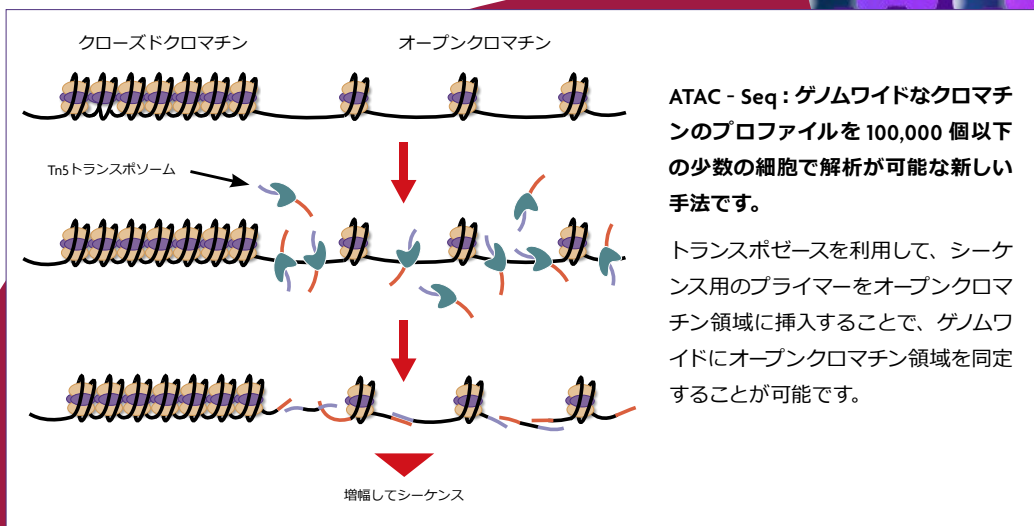


ATAC-Seq受託サービス

ゲノムワイドなオープンクロマチン領域の同定
疾患に関与するエピジェネティックな変化を
ゲノムワイドに解析

アクティブ・モティブのATAC-Seqの特長

- 患者サンプル（細胞、組織）の、ゲノムワイドなエピジェネティクス解析
- 薬物処理に応答する遺伝子調節機構の解明
- 疾患や処置に関与する転写因子の同定
- 少量の細胞（50,000細胞）で実施可能
- **手間いらず!**
細胞、組織をアクティブ・モティブに送るだけ



ATAC-Seq 受託サービス

Assay for Transposase Accessible Chromatin Sequencing

アクティブ・モティフでは、ChIP-Seq キットをはじめエピジェネティック関連の数多くの製品やサービスを提供していますが、さらに ATAC-Seq の受託解析サービスを開始することになりました。ATAC-Seq は、プロモーター、エンハンサー、およびインシュレーターなどの結合する遺伝子制御領域にかかわるオープンクロマチン領域を解析する手法です。このようなゲノムワイドなエピジェネティックな変化を見ることは、疾患や、細胞運命を決定づけるまだ機能が不明な転写調節機構などの解明に役立ちます。アクティブ・モティフの受託サービスでは、組織・細胞からのサンプル調製、オープンクロマチンへのタグ付加、シーケンス用ライブラリーの調製と品質確認、イルミナ社の次世代シーケンサーを用いた配列決定、さらにバイオインフォマティクス解析のすべてを行います。

USE ATAC-SEQ TO :

- オープンクロマチンのゲノムワイドマップの作成
- サンプル間の細胞運命または疾患に関連する差異の同定
- 細胞運命や病気を引き起こす重要な転写因子を特定
- オープンクロマチンプロファイルに基づくグループ化

遺伝子発現パターンの変化が、疾病や、細胞運命の決定、刺激に対する細胞応答誘導に関与することが明らかになってきています。最近になって、これらの細胞の変化がクロマチン構造による影響ということもわかってきました。特にクロマチン構造がオープンになってアクセスできるようになっていることが、転写因子の結合や遺伝子発現に関与することが示されてきています。ゲノムワイドでアクセス可能な領域を見出すことは、転写因子、ヌクレオソーム、ヒストン修飾、クロマチン凝縮などの遺伝子発現に関与する因子の機能を解明するのにも役立ちます。

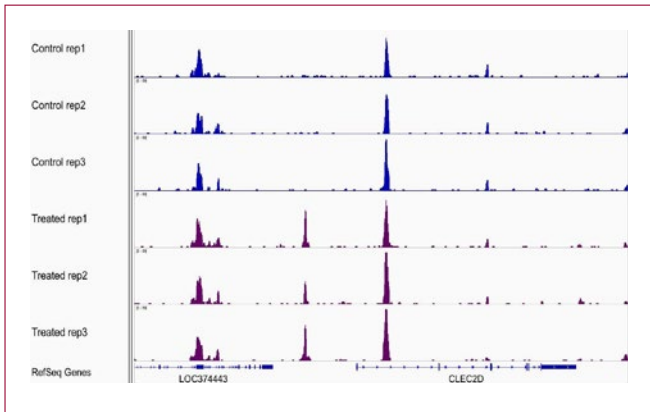


図1: 薬剤処理、未処理（コントロール）の細胞について ATAC-Seq による解析例

薬剤処理群（Treated）では、数百の異なるピークが検出され、遺伝子間領域にもオープンクロマチン領域があることが明らかになった（n=3）。

DNase-Seq や MNase-Seq は、これまではクロマチンのアクセシビリティやヌクレオソームの形成位置の同定において標準的な手法でした。しかし、これらの手法は、1,000 万以上の細胞を必要とし、ほぼ培養細胞株に限られる方法でした。また、これらの解析手法は、ランダムな DNA の断裂や断片化の影響、酵素の濃度による効率のばらつきなどのため再現性が低いものでした。

アクティブ・モティフの ATAC-Seq は、従来の手法に比べて、転写因子の結合、ヌクレオソームのポジショニング、またクロマチンのアクセシビリティを多元的に解析するのに、非常に優れた方法です。

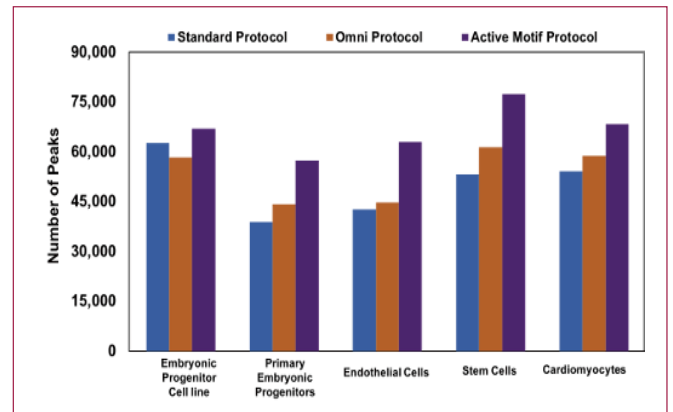


図2: アクティブ・モティフの ATAC-Seq 受託サービスでは、実験条件を改良し、従来法（Standard Protocol）や改変プロトコル（Omni Protocol）に比べて、多くのピークを同定することが可能（■）。培養細胞株だけでなく、組織や初代培養細胞でも実施可能（サンプル検証を推奨）。

参考価格（税抜）

製品名	内容	参考価格（税抜）
ATAC-Seq 受託サービス	1 sample	¥ 250,000*
ATAC-Seq サンプル検証		¥ 200,000

*duplicate 推奨

組織サンプル、オルガノイドの解析実績もあります。詳しくは、テクニカルサポートへお問い合わせください。