0
15	TRAV1-2	TRAJ12	CAAMDSSYKLIFF	in-frame	12664	2	167	145	1718	456	21	0
16	TRAV20	TRAJ28	CAAYHSGAGSYVLTFF	in-frame	10237	379	43	419	231	567	268	189
17	TRAV19	TRAJ80	CALMNRDCKIIF	in-frame	9905	2331	0	0	192	0	2	1479
18	TRAV1-1	TRAJ5	CAVPRAGTALIF	in-frame	9621	2789	2	0	0	0	6	1466
19	TRAV1-2	TRAJ83	CAVKDSNYQLW	in-frame	8721	3	599	255	396	419	122	0
20	TRAV20	TRAJ42	CAVQAGRSQGNLIFF	in-frame	7988	134	55	49	518	335	319	67
21	TRAV1-2	TRAJ83	CAVNSDSNYQLW	in-frame	7731	0	1	368	130	923	70	0
22	TRAV25	TRAJ33	CAGEDNDMRF	in-frame	7606	1852	34	1	0	1	36	1177
23	TRAV19	TRAJ89	CALSEADREMGATCS**F	out-of-fra	7440	479	239	237	133	371	153	235

該当合計アサインリード数が多かった順に、リスト化されています。

補足資料 4: データベース更新に伴う遺伝子名の対応表

ファイル名: データベース更新に伴う遺伝子名の対応表.xlsx

<用途>

- 最新のIMGT遺伝子名表記および分類に対応するため、レパトア解析に使用する弊社データベースを更新し、2017年9月納品分より反映させています。
- 過去にご発注された先生方は、変更箇所が含まれているかどうかをご確認ください。
- お困りの場合は、弊社にて最新データベースを用いた再解析を実施致しますので、検体IDと解析遺伝子名をお知らせください。



次世代レパトア解析 結果の見方について (5/5)

補足資料 5 : 追加されたBCRシード遺伝子

ファイル名 : 追加されたBCRシード遺伝子(ver.20180912).xlsx

<用途>

- ・ソフトウェアおよびデータベース更新 (ver.20180912) に関連する資料です。
- ・本紙面の右側に更新内容を記載します。
- ・本更新は、20180925出荷分より適応されます。
- ・過去にご発注されました先生方は、変更箇所が含まれるかどうかについてご確認下さい。
- ・お困りの場合には、弊社にて再解析を実施させていただきますので、検体IDと解析遺伝子名をお知らせください。

ソフトウェアおよびデータベースの更新について (Ver.20180912)

・TCRレパトア解析において、機能的 (Functional) な配列のみを集計し、グラフとランキングの齟齬を修正

→V遺伝子およびJ遺伝子のうち、シード判定されたリードを集計から除外することで、グラフとランキングに発生していたリード数のズレを修正しました。レポートファイルのSequencing SummaryにFunctional readsの項目を追加しました。

・BCRレパトア解析において、ポイントミューテーションによる判定漏れの可能性を修正

→BCRレパトアでは、多様性獲得のメカニズムである体細胞超突然変異によるポイントミューテーションが、主にV遺伝子やJ遺伝子で発生することで、本来の遺伝子名とは異なる遺伝子に判定される可能性があります。このため判定結果がシード遺伝子となった場合、除外されてしまう可能性がありました。これらを改善するため、BCRレパトアでは、TCRとは集計方法を変更し、グラフおよびランキングにおいて、シード遺伝子を含めて集計する方法に変更しました。なお、CDR3アミノ酸配列が適切に変換されない Out of frameについては、これまでと同様に除外しています。レポートファイルの2Dグラフおよび3Dグラフは、シード遺伝子を含めたものに変更しました。

・BCRレパトア (IgL) におけるCDR3判定率の改善

→軽鎖のIgLは、他のTCRおよびBCRと比較して、CDR3に含まれるV遺伝子およびJ遺伝子の塩基配列の割合が異なります。これまで他の遺伝子と同等のクリッピングポイントの抽出で判定を実施していましたが、これまでの知見を元に判定基準を最適化することで、CDR3判定率を改善しました。