

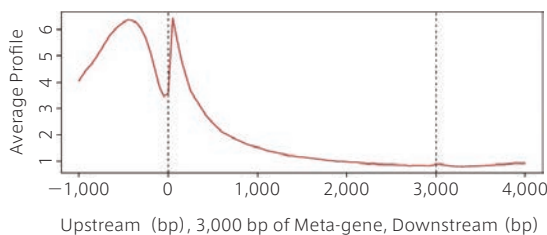
## NGS を用いた ChIP 解析 ChIP-Seq 受託サービス

クロマチン免疫沈降 (ChIP) の実施からライブラリーの構築, シークエンシング, バイオインフォマティクス解析まで一貫したサービスをご提供します。

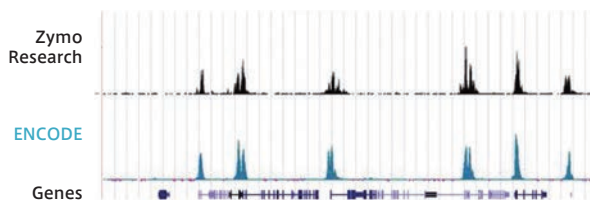
### 特長

- ヒストン修飾やタンパク質-DNA 相互作用, DNA 上のタンパク質結合配列のゲノムワイドなマッピングに有用です。
- 最適化されたワークフローと, 解析方法のカスタマイズにより, 高品質なデータをご提供します。
- ご提供いただいた試料を用いて, Zymo Research 社が最適化したクロマチンの断片化および濃縮技術を用いて ChIP アッセイを行います。その後, ChIP-Seq 用のライブラリーを調製し, シークエンシング, 解析を行います。
- ご自身で ChIP アッセイを行い, 試料 DNA を送付していただくことも可能です。
- Illumina 社の次世代シーケンサー HiSeq を用いてシーケンシングを行います。
- 少量の試料からでも解析可能です。

### 解析例



ChIP-Seq で得られた遺伝子の平均的なプロファイル



H3K4ME3 特異的抗体を用いた ChIP-Seq 結果。本サービスの解析結果により示されたヒストン修飾領域と, ENCODE プロジェクトで明らかにされた領域が一致した。

### ご注文方法/価格

詳細は, 当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。  
[メーカー: ZYR]

## NEW オープンクロマチン領域の NGS 解析 ATAC-seq 受託サービス

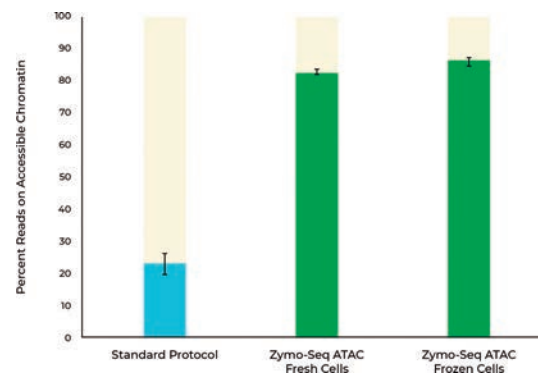
ご提供いただいた動物細胞試料から ATAC-seq 解析を行う受託サービスです。エピジェネティックな遺伝子制御に関与することが多いゲノム中のオープンクロマチン領域について, NGS (次世代シーケンシング) 解析を行います。

### MEMO

ATAC-seq (Assay for Transposase-Accessible Chromatin with sequencing) は, ゲノム中のヌクレオソームや転写因子が結合していないオープンクロマチン領域を NGS (次世代シーケンシング) 解析によりマッピングする手法です。これまでに免疫学, 神経生物学, 心血管疾患関連の薬理学的研究や, シングルセルを用いたクロマチンへのアクセスしやすさの研究などに用いられた実績があります。

### 特長

- 独自試薬の使用により, ATAC-seq の従来のプロトコール\* に比べ, 3 倍以上の読み取りが得られます。
- NGS 読後, 最先端のバイオインフォマティクスで解析します。
- 論文に使用可能なデータ形式で, 解析結果を納品いたします。
- ご提供いただく試料: 凍結保存した動物細胞



ATAC-seq の Standard protocol\* と Zymo Research 社手法の比較

\*参考文献: Buenrostro, Jason D., et al., *Nature Methods*, 10 (12), 1213~1218 (2013). [PMID: 24097267]

### ご注文方法/価格

詳細は, 当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。  
[メーカー: ZYR]