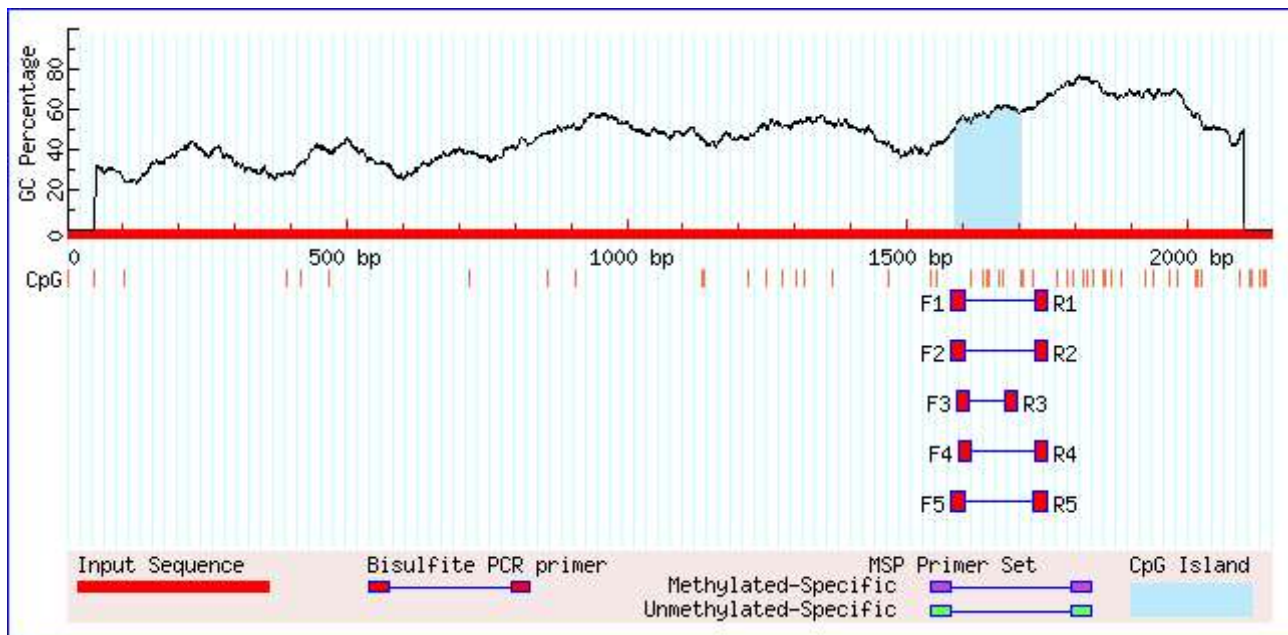


MethPrimer result

Please cite MethPrimer: Li LC and Dahiya R. [MethPrimer: designing primers for methylation PCRs](#). *Bioinformatics*. 2002 Nov;18(11):1427-31. PMID: [12424112](#)



Sequence Name: NG_012202.1:100-33588 Homo sapiens TNF receptor superfamily member 11b (TNFRSF11B)
 Sequence Length: 2150

CpG island prediction results

(Criteria used: Island size > 100, GC Percent > 50.0, Obs/Exp > 0.6)

1 CpG island(s) were found in your sequence

Island	Size	(Start - End)
Island 1	119 bp	(1587 - 1705)

Primer picking results for bisulfite sequencing (or restriction) PCR

Primer	Start	Size	Tm	GC%	'C's	Sequence
1 Left primer	1579	26	58.30	46.15	4	TATAAAGAGGGGTTTTGTAATTTGAG
Right primer	1751	25	58.16	56.00	5	TTATATCTCCTCCACCCTAAAAATC
Product size: 173, Tm: 62.8, CpGs in product: 9						
2 Left primer	1577	26	58.92	46.15	4	TGTATAAAGAGGGGTTTTGTAATTTG
Right primer	1751	25	58.16	56.00	5	TTATATCTCCTCCACCCTAAAAATC
Product size: 175, Tm: 63.0, CpGs in product: 9						
3 Left primer	1588	25	58.97	48.00	4	GGGTTTTGTAATTTGAGGTTTTAGA
Right primer	1696	25	57.30	56.00	5	ATATATCCCAACCTTTATCCTCTC
Product size: 109, Tm: 60.8, CpGs in product: 6						
4 Left primer	1591	25	54.97	44.00	6	TTTTGTAATTTGAGGTTTTAGAATT
Right primer	1751	25	58.16	56.00	5	TTATATCTCCTCCACCCTAAAAATC
Product size: 161, Tm: 62.5, CpGs in product: 9						
5 Left primer	1577	26	58.92	46.15	4	TGTATAAAGAGGGGTTTTGTAATTTG
Right primer	1752	26	58.97	57.69	5	CTTATATCTCCTCCACCCTAAAAATC
Product size: 176, Tm: 63.2, CpGs in product: 9						

```

1 CCCATGAGAACCTCAGATGATAATGACACTTAATGAGCACTATGTGCCGACACTATTTT
  ::|||::|:|:|||||:|:|:|||||:|:|:|||||:|:|:|||||:++|:|:|||||
1 TTTATGAGAATTTTAGATGATAATGATATTTAATGAGTATTATGTGTCGGATATTATTTT
    
```

```
61 TAGTGTTCACACTCTTTTATCTAATTCAATCTTTATAATAACCGTTATGATACTTTGAGG
|||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||
61 TAGTGTTCACACTCTTTTATCTAATTCAATCTTTATAATAACCGTTATGATACTTTGAGG

121 TAGATGTGATTATTATCTCATTATAGGAATAACAAAAATGGAACAAAAATAGGTTAG
|||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||:||||||
121 TAGATGTGATTATTATCTCATTATAGGAATAAATAAAAAATGGAATAAAAAATAGGTTAG

181 GCAACTAGTCTGAGGTCACAGAGCTAGGAAAAATTGGAGTTGGGGCTCAAATCTAGGTTA
|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
181 GTAATTAGTTGAGGTTATAGAGTTAGGAAAAATTGGAGTTGGGGTTAAATTTAGGTTA

241 CAAAGGCCAGTATCTTAGGTATCCCTAGATAATCATAACTATAGGAAATATTCCTA
:||||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
241 TAAAGGTTAGTATTTTAGGTATTTTTTGAATAATTATAATTATAGGAAATATTTTAA

301 TGGGCCAGGCATTGTGCTGAGTTATTTTACATGCATTACTTTATTTAATGCTCATAATTA
||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
301 TGGGTTAGGTATTGTGTTGAGTTATTTTATATGTATTATTTATTTAATGTTTATAATTA

361 GTGATTACCATCATTTATATAAATGTTTTTAAACGCTCCCATTTGCTTTCTCTTACGTT
||||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
361 GTGATTATTATTATTTATATAAATGTTTTTAAACGTTTTTATTTGTTTTTTTTTACGTT

421 TCTGCAATATCAGTGTGTTTTATCTTATAGATGAGGCTCAGGGAGACGTAACCTTCC
|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
421 TTTGTAATATTAGTGTGTTTTATTTTATAGATGAGGTTTAGGGAGACGTAATTTTTTT

481 CAGGGTAACTGAAGGACTCAGTTATTGATTAGTTTTCTCCAAGGTCTGACACCCACA
:||||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
481 TAGGGTAAATATTGAAGGATTAGTTATTGATTAGTTTTTTTTAAGGTTTGATATTTATA

541 TATTGGCATCATTTTATGTTCTGAGAAAAACACCTTCAAATAATATCCTAGACAAACATT
|||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
541 TATTGGTATTATTTTATGTTTTGAGAAAAATATTTTTAAATAATATTTTAGATAAATATT

601 ACTCTAACAAAACAATAAATACTGCTATTTATATTGTGTTTCACTACTAACACTTGGATT
|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
601 ATTTAATAAAAATAAATAAATATTGTTATTTATATTGTGTTTATTATTAATATTTGGATT

661 GACTTGAGTCCCATGGCAAGTCTAAGTGTGGATATCTCAGGTTGCAGATGTCAAACACTAC
||:||||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|+
661 GATTTGAGTTTTATGGTAAGTCTAAGTGTGGATATTTTAGGTTGTAGATGTTAAAATTAC

721 GATTCAAATACAAGGAGTGATTTGGAGTCATACAATTTGTCCACACTCACTGAGCTAC
+|||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
721 GATTTAAAATATAAGGAGTGATTTGGAGTTATATAATTTGTTTTATTTATTGAGTTAT

781 ATTTATTTACTAGTTCACCTAAGAAACCAGCATGCTGTTACATTCTGGCCCTTGGGGAC
||||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
781 ATTTATTTATTAGTTTATTTAAGAAATAGTATGTTGTTATATTTTGGTTTTTGGGGAT

841 AAAGCTGAATGACACCCCGTCTCTGTAATTTGCAGGATGGAACAGTCTGTGGATCCACT
|||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
841 AAAGTTGAATGATATTTGTTTTGTAATTTGTAGGATGGAATAGTTTGTGGATTTATT
```