

2019 ウィンターキャンペーン

世界有数のシーケンス解析プロバイダー
Novogene 社が提供する

キャンペーン期間：
2019.3.29ご注文分まで

次世代シーケンス受託サービス

対象アプリケーション	シーケンス量	キャンペーン価格
真核生物用RNA-Seq (NovaSeq6000, PE150) ※Non-directional library	3Gb/sample	¥35,500
	6Gb/sample	¥46,000
	9Gb/sample	¥56,500
	12Gb/sample	¥67,000
原核生物用RNA-Seq (NovaSeq6000, PE150) ※rRNA removal&strand-specific library	1Gb~/sample	¥49,000~
ヒト全ゲノムシーケンス (NovaSeq6000, PE150)	90Gb/sample	¥149,800
ヒト全エクソームシーケンス (NovaSeq6000, PE150) ※Agilent SureSelect Human All Exon V6	6Gb/sample	¥60,000
	12Gb/sample	¥75,000
Small RNA-Seq (NovaSeq6000, PE150)	10M reads/sample	¥55,500
ChIP-Seq (NovaSeq6000, PE150)	20M reads/sample	¥42,000

※海外へのサンプル輸送費及びハードディスク/USB費が別途必要です。

※各アプリケーションの詳細は、弊社ウェブサイトをご参照ください。

※一部対象外のアプリケーションがありますこと、予めご了承ください。

- ◆ サンプル数に応じてボリュームディスカウントあり！
- ◆ その他豊富なアプリケーションにも対応！
(微生物ゲノムアンプリコン、メタゲノムなど)
- ◆ オプションでバイオインフォマティクス解析にも対応！

※本ページに記載されている内容等は、予告なく変更される場合がありますこと、
予めご了承ください。



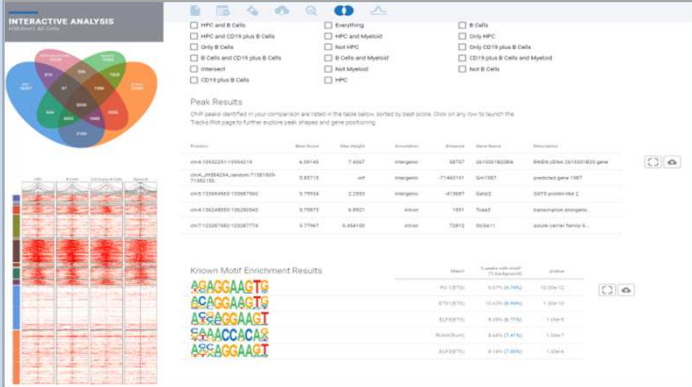
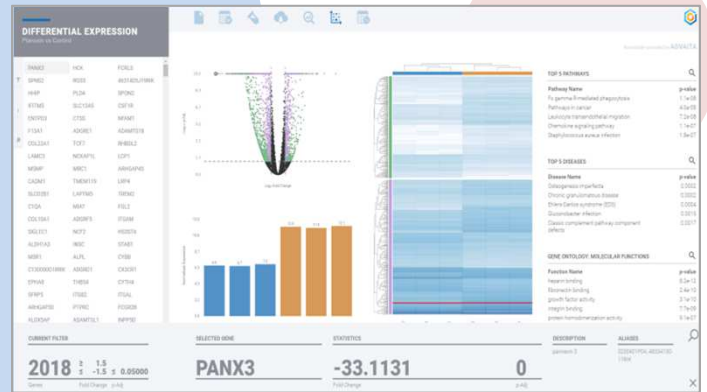
NGSデータクラウド解析サービス



- ◆ サンプルの情報入力とシークエンスデータ (Fastq) のインポートで解析実行！
- ◆ コスト削減！ 1サンプルから利用可能！ 15,000円/サンプル(税別)
- ◆ 対応アプリケーション：RNA-Seq、ChIP-Seq、Small RNA-Seq
- ◆ 安心サポート！ 使い方は弊社専門スタッフが対応します。

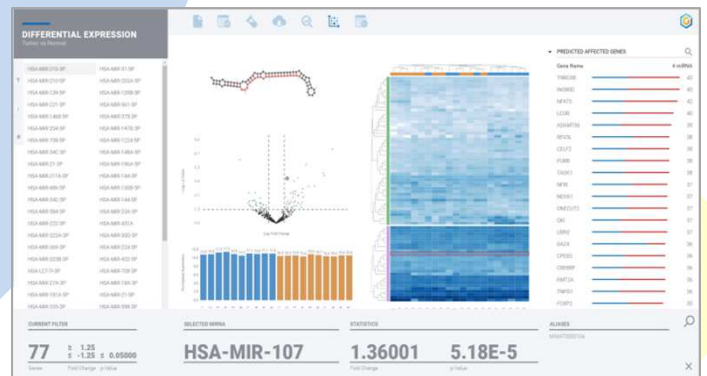
RNA-Seq

- QC結果の表示
- Fastqファイル、Bamファイルのダウンロード
- 正規化後の発現解析データの表による表示
- ヒートマップ、MSDプロット、バイオリンプロットなどのデータの視覚化
- 差次的発現 (Differential expression) 発現変動遺伝子の抽出やボルケーノプロット、階層クラスタリング、パスウェイ解析、Gene Ontology解析、疾患データ解析など、多彩な解析に対応
- Advaita社のiPathway Guideを利用可能！



ChIP-Seq

- QC結果の表示
- Fastqファイル、Bamファイル、BigWigsのダウンロード
- ピーク検出後、詳細情報の表による表示
- ヒートマップ、TSSプロットノート、ピーク分布図、FRiPスコアなどのデータの視覚化
- サンプル間のピーク検出比較
 - ベン図、Binding Heatmap、モチーフ解析、Gene Ontology term enrichment検索
- ChIP-Seq-Tracksによる柔軟なピークや染色体の表示



Small RNA-Seq

- QC結果の表示
- Fastqファイルのダウンロード
- 正規化後の発現解析データの表による表示
- ヒートマップ、MDSプロット、ボルケーノプロット、構造図などのデータ視覚化
- 予測される影響を受ける遺伝子の特定
- 検証された影響を受ける遺伝子のレビュー
- 病気と薬物の関連性の探索