

メチル化DNA解析サービス

タカラバイオ(株)では、お客様の研究目的に合わせたメチル化DNA解析の手法をご提供しています。塩基単位だけでなく遺伝子単位でのメチル化率評価や、発現解析データとの統合解析など、当社独自の解析も用意しています。



メチル化DNA解析プラットフォーム

	DNAメチル化解析(ビーズアレイ)	バイサルファイトシーケンス解析	MeDIP-Seq / hMeDIP-Seq
特徴	<ul style="list-style-type: none"> ・リーズナブルに網羅的解析が可能(85万以上のヒトゲノムシトシンサイト) ・定量メチル化解析が可能 ・遺伝子発現データとの統合解析が可能 ・対象生物種はヒト 	<ul style="list-style-type: none"> ・全ゲノム領域や特定領域の定量メチル化解析が可能 ・バイサルファイト処理ゲノムを1塩基単位で解析 ・RRBS (Reduced Representation Bisulfite Sequencing) も対応可能 	<ul style="list-style-type: none"> ・抗(ヒドロキシ)メチル化シトシン抗体を使用し、ゲノムワイドなメチル化DNA解析が可能 ・定性的メチル化解析 ・Active Motif社で実施

DNAメチル化解析(ビーズアレイ)

Infinium Methylation EPIC BeadChip (イルミナ社)を使用して、メチル化DNA解析を行います。

- 【搭載コンテンツ】**
- ・ CpGアイランドおよびその周辺のCpGサイト
 - ・ ヒト幹細胞で同定された非CpGサイトのメチル化領域
 - ・ 腫瘍細胞と正常細胞間で異なるメチル化を示す領域
 - ・ FANTOM5エンハンサー領域
 - ・ ENCODEオープンクロマチンとエンハンサー領域
 - ・ DNase高感受性部位
 - ・ miRNAプロモーター領域

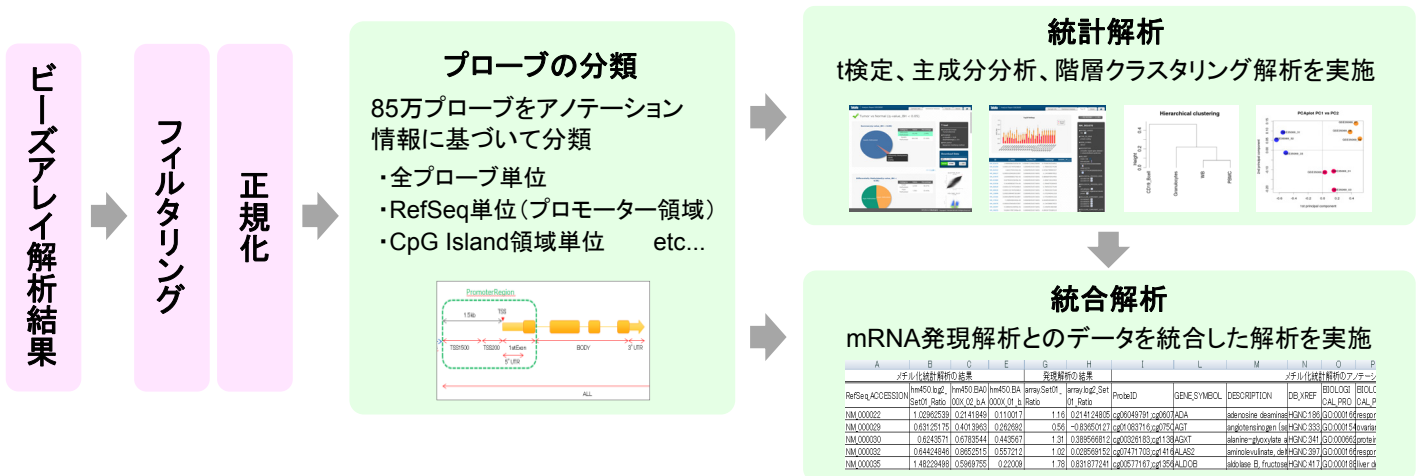
【納品物】

- ・ 作業報告書
- ・ Final Report(テキスト形式)
- ・ GenomeStudioのRawデータ
- ・ iScanのRawデータ (DMAPファイル、画像ファイル)

【Final Report例】

Probe ID	メチル化率 (0~1)	データの信頼性	シグナル強度	検体ごとに並べて結果を表示			アノテーション情報		
A	D	K	L	M	T	U	W	Z	AA
TargetID	BA9999_01_a AVG_Beta	BA9999_01_a Detection Pval	BA9999_01_a Intensity	BA9999_02_a AVG_Beta	BA9999_02_a Detection Pval	BA9999_02_a Intensity	CHR	UCSC_REFGENE_NAME	UCSC_REFGENE_AC
cg00000029	0.82462	0	5409	0.83186	0	0	16	RBL2	NM_005611
cg00000108	0.54603	0	1721	0.68335	0	0	3	C3orf35;C3orf3	NM_178339;NM_001135095
cg00000109	0.61738	0	15394	0.72919	0	0	3	FNDC3B;FNDC3	NM_001135095
cg00000165		0	10337	0.27702	0	0	1		
cg00000236	0.5376	0	13707	0.53581	0	0	8	VDAC3;VDAC3	NM_005662;NM_001135095
cg00000289	0.39996	0.19899	176	0.28464	0.88667	0	14	ACT1H;ACT1H	NM_001135095

★データマイニング作業(オプション)で、膨大なDNAメチル化解析結果の解釈をサポートいたします。



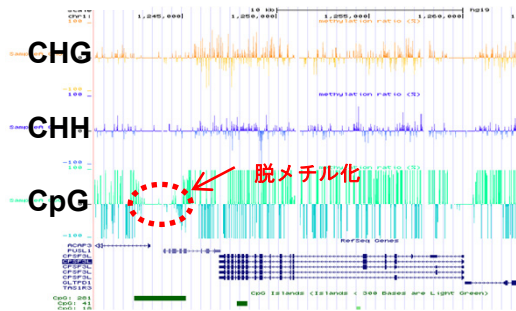
バイサルファイトシーケンス解析

全ゲノム解析

ACCEL-NGS® Methyl-Seq DNA ライブラリ調製キットを使用し、ゲノムワイドにメチル化シトシンの定量解析が可能です。

- 【納品物】**
- ・ 作業報告書
 - ・ シーケンスデータ形式
 - ・ メチル化率リスト
(シトシンごと、遺伝子領域ごと、CpG island ごと)
 - ・ ビューワ表示用ファイル

【ビューワ表示例】



特定ゲノム領域解析

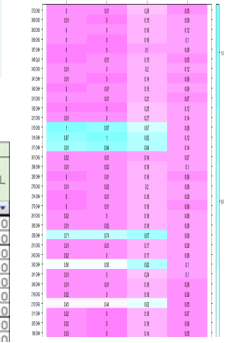
ゲノムDNAをバイサルファイト処理後、特定領域をTaKaRa EpiTaq™ HS(製品コード R110A)でPCR増幅し、次世代シーケンサーを用いて大量のリードを取得します。スクリーニング後の多検体バリデーションなどにご利用いただけます。

- 【納品物】**
- ・ 作業報告書
 - ・ シーケンスデータ形式
 - ・ メチル化率リスト
 - ・ メチル化率ヒートマップ

【納品物例】

TARGET_ID	TYPE	MAPINFO	METHYL_COUNT	NON_METHYL_COUNT	METHYL_RATIO	P_VALUE	Q_VALUE
2JJECT_ref109+CHH	CHH	109	8,504	30,635	0.243	0	0
2JJECT_ref110+CHH	CHH	110	8,873	1,053	0.122	0	0
2JJECT_ref115+CHG	CHG	115	15,685	4,223	0.140	0	0
2JJECT_ref119+CHG	CHG	119	19,867	25,289	0.025	0	0
2JJECT_ref123+CHH	CHH	123	30,269	21,642	0.323	0	0
2JJECT_ref126+CHH	CHH	126	36,527	13,781	0.363	0	0
2JJECT_ref128+CHH	CHH	128	19,515	44,849	0.426	0	0
2JJECT_ref151+CHG	CHG	151	40,451	32,001	0.488	0	0

メチル化率リスト



メチル化率ヒートマップ

★RRBS (Reduced Representation Bisulfite Sequencing)も対応可能です。

制限酵素により選択されたプロモーターおよびCpGアイランドを網羅的に解析します。サンプルあたり300-500万のCpGのメチル化データをリーズナブルに取得できます。

本解析はActive Motif社で実施します。

MeDIP-Seq / hMeDIP-Seq

抗(ヒドロキシ)メチル化シトシン抗体を使用して、ゲノムDNA中のメチル化CpG領域を濃縮し、次世代シーケンサーでシーケンス解析を行います。マッピングして検出できたピーク位置からメチル化DNA領域を検出します。

本解析はActive Motif社で実施します。

- 【納品物】** ・ 作業報告書 ・ シーケンスデータ形式 ・ ピークコール、アノテーション結果 ・ Viewer閲覧用ファイル

【納品物例】

Active	Chromosome	Start	End	Length	Interval Count	sample1 Avg Value	sample2 Avg Value	sample1 Peak Value	sample2 Peak Value
1	1	712,400	715,599	3,199	3	10,548	14,776	51	51
2	1	761,200	763,199	1,999	2	9,167	7,432	29	29
3	1	839,800	841,799	1,999	2	5,000	5,500	20	20
4	1	858,000	859,999	1,999	2	5,000	5,500	20	20

Count	CGIsland	Promoter	Gene	Distance to Start	Position	sample UQSC Link	Present
1			2	LOC100288069, 169, -7321	in gene, upstream	ActReg chr1	
1			3	4 FAM87B, NCRN, 9448, 703, -	downstream, in gen	ActReg chr1	
1			2	LOC284600, FLJ -5174, 1317	upstream, downstre	ActReg chr1	
1			3	LOC284600, FLJ 12946, -494	downstream, upstre	ActReg chr1	

【受入サンプル】

アプリケーション	種類	量	濃度	OD260/280	OD260/230
DNAメチル化解析(ビーズアレイ)	ゲノムDNA	2 µg以上	50 ng/µl以上	1.6以上	
バイサルファイトシーケンス解析	全ゲノム	1 µg以上	20 ng/µl以上		
	特定ゲノム領域	1 µg以上	10 ng/µl以上		
MeDIP-Seq / hMeDIP-Seq	ゲノムDNA	5 - 50 µg	75 ng/µl以上		

- ・ DNAは滅菌水もしくはReduced EDTA TE buffer(10mM Tris-HCl, 0.1mM EDTA, pH8.0)に溶解してください。
- ・ 電気泳動(1%アガロースゲル)にて10~20 kbに明確なバンドが検出され、低分子の混入および分解がないことをご確認ください。
- ・ 細胞・組織からのゲノムDNA抽出作業も承っています。
- ・ ヒト臨床検体からの核酸抽出の場合、事前に検体のバイオセーフティレベルまたは感染性について情報提供用紙をご提出いただき、施設受入の可否をご連絡いたします。

本チラシに記載された社名および製品名は、特に記載がなくても各社の商標または登録商標です。

表示価格はすべて税別です。

2019年5月作成N

タカラバイオ株式会社

■ 受託サービスに関するお問い合わせ
滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058
TEL 077-565-6999

Website <http://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>

取扱店