

あらゆるDNAメチル化研究を支える 次世代バイサルファイト変換キット

製品紹介ページ



従来のバイサルファイト法 (BS-seq)

DNA損傷・断片化
微量試料での回収率低下・解析バイアス

酵素法 (EM-seq)

複雑なワークフロー・長い処理時間
微量試料でのバックグラウンド増・偽陽性



SuperMethyl™シリーズ (USB-seq / UMBS-seq)

- DNA損傷を抑えたバイサルファイト技術
- 微量・希少試料でも高品質な解析を実現
- 低バックグラウンドで正確なメチル化判定
- 迅速かつシンプルなワークフロー
- 主要NGSライブラリー調製法と互換性

超高速タイプ

◆ SuperMethyl™ Fast Bisulfite Conversion Kit



▲スピンカラム方式



▲磁気ビーズ方式

- ✓ わずか7分の超高速バイサルファイト技術
Ultrafast bisulfite 技術 ([Nature Biotechnology](#) 掲載)
- ✓ 総プロトコル時間：35分
※スピンカラム法 (磁気ビーズ法：約1時間)
- ✓ 99.5%以上 C→T変換効率
高速処理でも高精度なメチル化解析を実現
- ✓ 磁気ビーズ方式/スピンカラム方式を選択可能
 - ・ 磁気ビーズ方式 (品番：SMF-50R-BEAD)
 - ・ スピンカラム方式 (品番：SMF-50R-COLUMN)

超高精度タイプ

◆ SuperMethyl™ Max Bisulfite Conversion Kit

品番：MAX-24R-BEAD

- ✓ 超マイルドなバイサルファイト技術
Ultra-Mild Bisulfite 技術 ([Nature Communications](#) 掲載)
- ✓ 100pgからの低インプット解析に対応
cfDNA・FFPEなど断片化DNAにも
- ✓ 99.8%以上 C→T変換効率
DNA損傷を抑えながら、高精度メチル化解析を実現
- ✓ 高いライブラリー品質
高収量・高複雑性・長いインサートサイズ

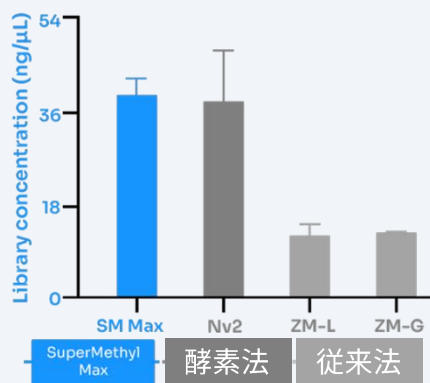


▲磁気ビーズ方式

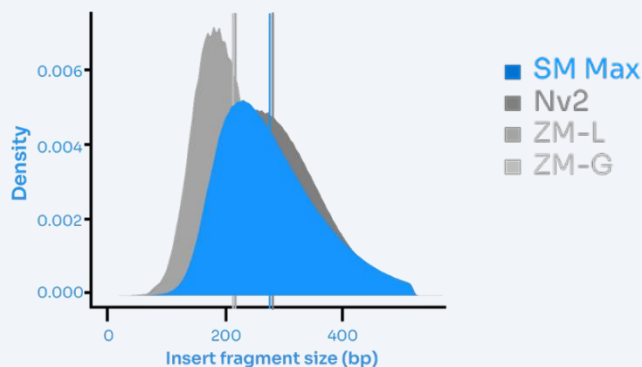


高いDNA収量 × 長いインサートサイズ

DNAの断片化を抑え、従来法と比較してより長いDNA断片を維持
高品質なNGSライブラリーの構築をサポートします



▲ライブラリー濃度

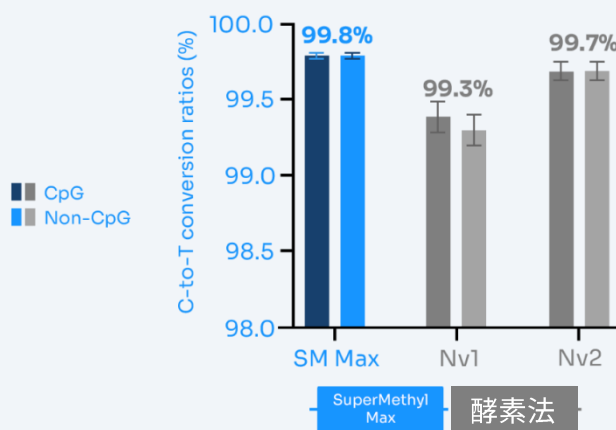


▲インサートフラグメントサイズ分布

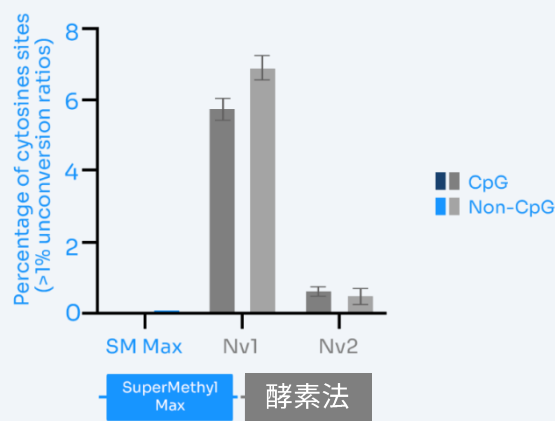


高い変換効率 × 高精度メチル化検出

高いC→T変換率と低い未変換率により、正確なメチル化解析をサポート



▲C→T変換率

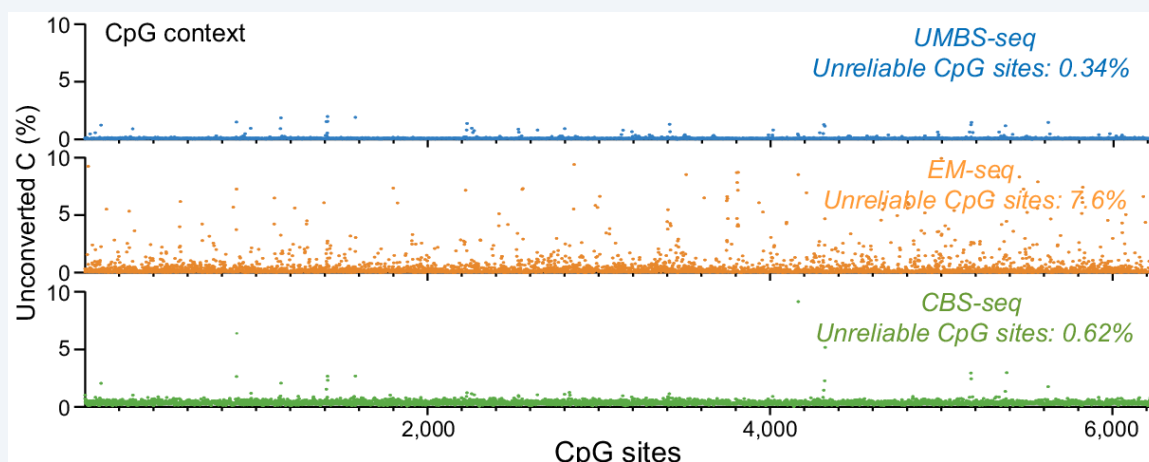


▲未変換シトシンの割合



低いバックグラウンドシグナル

CpGごとの未変換Cを低く抑え、偽陽性リスクを低減



▲CpGサイトごとの未変換C

出典：Dai Q. et al., Nature Communications 16, 9939 (2025).
Licensed under CC BY 4.0. <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

フィルジェン 株式会社 **Filgen**
biosciences & nanosciences

【お問い合わせ】 試薬機器部

TEL：052-624-4388 FAX：052-624-4389

メール support@filgen.jp URL：<https://filgen.jp/>

代理店

(Oct. 2026)