

TCR组库测序在子宫内膜异位症研究中的前景与挑战

容红红¹, 杨宇欣¹, 凌子怡¹, 赖洁钰¹, 李平², 帅翰林^{3*}

¹暨南大学第一临床医学院, 广东 广州

²暨南大学基础医学与公共卫生学院, 广东 广州

³暨南大学附属第一医院妇科, 广东 广州

收稿日期: 2026年2月3日; 录用日期: 2026年2月26日; 发布日期: 2026年3月6日

摘要

子宫内膜异位症(Endometriosis, EMs)是一种以育龄期女性盆腔疼痛与不孕为主要临床表现的慢性炎症性疾病, 其病理机制尚未完全阐明。目前大多数研究聚焦于免疫细胞亚群比例及炎症因子表达水平的改变, 而对于驱动疾病发生发展的抗原特异性T细胞应答机制, 仍缺乏深入且系统的探究。T细胞受体(TCR)组库测序是近年来兴起的一项分子检测技术, 可全面解析个体T细胞的克隆多样性、谱系组成及动态变化规律, 能精准捕捉抗原特异性T细胞的应答特征。本文系统阐述EMs的T细胞免疫学特征, 介绍TCR测序技术原理及其在相关疾病中的应用, 进而论证该技术应用于EMs的研究价值以及可能面临的技术挑战, 以期揭示EMs的抗原特异性免疫病理机制和探索新型免疫干预策略提供新的视角和工具。

关键词

子宫内膜异位症, TCR组库测序, 免疫微环境, 免疫治疗

Prospects and Challenges of TCR Repertoire Sequencing in Endometriosis Research

Honghong Rong¹, Yuxin Yang¹, Ziyi Ling¹, Jieyu Lai¹, Ping Li², Hanlin Shuai^{3*}

¹The First Clinical Medical College, Jinan University, Guangzhou Guangdong

²School of Basic Medical Sciences and Public Health, Jinan University, Guangzhou Guangdong

³Department of Gynecology, The First Affiliated Hospital of Jinan University, Guangzhou Guangdong

Received: February 3, 2026; accepted: February 26, 2026; published: March 6, 2026

*通讯作者。

文章引用: 容红红, 杨宇欣, 凌子怡, 赖洁钰, 李平, 帅翰林. TCR 组库测序在子宫内膜异位症研究中的前景与挑战[J]. 临床医学进展, 2026, 16(3): 1169-1175. DOI: 10.12677/acm.2026.163893

Abstract

Endometriosis (EMs) is a chronic inflammatory disease that primarily manifests as pelvic pain and infertility in women of childbearing age and its pathological mechanism has not been fully elucidated. At present, most studies have focused on changes in the proportion of immune cell subsets and the expression levels of inflammatory factors, whereas in-depth and systematic investigations into the antigen-specific T cell response mechanisms that drive the occurrence and development of the disease are still lacking. T cell receptor (TCR) repertoire sequencing is an emerging molecular detection technology in recent years, which can comprehensively analyze the clonal diversity, lineage composition and dynamic variation rules of individual T cells, and accurately capture the response characteristics of antigen-specific T cells. This paper systematically elaborates on the T cell immunological characteristics of EMs, introduces the technical principles of TCR sequencing and its applications in related diseases, and further demonstrates the feasibility of applying this technology to EMs research as well as the potential technical challenges and future directions, aiming to provide new perspectives and tools for revealing the antigen-specific immunopathological mechanisms of EMs and exploring novel immune intervention strategies.

Keywords

Endometriosis, TCR Repertoire Sequencing, Immune Microenvironment, Immunotherapy

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

子宫内膜异位症(endometriosis, EMs)是一种异质性、炎症性且依赖雌激素的妇科疾病,其特征是子宫内膜组织存在并生长于子宫内宫外,影响约5%~10%的育龄女性,导致慢性盆腔疼痛和生育能力下降[1]。目前腹腔镜检查仍是诊断EMs的“金标准”,临床上缺乏可靠的无创生物标志物,导致诊断延迟平均达7~10年[2]。Ems的病理机制复杂,涉及遗传、免疫、内分泌及环境等多重交互作用,其中免疫失调越来越受关注,腹腔局部及全身性的免疫微环境紊乱在EMs的发生发展中扮演了关键角色[3]。Vallvé等论述了EMs免疫细胞(如巨噬细胞、NK细胞、T细胞)数量的变化或Th1/Th2/Th17/Treg等细胞亚群比例的偏移,以及炎性因子谱的改变[4],然而异位的子宫内膜组织是否以及如何被机体的免疫细胞特异性识别,驱动EMs发生发展的特异性抗原及其相应的T细胞克隆应答仍然是未知的。

T细胞受体(T cell receptor, TCR)是T细胞识别抗原肽-主要组织相容性复合物(major histocompatibility complex, MHC)的关键分子,其巨大的多样性构成了适应性免疫应答的基础。随着高通量测序技术的发展,使得全面、深度解析个体在特定生理或病理状态下的TCR组库成为可能[5]。通过对于TCR多样性、V(D)J基因的使用频率和T细胞克隆群的检测分析,可以推断机体经历的特异性免疫应答事件。目前该技术已在免疫学多个关键领域取得突破性进展:肿瘤免疫学中鉴定肿瘤浸润淋巴细胞优势克隆,感染免疫学中追踪病原特异性T细胞,自身免疫病研究中发现致病性自身反应性T细胞克隆[6]。然而,现有研究多聚焦于免疫细胞亚群比例和炎症因子的宏观变化,对于驱动疾病的特异性抗原及对应的T细胞克隆应答机制仍不明确,这一缺口限制了对EMs免疫病理本质的理解。本文通过分析EMs的T细胞免疫微环境,阐述TCR组库测序技术的原理与应用,探讨其在EMs免疫研究中的应用前景,为研究EMs

的精准免疫治疗提供理论依据。

2. EMs 的 T 细胞免疫学特征

T 细胞是适应性免疫应答的核心效应细胞,其亚群构成、功能状态及克隆演化的异常重塑,是 EMs 局部免疫微环境紊乱的核心机制,直接参与异位内膜的侵袭、定植及免疫逃逸,对疾病发生发展及预后具有关键影响。有研究表明,EMs 患者异位内膜组织、腹腔液及外周血中均存在显著的 T 细胞免疫异常,且这种异常与病灶分期、临床症状严重程度密切相关,为疾病的免疫干预提供了重要靶点[1] [7] [8]。

CD4+辅助性 T 细胞(Th 细胞)亚群失衡是 EMs 最典型的 T 细胞免疫特征之一。正常生理状态下, Th1/Th2 细胞维持动态平衡。Th1 细胞主要分泌 IFN- γ 、IL-2 等细胞因子,介导细胞免疫及免疫监视功能; Th2 细胞则分泌 IL-4、IL-5、IL-10 等因子,参与体液免疫及免疫调节。而在 EMs 患者中,这一平衡显著向 Th2 型偏移,异位内膜及腹腔液中 Th2 细胞比例升高, Th1 细胞数量及功能下降,导致机体对异位内膜细胞的免疫监视能力削弱,为异位组织的存活与增殖创造了条件[9]。除 Th1/Th2 失衡外, Th17/Treg 细胞亚群也存在明显失调。Treg 细胞数量增多且抑制活性增强,通过分泌 TGF- β 、IL-10 等免疫抑制因子抑制效应 T 细胞功能,促进异位内膜免疫逃逸;而 Th17 细胞介导的促炎效应与 Treg 细胞的抑制作用失衡,进一步加剧局部炎症反应,诱导血管生成,推动病灶侵袭扩散[8] [10]-[12]。

CD8+细胞毒性 T 细胞(cytotoxic T lymphocytes, CTLs)功能受损同样参与 EMs 的病理过程。CD8+T 细胞可通过分泌穿孔素、颗粒酶等细胞毒性分子,直接杀伤异常增殖的异位内膜细胞。但在 EMs 患者中,异位内膜基质细胞可通过表达 PD-L1、分泌 IL-10 等方式,抑制 CD8+T 细胞的活化与增殖,导致其穿孔素、颗粒酶分泌减少,杀伤活性显著下降,无法有效清除异位组织[13]。此外,EMs 患者 CD8+T 细胞表面 PD-1、TIM-3 等抑制性受体的表达上调,而共刺激分子 CD28 的表达下调,导致 T 细胞处于“耗竭”状态,增殖能力与细胞因子分泌功能受损,这一现象与 EMs 的免疫抑制微环境密切相关[14]。

3. TCR 测序技术的概述

T 细胞受体(TCR)是 T 细胞表面的抗原特异性识别分子,以 α 、 β 异二聚体链为主,少数为 γ 、 δ 链,每条链包含可变区(V)、多变区(D)、连接区(J)和恒定区(C),其抗原识别特异性由 V α 和 V β 链的互补决定区(CDR)决定,其中 CDR3 区是 TCR 多样性的核心来源,由 V(D)J 基因片段重组及核苷酸插入/缺失形成[15]。人类 TCR α 链由 TRA 基因座编码(含 54 个 V α 、61 个 J α 片段,无 D α), β 链由 TRB 基因座编码(含 65 个 V β 、2 个 D β 、13 个 J β 片段),经 V(D)J 重组的随机组合及核苷酸的插入/删除,理论上可产生超 2×10^{19} 种 TCR $\alpha\beta$ 组合,为适应性免疫应答奠定分子基础[16]。

TCR 组库测序基于高通量测序技术,可全面解析 TCR α/β 链的 V(D)J 重组序列、克隆频率及多样性[17],主流技术分批量测序(Bulk TCR-seq)和单细胞 TCR 测序(scTCR-seq):前者能高效获取 TCR 克隆多样性全景,适用于大规模样本筛查,但无法关联 TCR 序列与单细胞表型/功能;后者可同步捕获单个 T 细胞的 TCR 序列与全转录组信息,明确克隆型与功能表型的对应关系,利于机制研究,却存在成本高、样本处理要求严苛的问题[18] [19]。获取序列数据后,需进行生物信息学分析,核心指标包括克隆性指数、香农多样性指数、V/J 基因使用频率等[20],通过对比疾病与健康状态下的指标差异,可筛选出疾病相关的特异性 TCR 克隆并关联潜在抗原[21]。该技术目前已成功应用于肿瘤免疫领域,可评估肿瘤免疫微环境状态、预测免疫治疗疗效[22]。

4. TCR 测序技术在相关疾病中的临床应用

4.1. 妇科肿瘤领域

在肿瘤免疫治疗领域,TCR 测序已成为评估肿瘤免疫微环境、监测免疫治疗应答的关键工具[22]。

通过分析治疗前后患者 TCR 组库的动态变化,可识别出与治疗响应相关的克隆扩增或消失,为解析治疗机制、寻找疗效预测标志物提供支撑。Zhu 等[23]研究中,卵巢透明细胞癌的 T 细胞克隆型水平高于高级别浆液性卵巢癌,其 top100 T 细胞克隆比例与肿瘤突变负荷、新抗原负荷相关,为不同组织类型卵巢癌的临床诊治优化提供依据。高级别浆液性卵巢癌患者外周血 TCR 存在可量化变化, I 期时尤为明显,且该变化可在传统诊断前 4 年被检测到,为疾病早期免疫检测奠定基础[24]。多项研究证实,肿瘤浸润淋巴细胞(TIL)的 TCR 库呈现多样性显著降低、克隆性异常增高的特征,部分特异性优势克隆丰度与患者无进展生存期、总生存期密切相关[25] [26]。在宫颈癌研究中,人乳头病毒 16 型阳性相关宫颈上皮内瘤变(Cervical intraepithelial neoplasia, CIN)患者与无感染患者的 TCR 库存在显著差异[27],宫颈癌患者循环 TCR 多样性较健康人明显减少,且前哨淋巴结组织的 TCR 库多样性与预后相关[27]。

4.2. 妇科非肿瘤疾病

T 细胞与早产和分娩的病理生理学有关,通过 TCR 测序可得出伴有早产的慢性绒毛膜羊膜炎产妇的 TCR 丰富度增加和克隆扩增减少[28]。子痫前期作为妊娠期严重并发症,其发病与母胎界面免疫失衡密切相关,研究通过 TCR 测序发现,子痫前期患者母体外周血中 TCR 库呈现特征性改变,包括克隆多样性降低、促炎相关优势克隆富集,提示胎儿-母体界面存在异常活化的 T 细胞应答,这种全身性 T 细胞克隆特征改变可为子痫前期的早期预警及免疫发病机制解析提供关键线索[29]。未来,随着单细胞 TCR 测序、空间转录组联合测序等技术的不断革新,TCR 测序有望在妇科疾病的精准免疫诊断、个体化治疗及疗效监测中发挥更核心的作用。

4.3. 自身免疫疾病领域

EMs 在慢性炎症和组织破坏方面与自身免疫病有相似之处。在类风湿关节炎中,通过对患者滑膜组织和外周血的 TCR 测序,发现在滑膜中显著富集且在不同患者间共享的 TCR 克隆型,这些克隆被认为是识别关节特异性自身抗原的致病性 T 细胞[30]。在系统性红斑狼疮中,外周血 TCR 库的紊乱程度与疾病活动度相关,某些 V 基因的偏斜使用成为疾病标志[31] [32]。通过 TCR 组库序列的多样性可更好地了解免疫在痤疮发病机制中的作用,并可能作为评估未来严重痤疮疾病风险或预后的生物标志物[33]。此外,有研究应用高通量免疫组库测序技术研究了免疫性眼眶炎症(immune orbital inflammation, IOI)患者的 TCR CDR3 多样性和免疫谱组成特征,探讨了糖皮质激素敏感和无效 IOI 患者在基因多样性和基因使用频率上的差异[34]。

5. TCR 组库测序在 EMs 中的应用价值与技术挑战

5.1. 应用价值

结合 EMs 的临床病理特征和 TCR 测序的技术能力,可提出几个可检验的假说:① 经血逆流抗原假说:逆流至腹腔的子宫内膜组织表达不同于外周组织的抗原(如脱落暴露的胞内抗原、氧化应激产物等),可能打破免疫耐受,被 T 细胞识别并引发特异性克隆扩增[35];② 异位病灶新抗原假说:异位内膜在陌生的腹腔微环境中经历缺氧、铁过载等应激,可能表达新生抗原,诱发类似于肿瘤的适应性免疫应答。通过对比 EMs 患者与健康对照者、或患者自身外周血与腹腔液/病灶组织的 TCR 库,有望鉴定出在疾病状态下特异性扩增或富集的 TCR 克隆,从而为这些假说提供直接证据。

此外,未来可通过大规模队列研究,鉴定 EMs 患者外周血或腹腔液中特征性的 TCR 谱系(如特定的克隆序列、V/J 使用谱、多样性指数),进而建立 TCR 组库的无创或微创诊断模型。通过分析 TCR 克隆性与疾病严重程度(如美国生殖医学学会修订的子宫内膜异位症分期标准(revised American Fertility

Society classification, r-AFS))、疼痛评分或不孕状态的相关性, 可寻找驱动疾病进展的关键 T 细胞克隆。与 TCR 测序在抗肿瘤方面的应用一样, 可通过监测患者在接受激素治疗、手术治疗或新型免疫治疗前后的 TCR 组库变化来评估治疗疗效机制。

5.2. 技术挑战

EMs 研究根据其临床病理特征面临独特的样本挑战。外周血易于获取但可能无法完全反映局部免疫反应; 腹腔液直接接触病灶, 是反映局部免疫状态的良好介质; 异位病灶组织则包含浸润的免疫细胞, 但获取有创且异质性强。目前 EMs 领域缺乏 TCR 测序的标准操作流程和数据分析金标准, 如何区分真正识别疾病相关抗原的“致病性克隆”与仅因炎症环境而被非特异性激活的“旁观者克隆”, 是最大的数据分析挑战。这需要结合多组学数据(如转录组、蛋白质组)、体外功能验证(如将候选 TCR 基因转导至 T 细胞, 测试其对抗原提呈细胞的反应)以及开发新的生物信息学算法, 识别在空间上共定位的克隆扩增 [36]。此外, TCR 测序成本高, 对于大样本研究构成经济压力, 故初期仅行探索性研究, 进展速度缓慢。

针对这些挑战, 未来可通过建立 EMs 专属的 TCR 测序标准化流程(如样本处理、引物设计规范)、整合转录组/蛋白质组多组学数据、开发靶向疾病相关抗原的功能验证体系(如 TCR 基因转导 + 抗原提呈细胞共培养), 以及借助 AI 算法优化“致病性克隆”与“旁观者克隆”的区分效率; 同时, 随着测序技术的普及, 成本下降将为大样本队列研究提供可能。

6. 小结

尽管 TCR 组库测序在 EMs 研究中尚处于起步阶段, 但凭借其解析抗原特异性 T 细胞应答的核心优势, 结合在肿瘤、自身免疫病中的成熟应用经验, 该技术有望为 EMs 的无创诊断标志物筛选、致病性克隆鉴定及免疫治疗疗效监测提供全新工具, 为破解 EMs 诊断延迟和机制不明的困境提供关键突破口。

基金项目

本项目获得 2024 年度市校(院)企联合资助项目 2024A03J0516 支持。

参考文献

- [1] Fan, D., Wang, X., Shi, Z., Jiang, Y., Zheng, B., Xu, L., *et al.* (2023) Understanding Endometriosis from an Immunomicro-environmental Perspective. *Chinese Medical Journal*, **136**, 1897-1909. <https://doi.org/10.1097/cm9.0000000000002649>
- [2] Kiesel, L. and Sourouni, M. (2019) Diagnosis of Endometriosis in the 21st Century. *Climacteric*, **22**, 296-302. <https://doi.org/10.1080/13697137.2019.1578743>
- [3] Symons, L.K., Miller, J.E., Kay, V.R., Marks, R.M., Liblik, K., Koti, M., *et al.* (2018) The Immunopathophysiology of Endometriosis. *Trends in Molecular Medicine*, **24**, 748-762. <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2018.07.004>
- [4] Vallvé-Juanico, J., Houshdaran, S. and Giudice, L.C. (2019) The Endometrial Immune Environment of Women with Endometriosis. *Human Reproduction Update*, **25**, 565-592. <https://doi.org/10.1093/humupd/dmz018>
- [5] Rosati, E., Dowds, C.M., Liaskou, E., Henriksen, E.K.K., Karlsen, T.H. and Franke, A. (2017) Overview of Methodologies for T-Cell Receptor Repertoire Analysis. *BMC Biotechnology*, **17**, Article No. 61. <https://doi.org/10.1186/s12896-017-0379-9>
- [6] Glanville, J., Huang, H., Nau, A., Hatton, O., Wagar, L.E., Rubelt, F., *et al.* (2017) Identifying Specificity Groups in the T Cell Receptor Repertoire. *Nature*, **547**, 94-98. <https://doi.org/10.1038/nature22976>
- [7] Abramiuk, M., Grywalska, E., Małkowska, P., Sierawska, O., Hryniewicz, R. and Niedźwiedzka-Rystwej, P. (2022) The Role of the Immune System in the Development of Endometriosis. *Cells*, **11**, Article 2028. <https://doi.org/10.3390/cells11132028>
- [8] Kedzierska, A.E., Lorek, D., Slawek, A., Karmowski, M., Kalota, A., Pajak, J., *et al.* (2025) IL-24 Producing Regulatory T and B Lymphocytes in Endometriosis. *Frontiers in Immunology*, **16**, Article 1582762.

- <https://doi.org/10.3389/fimmu.2025.1582762>
- [9] Riccio, L.d.G.C., Santulli, P., Marcellin, L., Abrão, M.S., Batteux, F. and Chapron, C. (2018) Immunology of Endometriosis. *Best Practice & Research Clinical Obstetrics & Gynaecology*, **50**, 39-49. <https://doi.org/10.1016/j.bpobgyn.2018.01.010>
- [10] Szukiewicz, D. (2022) Epigenetic Regulation and T-Cell Responses in Endometriosis—Something Other than Autoimmunity. *Frontiers in Immunology*, **13**, Article 943839. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.943839>
- [11] Knez, J., Kovačič, B. and Goropevšek, A. (2024) The Role of Regulatory T-Cells in the Development of Endometriosis. *Human Reproduction*, **39**, 1367-1380. <https://doi.org/10.1093/humrep/deae103>
- [12] Yao, B., Zheng, R., Yang, Y., Zhao, Z., Lash, G.E., Guo, B., *et al.* (2025) Therapeutic Targeting of Interleukin-17c Signaling in Carcinogenesis of Endometriosis. *Cell Reports Medicine*, **6**, Article ID: 102464. <https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2025.102464>
- [13] Kisovar, A., Becker, C.M., Granne, I. and Southcombe, J.H. (2023) The Role of CD⁸⁺ T Cells in Endometriosis: A Systematic Review. *Frontiers in Immunology*, **14**, Article 1225639. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1225639>
- [14] Yu, H., Huang, J., Liu, Y., Chen, H., Li, Y., Lin, J., *et al.* (2024) TIM-3 Expression in Endometriosis and Its Correlation with Disease Severity. *Journal of Reproductive Immunology*, **164**, Article ID: 104267.
- [15] Dudley, D.D., Sekiguchi, J., Zhu, C., Sadofsky, M.J., Whitlow, S., DeVido, J., *et al.* (2003) Impaired V(D)J Recombination and Lymphocyte Development in Core RAG1-Expressing Mice. *The Journal of Experimental Medicine*, **198**, 1439-1450. <https://doi.org/10.1084/jem.20030627>
- [16] Turner, S.J., Doherty, P.C., McCluskey, J. and Rossjohn, J. (2006) Structural Determinants of T-Cell Receptor Bias in Immunity. *Nature Reviews Immunology*, **6**, 883-894. <https://doi.org/10.1038/nri1977>
- [17] 方智浩, 龚方威. TCR 组库分析及应用的最新进展[J]. 中国免疫学杂志, 2025, 41(8): 2012-2018.
- [18] Dupic, T., Marcou, Q., Walczak, A.M. and Mora, T. (2019) Genesis of the $\alpha\beta$ T-Cell Receptor. *PLOS Computational Biology*, **15**, e1006874. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1006874>
- [19] Zheng, G.X.Y., Terry, J.M., Belgrader, P., Ryvkin, P., Bent, Z.W., Wilson, R., *et al.* (2017) High-Throughput and Single-Cell T Cell Receptor Sequencing Technologies. *Nature Methods*, **14**, 865-871.
- [20] Mora, T. and Walczak, A.M. (2016) Quantifying Lymphocyte Receptor Diversity. arXiv: 1604.00487.
- [21] Woodsworth, D.J., Castellarin, M. and Holt, R.A. (2013) Sequence Analysis of T-Cell Repertoires in Health and Disease. *Genome Medicine*, **5**, Article No. 98. <https://doi.org/10.1186/gm502>
- [22] Joshi, K., Milighetti, M. and Chain, B.M. (2022) Application of T Cell Receptor (TCR) Repertoire Analysis for the Advancement of Cancer Immunotherapy. *Current Opinion in Immunology*, **74**, 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.coi.2021.07.006>
- [23] Zhu, S., Zhang, C., Cao, D., Bai, J., Yu, S., Chen, J., *et al.* (2022) Genomic and TCR Profiling Data Reveal the Distinct Molecular Traits in Epithelial Ovarian Cancer Histotypes. *Oncogene*, **41**, 3093-3103. <https://doi.org/10.1038/s41388-022-02277-y>
- [24] Yu, X., Ye, J., Hathaway, C.A., Liao, J., Liu, P., *et al.* (2024) Quantifiable TCR Repertoire Changes in Pre-Diagnostic Blood Specimens among High-Grade Ovarian Cancer Patients. *Journal of Clinical Oncology*, **42**, Article ID: 10507.
- [25] Kim, T., Lim, H., Jun, S., Park, J., Lee, D., Lee, J.H., *et al.* (2023) Globally Shared TCR Repertoires within the Tumor-Infiltrating Lymphocytes of Patients with Metastatic Gynecologic Cancer. *Scientific Reports*, **13**, Article No. 20485. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-47740-2>
- [26] Guo, J., Luo, N., Ai, G., Yang, W., Zhu, J., Li, C., *et al.* (2022) Eradicating Tumor in a Recurrent Cervical Cancer Patient with Autologous Tumor-Infiltrating Lymphocytes and a Modified Lymphodepleting Regimen. *Journal for Immunotherapy of Cancer*, **10**, e003887. <https://doi.org/10.1136/jitc-2021-003887>
- [27] Cui, J., Lin, K., Yuan, S., Jin, Y., Chen, X., Su, X., *et al.* (2018) TCR Repertoire as a Novel Indicator for Immune Monitoring and Prognosis Assessment of Patients with Cervical Cancer. *Frontiers in Immunology*, **9**, Article 2729. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2018.02729>
- [28] Miller, D., Romero, R., Myers, L., Xu, Y., Arenas-Hernandez, M., Galaz, J., *et al.* (2023) Immunosequencing and Profiling of T Cells at the Maternal-Fetal Interface of Women with Preterm Labor and Chronic Chorioamnionitis. *The Journal of Immunology*, **211**, 1082-1098. <https://doi.org/10.4049/jimmunol.2300201>
- [29] Guo, C., Cai, R., Cao, X., Yang, Y., Wang, Q., He, R., *et al.* (2019) Deep Targeted Sequencing Reveals the Diversity of TRB-CDR3 Repertoire in Patients with Preeclampsia. *Human Immunology*, **80**, 848-854. <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2019.04.003>
- [30] Jiang, X., Wang, S., Zhou, C., Wu, J., Jiao, Y., Lin, L., *et al.* (2020) Comprehensive TCR Repertoire Analysis of CD⁴⁺ T-Cell Subsets in Rheumatoid Arthritis. *Journal of Autoimmunity*, **109**, Article ID: 102432. <https://doi.org/10.1016/j.jaut.2020.102432>

-
- [31] Chen, Y., Zhang, Y., Lin, C., Li, Z., Huang, H., Chen, Y., *et al.* (2020) Characterisation of T and B Cell Receptor Repertoire in Patients with Systemic Lupus Erythematosus. *Clinical and Experimental Rheumatology*, **38**, 450-458.
- [32] Sui, W., Hou, X., Zou, G., Che, W., Yang, M., Zheng, C., *et al.* (2015) Composition and Variation Analysis of the TCR β -Chain CDR3 Repertoire in Systemic Lupus Erythematosus Using High-Throughput Sequencing. *Molecular Immunology*, **67**, 455-464. <https://doi.org/10.1016/j.molimm.2015.07.012>
- [33] Shao, L., Liu, Y., Mei, J., Li, D., Chen, L., Pan, Q., *et al.* (2020) High-Throughput Sequencing Reveals the Diversity of TCR β Chain CDR3 Repertoire in Patients with Severe Acne. *Molecular Immunology*, **120**, 23-31. <https://doi.org/10.1016/j.molimm.2020.01.024>
- [34] Fang, Y., Shen, B., Dai, Q., Xie, Q., Li, X., Wu, W., *et al.* (2023) Composition and Diversity Analysis of the TCR CDR3 Repertoire in Patients with Idiopathic Orbital Inflammation Using High-Throughput Sequencing. *BMC Ophthalmology*, **23**, Article No. 491. <https://doi.org/10.1186/s12886-023-03248-x>
- [35] Klemmt, P.A.B. and Starzinski-Powitz, A. (2018) Molecular and Cellular Pathogenesis of Endometriosis. *Current Women's Health Reviews*, **14**, 106-116. <https://doi.org/10.2174/1573404813666170306163448>
- [36] Pogorelyy, M.V., Minervina, A.A., Chudakov, D.M., Mamedov, I.Z., Lebedev, Y.B., Mora, T., *et al.* (2018) Method for Identification of Condition-Associated Public Antigen Receptor Sequences. *eLife*, **7**, e33050. <https://doi.org/10.7554/elife.33050>