

DNA-Seq		
ベース解析	・ SNV, indel変異検出	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
	・ CNV変異検出	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
	・ がんのTumor・Normalサンプルにおけるsomatic mutationの検出	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
	・ 遺伝性疾患のTrio解析、family-of-four解析	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
オプション解析	・ サンプルに固有・共通した変異の抽出	2,000円 × 1条件
	・ アミノ酸変化によるタンパク質機能への影響予測のアノテーション (PolyPhen)	1,000円 × 1サンプル
	・ KEGG pathwayのアノテーション	1,000円 × 1サンプル
	・ GO Enrichment Analysis	1,000円 × 1サンプル
	・ 検出された変異 (SNV, small InDel) の統計情報	1,000円 × 1サンプル
	・ 参照配列にマッピングされなかったリード配列のリスト	1,000円 × 1サンプル
	・ 各種データベースのアノテーション	1,000円 × 1サンプル × 1データベース
RNA-Seq		
ベース解析	各遺伝子・転写産物 (真核生物のみ) の発現量解析	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
オプション解析	・ サンプル間・グループ間の発現比計算	2,000円 × 1条件
	・ クラスタリング/ヒートマップ	1,000円 × 1条件
	・ ベン図	1,000円 × 1条件
	・ GO Enrichment Analysis	1,000円 × 1サンプル
	・ 主成分分析	1,000円 × 1条件
	・ 変異検出	2,000円 × 1サンプル
	・ 新規遺伝子予測	1,000円 × 1サンプル
	・ 2サンプル・2グループ間の発現量に基づくスキャッタープロット図の作成	1,000円 × 1条件
	・ 融合遺伝子切断点予測	お問い合わせ
smallRNA-Seq (準備中 お問い合わせください)		
ベース解析	既知miRNAの発現解析	お問い合わせ
オプション解析	・ サンプル間・グループ間の発現比計算	お問い合わせ
	・ クラスタリング/ヒートマップ	お問い合わせ
	・ ベン図	お問い合わせ
	・ 主成分分析	お問い合わせ
	・ 2サンプル・2グループ間の発現量に基づくスキャッタープロット図の作成	お問い合わせ
Chip-Seq解析		
ベース解析	・ DNA結合タンパク質の結合部位解析	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
オプション解析	・ ピークの配列情報の出力	1,000円 × 1サンプル
Bisulfite-Seq		
ベース解析	・ ゲノムDNAのメチル化解析	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
メタゲノム解析 (2024年3月22日以前のバージョンでの実施)		
ベース解析	細菌叢解析	10,000円 × 案件 + 2,000円 × サンプル数
	・ α 多様性解析 (サンプル内での菌種の多様性データ)	1,000円 × 1条件
	・ β 多様性解析 (サンプル間の類似性データ、主成分分析)	1,000円 × 1条件
	・ alignment treeの作成	1,000円 × 1条件
	・ Heatmap	1,000円 × 1条件
	PERMANOVA解析	1,000円 × 1条件
	・ EzBioCloud 16S database での解析 (準備中)	お問い合わせ
その他のベース解析	・ 病原菌のタイピング	お問い合わせ
	・ 薬剤耐性の確認	お問い合わせ

(準備中)	・ MLST解析	お問い合わせ
	・ 生体内中のウイルスのtaxonomic profileと融合点の解析	お問い合わせ
新規ゲノム配列解析		
ベース解析	de novo assembly (シーケンスデータからのゲノム配列の再構築)	10,000円 x 案件 + 2,000円 x サンプル数
オプション解析	・ CDSとBLAST/DIAMOND/Pfam Domainのアノテーション付加	1,000円 x 1サンプル x 1データベース
	・ BLASTを用いた最も相溶性が高かった配列データのアノテーションの付加	1,000円 x 1サンプル
	・ 新規原核生物のゲノム配列から、遺伝子のコード領域 (ORF (Open Reading Frame)) の予測	1,000円 x 1サンプル
その他		
	・ マイクロアレイベースの発現量解析	お問い合わせ
	・ BLAST検索	お問い合わせ
	・ サンガーシーケンスの配列データ解析	お問い合わせ
	・ タンパク質分析	お問い合わせ
	・ 系統樹の作成	お問い合わせ
	・ RNA分子の二次構造予測	お問い合わせ
	・ primerの設計	お問い合わせ
	・ 発現ベクターへのクローニングのシミュレーション (in silico cloning)	お問い合わせ
	・ Gateway vectorへのクローニング	お問い合わせ