

Panel des TCR bêta-SR AmpliSeq^{MC} pour Illumina

Panel ciblé conçu pour mesurer la diversité des cellules T et l'expansion clonale dans les échantillons tumoraux de tissus FFPE par le séquençage des réarrangements de la chaîne bêta des récepteurs des cellules T.

Points forts

- Contenu à valeur élevée**
 Ciblage de la chaîne bêta des TCR avec une longueur de lecture d'amplicons allant jusqu'à 80 pb pour la couverture de RDC3
- Flux de travail simple et rationalisé**
 Préparation des bibliothèques prêtes au séquençage en une seule journée avec seulement 10 ng d'ADN ou d'ARN d'entrée à partir d'échantillons tumoraux de tissus FFPE
- Données exactes**
 Obtention de données de haute qualité même avec une quantité minimale d'échantillons de tissus FFPE

Introduction

Le récepteur des cellules T (TCR) est un hétérodimère transmembranaire qui permet aux cellules T de reconnaître et de réagir à une matière étrangère au corps. La plupart des TCR sont constitués d'une chaîne alpha et d'une chaîne bêta possédant des régions déterminant la complémentarité (RDC). La diversité des récepteurs des cellules T (TCR) définit la capacité d'un petit ensemble de gènes à encoder ces zones à l'intérieur du TCR afin de produire un excédant de 10^{12} clonotypes de cellules T (populations de cellules T exprimant des TCR identiques) par recombinaison, insertion aléatoire, suppression et substitution. La diversité des TCR joue un rôle essentiel dans la défense de l'hôte. L'étude de cette diversité peut s'avérer utile à la compréhension de la fonction immunitaire, des maladies auto-immunes et des réactions indésirables à médiation immunitaire (RIMI).

Le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina est un panel de reséquençage hautement multiplexé conçu pour mesurer la diversité des cellules T et l'expansion clonale dans les échantillons tumoraux de tissus fixés au formol et imprégnés à la paraffine (FFPE) par le séquençage des réarrangements de la chaîne bêta des TCR (Tableau 1). En vue du séquençage sur un système de séquençage compatible d'Illumina, les bibliothèques peuvent être générées à partir d'ADN/ARN provenant de tissus FFPE, de tissus frais/congelés, de sang entier ou de cellules provenant du triage de cellules marqué par fluorescence (FACS) en utilisant un seul regroupement de primers PCR multiplexes, de réactifs pour bibliothèques et de codes à barres d'échantillons.

Le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina fait partie d'un flux de travail simplifié qui comprend la préparation de bibliothèques basées sur la PCR AmpliSeq pour Illumina, le séquençage par synthèse (SBS) et la technologie de séquençage nouvelle génération (SNG) d'Illumina, ainsi que l'analyse automatisée. En tirant parti de ce flux de travail simplifié, les chercheurs peuvent concentrer leurs études sur les régions codantes d'ARN; les exigences d'entrée sont réduites et les résultats obtenus sont précis et d'une sensibilité analytique élevée.

Tableau 1 : Aperçu du panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina

Paramètre	Caractéristique
Nbre de gènes	VARIABLE
Cibles	Chaîne bêta des TCR, RDC3
Taille de l'amplicon	Env. 80 pb
Nbre d'amplicons	VARIABLE
ADN/ARN d'entrée requise	De 10 à 1 000 ng
Nbre de regroupements par panel	1
Types d'échantillons compatibles	Sang, tissus frais/congelés, cellules du FACS, tissus FFPE
Durée totale du test ^a	6 heures
Durée de manipulation	< 1,5 heure
Durée, de l'ADN/ARN aux données	2,5 jours

a. La durée représente la préparation des bibliothèques uniquement et ne comprend pas leur quantification, leur normalisation ni leur regroupement.

Données internes d'Illumina, Inc. 2017

Contenu à valeur élevée

Le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina permet une couverture de la chaîne bêta des TCR avec une longueur de lecture d'amplicons allant jusqu'à 80 pb pour obtenir une caractérisation complète de RDC3. Ce panel prêt à utiliser permet aux chercheurs d'économiser du temps et de l'énergie pour l'identification des cibles, la conception des amplicons et l'optimisation de la performance.

Flux de travail simple et rationalisé

Le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina fait partie d'une solution allant de l'ADN/ARN jusqu'à la classification par rapport au répertoire qui offre un contenu rationalisé, une préparation facile des bibliothèques, des systèmes de séquençage à boutons de commande et une analyse des données simplifiée.

La préparation de bibliothèques suit un protocole simple basé sur la PCR pouvant se faire en 6 heures seulement, avec moins de 1,5 heure de manipulations.

Les bibliothèques obtenues peuvent être normalisées, regroupées, puis chargées sur une Flow Cell aux fins du séquençage. Les bibliothèques préparées sont séquençées en utilisant la chimie éprouvée SBS à l'aide d'un système de séquençage compatible d'Illumina (Tableau 2).

Les données obtenues peuvent être facilement transmises dans BaseSpace^{MC} Sequence Hub pour l'analyse. L'application MiXCR Immune Repertoire Analyzer de BaseSpace Sequence Hub permet un processus de séquençage rapide et précis des données provenant des bibliothèques de récepteurs des cellules T. Elle permet l'alignement des lectures en fonction des segments germinaux, l'assemblage des clonotypes et la correction des erreurs de séquençage et de PCR. Les résultats fournissent des renseignements détaillés sur les positions des segments germinaux, l'alignement et les mutations.

Tableau 2 : Systèmes de séquençage d'Illumina recommandés pour utilisation avec le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina

Instrument
Système MiniSeq ^{MC} (débit élevé)
Système MiSeq ^{MC} (chimie v3)
Système NextSeq (débit moyen)
Système NextSeq (débit élevé)



En savoir plus sur les [systèmes de séquençage d'Illumina](#)



En savoir plus sur les solutions [informatiques AmpliSeq pour Illumina](#)

Données exactes

Le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina permet l'étude de la diversité des TCR des tissus FFPE. Afin de démontrer les capacités du test, des échantillons ont été évalués avec le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina, le système NextSeq^{MC} et l'application MiXCR Immune Repertoire Analyzer. Les résultats démontrent que l'échantillon de contrôle (PBMC) et les échantillons de mélanomes FFPE comportent un nombre élevé de clones (Figure 1), ce qui confirme la compatibilité pour la détection clonale dans les échantillons de tissu FFPE.

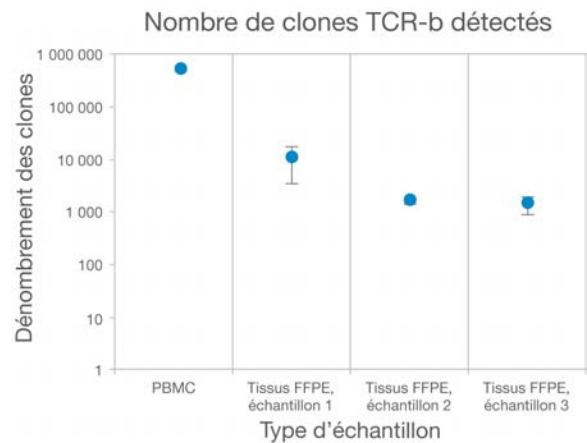


Figure 1 : Détection clonale dans les échantillons de tissu FFPE : Les bibliothèques ont été préparées avec le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina, séquençées dans le système NextSeq, puis analysées à l'aide de l'application MiXCR. L'ARN d'entrée de 100 ng provenant de l'échantillon PBMC ou de 50 ng provenant de trois échantillons individuels de mélanomes FFPE montre une quantité élevée de clones dans chaque échantillon. Les barres d'erreur indiquent la variabilité entre les réplicats.

Renseignements relatifs à la commande

Commandez en ligne les produits AmpliSeq pour Illumina sur le site www.illumina.com.

Produit	N° de référence
Panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina (24 réactions)	20031675
Librairie PLUS AmpliSeq pour Illumina (24 réactions)	20019101
Librairie PLUS AmpliSeq pour Illumina (96 réactions)	20019102
Librairie PLUS AmpliSeq pour Illumina (384 réactions)	20019103
Index doubles combinatoires AmpliSeq pour Illumina, ensemble A (96 index, 96 échantillons)	20019105
Synthèse d'ADNc AmpliSeq pour Illumina (96 réactions)	20022654
Librairie Equalizer AmpliSeq pour Illumina	20019171

En savoir plus

Apprenez-en davantage sur le panel des TCR bêta-SR AmpliSeq pour Illumina à l'adresse www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits/ampliseq-tcr-beta-panel.html.

Apprenez-en davantage sur la solution de séquençage ciblé AmpliSeq pour Illumina à l'adresse science-docs.illumina.com/documents/LibraryPrep/ampliseq-technology-overview-data-sheet-770-2017-022/Content/Source/Library-Prep/AmpliSeq/ampliseq-technology-overview/ampliseq-technology-overview.html.