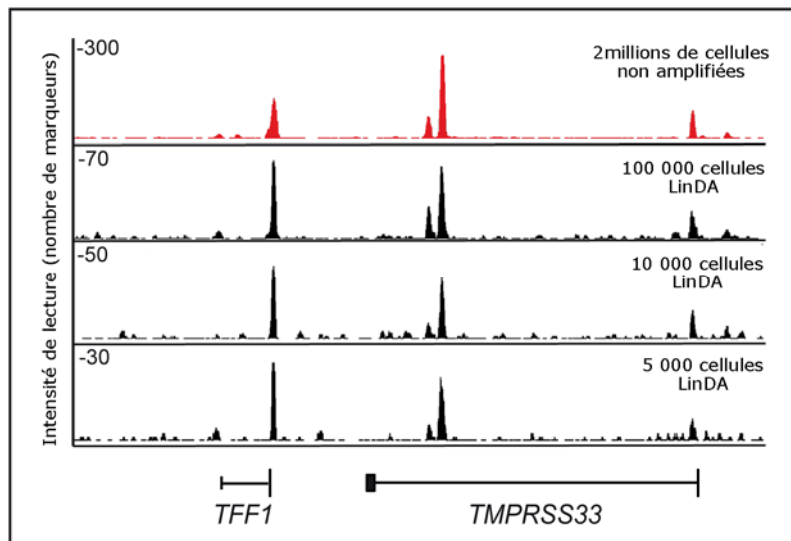


## Des échantillons toujours plus petits

L'application de ChIP-seq qui combine l'ImmunoPrécipitation de Chromatine (ChIP) et le séquençage à haut débit permet de cartographier les sites d'interactions entre l'ADN et les facteurs de transcription. Cette technique nécessite actuellement des quantités d'ADN de l'ordre du nanogramme.

L'équipe d'Hinrich Gronemeyer a récemment développé une méthode d'amplification linéaire simple tube (LinDA) pour ChIP-seq et reChIP-seq qui permet maintenant d'utiliser des échantillons d'ADN de l'ordre du picogramme. Ces échantillons pourront être obtenus à partir de quelques centaines de cellules seulement.

Ces résultats publiés le 5 juin 2011 dans *Nature Methods* ont fait l'objet d'un dépôt de brevet. Cette nouvelle application permettra de faciliter la fixation des facteurs de transcription et l'analyse de la chromatine de très petites populations de cellules, comme celles des cellules souches ou des cellules initiatrices de tumeurs.



Visualisation de liaisons de l'œstrogène sur différents loci (*casp7* et *TIFF1*) issus de ChIP-seq. Les séquences immunomarquées ont été faites séparément à partir d'échantillons de 2 millions, 100 000, 10 000 et 5 000 cellules amplifiés (les 3 derniers grâce à la méthode LinDA).

**Nature Methods, 5 juin 2011**

*Single-tube linear DNA amplification (LinDA) for robust ChIP-seq.*

Pattabhiraman Shankaranarayanan, Marco-Antonio Mendoza-Parra, Mannu Walia, Li Wang, Ning Li, Luisa M Trindade & Hinrich Gronemeyer