

エピジェネティクスセミナーのお知らせ

演題: Focus on Chromatin

演者: Sarantis Chlamydas, Ph.D. (Product manager at Active Motif)

アクティブ・モティフ社はエピジェネティクス研究ツールに注力した、米国に拠点を置くグローバル なバイオテクノロジー企業です。1999年の設立以来、アクティブ・モティフ社は研究者がエピジェネテ ィクスに関わる現象を解析するための、様々な革新的ツールを提供してきました。現在、クロマチン 修飾抗体, クロマチン免疫沈降(ChIP)キットをはじめとする試薬, クロマチン研究関連受託サービ ス等を提供しています。10年以上の歴史をもつ ChIP 受託サービスにおいては、これまで15以上の 生物種,各種培養細胞に加え25種類以上の組織,350以上のターゲットからなる,12,000以上のサ ンプルの受注を承りました。

本セミナーでは、ChIP-Sequencing (ChIP-Seq)関連最新技術を中心としたトピックスを紹介します。 ChIP-Seq はクロマチンタンパク質・クロマチン修飾の分布をゲノムワイドに解析する強力なツール です。しかしながら、標準的な ChIP-Seq プロトコールは定量性に欠き、サンプル間(例えば病気・正 常、薬剤処理・未処理)の ChIP-Seg データを直接比較するのが難しいという問題がありました。アク ティブ・モティフ社が開発したユニバーサルな Spike-in ストラタジーは、ヒトクロマチンサンプルにショ ウジョウバエクロマチンとショウジョウバエ特異的抗体を加え、これを利用して ChIP-Seq データを標 準化することができます。本法により、ヒストンメチル化酵素 EZH2 の阻害剤で処理したヒト培養細胞 において、spike-in なしては観察されなかった、グローバルな H3K27me3 の低下が観察できました。

場所:大阪大学微生物病研究所 本館 1 階 微研ホール

日時: 2016年10月3日(月)16時-17時

使用言語: 英語

世話人:感染症学免疫学融合プログラム推進室 藤井 穂高(hodaka@biken.osaka-u.ac.jp)

North America

1914 Palomar Oaks Way, Suite 150 Carlsbad, CA 92008 Toll Free: 877 222 9543 Direct: 760 431 1263 Fax: 760 431 1351 sales@activemotif.com $\underline{tech_service@activemotif.com}$

Europe

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

Fax: +32 (0)2 653 0050 eurotech@activemotif.com

Azuma Bldg, 7th Floor 2-21 Ageba-Cho, Shiniuku-Ku Tokyo, 162-0824, Japan Direct: +81 (0)3 5225 3638 Fax: +81 (0)3 5261 8733

japantech@activemotif.com

China

787 Kangqiao Road Building 10, Suite 202 Pudona District Shanghai, 201315, China Direct: (86)-21-20926090 Hotline: 400-018-8123

techchina@activemotif.com



EPIGENETICS SEMINAR

Title: Focus on Chromatin

Speaker: Sarantis Chlamydas, Ph.D., Product Manager at Active Motif

Active Motif is a global biotech company based in the USA and focused on epigenetics research. Since its establishment in 1999, Active Motif has launched a wide range of innovative tools to help researchers elucidate the mechanism of epigenetic events. Currently, we provide antibodies against chromatin modifications, chromatin immunoprecipitation (ChIP) kits, and Epigenetics Services. In ChIP services, we processed 12,000+ samples comprising 15+ organisms, 25+ tissues in addition to various cultured and native cells, and 350+ targets over the ~10 years of history.

This seminar focuses on recent advances in ChIP-Seq (Chromatin immunoprecipitation and DNA sequencing) and its related technologies developed in Active Motif. ChIP-Seq has been instrumental in understanding genome-wide distribution of chromatin proteins and their modifications. However, current standard ChIP-Seg methodologies do not allow quantitative analyses and thus make it difficult to make direct comparisons among different samples (e.g., disease vs normal or treated vs untreated). Active Motif's universal chromatin spike-in strategy is based on Drosophila melanogaster chromatin and a D. melanogaster-specific antibody introduced into standard ChIP reactions with human chromatin samples. With this approach, we were able to detect dramatic and global reduction of histone H3 lysine 27 trimethylation (H3K27me3) upon inhibition of histone methyltransferase EZH2 in human cells, which was invisible with standard analysis methods.

Place: Biken Hall, 1st Floor, Main Building, Research Institute for Microbial Diseases, Osaka University

Date: October 3 (Mon), 2016, 16:00-17:00

Language: English

Host: Hodaka Fujii (hodaka@biken.osaka-u.ac.jp)

Office of Combined Program on Microbiology and Immunology