

# Methylation Sequencing



## Methylierung zählt: Erforschen Sie das Epigenom

Die DNA-Methylierung ist eine der häufigsten epigenetischen Veränderungen, die die Genexpression, die zelluläre Differenzierung und die genomische Prägung (Imprinting) grundlegend beeinflussen. Ohne die DNA-Sequenz selbst zu verändern, kann die Genaktivität und Genfunktion durch DNA-Methylierung reguliert werden. DNA-Methyltransferasen übertragen eine Methylgruppe an das fünfte Kohlenstoffatom des Cytosinrings und beeinflussen so die Regulation der Genaktivität und Genfunktion. Bei Säugetieren kommen die daraus resultierenden 5-Methylcytosine (5-mC) und 5-Hydroxymethylcytosine (5-hmC) hauptsächlich in Cytosin-Phosphat-Guanin (CpG)-Dinukleotiden vor. In anderen Organismen findet sich die Methylierung aber auch bei Nicht-CpG-Dinukleotiden (CpA-, CpT- und CpC-Dinukleotide).

Bei der normalen Zellentwicklung und Zellalterung sind Veränderungen in der epigenetischen Signatur, insbesondere in der DNA-Methylierung, zu beobachten. Allerdings sind diese Veränderungen auch assoziiert mit der Entstehung von Krankheiten wie Krebs, Stoffwechselstörungen und neurologischen Erkrankungen. Beispielsweise erhöhen so genannte globale Hypomethylierungen und ortsspezifische Hypermethylierungen von CpG-Inseln die genomische Instabilität und fördern das Fortschreiten von Tumoren.

Die Analyse qualitativ hochwertiger Methylierungsdaten kann für folgende Forschungsziele oder Fragestellungen nützlich sein:

- ✗ Entdeckung von Biomarkern
- ✗ Klinische Studien mit epigenetischen Therapien oder andere klinische und wissenschaftliche Anwendungen
- ✗ Erforschung von Zelldifferenzierungsmechanismen, charakteristischen Methylierungsprofilen und spezifischer Gewebeentwicklung

## Unser Produktportfolio für Methylation Sequencing

|                                      | WGM Classic                    | WGM Flex  |
|--------------------------------------|--------------------------------|---|
| <b>Spezies</b>                       | Mensch                         | Verschiedene  |
| <b>DNA-Qualität</b>                  | Hochmolekulare DNA             | Unterschiedliche Qualität (z. B. fragmentierte DNA) |
| <b>Cytosin-Konvertierungsmethode</b> | Enzymatisch                    |   |
| <b>Sequenzierplattform</b>           | Illumina                       |   |
| <b>Output</b>                        | 90 Gb                          | Flexibel  |
| <b>Beinhaltete Leistungen</b>        | Projektbericht & FASTQ-Dateien |   |

Wir bieten Whole-Genome-Methylation-Sequencing (WGM)-Produkte mit einer enzymbasierten Methode (enzymatische Methyl-Seq, EM-seq™) an, um Ihre Forschungsstudien zu realisieren.

Möchten Sie mehr erfahren?  
Für weitere Informationen besuchen Sie unsere Website.  
[www.cegat.de/methylation-sequencing](http://www.cegat.de/methylation-sequencing)





## Über uns

CeGaT wurde 2009 in Tübingen, Deutschland, gegründet. Unsere Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter sind spezialisiert auf Next Generation Sequencing (NGS). Neben der genetischen Diagnostik bieten wir eine Vielzahl von Sequenzierdienstleistungen für Fragestellungen aus der Forschung und der Pharmabranche an. Unser Serviceportfolio umfasst Sequenzierdienstleistungen, die sich auch für Mikrobiom-, Epigenom-, Immunologie- und translationale Onkologie-Projekte eignen.

Unser engagiertes Team arbeitet eng mit Ihnen zusammen, um die beste Strategie für Ihr Projekt zu entwickeln sowie dieses zu betreuen. Wir wählen mit Ihnen die am besten geeignete Vorbereitung der Library, die optimalen Bedingungen für die Sequenzierung sowie das Level der bioinformatischen Leistungen für Ihr Projekt aus.

**Wir freuen uns, Ihnen unseren exzellenten Service anbieten zu können. Kontaktieren Sie uns noch heute, um mit der Planung Ihres nächsten Projekts zu beginnen.**



Akkreditiert nach  
DIN EN ISO/IEC 17025:2018



CLIA CERTIFIED ID: 99D2130225

CeGaT GmbH  
Research & Pharma Solutions  
Paul-Ehrlich-Str. 23  
72076 Tübingen  
Deutschland

Phone: +49707156544-333  
Fax: +49 707156544-56  
Email: rps@cegat.com  
Web: www.cegat.de/rps