

# エピゲノム解析 キャンペーン

2026年8月31日(月) ご発注分迄



## ヒト DNA メチル化アレイ

**EPIC (Infinium Methylation EPIC V2.0)**  
データ取得+データ解析 (原則 8検体単位受入)  
**¥90,000+税 / 検体**

**MSA (Infinium Methylation Screening Array)**  
データ取得+データ解析 (原則 48検体単位受入)  
**¥65,000+税 / 検体**

----- データ解析実施内容 -----

・β値の算出 ・Densityプロット ・階層的クラスタリング ・主成分分析 ・DMP / DMR の検出

## NGS

RNA-seq データとの  
統合解析 もできます。

**RRBS (Reduced Representation of Bisulfite Sequencing)**  
データ取得+データ解析 9Gb: ¥90,000+税 / 検体

**WGBS (Whole Genome Bisulfite Sequencing)**  
データ取得+データ解析 30Gb: ¥90,000+税 / 検体  
90Gb: ¥160,000+税 / 検体

----- データ解析実施内容 -----

・データ QC ・トリミング ・マッピング ・メチル化率の算出 ・アノテーション  
・相関分析 ・主成分分析 ・階層的クラスタリング ・DMC / DMR の検出

### 📍 データ取得仕様・サンプル要件 📍

アプリケーション		利用機器	サンプル要件
DNA メチル化 アレイ	EPIC	Illumina iScan	DNA 総量1μg以上、濃度30ng/μL以上、液量30μL以上
	MSA		
NGS	RRBS	Illumina NovaSeq X Plus (PE150)	DNA 総量1μg以上、濃度30ng/μL以上、液量30μL以上
	WGBS		DNA 総量300ng以上、濃度10ng/μL以上、液量20μL以上

※ DNA 抽出からのご依頼も承っております。  
 ※ FFPE 由来 DNA や要件を下回る場合は、事前にご相談ください。  
 ※ RRBSはマウス・ラット等の哺乳類が対象となります。植物等につきましては WGBS でのご案内となります。  
 ※ EPIC/MSA(ヒト)、RRBS(マウス)の DNA メチル化率に基づき、  
 エピジェネティッククロック解析もご案内可能です。  
 ※ データ取得のみをご希望の場合は、お気軽にご相談ください。

裏面 もご覧ください

# ATAC-seq (Assay for Transposase-Accessible Chromatin Sequencing) データ取得+データ解析

細胞受入 9Gb: **¥150,000+税** / 検体

※組織サンプルの受入も可能ですので、お気軽にご相談ください。

## データ解析実施内容

- ・データ QC ・トリミング ・マッピング ・ピークコール
- ・リードカウント及び正規化後シグナル値の算出 ・ピーク領域への近傍遺伝子のアノテーション
- ・階層的クラスタリング ・PCA ・相関評価 ・ヒートマップ
- ・アグリゲーションプロット、シグナルヒートマップ ・変動ピーク領域の検出 ・結合モチーフ解析

# ChIP-seq (Chromatin Immuno-Precipitation Sequencing) データ取得+データ解析

ChIPed-DNA 受入 6Gb: **¥60,000+税** / 検体

## データ解析実施内容

- ・データ QC ・トリミング ・マッピング ・ピークコール
- ・リードカウント及び正規化後シグナル値の算出 ・ピーク領域への近傍遺伝子のアノテーション
- ・階層的クラスタリング ・PCA ・相関評価 ・ヒートマップ
- ・アグリゲーションプロット、シグナルヒートマップ ・変動ピーク領域の検出 ・結合モチーフ解析

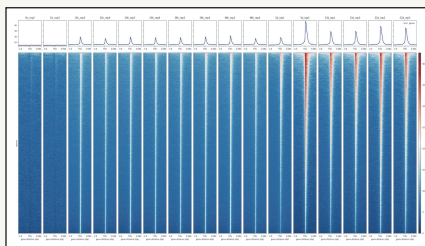
### データ取得仕様・サンプル要件

アプリケーション	利用機器 / リード長	サンプル要件	
ATAC-seq	Illumina NovaSeq X Plus / PE150	細胞	細胞数: $5.0 \times 10^4 \sim 2.0 \times 10^5$ cells / チューブ
ChIP-seq	Illumina NovaSeq X Plus / PE150	ChIPed DNA	DNA 総量 40ng 以上、濃度 2ng/μL 以上、液量 20μL 以上

※ データ取得のみをご希望の場合は、お気軽にご相談ください。

### 納品図版例

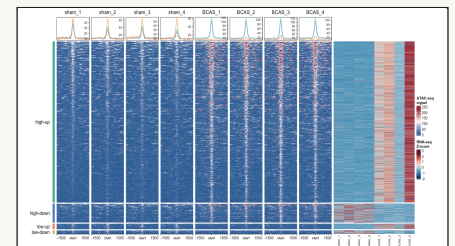
#### <変動ピーク領域の検出>



#### <結合モチーフ解析>

Rank	motif	log P	% of total peaks	% of background	OT50bp ST50	Best Motif Details	Match File
1	CTAATTAGCC	1e-418	4.858e+02 (24.10%)	11.56%	256 Top (204.66nt)	JPHromonolacH411 ELP6 V5-ChIP; SeqDSE1 MED24-Homer0.980; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
2	CTTCCGATGGCA	1e-219	5.285e+01 (6.51%)	1.98%	244 Top (184.16nt)	YFP-FMPC-88464-Clon; SeqDSE1 E2F4-Homer0.994; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
3	ATTAAAGCCG	1e-202	4.132e+02 (28.09%)	19.01%	346 Top (206.46nt)	POU2F2-MAD0793 J1-myc07.727; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
4	ATTTCGAT	1e-155	3.873e+02 (10.70%)	3.20%	291 Top (206.76nt)	SeqDSE1 T431 J1-Homer0.981; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
5	CCGCGATTGT	1e-133	3.284e+02 (28.41%)	30.18%	343 Top (191.86nt)	SeqDSE1 S305-Homer0.943; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
6	TAAACAGC	1e-118	2.792e+02 (21.01%)	14.50%	265 Top (198.86nt)	POU1F1.1-GeneA J2-GeneA0.786; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
7	TAAACAGCCG	1e-112	2.534e+02 (23.30%)	25.32%	262 Top (196.96nt)	POU1F1.1-MED-12-myc07.720; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
8	CCCGATTA	1e-108	2.532e+02 (46.61%)	37.88%	264 Top (206.96nt)	YFP2-MAD0748 J1-myc07.723; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html
9	CCCACTAGTGG	1e-106	2.422e+02 (3.17%)	1.00%	287 Top (179.86nt)	CTCFZ1V2044-CTCF-ChIP; SeqDSE1 J1-Homer0.981; Motif Information 1 Similar Motif Found	motif_5a.html

#### <RNA-seq との統合解析>



販売店

**Rhelixa**

Decoding Life, Creating Future

〒104-0042

東京都中央区入船 3-7-2 KDX 銀座イーストビル 5F

Email : sales-support@rhelixa.com

Tel : 03-6272-3115 (代表)