

MassARRAY® 受託解析サービス DNAメチル化解析/SNP・変異解析



* 本サービスは、Feng Chi Biotech社で実施します。本サービスに関する製品情報は、Feng Chi Biotech社web siteより一部引用・変更しています。

Agena Bioscience社のMassARRAY®システムを使用した受託解析サービスです。

MassARRAY®システムは、PCR法の検出感度を活用したシンプルなプロトコルと、MALDI-TOF MSの検出精度を組み合わせた、高精度・高感度・ハイスループットを実現しています。DNAメチル化解析、ゲノム解析で得られた候補SNPのバリデーションや体細胞変異の解析、カスタムSNP解析など、様々なプロジェクトにご利用いただけます。

特長

- MALDI-TOF MSによる高精度、高感度測定
- 最大40プレックスのマルチプレックスアッセイ：DNAサンプル量の少量化、コストダウンを実現
- SNP解析、体細胞変異解析、薬物代謝解析などに対応
- カスタムSNP解析：目的遺伝子のタイピングが可能

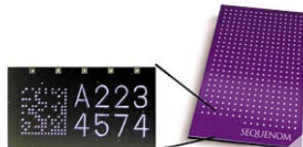


図 SpectroCHIP®

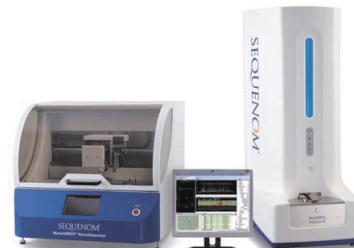


図 MassARRAY® System

サービス内容

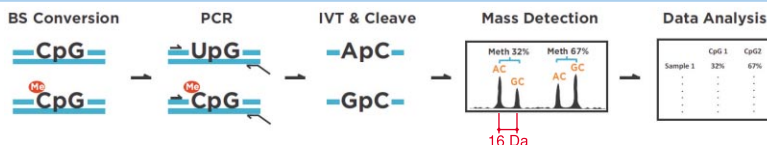
DNAメチル化解析アプリケーション

この解析は、悪性腫瘍のバイオマーカーの探索および評価などに使用されています。従来の解析方法（バイサルファイトシーケンス法やパイロシーケンス法など）に比べ、1アンプリコンで600 bp程度の領域をカバーできるため、解析領域が広く定量性が高いDNAメチル化解析です。

MassCLEAVE®

DNA中のメチル化シトシンおよび非メチル化シトシンは、バイサルファイト処理を行うことにより区別されます (BS Conversion)。バイサルファイト処理では、メチル化シトシン (C) は変換されず (¹⁵CpG)、非メチル化シトシン (C) のみウラシル (U) に変換されます (UpG) (BS Conversion)。Mass-CLEAVE® アッセイは、バイサルファイト処理により変換されたDNAを使用しています。このアッセイでは、バイサルファイト処理後のDNAをPCR増幅し (PCR)、IVT反応およびT (U) 特異的切断反応により、短いフラグメントが生成されます (IVT & Cleave)。生成されたメチル化フラグメント (GpC) および非メチル化フラグメント (ApC) との質量差 (16 Da) を専用MALDI-TOF MSを用いて検出 (Mass Detection) することにより、メチル化部位の同定・定量が可能です (Data Analysis)。

図 MassCLEAVE® アッセイ技術 (この技術において、メチル化および非メチル化部位に相当する「GC」と「AC」の質量差は、16 Daとなる)



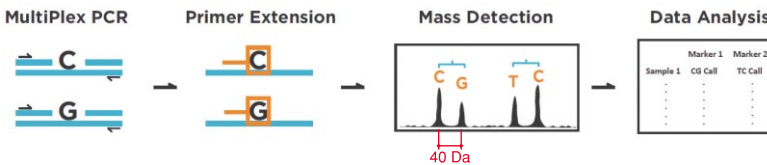
SNP/変異解析アプリケーション

この解析は、SNP対立遺伝子の同定や体細胞変異プロファイリング、薬物代謝 (ADME) のバイオマーカーの研究などに使用されています。SNP解析は最大40プレックス、変異解析では最大15プレックスのマルチプレックス反応 (iPLEX® アッセイ、UltraSEEK™ アッセイ) が可能なアッセイです。目的別にパネルを多数用意しており、アッセイのカスタム化も容易にできます。

iPLEX®

iPLEX® アッセイは、SNP部位の一塩基手前までの特異的プライマー (←: Primer Extension) を使用し、そのプライマーを一塩基だけ伸長することにより、末端が一塩基伸長されたプライマーが生成されます (→□: Primer Extension)。一塩基 (□) に相当する部分は、SNPの塩基により異なるため、生成されたフラグメントに質量差が生じるようになります。この質量差 (「G」と「C」の質量差は、40 Da) を専用MALDI-TOF MSを用いて検出 (Mass Detection) することにより、SNP対立遺伝子を識別することができます (Data Analysis)。

図 iPLEX® によるマルチプレックスアッセイ技術 (この技術において、SNP部位である「G」と「C」の質量差は、40 Daとなる)



UltraSEEK™

UltraSEEK™ アッセイは、変異部位の一塩基手前までの特異的プライマー (←: Primer Extension) を使用し、そのプライマーを一塩基だけ伸長することにより、末端が一塩基伸長されたプライマーが生成されます (→□)。一塩基 (□) に相当する部分は、変異の塩基により異なります。この際、変異部位は、特異的なプライマーにより、ビオチン標識されますが (→□^B)、変異していない部位は、標識されません (→X) (Specific Base Extension)。磁気ビーズにてビオチン標識されたプライマー (→□^B) をキャプチャーし、標識されていないプライマー (→X) を洗浄することにより、ビオチン標識されたフラグメントのみ (→□^B) を精製することができます (Capture)。精製されたプライマーの質量を専用MALDI-TOF MSを用いて検出することにより、わずか0.1%程度の変異を同定することができます (Mass Detection)。

* UltraSEEK™ アッセイは、UltraSEEK™ Oncogene Panel v1.0にのみ対応しています。

図 UltraSEEK™ アッセイ技術 (この技術において、変異部位のみをキャプチャーするため、わずかな変異を同定することができる)



本サービスの価格・必要サンプル量等は、弊社web siteをご参照ください。