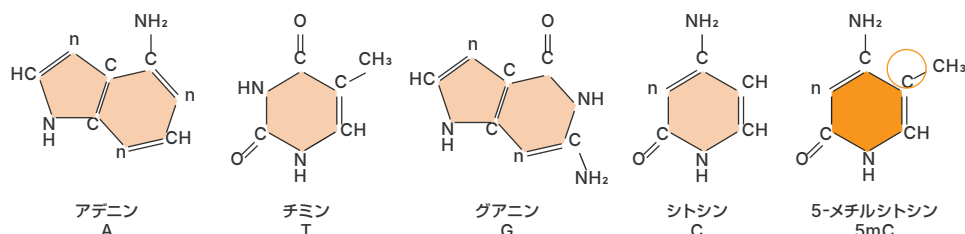


1回のアッセイ、2つの洞察

卓越した精度、簡便性、およびスケールで、遺伝子調節の包括的な理解を実現。イルミナの5塩基ソリューションは、DNAメチル化解析に対する根本的に異なるアプローチです。新しいケミストリーと最適化されたアルゴリズムにより、1回のリードアウトでゲノムとエピゲノムの同時解析が可能となり、効率的なワークフローを実現します。

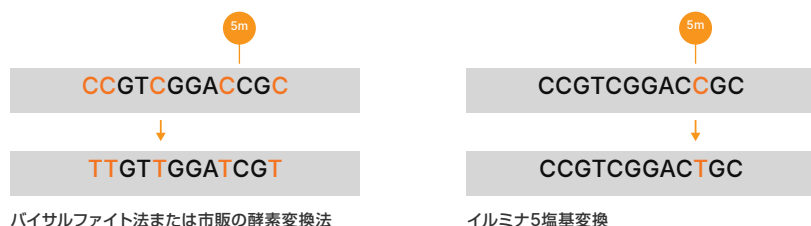
1回のアッセイで遺伝子バリエーションとメチル化のデータを取得

DNAは本質的にマルチオミクスであり、修飾された塩基がエピジェネティックな情報を保持しています。イルミナの5塩基ソリューションは、5-メチルシトシン (5mC) を非修飾のA、T、G、C塩基と同時に検出し、マルチオミクスへの洞察を提供します。



新しいケミストリーが5mCからTへの直接変換を実現

一般的なDNAメチル化検出の方法では、バイサルファイトまたは酵素を用いて非メチル化CをTに変換します。この方法ではヌクレオチドの多様性を低下させ、リードのアライメントをより困難にします。バイサルファイト処理はDNAを損傷させ、データギャップを引き起こす場合もあります。イルミナの5塩基ケミストリーは、シンプルな手順1つで5mCのみをTに直接変換するため、DNAへの損傷がなく、ライブラリーの複雑さを維持します。



他のメチル化検出方法に対するイルミナ5塩基ソリューションの利点

メトリクス	バイサルファイト法	市販の酵素法	イルミナの5塩基法
DNA損傷	高x	中x	低✓
ヌクレオチド多様性	低x	低x	高✓
ワークフローの複雑さ	高x	高x	低✓
メチル化検出の精度	高✓	高✓	高✓
バリエーション検出の精度	低x	低x	高✓

より良い効率性

✓利点 x欠点



マルチオミクスワークフローの効率化

- シンプルな手順1つで5mCをT塩基に変換
- 1日以内で完了できる簡単なライブラリー調製*

*全ゲノムワークフローの場合。



すべてのリードを有効活用

- 高いカバレッジ均一性でメチロームとゲノムに対する洞察を統合
- より高いマッピング効率と最大のシーケンス出力

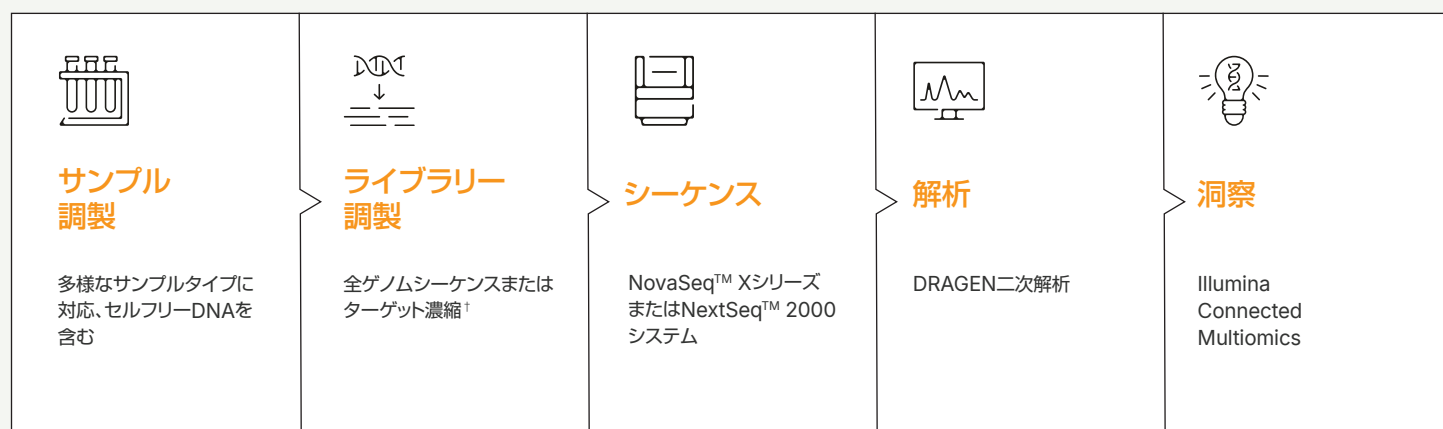


簡素化されたデータ解析

- DRAGEN™解析が提供する、ゲノムとエピゲノムの高精度な2種類のアノテーション
- Illumina Connected Multiomicsによる、使いやすくわかりやすい可視化と解析

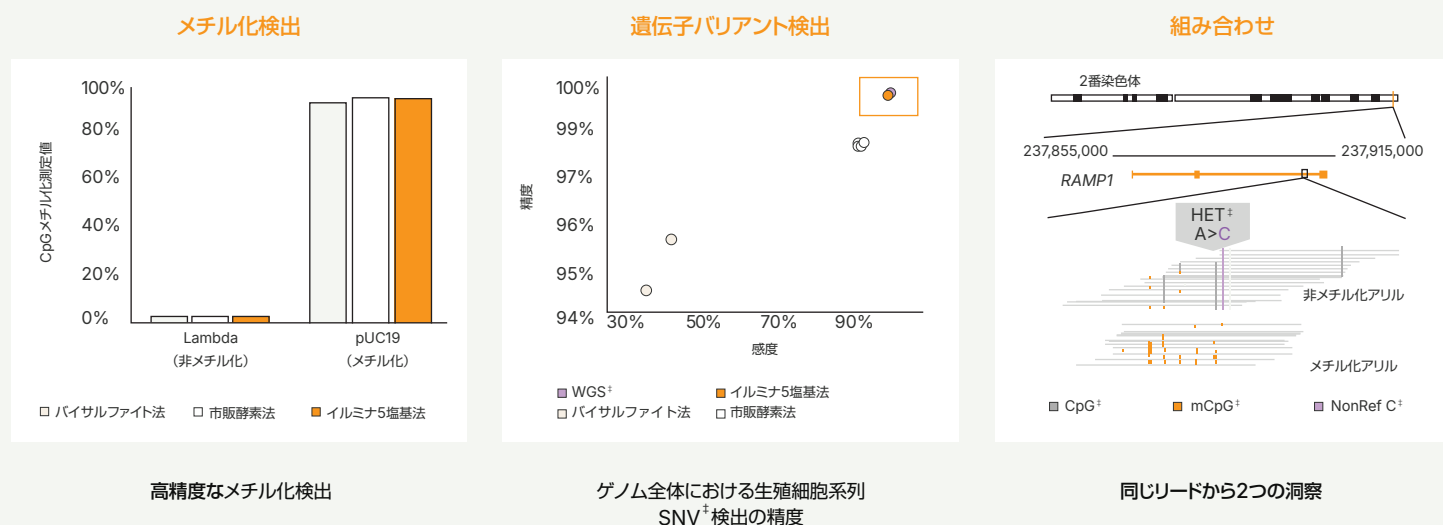


イルミナによるライブラリー調製から解析までの合理化されたワークフロー



[†] キットは2026年上半期販売予定です。

ゲノムおよびメチロームの高精度なデータを同じリードで取得



[†] WGS: 全ゲノムシーケンス、SNV: 塩基変異、HET: ヘテロ接合体、CpG: シトシン-グアニンジヌクレオチド、mCpG: メチル化シトシン-グアニンジヌクレオチド、NonRef C: 非リファレンスシトシン

アクセスしやすいマルチオミクス探索

イルミナの5塩基ソリューションは、マルチオミクスの洞察をさらに得やすく、遺伝子制御メカニズムを解明するのを容易にします。豊富なコンテキストが、がんや遺伝性疾患のバイオマーカーの解明をサポートし、疾患研究や治療法開発の取り組みを加速します。

イルミナ5塩基ソリューションについての詳細は、こちらをご覧ください

illumina.com/5-base

