DNAメチル化アレイ受託解析サービス illumina Infinium® MethylationEPIC BeadChip

AKESOgen Genomics by Design

2018オータムキャンペーン
※詳細は弊社web siteをご覧ください。

＊本サービスは、AKESOgen社にて実施します。

illumina社のビーズアレイInfinium® MethylationEPIC BeadChipを用い、ゲノムワイドなDNAメチル化解析を行います。DNAメチル化は、遺伝子制御に重要な役割をもっており、正常細胞の発達と組織の機能維持のために必須なメカニズムであると知られています。これまでに多くの研究で、癌を含むヒト疾患の病因にはメチル化異常と関連することが報告されています。

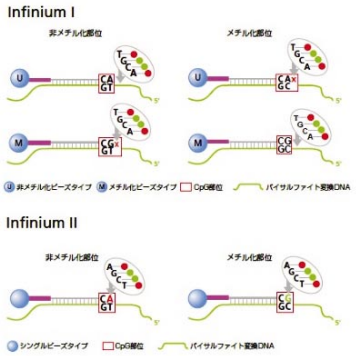
Infinium® MethylationEPIC BeadChipの特長

RefSeq遺伝子領域ならびに遺伝子領域以外の領域も含む全ゲノムを包括的にカバーした85万以上のメチル化サイトをターゲットとし、1塩基の解像度で解析します。8サンプル同時解析が可能であり、ハイスループットでゲノムワイドなエピゲノム解析に最適です。

搭載コンテンツ

- CpGアイランド以外の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（CHHサイト）
- 腫瘍細胞と正常細胞間で確認された異なるメチル化を示す領域
- FAMTOM5 エンハンサー
- ENCODEオープンクロマチンとエンハンサー
- DNase高感受性部位
- miRNAプロモーター領域
- イルミナのHuman HumanMethylation450 BeadChipに搭載されているコンテンツの約90%

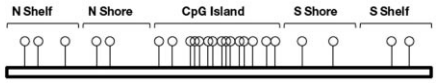
Infinium I・IIアッセイのデザイン



HumanMethylation450 BeadChipでは、高いカバレッジを得るため、Infinium IおよびIIの両アッセイを使用します。Infinium Iアッセイのデザインでは、CpG部位1ヵ所につき2個のビーズタイプ（メチル化状態、非メチル化状態に対して各1個）を用います。Infinium IIアッセイのデザインでは1個のビーズタイプを用い、メチル化状態はハイブリダイゼーション後の1塩基伸長ステップにおいて決定されます。

Infinium_ MethylationEPIC BeadChipは、CpGアイランド、遺伝子、およびプロモーターの比類なき高カバレッジを実現しています。

<遺伝子領域>



Feature Type	# Covered	% Covered	Avg # Loci/Feature
Island	26,000	> 95%	6
North Shore	25,000	> 90%	3.5
South Shore	25,000	> 90%	3.5
North Shelf	22,000	> 80%	2
South Shelf	22,000	> 80%	2

<エンハンサー領域>

Feature Type	# Features Mapped	% Features Covered	Avg # Loci/Feature
RefSeq			
NM_TSS200[a]	> 20,000	> 88%	3
NM_TSS1500	> 23,000	> 97%	5
NM_5'UTR	> 20,000	> 85%	7
NM_1stExon	> 20,000	> 85%	2
NM_3'UTR	> 14,000	> 70%	1
NM_ExonBoundaries	> 8000	> 35%	0.5
NR_TSS200	> 4000	> 65%	1
NR_TSS1500	> 5000	> 80%	3
NR_ExonBoundaries	> 500	> 15%	0.2
GenCode Basic v12			
TSS200	> 65,000	> 86%	2
TSS1500	> 80,000	> 95%	5
5'UTR	> 50,000	> 75%	7
First Exon	> 45,000	> 60%	2
3'UTR	> 35,000	> 65%	3
Exon Boundaries	> 8000	> 30%	0.5
Enhancers			
ENCODE Open Chromatin[b] Evidence ≥ 4	> 150,000	> 65%	2
ENCODE TFBS in Open Chromatin[c] Evidence ≥ 3	> 220,000	> 50%	1
ENCODE TFBS in Open Chromatin Evidence ≥ 4	> 150,000	> 75%	3
FANTOM5 Enhancers[d]	> 23,000	> 80%	1

a. Distance (in base pairs) from transcriptional start site (TSS).
b. ENCODE Open Chromatin: Genomic regions ≥ 4 pieces of evidence supporting open chromatin status from ENCODE tracks within DNaseI_FAIRE_ChIP_Synthesis_from_ENCODE_OpenChrom_Duke_UNC_UTA.
c. ENCODE TFBS in Open Chromatin: Regions of ENCODE Open Chromatin defined above also identified as transcription factor binding sites (TFBS) in the track TFBS_PeakSeq-based_Peaks. Data are provided with ≥ 3 and ≥ 4 pieces of evidence, as indicated.
d. Genomic regions identified as enhancers by the FANTOM5 project.

必要サンプル量

- ゲノムDNA：1.5 μg以上
- 容量：30 μL以上
- 濃度：50 ng/μL（*picogreen, Qubitなど）
- $OD_{260/280}$：1.7以上、$OD_{260/230}$：1.0以上）
- TE bufferをご使用ください。
- 各サンプルのDNA量や濃度は、ばらつきが少ないように調製をしてください。

（1）DNase, RNaseフリーのスクリューキャップ式の1.5 mLチューブをご使用ください。
（2）DNAサンプルは、電気泳動にて明瞭なバンドが検出され、分解がないことをご確認ください。サンプルご送付時に 電気泳動写真を添付してください。
（3）UVスペクトルベースの方法では、RNA、dsDNA、ssDNA、フリーの核酸などの多くの核酸も同時に検出するため、ゲノムDNAの測定が不正確になる場合があります。そのため、蛍光ベースの定量法でも確認していただくことを強く推奨します。
（4）サンプル到着後、O.D.測定および電気泳動による濃度・純度等の確認を行います。その結果によっては、DNAサンプルの再送をお願いする場合があります。あらかじめご了承ください。再度サンプルをお送りいただく場合、別途送料をご請求いたします。
（5）ゲノムDNAは凍結融解をできる限りさけ、4℃でTE bufferにて保存してください。長期保存の場合は-20℃または -80℃で保存してください。

サービス内容

お客様よりお送りいただいたゲノムDNAの品質検査、ターゲットの作製およびハイブリダイゼーション、スキャニングシグナルの数値化を行います。

- Raw Data (idat file)

データ解析をご希望の場合は別途お問い合わせください。

Price

サービス名	数量	税別価格	カタログ#
Infinium® MethylationEPIC BeadChip受託解析サービス	8サンプル以上	お問い合わせ	F-AKS-EPIC-（サンプル数）

＊必要サンプル数やサンプル送付の注意事項は、弊社web siteをご覧ください。
＊アレイ詳細については、illumina社のweb siteをご覧ください。
＊本サービスは、8サンプル以上、8サンプル単位での受け入れとなります。
＊掲載されている内容は、予告なく変更される場合がありますこと、予めご了承ください。

Filgen® biosciences & nanosciences
【お問い合わせ先】
フィルジェン株式会社 受託解析部
〒459-8011 愛知県名古屋市緑区定納山一丁目1409番地
TEL 052-624-4388（9:00～18:00） E-mail: biosupport@filgen.jp