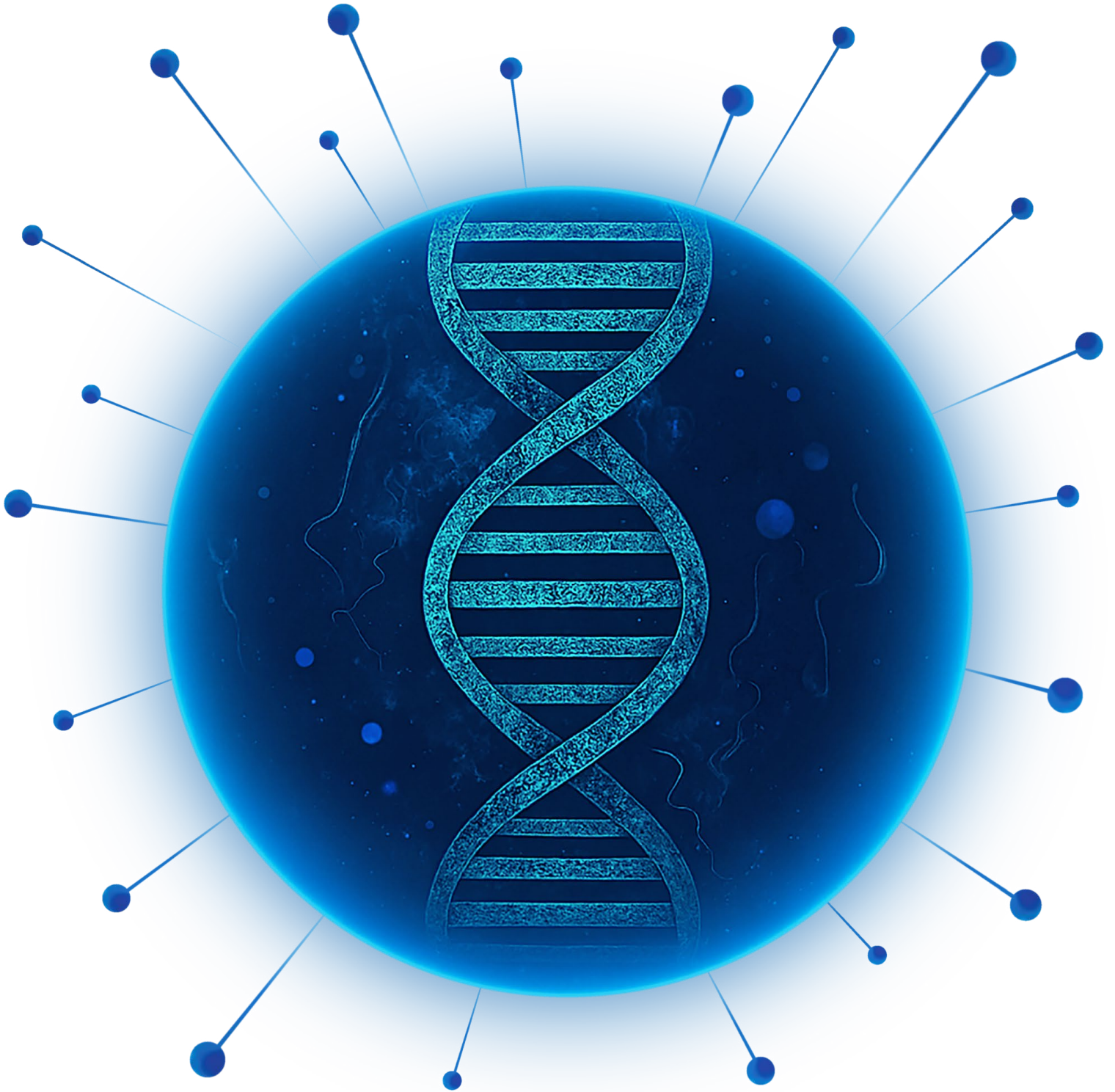


HIGH-THROUGHPUT | MULTIPLEXED | QUANTITATIVE

EpiFinder™
GenomePro



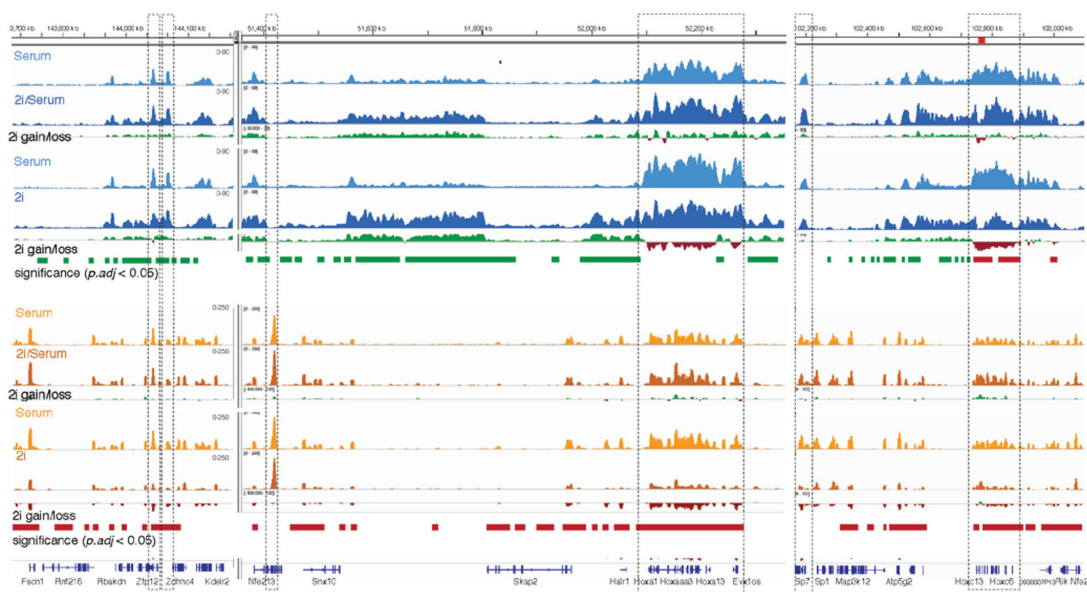
EPIGENICA

EpiFinder™でエピジェネティクス研究を次のレベルへ

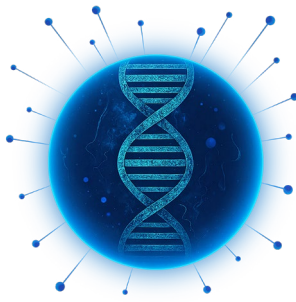
最先端のhmqChIP-seq技術を基盤とした革新的なキット製品群EpiFinder™により、エピジェネティクスの可能性を最大限に引き出します。ヒストン翻訳後修飾（hPTMs）、DNAメチル化（DNAm）、転写因子（TFs）を対象に、マルチプレックス・定量・ハイスループット解析の新たな時代を切り拓きます。EpiFinder™を用いることで、大規模な定量データをこれまで以上に迅速かつコスト効率良く取得することが可能です。Epigenica社の革新的アプローチにより、包括的かつ高品質なデータ取得を実現し、複雑なエピジェネティクスの世界に対するこれまでにない深い洞察を提供します。さらに、オープンソースの解析パイプラインにより、EpiFinder™データの処理および解析を容易に行うことができます。

本質的に定量性を備えたChIP-seqトラック

EpiFinder™キットのプール型のワークフローは、膨大なデータ量を提供するだけでなく、生成されるデータ自体が本質的に定量性を備えています。これは、ワークフローの早期段階でサンプルをプールする設計によるものです。これにより、従来の並列処理ワークフローで生じがちなサンプル間のばらつきを排除し、すべてのサンプル間での定量的比較を可能にします。標的エピトープ（例：hPTMs）を持つクロマチン断片は、各ChIP反応において抗体の結合部位を巡って競合します。そのため、ChIP反応で捕捉される断片の割合は、各サンプルにおけるhPTMsの相対的な存在量に比例します。Epigenica社の解析パイプラインは、この性質を活用し、実際の比率に基づいて出力トラックをスケールすることで、プール内のすべての条件間におけるグローバルおよび局所的な定量差を、高い信頼性と精度で同定します。



定量的ChIP-seqの重要性を示す代表データ：マウス胚性幹細胞の異なる多能性状態を比較しています。定量解析により、条件間での増加（緑）および減少（赤）が明らかとなり、各状態で3つ反復の解析に基づく統計的有意性（緑および赤のブロック）も示されています。



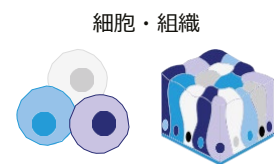
EpiFinder™ GenomePro

最先端技術の可能性を最大限に引き出すEpiFinder™ GenomeProは、全てのサンプルおよびリプリケートにわたるゲノムワイドな定量プロファイリングを求める研究者に最適なソリューションです。本キットには、最大24サンプル（例：8条件×各3つ反復）を対象に、各リプリケートあたり50万～100万細胞から開始し、断片化およびバーコード化を行うための試薬が含まれています。さらに、任意の抗体を用いて最大8種類のChIP反応を実施することが可能です。

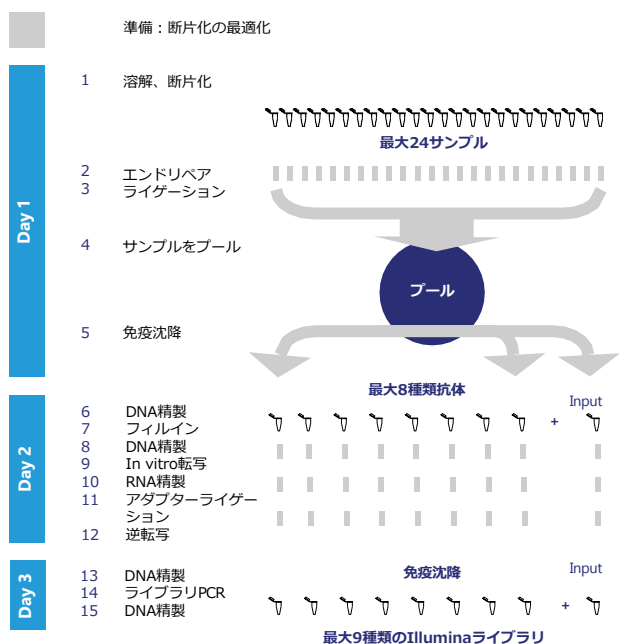
本キットには、Illuminaシーケンス対応のライブラリーを作製するための試薬および詳細なステップ・バイ・ステップのプロトコルも含まれており、最大で24 × 8 = 192本の定量的なChIP-seqトラックと対応するインプットを取得できます。各ChIP-seqトラックあたりに必要な細胞数は、わずか63,000～125,000細胞です。プール型のワークフローにより、複雑かつ高コストなスパイクイン法を必要とすることなく、シグナルおよびバックグラウンドの定量的比較が可能になります。また、サンプル間のばらつきを最小化し、全体的な技術的バックグラウンドも低減します。その結果、EpiFinder™ GenomeProは、低バックグラウンドノイズ、高い特異性、優れた感度を実現しながら、非常にコスト効率の高いソリューションを提供します。

ワークフロー

最適化されたプロトコルと、3日間にわたり約14時間かけて行われるプール型のワークフローを採用しており、どの研究者でも容易に実施できるよう設計されています。選択した開始材料に応じた代替ステップも含め、プロセス全体をガイドします。本キットには専用の解析パイプラインも付属しており、FASTQデータからデマルチプレックスおよび定量データ（最大192のゲノムワイドのプロファイル）までを自動的に処理可能です。さらに、各種QC指標や有用な追加統計情報も提供します。

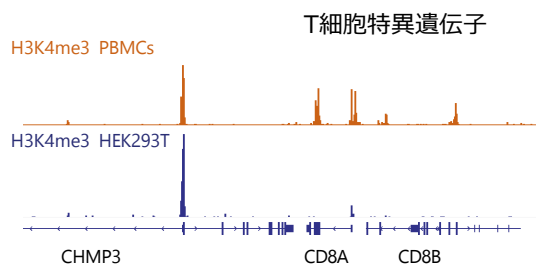


EpiFinder™ GenomePro	
プロファイリング方法	ゲノムワイド
サンプルタイプ	ネイティブと固定細胞・組織
サンプル数 × ターゲット数	24 サンプル × 8 ターゲット
ターゲット種類	ヒストン翻訳後修飾 hPTMs、DNAメチル化 DNAm、転写因子 TFs
1サンプルあたり開始材料量	50万 - 100万 細胞
シーケンス深度	5~10百万リード/サンプル/免疫沈降



開始材料の選択

EpiFinder™ GenomeProは、ネイティブ細胞およびホルムアルデヒド架橋細胞（PBMC、ヒトがん細胞株、マウスおよびヒト幹細胞など）、さらにフラッシュ凍結組織で検証されています。



品質管理された抗体

Epigenica社は継続的な品質管理により、特定のターゲットに対して高い精度と信頼性を備えた抗体を提供しています。さらに、本プロトコールは柔軟性が高く、日常のご使用されている抗体など、目的に応じて、その他の抗体を組み込むことも可能です。

EpiFinder™ GenomePro推奨抗体一覧

ヒストン翻訳後修飾 (hPTM)	由来	製造元	カタログ番号 #
H3K4me3	rb	Millipore	04-745
	rb	Active Motif	91263
H3K27me3	rb	Cell Signaling	9733
	rb	Absea	RC-5552
H3K9me3	rb	Absea	RC-6815
H3K36me3	rb	Active Motif	91265
H3K27ac	rb	Active Motif	91193
	rb	Absea	RC-5553
H3K9ac	rb	Active Motif	91104
	rb	Absea	KC244
H4K5ac	rb	Absea	RC5983
H3K4ac	rb	Absea	RC5990

DNA 修飾		製造元	カタログ番号 #
CpG メチル化	MethylCollector™ MBD Capture Kit	Active Motif	55026

今後の展望

GenomeProは現在、ゲノムワイドかつスケーラブルな定量プロファイリングを実現する中核ソリューションです。今後は、高スループットなグローバル・プロファイリングやリキッドバイオプシー解析といった分野において、新たな応用展開を予定しています。これらの革新はGenomeProを補完し、エピジェネティクス研究の可能性をさらに広げていくことを目指しています。

EpiFinder™ GenomeProの詳細、または本製品がどのように研究の加速と価値向上に貢献できるかについては、reagents@primetech.co.jp までお気軽にお問い合わせください。

EPIGENICA

www.epigenica.se



お問合せ：

プライムテック株式会社

www.primetech.co.jp

ライフサイエンス事業部 バイオ試薬ソリューション部

東京都文京区小石川1-3-25 小石川大田ビル2F

Phone : 03-3816-0851(代表) Fax : 03-3814-5080

E-mail : reagents@primetech.co.jp