

秋の受託解析キャンペーン

amelieff
A Member of PHC Group

キャンペーン期間：2025年10月6日（月）～2026年3月18日（水）

「データ解析込み」でこの価格！更にボリュームディスカウントも対応

RNA-seq解析 基礎解析プラン（GO解析、パスウェイ解析まで）		※税抜価格
DNBSEQ™ polyA選択, 4Gb	2.0万円 / サンプル	※左記仕様は代表例（NovaSeq/DNBSEQやデータ量、ストランド特異的などご希望に合わせた仕様が選択可能） ※4サンプル以上から解析を実施 ※サンプルQCでfailの場合でも、再提出1回までは無償対応 ※NovaSeq™は国内シーケンス実施 ※rRNA除去、RNA抽出からのご依頼も可能 ※ヒト・マウス・ラット以外の生物種は別途お問合せ ※データ解析のみの場合、FASTQファイル（生データ）から受付
NovaSeq™ ストランド特異的,polyA選択, 6Gb	2.7万円 / サンプル	
NovaSeq™ ストランド特異的,polyA選択, 9Gb	3.0万円 / サンプル	
データ解析のみ	1.0万円 / サンプル	
シングルセル解析 基礎解析プラン（GO解析、パスウェイ解析まで）		※税抜価格
シングルセル遺伝子発現Flex	180万円 / 4サンプル	※疑似系譜解析付きプランもあり ※ヒト・マウス以外の生物種は別途お問合せ シングルセル遺伝子発現Flex ※国内シーケンス ※固定分散済み組織片・細胞、FFPE切片で受入（当社に固定・細胞分散を依頼することも可能） シングルセルRNA-seq解析 ※海外シーケンス（国内も可能） ※分散済みの凍結細胞で受入 ※機器を持ち込んでの出張ライブラリ調製サービスも対応可能
シングルセルRNA-seq解析	62万円 / サンプル	
データ解析のみ	14万円 / サンプル	
空間的遺伝子発現解析 標準解析プラン（GO解析、パスウェイ解析・疑似系譜解析まで）		※税抜価格
Trekker™ ・真のシングルセル（核）解像度 ・全ての真核生物に対応可能 ・全遺伝子を検出可能	320万円 / 2サンプル	※ Trekker™は新鮮凍結組織、OCT包埋組織で受入 ※その他プラットフォームはFFPEで受入 ※1スライドに1切片を載せた場合の価格、複数切片を載せた場合、それぞれ別々に解析を実施する場合は追加費用が発生 ※ヒト・マウス以外の生物種は別途お問合せ ※CosMx™、Stereo-seq™、Visium v2にも対応
Xenium 5K	500万円 / 2サンプル	
Visium HD	280万円 / 2サンプル	
データ解析のみ	43万円 / サンプル	
がん変異解析 基礎解析プラン（がん変異の検出、De novo mutation signature 解析、Oncoplot, 新規Driver gene候補推定まで）		※税抜価格
WESがん変異解析 Agilent SureSelect V6, 正常組織 6Gb, 腫瘍組織 12Gb	11.5万円 / 症例(1ペア)	※3症例以上から解析を実施 ※ NovaSeq™で国内シーケンス実施 ※1症例につき正常と腫瘍組織のペアが必要 ※WGS解析はPCR増幅の場合の価格、PCR-Freeの解析は別途お問合せ ※ 対象生物種はヒトのみ
WGSがん変異解析 NovaSeq™ X, 正常組織 90Gb, 腫瘍組織 90Gb	39.0万円 / 症例(1ペア)	
遺伝性変異解析 基礎解析プラン（アノテーション、遺伝形式による変異の抽出まで）		※税抜価格
WES遺伝性変異解析 Agilent SureSelect V6, 6Gb	7.3万円 / サンプル	※3症例以上から解析を実施 ※ NovaSeq™で国内シーケンス実施 ※WGS解析はPCR増幅の場合の価格、PCR-Freeの解析は別途お問合せ ※ 対象生物種はヒトのみ
WGS遺伝性変異解析 NovaSeq™ X, 90Gb	19.5万円 / サンプル	



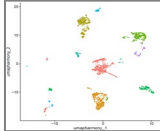



※ 本チラシに記載されている会社名および商品名などは、各社の商号、または登録済みもしくは未登録の商標であり、これらは各所有者に帰属します。

Olink®（プロテオーム解析）年内リリース予定

秋の受託解析キャンペーン

キャンペーン期間：2025年10月6日（月）～2026年3月18日（水）

選べるデータ解析プラン

プラン	RNA-seq 解析	シングルセル 解析	空間的遺伝子 発現解析	がん 変異解析	遺伝性 変異解析
基礎 解析 プラン	<ul style="list-style-type: none"> 発現定量解析 二群間比較解析 エンリッチメント解析 	<ul style="list-style-type: none"> クオリティコントロール データ統合 クラスタリング クラスタごとの特徴遺伝子の探索 発現量可視化 二群間比較解析 エンリッチメント解析 	基礎解析プランなし	<ul style="list-style-type: none"> がん変異の検出 De novo mutation signature 解析 Oncoplot 新規Driver gene 候補推定 	<ul style="list-style-type: none"> アノテーション 遺伝形式による変異の抽出
標準 解析 プラン	報告会とアフターサポート【データ解析者の視点で研究支援】 <ul style="list-style-type: none"> レポート：経験豊富な解析担当者が研究目的を踏まえた所感を添えたレポートを提供します。 報告会：解析結果の解釈に関して解析担当者からの報告とディスカッションを行います。 アフターサポート：報告会后 1 カ月間、メールでのQA対応や図の調整を行います。 				
	<ul style="list-style-type: none"> 発現定量解析 二群間比較解析 エンリッチメント解析 	<ul style="list-style-type: none"> クオリティコントロール データ統合 クラスタリング クラスタごとの特徴遺伝子の探索 発現量可視化 二群間比較解析 エンリッチメント解析 特定クラスタに着目した解析（再次元削減、サブクラスタリング、二群間比較、擬似系譜解析） 	<ul style="list-style-type: none"> クオリティコントロール データ統合 クラスタリング クラスタごとの特徴遺伝子の探索 発現量可視化 二群間比較解析 エンリッチメント解析 特定クラスタ、座標に着目した解析（再次元削減、サブクラスタリング、二群間比較、擬似系譜解析） 	<ul style="list-style-type: none"> がん変異の検出 De novo mutation signature 解析 Oncoplot 新規Driver gene 候補推定 	<ul style="list-style-type: none"> アノテーション 遺伝形式による変異の抽出
コンサル ティ ング プラン	【専門家チームと連携し、研究目的に沿ったデータ解析を推進】 <ul style="list-style-type: none"> 研究テーマとゴールを共有し、解析計画を策定し提案します。 2～3週間のサイクルで協議を重ね、常に計画を最適化しながら柔軟に解析を進めます。 				
	<ul style="list-style-type: none"> 議論を繰り返しながら、目的に応じた最適な解析方法を提案、実施します。 解析途中で生じた課題に対して、解決方法を提案、実施します。 High impact な論文にも耐えうる水準のレポートを提供します。 				
     					
<p>プロジェクト推進方法 統合的解釈 細胞種同定 因果関係予測 パスウェイの絞り込み ネットワーク変化の可視化</p>					

※ 本チラシに記載されている会社名および商品名などは、各社の商号、または登録済みもしくは未登録の商標であり、これらは各所有者に帰属します。

お問い合わせ先

アメリエフ株式会社

〒105-8433

東京都港区西新橋3-7-1

ランディック第2新橋ビル2階

publicity@amelieff.jp



https://amelieff.jp/enquiry/form_commissioned_25sep/