

(19)



**Евразийское
патентное
ведомство**

(11) **046825**

(13) **B1**

(12) **ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОМУ ПАТЕНТУ**

(45) Дата публикации и выдачи патента
2024.04.25

(21) Номер заявки
202290732

(22) Дата подачи заявки
2020.08.28

(51) Int. Cl. **C12Q 1/6886** (2018.01)
A61K 39/00 (2006.01)
C07K 14/725 (2006.01)

(54) **CAR T КОНСТРУКТ И ПРАЙМЕРЫ ДЛЯ КОМПЛЕКСА СОЗРЕВАНИЯ В-КЛЕТОК**

(31) **62/894,663**

(32) **2019.08.30**

(33) **US**

(43) **2022.05.17**

(86) **PCT/IB2020/058070**

(87) **WO 2021/038524 2021.03.04**

(71)(73) Заявитель и патентовладелец:
ЯНССЕН БАЙОТЕК, ИНК. (US)

(72) Изобретатель:
Джордж Ребекка, Шэнь Ди (US)

(74) Представитель:
**Веселицкий М.Б., Кузенкова Н.В.,
Каксис Р.А., Белоусов Ю.В., Куликов
А.В., Кузнецова Е.В., Соколов Р.А.,
Кузнецова Т.В. (RU)**

(56) TILL BRIAN G ET AL.: "CD20-specific adoptive immunotherapy for lymphoma using a chimeric antigen receptor with both CD28 and 4-1BB domains: pilot clinical trial results", BLOOD, AMERICAN SOCIETY OF HEMATOLOGY NLD, US, vol. 119, no. 17, 26 April 2012 (2012-04-26), page 3940-3950, XP002771432, ISSN: 1528-0020, DOI 10.1182/BL00D-2011-10-38796, page 3941, right-hand column, paragraph 4; figure 1
WO-A1-2019129048
CN-A-105837693
WO-A1-2017025038
CN-A-109722468
CN-A-109722472

(57) В настоящем изобретении предложены наборы зондов и праймеров и соответствующие способы и наборы для получения Т-клеток с химерным антигенным рецептором (CAR) антигена созревания В-клеток. В изобретении также предложены наборы зондов и праймеров и соответствующие способы и наборы для выполнения количественных полимеразных цепных реакций для количественного определения интеграции трансгена антигена созревания В-клеток CAR в лекарственный препарат CAR T.

B1

046825

**046825
B1**

Перекрестная ссылка на смежные заявки

Настоящая заявка испрашивает преимущество по предварительной заявке на патент США с серийным номером 62/894,663; поданной 30 августа 2019 г. Полное содержание вышеупомянутой заявки включено в настоящий документ путем ссылки.

Включение материала путем ссылки в текстовый файл в формате ascii

Рассматриваемая заявка содержит перечень последовательностей, представленный в электронном виде в формате ASCII и полностью включенный в настоящий документ путем ссылки. Копия указанного перечня в формате ASCII, созданная 28 августа 2020 г., называется JBI6148WOPCT1_SL.txt и имеет размер 8175 байт.

Предпосылки создания изобретения

В терапии Т-клетками используют выделенные Т-клетки, которые были генетически модифицированы для усиления их специфичности к специфическому опухолеассоциированному антигену. Генетическая модификация может включать экспрессию химерного антигенного рецептора (CAR) или экзогенного Т-клеточного рецептора для обеспечения новой антигенной специфичности Т-клетки. Т-клетки, экспрессирующие химерные антигенные рецепторы (CAR Т-клетки), могут индуцировать иммунореактивность опухоли. Антиген созревания В-клеток (BCMA) представляет собой молекулу, экспрессируемую на поверхности зрелых В-клеток и злокачественных плазмочитов, и является молекулой-мишенью при лечении рака, например множественной миеломы. Существует потребность в более эффективных формах терапии рака с использованием CAR Т-клеток, в частности CAR Т-клеток, специфичных к опухолеассоциированному антигену BCMA.

Изложение сущности изобретения

Настоящее изобретение относится к зондам и праймерам для полимеразной цепной реакции (ПЦР), например количественной ПЦР. Настоящее изобретение также относится к наборам и способам применения зондов и праймеров, описанных в настоящем документе, для количественного определения интеграции трансгена в Т-клетки с химерным антигенным рецептором (CAR).

В первом аспекте в изобретении предложены наборы зондов и праймеров, содержащие зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12 (см. пример 1, табл. 1).

В другом аспекте в изобретении предложены наборы зондов и праймеров, содержащие зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 1, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 2; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 3 (см. пример 1, табл. 1).

В другом аспекте в изобретении предложены наборы зондов и праймеров, содержащие зонд, содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 19 и их комбинаций, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 20 и их комбинаций; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 21 и их комбинаций (см. табл. 1).

В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна метка содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

В другом аспекте в изобретении предложены наборы для количественного определения интеграции трансгена в CAR Т-клетку, содержащие зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12.

В другом аспекте в изобретении предложены наборы для количественного определения интеграции трансгена в CAR Т-клетку, содержащие зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 1, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 2; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 3.

В дополнительном аспекте в изобретении предложены наборы для количественного определения интеграции трансгена в CAR Т-клетку, содержащие зонд, содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 19 и их комбинаций, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 20 и их комбинаций; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность,

выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 21 и их комбинаций.

В некоторых вариантах осуществления наборов изобретения по меньшей мере одна метка, связанная с зондом, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

В одном варианте осуществления наборы изобретения содержат матрицу, которая содержит зонд. В некоторых вариантах осуществления изобретения матрица представляет собой многолуночный планшет.

В одном варианте осуществления наборы дополнительно содержат зонд человеческого альбумина (hALB), содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22 (см. пример 2, табл. 2, зонд из hALB набор 1), и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом hALB, первый праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23 (табл. 2, прямой праймер из hALB набор 1), а также второй праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24 (табл. 2, обратный праймер из hALB набор 1). В определенных вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

В другом варианте осуществления наборы дополнительно содержат зонд человеческого альбумина (hALB), содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 28 и их комбинаций, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом hALB, первый праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 29 и их комбинаций, и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30 и их комбинаций (табл. 2). В определенных вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

В другом аспекте в настоящем изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в CAR T-клетку, включающие:

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR T-клетки с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR T-клетки с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, и вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В другом аспекте в настоящем изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в CAR T-клетку, включающие:

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR T-клетки с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 2, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 3, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR T-клетки с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, и вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 1, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В другом аспекте в настоящем изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающие:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, вторым праймером CAR, первым праймером hALB и вторым праймером hALB, причем первый праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, второй праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, первый праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, второй праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24;

амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В другом аспекте в настоящем изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающие:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, вторым праймером CAR, первым праймером hALB и вторым праймером hALB, причем первый праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 2, второй праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 3, первый праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, второй праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24;

амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 1, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В дополнительном аспекте в настоящем изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в CAR Т-клетку, включающие:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 20 и их комбинаций, и приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт со вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 21 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 29 и их комбинаций, и приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт со вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с зондом CAR, причем зонд CAR содержит нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 19 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с зондом hALB, при этом зонд hALB содержит нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 28 и их комбинаций; амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB,

таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот hALB;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот CAR и зондом CAR посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот hALB и зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В дополнительном аспекте в настоящем изобретении предложены способы получения CAR Т-клетки, включающие интродукцию трансгена CAR в Т-клетку для получения Т-клетки с интегрированным трансгеном; определение интеграции трансгена CAR, включающее:

амплификацию нуклеиновых кислот из Т-клетки в контакт с интегрированным трансгеном с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 20 и их комбинаций, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 21 и их комбинаций, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из Т-клетки с интегрированным трансгеном с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 19 и их комбинаций, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом; и

получение CAR Т-клетки, содержащей по меньшей мере одну копию интегрированного трансгена CAR.

В еще одном дополнительном аспекте в настоящем изобретении предложены способы получения CAR Т-клетки, включающие интродукцию трансгена CAR в Т-клетку для получения Т-клетки с интегрированным трансгеном; определение интеграции трансгена CAR, включающее:

приведение нуклеиновых кислот из Т-клетки в контакт с интегрированным трансгеном с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 20 и их комбинаций, и приведение нуклеиновых кислот из Т-клетки в контакт с интегрированным трансгеном со вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 21 и их комбинаций; приведение нуклеиновых кислот из клетки в контакт с интегрированным трансгеном с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 29 и их комбинаций, и приведение нуклеиновых кислот из Т-клетки в контакт с интегрированным трансгеном со вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из Т-клетки в контакт с интегрированным трансгеном с зондом CAR, причем зонд CAR содержит нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 19 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из Т-клетки в контакт с интегрированным трансгеном с зондом hALB, при этом зонд hALB содержит нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 28 и их комбинаций;

амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB, таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот hALB;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот CAR и зондом CAR посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот hALB и зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом

hALB;

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом; и

получение CAR T-клетки, содержащей по меньшей мере одну копию интегрированного трансгена CAR.

В аспектах настоящего изобретения также предложены CAR T-клетки, полученные с использованием способов, описанных в настоящем документе.

В некоторых вариантах осуществления стадия обнаружения гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

В некоторых вариантах осуществления стадия обнаружения гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот hALB и зондом hALB включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB, до гибридизации.

В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна из стадий амплификации включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР), например ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

В некоторых вариантах осуществления амплифицируемые нуклеиновые кислоты представляют собой ампликоны.

В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор. В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит флуорофор.

Краткое описание графических материалов

Патент или файл заявки содержит по меньшей мере один цветной графический материал. Копии данного патента или публикации заявки на патент с цветными графическими материалами можно получить после подачи соответствующей заявки и внесения оплаты.

На фиг. 1 представлено гель-электрофоретическое изображение по результатам одноплексных скрининговых анализов праймеров/зонда.

На фиг. 2 представлено гель-электрофоретическое изображение по результатам мультиплексных скрининговых анализов праймеров/зонда.

На фиг. 3 представлено гель-электрофоретическое изображение трансгена (FP) набора 1 и (RP) набора 2, мультиплексированного с hALB набора 1.

На фиг. 4A-D представлены кривые амплификации для трансгена (FP) набора 1 и (RP) набора 2 и стандартные кривые для hALB набора 1.

На фиг. 5A-B представлены стандартные кривые сравнения интактного с замороженным (целевой трансген).

На фиг. 6 представлены стандартные кривые сравнения кольцевого с линейным (целевой трансген).

На фиг. 7 представлено сравнение характеризующей и типичной стандартной кривых для кПЦР трансгена.

На фиг. 8 представлен характеризующий стандартный линейный график для трансгена.

На фиг. 9 представлен пример расположения областей в планшете количественной ПЦР (кПЦР).

На фиг. 10 представлен пример расположения областей в планшете для оценки контроля кПЦР.

На фиг. 11 представлен пример линейного графика для трансгена.

На фиг. 12 представлен пример линейного графика для hALB.

На фиг. 13 представлена нуклеотидная последовательность гена человеческого сывороточного альбумина (hALB), номер доступа в GenBank M12523.1.

На фиг. 14 представлена SEQ ID NO: 11.

Вышеизложенное будет очевидно из представленного ниже более подробного описания примеров осуществления, как проиллюстрировано на сопроводительных рисунках, на которых одинаковые номера позиций относятся к одним и тем же частям на разных проекциях. Графические материалы не обязательно выполнены в масштабе; вместо этого акцент сделан на иллюстрации принципов изобретения.

Подробное описание

Ниже приведено описание примеров осуществления.

Ниже описаны несколько аспектов изобретения со ссылкой на примеры только в иллюстративных целях. Следует понимать, что многочисленные конкретные детали, взаимосвязи и способы изложены, чтобы обеспечить полное понимание изобретения. Однако обычному специалисту в соответствующей области техники будет понятно, что изобретение можно реализовать на практике без одной или более конкретных деталей или применять на практике другие способы, протоколы, реагенты, линии клеток и животных. Настоящее изобретение не ограничено показанным порядком действий или событий, так как некоторые действия могут происходить в другом порядке и/или одновременно с другими действиями или событиями. Более того, не все проиллюстрированные действия, стадии или события необходимы для реализации методологии в соответствии с настоящим изобретением. Многие из методик и процедур, описанных или упоминаемых в данном документе, хорошо понятны и широко применяются с использованием традиционной методологии специалистами в данной области техники.

Если не указано иное, все термины в данной области техники, обозначения и другие научные термины или терминология, используемые в данном документе, имеют значения, обычно понятные специалистам в области техники, к которой относится данное изобретение. В некоторых случаях термины с общепринятыми значениями определены в данном документе для ясности и/или для удобства ссылки, и включение таких определений в данный документ не обязательно должно толковаться как представляющее существенное отличие от того, что обычно учитывается в данной области техники. Кроме того, следует понимать, что термины, такие как термины, определенные в широко используемых словарях, следует интерпретировать как имеющие значение, соответствующее их значению в контексте соответствующей области техники и/или как определено в данном документе иным образом.

Применяемые в настоящем документе термины используются только в целях описания конкретных вариантов осуществления изобретения и не являются ограничивающими. При использовании в данном документе формы единственного числа включают ссылки на множественное число, если из контекста явно не следует иное.

Термин "содержать" или его вариации, такие как "содержит" или "содержащий", при их использовании могут применяться для обозначения включения указанного элемента или целого или группы элементов или целых, но не исключения любого другого элемента или целого или группы элементов или целых.

Настоящее изобретение относится к наборам и способам количественного определения интеграции трансгена в Т-клетки с химерным антигенным рецептором (CAR). Кроме того, предложены панели зондов и праймеров для проведения полимеразной цепной реакции (ПЦР), например количественной ПЦР, для количественного определения интеграции трансгена в CAR Т-клетки.

В некоторых вариантах осуществления способы и наборы трансгенной кПЦР, описанные в настоящем изобретении, включают анализ с помощью мультиплексной количественной полимеразной цепной реакции (кПЦР), предназначенный для количественного определения трансгенной плазмиды BCMA CAR, интегрированной в лекарственный препарат CAR T. В обоих случаях (1) трансгенная плазида BCMA CAR (трансген) и (2) а референсный ген человеческого альбумина (hALB) амплифицируются в данном методе количественной ПЦР. Набор праймеров и зондов для трансгенных мишеней может амплифицировать шивку между участками CD137 и CD3z плазмиды, чтобы обеспечить обнаружение исключительно трансгенной плазмиды BCMA CAR, присутствующей в лекарственном препарате CAR T и интегрированной в него.

Химерные антигенные рецепторы.

Химерный антигенный рецептор (CAR) представляет собой искусственно сконструированный гибридный белок или полипептид, содержащий антигенсвязывающие домены антитела (scFv), связанные с сигнальными доменами Т-клеток. В настоящем документе термины "Т клетки", "Т-клетки" и "Т лимфоциты" используются взаимозаменяемо. Характеристики CAR могут включать в себя их способность перенаправлять Т-клеточную специфичность и реактивность к выбранной мишени не рестриктированным по ГКГС образом с использованием антигенсвязывающих свойств моноклональных антител. Не рестриктированное по ГКГС распознавание антигена дает Т-клеткам, экспрессирующим CAR, способность распознавать антигены независимо от процессинга антигена, таким образом обходя основной механизм ускользания опухоли от иммунного ответа. Более того, при экспрессии в Т-клетках CAR преимущественно не димеризуются с эндогенными альфа-и бета-цепями Т-клеточного рецептора (TCR).

CAR, описанные в настоящем документе, обеспечивают рекомбинантные полипептидные конструкции, содержащие по меньшей мере внеклеточный антигенсвязывающий домен, трансмембранный домен и внутриклеточный сигнальный домен (также называемый в данном документе "цитоплазматическим сигнальным доменом"), содержащие функциональный сигнальный домен, полученный из стимулирующей молекулы, как определено ниже. Т-клетки, экспрессирующие CAR, называются в настоящем документе CAR Т-клетками, CAR-Т-клетками или CAR-модифицированными Т-клетками, и эти термины используются взаимозаменяемо в настоящем документе. Клетка может быть генетически модифицирована таким образом, чтобы стабильно экспрессировать на своей поверхности связывающий домен анти-

тела, придавая новую антигенную специфичность, которая не зависит от ГКГС.

В некоторых случаях Т-клетку генетически модифицируют для стабильной экспрессии CAR, который объединяет домен распознавания антигена специфического антитела с внутриклеточным доменом дзета-цепи CD3 или белка FcγRI в один химерный белок. В одном варианте осуществления стимулирующая молекула представляет собой дзета-цепь, ассоциированную с Т-клеточным рецепторным комплексом.

Используемый в настоящем документе термин "внутриклеточный сигнальный домен" относится к внутриклеточному участку молекулы. Именно функциональный участок белка действует путем передачи информации внутри клетки для регуляции клеточной активности через определенные сигнальные пути, генерируя вторичные мессенджеры или действуя как эффекторы, отвечая на такие мессенджеры. Внутриклеточный сигнальный домен генерирует сигнал, который вызывает иммунную эффекторную функцию клетки, содержащей CAR, например CAR Т-клетки. К примерам иммунной эффекторной функции, например, в CAR Т-клетке, относится цитолитическая активность и хелперная активность, включая секрецию цитокинов.

В одном варианте осуществления внутриклеточный сигнальный домен может содержать первичный внутриклеточный сигнальный домен. К примерам первичных внутриклеточных сигнальных доменов относятся домены, полученные от молекул, которые отвечают за первичную стимуляцию или стимуляцию, зависящую от антигена. В одном варианте осуществления внутриклеточный сигнальный домен может содержать костимулирующий внутриклеточный домен. К примерам костимулирующих внутриклеточных сигнальных доменов относятся домены, полученные из молекул, которые отвечают за костимулирующие сигналы или антиген-зависимую стимуляцию. Например, в случае CAR Т первичный внутриклеточный сигнальный домен может содержать цитоплазматическую последовательность Т-клеточного рецептора, а костимулирующий внутриклеточный сигнальный домен может содержать цитоплазматическую последовательность корецептора или костимулирующей молекулы.

Первичный внутриклеточный сигнальный домен может содержать сигнальный мотив, который известен как иммунорецепторный тирозиновый активирующий мотив или ITAM. К примерам последовательностей первичной цитоплазматической сигнализации, содержащих ITAM, относятся, без ограничений, производные CD3-дзета, FcR-гамма, FcR-бета, CD3-гамма, CD3-дельта, CD3-эпсилон, CD5, CD22, CD79a, CD79b и CD66d DAP10 и DAP12. В конкретном варианте осуществления сигнальная последовательность представляет собой CD3-дзета.

Термин "дзета" или альтернативно "дзета-цепь", "CD3-дзета" или "TCR-дзета" определяется как белок, представленный по номеру доступа в GenBank BAG36664.1, или эквивалентные остатки, полученные от видов, отличных от человека, например мыши, кролика, примата, мыши, грызуна, обезьяны, человекообразной обезьяны и т.п., и "стимулирующий домен дзета", или альтернативно "стимулирующий домен CD3-дзета", или "стимулирующий домен TCR-дзета" определяется как аминокислотные остатки из цитоплазматического домена дзета-цепи, которые достаточны для функциональной передачи исходного сигнала, необходимого для активации Т-клетки. В одном аспекте цитоплазматический домен дзета содержит остатки от 52 до 164 согласно номеру доступа в GenBank BAG36664.1 или эквивалентные остатки, полученные от видов, отличных от человека, например мыши, грызуна, обезьяны, человекообразной обезьяны и т.п., которые представляют собой их функциональные ортологи.

Термин "костимулирующая молекула" относится к когнатному партнеру по связыванию на Т-клетке, который специфически связывается с костимулирующим лигандом, опосредуя, таким образом, костимулирующий ответ Т-клетки, такой как, помимо прочего, пролиферация. Костимулирующие молекулы являются молекулами клеточной поверхности, отличными от рецепторов антигенов или их лигандов, которые необходимы для эффективного иммунного ответа. Костимулирующие молекулы включают, без ограничений, молекулу ГКГС класса 1, BTLA и Toll-подобный рецептор лигандов, а также OX40, CD2, CD27, CD28, CDS, ICAM-1, LFA-1 (CD11a/CD18) и 4-1BB (также упоминаемый как "CD137" в настоящем документе). В конкретном варианте осуществления костимулирующей молекулой является 4-1BB (CD137).

Костимулирующий внутриклеточный сигнальный домен может представлять собой внутриклеточный участок костимулирующей молекулы. Костимулирующая молекула может быть представлена в следующих семействах белков: белки рецептора ФНО, иммуноглобулиноподобные белки, рецепторы цитокинов, интегрин, сигнальные молекулы активации лимфоцитов (белки SLAM) и активирующие рецепторы NK-клеток. К примерам подобных молекул относятся CD27, CD28, 4-1BB (CD137), OX40, GITR, CD30, CD40, ICOS, BAFFR, HVEM, связанный с функцией лимфоцитов антиген-1 (LFA-1), CD2, CD7, LIGHT, NKG2C, SLAMF7, NKp80, CD160, B7-H3, лиганд, который специфически связывается с CD83 и т.п.

Внутриклеточный сигнальный домен может содержать весь (то есть "полноразмерный") внутриклеточный участок или весь нативный внутриклеточный сигнальный домен молекулы, из которой он был получен, или его функциональный фрагмент.

Термин "4-1BB" относится к члену суперсемейства рецепторов фактора некроза опухоли (РФНО) с аминокислотной последовательностью, представленной по номеру доступа в GenBank AAA62478.2, или

эквивалентными остатками, полученными от видов, отличных от человека, например млекопитающего (мышь, грызуна, обезьяны, человекообразной обезьяны и т.п.); а "костимулирующий домен 4-1BB" определяется как аминокислотные остатки 214-255 с номером доступа в GenBank: AAA62478.2 или эквивалентные остатки видов, отличных от человека, например млекопитающего (мышь, грызуна, обезьяны, человекообразной обезьяны и т.п.).

В некоторых вариантах осуществления цитоплазматический сигнальный домен дополнительно содержит один или более функциональных сигнальных доменов, полученных из по меньшей мере одной костимулирующей молекулы, как определено в настоящем документе. В одном варианте осуществления костимулирующая молекула выбрана из 4-1BB (то есть CD137), CD27, CD3-дзета и/или CD28. CD28 является Т-клеточным маркером, важным для Т-клеточной костимуляции. CD27 является членом суперсемейства рецепторов фактора некроза опухоли и выступает в качестве костимулирующей молекулы иммунной контрольной точки. 4-1BB передает мощный костимулирующий сигнал на Т-клетки, стимулируя дифференцировку и повышая долгосрочную выживаемость Т-лимфоцитов. CD3-дзета связывается с TCR для генерации сигнала и содержит иммунорецепторные тирозиновые активирующие мотивы (ITAM).

В одном варианте осуществления CAR содержит внутриклеточный шарнирный домен, включающий CD8, и внутриклеточный сигнальный домен рецептора Т-клеток, содержащий CD28, 4-1BB и CD3-дзета и их комбинации.

В конкретном варианте осуществления CAR содержит трансмембранный CD8a, CD137 и кодирующие участки CD3z.

В описании дополнительно предложены праймеры, зонды и соответствующие наборы, используемые для количественного определения вариантов плазмид, интегрированных в продукты CAR Т, например функциональных вариантов CAR, нуклеиновых кислот, полипептидов и белков, описанных в настоящем документе. Используемый в настоящем документе термин "вариант" относится к полипептиду или полинуклеотиду, который отличается от эталонного полипептида или эталонного полинуклеотида одной или более модификаций, например замен, вставок или делеций. Используемый в настоящем документе термин "функциональный вариант" относится к CAR, полипептиду или белку, имеющему существенную или значительную идентичность последовательности или сходство с родительским CAR, полипептидом или белком, причем функциональный вариант сохраняет биологическую активность CAR, полипептида или белка, для которого он является вариантом. Функциональные варианты включают, например, те варианты CAR, полипептида или белка, которые описаны в настоящем документе (родительский CAR, полипептид или белок), которые сохраняют способность распознавать клетки-мишени в аналогичной степени, в той же степени или в большей степени, что и родительский CAR, полипептид или белок. По отношению к родительскому CAR, полипептиду или белку функциональный вариант может быть, например, на по меньшей мере около 30%, около 40%, около 50%, около 60%, около 75%, около 80%, около 85%, около 90%, около 91%, около 92%, около 93%, около 94%, около 95%, около 96%, около 97%, около 98%, около 99% или более идентичен по аминокислотной последовательности родительского CAR, полипептиду или белку.

Функциональный вариант может, например, содержать аминокислотную последовательность родительского CAR, полипептида или белка с по меньшей мере одной консервативной аминокислотной заменой. В другом варианте осуществления функциональные варианты могут содержать аминокислотную последовательность родительского CAR, полипептида или белка с по меньшей мере одной неконсервативной аминокислотной заменой. В данном случае неконсервативная аминокислотная замена может не препятствовать или не ингибировать биологическую активность функционального варианта. Неконсервативная аминокислотная замена может усиливать биологическую активность функционального варианта таким образом, что биологическая активность функционального варианта увеличивается по сравнению с родительским CAR, полипептидом или белком.

Аминокислотные замены в CAR могут быть консервативными аминокислотными заменами. Консервативные аминокислотные замены известны в данной области техники и включают аминокислотные замены, при которых одну аминокислоту, имеющую определенные физические и/или химические свойства, заменяют на другую аминокислоту, обладающую такими же или аналогичными химическими или физическими свойствами. Например, консервативная аминокислотная замена может быть кислой аминокислотой, замещенной другой кислой аминокислотой (например, Asp или Glu), аминокислотой с неполярной боковой цепью, замещенной другой аминокислотой с неполярной боковой цепью (например, Ala, Gly, Val, Ile, Leu, Met, Phe, Pro, Trp, Val и т.д.), основной аминокислотой, замещенной другой основной аминокислотой (Lys, Arg и т.д.), аминокислотой с полярной боковой цепью, замещенной другой аминокислотой с полярной боковой цепью (Asn, Cys, Gln, Ser, Thr, Tyr и т.д.), и т.д.

CAR, полипептид или белок могут состоять по существу из указанной аминокислотной последовательности или последовательностей, описанных в настоящем документе, так что другие компоненты, например другие аминокислоты, существенно не изменяют биологическую активность CAR, полипептида или белка.

Примеры модифицированных нуклеотидов, которые могут быть использованы для получения рекомбинантных нуклеиновых кислот, используемых для получения полипептидов, применяемых в спосо-

бах/наборах, описанных в настоящем документе, включают, без ограничений, 5-фторурацил, 5-бром урацил, 5-хлорурацил, 5-йодурацил, гипоксантин, ксантин, 4-ацетилцитозин, 5-(карбоксихидроксиметил) урацил, карбоксиметиламинометил-2-тиоурин, 5-карбоксиметиламинометилурацил, дигидроурацил, N⁶-замещенный аденин, 7-метилгуанин, 5-метиламинометилурацил, 5-метоксиаминометил-2-тиоурацил, бета-D-маннозилквеозин, 5"-метоксикарбоксиметилурацил, 5-метоксиурацил, 2-метилтио-N⁶-изопентениладенин, урацил-5-оксиуксусную кислоту (v), вибутоксизин, псевдоурацил, квеозин, бета-D-галактозилквеозин, инозин, N⁶-изопентениладенин, 1-метилгуанин, 1-метиозин, 2,2-диметилгуанин, 2-метиладенин, 2-метилгуанин, 3-метилцитозин, 5-метилцитозин, 2-тиоцитозин, 5-метил-2-тиоурацил, 2-тиоурацил, 4-тиоурацил, 5-метилурацил, метиловый эфир урацил-5-оксиуксусной кислоты, 3-(3-амино-3-N-2-карбоксипропил) урацил и 2,6-диаминопурин.

Нуклеиновая кислота изобретения может содержать любую выделенную или очищенную нуклеотидную последовательность, которая кодирует любой из CAR, полипептидов, или белков, или их функциональных участков, или их функциональных вариантов. Альтернативно нуклеотидная последовательность может содержать последовательность, вырожденную в любую из последовательностей или комбинацию вырожденных последовательностей.

В некоторых вариантах осуществления изобретения также используется выделенная или очищенная нуклеиновая кислота, содержащая нуклеотидную последовательность, которая комплементарна нуклеотидной последовательности любой из нуклеиновых кислот, описанных в настоящем документе, или нуклеотидную последовательность, которая гибридизируется в жестких условиях с нуклеотидной последовательностью любой из нуклеиновых кислот, описанных в настоящем документе.

Нуклеотидная последовательность, которая гибридизируется в жестких условиях, может гибридизироваться в высокожестких условиях.

Описанные в настоящем документе "высокожесткие условия" означают, что нуклеотидная последовательность специфически гибридизируется с целевой последовательностью (нуклеотидной последовательностью любой из нуклеиновых кислот, описанных в настоящем документе) в степени, обнаружимой сильнее, чем неспецифическая гибридизация. Высокожесткие условия включают условия, которые позволяют различить полинуклеотид с точно комплементарной последовательностью или полинуклеотид, содержащий только несколько разбросанных несовпадений из случайной последовательности, которая имеет несколько небольших участков (например, 3-12 оснований), которые соответствуют нуклеотидной последовательности. Такие небольшие участки комплементарности легче расплавляются, чем полноразмерный комплемент из 14-17 или более оснований, и гибридизация с высокой жесткостью делает их легко различимыми. Относительно высокожесткие условия будут включать, например, условия с низким содержанием соли и/или высокой температурой, такие как обеспечиваемые около 0,02-0,1M NaCl или его эквивалентом, при температурах примерно 50-70°C. Такие высокожесткие условия допускают небольшое несоответствие между нуклеотидной последовательностью и матрицей или целевой цепью, если таковое имеется, или особенно подходят для гибридизации с нуклеиновыми кислотами CAR, описанными в настоящем документе. Как правило, считается, что условия можно сделать более жесткими путем добавления возрастающих количеств формамида.

Используемый в настоящем документе термин "рекомбинантный вектор экспрессии" означает генетически модифицированный олигонуклеотидный или полинуклеотидный конструкт, который обеспечивает экспрессию мРНК, белка, полипептида или пептида клеткой-хозяином, когда конструкт содержит нуклеотидную последовательность, кодирующую мРНК, белок, полипептид или пептид, а вектор приводят в контакт с клеткой в условиях, достаточных для экспрессии мРНК, белка, полипептида или пептида внутри клетки. Описанные в настоящем документе векторы не встречаются в природе в целом; однако части векторов могут быть природного происхождения. Описанные рекомбинантные векторы экспрессии могут содержать нуклеотиды любого типа, включая, без ограничений, ДНК и РНК, которые могут быть одноцепочечными или двухцепочечными, синтезированными или частично полученными из природных источников и которые могут содержать природные, неприродные или измененные нуклеотиды. Рекомбинантные векторы экспрессии могут содержать межнуклеотидные связи природного происхождения или неприродного происхождения или оба типа связей. Неприродные или измененные нуклеотиды или межнуклеотидные связи не препятствуют транскрипции или репликации вектора.

В варианте осуществления рекомбинантный вектор экспрессии может быть любым приемлемым рекомбинантным вектором экспрессии и может быть использован для трансформации или трансфекции любого приемлемого хозяина. Приемлемые векторы включают векторы, предназначенные для размножения и экспансии или для экспрессии или и того и другого, такие как плазмиды и вирусы. Вектор может быть выбран из группы, состоящей из серии pUC (Fermentas Life Sciences, Глен Берни, штат Мэриленд, США), серии pBluescript (Stratagene, г. Ла-Холья, штат Калифорния, США), серии pET (Novagen, г. Мэдисон, штат Висконсин, США), серии pGEX (Pharmacia Biotech, г. Уппсала, Швеция) и серии pETX (Clontech, г. Пало-Альто, штат Калифорния, США). Можно использовать векторы бактериофагов, такие как λGT10, λGT11, λEMBL4 и λNM1149, λZapII (Stratagene). Примеры векторов экспрессии растений включают pBI01 pBI01.2, pBI121, pBI101.3 и pBIN19 (Clontech). Примеры векторов экспрессии животных

включают pEUK-C1, pMAM и pMAMneo (Clontech). Рекомбинантный вектор экспрессии может быть вирусным вектором, например ретровирусным вектором, например гамма-ретровирусным вектором.

В одном варианте осуществления рекомбинантные векторы экспрессии получали с использованием стандартных методик рекомбинантной ДНК, описанных, например, в Ausubel FM, Brent R, Kingston RE et al. (eds) (1999) *Short Protocols in Molecular Biology*, 4th edn. New York: Wiley Green MR и Sambrook J. (2012) *Molecular cloning: a laboratory manual*, 4th edn. Cold Spring Harbor, New York. Могут быть получены конструкторы векторов экспрессии, которые являются кольцевыми или линейными, чтобы они содержали систему репликации, функционирующую в прокариотической или эукариотической клетке-хозяине. Системы репликации могут быть получены, например, из ColE1, SV40, 2 мкм плазмиды, λ , бычьего вируса папилломы и т.п.

В определенных вариантах осуществления векторы экспрессии, используемые в настоящем описании, линеаризуют для приготовления рабочих исходных растворов плазмиды для получения стандартов и контрольных образцов.

Рекомбинантный вектор экспрессии может содержать регуляторные последовательности, такие как иницирующие и терминирующие кодоны транскрипции и трансляции, которые специфичны для типа хозяина (например, бактерии, гриба, растения или животного), в который должен быть введен вектор, при необходимости, при этом учитывается, основан ли вектор на ДНК или РНК.

Рекомбинантный вектор экспрессии может включать один или более маркерных генов, которые позволяют отбирать трансформированные или трансфицированные организмы-хозяева. Маркерные гены включают гены резистентности к биоцидам, например гены резистентности к антибиотикам, тяжелым металлам и т.д., комплементации в ауксотрофном хозяине для обеспечения прототрофности и т.п. Приемлемые маркерные гены для описанных векторов экспрессии включают, например, гены резистентности к неомицину/G418, гены резистентности к гистидинолу X, гены резистентности к гистидинолу, гены резистентности к тетрациклину и гены резистентности к ампициллину.

Рекомбинантный вектор экспрессии может содержать нативный или нормальный промотор, функционально связанный с нуклеотидной последовательностью, кодирующей CAR, полипептид или белок (включая их функциональные участки и их функциональные варианты), или с нуклеотидной последовательностью, которая комплементарна или которая гибридизируется с нуклеотидной последовательностью, кодирующей CAR, полипептид или белок. Выбор промоторов, например сильных, слабых, тканеспецифичных, индуцируемых и специфичных для развития промоторов находится в рамках квалификации обычного специалиста в данной области техники. Аналогичным образом комбинирование нуклеотидной последовательности с промотором также находится в рамках квалификации специалиста в данной области техники. Промотор может представлять собой невирусный промотор или вирусный промотор, например промотор цитомегаловируса (CMV), промотор RSV, промотор SV40 или промотор, присутствующий в длинном концевом повторе вируса мышинных стволовых клеток.

Рекомбинантные векторы экспрессии могут быть разработаны либо для транзиторной экспрессии, либо для стабильной экспрессии, либо для обоих типов. Кроме того, рекомбинантные векторы экспрессии могут быть получены для конститутивной экспрессии или для индуцируемой экспрессии.

Дополнительно могут быть созданы рекомбинантные векторы экспрессии, включающие суицидальный ген. Используемый в данном документе термин "суицидальный ген" относится к гену, который заставляет клетку, экспрессирующую суицидальный ген, погибать. Суицидальный ген может быть геном, который придает чувствительность к агенту, например лекарственному средству, клетке, в которой экспрессируется ген, и заставляет клетку погибать, когда клетку приводят в контакт с агентом или она подвергается его воздействию. Суицидальные гены известны в данной области техники и включают, например, ген тимидинкиназы (ТК) вируса простого герпеса (HSV), цитозин-даминазу, пуриновую нуклеозидфосфорилазу и нитроредуктазу.

В объем изобретения входят конъюгаты, например биоконъюгаты, содержащие любые CAR, полипептиды или белки (включая любые их функциональные участки или варианты), клетки-хозяева, нуклеиновые кислоты, рекомбинантные векторы экспрессии, популяции клеток-хозяев или антитела или их антигенсвязывающие участки. Конъюгаты, а также способы синтеза конъюгатов в целом известны в данной области техники (см., например, Hudez, F., *Methods Mol. Biol.* 298: 209-223 (2005) и Kirin et al., *Inorg Chem.* 44(15): 5405-5415 (2005)).

В конкретном варианте осуществления рекомбинантный вектор экспрессии, используемый в вариантах осуществления изобретения, представляет собой вектор, содержащий различные компоненты химерного антигенного рецептора антигена созревания В-клеток (BCMA). Плаزمида представляет собой плазмиду из 8518 пар нуклеотидов (п.н.), содержащую последовательность, кодирующую различные компоненты химерного антигенного рецептора BCMA, которая раскрывается в SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 в публикации международной заявки на патент PCT № WO2017/025038 A1, содержание которой полностью включено в настоящий документ путем ссылки. В одном аспекте в изобретении плазмида кодирует внеклеточный антигенсвязывающий домен, трансмембранный домен и внутриклеточный сигнальный домен, при этом внеклеточный антигенсвязывающий домен связывает антиген BCMA. Используемые в настоящем документе термины "В клетки", "В-клетки"

и "В лимфоциты" используются взаимозаменяемо. В одном варианте осуществления плазида содержит нуклеотидную последовательность любой из SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 из публикации международной заявки на патент PCT № WO2017/025038 A1. В некоторых вариантах осуществления плазида содержит нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 или 99% идентична нуклеотидной последовательности любой из SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 из публикации международной заявки на патент PCT № WO2017/025038 A1.

Термин "кодирующий" относится к свойству, присущему конкретным последовательностям нуклеотидов в полинуклеотиде, таком как ген, кДНК или мРНК, служить в качестве матриц для синтеза других полимеров и макромолекул в биологических процессах, имеющих или определенную последовательность нуклеотидов (например, рРНК, тРНК и мРНК), или определенную последовательность аминокислот, а также к биологическим свойствам, полученным в результате этого. Таким образом, ген, кДНК или РНК кодируют белок, если в результате транскрипции и трансляции мРНК, соответствующей этому гену, вырабатывается белок в клетке или другой биологической системе. Как кодирующая цепь, нуклеотидная последовательность которой идентична последовательности мРНК, так и некодирующая цепь, используемая в качестве матрицы для транскрипции гена или кДНК могут называться кодирующими белок или другой продукт этого гена или кДНК.

Если не указано иное, "нуклеотидная последовательность, кодирующая аминокислотную последовательность", включает все нуклеотидные последовательности, которые являются вырожденными версиями друг друга и которые кодируют одну и ту же аминокислотную последовательность. Фраза "нуклеотидная последовательность, которая кодирует белок или РНК", может также включать интроны в той мере, в которой нуклеотидная последовательность, кодирующая белок, может в некоторых версиях содержать интрон(-ы).

В одном варианте осуществления в настоящем описании предложен вектор экспрессии, содержащий нуклеотидную последовательность любой из SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 из публикации международной заявки на патент PCT № WO2017/025038 A1.

Термин "вектор экспрессии" относится к вектору, содержащему рекомбинантный полинуклеотид, содержащий регулирующие экспрессию последовательности, функционально соединенные с экспрессируемой нуклеотидной последовательностью. Вектор экспрессии содержит достаточное количество действующих элементов для экспрессии; другие элементы для экспрессии могут обеспечиваться клеткой-хозяином или в системе экспрессии *in vitro*. Векторы экспрессии включают все известные в данной области техники векторы, включая космиды, плазмиды (например, "голые" или содержащиеся в липосомах) и вирусы (например, лентивирусы, ретровирусы, аденовирусы и адено-ассоциированные вирусы), которые содержат рекомбинантный полинуклеотид.

Способы получения CAR Т-клеток и количественного определения интеграции трансгена в CAR Т-клетку.

В одном аспекте в настоящем изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в CAR Т-клетку, включающие:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 20 и их комбинаций, и приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт со вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 21 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 29 и их комбинаций, и приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт со вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с зондом CAR, причем зонд CAR содержит нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 19 и их комбинаций;

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с зондом hALB, при этом зонд hALB содержит нуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 28 и их комбинаций;

амплификацию ампликонов CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот CAR;

амплификацию ампликонов hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB, таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот hALB;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот CAR и зондом CAR посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот hALB и

зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В некоторых вариантах осуществления стадии приведения в контакт для праймеров CAR выполняются в отдельной реакции от праймеров hALB. В других вариантах осуществления стадии приведения в контакт выполняют в ходе одной и той же реакции (т.е. мультиплексно).

В некоторых вариантах осуществления стадии приведения в контакт для зондов CAR выполняют в отдельной реакции от зондов hALB. В других вариантах осуществления стадии приведения в контакт выполняют в ходе одной и той же реакции (т.е. мультиплексно).

В некоторых вариантах осуществления стадии амплификации для ампликонов CAR выполняют в отдельной реакции от ампликонов hALB. В других вариантах осуществления стадии амплификации выполняют в ходе одной и той же реакции (то есть мультиплексно).

В некоторых вариантах осуществления стадии обнаружения для гибридизации нуклеиновых кислот CAR и зондов CAR выполняют в отдельной реакции от нуклеиновых кислот hALB и зондов hALB. В других вариантах осуществления стадии обнаружения выполняют в ходе одной и той же реакции (то есть мультиплексно).

В некоторых вариантах осуществления способы включают амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR длиной от около 20 до около 40 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR выполнен с возможностью гибридизации в условиях высокой жесткости с нуклеотидной последовательностью CAR, приведенной ниже в любой из SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 из публикации международной заявки на патент PCT № WO2017/025038 A1.

Праймер, то есть нуклеотидная последовательность, которая гибридизируется в жестких условиях, может гибридизироваться в высокожестких условиях.

В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 80% идентична, на по меньшей мере около 85% идентична, на по меньшей мере около 90% идентична или на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, выбранной из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17 и SEQ ID NO: 20. В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 96% идентична, на по меньшей мере около 97% идентична, на по меньшей мере около 98% идентична или на по меньшей мере около 99% идентична нуклеотидной последовательности, выбранной из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17 и SEQ ID NO: 20. В конкретных вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, выбранной из группы, состоящей из SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17 и SEQ ID NO: 20.

В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 80% идентична, на по меньшей мере около 85% идентична, на по меньшей мере около 90% идентична или на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 96% идентична, на по меньшей мере около 97% идентична, на по меньшей мере около 98% идентична или на по меньшей мере около 99% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 2. В конкретных вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 2.

В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 80% идентична, на по меньшей мере около 85% идентична, на по меньшей мере около 90% идентична или на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 96% идентична, на по меньшей мере около 97% идентична, на по меньшей мере около 98% идентична или на по меньшей мере около 99% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 5. В конкретных вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 5.

В некоторых вариантах осуществления первый праймер CAR включает в себя нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 80% идентична, на по меньшей мере около 85% идентична, на по меньшей мере около 90% идентична или на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 8. В некоторых вариантах

ния интеграции трансгена в CAR T-клетку, включающие:

приведение нуклеиновых кислот из CAR T-клетки в контакт с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11 и приведение нуклеиновых кислот из CAR T-клетки в контакт со вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12;

приведение нуклеиновых кислот из CAR T-клетки в контакт с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23 и приведение нуклеиновых кислот из CAR T-клетки в контакт со вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24;

приведение нуклеиновых кислот из CAR T-клетки в контакт с зондом CAR, причем такой зонд CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10;

приведение нуклеиновых кислот из CAR T-клетки в контакт с зондом hALB, при этом такой зонд hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22;

амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB, таким образом получая молекулы амплифицированных нуклеиновых кислот hALB;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот CAR и зондом CAR посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот hALB и зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В некоторых вариантах осуществления обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

В некоторых вариантах осуществления стадия обнаружения гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот hALB и зондом hALB включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB, до гибридизации.

В другом аспекте в настоящем изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в CAR T-клетку, включающие:

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR T-клетки с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и со вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR; амплификацию нуклеиновых кислот из CAR T-клетки с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена; обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В другом аспекте в настоящем изобретении предложены способы получения CAR T-клетки, включающие:

интродукцию трансгена CAR в T-клетку для получения T-клетки с интегрированным трансгеном; определение интеграции трансгена CAR, включающее:

амплификацию нуклеиновых кислот из T-клетки с интегрированным трансгеном с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из T-клетки с интегрированным трансгеном с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки,

связанной с зондом референсного гена; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом; и

получение CAR Т-клетки, содержащей по меньшей мере одну копию интегрированного трансгена CAR.

В аспектах настоящего изобретения также предложены CAR Т-клетки, полученные с использованием способов, описанных в настоящем документе.

Термин "референсный ген" относится к внутреннему контролю реакции с последовательностями, отличными от целевого гена. Для того чтобы ген рассматривался как референсный, он должен соответствовать нескольким важным критериям (Chervoneva I, Li Y, Schulz S, Croker S, Wilson C, Waldman SA, Hyslop T. Selection of optimal reference genes for normalization in quantitative RT-PCR. BMC Bioinform. 2010; 11:253. doi: 10.1186/1471-2105-11-253.). Наиболее важно то, что на его уровень экспрессии не должны влиять экспериментальные факторы. Кроме того, он должен демонстрировать минимальную вариабельность своей экспрессии в тканях и при различных физиологических состояниях организма. Желательно выбирать референсный ген с пороговым циклом, который близок к интересующему гену. Референсный ген должен демонстрировать вариабельность, связанную с несовершенствами применяемой технологии и подготовительных процедур - гарантируя тем самым, что любое изменение в количестве генетического материала будет в одинаковой степени влиять на объект исследования и контроль. К примерам "референсных генов", которые соответствуют перечисленным выше критериям, относятся основные гены метаболизма, называемые генами жизненно важных функций, которые по определению задействованы в процессах, важных для выживаемости клеток. Гены жизненно важных функций, подходящие для использования в качестве референсных генов, должны также экспрессироваться на стабильном и нерегулируемом постоянном уровне (Thellin O, Zorzi W, Lakaye B, De Borman B, Coumans B, Hennen G, Grisar T, Igout A, Heinen E. Housekeeping genes as internal standards: Use and limits. J Biotechnol. 1999; 75:291-295. doi: 10.1016/S0168-1656(99)00163-7). К генам жизненно важных функций, которые можно использовать в качестве "референсных генов" в способах, наборах и праймерах/зондах настоящего изобретения, без ограничений относятся LDHA, NONO, PGK1, PPIH, C1orf43, CHMP2A, EMC7, GPI, PSMB2, PSMB4, RAB7A, REEP5, SNRPD3, VCP и VPS29.

В другом аспекте в изобретении предложены способы количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающие:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, вторым праймером CAR, первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, причем первый праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, а второй праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12;

амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот первого референсного гена с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

В некоторых вариантах осуществления обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации. В некоторых вариантах осуществления обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот референсного гена и зондом референсного гена включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом референсного гена, до гибридизации. В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом референсного гена, содержит флуорофор.

В некоторых вариантах осуществления стадии обнаружения гибридизации могут быть выполнены с использованием традиционных методик молекулярной биологии, известных специалистам в данной области, таких как, без ограничений, гель-электрофорез, Саузерн-блоттинг и/или т.п.

В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна из стадий амплификации включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР), например ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реак-

цию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию (ЛЦР) или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

ПЦР хорошо известна специалистам в данной области. Этот метод широко используется в молекулярной биологии для получения множества копий определенного сегмента ДНК. С помощью ПЦР происходит экспоненциальная амплификация одной копии (или более) последовательности ДНК, чтобы получить от тысяч до миллионов дополнительных копий данного конкретного сегмента ДНК. В основе большинства методов ПЦР лежит термоциклирование. При термоциклировании реагенты проходят повторяющиеся циклы нагрева и охлаждения для проведения различных зависимых от температуры реакций - плавления ДНК и ферментативной репликации ДНК. В ПЦР используются два основных реагента - праймеры (короткие одноцепочечные нуклеотидные фрагменты, известные как олигонуклеотиды с последовательностью, комплементарной целевому участку ДНК) и ДНК-полимераза. На первой стадии ПЦР в процессе плавления ДНК при высокой температуре происходит физическое разделение двух цепочек двойной спирали ДНК. На второй стадии температуру понижают, и праймеры связываются с комплементарными последовательностями ДНК. Затем две цепочки ДНК становятся матрицами для ДНК-полимеразы для ферментативной сборки новой цепочки ДНК из свободных нуклеотидов, присутствующих в реакционной смеси. По мере продолжения ПЦР саму полученную ДНК используют в качестве матрицы для репликации, таким образом, происходит экспоненциальная амплификация матрицы исходной ДНК. Как правило, в сферах, требующих применения ПЦР, используют термостабильную ДНК-полимеразу, например Taq-полимеразу - фермент, первоначально выделенный из термофильной бактерии *Thermus aquaticus*.

Количественная ПЦР или ПЦР в реальном времени (кПЦР), как известно специалистам в данной области, позволяет оценить количество конкретной последовательности, присутствующей в образце - методика, часто применяемая для количественного определения уровней экспрессии гена. Количественная ПЦР является апробированным инструментом для количественного определения ДНК, которое измеряет накопление продукта ДНК после каждого цикла амплификации ПЦР. кПЦР обеспечивает количественное определение и обнаружение определенной последовательности ДНК в реальном времени, поскольку измеряет концентрацию в процессе синтеза.

Полимеразная цепная реакция с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), как известно специалистам в данной области, представляет собой лабораторную методику, объединяющую обратную транскрипцию РНК в ДНК (комплементарную ДНК или кДНК) и амплификацию конкретных целевых ДНК с помощью ПЦР. Ее обычно используют для измерения количества конкретной РНК. Этого достигают посредством мониторинга реакции амплификации по флуоресценции с использованием методики, называемой ПЦР в реальном времени или количественной ПЦР (кПЦР). Комбинацию ОТ-ПЦР и кПЦР традиционно используют для анализа экспрессии гена и количественного определения РНК.

Как известно специалистам в данной области, лигазная цепная реакция (ЛЦР) является одним из методов амплификации ДНК. Лигазная цепная реакция (ЛЦР) представляет собой процесс амплификации, который отличается от ПЦР тем, что использует термостабильную лигазу для связывания вместе двух зондов или других молекул, которые затем могут быть амплифицированы с помощью стандартных циклов ПЦР.

Транскрипционно опосредованная амплификация (ТМА), как известно специалистам в данной области, представляет собой изотермическую систему амплификации нуклеиновой кислоты в одной пробе, где используются два фермента - РНК-полимераза и обратная транскриптаза. В отличие от ПЦР и ЛЦР метод ТМА включает транскрипцию РНК (с применением РНК-полимеразы) и синтез ДНК (с применением обратной транскриптазы), чтобы получить ампликон РНК (исходное соединение или продукт амплификации) из целевой нуклеиновой кислоты.

В некоторых вариантах осуществления в способах, представленных в настоящем описании, используются другие методы количественной ПЦР, известные специалистам в области, такие как, без ограничений, цифровая ПЦР (цПЦР).

В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор. В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит флуорофор. При использовании в настоящем документе термин "флуорофор" относится к любому флуоресцентному соединению или белку, которые могут быть использованы для количественного определения и обнаружения нуклеотидных последовательностей, с которыми гибридизируются зонды.

Настоящее описание также относится к праймерам, которые способны к гибридизации с нуклеиновой кислотой CAR и ее амплификации, например с нуклеотидной последовательностью, охватывающей шпильку CD137/CD3z конструктора CAR. Описанные праймеры могут быть использованы в способах, описанных в настоящем документе. В некоторых вариантах осуществления длина этих праймеров составляет от около 20 до около 40 нуклеотидов, и они способны к гибридизации в высокожестких условиях с нуклеотидной последовательностью CAR, приведенной ниже в любой из SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 из публикации международной заявки на патент № WO2017/025038 A1.

В некоторых вариантах осуществления эти праймеры содержат нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 17 или SEQ ID NO: 20. В некоторых вариантах осуществления эти праймеры дополнительно содержат нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 18 или SEQ ID NO: 21.

Настоящее описание также относится к зондам, которые способны к гибридизации с различными нуклеотидными последовательностями CAR и их дискриминации, например с различными нуклеотидными последовательностями, охватывающими сшивку CD137/CD3z конструктора CAR. Описанные зонды могут быть использованы в способах, описанных в настоящем документе. В некоторых вариантах осуществления длина этих зондов составляет от около 20 до около 40 нуклеотидов, и они способны к гибридизации в высокожестких условиях с нуклеотидной последовательностью CAR, приведенной ниже в любой из SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 из публикации международной заявки на патент PCT № WO2017/025038 A1. В некоторых вариантах осуществления эти зонды содержат нуклеотидную последовательность, которая на по меньшей мере около 95% идентична нуклеотидной последовательности, которая приведена ниже в SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 16 или SEQ ID NO: 19.

В одном аспекте в изобретении предложены наборы зондов и праймеров, содержащие зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер CAR, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11; и второй праймер CAR, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12. В одном варианте осуществления наборы зондов и праймеров дополнительно содержат зонд hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23; и второй праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24.

В некоторых вариантах осуществления по меньшей мере одна метка содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию. В некоторых вариантах осуществления люминесценция меток может быть вызвана за счет использования фотохимических, химических и электрохимических средств.

В настоящем изобретении также предложены наборы для количественного определения интеграции трансгена в CAR T-клетку. Используемый в настоящем документе термин "набор" относится к комбинации реагентов и других материалов. Предполагается, что набор может включать в себя реагенты, такие как буферные вещества, стабилизирующие белок реагенты, системы генерации сигнала (например, системы генерации сигнала флуоресценции), антитела, контрольные белки, а также контейнеры для проведения тестирования (например, планшеты для микротитрования и т.д.). Предполагается, что термин "набор" не будет ограничен конкретной комбинацией реагентов и/или других материалов. В одном варианте осуществления набор дополнительно содержит инструкции по применению реагентов. Набор может быть упакован любым приемлемым образом, как правило, с компонентами в одном контейнере или в различных контейнерах, если необходимо, вместе с листом инструкций по проведению теста. В некоторых вариантах осуществления наборы также включают в себя образец положительного контроля. Наборы могут быть произведены различными способами, известными специалистам в данной области.

В одном аспекте наборы для количественного определения интеграции трансгена в CAR T-клетку содержат: зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12. В одном варианте осуществления наборы дополнительно содержат зонд hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23; и второй праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24.

В некоторых вариантах осуществления наборов изобретения по меньшей мере одна метка, связанная с зондом, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

В одном варианте осуществления наборы изобретения содержат матрицу, которая содержит зонд. В некоторых вариантах осуществления изобретения матрица представляет собой многолуночный планшет.

В определенных вариантах осуществления по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

При использовании в аспектах, описанных в изобретении, термин "метка" относится к функциональной группе, которая способна формировать регистрируемый сигнал, т.е., сигнал, который может быть обнаружен в незначительной степени с помощью средств обнаружения, которые генерируют сиг-

нал. К примерам таких приемлемых средств относятся спектроскопические или фотохимические средства, например флуоресценция или люминесценция, или биохимические, иммунохимические или химические средства, такие как изменения в физических, биохимических, иммунохимических или химических свойств при контакте с регистрирующим аналитическим соединением или при реакции с полипептидом или смесью полипептид/фермент с образованием обнаруживаемого комплекса. Таким образом, при использовании в настоящем документе термин "метка" подразумевает включение как функциональных групп, которые могут быть обнаружены непосредственно, таких как радиоизотопы или флуорохромы, так и реакционноспособных функциональных групп, которые обнаруживаются опосредованно в ходе реакции, в которой образуется регистрируемый продукт, таких как ферменты, которые реагируют с субстратом с образованием продукта, обнаруживаемого спектрофотометрически. Отмечается, что реагент метки может содержать функциональную группу радиоактивной метки, такую как радиоизотоп. В одном варианте осуществления зонд гибридизации настоящего документа содержит нерадиоактивную метку, чтобы предотвратить осложнения, связанные с анализом радиоактивности.

Для применения схем обнаружения метки в способах и наборах, описанных в изобретении, в нуклеотидные основания вводят метки посредством ковалентного связывания соединения, чтобы сформировать сигнал флуоресценции или хемилюминесценции после введения dNTP в удлиненный праймер/матрицу ДНК. К примерам флуоресцентных соединений для введения метки в dNTP без ограничений относятся флуоресцеин, родамин и BODIPY (4,4-дифтор-4-бор-3а,4а-диаза-*s*-индацен). См. "Handbook of Molecular Probes and Fluorescent Chemicals", предлагаемую Molecular Probes, Inc. (г. Юджин, штат Орегон). Примеры хемилюминесцентных соединений, которые могут быть использованы, включают, без ограничений, люминол и диоксетаноны (см. Gundennan and McCapra, "Chemiluminescence in Organic Chemistry", Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, 1987).

Флуоресцентно или хемилюминесцентно меченные dNTP добавляют по отдельности к системе матрицы ДНК, содержащей матрицу ДНК после отжига с праймером, ДНК-полимеразу, в соответствующей буферной среде. По истечении времени реакции избыток dNTP удаляют, и систему зондируют, чтобы убедиться во включении нуклеотида с флуоресцентной или хемилюминесцентной меткой в матрицу ДНК. Обнаружение включенного нуклеотида может быть осуществлено с помощью различных способов, которые могут зависеть от вида использованной метки.

Для флуоресцентно-меченных dNTP систему матрицы ДНК можно облучать оптическим излучением с длиной волны, которую активно поглощает метка. Флуоресценцию метки обнаруживают с использованием, например, фотодетектора с оптическим фильтром, который отсекает любой рассеянный свет на длине волны возбуждения.

В дополнительном варианте осуществления, в котором в наборах и способах, описанных в настоящем документе, использовано флуоресцентное обнаружение, флуоресцентная метка связывается с dNTP посредством фоторасщепляемого или химически расщепляемого линкера, и метка отщепляется после реакции удлинения и удаляется из системы матрицы в кювету обнаружения, где наличие и количество такой метки определяют по оптическому возбуждению на соответствующей длине волны с обнаружением флуоресценции. В этом варианте осуществления сведения к минимуму вероятность тушения флуоресценции из-за наличия множества флуоресцентных меток в непосредственной близости друг от друга на цепочке праймера, которая достраивается комплементарно участку повторов по одному основанию в матрице, и появляется возможность оптимизировать точность определения числа повторов. Кроме того, возбуждение флуоресценции в отдельной кювете сводит к минимуму возможность фотолитического повреждения системы праймера/матрицы ДНК.

В одном варианте осуществления зонд содержит метку 5' 6-FAMTM (флуоресцеин). 6-AMTM является единственным изомерным производным флуоресцеина. FAM представляет собой флуоресцентный краситель, связанный с олигонуклеотидами, и совместим с большинством оборудования для обнаружения флуоресценции. При pH ниже 7 он протонируется и демонстрирует пониженную интенсивность флуоресценции; как правило, его используют в диапазоне pH 7,5-8,5. FAMTM может связываться с 5'- или 3'-концами олигонуклеотидов.

В одном варианте осуществления зонд содержит метку 5'HEXTM (гексахлорофлуоресцеин). Гексахлорофлуоресцеин является химически родственным соединением флуоресцеина, которое используют для мультиплексных анализов с FAMTM HEXTM может связываться только с 5'-концом олигонуклеотида.

В настоящем описании также рассматривается применение любых других меток, известных специалистам в области, которые могут быть использованы для введения метки зондов, как описано в настоящем документе, например, без ограничений, VIC®, TETTM, JOETM, NEDTM, PET®, ROXTM, TAMRATM, JETTM, Texas Red®, ATTOTM 532, Cy3, TyeTM 563, TyeTM 665, TEX 615TM, Cy5, ZENTM, Iowa Black® FQ, Iowa Black® RQ, DABYCL и Yakima YellowTM.

В одном варианте осуществления зонд содержит метку тушителя флуоресценции. Метка тушителя может быть использована в качестве двойного тушителя в реакциях, описанных в настоящем документе. В одном варианте осуществления зонд содержит тушитель Iowa Black® FQ. Iowa Black® FQ обладает широким спектром поглощения в диапазоне от 420 до 620 нм с пиковым поглощением при 531 нм. Ту-

шитель используют с флуоресцеином и другими флуоресцентными красителями с испусканием в спектральном диапазоне от зеленого до розового. В настоящем описании рассматривается использование любых меток флуоресцентного тушителя, известных специалистам в данной области, таких как, например, без ограничений, ZEN™, Black Hole Quencher® (BHQ-1, BHQ-2, BHQ-3 и т.д.).

Методы и наборы трансгенной кПЦР, описанные в настоящем изобретении, включают анализ с помощью мультиплексной количественной полимеразной цепной реакции (количественная ПЦР), предназначенный для количественного определения трансгенной плазмиды ВСМА CAR, интегрированной в лекарственный препарат CAR T. Существуют две целевых молекулы, амплифицируемые в рамках данного метода кПЦР: (1) трансгенная плазида ВСМА CAR (трансген) и (2) референсный ген человеческого альбумина (hALB). Набор праймеров и зондов для трансгенных мишеней амплифицирует сшивку между участками CD137 и CD3z плазмиды, чтобы обеспечить обнаружение исключительно трансгенной плазмиды ВСМА CAR, присутствующей в лекарственном препарате CAR T и интегрированной в него. Результаты числа копий референсного гена hALB используют для расчетов представляемого результата числа копий вектора (VCN) на клетку для каждого образца, тестируемого в ходе реакции кПЦР.

Ниже приведено описание примеров осуществления.

Вариант 1 осуществления. Набор зондов и праймеров, содержащий: зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12.

Вариант 2 осуществления. Набор зондов и праймеров по варианту осуществления 1, в котором по меньшей мере одна метка содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

Вариант 3 осуществления. Набор для количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерными антигенными рецепторами (CAR), содержащий: зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12.

Вариант 4 осуществления. Набор по варианту 3 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

Вариант 5 осуществления. Набор по варианту 3 осуществления, содержащий матрицу, содержащую зонд.

Вариант 6 осуществления. Набор по варианту 5 осуществления, в котором матрица представляет собой многолуночный планшет.

Вариант 7 осуществления. Набор по варианту 3 осуществления, дополнительно содержащий зонд человеческого альбумина (hALB), содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом hALB, первый праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, и второй праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24.

Вариант 8 осуществления. Набор по варианту 7 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

Вариант 9 осуществления. Набор по варианту 3 осуществления, дополнительно содержащий зонд референсного гена и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом референсного гена, первый праймер референсного гена и второй праймер референсного гена.

Вариант 10 осуществления. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий:

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, и вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

Вариант 11 осуществления. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, вторым праймером CAR, первым праймером hALB и вторым праймером hALB, причем первый праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, второй праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, первый праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, второй праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24; амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

Вариант 12 осуществления. Способ по варианту 10 или 11 осуществления, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

Вариант 13 осуществления. Способ по варианту 10 или 11 осуществления, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными молекулами нуклеиновых кислот hALB и зондом hALB включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом hALB, до гибридизации.

Вариант 14 осуществления. Способ по варианту 10 или 11 осуществления, в котором амплификация включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР).

Вариант 15 осуществления. Способ по варианту 14 осуществления, в котором ПЦР представляет собой ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию (ЛЦР) или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

Вариант 16 осуществления. Способ по варианту 10 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор.

Вариант 17 осуществления. Способ по варианту 10 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит флуорофор.

Вариант 18 осуществления. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий:

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

Вариант 19 осуществления. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, вторым праймером CAR, первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, причем

первый праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, второй праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12;

амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот первого референсного гена с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена; обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

Вариант 20 осуществления. Способ по варианту 18 или 19 осуществления, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

Вариант 21 осуществления. Способ по варианту 18 или 19 осуществления, в котором обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот референсного гена и зондом референсного гена включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом референсного гена, до гибридизации.

Вариант 22 осуществления. Способ по варианту 18 или 19 осуществления, в котором амплификация включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР).

Вариант 23 осуществления. Способ по варианту 22 осуществления, в котором ПЦР представляет собой ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию (ЛЦР) или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

Вариант 24 осуществления. Способ по варианту 18 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор.

Вариант 25 осуществления. Способ по варианту 18 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом референсного гена, содержит флуорофор.

Вариант 26 осуществления. Способ получения Т-клетки с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий интродукцию трансгена CAR в Т-клетку для получения Т-клетки с интегрированным трансгеном;

определение интеграции трансгена CAR, включающее:

амплификацию нуклеиновых кислот из Т-клетки с интегрированным трансгеном с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из Т-клетки с интегрированным трансгеном с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена;

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом; и

получение CAR Т-клетки, содержащей по меньшей мере одну копию интегрированного трансгена CAR.

Вариант 27 осуществления. Способ по варианту 26 осуществления, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

Вариант 28 осуществления. Способ по варианту 26 осуществления, в котором обнаружение гибри-

дизации между амплифицированными молекулами нуклеиновых кислот референсного гена и зондом референсного гена включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом референсного гена, до гибридизации.

Вариант 29 осуществления. Способ по варианту 26 осуществления, в котором амплификация включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР).

Вариант 30 осуществления. Способ по варианту 29 осуществления, в котором ПЦР представляет собой ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию (ЛЦР) или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

Вариант 31 осуществления. Способ по варианту 26 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор.

Вариант 32 осуществления. Способ по варианту 26 осуществления, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом референсного гена, содержит флуорофор.

Вариант 33 осуществления. CAR T-клетка, полученная способом по любому из вариантов 26-32 осуществления.

Представленные ниже примеры приведены для дополнительного описания некоторых из описанных в настоящем документе вариантов осуществления. Примеры призваны проиллюстрировать, но не ограничить описанные варианты осуществления.

Пример 1. Разработка метода трансгенной кПЦР.

Общий обзор метода.

Описанный пример метода трансгенной кПЦР представляет собой мультиплексную количественную полимеразную цепную реакцию (кПЦР), предназначенную для количественного определения трансгенной плазмиды BCMA CAR (в примерах называемой "плазмидой rLLV-LICAR2SIN"), интегрированной в лекарственный препарат CAR T. В данном методе кПЦР проводят амплификацию следующего: (1) трансгенная плазида rLLV-LICAR2SIN (трансген) (трансген с нуклеотидной последовательностью, содержащей любую из SEQ ID NO: 175-197, 202-205, 218-227, 239, 261-264 и 271-276 из публикации международной заявки на патент PCT № WO2017/025038 A1) и (2) референсный ген человеческого альбумина (hALB). Набор праймеров и зондов для трансгенных мишеней амплифицирует сшивку между участками CD137 и CD3z плазмиды, чтобы обеспечить обнаружение исключительно трансгенной плазмиды rLLV-LICAR2SIN, присутствующей в лекарственном препарате CAR T и интегрированной в него. Результаты числа копий референсного гена hALB используют для расчетов представляемого результата числа копий вектора (VCN) на клетку для каждого образца, протестированного в ходе реакции кПЦР. Результаты для образца VNC/клетка после применения метода трансгенной кПЦР приведены для контроля безопасности, чистоты и идентичности образцов лекарственного препарата CART.

Построение трансгенных праймеров и зондов.

Трансгенная плазида BCMA CAR, называемая "плазмидой rLLV-LICAR2SIN", представляет собой плазмиду из 8518 пар нуклеотидов (п.н.), содержащую последовательности, кодирующие множество различных компонентов химерного антигенного рецептора (CAR) антигена созревания В-клеток (BCMA). Целевой трансген кПЦР был необходим только для того, чтобы обнаруживать присутствие плазмиды rLLV-LICAR2SIN и ее интеграцию в лекарственный препарат CAR T, а также то, что целевой участок должен принадлежать исключительно конструкту BCMA CAR. Для обеспечения специфичности целевого трансгена кПЦР были сконструированы пары праймеров и зондов, нацеленные на по меньшей мере одну сшивку между по меньшей мере двумя участками плазмиды rLLV-LICAR2SIN, кодирующими конструкт CAR. Во-первых, необходимо было идентифицировать подходящие участки в плазмиде rLLV-LICAR2SIN.

Наибольшие по длине в парах нуклеотидов (п.н.) кодирующие участки, которые интегрируются в геном лекарственного препарата CAR T и специфичны для конструкта CAR, принадлежат двум переменным участкам тяжелой цепи конструкта BCMA CAR. Такие два участка разделены короткой линкерной последовательностью. Участок нуклеотидной последовательности, соответствующий двум переменным участкам тяжелой цепи, и линкер вводили в программу Nucleotide Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) на сайте Национального центра биотехнологической информации (NCBI) (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), чтобы определить, могут ли эти участки быть подходящими целями для метода трансгенной кПЦР. Однако результаты BLAST указывали на множество совпадений для различных переменных участков иммуноглобулина среди многих видов, включая homo sapiens. Поэтому кодирующие участки для двух переменных компонентов тяжелой цепи CAR были определены как неподходящие мишени для метода трансгенной кПЦР.

Сшивка между участками CD137 и CD3z плазмиды rLLV-LICAR2SIN включена в участок плазмиды, который интегрирован в геном лекарственного препарата CAR T, и является компонентом BCMA CAR. По своей длине кодирующий участок CD3z плазмиды rLLV-LICAR2SIN является второй по длине в п.н. кодирующим участком сегмента CAR плазмиды, что делает его более подходящим целевым участ-

ком благодаря возможности использования большего числа потенциально подходящих пар праймеров и зондов, которые могут быть получены из большого кодирующего участка. Кодирующий участок CD3z является непосредственно смежной с кодирующим участком CD137 плазмиды. На противоположной стороне кодирующего участка CD137 находятся каркасные последовательности плазмиды, которые не являются специфичными для конструкта ВСМА CAR. Поэтому сшивка между CD137 и CD3z была единственным возможным вариантом, подходящим в качестве цели, если предполагалось включать большой кодирующий участок CD3z в праймеры и зонды при конструировании.

Для конструирования подходящих пар праймеров и зондов для тестирования в ходе разработки метода кПЦР использовали PrimerQuest® Tool от Integrated DNA Technologies, Inc. (IDT) (г. Коралвилл, штат Айова)(<https://www.idtdna.com/Primerquest/Home/Index>). Нуклеотидную последовательность плазмиды pLLV-LICAR2SIN, соответствующую кодирующим участкам CD137 и CD3z, вводили в PrimerQuest Tool. Оптимальную температуру плавления (Tm) задавали равной 60°C, и нуклеотиды, соответствующие сшивке между CD137 и CD3z, вводили в "Overlap Junction List", чтобы гарантировать, что и прямой, и обратный праймеры будут перекрывать эту сшивку. Результатом стали четыре пары праймеров и зондов (см. табл. 1). Две пары имели прямой праймер, охватывающий сшивку CD137/CD3z, и две пары имели обратный праймер, охватывающий сшивку. Затем корректировали параметры конструирования для ограничения структуры зонда так, чтобы он охватывал сшивку CD137/CD3z. В результате получили три дополнительных пары праймеров и зондов (см. табл. 1) - всего семь пар праймеров и зондов, подходящих для тестирования в ходе разработки метода кПЦР. Все 7 пар праймеров/зондов обрабатывали на сайте NCBI BLAST для проверки возможной перекрестной реактивности в геноме человека. Ни один из результатов применения BLAST для любой из 7 пар не указывал на возможность перекрестной реактивности.

Таблица 1
Пары праймеров и зондов, нацеленные на сшивку CD137/CD3z

Наименование набора олигонуклеотидов	Олигонуклеотиды	Последовательность (3'-5')	Длина продукта ПЦР (п.н.)
Трансген (FP) набор 1	Прямой	GGATGTGAACTGAGAGTGAAG (SEQ ID NO: 5)	104
	Обратный	TCCTCTCTCGTCCTAGATTG (SEQ ID NO: 6)	
	Зонд	TTATAGAGCTGGTTCTGGCCCTGC (SEQ ID NO: 4)	
Трансген (FP) набор 2	Прямой	TGAACTGAGAGTGAAGTTCAGCA (SEQ ID NO: 2)	93
	Обратный	CTTCGTCCTAGATTGAGCTCGT (SEQ ID NO: 3)	
	Зонд	AGCAGGGCCAGAACCAGCTCTATA (SEQ ID NO: 1)	
Трансген (RP) набор 1	Прямой	GGCAGAAAGAACTCCTGTAT (SEQ ID NO: 8)	129
	Обратный	CTTCACTCTCAGTTCACATCC (SEQ ID NO: 9)	
	Зонд	TCTTCTGGAAAATCGGCAGCTACAGC (SEQ ID NO: 7)	
Трансген (RP) набор 2	Прямой	CCAGTACAACTACTCAAGAGG (SEQ ID NO: 11)	90
	Обратный	GCTGAACTTCACTCTCAGTT (SEQ ID NO: 12)	
	Зонд	TCTTCTGGAAAATCGGCAGCTACAGC (SEQ ID NO: 10)	
Трансген (PRB) набор 1	Прямой	CTGCCGATTTCCAGAAGAAG (SEQ ID NO: 14)	132
	Обратный	TCCTCTCTTCGTCTAGATTG (SEQ ID NO: 15)	
	Зонд	AGAAGGAGGATGTGAACTGAGAGTGAAGT (SEQ ID NO: 13)	
Трансген (PRB) набор 2	Прямой	CTGTAGTGCCTGATTCC (SEQ ID NO: 17)	145
	Обратный	ATCGTACTCCTCTCTTCGTC (SEQ ID NO: 18)	
	Зонд	AGGAGGATGTGAACTGAGAGTGAAGT (SEQ ID NO: 16)	
Трансген (PRB) набор 3	Прямой	CTGCCGATTTCCAGAAGAAG (SEQ ID NO: 20)	132
	Обратный	TCCTCTCTTCGTCTAGATTG (SEQ ID NO: 21)	
	Зонд	AGGAGGATGTGAACTGAGAGTGAAGT (SEQ ID NO: 19)	

Примечание. FP = прямой праймер охватывает сшивку; RP = обратный праймер охватывает сшивку; PRB = зонд охватывает сшивку.

Три набора праймеров и зондов hALB использовали для тестирования в ходе разработки метода кПЦР (см. табл. 2). Один набор был взят из опубликованной статьи (S Charrier et al. Lentiviral vectors targeting WASp expression to hematopoietic cells, efficiently transduce and correct cells from WAS patients. Gene Therapy (2007) 14, 415-428.), второй был взят из способа анализа цифровой ПЦР, проведенного КИО, и в конечном счете не использовался, а третий набор был сконструирован с использованием PrimerQuest Tool и участка гена hALB, которая была выбрана в качестве целевой как в опубликованной статье, так и для наборов праймеров и зондов ССНМС hALB. Все 3 пары праймеров/зондов обрабатывали на сайте NCBI BLAST для проверки возможной перекрестной реактивности с любым не относящимся к hALB продуктом в геноме человека. Ни один из результатов применения BLAST для любой из 3 пар не указывал на возможность перекрестной реактивности.

Таблица 2
Пары праймеров и зондов hALB

Наименование набора олигонуклеотидов	Олигонуклеотиды	Последовательность (3'-5')	Длина продукта ПЦР (п.н.)
hALB набор 1	Прямой	TCATCTCTTGTGGGCTGTAATC (SEQ ID NO: 23)	123
	Обратный	TGCTGGTTCCTTTCACTGAC (SEQ ID NO: 24)	
	Зонд	AGGGAGAGATTTGTGTGGGCATGAC (SEQ ID NO: 22)	
hALB набор 2	Прямой	GCTGTCATCTTGTGGGCTGT (SEQ ID NO: 26)	139
	Обратный	ACTCATGGGAGCTGCTGGTTC (SEQ ID NO: 27)	
	Зонд	CCTGTCATGCCACACAAATCTCTCC (SEQ ID NO: 25)	
hALB набор 3	Прямой	CTGTCATGCCACACAAA (SEQ ID NO: 29)	95
	Обратный	ATAAGGCTATCCAAACTCATGG (SEQ ID NO: 30)	
	Зонд	CCCTGGCATTGTTGTCTTTGCAGA (SEQ ID NO: 28)	

Примечание. Набор 1 = набор hALB ССНМС; Набор 2 = набор hALB из опубликованной статьи; Набор 3 = набор hALB собственного конструирования.

Скрининг праймеров и зондов.

Проводили скрининг 7 различных наборов трансгенных праймеров и зондов и 3 различных наборов праймеров и зондов hALB посредством проведения обычных реакций кПЦР с лекарственным препаратом CAR T, имитационной ДНК Т-клетки в качестве образцов с добавкой плазмиды pLLV-LICAR2SIN и имитационной ДНК Т-клетки. Имитационную ДНК Т-клетки изолировали из Т-клеток, которые проходили такой же процесс селекции и амплификации, как и продукт CAR T до трансдукции лентивектором. Продукты кПЦР для CAR Т-клетки, имитационной Т-клетки, имитационной ДНК Т-клетки с добавкой плазмиды pLLV-LICAR2SIN и продукты кПЦР образца "контроля без матрицы" (NTC) анализировали на агарозном геле. Любой набор праймеров/зондов, который не приводил к формированию единственной полосы продукта ПЦР ожидаемой длины, исключали из дальнейшей разработки метода трансгенной кПЦР. Наличие полосы димера праймера ~25 п.н. также отмечалось во всех продуктах кПЦР, включая образец NTC, но эта полоса относится к ожидаемому производному продукту реакции кПЦР. Только наборы праймеров/зондов трансген (FP) набор 1 и трансген (RP) набор 2 давали ожидаемую целевую полосу, при этом в геле наблюдалось только две полосы <50 п.н. Одна из полос <50 п.н., вероятно, относилась к ожидаемым димерам праймера. Вторую полосу <50 п.н. невозможно четко различить в образце NTC, и не удалось определить, что могло быть возможным источником этой дополнительной полосы с низким молекулярным весом. На фиг. 1 представлены примеры гель-электрофоретического изображения по результатам обычного скринингового анализа праймеров/зонда. Только набор праймеров/зондов hALB набор 3 был исключен из дальнейшей разработки метода кПЦР по причине дополнительных неожиданных полос, наблюдавшихся в продуктах кПЦР для CAR T, имитационной Т-клетки и имитационной ДНК Т-клетки с добавлением образцов плазмиды. Для всех 3 наборов праймеров/зондов также наблюдали две полосы <50 п.н. Одна из полос <50 п.н., вероятно, относилась к ожидаемым димерам праймера. Вторая полоса <50 п.н. не была четко видна в образце NTC, и не удалось определить, что могло быть возможным источником этой дополнительной полосы с низким молекулярным весом. Однако в условиях этой одинаковой организации полос с низким молекулярным весом, наблюдавшейся также для всех наборов праймеров/зондов трансгена, и с учетом того, что оптимизация количества праймеров или зонда в реакциях и тестирование различных температур отжига не привели к исчезновению полосы, предполагалось, что эта дополнительная полоса является результатом присутствия урацил-ДНК-гликозилаз (UNG) в основной смеси кПЦР или следствием каких-либо других малозначимых производных продуктов кПЦР.

Следующей стадией процесса скрининга наборов праймеров/зондов трансгена был анализ 2 приемлемых наборов (FP набор 1 и RP набор 2) в реакциях мультиплексной кПЦР с двумя приемлемыми наборами праймеров/зондов hALB (набор 1 и набор 2) с использованием стандартной кривой. Стандартную кривую получали путем добавления к имитационной ДНК Т-клетки известной концентрации плазмиды pLLV-LICAR2SIN и выполнения пяти 5-кратных последовательных разбавлений этого образца имитационной Т-клетки с добавкой с использованием буфера TE с низким содержанием EDTA в качестве разбавителя. Образец для каждой точки стандартной кривой получали и замораживали в виде одноразовых аликвот. Оба набора трансгенных праймеров/зондов сначала тестируют с hALB набор 2 в мультиплексной кПЦР. Кроме того, анализировали ДНК CAR T и образец имитационной ДНК Т-клетки для оценки специфичности мультиплексной реакции. Ниже приведены критерии стандартной кривой, которым, как ожидалось, должны были соответствовать мишени как трансгена, так и hALB, чтобы быть приемлемыми для дальнейшей разработки метода трансгенной кПЦР: (1) $R^2 \geq 0,98$ и (2) эффективность кПЦР 90-110%. ДНК CAR T должна была демонстрировать измеримую амплификацию для мишеней как трансгена, так и hALB, тогда как образец имитационной ДНК Т-клетки должен был демонстрировать измеримую амплификацию только для мишени hALB и отсутствие амплификации для мишени трансгена, чтобы соответствовать требованиям специфичности анализа.

Мультиплексная реакция трансгена (FP) набор 1 и hALB набор 2 приводит к приемлемым результатам по R^2 на уровне $>0,98$ для мишеней как трансгена, так и hALB, но ни одна из стандартных кривых

для не приводит к эффективности кПЦР в приемлемом диапазоне. Мультиплексная реакция трансгена (RP) набор 2 и hALB набор 2 также продемонстрировал приемлемые результаты по R^2 на уровне $>0,98$ для мишеней как трансгена, так и hALB. Стандартная кривая трансгена также приводила к эффективности кПЦР в пределах приемлемого диапазона, но для стандартной кривой hALB это не наблюдалось. Мультиплексные реакции трансгена (FP) набор 1/hALB набор 2 и трансгена (RP) набор 2/hALB набор 2 продемонстрировали приемлемые результаты по специфичности, при этом в образце ДНК CAR T отмечается измеримая амплификация для обеих мишеней, и для имитационной ДНК T-клетки измеримая амплификация отмечалась только для мишени hALB, при этом для мишени трансгена амплификация не наблюдалась. Продукты мультиплексной кПЦР также анализировали на геле, чтобы выявить наличие нецелевых полос при проведении мультиплексной реакции двух наборов праймеров/зондов (см. пример изображения гель-электрофореза на фиг. 2). Для любой из мультиплексных реакций в результатах гелей не наблюдалось никаких неожиданных полос. Было принято решение провести тест стандартной кривой в обычных реакциях, чтобы определить возможность влияния мультиплексности реакции на эффективность кПЦР. С учетом того, что в мультиплексной реакции в приемлемом диапазоне была только эффективность реакции трансгена (RP) набор 2, в обычной реакции тестировали только наборы праймеров/зондов трансгена (RP) набор 2 и hALB набор 2. Обычная реакция для трансгена (RP) набор 2 приводила к снижению эффективности кПЦР, которая оказывалась за пределами приемлемого диапазона. Обычная реакция для hALB набор 2 приводила к повышению эффективности кПЦР, которая оказывалась в пределах приемлемого диапазона. Ни попытки оптимизировать концентрации праймеров/зондов обоих целевых наборов олигонуклеотидов, ни использование более высокой температуры отжига не улучшали эффективности любой стандартной кривой мишени в мультиплексных реакциях. Затем проводили мультиплексные реакции для обоих приемлемых наборов праймеров/зондов трансгена с праймерами/зондами hALB набор 1.

Сначала проводили мультиплексную реакцию трансгена (FP) набор 1 и hALB набор 1 и получали $R^2 > 0,98$ для стандартной кривой только hALB. Для стандартной кривой мишени трансгена R^2 составлял $< 0,97$. Стандартные кривые мишеней как трансгена, так и hALB демонстрировали эффективность вне приемлемого диапазона, и у мишени трансгена наблюдалась меньшая эффективность, чем в случае мультиплексной реакции с праймерами/зондами hALB набор 2. Обычная реакция hALB набор 1 демонстрировала $R^2 \geq 0,98$ и приводила к аналогичной эффективности, которая отмечалась в мультиплексной реакции. Новую стандартную кривую строили по 5 точкам в рамках схемы 4-кратного разбавления и с использованием меньшего количества плазмиды pLLV- LICAR2SIN и имитационной ДНК T-клетки в стандарте № 1. Такой подход использовали в рамках попытки повысить эффективности кПЦР за счет возможного разбавления любых потенциальных ингибиторов ПЦР, которые могли присутствовать в исходной имитационной ДНК T-клетки, а также за счет снижения количества имитационной ДНК T-клетки, необходимого для получения более крупных партий и стандартов. Как приемлемые наборы праймеров/зондов трансгена, так и набор праймеров/трансгена hALB набор 1 впоследствии тестировали в мультиплексных реакциях с использованием этой новой стандартной кривой. Значения R^2 и эффективности для обеих стандартных кривых как трансгена, так и hALB хорошо укладывались в приемлемый диапазон для мультиплексной реакции трансген (FP) набор 1/ hALB набор 1 и мультиплексной реакции трансген (RP) набор 2/hALB набор 1 с использованием новой стандартной кривой. Проводили также анализ продуктов мультиплексной реакции кПЦР на геле, чтобы убедиться в отсутствии нецелевых полос (см. фиг. 3). Во всех мультиплексных реакциях нецелевые полосы отсутствовали. Несмотря на близкие показатели эффективности между мультиплексными реакциями двух наборов трансгенных праймеров/зондов, форма кривых амплификации мишени трансгена для мультиплексной реакции трансгена (RP) набор 2/hALB набор 1 была более характерна для типичной сигмоидной кривой с более выраженным верхним плато, чем для мультиплексной реакции трансген (FP) набор 1/hALB набор 1 (см. фиг. 4). Поэтому наборы праймеров/зондов трансген (RP) набор 2 и hALB набор 1 были выбраны для дальнейшей разработки метода трансгенной кПЦР.

Устранение проблем воспроизводимости эффективности.

Мультиплексную реакцию трансген (RP) набор 2/hALB набор 1 с использованием схемы новой стандартной кривой повторяли, чтобы определить воспроизводимость приемлемых результатов для R^2 и эффективностей. Однако соответствие стандартной кривой для обеих мишеней как трансгена, так и hALB для повторного анализа составляло всего лишь 88% и 89% соответственно. Попытка оптимизировать концентрации праймеров/зондов для обеих мишеней незначительно улучшила эффективность для обеих мишеней, но эксперименты с увеличением температуры отжига и применение энхансеров ПЦР DMSO, TMAС и бетаина не приводило к таким результатам. В то же время исследовали воспроизводимость результатов по эффективности, и возникал вопрос, можно ли увеличить диапазон VCN/клетка, охватываемый стандартной кривой 4-кратного разбавления, чтобы снизить возможный предел количественного определения при анализе. Поэтому проводили мультиплексные реакции с использованием пяти замороженных образцов стандартных точек 4-кратного разбавления, а также получали стандартную кривую из пяти точек 5-кратного разбавления замороженного стандарта № 1. Впоследствии в мультиплексной реакции кПЦР одновременно получали две стандартные кривые. Для стандартной кривой 4-кратного

разбавления получали эффективности 94% и 91% для мишенной трансгена и hALB соответственно. Для стандартной кривой 5-кратного разбавления получали эффективности 102% и 99% для мишенной трансгена и hALB соответственно. Предполагалось, что увеличение эффективности, наблюдавшееся в стандартной кривой 5-кратного разбавления по сравнению с 4-кратным, могло быть следствием повышенной варьированности в нижних точках стандартной кривой в случае, когда такие нижние точки стандартной кривой относятся к замороженным образцам, по сравнению с разбавлением замороженного стандарта № 1, чтобы получить свежие стандарты № 2-5 непосредственно перед получением кривой в ходе анализа.

Кривые 4-кратного и 5-кратного разбавления повторяли, чтобы убедиться в том, что эффективности по-прежнему демонстрировали улучшение для 5-кратной "свежей" стандартной кривой по сравнению с точками 4-кратной "замороженной" стандартной кривой. При повторном анализе для стандартной "замороженной" кривой 4-кратного разбавления получали эффективности 94% и 88% для мишенной трансгена и hALB соответственно. Для стандартной "свежей" кривой 5-кратного разбавления получали эффективности 102% и 99% для мишенной трансгена и hALB соответственно. Проводили дополнительные анализы, чтобы дополнительно удостовериться в воспроизводимости таких результатов сравнения "замороженной" и "свежей" стандартных кривых (см. фиг. 5). Было определено, что основная причина проблем варьированности, наблюдаемой для эффективностей стандартной кривой, была связана с использованием точек "замороженной" стандартной кривой. Поэтому было принято решение готовить только стандарт № 1 и замораживать его в виде одноразовых аликвот. Такой замороженный стандарт № 1 в дальнейшем будет использован для получения свежих стандартов № 2-5 непосредственно перед проведением любого анализа. Было также определено, что для расширения диапазона VCN/клетка в анализе в дальнейшем будет использована стандартная кривая 5-кратного разбавления.

Устранение проблем расхождений VCN/клетка при проведении кцПЦР.

Анализ проводили для сбора данных, а также для приготовления по меньшей мере первых 6 партий материала. В анализе VCN/клетка использовали мишени участков промотора RU5 каркаса плазмиды pLLV-LICAR2SIN [Авторы изобретения: нужна ли дополнительная более подробная информация для описания таких участков, или приведенные данные достаточно конкретны для специалиста в данной области?]. Метод трансгенной кПЦР призван заменить такой каркасный метод, поскольку существует нормативное требование о том, что для клеточной терапии мишенью анализа VCN/клетка кПЦР должен быть трансгенный участок плазмиды CAR. Поэтому требовалось, чтобы результаты метода VCN/клетка были сопоставимы с результатами метода трансгенной кПЦР. В методе трансгенной кПЦР тестировали геномную ДНК из CAR T и сравнивали с результатами для образца LB_12. Проводили кцПЦР для трансгенных стандартов и контрольных образцов, чтобы определить точность установленных значений числа копий трансгена и hALB. Также проводили кцПЦР образца LB_12 ДНК, чтобы определить истинное значение VCN/клетка.

В реакции кцПЦР использовали праймеры/зонды трансгена (RP) набор 2 и hALB набор 1 в основной смеси BioRad Supermix for Probes для кцПЦР. Использовали условия термоциклирования, рекомендованные в наборе Supermix. В соответствии с рекомендациями для получения наиболее точных результатов кцПЦР было необходимо ферментативное расщепление ДНК, поэтому к основной смеси добавляли EcoRI. Было подтверждено, что EcoRI осуществляет лишь однократное расщепление плазмиды pLLV-LICAR2SIN и не расщепляет участок амплификации в мишенях трансгена или hALB. Результаты кцПЦР подтвердили, что трансгенные стандарты и контрольные образцы для копий трансгена и hALB были выбраны верно, но результат для LB_12 был в большей степени сопоставим с результатом для RU5 VCN/клетка. Было непонятно, почему трансгенные стандарты и контрольные образцы были правильными, тогда как кцПЦР определила, что результаты для VCN/клетка по результатам кПЦР для LB_12 оказались неточными. Поэтому использовали ферменты, которые расщепляют плазмиду pLLV-LICAR2SIN более одного раза, полагая, что меньшие фрагменты ДНК для гДНК LB_12 могут обеспечить более точные результаты. Опробовали два дополнительных фермента, один с двукратным расщеплением, а второй с трехкратным расщеплением, но результаты VCN/клетка в кцПЦР не изменились. Поэтому было проведено ферментативное расщепление нескольких образцов ДНК CAR T и двух трансгенных контрольных образцов, остановка реакции и трансгенная кПЦР ДНК вместе с нерасщепленными стандартами, контрольными образцами и образцами CAR T. Результаты VCN/клетка для расщепленных контрольных образцов были в ~3,8 раза выше результатов VCN/клетка для нерасщепленных образцов, тогда как для расщепленных образцов CAR T результаты VCN/клетка были в ~1,3 раза ниже результатов для нерасщепленных образцов CAR T. Эти результаты поставили под сомнение необходимость линеаризации плазмиды pLLV-LICAR2SIN, чтобы получить точные результаты VCN/клетка для образцов.

Линеаризацию плазмиды pLLV-LICAR2SIN проводили посредством расщепления плазмиды с использованием фермента EcoRI. Ферментативное расщепление останавливали и проводили количественное определение линеаризованной плазмиды. Линеаризованную плазмиду разбавляли до соответствия числу копий трансгена в стандартной кривой трансгена 5-кратного разбавления и проводили анализ трансгенной кПЦР. Анализ также проводили для ДНК LB_12 CAR T, и рассчитывали данные VCN/клетка по результатам для кольцевой (нерасщепленной) и линеаризованной стандартной кривой. Значения C_t для точек линеаризованной стандартной кривой были в ~2 раз ниже, чем для точек нерасще-

пленной стандартной кривой (см. фиг. 6). Кроме того, полученные для LB_12 результаты VCN/клетка, рассчитанные из линеаризованной стандартной кривой, были сопоставимы с полученными в кПЦР, а также с полученными в дополнительном методе RU5 кПЦР, тогда как результаты VCN/клетка, рассчитанные по кольцевой (нерасщепленной) стандартной кривой, были в ~4 раз выше. Таким образом, подтвердилась необходимость в линеаризации плазмиды pLLV-LICAR2SIN, чтобы получить точные результаты для VCN/клетка. Было получено две партии стандарта и контрольных образцов линеаризованной плазмиды, одна крупная партия для использования в качестве партии согласно Правилам производства и контроля качества лекарственных средств (GMP) для контроля готовой продукции клинической партии и любого другого GMP исследования, и одна меньшая партия для использования при обучении специалистов по анализу и в любой не связанной с GMP деятельности.

Линейность постоянного количества ДНК, присущая образцу.

Образец ДНК разбавляли до концентрации 0,02 мкг/мл и проводили анализ кПЦР для 5 мкл для всего 100 нг ДНК на каждую реакцию. Можно проводить анализ непосредственно для образцов с исходными концентрациями <0,02 мкг/мл, но приемлемый диапазон для копий hALB должен быть скорректирован исходя из количества ДНК, вводимого в реакцию. Стандартную кривую получали для начальной концентрации имитационной ДНК Т-клетки 0,05 мкг/мл и разбавляли буфером TE с низким содержанием EDTA, чтобы получить стандартную кривую для мишеней как трансгена, так и hALB (см. табл. 3). Для обеспечения сохранения линейности анализа в приемлемом диапазоне в случае, если стандартную кривую строили при постоянном количестве имитационной гДНК Т-клетки, характерном для данного образца, получали характеризующую стандартную кривую для имитационной ДНК Т-клетки в концентрации 0,02 мкг/мл и с последовательными разбавлениями 0,02 мкг/мл имитационной ДНК Т-клетки (см. табл. 4). Эту стандартную кривую впоследствии анализировали одновременно с обычной стандартной кривой, чтобы убедиться в линейности анализа (см. фиг. 7). Также строили график логарифма наблюдаемых копий в зависимости от ожидаемых копий, чтобы удостовериться в том, что измеренные результаты числа трансгенных копий для характеризующей стандартной кривой приводили к линейной зависимости с $R^2 \geq 0,98$ (см. фиг. 8).

Характеризующая стандартная кривая продемонстрировала по-прежнему существующую возможность точного количественного определения числа трансгенных копий при концентрации ДНК, соответствующей обычным концентрациям в образце (0,02 мкг/мл).

Таблица 3
Стандартная кривая кПЦР трансгена

Стандарт №	Объем предыдущего стандарта (мкл)	Объем буфера TE (мкл)	Кратность разбавления	Копии трансгена	Копии hALB
1	Н/П	Н/П	Н/П	121212,121	75757,576
2	5	20	5	24242,424	15151,515
3	5	20	5	4848,485	3030,303
4	5	20	5	969,697	606,061
5	5	20	5	193,939	121,212

Таблица 4
Характеризующая стандартная кривая кПЦР трансгена

Стандарт №	Объем предыдущего стандарта (мкл)	Объем имитационной ДНК при 0,02 мкг/мл (мкл)	Кратность разбавления	Число трансгенных копий	Число копий hALB
1	Н/П	Н/П	Н/П	121212,121	30303,030
2	5	20	5	24242,424	30303,030
3	5	20	5	4848,485	30303,030
4	5	20	5	969,697	30303,030
5	5	20	5	193,939	30303,030

Аттестация метода.

Аттестацию метода трансгенной кПЦР осуществляли в соответствии с руководящими указаниями Международной конференции по гармонизации (ICH) и MIQE (требованиями по минимальной информации для публикации данных экспериментов количественной ПЦР в реальном времени). Для проведения аттестации метода проводили три анализа. Проведенный анализ удовлетворял критериям соответствия для всех параметров аттестации метода, установленных в протоколе аттестации метода. В табл. 5 приведены параметры аттестации метода, критерии соответствия и результаты аттестации (см. пример 2).

Таблица 5

Сводные данные по аттестации метода трансгенной мультиплексной кПЦР

Параметр	Критерии соответствия	Результаты
Воспроизводимость	% CV результатов трех измерений VCN/клетка для среднего и слабого контролей анализа для каждого достоверного аттестационного анализа должен составлять $\leq 30\%$.	Средний контроль (2,00 VCN/клетка): 4–6% Слабый контроль (0,20 VCN/клетка): 4–6%
Внутрилабораторная воспроизводимость	% CV результатов измерений VCN/клетка для среднего и слабого контролей анализа для всех достоверных аттестационных анализов должен составлять $\leq 30\%$.	Средний контроль (2,00 VCN/клетка): 4% Слабый контроль (0,20 VCN/клетка): 6%
Специфичность (имитационная ДНК Т-клетки)	Все значения Ct повторных измерений для имитационной ДНК Т-клетки должны относиться к категории «не определяется» для мишени трансгена, и при этом для каждого достоверного аттестационного анализа среднее число копий hALB должно находиться в пределах 21 212–39 394.	Мишень трансгена: для каждого анализа все значения Ct повторных измерений относились к категории «не определяется». Мишень hALB: среднее число копий hALB находилось в диапазоне 28 719–29 611.
Специфичность (ДНК CAR T)	Все повторные измерения ДНК CAR T должны демонстрировать количественно определяемый результат трансгена, и при этом для каждого достоверного аттестационного анализа среднее число копий hALB должно находиться в пределах 21 212–39 394.	Мишень трансгена: все значения числа копий были определяемы количественно и находились в диапазоне 4592,801–5153,907. Мишень hALB: среднее число копий hALB находилось в диапазоне 31 552–33 725.
Диапазон (мишень трансгена)	Диапазон определяется как диапазон числа копий, охватываемый стандартной кривой по 5 точкам, при условии, что мишень трансгена удовлетворяет всем критериям в отношении точности, линейности и внутрилабораторной воспроизводимости.	Диапазон: 193,939–121 212,121 копий
Диапазон (мишень hALB)	Диапазон определяется как диапазон числа копий, который охватывает стандартная кривая по 5 точкам, при условии, что мишень hALB соответствует всем критериям точности, линейности и внутрилабораторной воспроизводимости.	Диапазон: 121,212–75 757,576 копий
LOQ (мишень трансгена)	Предел количественного определения (LOQ) определяется как результат для числа копий трансгена для образца с наименьшим LOQ, для которого должен наблюдаться % CV $\leq 20\%$ для результата среднего числа копий трансгена и результатов среднего VCN/клетка, а также % извлечения в пределах 70–130% для результата среднего числа копий трансгена и результата среднего VCN/клетка для каждого достоверного аттестационного анализа.	LOQ: число копий трансгена образца LOQ 0,02 VCN/клетка составляет 303,030.
LOQ (мишень hALB)	LOQ определяется как значение числа копий стандарта № 5, при условии, что мишень hALB соответствует всем критериям точности, линейности и внутрилабораторной воспроизводимости.	LOQ: 121,212 копий

Пример 2. Метод трансгенной кПЦР.

1.0. Цель.

1.1. В настоящем примере представлен вариант процедуры проведения анализа с помощью количественной ПЦР в реальном времени (кПЦР) для количественного определения плазмиды LiCAR, интегрированной в продукт CAR T. Анализ проводят в форме мультиплексной кПЦР, где в качестве мишени выступает сшивка между участками CD137 и CD3z плазмиды LiCAR, а также человеческий альбумин (референсный ген).

2.0. Область применения.

2.1. Этот метод может быть применен к CAR T-клеткам после сбора клеток непосредственно до подготовки состава дозы для определения следующих параметров.

2.1.1. Число копий вектора.

2.1.2. Эффективность трансдукции.

- 2.1.3. Идентичность экспрессии LiCAR.
- 3.0. Определения и сокращения.
- 3.1. LOQ (предел количественного определения).
- 3.2. NTC (контроль без матрицы).
- 3.3. Ct (порог цикла).
- 3.4. CV (коэффициент вариации).
- 3.5. SD (стандартное отклонение).
- 3.6. hALB (человеческий альбумин).
- 3.7. BCMA (антиген созревания В-клеток).
- 3.8. VCN (число копий вектора).
- 4.0. Оборудование.
- 4.1. Центрифуга, способная центрифугировать 96-луночные планшеты ПЦР (например: Beckman Coulter, Allegra X-14R с ротором SX4750 и поворотным держателем для 96-луночного планшета).
- 4.2. Система для ПЦР в реальном времени QuantStudio 6.
- 4.3. Морозильная камера с температурой -70°C .
- 4.4. Морозильная камера с температурой -20°C .
- 4.5. Калиброванные 8- или 12-канальные пипетки (20, 50 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.
- 4.6. Калиброванные одноканальные пипетки (20, 100, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.
- 4.7. Холодильник или холодильная камера, способные поддерживать температуру $2-8^{\circ}\text{C}$.
- 4.8. Программное обеспечение QuantStudio PCR вер. 1.3 или выше.
- 4.9. Вихревая мешалка.
- 4.10. Бокс биологической безопасности.
- 5.0. Материалы.
- Примечание. Материалы с оговоркой "например" могут быть заменены аналогичными материалами без предварительной сертификации. Для материалов с оговоркой "или эквивалент" до использования для тестирования образцов необходимо подтвердить эквивалентность альтернативной замены.
- 5.1. Вода без ДНКаз/РНКаз, например: Invitrogen кат. № 10977015.
- 5.2. Основная смесь TaqPath ProAmp, ThermoFisher кат. № A30866 или эквивалент.
- 5.3. Сертифицированная партия трансгена BCMA и праймеры и зонды ALB, специально созданные последовательности от IDT или эквивалент.
- 5.4. Сертифицированная партия трансгена BCMA стандарт № 1.
- 5.5. Сертифицированная партия среднего и слабого контроля трансгена BCMA.
- 5.6. 1X буфер TE с низким содержанием EDTA, pH 8,0, без РНКаз/ДНКаз, например: Quality Biological кат. № 351-324-721.
- 5.7. Центрифужные пробирки 0,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431005.
- 5.8. Центрифужные пробирки 1,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431021.
- 5.9. Центрифужные пробирки 2 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431048.
- 5.10. Центрифужные пробирки 5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 0030119460.
- 5.11. Наконечники пипеток, стерильные, с фильтром (20, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: Rainin кат. № 30389226, 30389240, 30398213.
- 5.12. 96-луночные планшеты для ПЦР, Applied Biosystems, кат. № 4483343, 4483354, 4483349, 4483350, 4483395 или эквивалент.
- 5.13. Оптическая адгезивная пленка Micro Amp, Applied Biosystems, кат. № 4311971 или эквивалент.
- 5.14. Емкости для реагентов без РНКаз/ДНКаз, например: VistaLabs кат. № 3054-1002.
- 6.0. Меры предосторожности.
- 6.1. При работе в лаборатории использовать надлежащие СИЗ.
- 6.2. При работе с опасными химическими веществами следовать специальным инструкциям для конкретных условий работы. Более подробную информацию см. в паспорте безопасности производителя.
- 6.3. Все стадии отбора проб пипетками необходимо осуществлять с использованием асептических методик в боксе биологической безопасности. Проводящим анализ рекомендуется использовать одноразовые нарукавники при выполнении всех стадий процедуры, чтобы свести к минимуму риск загрязнения любых материалов или реагентов.
- 7.0. Процедура.
- 7.1. Приготовить аликвоту каждого из перечисленных ниже компонентов.
- 7.1.1. Прямой праймер трансгена BCMA рабочий исходный раствор 10 мкМ.
- 7.1.2. Обратный праймер трансгена BCMA рабочий исходный раствор 10 мкМ.

- 7.1.3. Зонд трансгена ВСМА рабочий исходный раствор 10 мкМ.
 7.1.4. Прямой праймер hALB рабочий исходный раствор 10 мкМ.
 7.1.5. Обратный праймер hALB рабочий исходный раствор 10 мкМ.
 7.1.6. Зонд hALB рабочий исходный раствор 10 мкМ.
 7.1.7. Сертифицированный стандарт № 1 трансгена ВСМА для кПЦР.
 7.1.8. Сертифицированный средний контроль 2,00 копии/клетка трансгена ВСМА для кПЦР.
 7.1.9. Сертифицированный слабый контроль 0,20 копии/клетка трансгена ВСМА для кПЦР.
 7.2. Получить мультиплексную основную смесь для соответствующего числа реакций в соответствии с табл. 6. Можно внести дополнительные добавочные реакции, включая больше образцов, чем фактически будет проанализировано. Например, если будет проанализировано 10 образцов, но требуется более 10 добавочных реакций, которые уже включены в расчеты в табл., следует указать, что будет проанализировано 11 образцов (т.е. N=11). Каждый дополнительный образец будет увеличивать объем для 3 реакций.

Таблица 6
Композиция основной смеси

Реагент	Объем для N образцов (мкл)*	Конечная концентрация в 25 мкл суммарной реакции
Основная смесь TaqPath ProAmp	12,5 x (34 + 3N)	1X
Вода без ДНКаз/РНКаз	5,625 x (34 + 3N)	Н/П
Прямой праймер трансгена (10 мкМ)	0,25 x (34 + 3N)	100 нМ
Обратный праймер трансгена (10 мкМ)	0,25 x (34 + 3N)	100 нМ
Зонд трансгена FAM (10 мкМ)	0,5 x (34 + 3N)	200 нМ
Прямой праймер hALB (10 мкМ)	0,1875 x (34 + 3N)	75 нМ
Обратный праймер hALB (10 мкМ)	0,1875 x (34 + 3N)	75 нМ
Зонд hALB HEX (10 мкМ)	0,5 x (34 + 3N)	200 нМ

* Формула представляет собой объем компонента, необходимый для одной реакции 25 мкл, помноженный на сумму 24 лунок стандартов/контролей плюс 10 добавочных реакций (34) и 3* число образцов (по 3 лунки реакции на образец).

7.3. Пробирку с основной смесью в течение непродолжительного времени перемешивать в вихревой мешалке и отставить.

7.4. Приготовить стандарты № 2-5 с использованием буфера ТЕ с низким содержанием EDTA в соответствии с табл. 7. Перед тем как переходить к следующей стадии разбавления, обязательно перемешивать каждый разбавленный образец в течение непродолжительного времени.

Таблица 7
Построение стандартной кривой 5-кратного разбавления по 5 точкам

Стандарт №	Объем предыдущего стандарта (мкл)	Объем буфера ТЕ (мкл)	Кратность разбавления	Копии трансгена	Копии hALB
1	Н/П	Н/П	Н/П	121212,121	75757,576
2	5	20	5	24242,424	15151,515
3	5	20	5	4848,485	3030,303
4	5	20	5	969,697	606,061
5	5	20	5	193,939	121,212

7.5. Еще раз перемешать раствор основной смеси в течение непродолжительного времени в вихревой мешалке и перенести пипеткой смесь в резервуар для реагента.

7.6. С помощью многоканальной пипетки перенести 20 мкл основной смеси в соответствующие лунки 96-луночного планшета для ПЦР (см. фиг. 9).

7.7. Загрузить 5 мкл стандартов, контролей и образец ДНК в соответствующие лунки 96-луночного планшета для ПЦР с помощью одноканальной пипетки в соответствии с расположением областей в планшете на фиг. 9. Загрузить 5 мкл буфера ТЕ с низким содержанием EDTA в лунки NTC.

7.8. Запечатать планшет оптической липкой пленкой и непродолжительно центрифугировать в течение при ~300×g.

7.9. Установить планшет для ПЦР в приборе ПЦР.

7.10. Открыть файл "Assay Template.edt", выбрать "Save As", ввести соответствующее имя для эксперимента кПЦР и сохранить как файл.eds. Не перезаписывать файл шаблона.

7.11. Задать имя эксперимента в поле имени.

7.12. Проверить, что Experiment Properties заданы в соответствии с приведенным ниже, а условия

термоциклирования (закладка Run Method) заданы верно в соответствии с приведенными в табл. 8 для реакционного объема 25 мкл.

7.12.1. Тип прибора: QuantStudio 6 Flex System.

7.12.2. Тип планшета: 96-луночный (0,2 мл).

7.12.3. Тип эксперимента: стандартная кривая.

7.12.4. Реагент обнаружения: TaqMan Reagents.

7.12.5. Свойства прибора: стандартные.

Таблица 8
Условия термоциклирования

Этап 1	Этап 2	Этап 3 (40 циклов)	
50 °С	95 °С	95 °С	60 °С
2 мин	10 мин	15 сек	1 мин
Активация UNG	Активация полимеразы	Денатурация/плавление	Отжиг/удлинение

7.13. Выбрать запуск и кликнуть по серийному номеру прибора для проведения анализа.

8.0. Анализ данных.

8.1. Использовать автоматическую коррекцию исходной линии и функцию автоматического Ct в программном обеспечении для анализа данных, нажав "Analyze". Затем нажать "Save" для сохранения результатов анализа.

8.2. Напечатать отчет в формате PDF и включить его в документацию анализа.

8.3. Произвести расчет трех измерений VCN/клетка для каждого образца и положительного контроля следующим образом.

$$VCN/клетка = \left(\frac{\text{Количество трансгена}}{\text{Количество hALB}} \right) \cdot 2$$

8.4. Произвести расчет среднего, стандартного отклонения и % CV по трем измерениям VCN/клетка для каждого образца и положительного контроля.

9.0. Критерии соответствия для анализа.

9.1. Критерии соответствия для анализа.

9.1.1. Значение R2 стандартных кривых для трансгена и hALB должно составлять $\geq 0,97$.

9.1.2. Наклон стандартной кривой должен находиться в пределах от -3,585 до -3,104 (эквивалентно эффективности ПЦР 90,08-109,97%).

9.1.3. Ни одно значение Ct повторных измерений для любого из стандартов не может относиться к категории "не определяется".

9.1.4. Все значения Ct повторных измерений NTC должны относиться к категории "не определяется" для мишеней как трансгена, так и hALB.

9.1.5. Среднее значение Ct для стандарта № 1 должно быть $< 23,0$ для мишени трансгена и $< 22,0$ для мишени hALB.

9.1.6. Значения SD для Ct для каждого стандарта должны быть $\leq 0,60$ для мишеней как трансгена, так и hALB.

9.1.7. Среднее число копий hALB для среднего и слабого контроля должно составлять 30 303,030 копий $\pm 30\%$ (ожидаемый диапазон: 21 212,121-39 393,939 копий).

9.1.8. Средний результат VCN/клетка для среднего контроля 2,00 VCN/клетка и слабого контроля 0,20 VCN/клетка должен составлять $\pm 35\%$ целевого значения VCN/клетка для каждого контроля.

9.1.9. % CV для повторных измерений среднего и слабого положительных контролей VCN/клетка должен составлять $\leq 20\%$.

9.1.10. В случае несоответствия по любому из перечисленных выше критериев анализ является недостоверным.

9.2. Критерии соответствия для образца.

9.2.1. Среднее число копий hALB для каждого образца должно составлять 30 303,030 копий $\pm 30\%$ (ожидаемый диапазон: 21 212,121-39 393,939 копий).

9.2.1.1. Если концентрация образца гДНК составляет $< 0,02$ мкг/мл, произвести расчет ожидаемого числа копий hALB для этого образца, исходя из количества ДНК, фактически введенного в реакции.

Пример. Концентрация образца гДНК составляет 0,01 мкг/мл. (5 мкл)(0,01 мкг/мкл) = 0,05 мкг = 50 нг образца гДНК на каждую реакцию (50 нг ДНК)(1 копия ALB / 0,0033 нг гДНК) = 15 152 копий ALB. Ожидаемый диапазон: 10 606-19 697 копий ALB.

9.2.2. Значения копий мишени hALB по результатам трех измерений для образца должны находиться в пределах диапазона Ct, который охватывает стандартная кривая hALB. Диапазон Ct определяется как наименьшее значение Ct трех измерений стандарта № 1 и наибольшее значение Ct трех измерений стандарта № 5.

9.2.3. Значения копий мишени трансгена по трем измерениям образца должны быть выше LOQ ко-

пий трансгена 303,030.

9.2.3.1. Если 1 или более повторных измерений образца для мишени трансгена меньше, чем LOQ трансгена, составляющего 303,030 копий, следует указывать, что образец ниже LOQ.

9.2.4. Если 1 или более повторных измерений образца для мишени трансгена меньше наименьшего значения St трансгена для стандарта № 1, следует указывать, что образец выше диапазона стандартной кривой, образец невозможно определить количественно. Например, если значения St трансгена для образца составляют 20,1, 19,9 и 20,2, но наименьшее значение St трансгена, достигнутое в стандарте № 1 составляет всего лишь 20,0, тогда повторное измерение образца 19,9 не может быть точно определено количественно, а потому данный образец должен быть промаркирован как "выше диапазона стандартной кривой, образец невозможно определить количественно". При невозможности количественного определения образца уведомить руководство и ответственного за проведение исследования.

9.2.5. % CV повторных измерений VCN/клетка образца должен составлять $\leq 20\%$.

Примечание. % CV не оценивают для образцов с повторными измерениями ниже LOQ или для образцов с невозможностью количественного определения.

9.2.6. Для любого образца, у которого все значения числа копий трансгена для всех трех повторных измерений выше LOQ и отвечающего всем приведенным выше критериям соответствия, будут приведены средние значения VCN/клетка до 2 десятичных разрядов (например: 2,02 VCN/клетка).

9.2.7. Любой образец, который не соответствует всем перечисленным выше критериям соответствия, является недостоверным.

Выделение, аттестация и разбавление геномной ДНК.

1.0. Цель.

1.1. Описан пример процедуры для выделения и количественного определения гДНК для CAR T образцов или имитационных суспензий T-клеток или замороженных конгломератов клеток.

2.0. Область применения.

2.1. Описана процедура для выделения гДНК из:

2.1.1. Образцов CAR T-клеток после сбора, поставляемых в виде замороженных конгломератов клеток или суспензии свежих клеток.

2.1.2. Имитационных T-клеток, поставляемых в виде замороженных конгломератов клеток или суспензии свежих клеток.

3.0. Оборудование.

3.1. Центрифуга, способная центрифугировать микроцентрифужные пробирки 1,5 мл и 5 мл (например: Beckman Coulter, Allegra X-14R с ротором SX4750 для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл).

3.2. Флуориметр Qubit 4, Invitrogen кат. № Q33226.

3.3. Морозильная камера с температурой -70°C .

3.4. Морозильная камера с температурой -20°C .

3.5. Калиброванные одноканальные пипетки (20, 100, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

3.6. Термоблок, способный поддерживать температуру 55°C и подходящий для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл и 2 мл.

3.7. Холодильник или холодильная камера, способные поддерживать температуру $2-8^{\circ}\text{C}$.

3.8. Вихревая мешалка.

3.9. Бокс биологической безопасности.

4.0. Материалы.

Примечание. Материалы с оговоркой "например" могут быть заменены аналогичными материалами без предварительной сертификации. Для материалов с оговоркой "или эквивалент" до использования для тестирования образцов следует подтвердить эквивалентность альтернативной замены.

4.1. Вода без ДНКаз/РНКаза, например: Invitrogen кат. № 10977015.

4.2. Среда RPMI 1640 с L-глутамином и 25 mM HEPES, например: Corning кат. № 10-041-CV.

4.3. 1X буфер TE с низким содержанием EDTA, pH 8,0, без РНКаз/ДНКаз, для молекулярной биологии, например: Quality Biological кат. № 351-324-721.

4.4. Этанол 200 спиртовых градусов (96-100%) для молекулярной биологии, например: Decon Labs кат. № 3616EA.

4.5. 10X фосфатно-солевой буферный раствор (PBS) для молекулярной биологии, например: Affymetrix кат. № 75889.

4.6. Мининабор для геномной ДНК PureLink, Invitrogen кат. № K182001.

4.7. Аналитические пробирки Qubit™, Invitrogen™ кат. № Q32856 (Invitrogen, г. Карлсбад, штат Калифорния).

4.8. Набор для анализа Qubit dsDNA BR, Invitrogen кат. № Q328350.

4.9. Центрифужные пробирки 0,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431005.

4.10. Центрифужные пробирки 1,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. №

022431021.

4.11. Центрифужные пробирки 2 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431048.

4.12. Центрифужные пробирки 5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 0030119460.

4.13. Конические пробирки 15 мл, стерильные, например: Corning кат. № 431470.

4.14. Наконечники пипеток, стерильные, с фильтром (20, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: Rainin кат. № 30389226, 30389240, 30398213.

5.0. Меры предосторожности.

5.1. При работе в лаборатории использовать надлежащие СИЗ.

5.2. При работе с опасными химическими веществами следовать специальным инструкциям для конкретных условий работы. Более подробную информацию см. в паспорте безопасности производителя.

5.2. Все стадии отбора проб пипетками необходимо осуществлять с использованием асептических методик в боксе биологической безопасности. Проводящим анализ рекомендуется использовать одноразовые наконечники при выполнении всех стадий процедуры, чтобы свести к минимуму риск загрязнения любых материалов или реагентов.

6.0. Процедура.

6.1. При вскрытии нового набора для геномной ДНК PureLink обязательно добавить этанол во флаконы Wash Buffer 1 и Wash Buffer 2 в соответствии с инструкциями на этикетке каждого флакона. Хорошо перемешать содержимое флаконов после добавления этанола и указать на каждой этикетке, что этанол уже был добавлен. Вместе с отметкой о добавлении этанола указать инициалы и дату добавления. При хранении всех компонентов при комнатной температуре набор стабилен в течение 1 г.

6.2. Задать температуру термоблока равной 55°C и до начала экстракции ДНК дождаться достижения заданной температуры.

6.3. Экстракцию ДНК проводить с использованием конгломератов клеток. Можно использовать свежие конгломераты клеток или конгломераты клеток, хранившиеся замороженными при -70°C. Рекомендуется проводить экстракцию минимум 2×10^6 клеток на колонку, однако можно экстрагировать до 4×10^6 жизнеспособных клеток на колонку.

Примечание. Несмотря на то что в спецификации производителя указано, что на каждую колонку можно экстрагировать до 5×10^6 клеток, в настоящем методе для определения числа клеток для выделения ДНК используют число жизнеспособных клеток. Поэтому используют 20%-й буфер, допускающий наличие мертвых клеток, которые также будут содержаться в суспензии клеток. Не следует превышать указанный уровень 4×10^6 жизнеспособных клеток на колонку. Если процент жизнеспособности менее 80%, максимальное число экстрагируемых жизнеспособных клеток на колонку следует снизить, чтобы учесть >20% мертвых клеток, присутствующих в суспензии клеток.

6.4. Приготовление конгломератов клеток из свежей суспензии клеток.

6.4.1. Для подсчета клеток на NC-200 требуется аликвота суспензии клеток по меньшей мере 150 мкл. Аликвота может быть получена разбавлением исходной суспензии клеток в среде RPMI до объема, необходимого для того, чтобы оставаться в пределах динамического диапазона NC-200 ($5,0 \times 10^4$ - $5,0 \times 10^6$ клеток/мл).

6.4.2. Для подсчета клеток использовать протокол счета.

6.4.3. Опираясь на число жизнеспособных клеток, определить объем клеток, необходимый для достижения искомого числа клеток для экстракции на каждую колонку PureLink и отобрать соответствующие аликвоты суспензии клеток в микроцентрифужные пробирки 1,5 мл или 2 мл.

Например: число жизнеспособных клеток по результатам счета NC-200 составляет 2×10^7 клеток/мл с процентом жизнеспособности 88%. Искомое число клеток для экстракции на колонку PureLink составляет 4×10^6 жизнеспособных клеток:

$$(\text{клетки } 4\text{e}6) \left(\frac{1 \text{ мл}}{\text{клетки } 20\text{e}6} \right) = 0,2 \text{ мл}$$

Поместить аликвоту 200 мкл суспензии клеток в микроцентрифужные пробирки 1,5 мл и 2 мл.

6.4.3.1. Не рекомендуется использовать аликвоту менее 100 мкл клеток на микроцентрифужную пробирку. При необходимости разбавить клетки в среде RPMI до такого числа клеток, которое позволит отбирать минимальную аликвоту 100 мкл суспензии клеток на пробирку.

6.4.4. Центрифугировать пробирки при $300 \times g$ в течение 5 мин при комнатной температуре для формирования конгломерата клеток.

6.4.5. Осторожно удалить и утилизировать среду, отделяя конгломерат(-ы) клеток.

6.4.6. Конгломерат(-ы) клеток можно сразу же использовать для выделения ДНК или хранить при -70°C.

6.5. Экстракция ДНК.

6.5.1. В случае экстракции из замороженных конгломератов клеток, прежде чем переходить к процедуре экстракции ДНК, разморозить конгломераты клеток при комнатной температуре.

6.5.2. Разбавить 10X буфер PBS до 1X, используя воду без РНКаз/ДНКаз. На каждый конгломерат клеток используют 200 мкл 1X PBS. Приготовить достаточное количество 1X PBS для ресуспендирования суммарного числа клеток, для которых будет проводиться экстракция.

6.5.3. Ресуспендировать каждый конгломерат клеток в 200 мкл 1X PBS. Перемешать, набирая в пипетку, чтобы обеспечить полное ресуспендирование конгломерата клеток.

6.5.4. В каждую пробирку добавить 20 мкл протеиназы K и перемешивать в вихревой мешалке для смешивания в течение непродолжительного времени.

6.5.5. В каждую пробирку добавить 20 мкл РНКазы A и перемешивать в вихревой мешалке для смешивания в течение непродолжительного времени.

6.5.6. Инкубировать пробирки в течение 2 мин при комнатной температуре.

6.5.7. В каждую пробирку добавить 200 мкл буфера геномного лизиса/связывания PureLink и встряхивать в течение непродолжительного времени, чтобы получить однородный раствор.

6.5.8. Установить пробирки в термоблок, предварительно нагретый до 55°C, и инкубировать в течение 10 мин.

6.5.9. После завершения инкубации, извлечь пробирки из термоблока и добавить 200 мкл 96-100% этанола в каждую пробирку. Перемешивать на вихревой мешалке в течение непродолжительного времени для образования однородного раствора. Примечание. Во время инкубирования при 55°C на крышке пробирок накапливается конденсат. Открывая пробирки, следует проявлять осторожность, чтобы не допустить разбрызгивания содержимого с крышки.

6.5.10. Установить одну центрифужную колонку PureLink в каждую пробирку-сборник. Пометить крышку каждой центрифужной колонки определенным идентификатором образца, чтобы случайно не перепутать образцы. Например, центрифужные колонки могут быть помечены № партии образца. Не следует наносить метки на пробирки-сборники, поскольку в ходе выполнения протокола экстракции такие пробирки-сборники периодически утилизируются.

6.5.11. Нанести содержимое каждой пробирки с образцом после стадии 5.5.9 на помеченную соответствующим образом центрифужную колонку.

6.5.12. Центрифугировать колонку(и) при 10000×g в течение 1 мин при комнатной температуре. За время центрифугирования приготовить новые чистые пробирки-сборники для каждого образца.

6.5.13. После центрифугирования извлечь центрифужные колонки/пробирки-сборники из центрифуги. Перенести каждую центрифужную колонку в новую чистую пробирку-сборник и утилизировать отработанную пробирку-сборник вместе с фильтратом колонок.

6.5.14. Нанести 500 мкл буфера Wash Buffer 1 на каждую центрифужную колонку.

6.5.15. Центрифугировать колонку(и) при 10000×g в течение 1 мин при комнатной температуре. За время центрифугирования приготовить новые чистые пробирки-сборники для каждого образца.

6.5.16. После центрифугирования извлечь центрифужные колонки/пробирки-сборники из центрифуги. Перенести каждую центрифужную колонку в новую чистую пробирку-сборник и утилизировать отработанную пробирку-сборник вместе с фильтратом колонки.

6.5.17. Нанести 500 мкл буфера Wash Buffer 2 на каждую центрифужную колонку.

6.5.18. Центрифугировать колонку (и) при максимальной скорости в течение 3 мин при комнатной температуре. За время центрифугирования приготовить одну микроцентрифужную пробирку объемом 2 мл для каждого образца.

6.5.19. После центрифугирования извлечь центрифужную (-ые) колонку (и)/пробирку (и)-сборник (и) из центрифуги. Перенести каждую центрифужную колонку в микроцентрифужную пробирку объемом 2 мл и утилизировать отработанную пробирку-сборник вместе с фильтратом колонки. Примечание. Не использовать пробирки-сборники, поставляемые в наборе PureLink kit для стадии 5.5.19. В наборе не поставляются дополнительные пробирки для добавочной стадии центрифугирования, поэтому необходимо использовать микроцентрифужные пробирки объемом 2 мл.

6.5.20. Центрифугировать колонку(и) при максимальной скорости в течение 2 мин при комнатной температуре для осушения колонок. За время центрифугирования приготовить одну микроцентрифужную пробирку объемом 1,5 мл для каждого образца. Нанести метку на каждую пробирку с указанием как минимум наименования образца и даты экстракции. Это пробирки, в которых будет произведено элюирование ДНК.

6.5.21. После центрифугирования извлечь центрифужную(-ые) колонку(и)/пробирку(и) - сборник(и) из центрифуги. Перенести каждую центрифужную колонку в микроцентрифужную пробирку объемом 1,5 мл с соответствующими метками и утилизировать микроцентрифужную пробирку объемом 2 мл вместе с фильтратом колонки.

6.5.22. Нанести 25 мкл геномного элюирующего буфера PureLink на колонки. Необходимо убедиться в том, что элюирующий буфер нанесен на кремнеземную мембрану, но не следует касаться мембраны или прокалывать ее наконечником пипетки.

6.5.23. Инкубировать колонки в течение 1 мин при комнатной температуре.

6.5.24. Центрифугировать колонку(и)/пробирку(и) при максимальной скорости в течение 1 мин при

комнатной температуре для элюирования ДНК.

6.5.25. Извлечь колонку(и)/пробирку(и) из центрифуги и повторить стадии 5.5.22-5.5.23 с дополнительными 25 мкл геномного элюирующего буфера PureLink.

6.5.26. После инкубирования центрифугировать колонку(и)/пробирку(и) при максимальной скорости в течение 1,5 мин при комнатной температуре для элюирования дополнительных количеств ДНК.

6.5.27. Извлечь колонку(и)/пробирку(и) из центрифуги. Извлечь колонку из пробирки 1,5 мл и утилизировать колонку.

6.5.28. Элюированную ДНК можно либо хранить при -20°C , либо сразу же провести ее количественное определение и разбавить до рабочей концентрации. Примечание. Не следует проводить количественное определение ДНК, если ее не будут сразу же разбавлять до рабочей концентрации после количественного определения. Если было проведено количественное определение образцов, но нет возможности незамедлительно разбавить их до рабочей концентрации кПЦР, образцы следует заморозить при -20°C , и необходимо будет провести повторное количественное определение после размораживания перед разбавлением до рабочей концентрации кПЦР.

6.6. Количественное определение ДНК.

6.6.1 Количественное определение ДНК проводят с использованием набора Qubit dsDNA Broad Range и флуориметра Qubit 4. Набор отличается высокой селективностью для двухцепочечной ДНК (дцДНК) по сравнению с РНК и выполнен с возможностью обеспечения высокой точности для начальных концентраций образца 100 пг/мкл-1000 нг/мкл. Все операции с компонентами набора необходимо проводить в боксе биобезопасности и в асептических условиях во избежание загрязнения любых компонентов набора.

Примечание. Реагент Qubit dsDNA BR содержит DMSO и будет замерзать при температурах ниже комнатной. Следует избегать многократных циклов замораживания-размораживания реагента Qubit, поэтому реагент необходимо хранить при комнатной температуре. Состав буфера Qubit позволяет хранить его при комнатной температуре, и рекомендуется использовать такие условия хранения. Стандарты Qubit должны храниться при $2-8^{\circ}\text{C}$.

6.6.2. Калибровку флуориметра Qubit 4 проводят с использованием двух стандартов, поставляемых в наборе Qubit dsDNA Broad Range. Необходимо приготовить стандарты и анализировать их вместе с каждым набором образцов ДНК, подлежащих количественному определению. Ни в коем случае нельзя повторно использовать калибровку после предыдущего анализа, поскольку наиболее точное количественное определение достигается в том случае, если стандарты и образцы ДНК готовятся с использованием одного и того же рабочего раствора Qubit.

6.6.3. Нанести метку на 1 аналитическую пробирку Qubit для каждого стандарта и образца, подлежащего количественному определению. Метку наносят только на крышки пробирок. Не следует наносить метку на боковую поверхность пробирок, поскольку это будет препятствовать количественному определению.

Примечание. Только аналитические пробирки Qubit могут быть использованы для флуориметра Qubit. Эти пробирки специально выполнены с возможностью обеспечивать наиболее точные результаты.

6.6.4. Приготовить рабочий раствор Qubit, разбавляя реагент Qubit dsDNA BR в соотношении 1 : 200 в буфере Qubit dsDNA BR. Обеспечить приготовление достаточного количества рабочего раствора, чтобы его хватило как для стандартов, так и для всех образцов, подлежащих количественному определению. Минимальный необходимый объем равен $(2 (2 \text{ стандарта}) + \text{число образцов, подлежащих количественному определению} + 1) * 200$.

Например: для количественного определения 8 образцов приготовить достаточно рабочего раствора для образцов и 2 стандарта плюс по меньшей мере один дополнительный образец для перезакладки. Предположим, по 200 мкл рабочего реагента на каждую пробирку в 11 пробирках $(8+2+1=11 \text{ образцов})$: $(200 \text{ мкл})(11 \text{ пробирок}) = 2200 \text{ мл рабочего раствора Qubit}$ (11 мкл реагента Qubit плюс 2189 мкл буфера Qubit).

6.6.5. Добавить 190 мкл рабочего раствора Qubit в каждую из 2 пробирок стандарта. Предварительно увлажнить наконечник пипетки рабочим раствором Qubit перед добавлением раствора в пробирки, чтобы предотвратить внесение пузырьков в реакционную смесь.

6.6.6. 3-20 мкл образца ДНК может быть использовано для количественного определения с использованием набора Qubit dsDNA Broad Range при общем объеме аналитической пробирки 200 мкл. Добавить необходимый объем рабочего раствора Qubit в каждую аналитическую пробирку. Например: при использовании 3 мкл образца для количественного определения добавить 197 мкл рабочего раствора Qubit в пробирку с образцом. Предварительно увлажнить наконечник пипетки рабочим раствором Qubit перед добавлением раствора в пробирку.

6.6.7. Добавить 10 мкл каждого стандарта в соответствующую пробирку со стандартом. Перемешать содержимое пробирки со стандартом в вихревой мешалке в течение непродолжительного времени.

6.6.8. Добавить необходимое количество исходного образца ДНК в соответствующую пробирку с образцом, чтобы довести суммарный реакционный объем до 200 мкл. Например: 3 мкл образца ДНК в реакционную пробирку с образцом, содержащую 197 мкл рабочего раствора Qubit. Перемешать содер-

жимое каждой пробирки с образцом в вихревой мешалке в течение непродолжительного времени.

6.6.9. Инкубировать все пробирки со стандартом и образцом в течение 2 мин при комнатной температуре.

6.6.10. Сначала провести калибровку флуориметра Qubit 4 с использованием стандартов

6.6.10.1. Коснуться экрана флуориметра, чтобы вывести прибор из режима ожидания.

6.6.10.2. Выбрать опцию dsDNA на начальном экране.

6.6.10.3. На следующем экране выбрать dsDNA: Broad range.

6.6.10.4. На экране флуориметра появится запрос на выбор между считыванием новых стандартов и использованием предшествующей калибровки. Следует всегда выбирать Read Standards. Примечание. Ни в коем случае нельзя выбирать считывание образцов с использованием предшествующей калибровки (вариант Run samples), поскольку это не позволит получать наиболее точную концентрацию образца.

6.6.10.5. После запроса установить образец стандарта № 1 в Qubit. Закрыть крышку камеры для образца. Выбрать Read Standard для считывания стандарта № 1.

6.6.10.6. После запроса извлечь стандарт № 1 из камеры для образца и установить стандарт № 2. Закрыть крышку камеры для образца и выбрать Read standard для считывания стандарта № 2.

6.6.10.7. В случае успешной калибровки на экране Qubit будут отображаться ее результаты после завершения считывания стандарта № 2. Если калибровка оказывается неудачной, на экране Qubit будет отображаться сообщение Calibration error.

6.6.10.8. Следует убедиться в том, что показание, полученное для стандарта № 2, в по меньшей мере 10 раз выше показания, полученного для стандарта № 1.

6.6.10.9. В случае отображения ошибки калибровки или если стандарт № 2 не будет в 10 раз больше стандарта № 1. Следует повторить приготовление образцов и стандартов, используя свежий рабочий раствор Qubit. Нельзя повторно использовать уже отработанную пробирку, в которой готовили предшествующий рабочий раствор Qubit. Повторить калибровку со свежими стандартами.

6.6.10.9.1. Если калибровка прошла успешно, и показания для стандарта № 2 в по меньшей мере 10 раз больше, чем для стандарта № 1, продолжить считывание образцов (см. стадии 5.6.9.10-5.6.9.14).

6.6.10.9.2. При повторной ошибке калибровки, или если стандарт № 2 не будет в 10 раз больше стандарта № 1, обратитесь к специалисту в области данного анализа или руководителю.

6.6.10.10. После успешного проведения калибровки выбрать Run samples в нижней части экрана Standards results, чтобы начать анализ образцов.

6.6.10.11. До начала анализа первого образца на экране отображается информация об объеме образца. Использовать символы + или - для выбора объема образца, использованного для всех анализируемых образцов (3-20 мкл). Затем выбирают единицы измерения (мкг/мкл) для вывода концентрации образца из выпадающего меню.

6.6.10.12. После выбора правильного объема образца и единиц концентрации образца образец 1 устанавливается в камеру для образца. Закрыть крышку камеры для образца и выбрать Read tube.

6.6.10.13. На экране отображается как исходная расчетная концентрация образца, так и концентрация образца в пробирке Qubit. Исходная расчетная концентрация образца соответствует концентрации в исходном образце ДНК.

6.6.10.13.1. Если концентрация образца находится вне диапазона набора, на экране отображается сообщение об ошибке Out of Range.

6.6.10.13.2. Нажать правую стрелку, чтобы открыть график для стандартов и результаты для образца, чтобы определить, не являются ли результаты для образца слишком высокими или слишком низкими.

6.6.10.13.3. Образцы, выходящие за пределы диапазона, следует проанализировать повторно. Использовать больший объем образца для концентраций образца, которые оказались слишком низкими. Использовать либо меньший объем образца, либо разбавление исходного раствора ДНК (приготовленного в буфере TE с низким содержанием EDTA) для образцов, концентрации которых слишком велики.

Повторно исследуемые образцы должны быть проанализированы относительно новых стандартов. Образцы и стандарты должны быть приготовлены с использованием свежего рабочего раствора Qubit (не использовать повторно пробирки от предшествующего рабочего раствора Qubit).

6.6.10.14. Извлечь образец 1 из камеры для образца. Если необходимо провести анализ более одного образца, поместить следующий образец в камеру для образца, закрыть крышку камеры для образца и выбрать Read tube.

6.6.10.15. Продолжать, повторяя 5.6.9.14, пока не будут проанализированы все образцы.

6.6.10.16. Подключить Qubit к компьютеру с помощью кабеля USB, поставляемого в комплекте с флуориметром Qubit, и после появления окна AutoPlay выбрать Open device для просмотра файлов. Продолжать со стадии 5.6.9.17 для Qubit, прежде чем проводить любой дальнейший выбор опций на компьютере.

6.6.10.17. Выбрать Data на экране Sample concentration для последнего считанного образца или Home screen, чтобы открыть окно Export data, где отображается список анализов, проведенных на Qubit. Список данных включает перечисление в соответствии с проведенными анализами, отражая дату/время анализа, название анализа (dsDNA Broad Range) и число проанализированных образцов в каждом таком

анализе.

Примечание. Флуориметр Qubit 4 сохраняет данные до 1000 образцов.

6.6.10.18. Коснуться окошка рядом с данными анализа, которые подлежат экспорту. В окошке появится галочка. Затем выбрать Export, чтобы экспортировать весь набор данных в компьютер.

6.6.10.19. На компьютере дважды кликнуть по Internal storage, а затем по папке Qubit 4 для доступа к экспортированным данным.

Примечание. Имя папки выглядит как QubitData_день-месяц-год, при этом дата будет соответствовать дате экспорта, а не дате анализа экспортированных данных.

6.6.10.20. Открыть папку данных и сохранить файл QubitData_день-месяц-год_минуты-часы-секунды.csv в защищенной системе резервирования данных (например: OpenLab) или в соответствии с принятым в учреждении порядком. В соответствии с принятым в учреждении порядком данный файл также должен прилагаться к документации анализа. Примечание. В папке также содержится файл QubitData_Rna_iq_день-месяц-год_минуты-часы-секунды.csv, который относится только к анализу RNA IQ.

В этот файл.csv значения вносятся только в случае анализа RNA IQ, потому для других случаев его не следует сохранять.

6.6.10.21. Файл.csv содержит результаты проведенного анализа. Результаты будут приводиться в порядке, обратном очередности считывания образцов (т.е. от последнего считанного образца к первому считанному образцу). В столбце Test Date также указывается время проведения считывания образца, и его можно использовать для подтверждения порядка образцов, поскольку у проанализированных первыми образцов будет более ранняя отметка времени, тогда как у проанализированных последними отметки времени будут более поздними.

6.6.10.22. Значение Original sample concentration относится к концентрации исходного раствора ДНК. Если разбавление исходного раствора ДНК осуществляется в рамках анализа Qubit, значение Original sample concentration необходимо будет умножить на коэффициент разбавления для разбавленного исходного раствора ДНК, который использован в анализе Qubit для определения концентрации исходного раствора ДНК. Например: при анализе Qubit используют исходный раствор ДНК в разбавлении 1:10 в буфере TE с низким содержанием EDTA и 3 мкл разбавления 1:10, значение Original sample concentration по данным Qubit составляет 0,0561 мкг/мкл, тогда концентрация неразбавленного исходного раствора ДНК составляет $(0,0561 \text{ мкг/мкл})(10) = 0,561 \text{ мкг/мкл}$.

6.7. Разбавление образца ДНК при подготовке анализа трансгенной кПЦР 6.7.1.1 Образцы следует разбавлять до 0,020 мкг/мкл в буфере TE с низким содержанием EDTA. Сразу же проводят количественную оценку исходного раствора ДНК. Аликвоты образцов с концентрациями исходного раствора ДНК менее 0,020 мкг/мкл следует отбирать в соответствии со стадией 5.7.1.5 и незамедлительно использовать без дополнительных манипуляций (в чистом виде) в анализе кПЦР.

6.7.1.2. Использовать следующую формулу для определения суммарного объема 0,020 мкг/мкл разбавленной ДНК, который может быть приготовлен:

$$\text{Суммарный объем разбавленной ДНК } 0,020 \text{ мкг/мкл} = \frac{\text{Объем исходного раствора ДНК} \times \text{Концентрация исходного раствора ДНК}}{0,020 \text{ мкг/мкл}}$$

6.7.1.3. Затем определить количество буфера TE с низким содержанием EDTA, необходимое для разбавления исходного раствора ДНК до 0,020 мкг/мкл, следующим образом:

$$\text{Суммарный объем разбавленной ДНК } 0,02 \text{ мкг/мкл} - \text{Объем исходного раствора ДНК} = \text{Объем буфера TE}$$

6.7.1.4. Разбавить желательный объем исходного раствора ДНК рассчитанным объемом буфера TE с низким содержанием EDTA, вычисление которого производится в 5.7.1.3, чтобы приготовить рабочую концентрацию ДНК 0,020 мкг/мкл. Рекомендуется разбавлять значительную часть исходного раствора ДНК до рабочей концентрации кПЦР 0,020 мкг/мкл, чтобы приготовить как можно большее число одноразовых аликвот образца. Однако, чтобы обеспечить достаточное количество для минимум 3 анализов кПЦР, необходимо приготовить как минимум 3 одноразовых аликвоты образца ДНК с концентрацией 0,020 мкг/мкл.

Например: концентрация исходного раствора ДНК составляет 0,0561 мкг/мкл. После использования 3 мкл ДНК для анализа Qubit остается минимум 47 мкл исходного раствора ДНК. 40 мкл исходного раствора ДНК будет использовано для разбавления до рабочей концентрации кПЦР 0,020 мкг/мкл.

$$\text{Суммарный объем разбавленной ДНК } 0,020 \text{ мкг/мкл} = \frac{40 \text{ мкл} \times 0,0561 \text{ мкг/мкл}}{0,020 \text{ мкг/мкл}}$$

$$\text{Суммарный объем разбавленной ДНК } 0,020 \text{ мкг/мкл} = 112,2 \text{ мкл}$$

$$112,2 \text{ мкл} - 40 \text{ мкл} = \text{Объем буфера TE}$$

$$\text{Объем буфера TE} = 72,2 \text{ мкл}$$

Разбавить 40 мкл исходного раствора ДНК в 72,2 мкл буфера TE с низким содержанием EDTA, чтобы получить 112,2 мкл суммарного объема образца ДНК рабочего исходного раствора кПЦР с концен-

трацией 0,020 мкг/мкл.

6.7.1.5. Приготовить как можно больше одноразовых 20 мкл аликвот рабочего исходного раствора образца ДНК с концентрацией 0,020 мкг/мкл. В каждом анализе кПЦР используют 15 мкл ДНК, поэтому каждая аликвота будет иметь ~5 мкл избытка ДНК. Во всех возможных случаях рекомендуется готовить как минимум 3 одноразовых аликвоты.

6.7.1.6. На все аликвоты должна быть нанесена метка как минимум с указанием наименования образца, концентрации аликвоты (либо 0,020 мкг/мкл или концентрации исходного раствора, если концентрация меньше 0,020 мкг/мкл) и дату получения аликвот.

6.7.1.7. Все аликвоты, а также все остающиеся исходные растворы образца ДНК должны храниться при -20°C.

Получение и аттестация новых партий олигонуклеотидов.

1.0. Цель.

1.1. Описан пример процедуры получения и аттестации новых партий олигонуклеотидов для метода трансгенной кПЦР.

2.0. Оборудование.

2.1. Центрифуга, способная центрифугировать микроцентрифужные пробирки 1,5 мл (например: Beckman Coulter, Allegra X-14R с ротором SX4750 и поворотным держателем для 96-луночного планшета и адаптеры для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл).

2.2. Система для ПЦР в реальном времени QuantStudio 6.

2.3. Морозильная камера с температурой -20°C.

2.4. Калиброванные 8- или 12-канальные пипетки (20, 50 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

2.5. Калиброванные одноканальные пипетки (20, 100, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

2.6. Холодильник или холодильная камера, способные поддерживать температуру 2-8°C.

2.7. Программное обеспечение QuantStudio PCR вер. 1.3 или выше.

2.8. Термоблок, способный поддерживать температуру 55°C и подходящий для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл.

2.9. Вихревая мешалка.

3.0. Материалы.

Примечание. Материалы с оговоркой "например" могут быть заменены аналогичными материалами без предварительной сертификации. Для материалов с оговоркой "или эквивалент" до использования для тестирования образцов следует подтвердить эквивалентность альтернативной замены.

3.1. Вода без ДНКаз/РНКаз, например: Invitrogen кат. № 10977015.

3.2. Основная смесь TaqPath ProAmp, ThermoFisher кат. № A30866 или эквивалент.

3.3. Лиофилизированные исходные образцы праймеров и зондов трансгена ВСМА и hALB, специально созданные последовательности от IDT или эквивалент.

3.4. Сертифицированная партия трансгена ВСМА и праймеры и зонды ALB, специально созданные последовательности от IDT или эквивалент.

3.5. Сертифицированная партия трансгена ВСМА стандарт № 1.

3.6. Сертифицированная партия среднего и слабого контроля трансгена ВСМА.

3.7. 1X буфер TE с низким содержанием EDTA, pH 8,0, без РНКаз/ДНКаз, например: Quality Biological кат. № 351-324-721.

3.8. Центрифужные пробирки 0,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: микроцентрифужные пробирки с завинчивающейся крышкой VWR кат. № 89004-286 или Eppendorf кат. № 022431005.

3.9. Центрифужные пробирки 1,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431021.

3.10. Центрифужные пробирки 2 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431048.

3.11. Центрифужные пробирки 5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 0030119460.

3.12. Наконечники пипеток, стерильные, с фильтром (20, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: Rainin кат. № 30389226, 30389240, 30398213.

3.13. 96-луночные планшеты для ПЦР, Applied Biosystems, кат. № 4483343, 4483354, 4483349, 4483350, 4483395 или эквивалент.

3.14. Оптическая адгезивная пленка Micro Amp, Applied Biosystems, кат. № 4311971 или эквивалент.

3.15. Емкости для реагентов без РНКаз/ДНКаз, например: VistaLabs кат. № 3054-1002.

4.0. Меры предосторожности.

4.1. При работе в лаборатории использовать надлежащие СИЗ.

4.2. При работе с опасными химическими веществами следовать специальным инструкциям для конкретных условий работы. Более подробную информацию см. в паспорте безопасности производителя.

4.3. Все стадии отбора проб пипетками необходимо осуществлять с использованием асептических

методик в боксе биологической безопасности. Проводящим анализ рекомендуется использовать одноразовые нарукавники при выполнении всех стадий процедуры, чтобы свести к минимуму риск загрязнения любых материалов или реагентов.

6.0. Процедура.

Примечание. Аттестация олигонуклеотидов производится как мультиплексного набора (трансген ВСМА и hALB). Партия олигонуклеотидов считается израсходованной, после того как будет использована последняя аликвота любого из 6 олигонуклеотидов. Не следует смешивать и комбинировать олигонуклеотиды из одного прошедшего аттестацию набора с другим. Любые остающиеся олигонуклеотиды из ранее прошедшего аттестацию набора, который был израсходован, должны быть утилизированы.

6.1. Заказать олигонуклеотиды трансгена ВСМА и олигонуклеотиды hALB (см. последовательности в табл. 9).

Таблица 9
Олигонуклеотиды трансгенной кПЦР

Наименование олигонуклеотида	Последовательность (5'–3')	Количество для заказа (минимум)	Очистка
ПРЯМОЙ трансген ВСМА	ССА GTA CAA ACT ACT CAA GAG G	25 нмоль олигонуклеотидов ДНК	Стандартное обессоливание
ОБРАТНЫЙ трансген ВСМА	GCT GAA CTT CAC TCT CAG TT	25 нмоль олигонуклеотидов ДНК	Стандартное обессоливание
ЗОНД трансгена ВСМА	/56-FAM/TC TTC TGG A/ZE/A ATC GGC AGC TAC AGC /3IABkFQ/	250 нмоль PrimeTime 5'6-FAM/ZEN/3' IB FQ	ВЭЖХ
ПРЯМОЙ hALB	TCA TCT CTT GTG GGC TGT AAT C	25 нмоль олигонуклеотидов ДНК	Стандартное обессоливание
ОБРАТНЫЙ hALB	TGC TGG TTC TCT TTC ACT GAC	25 нмоль олигонуклеотидов ДНК	Стандартное обессоливание
ЗОНД hALB	/5HEX/AG GGA GAG A/ZEN/T TTG TGT GGG CAT GAC /3IABkFQ/	250 нмоль PrimeTime 5'6-HEX/ZEN/3' IB FQ	ВЭЖХ

6.2. Олигонуклеотиды будут поставляться изготовителем в лиофилизованной форме вместе со спецификациями для каждого олигонуклеотида. Хранить лиофилизованные олигонуклеотиды при -20°C до готовности к разведению. Лиофилизованные олигонуклеотиды могут храниться при -20°C в течение до 12 месяцев. Примечание. На получение олигонуклеотидов от производителя в среднем требуется по меньшей мере 2 недели. Поэтому всегда следует хранить по меньшей мере один резервный лиофилизованный набор олигонуклеотидов, чтобы свести к минимуму последствия для тестирования образцов в случае возникновения проблем с новой или аттестованной партией образцов.

6.3. Разведение олигонуклеотидов.

6.3.1. Извлечь исходные лиофилизованные олигонуклеотиды из хранилища при -20°C и центрифугировать при 10000×g в течение 30 сек, чтобы прежде чем открывать пробирки убедиться в том, что все исходные олигонуклеотиды находятся на дне пробирок. Не следует открывать пробирки до центрифугирования, чтобы предотвратить потери любого олигонуклеотида, который переместился со дна пробирки во время транспортировки.

6.3.2. Развести каждый олигонуклеотид до 100 мкМ исходного раствора с использованием буфера TE с низким содержанием EDTA следующим образом.

6.3.2.1. Определить количество каждого олигонуклеотида в наномолях, указанное в отдельной спецификации нуклеотида.

6.3.2.2. Умножить количество наномолей на 10, чтобы получить объем буфера TE, который должен быть добавлен в пробирку олигонуклеотида для получения исходного раствора с концентрацией 100 мкМ.

6.3.2.3. Добавить объем буфера TE, рассчитанный на стадии 11.3.2.2, к каждому олигонуклеотиду в пробирку с соответствующим олигонуклеотидом.

6.3.2.4. Перемешать в вихревой мешалке содержимое каждой пробирки с олигонуклеотидом в течение непродолжительного времени, чтобы полностью ресуспендировать лиофилизованный олигонуклеотид в буфере TE.

6.3.2.5. Проверить пробирки с праймерами, чтобы убедиться в том, что весь лиофилизованный олигонуклеотид полностью растворен в буфере TE. Если окажется, что в смеси присутствуют какие-либо частицы олигонуклеотида, которые не полностью растворились в буфере TE, пробирки можно выдерживать при 55°C в течение 1-5 мин, чтобы ускорить ресуспендирование. После нагревания содержимое пробирок снова перемешивают в вихревой мешалке в течение непродолжительного времени.

6.3.3. Разбавление исходных растворов 100 мкМ до концентраций рабочего исходного раствора олигонуклеотида.

6.3.3.1. Разбавить исходные растворы 100 мкМ праймеров до 10 мкМ рабочих исходных растворов с использованием буфера TE с низким содержанием EDTA.

6.3.3.2. Разбавить исходные растворы 100 мкМ зондов до 10 мкМ рабочих исходных растворов с использованием буфера TE с низким содержанием EDTA.

Таблица 10

Пример разбавления 100 мкМ исходного раствора олигонуклеотида до концентраций рабочего исходного раствора

Наименование олигонуклеотида	Исходная конц. (мкМ)	Требуемая конц. (мкМ)	Объем 100 мкМ исходного раствора (мкл)	Объем буфера TE (мкл)	Суммарный объем (мкл)	Коэффициент разбавления
ПРЯМОЙ трансген ВСМА	100	10	120	1080	1200	X10
ОБРАТНЫЙ трансген ВСМА	100	10	120	1080	1200	X10
ЗОНД трансгена ВСМА	100	10	120	1080	1200	X10

6.3.3.3. Приготовить аликвоты 20 мкл для всех праймеров и аликвоты 35 мкл для всех зондов в пробирках 0,5 мл с завинчивающейся крышкой. Установленных объемов аликвот достаточно для половины планшета для анализа ПЦР. При необходимости могут быть приготовлены аликвоты праймеров и зондов больших объемов, достаточные для полного планшета для анализа.

6.3.3.4. Нанести метки на все аликвоты с минимальной информацией.

6.3.3.4.1. Наименование олигонуклеотида.

6.3.3.4.2. Концентрация в мкМ.

6.3.3.4.3. № партии.

6.3.3.4.4. Срок годности (1 год с момента разведения).

6.3.3.4.5. Хранить все рабочие исходные растворы при -20°C.

6.3.4. Аттестация новых партий олигонуклеотидов.

6.3.4.1. Только что прошедшую аттестацию партию олигонуклеотидов и новую партию олигонуклеотидов исследуют в ходе как минимум 3 независимых анализов трансгенной кПЦР с использованием аттестованной партии стандарта № 1, среднего и слабого контролей в соответствии со следующим протоколом.

6.3.4.1.1. Готовят две основные смеси для каждого из 3 анализов, одна основная смесь будет приготовлена с использованием аттестованной только что партии олигонуклеотидов, а вторая основная смесь будет приготовлена с использованием новой партии олигонуклеотидов.

6.3.4.1.2. Загрузить планшет кПЦР в соответствии со схемой планшета.

6.3.4.1.3. Открыть "Oligo Qualification.edt" template", выбрать "Save As", ввести соответствующее имя эксперимента кПЦР и сохранить как файл a.eds. Не перезаписывать файл шаблона.

6.3.4.1.4. Загрузить и проанализировать планшет кПЦР в соответствии с протоколом.

6.3.4.2. В разделе Setup выбрать Assign. Выделить лунки D1-E12, кликнуть правой кнопкой и выбрать omit. Это позволит исключить реакции новой партии олигонуклеотида из анализа. Выделить весь планшет и кликнуть Analyze.

6.3.4.3. Вывести на печать данные отчета в PDF и указать, что они относятся к анализу прошедшей аттестацию партии олигонуклеотидов.

6.3.4.3.1. Должны быть удовлетворены все критерии соответствия, описанные в DSTMD-24448. В случае если любой из этих критериев соответствия не удовлетворен, анализ является недостоверным, и его необходимо повторить. Отразить любые недостоверные анализы в отчете аттестации реагента.

6.3.4.4. В разделе Setup выбрать Assign. Выделить лунки D1-E12, кликнуть правой кнопкой и выбрать include. Выделить лунки A1-B12, кликнуть правой кнопкой и выбрать omit. Это позволит исключить реакции прошедшей аттестацию партии олигонуклеотида из анализа. Выделить весь планшет и кликнуть Analyze.

6.3.4.5. Вывести на печать данные отчета в PDF и указать, что они относятся к анализу новой партии олигонуклеотидов.

6.3.4.5.1. Все результаты анализа новой партии олигонуклеотидов должны удовлетворять всем критериям соответствия анализа, описанным в настоящем документе.

6.3.4.5.2. Провести расчет % отличия средних значений Ct для каждого стандарта в реакциях прошедшей аттестацию и новой партии олигонуклеотидов следующим образом:

$$\% \text{ отличия} = \left(\frac{\text{Абс. (Станд. № X ср. Ct прошедшего аттестацию олигонуклеотида)} - \text{Станд. № X ср. Ct нового олигонуклеотида}}{\text{Средн. (Станд. № X ср. Ct прошедшего аттестацию олигонуклеотида) \& \text{Станд. № X ср. Ct нового олигонуклеотида}}} \right) * 100$$

6.3.4.5.3. Все % отличия должны быть $\leq 1,60\%$.

6.3.4.6. Все достоверные прошедшие аттестацию анализы должны удовлетворять критериям Ст % отличия, чтобы новая партия олигонуклеотида проходила аттестацию.

6.3.4.7. Если новая партия не удовлетворяет критериям соответствия, партия не проходит аттестацию и должна быть утилизирована. Приготовить еще одну новую партию олигонуклеотидов и провести аттестацию новой партии.

Получение рабочих исходных расходов линейной плазмиды LiCAR.

1.0. Цель.

1.1. В настоящем примере описана примерная процедура линейаризации плазмиды LiCAR и пересчета концентраций плазмиды мг/мл в число копий/мкл, чтобы приготовить рабочие исходные растворы линейной плазмиды для применения в получении стандартов и контролей для метода трансгенной кПЦР.

2.0. Оборудование.

2.1. Центрифуга, способная центрифугировать микроцентрифужные пробирки 1,5 мл и 5 мл (например: Beckman Coulter, Allegra X-14R с ротором SX4750 с адаптером для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл).

2.2. Прибор для электрофореза, например Lonza FlashGel DNA System и FlashGel Dock или устройство Invitrogen E-Gel Electrophoresis.

2.3. Морозильная камера с температурой -70°C .

2.4. Холодильник или холодильная камера, способные поддерживать температуру $2-8^{\circ}\text{C}$.

2.5. Калиброванные одноканальные пипетки (20, 100, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

2.6. Флуориметр Qubit 4, Invitrogen кат. № Q33226.

2.7. Термоблок, способный поддерживать температуру 37°C и подходящий для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл.

2.8. Бокс биологической безопасности.

2.9. Вихревая мешалка.

3.0. Материалы.

Примечание. Материалы с оговоркой "например" могут быть заменены аналогичными материалами без предварительной сертификации. Для материалов с оговоркой "или эквивалент" до использования для тестирования образцов необходимо подтвердить эквивалентность альтернативной замены.

3.1. Исходный раствор плазмиды pLLV-LICAR2SIN LiCAR.

3.2. Вода без ДНКаз/РНКаза, например: Invitrogen кат. № 10977015.

3.3. EcoRI HF Enzyme, New England Biolabs кат. № R3101S или эквивалент.

3.4. Набор GeneJet Gel Extraction & DNA Cleanup, ThermoFisher, кат. № K0831 или эквивалент.

3.5. Предварительно сформованные гели для электрофореза, например Lonza FlashGel DNA Cassette или Invitrogen E-Gels, подходящие для разрешения высокомолекулярных полос (например: FlashGel DNA Cassettes, 1,2% 12+1 один уровень, Lonza кат. № 57023).

3.6. Маркер молекулярной массы и длины ДНК, приемлемый для определения размера полос по меньшей мере 8000 т.п.н. (например: E-Gel 1 Kb Plus DNA Ladder, Invitrogen кат. № 10488090) 1.1 1,5 мл центрифужные пробирки, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431021 1.2 2 мл центрифужные пробирки, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431048

3.7. Центрифужные пробирки 5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 0030119460.

3.8. 1X буфер TE с низким содержанием EDTA, pH 8,0, без РНКаз/ДНКаз, например: Quality Biological кат. № 351-324-721.

3.9. Центрифужные пробирки 0,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: микроцентрифужные пробирки с завинчивающейся крышкой VWR кат. № 89004-286 или Eppendorf кат. № 022431005.

3.10. Наконечники пипеток, стерильные, с фильтром (20, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: Rainin кат. № 30389226, 30389240, 30398213.

4.0. Меры предосторожности.

4.1. При работе в лаборатории использовать надлежащие СИЗ.

4.2. При работе с опасными химическими веществами следовать специальным инструкциям для конкретных условий работы. Более подробную информацию см. в паспорте безопасности производителя.

4.3. Все стадии отбора проб пипетками необходимо осуществлять с использованием асептических методик в боксе биологической безопасности. Проводящим анализ рекомендуется использовать одноразовые нарукавники при выполнении всех стадий процедуры, чтобы свести к минимуму риск загрязнения любых материалов или реагентов.

5.0. Процедура.

5.1. Предварительно нагреть термоблок до 37°C , прежде чем начинать расщепление плазмиды.

5.2. Разморозить виалу с исходным раствором плазмиды LiCAR.

5.3. Определить концентрацию ДНК LiCAR с использованием флуориметра Qubit 4 и в соответствии с процедурой, описанной в настоящем документе. Может потребоваться разбавление исходного раствора плазмиды, чтобы она находилась в диапазоне набора Qubit dsDNA BR (2-1000 нг ДНК).

5.4. Разбавить необходимое количество плазмиды, требуемое для расщепления 0,09 мкг/мкл плазмидной ДНК в воде.

Например: концентрацию исходного раствора 1,24 мкг/мкл разбавляют до 0,09 мкг/мкл, добавляя 3,63 мкл плазмидной ДНК в 46,37 мкл воды без ДНКаз/РНКаз.

5.5. Приготовить реакционную смесь ферментативного расщепления EcoRI HF при комнатной температуре и добавить каждый реагент в порядке, указанном в табл. 11.

Таблица 11

Протокол расщепления EcoRI HF плазмиды LiCar

Компонент реакции	Объем (мкл)
0,09 мкг/мкл плазмидной ДНК	10
10X буфер CutSmart	5
Вода без ДНКаз/РНКаз	34
EcoRI-HF (20 000 ед./мл)	1
Суммарный объем	50 мкл

Примечание. Множество реакций ферментативного расщепления с 50 мкл при необходимости могут проводиться несколько раз, чтобы получить достаточное количество линеаризованной ДНК для приготовления рабочего исходного раствора плазмиды LiCAR для получения стандартов и контролей.

5.6. Сохранить по меньшей мере 5 мкл нерасщепленной плазмидной ДНК, которые могут служить в качестве контроля интактной плазмидной ДНК в гель-электрофорезе.

5.7. Осторожно перемешать содержимое пробирок для расщепления, набирая в пипетку, или слегка щелкнув по пробирке (не перемешивайте реакционную смесь в вихревой мешалке). Быстро центрифугировать реакционную смесь в течение 5 с при 300×g.

5.8. Инкубировать пробирки в термоблоке при 37°C в течение 15 мин.

5.9. Провести очистку расщепленной плазмидной ДНК с помощью мини-набора экстракции и очистки ДНК GeneJet Gel.

Примечание. Объем, использованный для очистки ДНК, не должен превышать 200 мкл, а суммарное количество очищенной плазмидной ДНК не должно превышать 10 мкг. Если суммарный объем превышает 200 мкл, разделить объем равным образом на 2 или более пробирки, прежде чем продолжать следующие стадии очистки.

5.10. Перед началом процедуры очистки ДНК при вскрытии GeneJet добавить 96-100%-й этанол во флаконы промывочного буфера в соответствии с указаниями на каждом флаконе. Подтвердить добавление этанола, указав дату добавления и инициалы на этикетке. Хранить промывочные буферы с этанолом при комнатной температуре. Также перед применением проверить все растворы в наборе на возможное осаждение соли. Растворить любые осадки путем нагревания растворов до 37°C с последующим уравниванием до комнатной температуры перед использованием.

Примечание. Колонки для очистки ДНК должны храниться при 2-8°C после доставки набора, а также если колонки не используются. После каждого применения убедиться в том, что пакет с колонками для очистки ДНК плотно закрыт.

5.11. Скорректировать объем реакционной смеси до 200 мкл, добавляя воду без ДНКаз/РНКаз. Например: добавить 150 мкл воды к 50 мкл смеси расщепленной ДНК.

5.12. Добавить 100 мкл связывающего буфера. Тщательно перемешать, набирая в пипетку.

5.13. Добавить 300 мкл этанола (96-100%) и перемешать, набирая в пипетку.

5.14. Перенести смесь в микроколону для очистки ДНК и пробирку-сборник. Центрифугировать колонку в течение 1 мин при 14000×g. Утилизировать фильтрат колонки. Вновь установить микроколону для очистки ДНК в пробирке-сборнике. В альтернативном варианте осуществления пробирку можно установить в 2 мл микроцентрифужной пробирке и утилизировать пробирку-сборник.

5.15. Добавить 700 мкл промывочного буфера (с добавкой этанола) в колонку и центрифугировать в течение 1 мин 14000×g. Утилизировать фильтрат и вернуть колонку в пробирку-сборник. В альтернативном варианте осуществления пробирку можно установить в 2 мл микроцентрифужной пробирке и утилизировать пробирку-сборник.

5.16. Выполнить еще одну стадию промывки, добавив 700 мкл промывочного буфера в колонку и центрифугировать в течение 1 минуты 14000×g. Утилизировать фильтрат и вернуть колонку в ту же пробирку-сборник. В альтернативном варианте осуществления пробирку можно установить в 2 мл микроцентрифужной пробирке и утилизировать пробирку-сборник.

5.17. Центрифугировать колонку еще 1 минуту при 14000×g, чтобы полностью удалить любые остатки промывочного буфера.

5.18. Перенести колонку в чистую 1,5 мл микроцентрифужную пробирку и добавить 10 мкл элюирующего буфера (поставляемого с набором GeneJet) в центр колонки. Не следует касаться или прокалывать кремнеземную мембрану наконечником пипетки.

5.19. Центрифугировать в течение 1 мин при 14000×g для элюирования ДНК.

5.20. Убедиться в расщеплении плазмиды VSV-G, проведя гель-электрофорез исходной кольцевой

(нерасщепленной ДНК) и линеаризованной ДНК. Рекомендуется проводить разбавление исходного раствора линеаризованной плазмиды для применения в гель-электрофорезе, чтобы сохранить максимально возможное количество линеаризованной плазмиды.

5.21. Определить концентрацию очищенной линейной плазмидной ДНК VSV-G с использованием флуориметра Qubit 4 и в соответствии с процедурой, описанной ранее в настоящем документе.

5.22. Преобразовать концентрацию линейной плазмиды, определенную на стадии 5.21, в число копий/мкл плазмиды LiCAR следующим образом:

$$\begin{aligned} & (\text{конц. плазмиды по Qubit (мкг/мкл)}) \left(\frac{1 \text{ г}}{1 \times 10^6 \text{ мкг}} \right) = \text{конц. плазмиды (г/мкл)} \\ & \frac{(6,023 \times 10^{22} \text{ копий/моль})(\text{конц. плазмиды (г/мкл)})}{(660 \text{ г/моль})(\text{размер плазмиды (п.н.)})} = \text{конц. плазмиды (копий/мкл)} \end{aligned}$$

Например: концентрация раствора ДНК LiCAR составляет 1,03 мкг/мкл.

$$(1,03 \text{ мкг/мкл}) \left(\frac{1 \text{ г}}{1 \times 10^6 \text{ мкг}} \right) = 1,03 \times 10^{-6} \text{ г/мкл}$$

$$\frac{(6,023 \times 10^{23} \text{ копий/моль})(1,03 \times 10^{-6} \text{ г/мкл})}{(660 \text{ г/моль})(8518 \text{ п.н.})} = 1,103 \times 10^{11} \text{ копий/мкл}$$

5.23. Разбавить исходный раствор плазмиды до рабочей концентрации, подходящей для получения стандарта и контролей в буфере TE с низким содержанием EDTA.

5.24. Разбавить исходный раствор линейной плазмиды LiCAR в буфере TE с низким содержанием EDTA в зависимости от необходимости приготовить рабочий исходный раствор линейной плазмиды LiCAR, подходящий для получения стандартов и контролей.

5.25. Подготовить соответствующие по объему одноразовые аликвоты рабочей концентрации плазмиды с меткой, содержащей минимальную информацию.

5.25.1. Линейная плазида.

5.25.2. Концентрация плазмиды в числе копий/мкл.

5.25.3. Объем аликвоты.

5.25.4. Срок хранения.

5.26. Плазмиды стабильны в течение 12 месяцев при -70°C .

Получение и аттестация новых партий стандартов.

1.0. Цель.

1.1. Описан пример процедуры получения и аттестации новых партий стандартов для метода трансгенной кПЦР.

2.0. Оборудование.

2.1. Центрифуга, способная центрифугировать микроцентрифужные пробирки 1,5 мл (например: Beckman Coulter, Allegra X-14R с ротором SX4750 и поворотным держателем для 96-луночного планшета и адаптеры для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл).

2.2. Система для ПЦР в реальном времени QuantStudio 6.

2.3. Морозильная камера с температурой -20°C .

2.4. Морозильная камера с температурой -70°C .

2.5. Калиброванные 8- или 12-канальные пипетки (20, 50 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

2.6. Калиброванные одноканальные пипетки (20, 100, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

2.7. Холодильник или холодильная камера, способные поддерживать температуру $2-8^{\circ}\text{C}$.

2.8. Программное обеспечение QuantStudio PCR вер. 1.3 или выше.

2.9. Термоблок, способный поддерживать температуру 55°C и подходящий для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл.

2.10. Вихревая мешалка.

2.11. Бокс биологической безопасности.

3.0. Материалы.

Примечание. Материалы с оговоркой "например" могут быть заменены аналогичными материалами без предварительной сертификации. Для материалов с оговоркой "или эквивалент" до использования для тестирования образцов следует подтвердить эквивалентность альтернативной замены.

3.1. Вода без ДНКаз/РНКаз, например: Invitrogen кат. № 10977015.

3.2. Основная смесь TaqPath ProAmp, ThermoFisher кат. № A30866 или эквивалент.

3.3. Конгломераты имитационных Т-клеток с $2 \times 10^6 - 4 \times 10^6$ клеток в каждом конгломерате.

3.4. Сертифицированная партия трансгена ВСМА и праймеры и зонды ALB, специально созданные последовательности от IDT или эквивалент.

3.5. Сертифицированная партия трансгена ВСМА стандарт № 1

- 3.6. Сертифицированная партия среднего и слабого контроля трансгена ВСМА.
- 3.7. Аликвота рабочего исходного раствора pLLV-LICAR2SIN.
- 3.8. 1X буфер TE с низким содержанием EDTA, pH 8,0, без РНКаз/ДНКаз, например: Quality Biological кат. № 351-324-721.
- 3.9. Центрифужные пробирки 0,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: микроцентрифужные пробирки с завинчивающейся крышкой VWR кат. № 89004-286 или Eppendorf кат. № 022431005.
- 3.10. Центрифужные пробирки 1,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431021.
- 3.11. Центрифужные пробирки 2 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431048.
- 3.12. Центрифужные пробирки 5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 0030119460.
- 3.13. Наконечники пипеток, стерильные, с фильтром (20, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: Rainin кат. № 30389226, 30389240, 30398213.
- 3.14. 96-луночные планшеты для ПЦР, Applied Biosystems, кат. № 4483343, 4483354, 4483349, 4483350, 4483395 или эквивалент.
- 3.15. Оптическая адгезивная пленка Micro Amp, Applied Biosystems, кат. № 4311971 или эквивалент.
- 3.16. Емкости для реагентов без РНКаз/ДНКаз, например: VistaLabs кат. № 3054-1002.
- 4.0. Меры предосторожности.
- 4.1. При работе в лаборатории использовать надлежащие СИЗ.
- 4.2. При работе с опасными химическими веществами следовать специальным инструкциям для конкретных условий работы. Более подробную информацию см. в паспорте безопасности производителя.
- 4.3. Все стадии отбора проб пипетками необходимо осуществлять с использованием асептических методик в боксе биологической безопасности. Проводящим анализ рекомендуется использовать одноразовые нарукавники при выполнении всех стадий процедуры, чтобы свести к минимуму риск загрязнения любых материалов или реагентов.
- 5.0. Процедура.
- 5.1. Выделенная гДНК из конгломератов имитационных Т-клеток в соответствии с протоколом, ранее описанным в настоящем документе. Имитационные Т-клетки должны быть получены по способу производства CAR T, но без трансдукции лентивектора.
- 5.2. Для выделения необходимого количества гДНК будут использованы несколько кремнеземных колонок экстракции ДНК. Объединить элюированную ДНК из всех колонок, чтобы получить один исходный раствор имитационной гДНК Т-клетки до количественного определения.
- 5.3. После количественного определения убедиться в том, что выделено достаточное количество гДНК для приготовления нескольких аликвот, достаточных для обеспечения по меньшей мере 4 месяцев тестирования.
- 5.3.1. Если при первоначальном выделении гДНК не получено достаточное количество гДНК для приготовления достаточно большой партии, которая может использоваться по меньшей мере 4 месяца, можно выделить дополнительное количество конгломератов имитационных Т-клеток, объединить с первоначальным исходным раствором имитационной ДНК Т-клетки и провести количественное определение объединенного исходного раствора с использованием Qubit.
- 5.4. Стандарт № 1 готовят из имитационной ДНК Т-клетки в концентрации 0,05 мкг/мкл с добавкой плазмиды pLLV-LICAR2SIN (плазида LiCAR), так чтобы 5 мкл стандарта № 1 содержало 121 212,1212 копий плазмиды LiCAR.
- 5.4.1 Определить общий объем стандарта № 1, который может быть приготовлен из исходного раствора имитационной ДНК Т-клетки, следующим образом:
- $$\frac{(\text{Объем гДНК}) (\text{Концентрация гДНК})}{0,05 \text{ мкг/мкл}} = \text{Суммарный объем стандарта № 1}$$
- Например: после количественного определения ДНК остается приблизительно 397,0 мкл имитационной гДНК Т-клетки. Концентрация гДНК составляет 0,0853 мкг/мкл. 392,0 мкл гДНК будет взято для приготовления стандарта № 1.
- $$\frac{(392 \text{ мкл})(0,0853 \text{ мкг/мкл})}{0,05 \text{ мкг/мкл}} = 668,78 \text{ мкл суммарный объем стандарта № 1}$$
- 5.4.2. Затем определить объем буфера TE с низким содержанием EDTA + плазида, необходимое для разбавления гДНК до 0,05 мкг/мкл, следующим образом:
- $$\text{Суммарный объем стандарта № 1} - \text{Объем гДНК} = \text{Объем TE} + \text{Плазида}$$
- Например: 392,0 мкл гДНК из исходного раствора гДНК будет взято для приготовления суммарного объема 668,8 мкл стандарта № 1.
- $$668,8 \text{ мкл} - 392,0 \text{ мкл} = 276,8 \text{ мкл TE} + \text{Плазида}$$
- 5.4.3. Затем определить объем только плазмиды, необходимый для достижения 121 212,121 копий плазмиды LiCAR на 5 мкл стандарта № 1, следующим образом:

$$\frac{121,212.131 \text{ копий}}{5 \text{ мкл}} = 24\,242,4242 \text{ копий/мкл}$$

$$\frac{(24\,242,4242 \text{ копий/мкл})(\text{Суммарный объем стандарта № 1})}{\text{Концентрация рабочего исходного раствора плазмиды (копий/мкл)}} = \text{Объем плазмиды}$$

Например: Суммарный объем стандарта № 1 составляет 668,8 мкл. Рабочий исходный раствор плазмиды LiCAR с $1,1035 \times 10^6$ копий/мкл.

$$\frac{(24,242,4242 \text{ copies/uL})(668,8 \text{ мкл})}{1,1035 \times 10^6 \text{ (копий/мкл)}} = 14,7 \text{ мкл плазмиды}$$

5.4.4. Наконец, определить объем буфера TE с низким содержанием EDTA, необходимой для приготовления суммарного объема стандарта № 1.

$$\text{Суммарный объем стандарта № 1} - \text{Объем гДНК} + \text{Объем плазмиды} = \text{Объем TE}$$

Например: суммарный объем 668,8 мкл стандарта № 1 из 392,0 мкл имитационной гДНК Т-клетки и 14,7 мкл плазмиды LiCAR.

$$668,8 \text{ мкл} - (392,0 \text{ мкл} + 14,7 \text{ мкл}) = 262,1 \text{ мкл TE}$$

5.5. Начать приготовление стандарта № 1, перенося определенный объем исходного раствора имитационной гДНК Т-клетки в пробирку без ДНКаз/РНКаз подходящего объема, достаточного для приготовления суммарного объема стандарта № 1 (рассчитывается на стадии 5.4.1).

5.6. В пробирку после стадии 5.5 добавить объем буфера TE с низким содержанием EDTA, рассчитанный на стадии 5.4.4.

5.7. Затем добавить объем плазмиды LiCAR, рассчитанный на стадии 5.4.3. Перемешать содержимое пробирки в вихревой мешалке в течение непродолжительного времени.

5.8. Приготовить 20 мкл одноразовых аликвот стандарта № 1 с меткой, содержащей минимальную информацию.

5.8.1. Стандарт № 1 трансгена ВСМА.

5.8.2. № партии.

5.8.3. Дата приготовления стандарта № 1.

5.9. Хранить все одноразовые аликвоты при -20°C .

5.9.1. Аттестация новых партий стандарта № 1.

5.9.1.1. Только что прошедший аттестацию стандарт № 1 и новую партию стандарта № 1 исследуют в ходе как минимум 3 независимых анализов трансгенной кПЦР с использованием аттестованной партии олигонуклеотидов, среднего и слабого контролей в соответствии с протоколом, ранее описанным в настоящем документе, следующим образом.

5.9.1.1.1. Одну основную смесь готовят для всех образцов стандарта и контролей.

5.9.1.1.2. Построить две стандартные кривые по 5 точкам, одну с использованием прошедшей аттестацию партии стандарта № 1, а вторую с использованием новой партии стандарта № 1.

5.9.1.1.3. Загрузить планшет кПЦР в соответствии со схемой планшета.

5.9.1.1.4. Открыть "Standard Qualification.edt" template", выбрать "Save As", ввести соответствующее имя эксперимента кПЦР и сохранить как файл a.eds. Не перезаписывать файл шаблона.

5.9.1.1.5. Загрузить и проанализировать планшет кПЦР в соответствии с протоколом, описанным в настоящем документе.

5.9.1.2. В разделе Setup выбрать Assign. Выделить лунки C1-D12, кликнуть правой кнопкой и выбрать omit. Это позволит исключить стандартную кривую для новой партии стандарта № 1 из анализа. Выделить весь планшет и кликнуть Analyze.

5.9.1.3. Вывести на печать данные отчета в PDF и указать, что они относятся к анализу прошедшей аттестацию партии стандарта № 1.

5.9.1.3.1. Должны быть выполнены все критерии соответствия, описанные в настоящем документе. В случае несоответствия по любому из этих критериев соответствия, анализ является недостоверным, и его необходимо повторить. Отразить любые недостоверные анализы в отчете аттестации реагента.

5.9.1.4. В разделе Setup выбрать Assign. Выделить лунки C1-D3, кликнуть правой кнопкой и выбрать include. Выделить лунки A1-B3, кликнуть правой кнопкой и выбрать omit. Это позволит исключить стандартную кривую для прошедшей аттестацию партии стандарта № 1 из анализа. Выделить весь планшет и кликнуть Analyze.

5.9.1.5. Вывести на печать данные отчета в PDF и указать, что они относятся к анализу новой партии стандарта № 1.

5.9.1.5.1. Все результаты анализа новой партии стандарта № 1 должны удовлетворять всем критериям соответствия анализа, описанным в настоящем документе.

5.9.1.6. Для соответствия требованиям аттестации среднее по результатам всех трех измерений VCN/клетка для среднего и слабого контролей по всем достоверным прошедшим аттестацию анализам должны составлять $\leq 20\%$ ожидаемых результатов VCN/клеток для новых партий стандарта № 1.

Получение и аттестация новых партий среднего и слабого контролей.

1.0. Цель.

1.1. Описан пример процедуры получения и аттестации новых партий стандартов для метода трансгенной кПЦР.

2.0. Оборудование.

2.1 Центрифуга, способная центрифугировать микроцентрифужные пробирки 1,5 мл (например: Beckman Coulter, Allegra X-14R с ротором SX4750 и поворотным держателем для 96-луночного планшета и адаптеры для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл).

2.2 Система для ПЦР в реальном времени QuantStudio 6.

2.3 Морозильная камера с температурой -20°C .

2.4 Морозильная камера с температурой -70°C .

2.5 Калиброванные 8- или 12-канальные пипетки (20, 50 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

2.6 Калиброванные одноканальные пипетки (20, 100, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: пипетки Rainin.

2.7 Холодильник или холодильная камера, способные поддерживать температуру $2-8^{\circ}\text{C}$.

2.8 Программное обеспечение QuantStudio PCR вер. 1.3 или выше.

2.9. Термоблок, способный поддерживать температуру 55°C и подходящий для микроцентрифужных пробирок 1,5 мл.

2.10. Вихревая мешалка.

2.11. Бокс биологической безопасности.

3.0. Материалы.

Примечание. Материалы с оговоркой "например" могут быть заменены аналогичными материалами без предварительной сертификации. Для материалов с оговоркой "или эквивалент" до использования для тестирования образцов следует подтвердить эквивалентность альтернативной замены.

3.1. Вода без ДНКаз/РНКаз, например: Invitrogen кат. № 10977015.

3.2. Основная смесь TaqPath ProAmp, ThermoFisher кат. № A30866 или эквивалент.

3.3. Конгломераты имитационных Т-клеток с 2×10^6 - 4×10^6 клеток в каждом конгломерате.

3.4. Сертифицированная партия трансгена ВСМА и праймеры и зонды ALB, специально созданные последовательности от IDT или эквивалент.

3.5. Сертифицированная партия трансгена ВСМА стандарт № 1.

3.6. Сертифицированная партия среднего и слабого контроля трансгена ВСМА.

3.7. Аликвота рабочего исходного раствора pLLV-LICAR2SIN.

3.8. 1X буфер TE с низким содержанием EDTA, pH 8,0, без РНКаз/ДНКаз, например: Quality Biological кат. № 351-324-721.

3.9. Центрифужные пробирки 0,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: микроцентрифужные пробирки с завинчивающейся крышкой VWR кат. № 89004-286 или Eppendorf кат. № 022431005.

3.10. Центрифужные пробирки 1,5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431021.

3.11. Центрифужные пробирки 2 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 022431048.

3.12. Центрифужные пробирки 5 мл, стерильные, без РНКаз/ДНКаз, например: Eppendorf кат. № 0030119460.

3.13. Наконечники пипеток, стерильные, с фильтром (20, 200, 1000 мкл или другого соответствующего объема), например: Rainin кат. № 30389226, 30389240, 30398213.

3.14. 96-луночные планшеты для ПЦР, Applied Biosystems, кат. № 4483343, 4483354, 4483349, 4483350, 4483395 или эквивалент.

3.15. Оптическая адгезивная пленка Micro Amp, Applied Biosystems, кат. № 4311971 или эквивалент.

3.16. Емкости для реагентов без РНКаз/ДНКаз, например: VistaLabs кат. № 3054-1002.

4.0. Меры предосторожности.

4.1. При работе в лаборатории использовать надлежащие СИЗ.

4.2. При работе с опасными химическими веществами следовать специальным инструкциям для конкретных условий работы. Более подробную информацию см. в паспорте безопасности производителя.

4.3. Все стадии отбора проб пипетками необходимо осуществлять с использованием асептических методик в боксе биологической безопасности. Проводящим анализ рекомендуется использовать одноразовые нарукавники при выполнении всех стадий процедуры, чтобы свести к минимуму риск загрязнения любых материалов или реагентов.

5.0. Процедура.

5.1. Выделенная гДНК из конгломератов имитационных Т-клеток в соответствии с протоколом, ранее описанным в настоящем документе. Имитационные Т-клетки должны быть получены по способу производства CAR T, но без трансдукции лентивектора.

5.2. Для выделения необходимого количества гДНК будут использованы несколько кремнеземных колонок экстракции ДНК. Объединить элюированную ДНК из всех колонок, чтобы получить один исходный раствор имитационной гДНК Т-клетки до количественного определения.

5.3. После количественного определения убедиться в том, что выделено достаточное количество гДНК для приготовления нескольких аликвот, достаточных для обеспечения по меньшей мере 4 месяцев тестирования. Слабый контроль представляет собой 1:10 разбавление среднего контроля с использованием 0,02 мкг/мкл имитационной гДНК Т-клетки в качестве разбавителя. Слабые и средние контроли обязательно готовить вместе из одного и того же исходного раствора имитационной гДНК Т-клетки, но если их готовят одновременно, необходимо будет сохранить часть исходного раствора выделенной имитационной ДНК Т-клетки для приготовления слабого контроля. Пример, показанный в приведенных ниже стадиях, иллюстрирует порядок приготовления среднего и слабого контроля из одного и того же исходного раствора имитационной гДНК Т-клетки.

5.3.1. Если при первоначальном выделении гДНК не получено достаточное количество гДНК для приготовления достаточно большой партии обоих контролей, которая может использоваться по меньшей мере 4 месяца, можно выделить дополнительное количество конгломератов имитационных Т-клеток, объединить с первоначальным исходным раствором имитационной ДНК Т-клетки и провести количественное определение объединенного исходного раствора с использованием Qubit.

5.4. Средний контроль трансгена ВСМА готовят из имитационной ДНК Т-клетки в концентрации 0,02 мкг/мкл с добавкой плазмиды pLLV-LICAR2SIN (также называемой в настоящем документе плазмидой "LiCAR"), так чтобы 5 мкл среднего контроля содержало 30 303,030 копий плазмиды LiCAR. Это соответствует числу копий вектора 2,00 копий/клетка в 5 мкл контроля.

5.4.1. Определить общий объем слабого контроля, который может быть приготовлен из исходного раствора имитационной ДНК Т-клетки, следующим образом.

$$\frac{(\text{Объем гДНК})(\text{Концентрация гДНК})}{0,02 \text{ мкг/мкл}} \approx \text{Суммарный объем среднего контроля}$$

Например: после количественного определения ДНК остается приблизительно 547,0 мкл имитационной гДНК Т-клетки. Концентрация гДНК составляет 0,0913 мкг/мкл. 298 мкл гДНК будет взято для приготовления среднего контроля.

$$\frac{(298,0 \text{ мкл})(0,0913 \text{ мкг/мкл})}{0,02 \text{ мкг/мкл}} = 1360,4 \text{ мкл Суммарный объем среднего контроля}$$

5.4.2. Затем определить объем буфера ТЕ с низким содержанием EDTA + плазида, необходимое для разбавления гДНК до 0,02 мкг/мкл, следующим образом:

$$\text{Суммарный объем среднего контроля} - \text{Объем гДНК} \approx \text{Объем ТЕ} + \text{Плазида}$$

Например: 298,0 мкл гДНК из исходного раствора гДНК будет взято для приготовления суммарного объема 1360,4 мкл среднего контроля.

$$1360,4 \text{ мкл} - 298,0 \text{ мкл} \approx 1062,4 \text{ мкл ТЕ} + \text{Плазида}$$

5.4.3. Затем определить объем одной только плазмиды, необходимый для достижения 30 303,030 копий плазмиды LiCAR на 5 мкл среднего контроля, следующим образом.

$$\frac{30 \ 303,030 \text{ копий}}{5 \text{ мкл}} \approx 6 \ 060,606 \text{ копий/мкл}$$

$$\frac{(6 \ 060,606 \text{ копий/мкл})(\text{Суммарный объем среднего контроля})}{\text{Концентрация рабочего исходного раствора плазмиды (копий/мкл)}} \approx \text{Объем плазмиды}$$

Например: Суммарный объем среднего контроля составляет 1360,4 мкл. Рабочий исходный раствор плазмиды LiCAR с $1,1035 \times 10^6$ копий/мкл.

$$\frac{(6 \ 060,606 \text{ копий/мкл})(1360,4 \text{ мкл})}{1,103 \times 10^6 \text{ (копий/мкл)}} = 7,5 \text{ мкл плазмиды}$$

5.4.4. Наконец, определить объем буфера ТЕ с низким содержанием EDTA, необходимый для приготовления суммарного объема среднего контроля.

$$\text{Суммарный объем среднего контроля} - \text{Объем гДНК} + \text{Объем плазмиды} = \text{Объем ТЕ}$$

Например: Суммарный объем 1360,4 мкл среднего контроля из 298 мкл имитационной гДНК Т-клетки и 7,5 мкл плазмиды LiCAR.

$$1360,4 \text{ мкл} - (298 \text{ мкл} + 7,5 \text{ мкл}) \approx 1054,9 \text{ мкл ТЕ}$$

5.5. Приготовить средний контроль, перенося определенный объем исходного раствора имитационной гДНК Т-клетки в пробирку без ДНКаз/РНКаз подходящего объема, достаточного для приготовления суммарного объема среднего контроля (рассчитывается на стадии 5.4.1).

5.6. В пробирку после стадии 5.5 добавить объем буфера ТЕ с низким содержанием EDTA, рассчитанный на стадии 5.4.4.

5.7. Затем добавить объем плазмиды LiCAR, рассчитанный на стадии 5.4.3. Перемешать содержимое пробирки в вихревой мешалке в течение непродолжительного времени.

5.8. Приготовить слабый контроль из среднего контроля, разбавляя средний контроль 1:10 с использованием 0,02 мкг/мкл имитационной гДНК Т-клетки в качестве разбавителя. Например: приготовить 1230,0 мкл суммарного объема слабого контроля из исходного раствора среднего контроля.

$$\frac{1230,0 \text{ мкл слабый контроль}}{10} = 123,0 \text{ мкл средний контроль}$$

В качестве примера можно привести порядок приготовления слабого и среднего контролей из одного исходного раствора имитационной гДНК Т-клетки, а остальной объем среднего контроля будет использован в качестве новой партии среднего контроля.

$$1360,4 \text{ мкл средний контроль} - 123,0 \text{ мкл (для приготовления слабого контроля)} = 1237,4 \text{ мкл остатка среднего контроля}$$

5.9. Определить количество 0,02 мкг/мкл имитационной гДНК Т-клетки, необходимое для приготовления требуемого суммарного объема слабого контроля. Например: Суммарный объем исходного раствора слабого контроля, который будет приготовлен, составляет 1230,0 мкл и получается разбавлением среднего контроля 1:10 (123,0 мкл средний контроль).

$$1230,0 \text{ мкл} - 123,0 \text{ мкл} = 1107,0 \text{ мкл } 0,02 \text{ мкг/мкл гДНК}$$

5.10. Затем разбавить необходимый объем выделенной имитационной гДНК Т-клетки до 0,02 мкг/мкл буфером ТЕ с низким содержанием EDTA. Приготовить достаточный объем 0,020 мкг/мкл гДНК (включая перезакладку), необходимый для приготовления слабого контроля (стадия 5.9). Например: 1107,0 мкл 0,02 мкг/мкл имитационной гДНК Е-клетки, необходимые для приготовления 1230,0 мкл слабого контроля. Разбавить 0,0913 мкг/мкл исходного раствора имитационной Т-клетки до 0,02 мкг/мкл.

$$\frac{(244,0 \text{ мкл исходного раствора гДНК})(0,0913 \text{ мкг/мкл})}{0,02 \text{ мкг/мкл}} = 1113,9 \text{ мкл суммарный объем } 0,02 \text{ мкг/мкл гДНК}$$

$$113,9 \text{ мкл} - 244,0 \text{ мкл} = 869,9 \text{ мкл объем буфера ТЕ}$$

Разбавить 244,0 мкл исходного раствора имитационной гДНК Т-клетки в концентрации 0,0913 мкг/мкл 869,9 мкл буфера ТЕ с низким содержанием EDTA для приготовления достаточного объема 0,02 мкг/мкл имитационной гДНК Т-клетки для приготовления 1230,0 мкл слабого контроля.

5.11. Приготовить слабый контроль, перенося определенный объем исходного раствора имитационной гДНК Т-клетки в пробирку без ДНКаз/РНКаз подходящего объема, достаточного для приготовления желаемого суммарного объема слабого контроля.

5.12. В пробирку после стадии 5.11 добавить определенный объем буфера ТЕ с низким содержанием EDTA, рассчитанный на стадии 5.10.

5.13. Затем добавляют определенный объем среднего контроля, необходимый для приготовления слабого контроля. Перемешать содержимое пробирки в вихревой мешалке в течение непродолжительного времени.

5.14. Приготовить 20 мкл одноразовых аликвот среднего и слабого контроля с меткой, содержащей минимальную информацию:

5.14.1. Средний/слабый контроль трансгена ВСМА.

5.14.2. № партии.

5.14.3. Дата приготовления контроля.

5.15. Хранить все одноразовые аликвоты при -20°C.

5.15.1. Аттестация новых партий контролей.

5.15.1.1. Аттестованный только что средний и слабый контроли и новую партию контролей исследуют в ходе как минимум 3 независимых анализов трансгенной кПЦР с использованием прошедшей аттестацию партии олигонуклеотидов и стандартов № 1 в соответствии с протоколом, ранее описанным в настоящем документе, следующим образом:

5.15.1.1.1. Одну основную смесь готовят для всех образцов стандарта и контролей.

5.15.1.1.2. Строят одну стандартную кривую по 5 точкам с использованием прошедшей аттестацию партии стандарта № 1.

5.15.1.1.3. Загрузить планшет кПЦР в соответствии со схемой планшета на фиг. 10.

5.15.1.1.4. Открыть файл шаблона аттестации контролей, выбрать "Save As", ввести соответствующее имя эксперимента кПЦР и сохранить как файл a.eds. Не перезаписывать файл шаблона.

5.15.1.1.5. Загрузить и проанализировать планшет кПЦР в соответствии с файлом шаблона для аттестации контролей.

5.15.1.2. Проанализировать данные в соответствии с файлом шаблона аттестации контролей с новым набором контролей, проанализированных как образцы.

5.15.1.2.1. Должны быть удовлетворены все критерии соответствия, описанные в файле шаблона аттестации контролей.

5.15.1.3. Критерии соответствия аттестации.

5.15.1.3.1. Для соответствия требованиям аттестации среднее по результатам всех трех измерений VCN/клетка для новой партии среднего и слабого контролей по всем достоверным аттестованным анализам должны составлять ≤35% ожидаемых результатов VCN/клеток для новых партий контролей.

5.15.1.3.2. % CV результатов всех трех измерений VCN/клетка для новой партии среднего и слабого контролей для всех достоверных аттестационных анализов должен составлять ≤20%.

Пример 3. Метод аттестации трансгенной кПЦР.

1.0. Цель.

1.1. Цель настоящего примера состоит в описании результатов, полученных в ходе выполнения протокола аттестации метода трансгенной кПЦР.

2.0. Область применения.

2.1. Анализ кПЦР для количественного определения плазмиды LiCAR, интегрированной в продукт CAR T, оценивали количественно по результатам определения следующих параметров аттестации: специфичность, точность, линейность, воспроизводимость (воспроизводимость и внутрилабораторная воспроизводимость), диапазон и LOQ.

3.0. Определения и сокращения.

3.1. Количественная полимеразная цепная реакция кПЦР.

3.2. Человеческий альбумин hALB.

3.3. Число копий вектора VCN.

3.4. CV коэффициент вариации.

3.5. SD стандартное отклонение.

3.6. Ct порог цикла.

3.7 LOQ предел количественного определения.

3.8. Разработка методов биологического анализа BMD.

3.9. Контроль качества QC.

4.0. Подход анализа.

4.1. Линейность анализа количественно оценивали при тестировании стандартной кривой по 5 точкам, построенной по результатам 5-кратного последовательного разбавления стандарта № 1 трансгенной кПЦР и построения результатов стандартной кривой как десятичного логарифма количества в зависимости от Ct.

4.2. Точность анализа, воспроизводимость и внутрилабораторную воспроизводимость количественно определяли по результатам тестирования стандартной кривой по 5 точкам, а также средних и слабых контролей анализа.

4.3. Точность анализа количественно определяли по результатам тестирования среднего и слабого контролей анализа.

4.4. Специфичность анализа была продемонстрирована при тестировании образца имитационной ДНК Т-клетки и репрезентативного образца ДНК CAR T, собранного в день 10.

4.5. LOQ анализа был определен при тестировании LOQ образцов 0,02 VCN/клетка и 0,014 VCN/клетка.

4.6. Три аттестационных анализа были проведены двумя специалистами по анализу при этом один из трех анализов проводили в разные дни.

5.0. Материалы.

5.1. Ознакомиться с протоколом аттестации, описанным в настоящем документе, где приводится полный перечень материалов, необходимых для проведения анализа трансгенной кПЦР.

5.2. Стандарты и контроли анализа.

5.2.1. Стандарт № 1 трансгена BCMA, № партии LM-RP3-00533A.

5.2.2. Средний контроль трансгена BCMA, № партии LM-RP3-00533B.

5.2.3. Слабый контроль трансгена BCMA, № партии LM-RP3-00533C.

5.3. Образцы специфичности анализа.

5.3.1. Имитационная ДНК Т-клетки, № партии LM-RP3-00533.

5.3.2. ДНК CAR T, LM-RP3-00541.

5.4 Образцы LOQ анализа.

5.4.1. LOQ образцов 0,02 VCN/клетка и 0,014 VCN/клетка, № партии LM-RP3-00533.

5.4.2. Набор олигонуклеотидов для трансгенного метода № партии LM-RP3-00460.

6.0. Выводы.

6.1. В настоящем примере приведены результаты, полученные в ходе выполнения протокола аттестации метода трансгенной кПЦР.

6.2. Метод продемонстрировал приемлемую точность, воспроизводимость, специфичность и линейность, которые приведены в табл. 12 (10.2-10.5). Кроме того, были определены диапазон анализа и LOQ для мишеней трансгена и hALB. Поэтому проводят аттестацию метода для тестирования материала лекарственного препарата CAR T до приготовления состава со средой для криоконсервации.

Таблица 12

Сводная информация по критериям соответствия и результатам аттестации процедуры трансгенной мультиплексной кПЦР

Параметр	Критерии соответствия	Результаты
Линейность (мишень трансгена)	Значение R^2 линейной регрессии Log_{10} от значений C_t для стандартной кривой по всем достоверным аттестационным анализам должно быть $\geq 0,97$.	1,00
Воспроизводимость (стандартная кривая мишени трансгена)	% CV значений C_t по трем измерениям в каждом достоверном аттестационном анализе для каждого стандарта должен составлять $\leq 30\%$.	0,06–0,54%
Внутрилабораторная воспроизводимость (стандартная кривая мишени трансгена)	% CV значений C_t для всех достоверных аттестационных измерений для каждого стандарта должен составлять $\leq 30\%$.	0,26–0,47%
Линейность (мишень hALB)	Значение R^2 линейной регрессии Log_{10} от значений C_t для стандартной кривой по всем достоверным аттестационным анализам должно быть $\geq 0,97$.	1,00
Воспроизводимость (стандартная кривая мишени hALB)	% CV значений C_t по трем измерениям в каждом достоверном аттестационном анализе для каждого стандарта должен составлять $\leq 30\%$.	0,03–0,41%
Внутрилабораторная воспроизводимость (стандартная кривая мишени трансгена)	% CV значений C_t для всех достоверных аттестационных измерений для каждого стандарта должен составлять $\leq 30\%$.	0,17–0,55%
Точность	% Извлечения для среднего и слабого контролей анализа в каждом достоверном аттестационном анализе должен составлять в пределах 70–130% ожидаемого значения VCN/клетка для данного контроля.	Средний контроль (2,00 VCN/клетка) 93–95% извлечения Слабый контроль (0,02 VCN/клетка): 79–84% извлечения
Воспроизводимость	% CV результатов трех измерений VCN/клетка для среднего и слабого контролей анализа для каждого достоверного аттестационного анализа должен составлять $\leq 30\%$.	Средний контроль (2,00 VCN/клетка): 4–6% Слабый контроль (0,02 VCN/клетка): 4–6%
Внутрилабораторная воспроизводимость	% CV результатов измерений VCN/клетка для среднего и слабого контроля анализа для	Средний контроль (2,00 VCN/клетка): 4% Слабый контроль (0,02

	всех достоверных аттестационных анализов должен составлять $\leq 30\%$.	VCN/клетка): 6%
Специфичность (имитационная ДНК Т-клетки)	Все значения Ct повторных измерений для имитационной ДНК Т-клетки должны относиться к категории «не определяется» для мишени трансгена, и при этом для каждого достоверного аттестационного анализа среднее число копий hALB должно находиться в пределах 21 221–39 394.	Мишень трансгена: для каждого анализа все значения Ct повторных измерений относились к категории «не определяется». Мишень hALB: среднее число копий hALB находилось в диапазоне 28 719–29 611.
Специфичность (JNJ-68284528 CAR-T ДНК)	Все значения повторных измерений для JNJ-68284528 CAR-T ДНК должны демонстрировать поддающийся количественному определению результат для трансгена, и при этом для каждого достоверного аттестационного анализа среднее число копий hALB должно находиться в пределах 21 212–39 394.	Мишень трансгена: все значения числа копий были определены количественно и находились в диапазоне 4592,801–5153,907. Мишень hALB: среднее число копий hALB находилось в пределах 31 552–33 725.
Диапазон (мишень трансгена)	Диапазон определяется как диапазон числа копий, охватываемый стандартной кривой по 5 точкам, при условии, что мишень трансгена удовлетворяет всем критериям в отношении точности,	Диапазон: 193,939–121 212,121 копий

	линейности и внутрилабораторной воспроизводимости.	
Диапазон (мишень hALB)	Диапазон определяется как диапазон числа копий, охватываемый стандартной кривой по 5 точкам, при условии, что мишень hALB обеспечивает внутрилабораторную воспроизводимость.	Диапазон 121,212– 75 757,576 копий
LOQ (мишень трансгена)	LOQ определяется как результат для числа копий трансгена для образца с наименьшим LOQ, для которого должен наблюдаться % CV ? 20% для результата среднего числа копий трансгена и результатов среднего VCN/клетка, а также % извлечения в пределах 70–130% для результата среднего числа копий трансгена и результата среднего VCN/клетка для каждого достоверного аттестационного анализа.	LOQ: Число копий трансгена образца LOQ 0,02 VCN/клетка составляет 303,030.
LOQ (мишень hALB)	LOQ определяется как значение числа копий стандарта № 5, при условии, что мишень hALB удовлетворяет всем критериям в отношении точности, линейности и внутрилабораторной воспроизводимости.	LOQ: 121,212 копий

7.0. Процедура.

7.1. Все анализы проводили как описано в протоколе аттестации метода. В оценку критериев соответствия аттестации метода включались только анализы, которые удовлетворяли критериям соответствия анализа, указанным в методе.

8.0. Результаты и обсуждение.

8.1. Линейность и воспроизводимость стандартной кривой (воспроизводимость и внутрилабораторная воспроизводимость).

8.1.1. Результаты для стандартной кривой по 5 точкам для всех достоверных аттестационных анализов для мишеней трансгена и hALB приведены в табл. 13-14 и на фиг. 1-12. Значения R2 графиков Log10 от значений Ct для мишеней трансгена и hALB составляют 1,00. Воспроизводимость для каждого стандарта менялась в диапазоне 0,06-0,54% для мишени трансгена и в диапазоне 0,03-0,41% для мишени hALB. Внутрилабораторная воспроизводимость менялась в диапазоне 0,26-0,47% для мишени трансгена и в диапазоне 0,17-0,55% для мишени hALB.

Таблица 13
 Результаты для стандартной кривой трансгена

Анализ №	Сг	Среднее Сг	Сг SD	Сг % CV (воспроизводимость)	Сг % CV (внутрилабораторная воспроизводимость)	
Стандарт № 1	1	20,987 21,096 21,110	21,064	0,067	0,32	0,26
	2	20,980 21,035 21,062	21,025	0,042		
	3	20,966 20,981 20,990	20,979	0,012		
Стандарт № 2	1	23,443 23,485 23,589	23,505	0,075	0,32	0,35
	2	23,432 23,422 23,510	23,455	0,048		
	3	23,318 23,348 23,393	23,353	0,038		
Стандарт № 3	1	25,923 25,828 25,807	25,853	0,062	0,24	0,30
	2	25,822 25,750 25,773	25,782	0,037		
	3	25,741 25,689 25,672	25,701	0,036		
Стандарт № 4	1	28,194 28,092 28,117	28,134	0,053	0,19	0,30
	2	28,038 28,098 28,146	28,094	0,054		
	3	27,999 27,948 27,966	27,971	0,026		
Стандарт № 5	1	30,336 30,663 30,471	30,490	0,165	0,54	0,47
	2	30,201 30,251 30,359	30,270	0,081		
	3	30,487 30,307 30,484	30,426	0,103		
Критерии соответствия:				≤ 30	≤ 30	

Таблица 14
 Результаты для стандартной кривой hALB

	Анализ №	Ct	среднее Ct	Ct SD	Ct % CV (воспроизводимость)	Ct % CV (внутрилабораторная воспроизводимость)
Стандарт № 1	1	21,038	21,060	0,022	0,11	0,26
		21,083				
		21,058				
	2	21,080	21,147	0,059	0,28	
		21,188				
		21,175				
3	21,081	21,063	0,017	0,08		
	21,058					
	21,050					
Стандарт № 2	1	23,454	23,453	0,038	0,16	0,17
		23,415				
		23,491				
	2	23,493	23,489	0,006	0,03	
		23,482				
		23,493				
3	23,418	23,410	0,013	0,05		
	23,418					
	23,396					
Стандарт № 3	1	25,802	25,772	0,032	0,13	0,21
		25,738				
		25,777				
	2	25,898	25,827	0,072	0,28	
		25,830				
		25,754				
3	25,783	25,758	0,042	0,16		
	25,780					
	25,710					
Стандарт № 4	1	28,154	28,096	0,058	0,21	0,17
		28,095				
		28,039				
	2	28,117	28,099	0,015	0,05	
		28,089				
		28,092				
3	28,078	28,068	0,070	0,25		
	27,994					
	28,133					
Стандарт № 5	1	30,498	30,569	0,072	0,23	0,55
		30,641				
		60,567				
	2	30,804	30,773	0,066	0,21	
		30,819				
		30,698				
3	30,508	30,434	0,126	0,41		
	30,288					
	30,505					
Критерии соответствия:					≤ 30	≤ 30

8.2. Точность и воспроизводимость контрольных образцов для контроля качества (воспроизводимость и внутрилабораторная воспроизводимость).

8.2.1. Результаты для среднего контроля 2,00 VCN/клетка и слабого контроля 0,20 VCN/клетка приведены в табл. 15. Процент извлечения для средних результатов VCN/клетка для среднего контроля находится в диапазоне 93-95%.

Процент извлечения для средних результатов VCN/клетка для слабого контроля находится в диапазоне 79-84%. Воспроизводимость для среднего и слабого контролей находится в диапазоне 4-6%. Внутрилабораторная воспроизводимость для среднего и слабого контролей составляет 4% и 6% соответственно.

Таблица 15

Результаты для среднего контроля 2,00 VCN/клетка и слабого контроля 0,20 VCN/клетка

	Анализ №	Ожидаемое значение VCN/клетка	Наблюдаемое значение VCN/клетка	Ср. наблюдаемое значение VCN/клетка	SD VCN/клетка	% CV (воспроизводимость)	% извлечения	% CV (внутрилабораторная воспроизводимость)
Средний контроль	1	2,00	1,83	1,91	0,070	4	95	4
			1,95					
	2	2,00	1,94	1,90	0,081	4	95	
			1,80					
	3	2,00	1,92	1,85	0,116	6	93	
			1,96					
Слабый контроль	1	0,20	1,72	0,17	0,010	6	84	6
			1,94					
	2	0,20	1,89	0,16	0,007	4	79	
			0,16					
	3	0,20	0,16	0,17	0,010	6	84	
			0,18					

8.3. Специфичность.

8.3.1. В табл. 16 приведены результаты для образцов имитационной ДНК Т-клетки и ДНК CAR T, которые исследовали для оценки специфичности анализа. Все повторные измерения образцов имитационной ДНК Т-клетки были отнесены к категории "не определяется" для мишени трансгена. Все повторные измерения ДНК CAR T демонстрируют количественно определяемые результаты числа копий трансгена. Кроме того, образцы имитационной ДНК Т-клетки и ДНК CAR T отвечают требованиям критериев соответствия образца hALB в отношении числа копий hALB +/-30% от ожидаемого числа копий 30 303,030 для 100 нг ДНК.

Таблица 16

Результаты для имитационной ДНК Т-клетки и ДНК CAR T

	Анализ №	Ст трансгена	Копии трансгена	Ст hALB	Копии hALB	Ср. число копий hALB	
Имитационная ДНК Т-клетки	1	Не определяется	Н/П	22,476	28 874,957	29 226,484	
		Не определяется	Н/П	22,474	28 918,598		
		Не определяется	Н/П	22,426	29 885,896		
		Не определяется					
	2	Не определяется	Н/П	22,505	29 269,688	29 610,689	
		Не определяется	Н/П	22,491	29 537,838		
		Не определяется	Н/П	22,467	30 024,545		
		Не определяется					
	3	Не определяется	Н/П	22,487	28 520,168	28 718,760	
		Не определяется	Н/П	22,489	28 481,504		
		Не определяется	Н/П	22,455	29 154,613		
		Не определяется					
Критерии соответствия		Не определяется			21 212–39 394		
JNJ-68284528 CAR-T ДНК	1	25,796	4 894,034	22,321	32 078,729	31 552,141	
		25,831	4 776,155	22,356	31 328,813		
		25,830	4 779,097	22,360	31 248,881		
	2	25,742	4 792,772	22,353	32 438,480	33 725,105	
		25,783	4 656,793	22,230	35 245,887		
		25,803	4 592,801	22,305	33 490,949		
	3	25,719	4 739,884	22,373	30 857,877	32 056,623	
		25,597	5 153,907	22,283	33 273,906		
		25,742	4 666,396	22,318	32 038,086		
	Критерии соответствия:			Количественно определяемый результат		21 212–39 394	

8.4. Диапазон и LOQ.

8.4.1. Мишени трансгена и hALB удовлетворяют всем критериям соответствия в отношении точности, линейности и внутрилабораторной воспроизводимости. Поэтому диапазон для мишеней как транс-

гена, так и hALB определяется как диапазон числа копий стандартной кривой по 5 точкам. Диапазон трансгена составляет 193,939-121 212,121 копий. Диапазон hALB составляет 121,212-75 757,576 копий. Кроме того, LOQ для мишени hALB определяется как 121,212 копий.

8.4.2. Результаты для LOQ образцов 0,014 VCN/клетка и 0,02 VCN/клетка приведены в табл. 17. По меньшей мере одно из трех значений Ct по результатам измерений для LOQ образца 0,014 VCN/клетка не попадает в диапазон Ct стандартной кривой трансгена в каждом достоверном аттестационном анализе. Поэтому значения числа копий трансгена не могут быть точно определены, и нет возможности оценить критерии LOQ. Однако LOQ образца 0,02 VCN/клетка приводило к % извлечения на уровне 73-80%. LOQ образца 0,02 VCN/клетка также приводило к % CV для среднего значения числа копий трансгена и среднего результатов VCN/клетка 1-9% и 2-11% соответственно. Поэтому LOQ мишени трансгена определяется как значение ожидаемого числа копий трансгена LOQ образца 0,02 VCN/клетка, равное 303,030 копий.

Таблица 17
Результаты для LOQ образцов 0,014 VCN/клетка и 0,02 VCN/клетка

Анализ №	Наблю- даемое число копий трансгена	Наблю- даемое среднее число копий трансгена	Наблю- даемое SD копий трансгена	Наблю- даемый % CV копий трансгена	% извле- чения коли- чества транс- гена	Наблю- даемое ср. значение VCN/ клетка	Наблю- даемое SD VCN/ клетка	Наблю- даемое % CV VCN/ клетка	% извле- чения VCN/ клетка	
0,014 VCN/ клетка (212,121 копий транс- гена)	1 Н/П 177,993	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	
	2 Н/П Н/П Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	
	3 187,975 Н/П 188,407	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	Н/П	
Значения количеств, обозначенные как Н/П, не поддавались количественному определению, поскольку значение Ct было выше наибольшего значения Ct для стандарта № 5 (т. е. вне диапазона Ct стандартной кривой трансгена)										
Анализ №	Наблю- даемое число копий трансгена	Наблю- даемое среднее число копий трансгена	Наблю- даемое SD копий трансгена	Наблю- даемый % CV копий трансгена	% извле- чения коли- чества транс- гена	Наблю- даемое ср. значение VCN/ клетка	Наблю- даемое SD VCN/ клетка	Наблю- даемое % CV VCN/ клетка	% извле- чения VCN/ клетка	
0,02 VCN/клет ка (303,030 копий трансгена)	1 237,648 241,111 230,666	236,475	5,320	2	78	0,016	0,0002	2	80	
	2 212,258 214,734 209,573	212,187	2,581	1	70	0,015	0,0003	2	73	
	3 221,846 200,792 242,464	221,701	20,836	9	73	0,015	0,0016	11	75	
Критерии соответствия:					≤ 20	30–170			≤ 20	30–170

Содержание всех патентов, опубликованных заявок, ссылок, цитируемых в настоящем документе, полностью включено в настоящий документ путем ссылки.

Хотя были показаны и описаны примеры осуществления, специалистам в данной области будет понятно, что возможно внесение различных изменений в форме и содержании без отступления от объема вариантов осуществления, включенных в прилагаемую формулу изобретения.

Перечень последовательностей

<110> ЯНССЕН БАЙОТЕК, ИНК.

<120> SAR T КОНСТРУКТ И ПРАЙМЕРЫ ДЛЯ КОМПЛЕКСА СОЗРЕВАНИЯ В-КЛЕТОК

<130> JVI6148WOPCT1

<140>

<141>

<150> 62/894,663

<151> 2019-08-30

<160> 32

<170> PatentIn, версия 3.5

<210> 1

<211> 24

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 1

agcagggcca gaaccagctc tata 24

<210> 2

<211> 23

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 2

tgaactgaga gtgaagtca gca 23

<210> 3

<211> 22

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 3

cttcgtccta gattgagctc gt 22

<210> 4

<211> 24

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 4

ttatagagct ggttctggcc ctgc 24

<210> 5

<211> 21
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 5
ggatgtgaac tgagagtga g 21

<210> 6
<211> 21
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 6
tcctctcttc gtcttagatt g 21

<210> 7
<211> 25
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 7
tcttctgga atcggcagct acagc 25

<210> 8
<211> 21
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 8
ggcagaaaga aactcctgta t 21

<210> 9
<211> 21
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 9
cttcactctc agttcacatc c 21

<210> 10
<211> 25
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 10
tcttctgga atcggcagct acagc 25

<210> 11
<211> 22
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 11
ccagtacaaa ctactcaaga gg 22

<210> 12
<211> 20
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 12
gctgaacttc actctcagtt 20

<210> 13
<211> 29
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 13
agaaggagga tgtgaactga gagtgaagt 29

<210> 14
<211> 20
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 14
ctgccgattt csagaagaag 20

<210> 15
<211> 21
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 15
tcctctcttc gtctagatt g 21

<210> 16
<211> 26
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 16
aggaggatgt gaactgagag tgaagt 26

<210> 17
<211> 18
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 17
ctgtagctgc cgatttcc 18

<210> 18
<211> 20
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 18

atcgactcc tctcttcgtc 20

<210> 19

<211> 26

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 19

aggaggatgt gaactgagag tgaagt 26

<210> 20

<211> 20

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 20

ctgcccattt ccagaagaag 20

<210> 21

<211> 21

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 21

tcctctcttc gtctagatt g 21

<210> 22

<211> 25

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 22

agggagat ttgtgggc atgac 25

<210> 23

<211> 22

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 23

tcatctcttg tgggctgtaa tc 22

<210> 24

<211> 21

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 24

tgctggttct ctttactga c 21

<210> 25

<211> 26

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 25

cctgtcatgc ccacasaat ctctcc 26

<210> 26

<211> 22

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 26

gctgtcatct cttgtggct gt 22

<210> 27

<211> 21

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 27

actcatggga gctgctggtt c 21

<210> 28

<211> 24

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 28

ccctggcatt gttgtctttg caga 24

<210> 29

<211> 18

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 29

ctgtcatgcc sasasaaa 18

<210> 30

<211> 22

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический праймер»

<400> 30

ataaggctat csaactcat gg 22

<210> 31

<211> 16

<212> ДНК

<213> Искусственная последовательность

<220>

<221> источник

<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 31
aatcggcagc tacagc 16

<210> 32
<211> 16
<212> ДНК
<213> Искусственная последовательность

<220>
<221> источник
<223> /note=«Описание искусственной последовательности: Синтетический зонд»

<400> 32
tttgtgtggg catgac 16

1

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Набор для количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерными антигенными рецепторами (CAR), содержащий: зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом; первый праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11; и второй праймер, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12.

2. Набор по п.1, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

3. Набор по п.1, содержащий матрицу, содержащую зонд.

4. Набор по п.2, в котором матрица представляет собой многолуночный планшет.

5. Набор по п.1, дополнительно содержащий зонд человеческого альбумина (hALB), содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом hALB, первый праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, и второй праймер hALB, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24.

6. Набор по п.5, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит радиоактивный изотоп, субстрат фермента, хемилюминесцентный агент, флуорофор, тушитель флуоресценции, фермент, химическое соединение или их комбинацию.

7. Набор по п.1, дополнительно содержащий зонд референсного гена и по меньшей мере одну метку, связанную с зондом референсного гена, первый праймер референсного гена и второй праймер референсного гена.

8. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий:

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, и вторым праймером hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 22, посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

9. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным

рецептором (CAR), включающий:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, вторым праймером CAR, первым праймером hALB и вторым праймером hALB, причем первый праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, второй праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, первый праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 23, второй праймер hALB содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 24; амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот hALB с первым праймером hALB и вторым праймером hALB, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты hALB;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами hALB и зондом hALB посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

10. Способ по п.8 или 9, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

11. Способ по п.8 или 9, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными молекулами нуклеиновых кислот hALB и зондом hALB включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом hALB, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом hALB, до гибридизации.

12. Способ по п.8 или 9, в котором амплификация включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР).

13. Способ по п.12, в котором ПЦР представляет собой ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию (ЛЦР) или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

14. Способ по п.8, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор.

15. Способ по п.8, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом hALB, содержит флуорофор.

16. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий:

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

17. Способ количественного определения интеграции трансгена в Т-клетку с химерным антигенным рецептором (CAR), включающий:

приведение нуклеиновых кислот из CAR Т-клетки в контакт с первым праймером CAR, вторым праймером CAR, первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, причем первый праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, а второй праймер CAR содержит нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12;

амплификацию нуклеиновых кислот CAR с первым праймером CAR и вторым праймером CAR, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот первого референсного гена с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые

кислоты референсного гена;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом.

18. Способ по п.16 или 17, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

19. Способ по п.16 или 17, в котором обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот референсного гена и зондом референсного гена включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом референсного гена, до гибридизации.

20. Способ по п.16 или 17, в котором амплификация включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР).

21. Способ по п.20, в котором ПЦР представляет собой ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию (ЛЦР) или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

22. Способ по п.16, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор.

23. Способ по п.16, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом референсного гена, содержит флуорофор.

24. Способ получения химерного антигенного рецептора (CAR) Т-клетки, включающий: интродукцию трансгена CAR в Т-клетку для получения интегрированного в Т-клетку трансгена;

определение интеграции трансгена CAR, включающее:

амплификацию нуклеиновых кислот из Т-клетки с интегрированным трансгеном с первым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 11, и вторым праймером CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 12, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты CAR;

амплификацию нуклеиновых кислот из Т-клетки с интегрированным трансгеном с первым праймером референсного гена и вторым праймером референсного гена, таким образом получая амплифицированные нуклеиновые кислоты референсного гена; обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR, содержащим нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 10, посредством целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR;

обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами референсного гена и зондом референсного гена посредством референсного сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена; и

количественное определение числа копий трансгена путем сравнения целевого сигнала с референсным сигналом; и

получение CAR Т-клетки, содержащей по меньшей мере одну копию интегрированного трансгена CAR.

25. Способ по п.24, в котором обнаружение гибридизации между амплифицированными нуклеиновыми кислотами CAR и зондом CAR включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом CAR, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом CAR, до гибридизации.

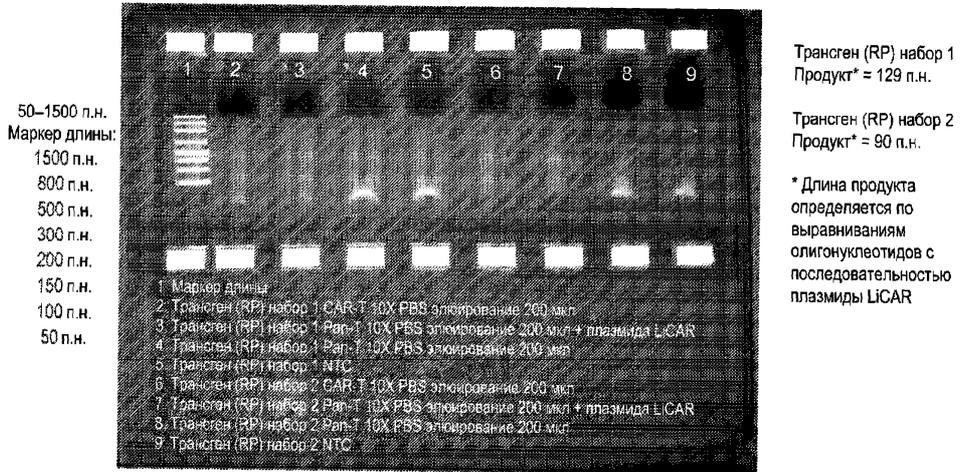
26. Способ по п.24, в котором обнаружение гибридизации между молекулами амплифицированных нуклеиновых кислот референсного гена и зондом референсного гена включает обнаружение изменения целевого сигнала от по меньшей мере одной метки, связанной с зондом референсного гена, во время или после гибридизации относительно целевого сигнала от метки, связанной с зондом референсного гена, до гибридизации.

27. Способ по п.24, в котором амплификация включает полимеразную цепную реакцию (ПЦР).

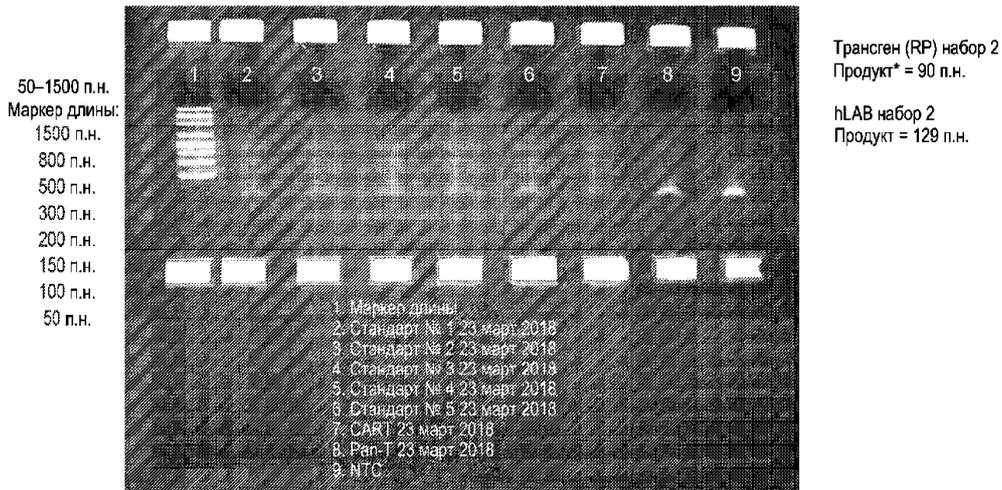
28. Способ по п.27, в котором ПЦР представляет собой ПЦР в реальном времени, полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой (ОТ-ПЦР), полимеразную цепную реакцию с обратной транскриптазой в реальном времени (ОТ-ПЦР в реальном времени), лигазную цепную реакцию (ЛЦР) или транскрипционно опосредованную амплификацию (ТМА).

29. Способ по п.24, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом CAR, содержит флуорофор.

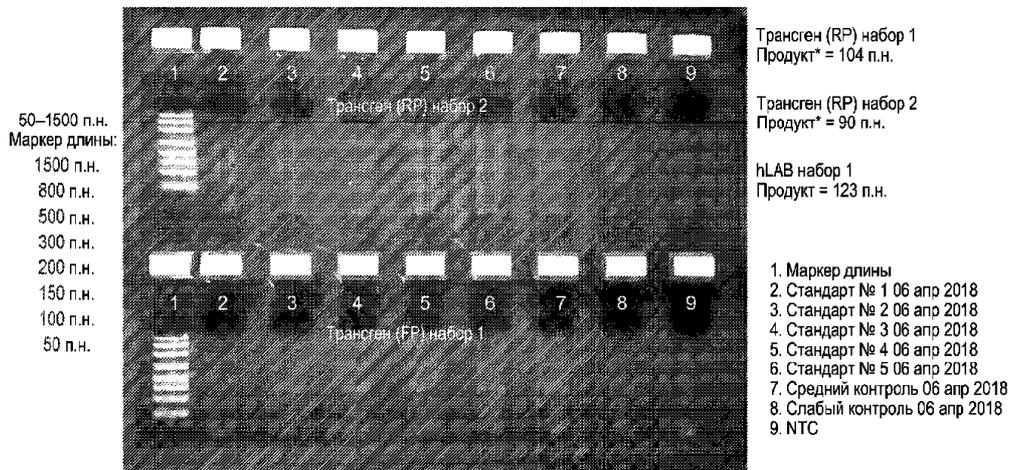
30. Способ по п.24, в котором по меньшей мере одна метка, связанная с зондом референсного гена, содержит флуорофор.



Фиг. 1

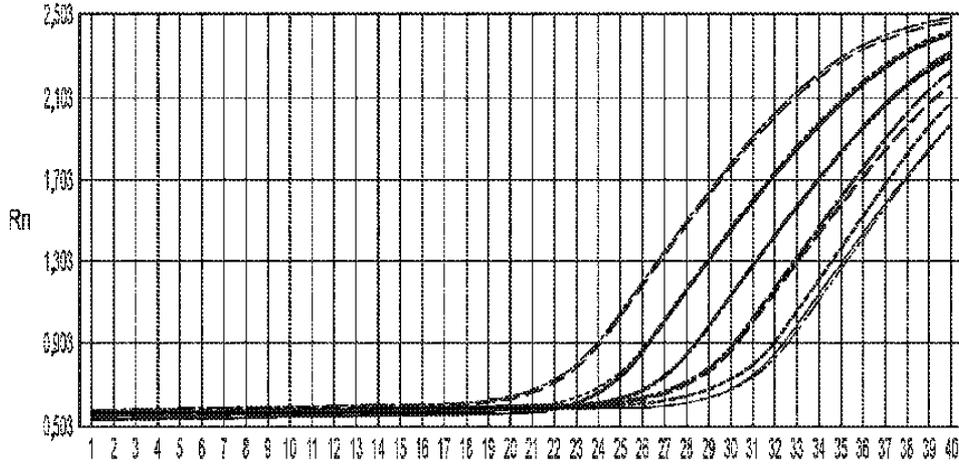


Фиг. 2



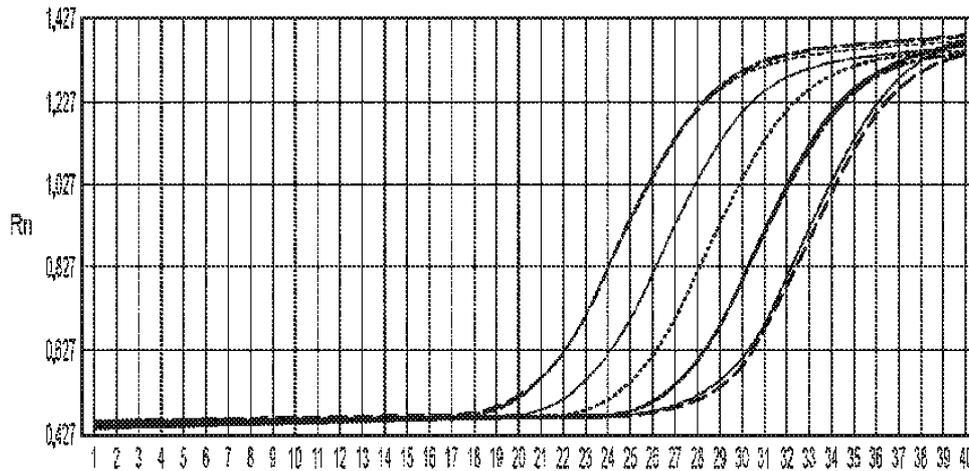
Фиг. 3

Rn от цикла



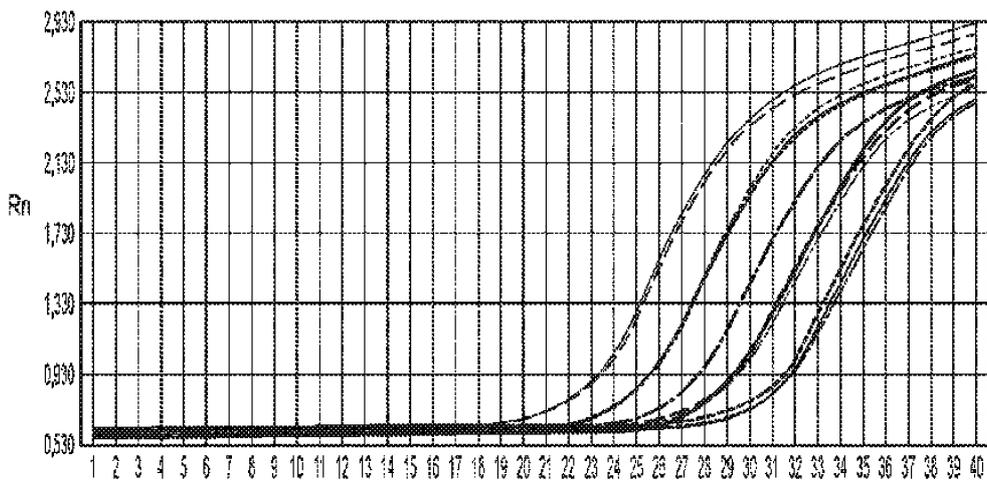
Фиг. 4А

Rn от цикла



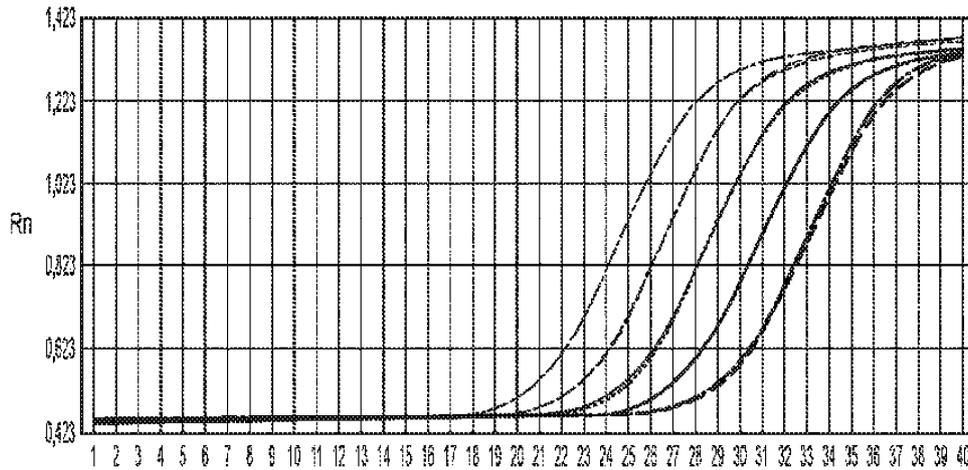
Фиг. 4В

Rn от цикла



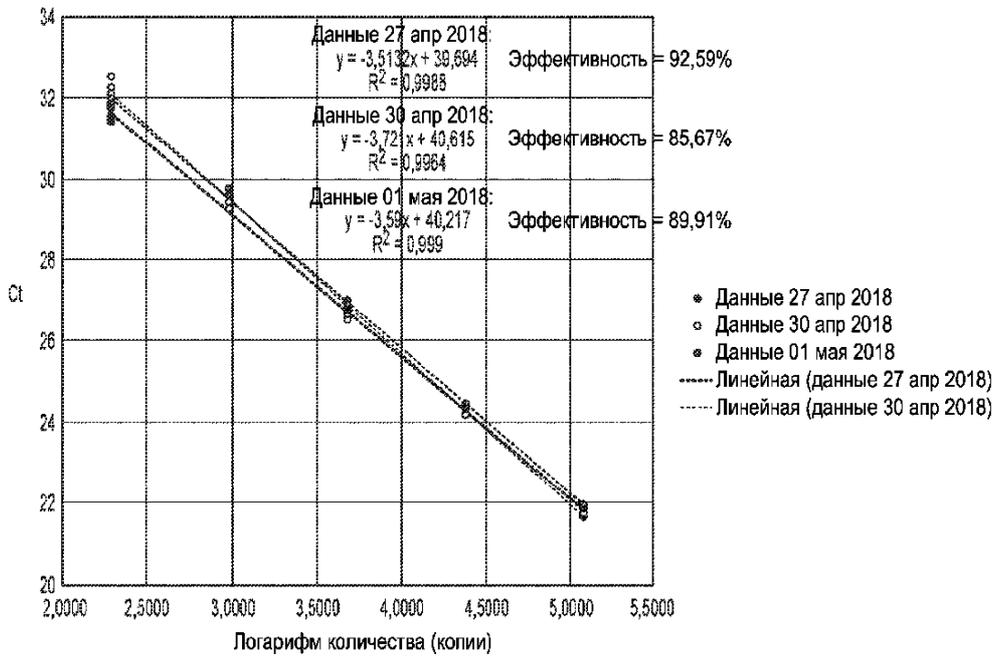
Фиг. 4С

Rn от цикла



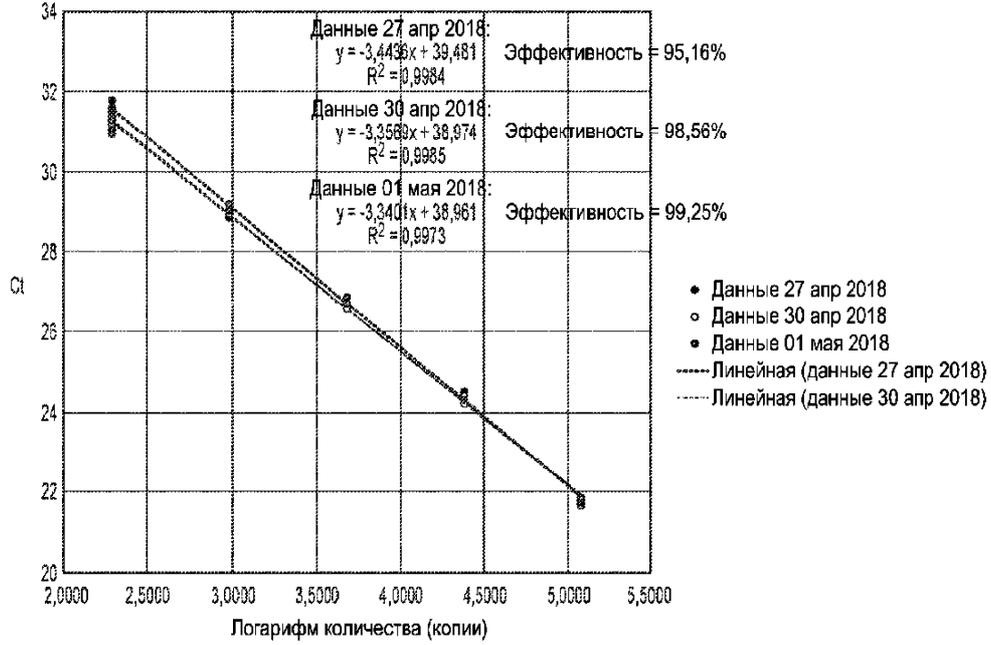
Фиг. 4D

Стандартные кривые замороженного трансгена



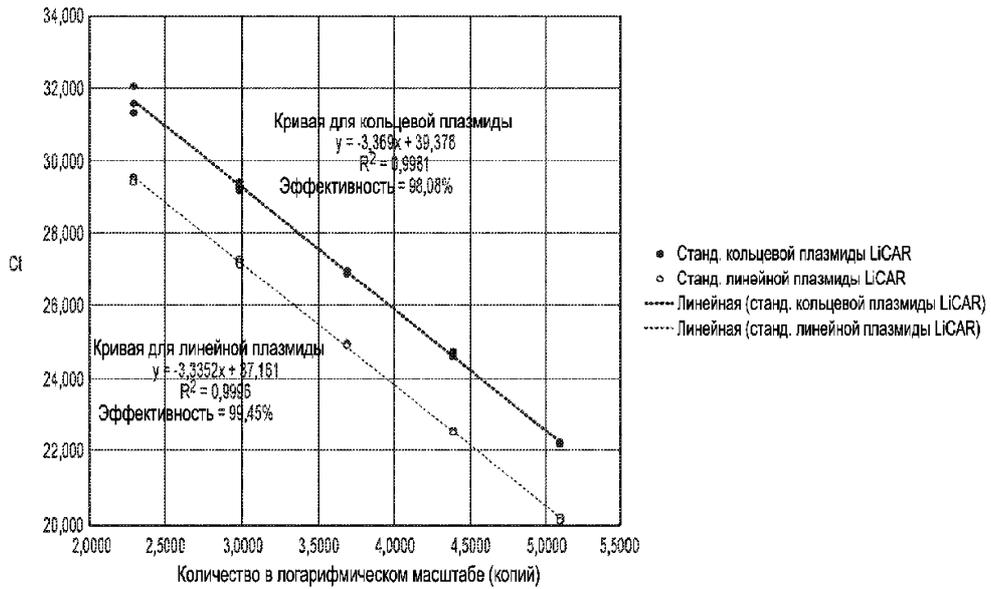
Фиг. 5A

Стандартные кривые интактного трансгена

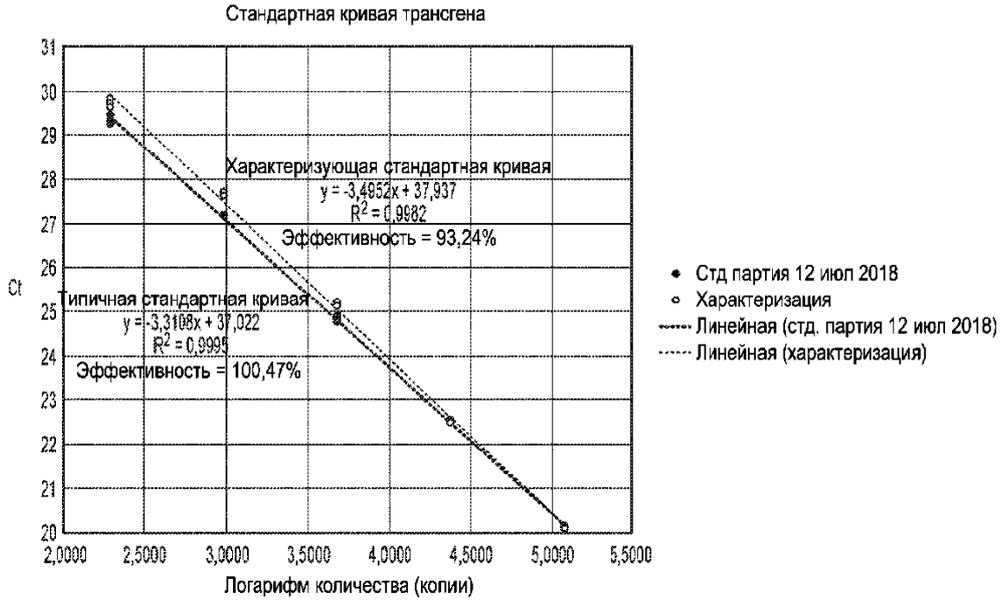


Фиг. 5B

Стандартная кривая мультиплексной реакции определения трансгена



Фиг. 6



Фиг. 7



Фиг. 8

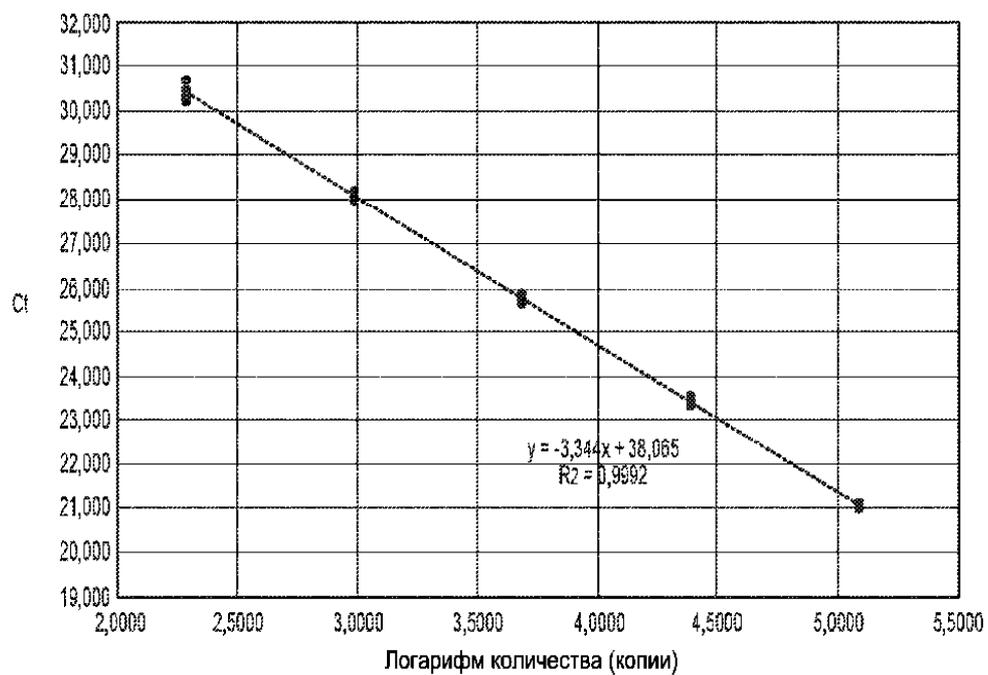
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	Стандарт № 1			Стандарт № 2			Стандарт № 3			Стандарт № 4		
B	Стандарт № 5			NTC			ВСМА средний контроль			ВСМА слабый контроль		
C	Образец 1			Образец 2			Образец 3			Образец 4		
D	Образец 5			Образец 6			Образец 7			Образец 8		
E	Образец 9			Образец 10			Образец 11			Образец 12		
F	Образец 13			Образец 14			Образец 15			Образец 16		
G	Образец 17			Образец 18			Образец 19			Образец 20		
H	Образец 21			Образец 22			Образец 23			Образец 24		

Фиг. 9

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	Стандарт № 1			Стандарт № 2			Стандарт № 3			Стандарт № 4		
B	Стандарт № 5			NTC			BCMA средний контроль (определяемая партия)			BCMA слабый контроль (определяемая партия)		
C	BCMA средний контроль (новая партия)			BCMA слабый контроль (новая партия)								
D												
E												
F												
G												
H												

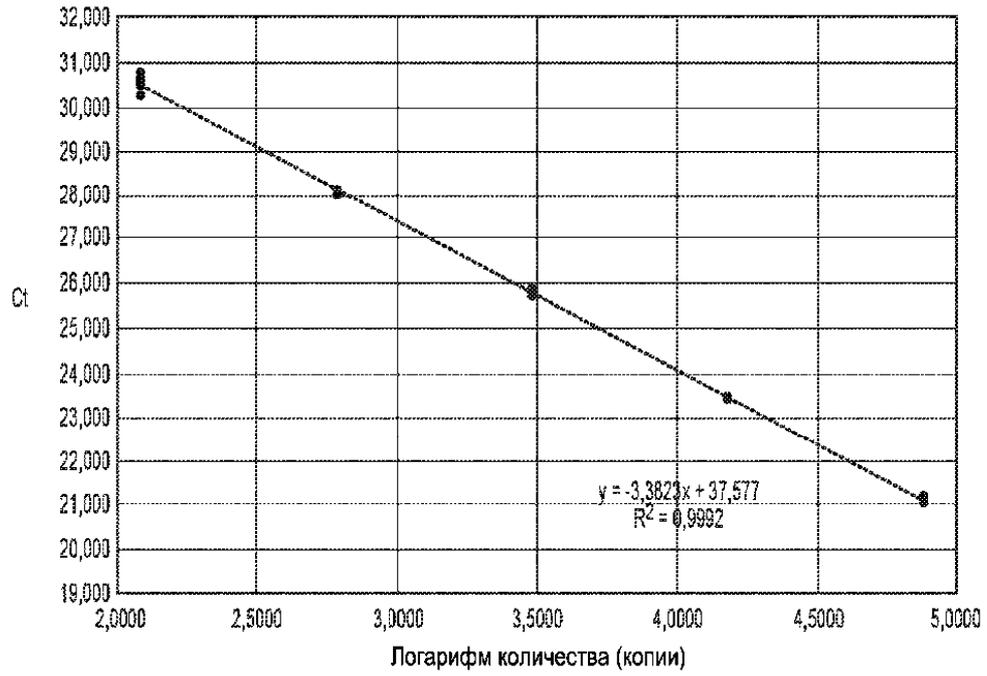
Фиг. 10

Линейность трансгена



Фиг. 11

Линейность hALB



Фиг. 12

1 cctttcccag ggacttctac aaggaaaaag etagagttgg ttactgactt ctaataaata
 61 atgcctacaa tttctaggaa gttaaaagtt gacataattt atccaagaaa gaattatttt
 121 cttaaccttag aatagtttct tttctctttt cagatgtagg tttttctggc tttagaaaaa
 181 atgcttgttt ttcttcaatg gaaaataggg acacttgttt tatgtctggt catctgtagt
 241 cagaaagaca agtctgggat ttctttcag gactcccttg agtcattaaa aaaaatcttc
 301 ctatctatct atgtabctat catcoactca gctttgattt tttctctctc tgtgctttat
 361 tagttaatta gtacccattt ctgaagaaga aataacataa gattatagaa aataatttct
 421 ttcatgttaa gactgaatag aaaaaatttt ctttcattat aagactgagt agaaaaata
 481 atactttggt agtctctgtg cctctatgtg ccatgaggaa atttgactac tggttttgac
 541 tgactgagtt atttaattaa gtaaaaaaac tggcttagta ctaattattg ttctgtagta
 601 ccagagaaaag ttgttcttcc taactggttga gctcagtagt tcttcatatt ctgagcaaaa
 661 gggcagaggt aggatagctt ttctgaggta gagataagaa ccttgggtag ggaaggaaga
 721 tttatgaaat atttaaaaaa ttattcttcc ttogcttgtt ttttagacat aatgtttaat
 781 ttattttgaa atttaaagca acataaaaaga acatgtgatt tttctactta ttgaaagaga
 841 gaaagaaaaa aaatatgaaa cagggatgga aagaatccta tgcttgggta aggtcaaggg
 901 ttctcataac ctacagagaa tttggggtca gcttgcctta ttgtatatta tggcaagat
 961 aatcatcctc tcatttgggt ccattttctt ctccatctct gcttaactga agatcccctg
 1021 agatatactc acactgaatc taaatagcct atctcagggc ttgaatcaca tgtgggcccac
 1081 agcaggaatg ggaacatgga atttctaagt cctatcttac ttgttattgt tgetatgtct
 1141 tttcttagt ttgcatctga ggcaacatca gctttttcag acagaatggc tttggaatag
 1201 taaaaaagac acagaagccc taaaatatgt atgtatgat atgtgtgtgt gcatgctga
 1261 gtaacttgtg gtaaaatttt cattatctat aggtaaaaag acacttggaa tttagcaatag
 1321 atgcaatttg ggacttaact ctttcagtat gtcttatttc taagcaaggt atttagttt
 1381 gtttagtaatt actaaacact gagaactaaa ttgcaaacac caagaactaa aatgttcaag
 1441 tgggaaatta cagttaaata ccatggtaat gaataaaaag tacaatcgt ttaaactctt
 1501 atgtaaaatt tgataagatg ttttacacaa ctttaataca ttgacaaggt ctgttgaga
 1561 aaacagttcc agatggtaaa tatacacaag ggatttagtc aaacaatttt ttggcaagaa
 1621 tattatgaat ttgtaatcgt gttggcagcc aatgaaatc aaagatgagt ctagttaata
 1681 atctacaatt atgtgttaaa gaagbatatt agtgctaatt tectctcgt ttctctctct
 1741 tttctctctt gtcaacccca cagcctttg gcacaatgaa gtgggtaacc tttatttccc
 1801 ttctttttct ctttagctcg gcttattcca ggggtgtgtt tctctgagat gcacgtaaga
 1861 aatccatttt totattgttc aacttttatt ctattttccc agtaaaaata agtttttagta
 1921 aactctgcac ctttaaagaa ttattttggc atttatttct aaaatggcat agtattttgt
 1981 atttgtgaag tcttacaagg ttactctatt aataaaaatc aaacatccta ggtaaaaaaa
 2041 aaaaaagggtc agaattgttt agtgactgta attttctttt ggcactaag gaaagtgcaa
 2101 agtaacttag agtgactgaa acttcacaga ataggggtga agattgaatt cataactatc
 2161 ccaagacctc atocattgca ctatgcttta tttaaaaacc acaaaaacctg tgdctgtgat
 2221 ccataaata gaacttgtat ttatatttat tttcatttta gtctgtcttc ttggttctgt
 2281 ttgatagaca ctaaaagagt attagatatt atctaagttt gaatataagg ctataaatat
 2341 ttaataattt ttaaaatagt attcttggta attgaaatar tcttctgttt anaggcgaa
 2401 gaaataattg aacatcctcc tgagttttcc tgttaggaatc agagcccact attttgaac
 2461 aaatgcataa tctaagtcaa atggaaagaa atataaaaag taacattatt acttctgtt
 2521 ttcttcagta tttaaacatc cttttttttc ttcccttggc cagacaagag tgaggttct
 2581 catcggttta aagatttggg agaagaaaat ttcaaagcct tghtaagttaa aatattgatg
 2641 aatcaaatat aatgtttcta atagtgtgtt ttattattct aaagtgctta tattctctg
 2701 tcatcaggggt tcagatbcta aaacagtgtt gctcgtaga gttttctgct ttgaggaaga
 2761 tattctgtat ctgggctatc caataaggta gtcactggtc acatggctat tgagtaactc
 2821 aaatatgaca agtgcaactg aaaaacaaaa acttaaatgt tatttaattg tagttaattt
 2881 gaatgtatat agtcacatgt ggcaaatggc tactgtattg gacagtacag ctctggaact
 2941 tgcttgggtg aaaggacttt aatataggtt tcttctgggt gcttaaccac taaatcttct
 3001 ttacatagca agcattctct tgcttagttg ggaatattta attttttttt ttttttaaga
 3061 cagggtctcg ctctgtctcc caggctggag tgcagtggtg caatctctggc tcaactgcaaa

3121 etcegetccc ggggtteacgc cattctcctg cctcagectc ccgagtagct gggactacag
 3181 gogccocgoca tcaocgocgg ctaatctttt gtatfttttag tagagatggg gtttcacocgt
 3241 gtgocaggat ggtctcaate tootgacate gtgatctgcc cacctogggc tccocaaagtg
 3301 ctggggattac aggagtgagt caccgcgcgc ggcctattta aatgtttttt aacttagtaa
 3361 aaaatgagaa aattgttttt ttaaaagtct acctaatccy acaggctaata taagaocgtg
 3421 gggggggatc aggtgocggtg gttcacacct gtaatcccag cactttggaa ggcctgatgca
 3481 ggaggattgc ttgagccocag gagtacaaga ccagcctggg caagtctctt taaaaaaac
 3541 aaaacaaaca aacaaaaaaa ttaggcctgg tggcacatgc ctgtagtctt agctacttag
 3601 gaggtgacg taggaggatc gtttggacct gagaggtoaa ggctacagtg agccatgatt
 3661 gtgcccactgc actccagcct gggtgacaga gtgagactct gtctcaaaaa agaaaaagga
 3721 aactctgtggg gtttgtttta gtttaagta attctaagga ctttaaaaaa gectagtctt
 3781 gacaattaga tctatttggc atacaatttg ctgtcttaat ctatgtgtgt gcatagatct
 3841 actgacacac gcatacatat aaacattagg gaactaccat tctctttggc taggaagcca
 3901 catatgecta totaggcctc agatccatcc tgatatgaat aggcctctct gataatggtg
 3961 aagaagctgt ataaaaagata gaaactatad ccatacatga tttgtctctt agcgtagcaa
 4021 cctgttaccat attaaaagttt tattatacta catttttcta catctctgtt ttcagggtgt
 4081 tgattgcctt tgcctcagtat cttcagcagt gtccatttga agatcatgta aaattagtga
 4141 atgaagtaac tgaatttgoa aaaaocatgtg ttgctgatga gtcagotgaa aattgtgaca
 4201 aatcacttgt aagtacattc taattgtgga gattctttct tctgtttgaa gtaatcccaa
 4261 gcattttcaaa ggaatttttt ttaagttttc tcaatttaaa ttaaghtctc tgatttata
 4321 gaaacactaa aaagttgtct atagactgat aagccattgt tcttttgtg atagagatgc
 4381 ttagctatg tccacagttt taaaatcatt tctttattga gaccaaaac aacagtcctg
 4441 qtctatttaa atggcaattt gtcatttata aacacctctt tttaaaattt gaggtttggt
 4501 tcttttttgt agaggctaata agggatagta tagcatgtat ttatttattt atttatctta
 4561 ttttattata gtaagaacct ttaacatgag atctacctg ttatattttt aagtgtaaca
 4621 tccattattg ttaactacgg gtaacactgtt gtatagctta ctcatcttgc tgatttata
 4681 ctttgtgccc attgattagt aacctctctt ttctgtctcc cccagccact ggcaaccagc
 4741 attatactct ttgattctat gaggttgact acttttagcta ccttatataa gtggtattat
 4801 gtaactgtta tctttttatg actgacctat ttcccttagc atagtgcatt caaagtcca
 4861 ccattgttgt gcttattgca gaatttctt cttttcaagg ctgaataata ttcagtgca
 4921 tctgtgtacc acatttctt tatccattaa tttgttgatt gatagacatt taggttgggt
 4981 tctscatct tgaactatcat gaatagtgtt gcaatgaaca caggagagct actatctctt
 5041 agagatgata tcatggtttt tatcatcaga aaacaccac tgatttctat gctaattttg
 5101 ttacctgggt ggaataabag tacagctata tattcctcat tttagataac tttgtatttc
 5161 tacatacaat aaaaaagcag agtacttagt catgttgaag aactttaaac ttttagtatt
 5221 tccagatcaa tcttcaaac aaggacaggt ttatcttctt ctccaccctc atctatata
 5281 taccctctgt gggcaaggcc agtttttctc actggagcct ttccctttt tattatgtac
 5341 ctctccctca cagcagagtc aggactttaa ctttacacaa tactatggct ctacatagga
 5401 aactcttaaaa atacataaaa attaataaat tctgtctaga gtatgtatatt ttccctgggg
 5461 ttaocgattac ttctataata aaaattagag ataaggaaaag gactcattta ttggaaagtg
 5521 attttaggta acatttctgg aagaaaaatg tctatatctt aataghoact taatataaga
 5581 tggattgtgt tactcctcag ttttcaatgg catatactaa aacatggccc tctaaaaagg
 5641 gggcaaatga aatgagaaac tctctgaatg tttttctccc ctagggtgat tcaoctgctg
 5701 cttagaaget fattttctct tgatttctgt tatabatgat gctcttccc tttagtttta
 5761 agtttcaaaa taggagtcat ataacctctc ttaaagctat tgactgtctt tttgtcctgt
 5821 tttattcacc atgagttata gtgtgacagt taattcttat gaaaattata tagagatggt
 5881 taaatcatca gaaactgtaa acctcgattg ggaggggag cggattttta aatgatttcc
 5941 tgaccaagct taaccagtat attaaatcct ttgtactgtt ctttggctat aaagaaaaaa
 6001 ggactgtctc agcaactgaa acctgctttc ttccatttag catacccttt ttggagacaa
 6061 attatgcaca gttgcaactc ttctgaaac ctatggtgaa atggctgact gctgtgcaaa
 6121 acaagaacct gagagaaatg aatgcttctt gcaacacaaa gatgacaacc caaacctccc
 6181 ccgattgggt agaccagagg ttgagtgat gtgcactgct tttcatgaca atgaagagac
 6241 atttttgaaa aagtaagtaa tcaatgttt atagttcaaa attaaaaago atggagtaac
 6301 tccataggcc aacactctat aaaaattacc ataacaaaaa tttttcaac attaagactt
 6361 ggaagtrrhg tnatgatgat tttttaaaga aghaghttt gataccacaa aattctatad
 6421 agcaaaaaat atgatcaag atattttgaa gtttattgaa acaggatata atcttctgta
 6481 aaaatttaag atagacaaat tatttaatgt attacgaaga tatgtatata tggttgttat

6541 aattgatttco gttttagtea gcaacattat attgocaaaa ttttaaccatt tatgcacaco
6601 cacacacaca cacacacact taaccctttt ttccacatac ttaaagaatg acagagacaa
6661 gaccatcatg tgcaaatga gcttaactgg ctaattagat atctttggaa cctggagggt
6721 ctggggagaa tgtcagatba aahhahhctt gtaatttgt ctgcfataga aaagtgactg
6781 tttttctttt tcaaaattta gatacttata tgaatttgc agagacatc cttactttta
6841 tgcctcggaa ctctttttct ttgtfaaaag gtataaagct gcttttacag aatggttgc
6901 agctgctgat aaagctgctt gcttcttggc aaaggtatta tgcaaaagaa tagaaaaaaa
6961 gagttcatta tccaacctga tttgttccat tttgtggcta gatttaggga acctgagtg
7021 ctgatacaaa ctcttcgaca tggtaaaaa agccttctct ttatctgtct tgaaaatctt
7081 tcatctttga aggcctacac tctcgtctct ccttttaaga tttgccaatg atgatctgtc
7141 agaggtaatc antgtgcatg tgttcaaaaga tttcaccact ttttatggg gcatcacta
7201 tagtgaaata ctgaaacttg tttgtcaaat tgcacagcaa ggggacacag tctctgttta
7261 tcttttcatg ataattttta gtagggaggg aattcaaatg agagaatttt actgcatcta
7321 gatgootgag ttcattgcatt cttccataa atatatatta tggatgottt tattttcttt
7381 tctgaggagt ttactgatgt tgggtggagg gagactgaaa tgaattatac acaaaattta
7441 aaaattagca aaattgcagc cctgggata ttagcgtact cttctctga cttttctccc
7501 acttttaagy ctctlllctc tggcaatglt tccagllggg ttctlaactac ataggyaall
7561 cctctgtgac cagaatgatc gaatgatctt tcttttctt agagagcaaa acattatct
7621 gctaaaggga gtacttggga atttaggcat aaattatgct tcaaaaat t aatttggc
7681 agtctcatct tttttagct cgtgaactt cgggatgag ggaaggctt cgtctgcaaa
7741 aattattctt tttttagct cgtgaactt cgggatgag ggaaggctt cgtctgcaaa
7801 cagagactca agtgtgccc tctccaaaaa tttggagaaa gagctttcaa agcatggtaa
7861 atacttttaa acatagttgg catctttata acgatgtaa tgataatgct cagtgacaa
7921 attgtacatt tttatgtatt ttgcaaatg ctgtcaaaata ctttctttg gttgtctaac
7981 aggtagaact ctaatagagg taaaaatcag aatataaatg acaatttgac atattttta
8041 atcttttctt tctaaaatag ttgaataatt tagaggacgc tgtctttttt gctcaaaaa
8101 aagggacaga tatttaagtt ctattttatt ataaaatctt ggactcttat tctaaggtt
8161 cattattttt abagagctgt aggcattggt ctttatttaa tttttaaag ttabttttta
8221 tttttgtgga tacagagtag gtatacatat ctacgggta tatgagatat tttgatata
8281 gtatacaaca tatataatct ctbtatttaa ttttatctc ccccaatga tctaaaaata
8341 tttgctttgc cttttatgct ttatagttaa attcagtac caactaagtt gaagttaact
8401 cttatttttg catagctcca gctctgatct tcatctcatg tttttgctg agcctctgtt
8461 tccatattac tttagttggt ctgggagcat actttaatag ccgagtcaag aaaaatacta
8521 gctgccccgt cccccact cctcaactgc tagtcaacag caaatcaaca caacaggaa
8581 taaaatgaaa ataatagaca ttatgcatg tctctagaaa ctgtcaattg aactgtattt
8641 gctcatcatt cctaccatct acaccacca aatcaaccaa atttatgaaa aaaaaacagc
8701 ccaaacataa aattatacac agataaacag gctatgattg gttttgggaa agaagtcacc
8761 tttacctgat ttaggcaact gtgaaatgac tagagaatga agaaaattag acgtttcat
8821 cttgtcatag agtttgaaga tagtgctgga tctttctctt tataagtaag atcaataaaa
8881 actccctcat tctgtagaag ttatgatctt ttttctaaga gacctttaga agtcagaaaa
8941 aatgtgtttc aattgagaaa aaagataact ggagtttgt tagtaactcc cagattataa
9001 aatgcttttg tatgattat ctaatttaat cctcaaaact tcttcaat t agcatgtgt
9061 catgacactg cagaggctga agctcagaga cctcagccc tctgctaaca agtctactg
9121 ctaacaagtg ataaagccag agctggaagt cacatctgga ctccaacct gatgcttctc
9181 agcctgttgc cctttttaga gttctctctt aatttctgct tttatgactt gctagatttc
9241 tacctaccac acacactctt aaatggataa tctctgccc aaggataagtg attaccattt
9301 ggttcagaac tagaactaat gaattttaaa aattattctt gtatgtccat tttgaatttt
9361 cttatgagaa atagtatttg cctagtgttt tcatataaaa tatcgcata taataccatt
9421 ttgattggcg attttctttt tagggcagta gctcgcctga gccagagatt tcccaagct
9481 gattttgcag aagtttccaa gttagtgaca gatcttaca aagtcacac ggaatgctgc
9541 catggagatc tcttgaatg tctgtatgac aggttaaaga gctctgata tctttttgg
9601 tagcttgcct gctcaagttg ttagaaaggga tgggtttgg atcatgggt atagctgaca
9661 gtgggttgag attgtctct gtgcttctct ctgtctatc tcaaatctt cctgctat
9721 ggtggtggta ccttctgtt tttaacctgc tataaattac cagataaac cttactga
9781 tttgtaactc ctctcagtea tgcctaacct gtaaatgag gcttaaacct aagtagaaca
9841 gttacaaggt tttacttggc agaactatctt gcaaggtaga tgtctaagaa gattttttt
9901 tcttttttta agacagagtt tctctcttgc tcccaggct ggggtgcaat ggtgtgatct

9961 tggctcagcg caacctctgc ctcttgggtt caagtgattt tcatgctca gcoctccaag
 10021 tagctgggat tacaggcatg cgcaccaca cctggctaatt tttgtatctt tagtagaggc
 10081 ggggtttcac catattgtcc agactggtct cgaactcctg acctcaggcg atccaccgcg
 10141 cttggcctcc caaagtgctg ggattacagg catgagccac cttgcccagc ctaagaagat
 10201 tttttgaggg aggtagggtg acttggagaa ggtcactact tgaagagatt tttggaaatg
 10261 atgtatcttt ctctctata ttccttccct taattaactc tgtttgttag atgtgcaaat
 10321 acatggaatg atatctcttt tctcaaaaac cataatattt tctttctccc ctctctcaag
 10381 attaaactta tgggcaata ctagaatcct aatctctcat ggcactttct ggaaaattta
 10441 aggggttat tttatatatg taagcagggc ctatgactat gatcttgact cctttttcaa
 10501 aaatctctta tttttatctt agttatttgg tttcaaaagg cctgcactta atttfggggg
 10561 attatcttga aaaacagcat tgagctttaa tgaaaaaaac ttaaatgccc taacagtaga
 10621 aacataaaat taataaataa ctgagctgag cactcgtcac tgattagtct attttaatta
 10681 agtgggaatg tttttgtagt cctatctaca tctccaggtt taggagcaaa cagagtatgt
 10741 tcatagaagg aatctgtgta tggctctaga atacaatgaa catgttctgc caacttaata
 10801 aaggctctgag gagaaggtgt agcaatgtca attcgtgttg aacaatttcc accaacttac
 10861 ttataggcgg accttgccaa gtatatctgt gaaaatcaag attcgatctc cagtaactg
 10921 aagggaatgct gtgaaaaacc tctgttggaa aaatcccact gcattgcca agtggaaaal
 10981 gatgagatgc ctgctgactt gcccactta gotgctgatt ttgttgaag caaggatgtt
 11041 tgcaaaaact atgctgaggtc aaaggatgtc ttcctgggca tgttaagtga taagaaatta
 11101 tctttttata gcttggcat gacctcaaaa cttaggagga tagcctaggc tttctgtgg
 11161 agtctctaca atttccctgc tgcccagaat gttcttctat ccttcccttt cccaggcttt
 11221 aacaattttt gaaatagtta attagttaa cacattgtca taaaataata catgttccg
 11281 gcaaaagctca acattcotta ctctttaggg gtatttctga aaatcgtct agaaacattt
 11341 tgtgtatata taaattatgt atacttcagt catctattcc aagtgtattt cttgaacatc
 11401 tataatataat gtgtgtgact atgtattgcc tgtctatcta actaatctaa tctaacttag
 11461 tctatctatc taatctatgc aatgatagca aagaagtata aaaagaaata tagagtctga
 11521 cacaggctct tataratttg tgaaaagacc agaagtccag tataatggca atatggtagg
 11581 caactcaatt acaaaaataa tgtttacgta ttgtcagaag ttgtggtgat aaactgcatt
 11641 tttgttgttg gattatgata atgcactaaa taatatttcc taaaattatg taccctcaa
 11701 gatcttctac atacagagaa gaaagagaa attttaagaa catatctctg cccatctatt
 11761 taccagaatc ctcttgagat gtagtttaa tcaaaacaaa tgttaataaa aataacaagt
 11821 atcatctatc aaagacttca tatgtgcaaa gcagtggtg ctttgtgtag attatgtcat
 11881 atagttctca taatccact tccgagacag atactattha ttttttga gaagattta
 11941 ctottgttgc ccaggctgga gtgcaatggg gccatctcgg ctcaccocaa cctcgcctc
 12001 ccaggctcaa gcatctctc tgcctcagcc tctgggatt acaggctgc accaccatgc
 12061 ctggctaatt tttgtatctt agtagagatg gggtttccac atgttggta gaotggctc
 12121 aaactcctga cctctggtga tatgcccctc ccagcctcct aaagtctgg gattacaggg
 12181 atgagccact gtgcccagcc gacagatact attattattt ccattctacc gagaaggaga
 12241 ctaaggctct gatcatttaa ataagttgct taaggtgatg cagtgatata agtagcagag
 12301 ctaggatttg agccttggtta actttaactc tggaccccaa gtccttagct actaagcttt
 12361 acgcatggg gtttagtcaa atfaagactt ttggaatag agttacttt gagattagct
 12421 ttgtgatatt ttttgtgctc atttgtcaa caaagtctat tttatcttca tcttaattag
 12481 gttttgtat gaatatgcaa gaaggcatcc tgattactct gtcgtctgc tctgagact
 12541 tgocaagaca tatgaaacca ctctagagaa gtgctgtgccc gctgcagatc cctatgaatg
 12601 ctatgccaaa gtggtagggt tattgttggg aaaaaatgta gttctttgac tgatgattcc
 12661 aataatgaga aagaaaaata atgcaagaat glaaaatgat atacagtga atttagatct
 12721 tttcttgaga tggtttcaat tctggaatct taaaatgaa agaaaaagta gcoctagaat
 12781 gattaacaaa atttagacta gttagaatag aaagatctga atagagcaat ctctaaaaaa
 12841 ttttgatctt ttttctctt tttcacaatc ctgagaacaa aaaaaatta aacttaaatg
 12901 ttaattagaa gatatttaac tttagatgtaa agtgagttaa cctgattcca ggattaatca
 12961 agcactagaa ttagtatctt atggcaaat atagaaccta tccctttaga atattttcaa
 13021 atctttttga ggatgtttag gaatagtttt acaagaaatt aagttaggag aggaaatctg
 13081 ttctggagga ttttaggggt tcccactagc atatgtaatg gtttctgaa tactdagaat
 13141 cagagaaaac tcaattttcc tgccttcaag aagctactgt atgcccagga ccatgcacaa
 13201 acaatgacca acgtaaaatc tctcattttg gagagcctgg aatctaactg gaaaggtgaa
 13261 ctaataataa taatattgac aatcatagcc atcatttatt aaactttat tatatgcaag
 13321 gcaactgtta atttcattag cttacctggg ttacagagca gctctatgag atgagtgcca

13381 tctlllgcccc lalllllaggg alaaggatto cgaaatgggg agatgglaag laaaatlgoa
13441 caactgaaga atgagttaca tgacttggct caaataactgg tcattgaact ccagagcctg
13501 aatattetta accacttaca tgatgcaagc tcaccaaata aatagbtoga atgtattgtg
13561 acagagcggc attgatattc atctattcat gtggcttga gttaggaagaa gaaaggatet
13621 cattctgacc agaggggtga aaaacaacct gcactcgatc ctgaggcata atactattaa
13681 cacaattctt ttatgtttca gttegatgaa tttaaaccctc ttgtggaaga gcttcagaat
13741 ttaatcaaac aaaattgtga gcttttggag cagcttggag agtacaact ccagaatgcg
13801 taagtaattt ttatgactg atttttttta tcaatttga atfattbaag acttaataa
13861 tgagccacct agcatagaac ttttaagaat gaaaatacat tgcataattc taatcactct
13921 ttgtcaagaa agataggaga ggagagataa aatagttgat ggggtggaga ggtotatatt
13981 tgaatgtagt ctaaaaattg ttctcttaag attggaagta tgtaggctgg gagggtaaat
14041 accaaatctt ggtatcacg aactgagcat gtccttgea ggttaagaaa tagttaatgg
14101 gcaaatagag catggcaata ttttgtagag cagcaagtag taggccttga atagatgtcg
14161 ctcaaaaagt aatatgtaag ctgaacacaa aatgtaaca aatgaattta gatacatatt
14221 tgaatattaa attcaggttg tttgggagat gcacctagtc tttgatggtt gaacctttcc
14281 ctccatagaa gagacagaga cagaatggct tgctggacta atgtcccaat tcaatagagt
14341 cttatctacg aaggttaaaa acaagaagag acatattata cagtagatat ttatgtgtg
14401 gctcatacac atgggtgctct tctgattatg gatttttagag ataataacag tgaacaagac
14461 atagtttctt tctcogagta gattaaagtc atacattgac ttttaatggt gactggcatt
14521 ctttaatacat gattattafa tattaggtac catgtcagat taattataat accttactat
14581 ttttaattta accttgaac tatccctatt gagtcagata tatttctctc cattttctac
14641 ttgtatcttt caagtttagc atatgctgat acatataaag ctctctcag gttttattga
14701 aagaagaaat taataaattt ataatgtca ctgaattagg caactcactt tcccaagatt
14761 atgcaagtg tacaggtgga actcaagcc aagttbaact agttgtcag gagaatgtht
14821 ctaccctcc actaaccac tactctcag atggagataa tatgatgaa ggaacatagc
14881 aacatcttag ttgattcogg ccaagtgctc tctgtttat ctactatggt agacagttc
14941 ttgctctgct gaaaacacat gacttctttt tttcaggeta ttagtctggt acaccaagaa
15001 agtaccocaa gtgtcaactc caactcttgt agaggtotca agaaacctag gaaaagtggg
15061 cagcaaatgt tgaacaatc ctgaagcaa aagaatgcc tgtgcagaag actatgtgag
15121 ccttttaaaa aatataataa attaataatg aaaaaatttt acctttagat attgataatg
15181 ctagctttca taagcagaag gaagtaatgt gtgtgtgtgc atgtttgtgt gcatgtgtgt
15241 gtgcatgca atgtgtgtat gtgtgatatt ggcagtcaag gccccgagga tgataatttt
15301 ttttttttt ttgagacgga gtctcgcctt gttgtccagg ctggagtgca gtygtgccat
15361 ctogggctcac tgaacacctc goctcccaag ttcaagccat tctctgctct cagctccca
15421 agtagctggg actacaggtg catgccacca tgcotggota attttttga ttttagtag
15481 aaaaatttca gcttcaacct ttttgaatt ctgctctctt gcoctgtctt tagctatccg
15541 tggctctgaa ccagttatgt gtgttgcotg agaaaacgcc agtaagtga atagtcacca
15601 aatgctgca atgaatccttg gtgaacaggg gaccatgctt ttcagctctg gaagtctatg
15661 aaacatacgt tcccaagag tttaatgctg aaacattcac cttccatgca gatataatga
15721 cactttctga gaaggagaga caaatcaaga acaaaacgtg aggagtattt cactactgca
15781 tgtgtttgta gtcttgatag caagaactgt caattcaagc tagcaacttt tctctgaagt
15841 agtgattata tttcttagag gaaagtattg gagtgttgc cttattatgc tgataagagt
15901 acccagaata aatgaataa ctttttaag acaaaatccc ctgtataat attgctaaaa
15961 ttattcagag taatattgtg gattaaagcc acaatagaat aacatgttag accatattca
16021 gtagaaaaag atgaacaatt aactgataaa tttgtgcaca tggcaaatca gttaatggga
16081 accataggag aatttatttc tagatgtaaa taattatttt aagtttggcc tatggtggcc
16141 ccacacatga gacaaacccc caagatgtga cttttgagaa tgagacttgg ataaaaaca
16201 tgtagaaatg caagcctctg agctcaactc cctattgcta tcacaggggt tataattgca
16261 taaaatttag ctatagaaag ttgctgtcat ctcttgtggg ctgtaatcat cgtctaggct
16321 taagagtaat attgcaaac ctgtcatgac cacacaaatc tctcctggc atgttgtct
16381 ttgcagatgt cagtgaagaa gaaccagcag ctcccatgag tttggatagc cttattttct
16441 atagcctccc cactgaaggg agcaaaagtt aagaacccaa tataaagttt ctcatcttta
16501 tagatgagaa aatttttaa baaagtccaa gataattaaa tttttaagga tcattttag
16561 ctctttaata gcaataaaac tcaatatgac ataatatgga acttccaaa tctgaataat
16621 atataattgc aatgacatac ttctttcag agattfactg aaaagaaat tgttgacact
16681 acataacgtg atgagtggtt tatactgatt gtttcagttg gtctccac caactccatg
16741 aaagtggatt ttattacct catcatgcag atgagaatat tgagacttat agcggtatgc

```

16801 ctggcccaag tactcagagt tgcctggctc caagatttat aatcttaaat gatgggacta
16861 coatccctac tctctccatt tttctatacg tgagtaatgt tttttctgtt tttttttttt
16921 ctttttccat tcaaacctcag tgcacttggt gagctcgtga aacacaagcc caaggcaaca
16981 aaagagcaac tgaagctgtt fatggatgat ttccgagcct ttgtagagaa gtgctgcaag
17041 gctgacgata aggagacctg ctttgcgag gagtactac agttctcttc attttaatat
17101 gtccagbatt cttttttgca tgtttgggta ggctagggct tagggattta tatatcaag
17161 gaggctttgt acatgtggga cagggabctt attttacaaa caattgtctt acaaaatgaa
17221 taaaaacagca ctttggtttt atctctctgt ctattgtgcc atactgltga atgtttataa
17281 tgcattgtct gtttccaaat ttgtgatgct tatgaatatt aataggaaata ttgttaaggo
17341 ctgaaatatt ttgatcatga aatcaaaaaca ttaatttatt taaacattta cttgaaatgt
17401 ggtgggtttgt gatttagttg attttatagg ctagtgggag aatttacatt caaatgtcta
17461 aatcacttaa aattcccttt tatggcttga cagtaacctt tttttattca ttgggggaca
17521 actatgtccg tgagcttcca tccagagatt atagtagtaa attgtaatta aaggatatga
17581 tgcacgtgaa atcactttgc aatcatcaat agcttcataa atgttaattt tgtatccata
17641 tagtaatgct aatatttttc taacatctgt catgtctttg tgttcagggg aaaaaacttg
17701 ttgctgcaag tcaagctgcc ttaggcttat aacatccat ttaaaagcat ctocaggtac
17761 tatattttga attttttaaa aaagtaacta taatagttat tattaaata gcaagatttg
17821 accatttcca agagccatat agaccagcac cgaccactat tctaaactat ttatgtatgt
17881 aatatttagc ttttaaaatt ctcaaaatag ttgctgagtt gggaccactt attatttcta
17941 ttttgttagat gagaaaatga agataaacat caaagcatag attaagtaat tttccaaagg
18001 gtcaaaattc aaaattgaaa ccaaggtttc agtgttgccc attgtctgtt tctgacttat
18061 atgatgcggt acacagagcc atccaagtaa gtgatggctc agcagtgga taactctggga
18121 attaggtgga accacatgaa agagtgtctt atagggcaaa aacagtgaa taccagtgat
18181 ttcacatggc tcaacctaat agttcaactc atctttcca ttggagaata tgatggatct
18241 acctctctgt aactttatag tgaagaatct gctattacat tccaatttg tcaacatgct
18301 gagctttaa ataggcttctc tcttatgac aacatttatt ggtgtgtccc ctgcttagc
18361 ccaacagaag aatcagcag ccgtaagtct aggacaggct taaattgttt tcaactggtg
18421 aattgacaga aagatgatct aagtaatttg gcatttatt taataggtt gaaaaacaca
18481 tgcacttta caaataagac ttatattgtt ccttttgttt ttcagcctac catgagaata
18541 agagaaaagaa aatgaagatc aaaagcttat tcatctgttt tctttttctg ttggtgtaaa
18601 gccaacacc tgtctaaaa acataaaatt cttaatcat ttgctctctt tctctgtgc
18661 tccaattaat aaaaaatgga aagaactcaa tagagtggtg cagcactgtt atttttcaaa
18721 gatgtgtgct tatctgaaa attctgtagg ctctgtggaa gttccagtg tctctcttat
18781 tccactctgg tagaggatt ctagtctctt gtgggcta ataaataatc taaataatc
18841 tcttaegtta tggattataa acattcaaaa taatattttg acattatgat aattctgaat
18901 aaaagaaca aaaccatggt ataggttaagg aatataaac atggctttta ccttagaaaa
18961 aacaattcta aaattcatat ggaatcaaaa aagagcctgc ag

```

Фиг. 13

Последовательность - Трансен FWD 25 нмоль ДНК олигонуклеотидов, 22 моль/л NaCl

5'- CCA GTA CAA ACT ACT CAA GAG G -3'

Свойства	Количество олигонуклеотидов	Отправлено
<i>T_m</i> (50 мМ NaCl)*: 52,5 °C	5,7 = 25,8 = 0,17	REBECCA GEORGE
Содержание по ГХ: 45,5%	OD ₂₆₀ нмоль mg	JANSSEN RESEARCH & DEVELOPMENT LL
Молекулярная масса: 6721,4	Для 100 мкМ: добавить 256 мкл	200 GREAT VALLEY PKWY
нмоль/OD ₂₆₀ : 4,5		MALVERN, PA 19355
мкг/OD ₂₆₀ : 30,1		США
Коэффициент экст.: 223 000 л/(моль см)		6106516441
Расчеты вторичной структуры		№ клиента 370226 № заказа 993913510
Наименьшая свободная энергия фолдинга (ккал/моль): -0,52 при 25 °C		
Наибольшая <i>T_m</i> фолдинга: 33,4 °C		
Типы оснований олигонуклеотидов	Количество	Отказ от прав
Основания ДНК	22	См. примечания на обратной стороне страницы (I)
Модификации и услуги	Количество	(II) и (III) в отношении использования,
Стандартное обессоливание	1	лицензирования метки и гарантий на продукты

Фиг. 14



Евразийская патентная организация, ЕАПВ

Россия, 109012, Москва, Малый Черкасский пер., 2