甲基化数据库有两种：实验证据数据库和大型数据库。

**MethDB保**存在从多生物体CpG甲基化分析获得的DNA测定信息中甲基化胞嘧啶的发生的信息。MethPrimerDB储存了关于CpG甲基化分析的四种PCR方法的合成引物和实验信息。 MethCancerDB提供关于各种癌症中DNA甲基化的现有信息的文档，包括研究大小，癌症类型和使用的方法。 **PubMeth**和MeInfoText基于Medline / PubMed摘要的文本挖掘，以提取癌症中甲基化的信息。

与这些数据库相反，有两个大型甲基化数据库MethyCancer（20）和NGSmethDB（21）。 MethyCancer承载大规模甲基化参考数据，癌症相关基因和癌症信息从公共数据源。 NGSmethDB宿主基于几个基于序列的参考甲基化数据集，可用于获得基因特异性和差异甲基化信息。

第一个是HHMD，其重点是组蛋白修饰。 第二个是**methDB**，它存储有关从实验过程中的得到的有关DNA甲基化数据的信息。 第三个是**PubMeth**，专注于发表有关DNA甲基化的文章，最后是**MethyCancer**，其中包括人类DNA甲基化和癌症信息。

**methylomedb**只集中于一个特定的组织。

PCMdb不致力于存储单碱基分辨率的全基因组甲基化数据。

CY clonet正在建设截至28六月2014。它主要集中在细胞周期和不包括甲洛美数据F配子和早期胚胎。

**methbase**不注重配子和早期胚胎发育研究甲基化组。NCBI的表观基因组资源是专为研究目的，马主要提供预先计算的结果在个人cytosimes甲基化。

**MethDB**是数据库存储手动铜额定DNA甲基化与环境发生作用的实验数据。只存储DNA甲基化数据，使这些数据容易有效的公共。不致力于存储单碱基分辨率的全基因组甲基化数据。

**pubmeth**是注释和评论基于已发表文献的文本挖掘的癌基因甲基化数据库。基于MEDLINE /文本挖掘PubMed摘要和结合人工阅读和预选摘要注释。专注与人类癌症和疾病的研究。

**methycancer**含有DNA甲基化，肿瘤相关基因和肿瘤信息从公共数据源的大型实验的数据集来自中国癌症基因组项目生产。提供大型methylati数据，与癌症相关的基因，突变，启动子区CpG岛和从多个公共资源信息和癌症的甲基化状态，专注与人类癌症和疾病的研究。

ngsmethdb对人类、黑猩猩提供DNA甲基数据，小鼠和arabidop—IS拟南芥从公开的数据集使用NGS测序技术。提供DiseaseMeth位点特异性和高吞吐量的数据集，对许多人类疾病。是第一个提供不同的肿瘤组织DNA甲基化和基因表达信息的数据库。提供基于甲基化数据序列六种样品中的CpG岛启动子通过NGS地区，不包含在配子和早期甲基化数据或其他相关的组学数据胚胎

**DiseaseMeth**是人类甲基化数据库，提供了72人的DIS两位点的特异性和高吞吐量的数据集例。方法通过收集超过6000样本的基因表达综合开发（GEO）和TCGA，并提供了回归分析和相关分析。