

## Infinium Methylation EPIC Array v2.0 受託サービスガイドライン

Infinium Methylation EPIC Array は、バイサルファイト処理と Illumina テクノロジーに基づくゲノムワイド DNA メチル化解析技術です。ゲノム全体にわたる 930,000 以上のヒト CpG 部位のメチル化状態を、一塩基の分解能で定量的に検出することができます。

各アレイは 8 サンプルで実行するため、サンプル数は 8 の倍数でご用意ください。

サンプルは高品質のゲノム DNA が得られる方法で精製し、日本ジェネティクス株式会社へ送付してください。詳細な手順については、「Infinium Methylation EPIC Array v2.0 受託サービスサンプル提出ガイドライン」をご参照ください。

### EPIC Array ワークフロー

#### 1. エンドツーエンド Methylation EPIC Array

- バィサルファイト処理
- 全ゲノム増幅
- アレイハイブリダイゼーション
- 一塩基伸長
- アレイスキャナによる読み取り

##### 納品データ

- サンプルアノテーション
- 変数アノテーション
- スキャナ出力生データ (IDAT ファイル)

#### 2. ご要望に応じた追加のバイオインフォマティクス解析

- **Differential methylation analysis:** サンプルグループ間で CpG 部位のメチル化変動解析

##### 納品データ

- メチル化変動解析の Summary とプロットを含むレポート
- CpG 部位のメチル化変動とその領域分析 (CpG アイランド、shelf、shore、open sea) における内訳を含むファイル
- Differential Methylated Region (メチル化変動領域) を含むファイル

- **Gene ontology terms analysis:** 遺伝子セットのエンリッチメント解析。メチル化 CpG で過剰に発現している遺伝子オントロジー (GO) terms は、その根底にある生物学的プロセスを示している可能性があります。
- **Pathway analysis:** 過剰発現している可能性のあるメチル化 CpG に関連する遺伝子の生化学的経路を同定します。

### 3. その他の注意事項

サンプル調製・送付については必ず Diagenode 社のガイドラインに従ってください。ご提供いただいたサンプルの QC が基準に満たない場合、再度新しいサンプルをご提供いただき追加の QC を行います。ただし、再提供および品質確認にかかる追加料金はお客様負担となります。サンプル提供が遅れますと、納期に影響する可能性があります。

解析結果データは、Diagenode WEB サイトよりダウンロード可能です。解析終了後、Diagenode SA (ベルギー) よりログイン及びダウンロード方法についてご連絡いたしますので、1 ヶ月以内にダウンロードをお願いいたします。また、予備期間として 3 ヶ月間はサーバー上に保存されていますが、それ以降は削除されますので、長期間の保存を希望される場合は早めにご連絡ください。

お客様からお預かりしたサンプルは、Diagenode 施設にて解析終了から 4 ヶ月間保管した後、順次廃棄いたします。お客様のご要望に応じて、サンプルのご返却も可能です。ただし、ご返却には追加費用が必要となります。

ご依頼いただいた内容の範囲外となる追加サービスの料金はお客様負担となります。