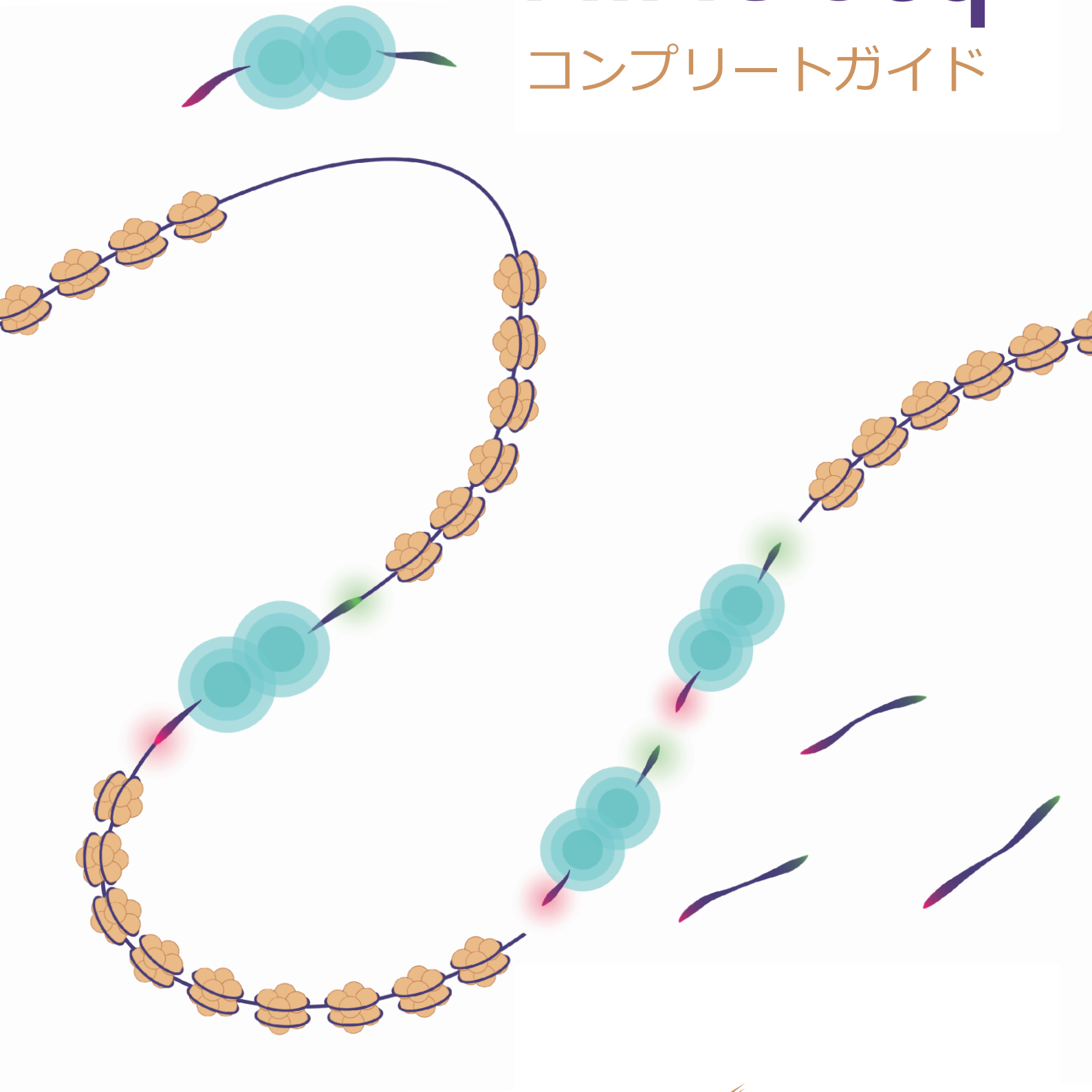


ATAC-Seq

コンプリートガイド



ACTIVE  MOTIF®

Enabling Epigenetics Research

ATAC-SEQ キット (商品コード : 53150)

キットの特長 :

- ✓ Illumina® シーケンサーと互換性のある ATAC-Seq ライブラリー調製
- ✓ 推奨サンプル量 :
細胞は 50,000 ~ 100,000 個、
組織は 20 ~ 30 mg
- ✓ 16 回分のサンプル調製、
タグメンテーション反応、
ライブラリー調製用の試薬
- ✓ 所要時間は 4 時間

ハイライト :

使い勝手が良い :

- 最適化かつ合理化された ATAC-Seq アッセイプロトコル
- 最適化された細胞用
または組織用のプロトコル
- 特殊な機器は不要

素早く結果取得 :

- わずか 4 時間で細胞・組織サンプルから
シーケンシング用ライブラリーが調製可能

コンプリートキット :

- サンプル調製、タグメンテーション反応、
ライブラリー調製に必要なすべての試薬と
酵素を含む
- キットには、NGS アダプターが
ロードされた Tn5 トランスポゾームを含む

アクティブ・モティフの ATAC-Seq

についてはこちらにアクセス!

www.activemotif.com/atac-seq

細胞または組織サンプルから ATAC-Seq用ライブラリーを調製可能なキット

ATAC-Seq は、ゲノム全体のエピジェネティックプロファイル解析することができる迅速なアッセイです。このアッセイにより、オープンまたはアクセシビリティがあるクロマチン領域を同定することができます。ATAC-Seq は、その迅速性、簡便性、幅広いサンプルタイプへの適用性から、よく用いられるエピジェネティックアッセイとなっており、より詳細なエピジェネティック解析への入り口としての役割を果たします。

アクティブ・モティフの ATAC-Seq キットは、1 反応あたり 50,000 ~ 100,000 個の細胞または 20 ~ 30 mg の組織から、16 のユニークな Illumina® シーケンサーと互換性のある ATAC-Seq 用ライブラリー調製に必要な試薬が含まれています。最適化されたプロトコルにより、サンプル調製から、タグメンテーション反応、およびライブラリー調製を適切にサポートし、シングルフローセルシーケンシングランでマルチプレックスされた次世代シーケンシング用ライブラリーが得られます。

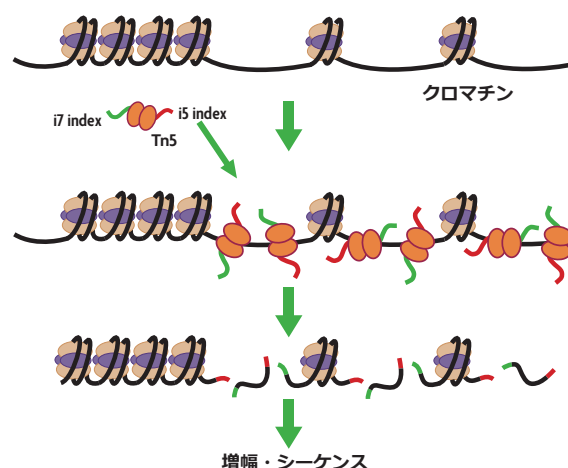


図 1:

ATAC-Seq は、トランスポゼーズを介するオープンクロマチン領域への NGS アダプターを挿入する原理に基づく。このアッセイでは、オープンクロマチン領域とアクセシビリティをもつ領域のゲノムワイドなプロファイルが得られ、これらは転写活性のある領域とアクティブな調節エレメントを含むゲノムの領域を示す。

アクティブ・モティブのATAC-Seqキットを用いた ロバストで再現性の高いデータの生成

転写活性を持つ遺伝子プロモーター上のクロマチンは、一般にオープンまたはアクセシビリティがある領域です。ATAC-Seq アッセイでは、これらの位置でピークが見られ、調べたいサンプル中のオープンクロマチン領域を明らかにします。

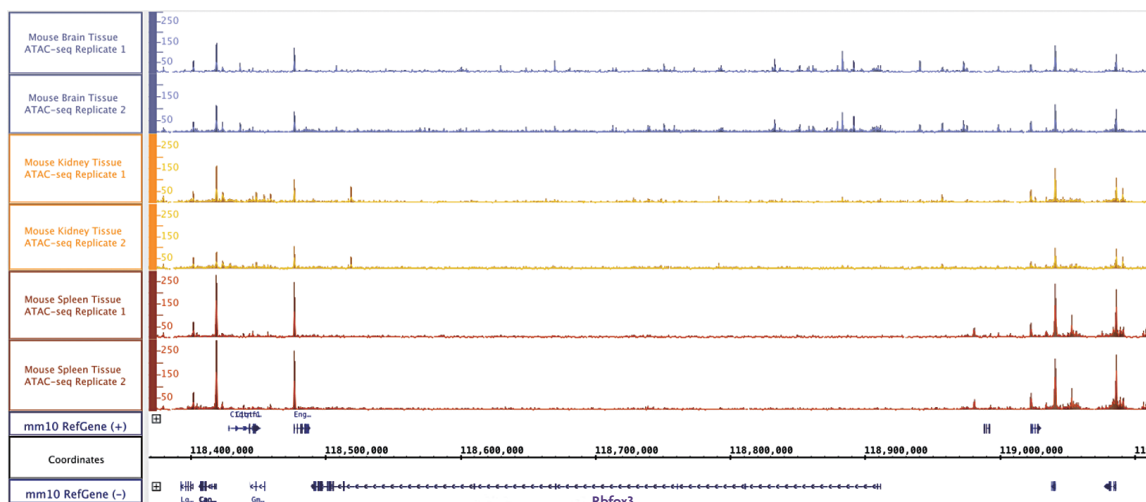


図 2:

ATAC-Seq キットを使用して、いくつかのマウス組織サンプルのゲノムワイドなオープンクロマチン状態を評価した。神経細胞マーカーである Rbfox3 の遺伝子上のシグナルは脳サンプルでのみ観察された。

アクティブ・モティブのATAC-Seqキットと Illumina® Nextera™ キットのデータとの相関性

アクティブ・モティブの ATAC-Seq Kit は、高品質なデータを提供します。ATAC-Seq キットを用いて行われた実験から得られた ATAC-Seq データは、Illumina Nextera キットの Tn5 トランスポゼースを用いて生成されたデータと非常によく相関しています。

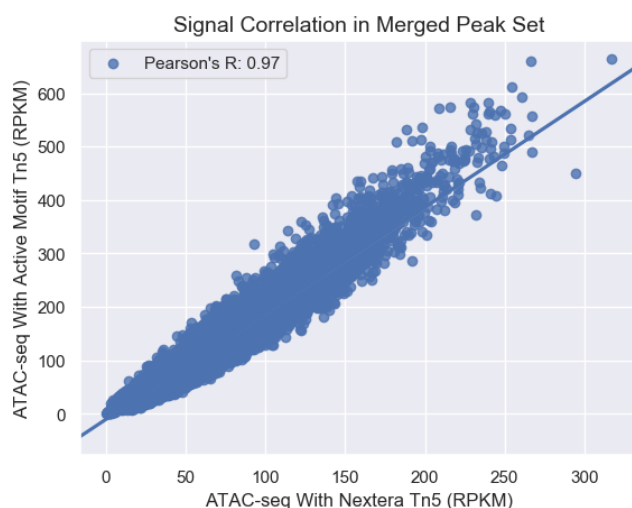


図 3:

アクティブ・モティブの ATAC-Seq キットまたは Nextera Tn5 酵素を用いた ATAC-Seq データセットから呼び出されたピークのシグナル間の高い相関（ピアソン相関係数は 0.97）がある。この結果は、アクティブ・モティブのトランスポゼースは、Nextera 酵素と同様にゲノムワイドにアクセシビリティをもつクロマチン領域を同定することを示す。

ATAC-Seq 受託解析

受託解析の特長：

- ✓ 推奨サンプル量：1 サンプルにつき
50,000 ～ 100,000 個の細胞
または 20 ～ 50 mg の組織
- ✓ リード数：30 M ペアエンド (PE)
- ✓ 納期：5-7 週間
(米国ラボにサンプルが到着後)
- ✓ 納品物：raw データ (FASTQ, BAM,
bigWig)、サンプル間比較のための
ピーク情報を含む Excel ファイル、
およびその他解析図

ハイライト：

信頼できるデータ：

- アクティブ・モティフは世界で先駆け
ATAC-Seq 受託解析を開始し、これまでに
2,000 以上の ATAC-Seq アッセイに成功
- アクティブ・モティフがユーザーに提供
した ATAC-Seq データは、注目度の高い
ジャーナルに掲載

結果を容易に解釈：

- バイオインフォマティクスとサポートを含む

より早く ATAC-Seq データを公開：

- アクティブ・モティフの end-to-end 受託
解析を利用すれば、実験時間を節約し、
より早いデータの公開が可能
- 様々なサンプルタイプに対応した
専用プロトコル
- データ公開に使用可能な図表の提供

クロマチンオープン領域同定のための end-to-end受託解析

アクティブ・モティフでは、ゲノムワイドでクロマチン状態を調べるための end-to-end の ATAC-Seq 受託解析を提供しています。ATAC-Seq 受託解析はオープンクロマチンを研究するために設計され、この領域にはプロモーター、エンハンサー、インシュレーターなどのアクティブな遺伝子調節エレメントが含まれています。このアッセイでは、ゲノム全体でアクセシビリティがあるクロマチン領域の同定、疾患状態のエピゲノムの特徴付け、細胞の運命を制御する重要な転写機構を解明するためのデータを提供します。

ATAC-Seq 受託解析には、サンプル調製、オープンクロマチン領域のタグ化、ライブラリー調製、ライブラリー QC、次世代シーケンシング、バイオインフォマティクス解析が含まれます。

ATAC-Seq受託解析でできること：

- 細胞や組織サンプルのゲノムワイドな
オープンクロマチンマップの作成
- 疾患にエピジェネティックなメカニズムが
働いているかどうかの決定
- 薬物投与に対する遺伝子制御メカニズムの
理解への手がかり
- サンプル間の細胞の運命
または疾患に関連する相違の解明

アクティブ・モティフの ATAC-Seq
についてはこちらにアクセス！
www.activemotif.com/atac-seq

ATAC-Seq受託解析により、アクセシビリティの異なるクロマチン領域の同定が可能に

ATAC-Seq 受託解析は、ゲノムワイドな規模でクロマチンアクセシビリティを測定することにより、異なるサンプル間または治療群間のエピジェネティックな変化を同定することができます。このアプローチの大きな利点は、関与している可能性のある特定のエピジェネティック修飾についての事前の知識を必要としません。それゆえに ATAC-Seq アッセイはエピジェネティック修飾の解釈を必要としない、バイアスがかからないアプローチ法の一つです。

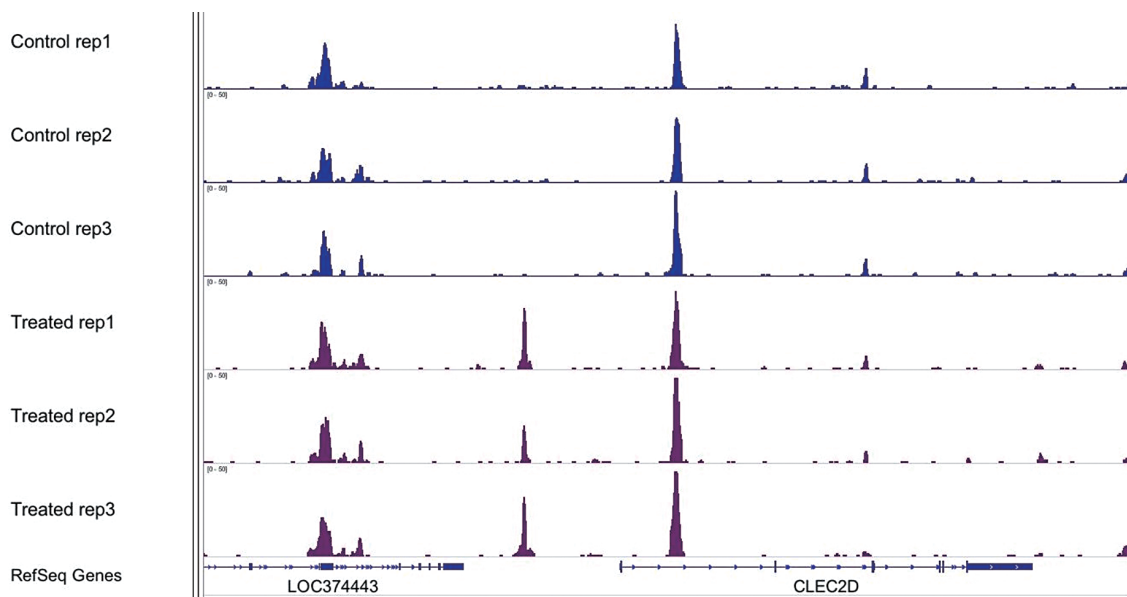


図 4:
アクティブ・モチーフの ATAC-Seq アッセイを、コントロールおよび薬物処理された細胞を用いてそれぞれ triplicate で実施した結果、何百もの異なるピークが検出された。ここに示されている顕著な異なるピークは遺伝子間領域にある。

Con rep1	Con rep2	Con rep3	T1 rep1	T1 rep2	T1 rep3	T2 rep1	T2 rep2	T2 rep3	T1 + T2 rep1	T1 + T2 rep2	T1 + T2 rep3	
1	0.97	0.97	0.93	0.93	0.92	0.87	0.87	0.87	0.89	0.89	0.89	Con rep1
0.97	1	0.97	0.92	0.93	0.92	0.87	0.86	0.87	0.89	0.89	0.89	Con rep2
0.97	0.97	1	0.93	0.93	0.93	0.87	0.87	0.87	0.88	0.88	0.88	Con rep3
0.93	0.92	0.93	1	0.96	0.96	0.87	0.88	0.87	0.85	0.86	0.86	T1 rep1
0.93	0.93	0.93	0.96	1	0.96	0.88	0.88	0.88	0.86	0.86	0.86	T1 rep2
0.92	0.92	0.93	0.96	0.96	1	0.87	0.88	0.87	0.85	0.86	0.85	T1 rep3
0.87	0.87	0.87	0.87	0.88	0.87	1	0.96	0.96	0.94	0.95	0.95	T2 rep1
0.87	0.86	0.87	0.88	0.88	0.88	0.96	1	0.96	0.93	0.94	0.94	T2 rep2
0.87	0.87	0.87	0.87	0.88	0.87	0.96	0.96	1	0.94	0.95	0.95	T2 rep3
0.89	0.89	0.88	0.85	0.86	0.85	0.94	0.93	0.94	1	0.97	0.97	T1 + T2 rep1
0.89	0.89	0.88	0.86	0.86	0.86	0.95	0.94	0.95	0.97	1	0.97	T1 + T2 rep2
0.89	0.89	0.88	0.86	0.86	0.85	0.95	0.94	0.95	0.97	0.97	1	T1 + T2 rep3

アクティブ・モチーフの ATAC-Seq 受託解析は再現性が高い

統計的に有意なサンプル間の違いを同定するために、一部の実験では replicate が行われます。アクティブ・モチーフが提供する ATAC-Seq 受託解析は再現性が高いため、replicate や実験グループ間で見られる違いは technical artifact ではなく、実際の生物学的な違いである可能性が高いことを意味しています。

図 5:
アクティブ・モチーフの ATAC-Seq アッセイを、4 つの異なる細胞条件下で、各条件を triplicate で実施した。ピアソン相関係数を生成し、各ペアワイズ比較のためにグラフ化した。このデータは、replicate の相関係数が >0.95 に近く、アッセイの再現性が高いことを示している。ヒートマップでは、4 つの別々のグループがはっきりと示され、triplicate が他のサンプルよりも互いに類似し、サンプルタイプ間に違いがあることを示す。

シングルセル ATAC-Seq 受託解析

受託解析の特長：

- ✓ 推奨サンプル量：1サンプルあたり
100,000 ～ 2,000,000 個の細胞
または 20 ～ 50 mg の組織
- ✓ リード数：250 M ペアエンド (PE)
- ✓ 納期：6-8 週間
(米国ラボにサンプルが到着後)
- ✓ 納品物：raw データ (FASTQ, BAM, bigWig)、サンプル間比較のための
ピーク情報を含む Excel ファイル、
10x Genomics Loupe Cell Browser 上で
可視化するためのファイルおよび
その他解析図

ハイライト：

信頼できるシングルセル ATAC-Seq データ：

- End-to-end 受託解析により実験時間の
節約、より迅速な公開が可能
- 専門知識を持つ研究チームが
すべてのステップを処理

サンプルに特化したプロトコル：

- 多種多様なサンプルタイプに最適化された
プロトコル

結果を容易に解釈：

- 複雑な集団内の細胞亜集団を同定
- バイオインフォマティクスとサポートを
含む

シングルセル分解能で オープンクロマチン領域を同定する end-to-end受託解析

シングルセル ATAC-Seq (scATAC) では、トランス
ポゼースを介してシーケンシングプライマーをオー
プンクロマチン領域に挿入し、その後、マイクロ流
体を用いたシングルセルソーティングとラベリング
を行っていきます。このアッセイは、従来の “バル
ク” ATAC-Seq と同様に、活性化調節領域を示す
オープンクロマチン領域とアクセシビリティがある
領域のプロファイルをシングルセル分解能で提供し
ます。

scATAC-Seq 受託解析では、数千個の細胞のゲノム
ワイドなクロマチンアクセシビリティを並行して調
べることができ、通常の ATAC-Seq アッセイでは失
われてしまうような不均一な集団内の細胞亜集団を
調べることを可能にします。

シングルセルATAC-Seq受託解析で できること：

- 腫瘍サンプル内のがん幹細胞
または浸潤マクロファージの同定
- 薬物応答に関与する新規細胞亜集団の
同定 (例：Responder と耐性細胞の比較)
- 脳の発達、ヘルパー T 細胞の発達、
B 細胞の分化時などの発達の道筋となる
多様なクロマチンアクセシビリティをもつ
細胞亜集団の同定

アクティブ・モティフの ATAC-Seq
についてはこちらにアクセス！
www.activemotif.com/atac-seq

単一サンプル内における異なる細胞集団間での クロマチンアクセシビリティ変化の同定

scATAC-Seq は、複雑なサンプル内の異なるクロマチンアクセシビリティプロファイルをもつ細胞亜集団を同定するために用いられます。この方法は、サンプル操作によって生物学的に変化する可能性のある FACS や磁気ソーティングなどの分離ストラテジーを必要としません。

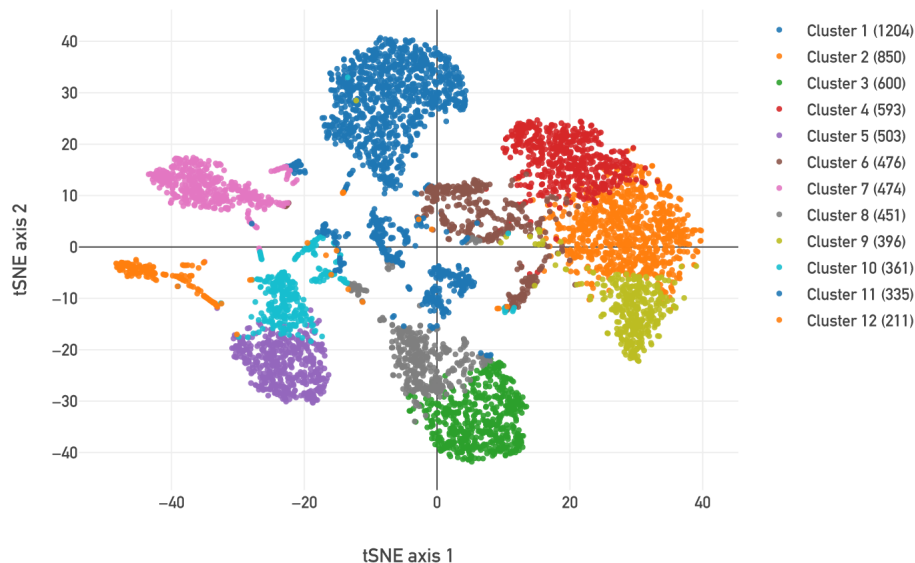


図 6:

マウスの腎臓組織から生成された単一細胞 ATAC-Seq データ。tSNE プロット上の色分けされた各クラスターは、同じオープンクロマチンプロファイルを持つ細胞の集団を表す。このアプローチを用いて、12 の細胞集団が単一のサンプルから同定された。

scATAC-Seqは、“バルク”ATAC-Seqからは得られない 細胞亜集団に特異的なデータを明らかにする

scATAC-Seq は、複雑または不均一なサンプル内の細胞亜集団のオープンクロマチンプロファイルのマッピングを可能にします。このアプローチにより、研究者は個々の細胞集団による疾患表現型や他の生物学的プロセスを駆動するメカニズムを明らかにすることができます。

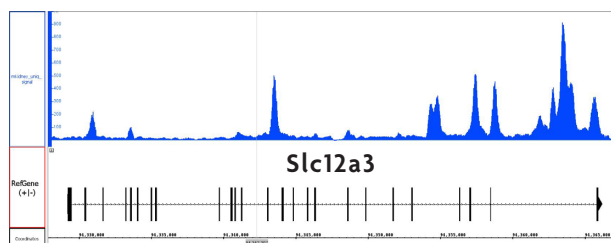
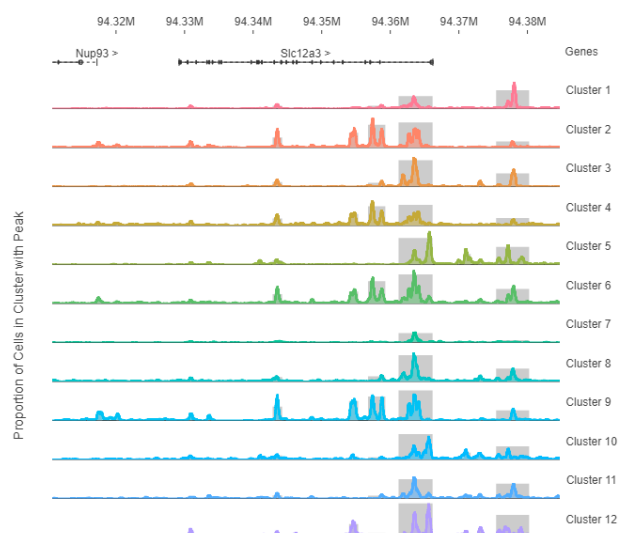
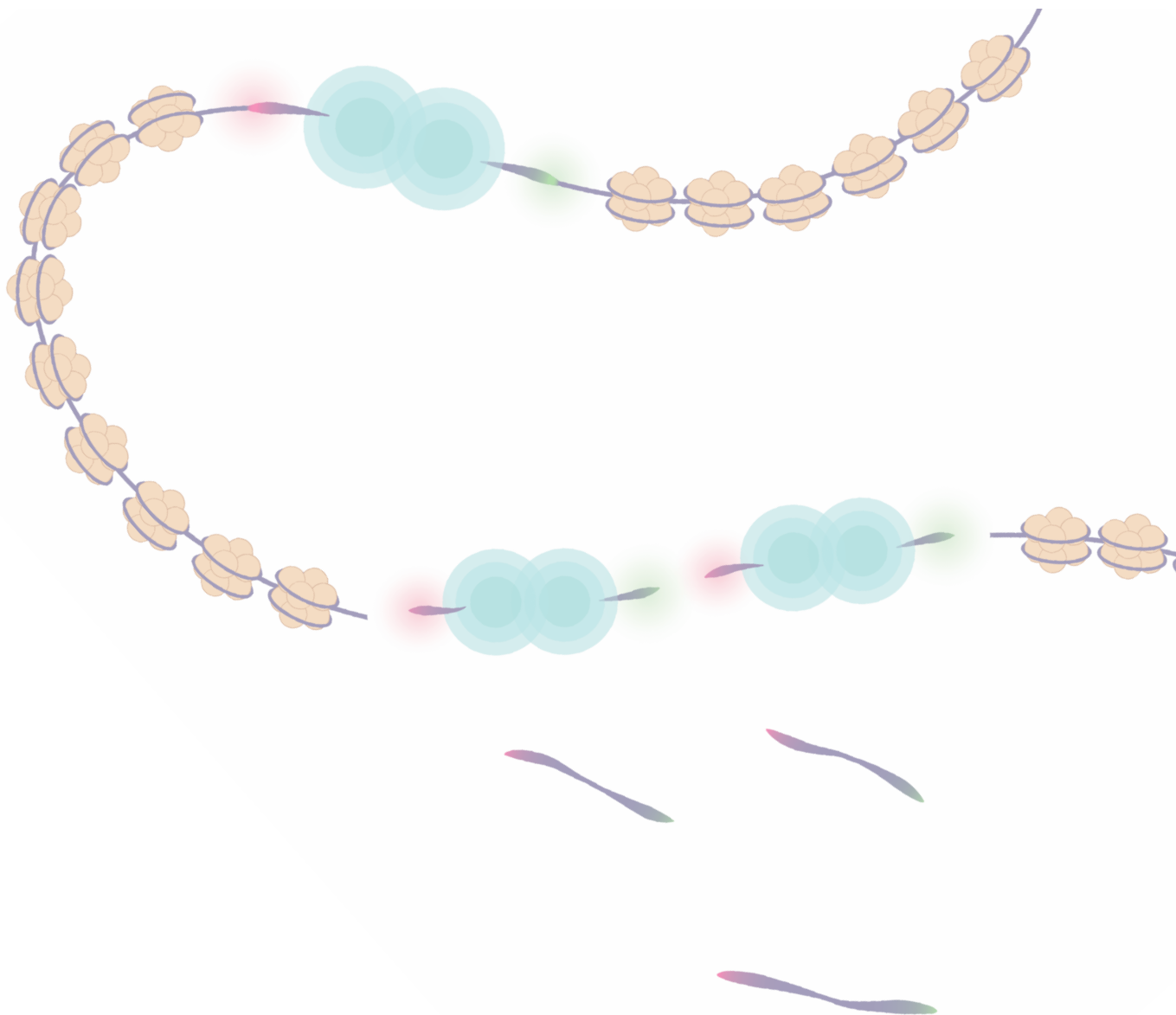


図 7:

(上パネル) マウス腎臓組織を用いたゲノムワイドな“バルク”ATAC-Seq からの代表的な領域図。(右パネル) ゲノムワイドの scATAC-Seq データから得られた“バルク”ATAC-Seq と同じ代表的な領域図。scATAC-Seq は、各細胞集団に対してユニークなオープンクロマチンピークプロファイルを同定するための分解能を提供し、特定の表現型を示す細胞を同定することを可能にする。





NORTH AMERICA

1914 Palomar Oaks Way, Suite 150
Carlsbad, CA 92008 USA
Toll Free: 1 877 222 9543
Direct: 1 760 431 1263
Fax: 1 760 431 1351
sales@activemotif.com

Customer Service:
orders@activemotif.com



EUROPE

Office Park Nysdam
Avenue Reine Astrid, 92
B-1310 La Hulpe, Belgium
Germany Free Phone: 0800/181 99 10
France Free Phone: 0800/90 99 79
UK Free Phone: 0800/169 31 47
Other Countries, Direct: +32 (0)2 653 0001
Fax: +32 (0)2 653 0050
eurotech@activemotif.com



日本

〒162-0824
東京都新宿区揚場町2-21
東ビル7F
TEL (03) 5225 3638
Fax: (03) 5261 8733
japantech@activemotif.com



CHINA

787 Kangqiao Rd.
Bldg. 10, Suite 202
Pudong District
Shanghai, 201315, China
Hotline: 400 018 8123
Direct: +86 21 2092 6090
techchina@activemotif.com



Enabling Epigenetics Research