

ACTIVE MOTIF ATAC-Seq Express Kitを用いた ATAC-seq解析

2026年9月
サービス
開始!



価格(税別)

180,000円/サンプル

ご提供サンプル	凍結細胞 ・予備含め3チューブで準備ください。 ・生細胞のみの受付となります。細胞の固定は行わないでください。 ・初代培養細胞の場合は、30~40 μm ストレイナーによるフィルター処理をしてください。 ・凍結はセルバンカーやFBS+DMSO溶液などを使用し、-80℃以下で保管してください。 <サンプル条件> ・細胞数: 4×10^5 細胞以上/チューブ ・生存率: 凍結融解後 80%以上 (凍結前に生存率90%以上推奨)	新鮮凍結組織 ・予備含め3チューブで準備ください。 ・採取後ただちに液体窒素等で凍結させてください。 <サンプル条件> ・組織量: 20~30 mg/チューブ
作業内容	凍結細胞の生存率を確認 生存率80%以上 生存率80%未満 実施しない(要相談) 核単離 顕微鏡観察による単離核の確認 異常なし 異常あり 実施しない(要相談) ライブラリー作製 シーケンシング解析 (DNBSEQ-T7) データ解析 bwaを用いて参照配列にマッピングいたします。その後、macs3によるピークコール、featureCountによるリードのカウントを行い、closestBedによりピーク近傍の遺伝子とその距離を同定します。2群以上で反復ありの場合、DESeq2を用いて各群間で変動するピークを同定します。その後、有意に変動したピークに対して、homerによるモチーフ解析を行います。バックグラウンドには、検出したピークの内、有意な変動が認められなかったピークを使用します。 ※比較数が2以上の場合は、1比較を追加ごとに10,000円(税別)がかかります。	
対象生物	動物	
納期	25営業日 ※データ解析不要(生データ納品)の場合は20営業日 ※12サンプルまでの納期。それを超える場合は5営業日/12サンプル追加	
データ量	3,000万ペアリード (9 Gb)	
納品物	・報告書 ・シーケンス生データ(fastq形式) ・DDBJのデータベース登録に必要なデータ ・参照配列(fasta形式)と遺伝子アノテーション(gtf形式) ・マッピング結果(bam形式、bw形式) ・ピークコール結果 ・ピーク近傍遺伝子のアノテーション結果 ・カウントと比較結果 ・Motif解析結果 ※比較解析とMotif解析は、2群以上で複数反復サンプルのみ実施 記録媒体(USB等)での納品となります。 ※データ量が多い場合はHDD納品となり、HDD代として別途20,000円(税別)がかかります。お手持ちのHDDを送付いただき、そちらに保存して納品することも可能です。 <HDD納品となる目安> 16サンプル	
ご依頼の流れ	まずは、お見積りをご依頼ください。弊社HPにお見積り依頼フォームをご用意しています。	