

## タイトル: ヒトゲノムDNAのメチル化領域濃縮およびリアルタイムPCR解析

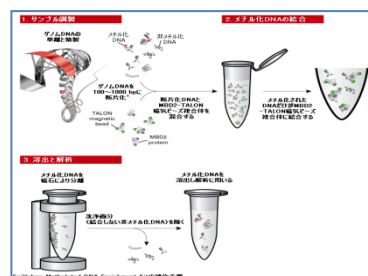
カテゴリ: エピジェネティクス

キーワード: エピジェネティクス解析、メチル化DNA濃縮、リアルタイムPCR、プロモーター

データソース: タカラバイオ株式会社

### 方法:

メチル化DNA領域を濃縮後、リアルタイムPCRでプロモーター領域を解析した。HeLa S3細胞、A549細胞から抽出したゲノムDNAを超音波処理により断片化し、各2.0 µgをEpiXplore™ Methylated DNA Enrichment Kit (製品コード [631963](#))でのメチル化DNA濃縮に使用し、最終的にそれぞれ60 µlの非結合画分(FT)および結合画分(EL)を得た。1反応あたり1 µlの濃縮物をリアルタイムPCRの鋳型として使用してEpiScope® Promoter qPCR Array (Human)(製品コード [5301](#))とSYBR® Premix Ex Taq™ GC (Perfect Real Time)(製品コード [RR071A](#))を用いてリアルタイムPCRを行った。



### 結果:

EpiXplore™の非結合画分(非メチル化領域)および結合画分(メチル化領域)のDNAをそれぞれリアルタイムPCRで解析し、各画分のリアルタイムPCRによる定量値をパーセンテージで表した(青:非結合画分、赤:結合画分)。

HeLa53とA549では、いくつかの遺伝子において結合画分と非結合画分の量比が大きく異なることが確認され、これらの遺伝子の転写開始点上流付近のDNAメチル化状態に違いがあることが示唆された。

なお、A549のCDKN2AとCDKN2Bは、非結合画分、結合画分ともに検出されなかった。

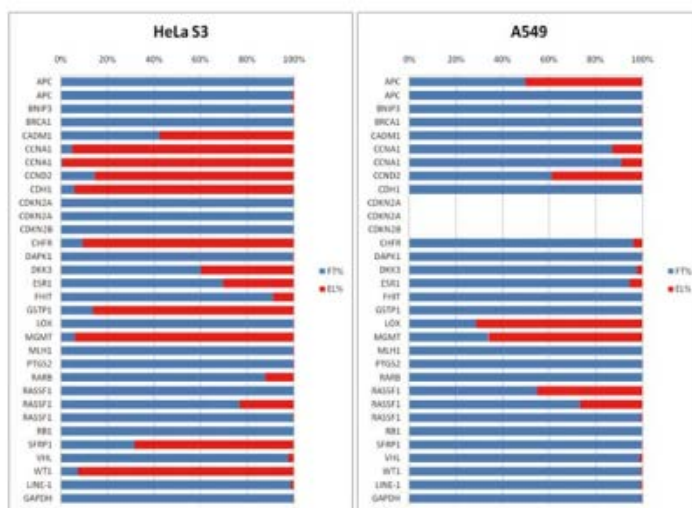


図1. EpiScope Promoter qPCR Array (Human)での解析結果

備考: [参考文献](#)、[関連製品リンク](#)