



Condalab

Inspired by knowledge

Herramientas clave para estudiar la cromatina

ATAC-Seq | CUT&RUN | CUT&Tag

Condalab te ofrece, de manera exclusiva, las últimas tecnologías para el estudio de la cromatina, junto con nuestro partner experto en epigenética, Active Motif.

El área de la epigenética ha ido cobrando mayor importancia en los últimos años, ya que se ha comprobado su implicación, no solo en el desarrollo de diferentes tipos de enfermedades sino en procesos más comunes como el envejecimiento.



ATAC-Seq

- Estudio de **regiones abiertas de la cromatina** en todo el genoma.
- Protocolo **sencillo, rápido y optimizado**.
- Obtención de **librerías NGS en horas**.
 - ATAC-Seq Assay Kit: células y tejidos frescos o congelados.
 - Fixed Cell ATAC-Seq Assay Kit: células fijadas en formaldehído.

CUT & Tag

- Investigar la **localización genómica de modificaciones de histonas y algunos factores de transcripción** que revela **interacciones entre proteínas y DNA** o identifica sitios de unión al DNA de proteínas que nos interesan.
- Compatible con un **rango de células de 5,000 a 500,000**.
- No requiere sonicación.
- Obtención de librerías listas para secuenciar.
 - CUT&Tag-IT® Assay Kits - Cells.
 - CUT&Tag-IT® Assay Kits - Tissue.
 - CUT&Tag-IT® R-loop Assay Kit.

CUT & RUN

- Estudio de la **distribución de ciertas proteínas** (y sus modificaciones) asociadas a la cromatina en todo el genoma.
- Compatible con un **rango de células de 5,000 a 500,000**.
- No requiere sonicación.
 - ChIC/CUT&RUN Assay Kit.

CUT&RUN vs. CUT&Tag vs. ChIP-Seq

| | CUT&RUN | CUT&Tag | ChIP-Seq |
|-----------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------|
| ¿Se realiza bajo condiciones nativas? | Sí | Sí | No |
| Método de fragmentación de la cromatina | Digestión MNasa | Tagmentación basada en Tn5 | Sonicación |
| Número de células requeridas | 500.000 | 5.000 – 500.000 | 1 - 10 millones |
| Profundidad de secuenciación requerida* | 8 millones de lecturas*** | 2 millones de lecturas** | 20 - 50 millones de lecturas |
| ¿Preparación de librerías integrada? | No, se requiere preparación de la librería por separado | Sí, usa tagmentación | No, se requiere preparación de la librería por separado |
| Targets compatibles | Amplio rango de modificaciones de histonas, factores de transcripción y co-factores | Principalmente, modificaciones de histonas. Algunos factores de transcripción y co-factores | Amplio rango de modificaciones de histonas, factores de transcripción y co-factores |
| Tiempo de trabajo | 1 - 2 días | 1 - 2 días | 2 - 3 días |

*Kaya-Okur et al. Nature Communications (2019) 10:1930

**Para targets menos abundantes, se recomienda de 8 a 10 millones

***Para factores de transcripción se recomienda 25 millones

Productos accesorios

ANTICUERPOS VALIDADOS

Spike-In CONTROL
CUT&Tag | CUT&RUN | ATAC-Seq

RECOMBINANT Tn5 TRANSPOSASE

RECOMBINANT pA-Tn5 TRANSPOSASE

ChIC/CUT&RUN
pAG-Mnase

DNA LIBRARY
PREP KIT FOR



Condalab

HERRAMIENTAS CLAVE
PARA ESTUDIAR LA CROMATINA

ACTIVE  MOTIF

comercial@condalab.com
www.condalab.com