



## 快速验证基因组范围甲基化结果

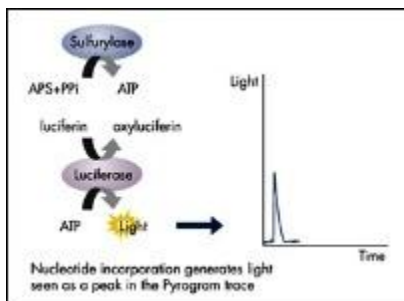


### Pyrosequencing (焦磷酸测序) — 二代测序甲基化数据的可靠验证

随着二代测序技术的出现，我们得以探索基因组范围的 DNA 甲基化模式。Illumina、Affymetrix、Life Technologies 等公司的二代测序平台生成了海量数据信息，并得以覆盖整个基因组范围。而下游功能学的研究需要了解基因特异的甲基化模式及甲基化水平，并将其与基因表达和功能变化相关联。Pyrosequencing 技术因其高通量和可靠的定量能力成为二代测序很好的互补工具，利用该技术可以快速验证由二代测序获得的甲基化数据，特别是对连续多个 CpG 位点上单一 CpG 位点的准确定量。

[▶ 了解更多](#)

### 关于 Pyrosequencing 技术



### CpG 甲基化定量的金标准

Pyrosequencing 可以针对连续多个 CpG 位点生成每个位点的准确且具有高度可重复性的甲基化频率数据。内置的亚硫酸氢盐转化对照可在无人工添加外置对照的情况下监测转化的情况，避免因不完全转化带来的假阳性甲基化结果，确保实验结果的可靠性。

[▶ 了解更多](#)

### Pyrosequencing 与二代测序相结合的应用实例

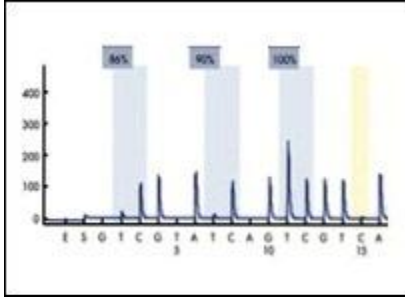


## Pyrosequencing 结合 450k methylation array

使用 Illumine 450k methylation array 对全基因组范围内的甲基化异常进行检测，用 Pyrosequencing 对单个甲基化区域进行定量和验证。交互验证的结果表明两种方法间有很好的一致性。

Roessler, J. et al. (2012) Quantitative cross-validation and content analysis of the 450k DNA methylation array from Illumina, Inc. BMC Research Notes 5, 210.

[了解更多](#)



## Pyrosequencing 结合 Human-Methylation27 BeadChip microarray

总体的甲基化水平由 luminometric methylation assay (LUMA)检测，用 Pyrosequencing 检测一系列的 138 个肿瘤的 LINE-1Hs 和 AluYb8 重复序列。同时用 Illumina HumanMethylation27 microarray 对超过 27,000 个 CpG 位点进行定量，结果用 Pyrosequencing 进行验证。

Poage, G.M. et al. (2011) Global Hypomethylation Identifies Loci Targeted for Hypermethylation in Head and Neck Cancer. Clin Cancer Res 17, 3579.

[了解更多](#)

为分析 DNA 甲基化与二型糖尿病之间的关联，研究人员使用 Illumina Infiniums HumanMethylation27 BeadChip 进行了表达谱分析，之后使用 Pyrosequencing 技术进行验证，还使用 Pyrosequencing 进行了基因特异性甲基化分析。

Volkmar, M. et al. (2012) DNA methylation profiling identifies epigenetic dysregulation in pancreatic islets from type 2 diabetic patients. EMBO J 31, 1405.

[了解更多](#)

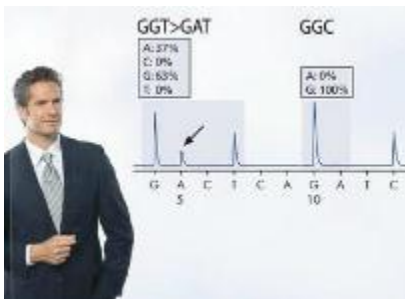


## Pyrosequencing 结合 MSAM

利用甲基化特异的扩增和芯片杂交 (MSAM) 来评估炎性肠疾病的 DNA 甲基化程度。一组芯片获得的结果由甲基化 Pyrosequencing 进行验证，同时对相关基因表达的变化进行验证。

Kellermayer, R. et al. (2010) Epigenetic maturation in colonic mucosa continues beyond infancy in mice. Human Molecular Genetics 19, 2168.

[了解更多](#)



## Pyrosequencing 结合 MSNP 和 Infinium BeadChip

在唐氏综合症研究中用甲基化 Pyrosequencing 验证 Affymetrix microarray 的数据和 Illumina Infinium 的数据。

Kerkel, K. et al. (2010) Altered DNA Methylation in Leukocytes with Trisomy 21. PLoS Genetics 6, e1001212.

[了解更多](#)

看看您的同行们如何结合 Pyrosequencing 和二代测序技术



## 相关文献

Rall, K. et al. (2011) A combination of transcriptome and methylation analyses reveals embryologically-relevant candidate genes in MRKH patients. *Journal of Rare Diseases* **6**, 32.

Maegawa, S. et al. (2010) Widespread and tissue specific age-related DNA methylation changes in mice. *Genome Research* **20**, 332.

Kuang S.Q. et al. (2010) Aberrant DNA methylation and epigenetic inactivation of Eph receptor tyrosine kinases and ephrin ligands in acute lymphoblastic leukemia. *Blood* **115**, 2412.

Schaible, T.D. et al. (2011) Maternal methyl-donor supplementation induces prolonged murine offspring colitis susceptibility in association with mucosal epigenetic and microbiomic changes. *Human Molecular Genetics* **20**, 1687.

Bediaga, N.G. et al. (2010) DNA methylation epigenotypes in breast cancer molecular subtypes. *Breast Cancer Research* **12**, R77.

[▶ 了解更多](#)

更多相关文献请联系 QIAGEN 销售代表。

Call us during our office hours (Monday to Friday):

**021-3865-3865**



[Join](#) us on Facebook



[Follow](#) us on LinkedIn



[Follow](#) us on Twitter



[Follow](#) us on SlideShare

Sample & Assay Technologies

最新的许可证信息和产品免责声明，请参见各 QIAGEN 试剂盒操作手册。QIAGEN 试剂盒操作手册和用户手册可在 [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com) 下载，或向 QIAGEN 技术支持或当地分销商索取。

© 2012 QIAGEN. All rights reserved. | [Trademarks & disclaimers](#) | [隐私保密条款](#)

凯杰企业管理（上海）有限公司 | 上海浦东新区张江达尔文路 88 号 20 楼 | 电话: +86 21 3865 3865 技术支持热线: 800-988-0325 400-880-0325 | [TechService-CN@qiagen.com](mailto:TechService-CN@qiagen.com)