

プロモーター特異的リンクドリードを用いたプロモーター-エンハンサー相互作用の解析



遠位制御因子がプロモーターとどう相互作用するかを、新たな視点から理解



ゲノムワイドなアプローチと比較してシーケンスコストを削減



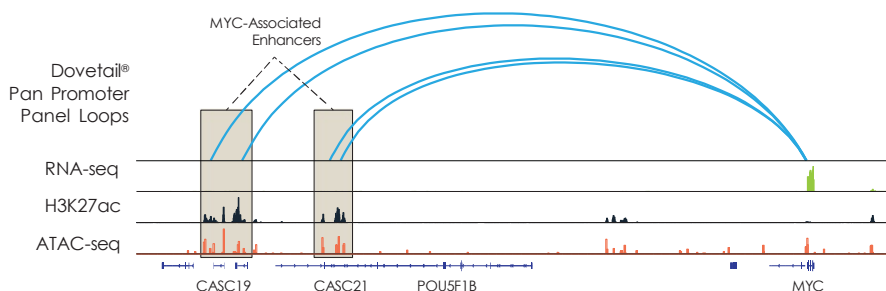
発見の可能性を最大限に引き出す

遺伝子発現を新たな次元で可視化

ChIP-seqやATAC-seqなどのNGS解析は、プロモーターとエンハンサーを長距離で結ぶ3次元構造を認識することができませんが、プロモーターを標的としたリンクドリードデータは、右図に示されるようにMYCがん原遺伝子プロモーターと、700 kbを超える上流の制御領域との相互作用を同定することができます。

これらの領域は、エンハンサー(H3K27ac)およびオープンクロマチン(ATAC-seq)マーカーと一致していることが示されています。

一方、よりMYC遺伝子に近いエンハンサーマーカーとは、相互作用が示されないことも明らかにしています。



シーケンス量を削減してデータ解析を簡単にしながら、より多くの発見を

全ゲノム実験では、クロマチン相互作用を同定するために10億を超えるリードペアが必要となるケースがあり、多くの研究で解析のためのパワーが不足していたり、コストが高すぎて実施が困難な場合があります。シーケンシングリードをプロモーターにアンカーすることで、非ターゲットアプローチと比較して必要なシーケンシングデプスが10分の1に削減され、取得されたデータはより感度が高くなります。また、すべてのデータがプロモーターに関する情報を提供可能であるため、より多くの相互作用が検出されます。Pan Promoter Panel から生成されたデータは、オープンソースツールと容易に統合でき、シンプルで堅牢な解析を可能にします。

Sequence Less

Call More Loops

Highly Targeted

Assay	# Read Pairs	# Loops*	% Promoter Loops
Hi-C	1.6 Billion	7,092	37.5%
Dovetail® Linked-Reads	800 Million	12,643	43.9%
Pan Promoter Panel	150 Million	21,995	100%

*非ターゲットアッセイ(上2つ)は、解像度10 kbでMustacheのデフォルト設定を使用して解析。
Pan Promoter データは、解像度10 kbでChICAGOのデフォルト設定を使用して解析。



クオリティコントロール



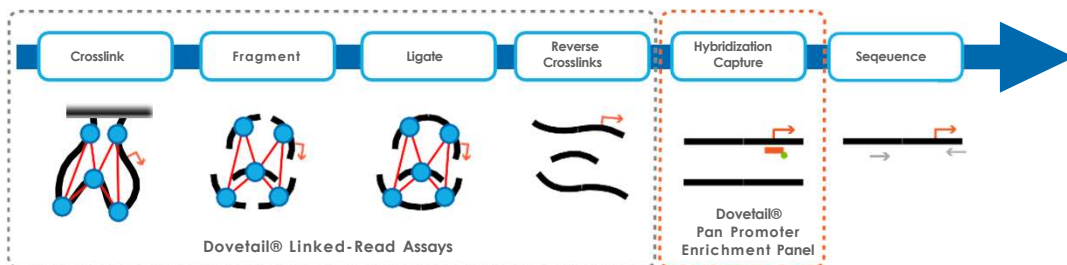
Loopの優先順位付け



統合可能なアウトプット

Pan Promoter Panel は Dovetail リンクドリードキットと組み合わせて機能

ライブラリ準備のワークフローは、一般的な分子生物学の手法を使用した、2日間で完了するシンプルな6ステップです。ハイブリダイゼーションキャプチャーは、シーケンス直前の最終的なリンクドリードライブラリに対して行われ、相互作用はイルミナペアエンドシーケンシングを使用して検出されます。すでにDovetailのキットをご利用の方は、このために新しくライブラリを準備する必要なく、既存のDovetailライブラリからターゲットエンリッチメントが可能です。



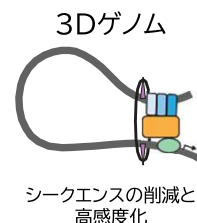
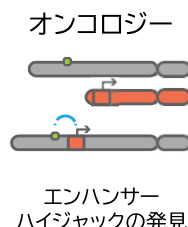
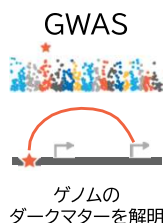
プロモーター駆動相互作用を包括的なパネルコンテンツで捕捉

パネルは、ヒトまたはマウスゲノム内のプロモーター領域をすべて捕捉するように最適化されていますので、ChIP-seqやATAC-seq、GWASなどから得られたデータを、対応するプロモーターに直接関連付けることが可能で、研究の加速と結論の簡素化を実現します。

Human <i>Ensembl: GRCh38 v.86</i>	Coverage	Mouse <i>Ensembl: GRChm38 v.79</i>	Coverage
Genes	27,375	Genes	24,141
Coding Genes	19,725	Coding Genes	21,676
LncRNA	7,630	LncRNA	2,469
Promoters	84,643	Promoters	47,739
Coding Genes	72,043	Coding Genes	44,372
LncRNA	12,353	LncRNA	3,369
Probes	161,144	Probes	117,974

ターゲットゲノム相互作用の活用でアプリケーションを強化

ターゲットゲノム相互作用は、さまざまなアプリケーションに新たな知見を提供します。例えば、GWASデータのノンコーディングバリエーションやVUSを、遺伝子と関連付けたり、エンハンサーハイジャックの発見によって、発がん遺伝子制御の理解を深めたり、シーケンシング要件が削減されることによりサンプル数を増加し、より厳格な統計解析に対応したスケーラブルな3Dゲノミクス実験を可能にしたりすることが期待できます。



Learn more at
dovetailgenomics.com

© 2025 Cantata Bio www.cantatabio.com



トミーデジタルバイオロジー株式会社

phone: 03-6240-0843
email: info.ap@digital-biology.co.jp
<https://www.digital-biology.co.jp>

