

取得したまま活用できていないデータを  
この機会に解析してみませんか？

Rhelixa  
Decoding Life, Creating Future  
RH-BICP-2503

# バイオフィーマティクス解析 サービスキャンペーン

Raw Dataをお預かりしてインフォマティクス解析を実施します。

2025年4月1日～5月30日ご注文分まで

## サービスプラン

### ベーシック解析プラン

各アプリケーションの基本的な解析を実施するプランです。

### スタンダード解析プラン

ベーシックプランの解析内容に加え、ご希望の解析をお選びいただき実施するプランです。

## 対象アプリケーション・解析内容

### RNA-Seq

#### ▼ ベーシック解析内容

各遺伝子の発現定量値の算出 / 相関分析 / 主成分分析  
階層的クラスタリング / ヒートマップ

#### ▼ 対応スタンダード解析

DEG 解析 GO 解析 GSEA 解析 KEGG パスウェイ解析

スプライシングバリエーション解析 融合遺伝子解析

トランスクリプト SNP 解析 de novo アセンブル解析

### ゲノム解析 (リシーケンス)

#### ▼ ベーシック解析内容

SNV/Short Indel の検出・SNV/Short Indel へのアノテーション

#### ▼ 対応スタンダード解析

SV 解析 CNV 解析 変異の絞り込み

### DNA メチル化解析

#### ▼ ベーシック解析内容

メチル化率の算出 / メチル化サイトのアノテーション  
主成分分析 / 階層的クラスタリング

#### ▼ 対応スタンダード解析

GO 解析 変動メチル化領域の検出 エピジェネティッククロック解析

### ゲノム解析 (de novo)

#### ▼ 対応スタンダード解析

de novo アセンブル解析

### ChIP-Seq/ATAC-Seq

#### ▼ ベーシック解析内容

ピークコール / ピーク領域アノテーション / 相関分析 / 主成分分析  
階層的クラスタリング

#### ▼ 対応スタンダード解析

変動ピーク領域の検出 GO 解析 結合モチーフ解析

### シングルセル解析

#### ▼ ベーシック解析内容

Cell Ranger 解析

#### ▼ 対応スタンダード解析

細胞種クラスタリングおよびアノテーション

Pseudo Bulk 解析

Pseudo-time 解析

RNA-velocity 解析

細胞間インタラクトーム解析

### 細菌叢解析 (アンプリコン)

#### ▼ ベーシック解析内容

ASV グルーピングおよび Taxonomy アノテーション / 多様性解析

#### ▼ 対応スタンダード解析

群間比較解析

### 細菌叢解析 (ショットガン)

#### ▼ ベーシック解析内容

ホスト由来のリード除去

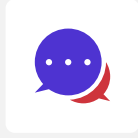
菌叢グルーピングおよびアノテーション / 多様性解析

#### ▼ 対応スタンダード解析

群間比較解析

# 発注までの流れ

## ヒアリング



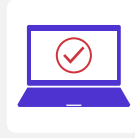
Web ミーティングなどでご希望の解析内容の打ち合わせを行います。

## 提案・お見積



ミーティング内容から仕様書を作成し、解析費用を算出します。

## ご発注



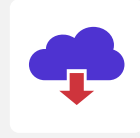
### 弊社で取得したデータ

解析を行う商談の番号、解析検体名をご連絡ください。

### ご自身で取得したデータ

データを格納した記録媒体を弊社にご送付いただくか、クラウドへアップロードをお願いします。

## 納品



解析結果の納品は原則クラウド経由となります。

# 解析例

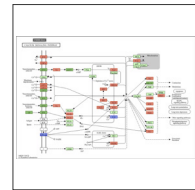
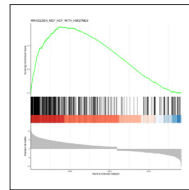
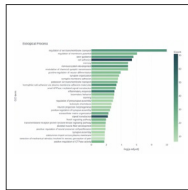
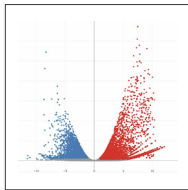
1

## Bulk RNA-Seq メカニズム探索パッケージ

ベーシック解析 + DEG + GO + GSEA + KEGG Pathway 解析

¥200,000 / 比較 (n=3 の 2 群、計 6 検体の解析を実施した場合)

変動遺伝子の検出に加え、それらがどのような因子により制御され、どのような因子と相互作用をして、どのような生物学的な機能に関わるかのメカニズムの予測に繋がるデータが得られます。



2

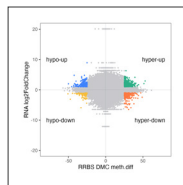
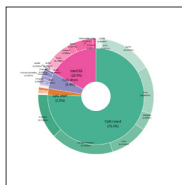
## DNA メチル化解析データと RNA-Seq データの統合解析パッケージ

各ベーシック解析 + 各変動解析 + 統合解析

¥320,000 / 比較

(n=3 の 2 群、計 6 検体の解析を実施した場合)

DNA メチル化解析結果および RNA-Seq 結果から得られた 2 群間比較の結果を統合することにより、遺伝子発現と DNA メチル化の関係性を評価するためのデータが得られます。



3

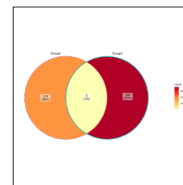
## WGS 変異の絞り込み

ベーシック解析 + 変異の絞り込み解析

¥60,000 / 比較

(n=1 の 2 検体間の解析を実施した場合)

野生株と変異株の解析結果を比較することにより、変異株に特異的な変異のみを得られます。



販売店



株式会社 新興精機

本社  
北九州、佐賀、熊本、宮崎、鹿児島、大阪、名古屋、東京

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

TEL : 03-6272-3115

Mail : sales-support@rhelixa.com