

DNAメチル化解析サービス

タカラバイオ(株)では、お客様の研究目的に合わせたDNAメチル化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。



DNAメチル化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	メチル化DNA領域濃縮 シーケンス解析
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"> ・全ゲノムおよび特定ゲノム領域を選択可能 ・定量メチル化解析が可能 ・特定領域の解析はスクリーニング後の多検体バリデーションに最適 ・生物種を問わず対応可能 	<ul style="list-style-type: none"> ・全ゲノムバイサルファイトシーケンス解析に比べ、低コストに網羅的解析が可能 ・定性的メチル化解析 ・広い生物種で対応可能

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、DNAメチル化解析を行います。

- 【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

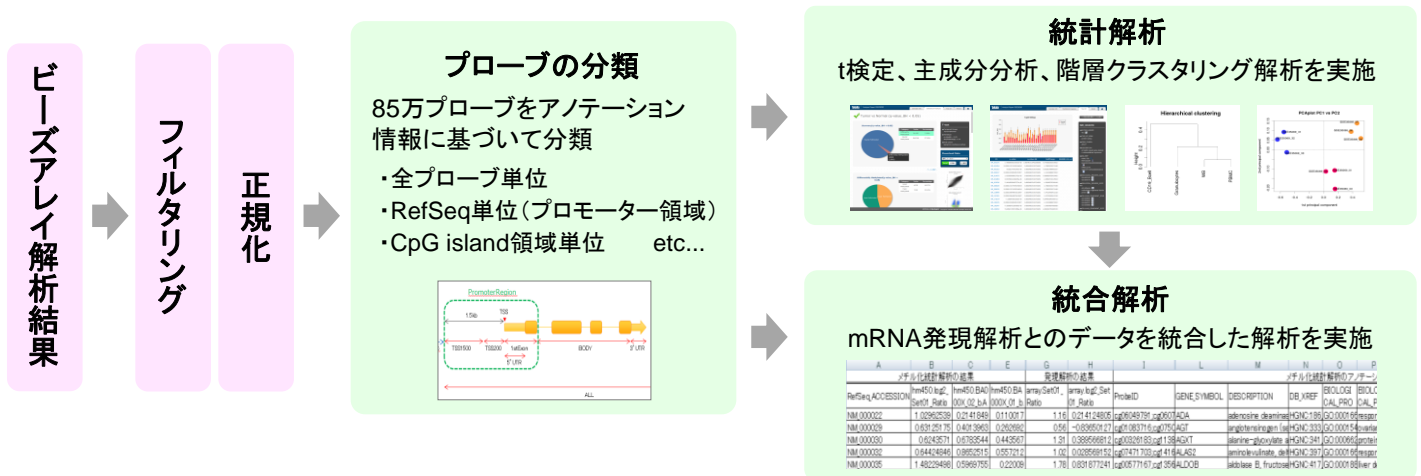
【納品物】

- ・ 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_ID
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	0.39986	0.19833	176	0.92464	0.88667	0	40	ACTN1;ACTN1	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。



◆ タカラバイオのDNAメチル化解析サービス ◆

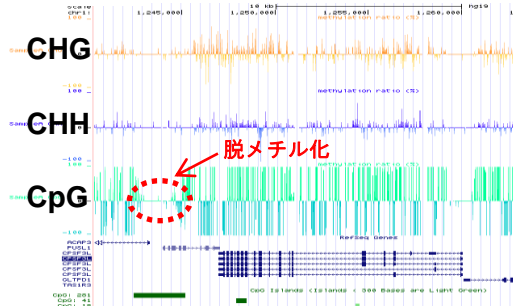
バイサルファイトシーケンス解析

全ゲノム解析

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
 - ・ シーケンスデータ一式
 - ・ 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】



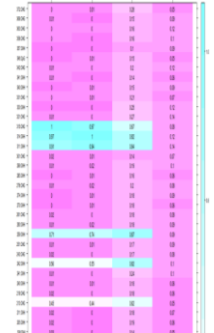
特定ゲノム領域解析

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
 - ・ シーケンスデータ一式
 - ・ 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	METHYLATION COUNT	NON-METHYLATION COUNT	METHYLATION RATIO	P-VALUE	Q-VALUE
2JECT_ref109+CHH	CHH	109	6,504	30,635	0.243	0	0
2JECT_ref110+CHH	CHH	110	8,873	1,053	0.122	0	0
2JECT_ref115+CHG	CHG	115	15,685	4,223	0.140	0	0
2JECT_ref119+CHG	CHG	119	19,867	25,289	0.025	0	0
2JECT_ref123+CHH	CHH	123	30,269	21,642	0.323	0	0
2JECT_ref126+CHH	CHH	126	36,527	13,781	0.363	0	0
2JECT_ref128+CHH	CHH	128	19,515	44,849	0.426	0	0
2JECT_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

メチル化DNA領域濃縮シーケンス解析

EpiXplore™ Methylated DNA Enrichment Kit(製品コード 631962)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。

- 【納品物】** ・ 作業報告書 ・ シーケンスデータ一式 ・ マッピング結果ファイル ・ メチル化領域リスト

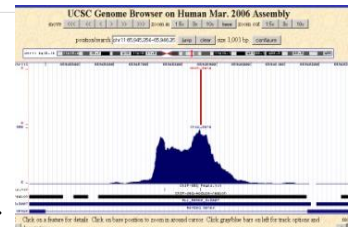
【メチル化領域リスト例】

A		B		C		D		E	
Name	SL1787.Tags	SL2386.Tags	SL1787.Fold Enrichment	SL2386.Fold Enrichment					
chr1:118306862-118307148	145.2	309.9	71.6						
chr1:1524959-1525163	131.5	207.6	54.1						
chr6:158653119-158653264	19.0	150.8	14.6						
chrX:70288250-70288497	114.6	210.6	82.7						
chr5:1345203-1345406	26.7	132.9	19.3						

ピーク上のリード数 濃縮程度

H				I		J		K		L		M	
ID	Chromosome	Position	Width	Genomic Region	Type	RefSeq ID							
Peak_2961	chr1	118306862	287	Promoter		NR_046369 : NR_046369							
Peak_3643	chr1	1524959	205	Promoter : Exon	Downstream	NM_001287 : NM_001287							
Peak_1917	chr6	158653119	146	Intergenic									
Peak_5113	chrX	70288250	248	Promoter : UTR	Intron	NM_013346 : NM_013346							
Peak_1427	chr5	1345203	204	Promoter	Downstream	NM_030782 : NR_030782							

ピークのゲノム位置情報 近傍遺伝子の情報



マッピング結果ファイル(UCSC Genome Browserで閲覧)→

【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	ゲノムDNA	2 µg以上			50 ng/µl以上
	特定ゲノム領域	ゲノムDNA	1 µg以上			10 ng/µl以上
	PCR産物	1 µg以上	20 ng/µl以上			
メチル化DNA領域濃縮シーケンス解析	ゲノムDNA	5 µg以上	100 ng/µl以上			

- ・ DNAは滅菌水もしくはReduced EDTA TE buffer(10 mM Tris-HCl, 0.1 mM 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。 2016年10月作成G

タカラバイオ株式会社

取扱店

■ 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/>