

MassARRAY®

定量的メチル化解析



新次元のメチル化定量解析研究。

高感度、高精度、高拡張性。

SEQUENOM®
www.sequenom.com

CCGATGATCGACCAGTATGCGCATGATGATCGAAGTATGCGCATTATGCGCAT
GCGCATTATGCGCATGATGATCGAAGCCGATGATCGACCAGTATGCGCATGA
GCGCATTATGCGCGCATGATGATCGAAGTATCATGATGATCGAAGCCGATGA



概要

かつて無いレベルの性能

定量的DNAメチル化解析のためのMassARRAY® EpiTYPER™は、酵素を用いた塩基特異的開裂とMALDI-TOF質量分析計を組み合わせたシステムです。

この組み合わせは、定量的DNAメチル化解析に高い精度と感度、そしてハイスループットな手法を提供します。

MassARRAY EpiTYPERは、あなたの求める、妥協すること無い精度、感度、または再現性を兼ね備えたマルチプレックスCpGの解析を可能にします。EpiTYPERソフトウェアはデータ解析及びデータ出力のための簡便なソリューションを提供します。

新しいEpiTYPERアッセイ

MassARRAY EpiTYPERはDNAメチル化の定量的解析及びゲノム領域または候補遺伝子に含まれる特異的なメチル化CpG部位の同定のための解析手法です。

優れた性能

- 600塩基対以下の単位複数配列にある複数のCpG部位をカバー
- ホルマリン固定パラフィン組織切片の使用が可能
- 蛍光ラベル不要

精度と確度

- 高い精度 (5%CV)
- 実験室間の高い再現性

感度

- 5%以下のメチル化レベルの変化も検出
- 低サンプル量 (5pg以下) でも測定可能

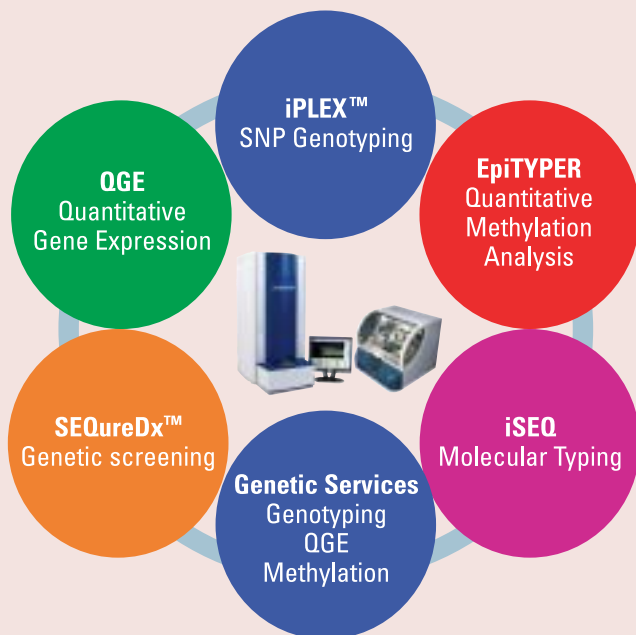
費用対効果

- 384穴マイクロプレートを用いた少量PCR
- 単一の簡単な反応系で1つのPCR産物から複数のCpG部位を解析

簡便なワークフロー

- CpG特異的プライマー設計は不必要
- PCR産物の精製は不必要
- 数100ターゲット領域の検討に理想的
- サンプル間での比較に簡便なソフトウェアソリューション

genomic and genetic analysis solutions
for the research and molecular
diagnostic markets



シーケノム社は、生物医学研究分野、農業分野、分子医学分野、臨床研究分野に幅広く研究応用可能なゲノム解析ツールを提供しております。MassARRAY®システムは、極めて正確、かつ少量で遺伝子標的物質の定量と相違を測ることが可能な高性能プラットフォームです。

EpiTYPERソフトウェア

データ解析モード

データセット選択

これらのボタンの1つまたは両方をクリックするとタブ画面とEpiGram中に含まれるデータセットを測定します。

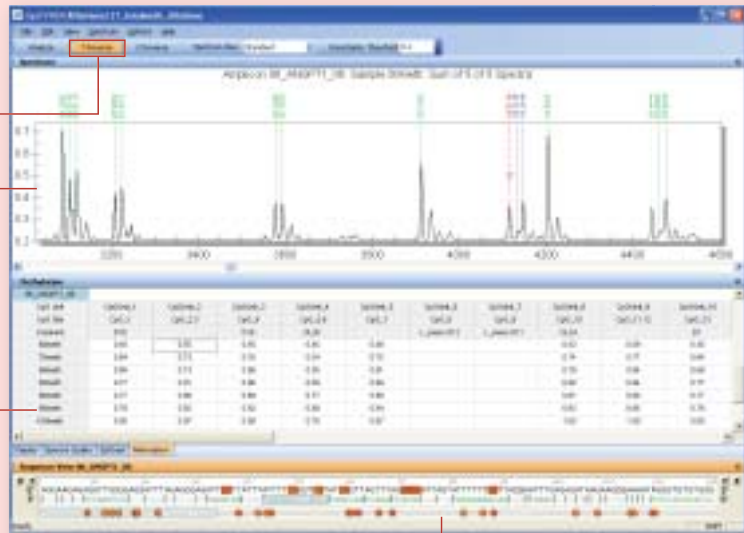
スペクトル画面

解析された全てのPCR産物の質量スペクトルと選択したCpG部位の同定を自動で表示します。

(スペクトル中の赤矢印を参照ください)

タブ画面

このマルチ・ビュー・ウィンドウは個々のユーザーに一番合う最も有用なフォーマットでのPCR産物データのカスタマイズした視覚的表現を可能にします。



シーケンス・ビュー画面

この表示は選択したPCR産物の全体の相補的な塩基配列を示します。

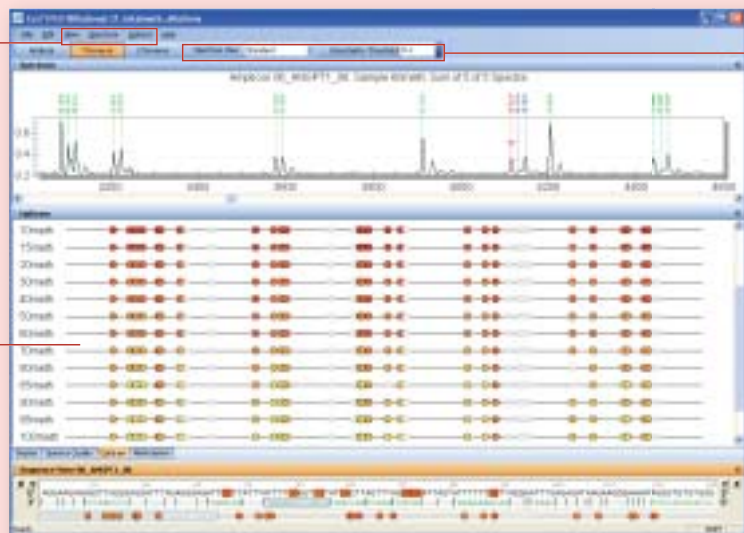
PCR産物表示モード

高度なプログラムカスタマイズ

このメニューはプログラムパラメータ、表示画面CpG部位のメチル化配色などを調整することができます。

EpiGramタブ画面

選択したPCR産物にあるCpG部位のグラフ表示を行うところです。それぞれのCpG部位のメチル化の度合いを色彩表示することによってサンプルやCpG部位間の比較を迅速に確実に行えます。



データのフィルタリング

2つの異なるQCパラメータのデータフィルタリングが可能です。

EpiTYPER定量的DNAメチル化解析

解析方法

MassCLEAVEを用いた塩基特異的開裂

プロトコルの最初のポイントは、ゲノムDNAのバイサルファイト処理です。この処理は、ゲノムDNA内のメチル化されていないシトシン (C) をウラシル (U) に変換します。T7プロモータータグを有するプライマーを用いたPCRは、バイサルファイト処理により引き起こされたシーケンス変化を保持しながらテンプレートを増幅するのに向いています。

SAP処理後のin vitro転写が行われ、生成された転写物は酵素による塩基特異的開裂を受けます。得られたフラグメントは、バイサルファイト処理によって引き起こされたシーケンス変化によって、分子量サイズと質量が異なります。フラグメントの質量はMALDI-TOF質量分析計により決定され、EpiTYPERソフトウェアはそれぞれの解析されたフラグメントの定量情報を含むレポートを自動的に作成します。

機器

スループットによって、複数のシステムオプションが選択可能です。シーケノム社は、中規模から大規模の定量的メチル化解析にきめ細かく対応するために、MassARRAY®システムとSpectroCHIP®アレイを開発しました。

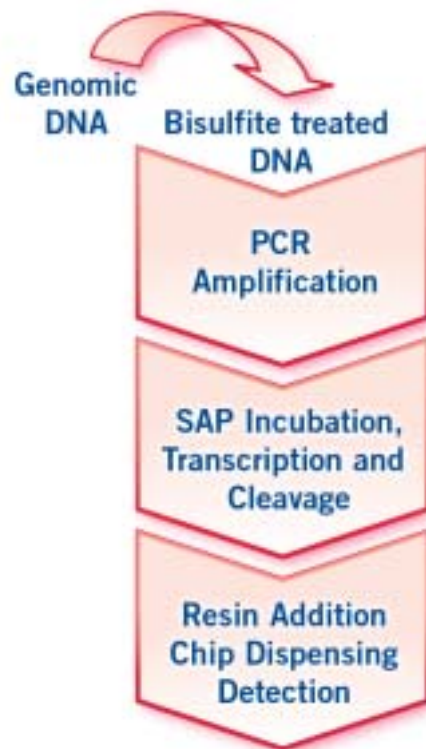
ソフトウェア

EpiTYPERソフトウェアは、CpGメチル化の定量解析に先進的で便利なソリューションを提供します。

数値的、図式的な解説ツールは有効で、データは提供されたシーケンスに自動的に適合されます。基本的な統計に基づく解析及び信頼できる評価は、内蔵された品質管理により可能です。

優れた性能

MassARRAY EpiTYPERは定量的DNAメチル化解析におけるパラダイム変化です。効率的かつ定量的コストの能力は1PCR単位の複数CpGのメチル化状況とデータの品質とレポート機能と相まって本製品を中規模から大規模なメチル化研究における不可欠なツールとして評価できます。



MassARRAY® システム

MassARRAY® コンパクトシステム

MassARRAYテクノロジーは、世界中の主要なゲノミクス研究施設から信頼を得ています。新しいベンチトップ型 MassARRAY®コンパクトシステムは、この世界標準となっているDNA解析技術を、多くの研究施設で利用できるようにしました。以下の用途でご利用いただけます。

- iPLEX™ SNPジェノタイピング
- 遺伝子発現定量解析
- メチル化定量解析
- 新規SNPの探索
- コピー数 (CNV) 解析

MassARRAY® の利点

MassARRAYシステムは、生化学研究の各段階におけるさまざまな要求に幅広く対応可能です。SNP検出とジェノタイピングは、遺伝子ターゲットの同定や有意性の決定に役立ちます。

遺伝子発現定量解析とメチル化定量解析は、機能解析およびターゲットの特性のキャラクタイゼーションに利用できます。



汎用性の高いアプリケーションによる、柔軟性に富んだスケールアップが可能。

, Marc Zabeau,
Triantafillos Liloglou, George Xinarianos, Charles R. Cantor, John K. Field,
Dirk van den Boom

*Quantitative high-throughput analysis of DNA methylation patterns by base-specific
cleavage and mass spectrometry*
PNAS, 2005 102: 15785-15790