

MGIEasy 全基因组甲基化文库制备试剂盒

■ 产品亮点

10–100 ng 片段化DNA起始

兼容动、植物、真菌等多种样本类型，包括组织、血浆和FFPE样本

操作简单快捷，仅需9小时

数据可用率高、基因组覆盖度高、甲基化水平检测准确

■ 产品概述

DNA甲基化是一种重要表观遗传机制，在生命活动中起着重要的作用。单碱基精度地解析DNA甲基化状态将助力表观遗传学研究。MGIEasy 全基因组甲基化文库制备试剂盒可以将10–100 ng 片段化DNA制备成MGI高通量测序平台专用的文库。

产品性能参数

建库时长	~9小时
所需样本量	10–100 ng片段化DNA
样本类型	组织、血浆、FFPE样本
物种兼容性	动物、植物、真菌
打断方法	超声打断（血浆游离DNA不打断）
文库片段大小	100–500 bp
测序平台	MGISEQ-2000、DNBSEQ-T7
推荐的读长	PE100、PE150
推荐的数据量	30X Clean data (例如：人90Gb Clean data)

性能数据

不同起始量建库产量稳定

试剂盒支持不同物种和不同起始量样本的建库，建库产量均高于350 ng，满足后续测序需求；在样本之间和批次内建库产量表现稳定（图1）。

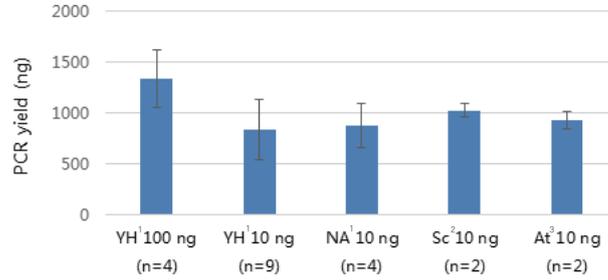


图1 片段化的100 ng和10 ng DNA起始建库，每种样本建库产量
n: 建库数量
1: YH和NA 为人样本； 2: Sc为酵母； 3: At为拟南芥。

数据比对率和数据可用率高

对NA12878样本分别在N平台和MGISEQ-2000平台测序，结果显示MGI_NA数据有更高的比对率（Mapping rate）和更低的数据重复率（Duplication rate）。在相同数据量下（110G），MGI_NA比N_NA多得到3X平均深度，体现了更好的数据可利用性（表1）。此外，MGI_NA采用了更低的建库起始量。

表1 不同平台的建库信息和数据比对率分析

Library ID	N_NA	MGI_NA
NA12878 DNA input (ng)	100	20
Clean data amount (Gb)	110	110
Read length	PE150	PE100
Mapping rate (%)	82.09	91.1
Unique mapping rate (%)	79.26	86.82
Duplication rate (%)	16.82	15.23
Average depth (X)	25.08	28.12
Genome Coverage (%)	98.4	98.01
Fraction covered with at least 10x (%)	91.702	94.322
Fraction covered with at least 20x (%)	61.768	80.649

注: N_NA和MGI_NA分别表示NA12878在N平台和MGISEQ-2000平台的测序样本

数据覆盖度

MGI_NA 与 N_NA 在各染色体覆盖度水平相当，均高达 95% 以上，两份数据 CG 全局甲基化水平分布具有很高的一致性。各 Elements 上 CG 位点的覆盖度高度一致（图 2a, b）。



图2a 不同平台染色体上CG 位点的覆盖度

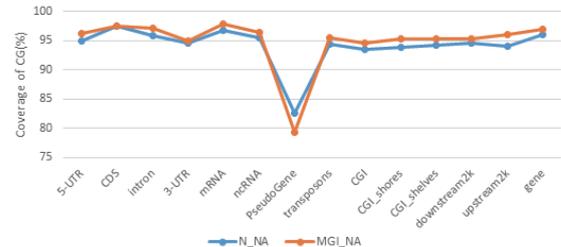


图2b 不同平台Elements 上CG 位点的覆盖度

同管 NA12878 样本,采用 Infinium MethylationEPIC BeadChip 进行分析,芯片检出了 858900 个 CpG 位点(表 2a)。我们分析了 MGI_NA、N_NA、芯片共同检出位点在芯片检出位点中的占比(Concordance CG rate)和各自特异检出位点在芯片检出位点中的比例(Unique CG rate),并统计 MGI_NA 和 N_NA 的检出灵敏度(Sensitivity)(表 2b)。

表2a 第三方平台Infinium MethylationEPIC BeadChip的分析结果覆盖率

CG number covered by chip	Genome CG number	CG site covered rate of 850K chip
858,900	56,434,896	1.50%

表2b 不同平台检出的CG位点覆盖率

Sample	Sequencing depth	Concordance CG rate* (%)	Unique CG rate** (%)	Sensitivity*** (%)
MGI_NA	≥4X	85%	8%	93%
N_NA	≥4X		3%	88%
MGI_NA	≥10X	33%	20%	54%
N_NA	≥10X		17%	51%

*The concordance CG rate of all three platforms in all CG sites detected by microarray

**The percentage of CG sites detected by microarray and only one of the NGS platforms in all CG sites by microarray

***The percentage of CG sites in microarray being covered by MGISEQ or N Platform

甲基化水平准确率高

采用 MGIEasy 全基因组甲基化文库制备试剂盒建库和 MGISEQ-2000 测序的 MGI_NA, 甲基化水平准确率高。分析发现: MGI_NA 和 N_NA CpG 类型的甲基化比例相近(图 3a, b, c)。

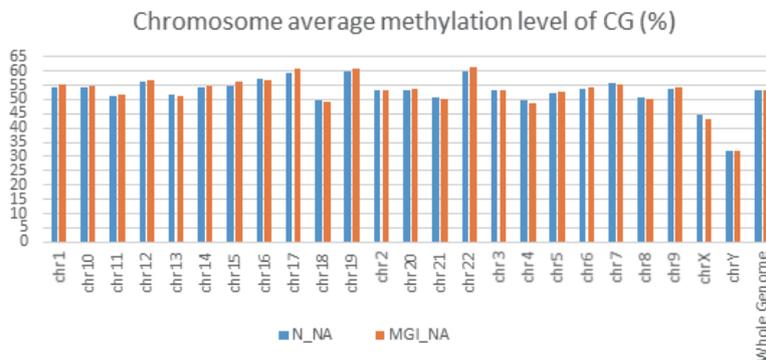


图3a 不同平台染色体CG的平均甲基化率

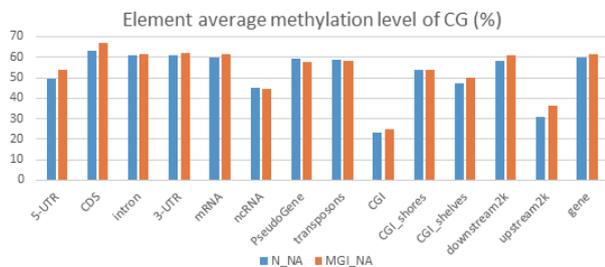


图3b 不同平台基因元件CG的平均甲基化率

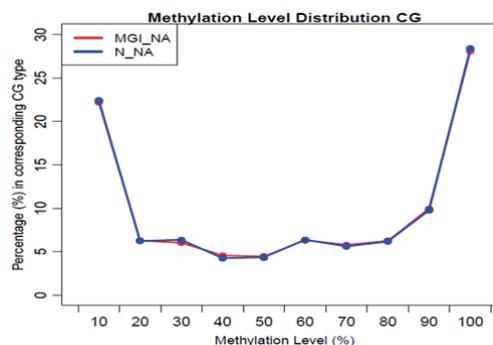


图3c 不同平台CG全局甲基化水平分布

分析了平台间共覆盖位点的甲基化率的相关性。结果表明：在三个深度水平，三个平台两两之间甲基化水平相关性系数均达到了0.9以上；相关性随深度加深而增高，在20X以上平台间共覆盖位点甲基化率一致性很高（图4）；MGI_NA与芯片的一致性约等于N_NA与芯片结果的一致性。

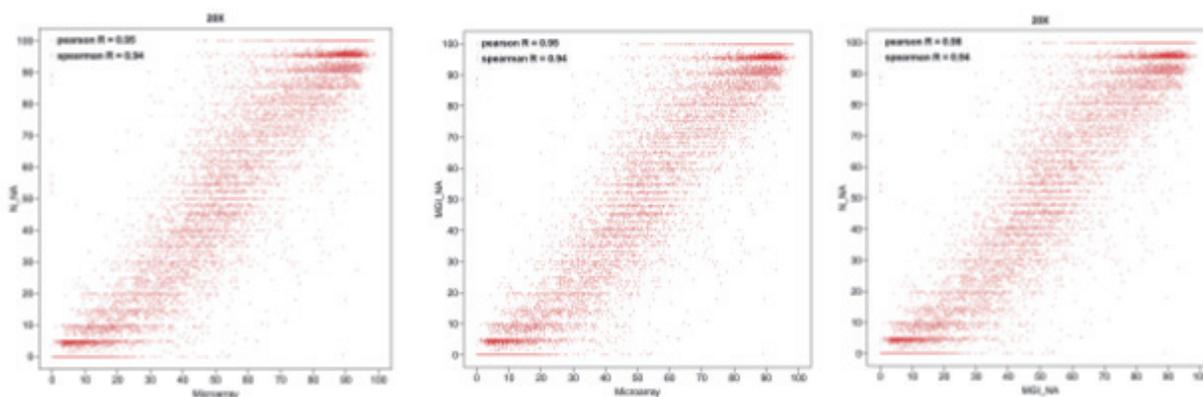


图4 不同平台与第三方平台的甲基化率相关性

■ 总结

MGIEasy全基因组甲基化文库制备试剂盒，只需极低的建库起始量，建库产量稳定，兼容样本广泛，简单易用，数据表现出色。以最高性价比提供高效和高质量的全基因组甲基化文库制备流程。

试剂盒信息

产品	规格	货号
MGIEasy 全基因组甲基化文库制备试剂盒	16 RXN	1000005251

■ 参考文献

- [1] Lister, R. et al. Human DNA methylomes at base resolution show widespread epigenomic differences. *Nature* (2009). doi: 10.1038/nature08514
- [2] Su, Z., Han, L. & Zhao, Z. Conservation and divergence of DNA methylation in eukaryotes. *Epigenetics* (2011). doi: 10.4161/epi.6.2.13875
- [3] He, Y. & Ecker, J. R. Non-CG Methylation in the Human Genome. *Annu. Rev. Genomics Hum. Genet.* (2015). doi: 10.1146/annurev-genom-090413-025437

■ 联系我们

深圳华大智造科技股份有限公司
 地址：深圳市盐田区北山工业区综合楼，518083
 邮箱：MGI-service@mgi-tech.com
 网址：mgi-tech.com
 电话：4000-688-115
 版本：2022年11月版 | MGPD111810100-07



<https://www.linkedin.com/company/mgi-bgi>



https://twitter.com/MGI_BGI



版权声明：

本手册版权属于深圳华大智造科技有限公司所有，未经本公司书面许可，任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制、拷贝、编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大智造科技有限公司及其提供者所有。