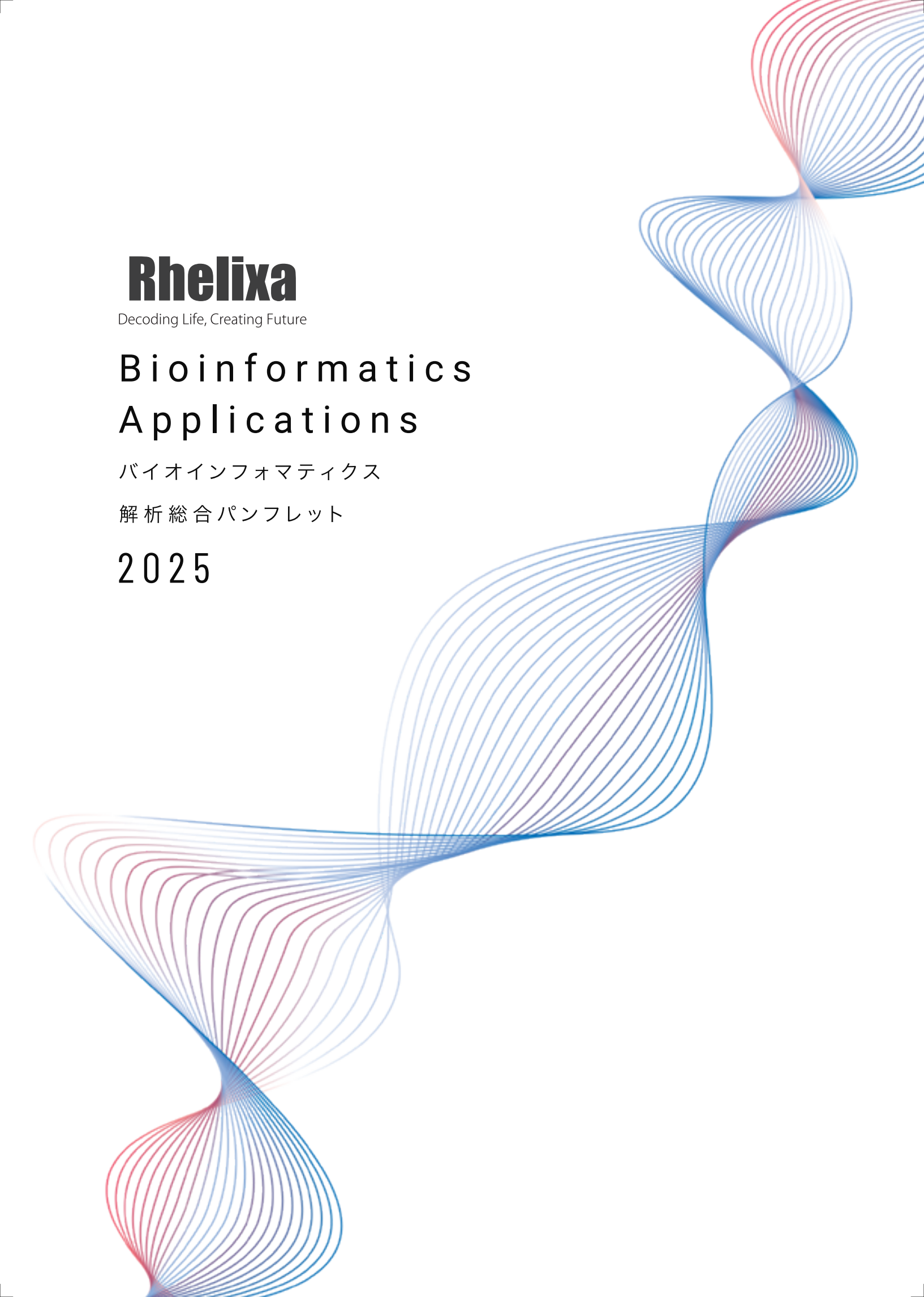




Rhelixa

Decoding Life, Creating Future

Bioinformatics Applications

バイオインフォマティクス

解析総合パンフレット

2025

Our mission

生命科学に寄り添い、未来を豊かに。

Decoding Life, Creating Future.

レリクサはエピゲノム解析のリーディングカンパニーです。

ゲノム、エピゲノム、トランスクリプトーム、メタゲノムなどのオミクス情報を
独自の技術とノウハウで解析し、研究開発の効率・精度を格段に向上させます。

研究者とともに「新しい発見」を目指す
それが、私たちレリクサです。



研究を成功へ導くには、お客様の研究への理解がとても大切だと考えます。

お客様の目的に叶う最新の技術を取り入れながら、丁寧なサポートで、
生命科学研究に寄り添い、未来を豊かにすることが私たちのミッションです。



サービスプラン

Service Plan

Basic Analysis

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。



Standard Analysis

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、ご希望の解析をオプションでお選びいただき実施するプランです。



OrderMade Analysis

オーダーメイド解析プラン

ご研究目的や参考文献等に応じて、ご希望の図版、標準サービスメニュー外のカスタム解析を実施するプランです。
→ 実施例は17Pをご覧ください。



目次

Contents

01

トランスクリプトーム解析

P4

- ・RNA-Seq
- ・Small RNA-Seq

05

ゲノム解析

P14

- ・Short Read WGS/WES
- ・Long Read WGS

02

エピゲノム解析

P8

- ・ChIP-Seq/ATAC-Seq
- ・DNAメチル化解析

06

菌叢解析

P15

- ・アンプリコンシーケンス (16S rRNA/ ITS rRNA)
- ・ショットガンメタゲノムシーケンス

03

シングルセル解析

P10

- ・シングルセル/核RNA-Seq
- ・シングルセルATAC-Seq
- ・シングルセルマルチオーム

07

オーダーメイド解析実施例

P16

04

空間トランスクリプトーム解析

P13

08

発注までの流れ

P18

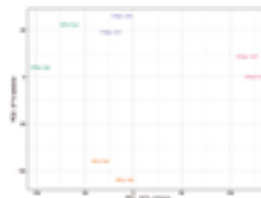
01 menu | トランスクリプトーム解析

RNA-seq

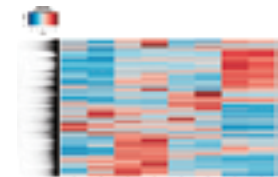
ベーシック解析プラン

各サンプルの遺伝子発現の定量および各種描画データをもとに群間比較解析前に発現傾向を把握することができます。

- ・ データQC
- ・ トリミング
- ・ マッピング
- ・ リードカウント
- ・ TPM値/FPKM値の算出
- ・ 相関分析
- ・ 主成分分析
- ・ 階層的クラスタリング
- ・ ヒートマップ描画



主成分分析



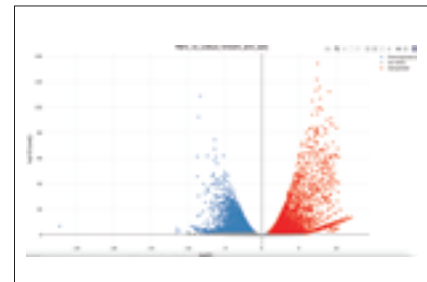
ヒートマップ描画

スタンダード解析プラン

DEG(Differentially Expressed Gene) 解析

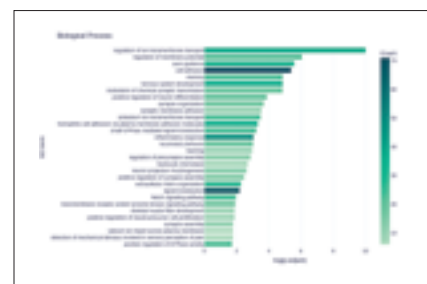
2群間において有意に発現変動している遺伝子を抽出し、変動値とそのp値, q値を算出します。

また、得られた結果を用いたヒートマップ, Volcano plot, MA plotを納品します。



GO(Gene Ontology) 解析 *

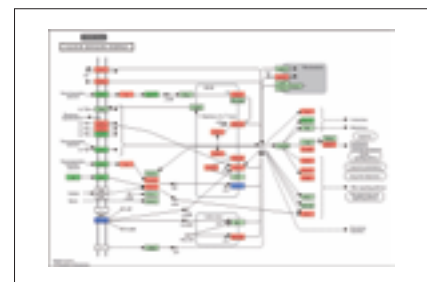
DEG 解析の結果をもとに、特定の機能が濃縮 (enrich) されているかを統計的に評価します。解析結果は棒グラフだけでなく、発現上昇／発現減少遺伝子群両方で検出されたGO タームについて、上昇と減少のどちらに偏りがあるかを確認できる Bubble plot も納品します。



KEGG パスウェイ解析 *

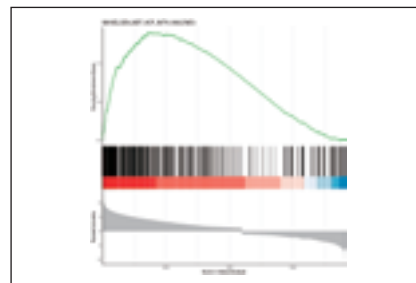
DEG 解析の結果をもとに、濃縮されているKEGG パスウェイを統計的に評価します。

統計解析結果を示すテーブルデータ・グラフに加え、発現変動遺伝子を色付けしたパスウェイマップのリストを納品します。



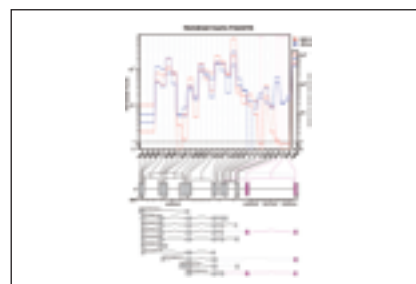
GSEA(Gene Set Enrichment Analysis) 解析 *

DEG 解析の結果をもとに、ヒト・マウスのデータセットを使用して、どのような細胞状態にあるか、どのような機能を有するかを統計的に予測します。遺伝子セットのエンリッチメントスコアを示す図や、遺伝子セットに含まれている遺伝子発現の増減のヒートマップを納品します。



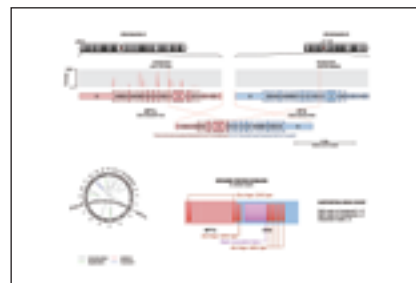
スプライシングバリエーション解析

取得したペアエンドのシーケンスリードのマッピング位置の情報に基づき、各転写産物がどのようなスプライシングパターンを示すかを予測します。比較群間で転写産物量に変動がある遺伝子をリストアップしたテーブルデータと、各変動エクソンに参与する遺伝子ごとの図版（遺伝子プロファイルプロット）を納品します。



融合遺伝子解析

取得したペアエンドのシーケンスリードのマッピング位置の情報に基づき、染色体の挿入・逆位・転座などの組換えにより生じる融合遺伝子を網羅的に検出します。検出した融合遺伝子をリストアップしたテーブルデータと、位置情報とドメインを視覚的に確認することができる図版を納品します。



トランスクリプトSNV 解析

取得したシーケンスデータを用いて、各遺伝子のエキソン-イントロンジャンクションを含むエキソン領域についてSNVおよび Short Indelを検出します。変異によるアミノ酸配列変化やタンパク質構造に対する影響予測などアノテーションを付与したテーブルデータと、リードカウントに基づいた各種図版を納品します。

de novo アセンブル解析

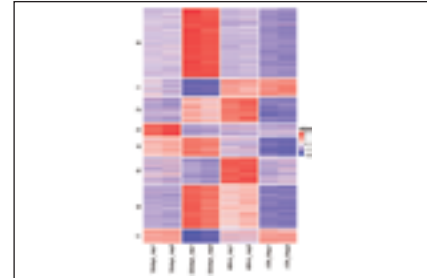
リファレンスゲノムが未知または不十分である生物種において、取得したシーケンスリードを繋ぎ合わせRNA配列を再構築した上で、サンプル間での発現変動比較を実施します。アセンブル配列およびアミノ酸配列の他、アセンブル解析結果一式の各種ファイルを納品します。

* 実施のために発現変動遺伝子 (DEG) 解析が必要となります。

3 群間以上の比較も可能です！

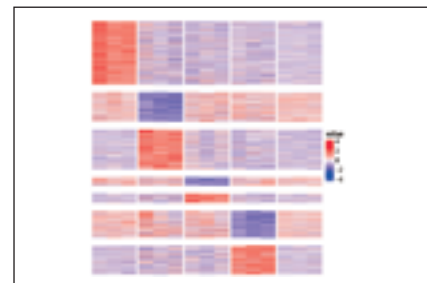
✓ k-means クラスタリング解析

類似する発現パターンを持つ遺伝子をあらかじめ設定したクラスター数に分け、サンプル内・群間での潜在的なグループを構築します。各クラスターの遺伝子リストをはじめ、ヒートマップなどの各種図版を納品します。



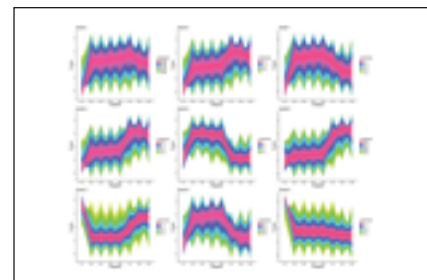
✓ ベイズ推定を用いた多群比較解析

経験ベイズモデルを利用した群間での遺伝子発現の比較を行います。予めクラスター数を設定するクラスタリング解析とは異なり、考えられる発現傾向のパターン全てに対してあてはまる確率を計算し、最も確率が高いパターンで遺伝子を振り分けます。解析結果を示すテーブルデータに加え、ヒートマップを作成して納品します。



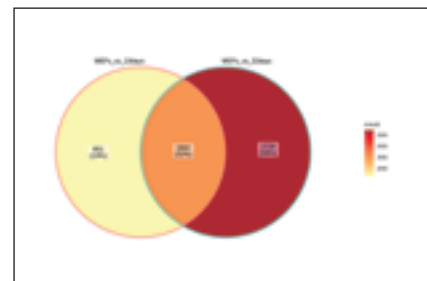
✓ 時系列変動遺伝子解析

遺伝子発現値データから時系列発現変動パターンに応じたクラスタリングを実施します。タイムコースの各クラスター内での発現変化を視覚的に捉えることができる図版を納品します。



✓ DEGの共通項評価（ベン図作成含む）

DEG解析の結果をもとに、比較群間の共通遺伝子および群特異的な遺伝子を可視化するベン図を作成します。取得した遺伝子群を対象とした、機能解析やパスウェイ解析などにも対応可能です。作成したベン図の他、対応する遺伝子リストを納品します。



Small RNA-seq

ベーシック解析プラン

miRBaseに登録されているmiRNAを対象にRNA-seqと同様の解析を実施します。

スタンダード解析プラン

発現変動 miRNA 解析

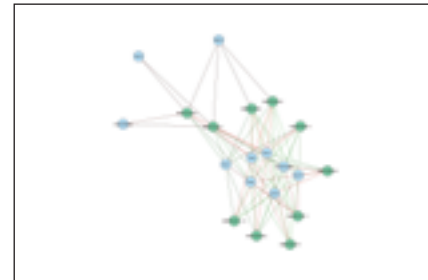
2群間において有意に発現変動している miRNA を抽出し、変動値とその p 値, q 値を算出します。
また、得られた結果を用いたヒートマップ, Volcano plot, MA plot を納品します。

miRNA のターゲット遺伝子予測解析

miRNA が標的とするターゲット遺伝子を予測します。発現変動 miRNA 解析を実施する場合は、発現変動 miRNA のリストに対してもターゲット遺伝子の予測を行い、予測されたターゲット遺伝子およびターゲット予測スコアの結果一覧を納品します。

RNA-seq データとの統合解析 *

RNA-seqとmiRNA-seqの2群間比較解析の結果を統合します。遺伝子情報をもとにした方法とオミクス間の相関をもとにした方法の、2つの統合手法で、mRNAとmiRNAの関係を評価します。統合後のテーブルデータに加え、オミクス間の関係を可視化した各種図版を納品します。



* 実施のために発現変動 miRNA 解析が必要となります。

多群間比較も可能です！

→ 詳しくは 6P ご参照ください。

- k-means クラスタリング解析
- ベイズ推定を用いた多群比較解析
- 時系列変動遺伝子解析

02 エピゲノム解析

ChIP-seq / ATAC-seq

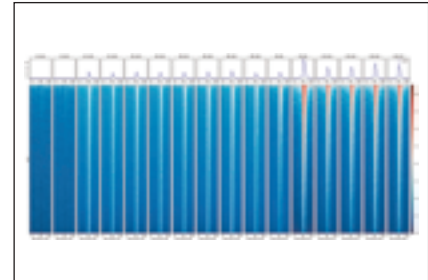
ベーシック解析プラン

- ・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
- ・アグリゲーションプロット、シグナルヒートマップ
- ・相関分析
- ・主成分分析
- ・ヒートマップ

スタンダード解析プラン

変動ピーク領域の検出

2 群間において、シグナル値が有意に変動しているピークを統計的に算出します。変動ピーク領域とその近傍遺伝子のリストに加え、ピーク領域に絞ったヒートマップおよびシグナルヒートマップを作成し、納品します。

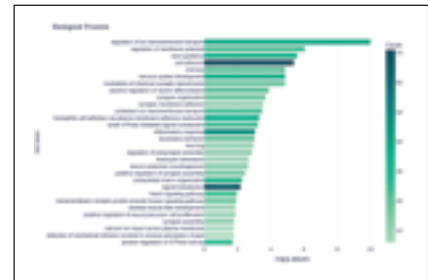


結合モチーフ解析 *

変動ピーク領域の検出により絞り込まれた領域において、転写因子の結合モチーフを探索します。解析結果には、各領域において特異的に濃縮された転写因子結合モチーフのリストが作成されます。

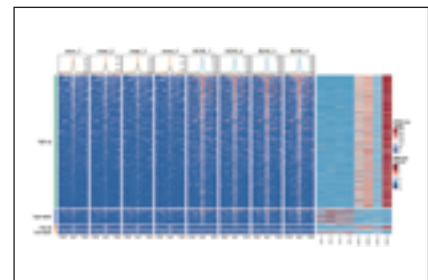
変動ピーク領域近傍遺伝子の GO 解析 *

変動ピーク領域の近傍遺伝子情報を利用し、有意に濃縮された GO タームを解析します。解析結果を示す GO タームのリストに加え、棒グラフ、Bubble plot を納品します。



RNA-seq データとの統合解析

RNA-seq と ChIP-seq / ATAC-seq の 2 群間比較解析の結果を統合します。遺伝子情報をもとにした方法とオミクス間の相関をもとにした方法の、2 つの統合手法で、遺伝子発現とクロマチン動態/ 転写因子・ヒストン修飾の関係を評価します。統合後のテーブルデータに加え、オミクス間の関係を可視化した各種図版を納品します。



* 実施のために変動ピーク領域の検出が必要となります。

多群間比較も可能です！

→ 詳しくは 6Pへ

k-means クラスタリング解析 時系列変動遺伝子解析 ベイズ推定を用いた多群比較解析

DNAメチル化解析

ベーシック解析プラン

各サンプルの DNA メチル化率の算出及び各種描画データを作成の上、群間比較解析前に DNA メチル化傾向を把握することが可能です。

NGS

- ・データQC
- ・トリミング
- ・マッピング
- ・メチル化率の算出
- ・メチル化サイトへのアノテーション
- ・相関分析
- ・主成分分析
- ・階層的クラスタリング

DNAメチル化アレイ

- ・ 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

スタンダード解析プラン

DMC*1/DMP*2・DMR*3の検出

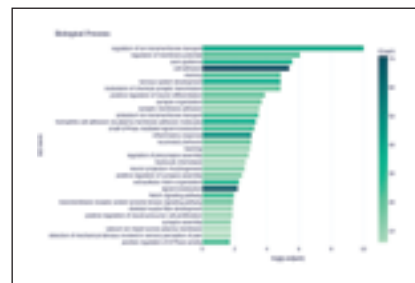
2 群間において、メチル化率が有意に変動している CpG サイト / 領域を統計的に算出します。変動メチル化サイト / 領域とその近傍遺伝子のリストを作成し、納品します。

NGSでデータ取得をした場合は加えてヒートマップを作成し、合わせて納品します。



DMC/DMP・DMR 近傍遺伝子のGO解析*4

変動メチル化領域の近傍遺伝子情報を利用し、有意に濃縮された GO タームを解析します。解析結果を示す GO タームのリストに加え、棒グラフ、Bubble plot を納品します。



エピジェネティッククロック解析*5

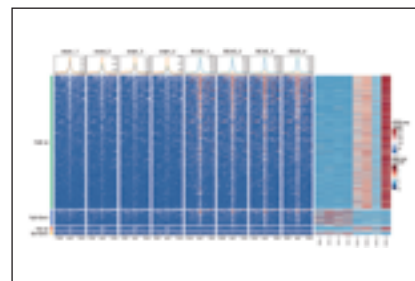
複数 CpG サイトの DNA メチル化率に基づき、エピジェネティック年齢を予測します。

第1世代から第3世代の複数指標による数値結果とそれら値の分布を示す散布図を納品します。

ヒト: **メチル化アレイ** マウス: **NGS**

RNA-seq データとの統合解析

RNA-seq と DNA メチル化の 2 群間比較解析の結果を統合します。遺伝子情報をもとにした方法とオミクス間の相関をもとにした方法の、2 つの統合手法で、遺伝子発現と DNA メチル化の関係を評価します。統合後のテーブルデータに加え、オミクス間の関係を可視化した各種図版を納品します。



*1 DMC=Differentially methylated cytosine (変動メチル化シトシン)

*2 DMP=Differentially methylated probe (変動メチル化プローブ)

*3 DMR=Differentially methylated region (変動メチル化領域)

*4 実施のために DMC/DMP・DMR の検出が必要となります。

*5 ヒト・マウスのみ対象

03

シングルセル解析

シングルセル / 核RNA-seq

ベーシック解析プラン

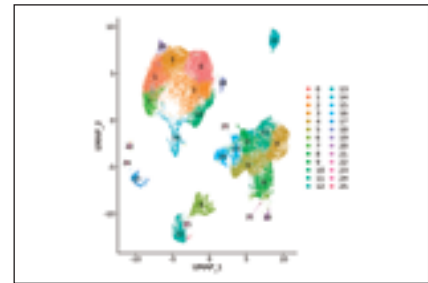
Cell Ranger 解析のみを実施するプランです。解析結果としてカウントデータを納品します。Loupe Browser を用いてお手元で様々な結果をご覧いただけます。

・Cell Ranger解析

スタンダード解析プラン

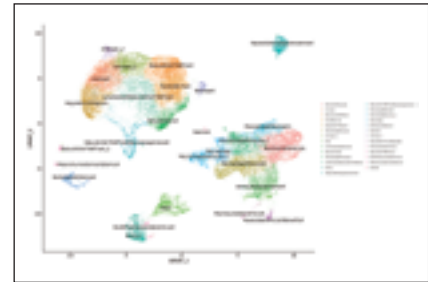
メガクラスター解析

検出された細胞ごとに死細胞やダブルットであるかの評価・フィルタリングを行い、遺伝子発現パターンの特徴抽出を行った後に、10 パターンの解像度でクラスタリングした上で UMAP を用いて細胞の分布を可視化します。解像度ごとに細胞の分布を示す散布図等の他、特徴遺伝子を記したテキストデータを納品します。



細胞種アノテーションの付与

データベースにまとめられた細胞種のマーカーまたはカスタムで作成された細胞種のマーカーに基づき、細胞のクラスターごとに機能を予測します。予測された細胞種名が加わった散布図等の他、細胞種や GO 解析結果が記載されたテキストデータを納品します。



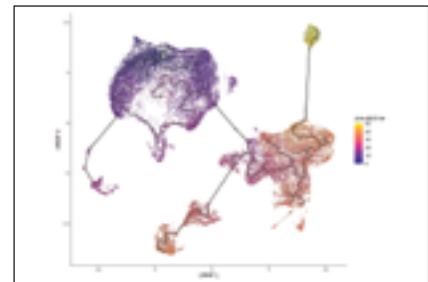
Pseudo Bulk 解析

クラスターやサンプル、その他の細胞を分類する条件に基づき細胞集団を 2 つに分け、その間で有意な発現差を示す遺伝子を検出します。

発現差を示した遺伝子が記載されたテキストデータを納品します。

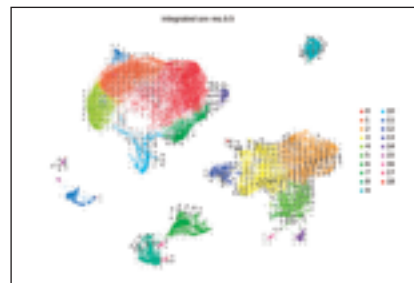
擬似時間軸解析 (Pseudo-time 解析)

類似した発現パターンを示す細胞を辿り、細胞の段階的な分化経路を予測します。予測された時間経過を横軸にとった細胞の分化経路図等の他、各経路およびその分岐を基底する遺伝子が記されたテキストデータを納品します。



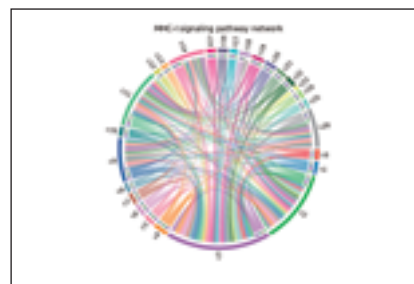
RNA velocity 解析 *

細胞ごとのスライシングパターンに基づき、細胞状態が変化する方向やその強度を予測します。細胞状態の変化や強度を示す散布図等の他、その変化に寄与する遺伝子が記されたテキストデータを納品します。



細胞間のインタラクトーム解析

データベースに登録された細胞のリガンドとレセプターの関係に基づき、細胞クラスター間の相互作用を予測します。リガンド・レセプター、シグナル経路、それら全てを総合した複数の段階で評価を行い、その関係性を示す散布図等の他、クラスター間の結び付きを評価したテキストデータを納品します。



* シングルセル Flex 解析で取得したデータには対応していません。

シングルセル ATAC-seq

ベーシック解析プラン

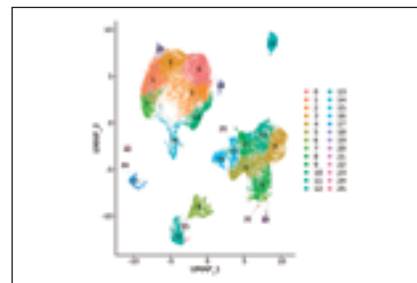
Cell Ranger ATAC解析を実施するプランです。解析結果としてカウントデータを納品します。Loupe Browser を用いてお手元で様々な結果をご覧いただけます。

- ・Cell Ranger ATAC解析

スタンダード解析プラン

メガクラスター解析

検出された細胞ごとに死細胞やダブレットであるかの評価・フィルタリングを行い、オープンクロマチン領域のシグナルパターンの特徴抽出を行った後に、10 パターンの解像度でクラスタリングした上で UMAP を用いて細胞の分布を可視化します。解像度ごとに細胞の分布を示す散布図等の他、クラスターごとのオープンクロマチン領域の配列解析に基づく上流因子解析の結果を記したテキストデータを納品します。



シングルセル マルチオーム

ベーシック解析プラン

Cell Ranger ARC 解析を実施するプランです。解析結果としてカウントデータを納品します。Loupe Browser を用いてお手元で様々な結果をご覧いただけます。

- ・Cell Ranger ARC解析

スタンダード解析プラン

- ・メガクラスター解析
- ・RNA velocity 解析
- ・細胞種アノテーションの付与
- ・細胞間のインタラクトーム解析
- ・Pseudo Bulk解析
- ・擬似時間軸解析(Pseudo-time解析)

ベーシック解析プラン

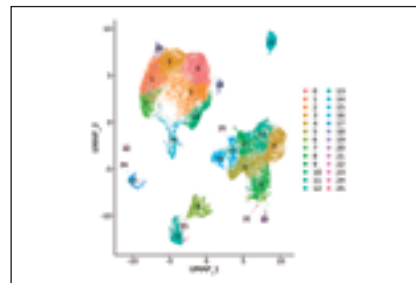
Space Ranger 解析を実施するプランです。解析結果としてカウントデータを納品します。出力されたデータを専用ツールで読み込むことで、組織切片のHE染色画像上で遺伝子発現を確認することができます。

・Space Ranger解析

スタンダード解析プラン

メガクラスター解析

検出された細胞ごとに死細胞やダブルットであるかの評価・フィルタリングを行い、遺伝子発現パターンの特徴抽出を行った後に、10 パターンの解像度でクラスタリングした上で UMAP を用いて細胞の分布を可視化します。解像度ごとに細胞の分布を示す散布図等の他、特徴遺伝子を記したテキストデータを納品します。



05 ゲノム解析

Short Read WGS/WES

ベーシック解析プラン

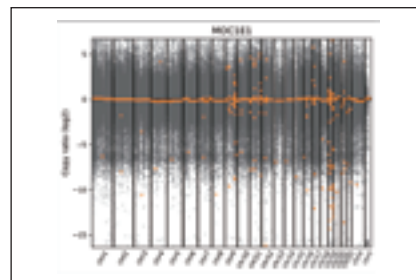
各サンプルの全ゲノム領域上の変異または多型 (SNV、Indel など) を検出の上、アノテーションを付与し、表形式で ご覧いただけるデータをお渡しします。

・データQC ・トリミング ・マッピング ・SNV/Short Indelの検出 ・SNV/Short Indelへのアノテーション

スタンダード解析プラン

CNV(Copy number variation) 解析

ゲノム上のコピー数多型を網羅的に検出します。腫瘍サンプルの場合、LOH も併せて解析します。検出したコピー数多型をリストアップしたテーブルデータに加え、ゲノム上のコピー数変化を可視化した図版を納品します。



SV(Structural variation) 解析*

ゲノム上の重複 (Duplication)、欠失 (Deletion)、逆位 (Inversion)、挿入 (Insertion)、BND(Breakend)の推定を網羅的に実施します。また、検出した構造変異に遺伝子情報等のアノテーションを付与します。検出した構造変異をリストアップしたテーブルデータを納品します。

TMB(Tumor Mutational Burden) 解析

一定領域ごとにおける体細胞変異数を算出します。
各サンプルの TMB をテーブルデータにまとめて納品いたします。

* 解析の目的に合わせて Germline Mutation の検出もしくは Somatic Mutation の検出をご選択いただけます。

Long Read WGS

ゲノムアセンブルプラン

取得したロングリードシーケンスデータを用いて、ゲノムアセンブルを行います。

・データQCおよびフィルタリング ・アセンブル ・アセンブル精度の評価

遺伝子構造予測 + 遺伝子機能アノテーション

構築したゲノム配列を対象に、遺伝子領域を予測しその機能アノテーションを付与します。

アンプリコンシーケンス (16S rRNA/ITS rRNA)

ベーシック解析プラン

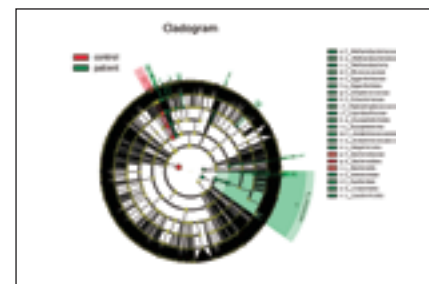
各サンプルの菌叢を構成する微生物を分類し、多様性の評価を行います。

- ・ データQC
- ・ リードの結合およびキメラリードの除去
- ・ ASVグルーピングおよびTaxonomyアノテーション
- ・ α 多様性解析
- ・ β 多様性解析

スタンダード解析プラン

群間比較解析

群間での菌種構成を比較し、各群に特徴的な菌種を統計的に割り出します。解析結果をもとに棒グラフ、クラドグラムを作成して納品します。



ショットガンメタゲノムシーケンス

ベーシック解析プラン

各サンプルの菌叢を構成する微生物を分類し、多様性の評価を行います。

さらに菌叢に含まれる遺伝子の構成比率についても解析を行います。

- ・ データQC
- ・ トリミング
- ・ ホスト由来リードの除去
- ・ 菌叢分類群概要
- ・ 菌種構成テーブルデータ
- ・ α 多様性解析
- ・ Rarefaction curve
- ・ 菌叢解析(円グラフ)
- ・ 菌叢解析(棒グラフ)
- ・ ヒートマップ
- ・ メタ遺伝子カウントテーブル
- ・ PCoA分析(主座標分析)

スタンダード解析プラン

群間比較解析

群間での菌種構成並びにメタ遺伝子構成を比較し、各群に特徴的な菌種や遺伝子機能を統計的に割り出します。解析結果をもとに棒グラフ、クラドグラムなどを作成して納品します。

07 オーダーメイド解析実施例

ご研究目的や参考文献に応じたご要望の図版の作成など、標準サービスメニュー外のカスタム解析を実施します。解析目的・内容の擦り合わせのため、原則としてご依頼前に当社研究員とのWebミーティングが必要です。

Case1 胃がんサンプル由来の DNA メチル化指標の構築

■ 研究機関

がん関連研究室

■ 普段の活動

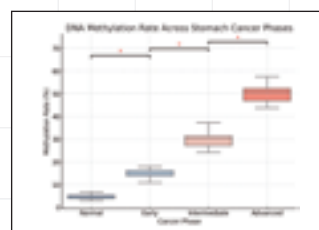
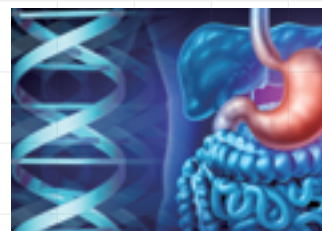
がんの予防、診断、治療に関する基礎研究と臨床応用の橋渡し研究を行っており、特に胃がんにおける分子プロファイリングを活用した個別化医療の確立を目指している。

■ 研究目的

新たな DNA メチル化バイオマーカーの確立により、さらに精度の高い診断・予後予測ツールの開発、および個別化医療の推進を目指す。

■ 対応した内容

公共データベースより胃がんサンプル由来の DNA メチル化アレイデータを取得し、回帰分析を用いてサブタイプ及び重篤度を予測する DNA メチル化指標を構築した。



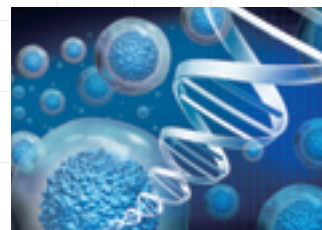
Case2 iPS 細胞由来心筋細胞の シングルセル ATAC-seq・RNA-seq 統合解析

■ 研究機関

再生医療関連研究室

■ 普段の活動

iPS 細胞の分化誘導技術を応用した再生医療の基礎研究および応用研究を行っており、特に心筋細胞への分化プロセスにおける細胞運命決定機構の解明を進めている。

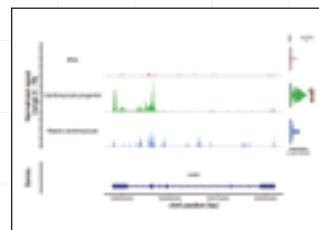


■ 研究目的

- ・心筋細胞の異質性を理解し、より効率的かつ機能的な心筋細胞の分化誘導プロトコルの確立。
- ・再生医療および創薬スクリーニングにおける品質管理の向上。

■ 対応した内容

iPS 細胞より分化誘導し得られた心筋細胞集団において、シングルセル ATAC-seq および RNA-seq の統合解析を行い、亜集団の割合とそれぞれの機能の予測を行い、それぞれの集団の形成に関わる転写因子を予測した。



Case3 複数転写因子の ChIP-seq・RNA-seq 統合解析による複合体形成予測

■ 研究機関

発生生物学研究室

■ 普段の活動

胚発生過程における細胞運命決定や組織パターン形成のメカニズムを研究しており、特に転写因子の協調作用による遺伝子発現制御が、体軸形成、神経系の分化、臓器形成にどのように関与するかを解析している。モデル生物（マウス、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ）を用いた in vivo 実験と、ES/iPS 細胞を用いた in vitro 分化誘導実験を組み合わせている。

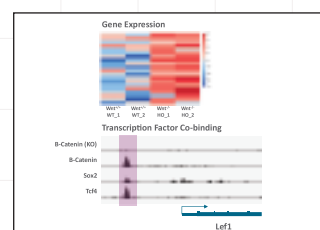


■ 研究目的

- ・胚発生過程における転写因子ネットワークの新たなモデルの構築。
- ・細胞運命決定機構の解明により、再生医療や先天性疾患の理解に貢献。
- ・体軸形成や臓器形成の時間 - 空間的制御を数理モデルを用いたシミュレーション。
- ・発生異常症（例：脊髄形成不全、先天性心疾患）の原因遺伝子の特定および機能解明。

■ 対応した内容

複数転写因子の関わる細胞制御において、各転写因子の ChIP-seq データを用いて複合体形成を予測し、RNA-seq データと組み合わせることによってどのような役割を果たすか予測した。



1



お問い合わせ

ご希望の解析内容を弊社営業担当者にお問い合わせいただくか、弊社Webサイトよりご相談ください。

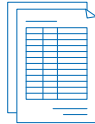
2



ヒアリング

必要に応じてWebミーティングを実施し、解析に対するご要望をお伺いします。

3



お見積り

実施する解析内容に対するお見積価格をご案内します。

4



専用フォームへご記入

サンプル情報を専用の依頼フォームにご記入いただきます。

5



ご発注

弊社でRaw Dataの取得から実施する場合

解析する検体の核酸(抽出から実施する場合は組織や細胞など)を弊社にご送付ください。

すでにお持ちのシーケンスデータから解析する場合

データを保管した記録媒体を弊社にご送付いただくか、弊社がダウンロード可能なクラウドサーバーにデータのアップロードをお願いします。

(弊社からクラウドサーバーのご案内も可能ですのでご遠慮なくご相談ください)

お問い合わせ先

株式会社 Rhelixa 受託営業チーム 宛

〒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 (直通) ✉ Email : sales-support@rhelixa.com

お問い合わせは
こちら



[https://www.rhelixa.com/
service/form/](https://www.rhelixa.com/service/form/)



受託メニュー一覧（ライブラリー調製＋シーケンス）

01 トランスクリプトーム解析

 真核生物 RNA-seq (Poly-A 選択法 ,Strand-specific)	 真核生物 RNA-seq (rRNA除去法 ,Strand-specific)	 原核生物 RNA-seq (rRNA 除去法 ,Strand-specific)
 真核生物微量 RNA-seq (Poly-A 選択法 ,non-stranded)	 真核生物 RNA-seq (分解・FFPE RNA 用プラン,Strand-specific)	 真核生物 RNA-seq (グロビン除去法＋rRNA除去法 , Strand-specific)
 Small RNA-seq		

02 エピゲノム解析

 ATAC-seq	 ChIP-seq	 ヒトDNAメチル化アレイ解析 (Infinium MethylationEPIC v2.0)
 ヒトDNAメチル化アレイ解析 (Infinium Methylation Screening Array)	 RRBS	 WGBS

03 シングルセル解析 / 04 空間トランスクリプトミクス

 シングルセル/核 3' RNA-seq	 シングルセル ATAC-seq	 シングルセルマルチオーム
 Visium空間的遺伝子発現解析 (Visium CytAssist FFPE)		

05 ゲノム解析

 WGS (全ゲノムシーケンス)	 WES (全エクソームシーケンス)
---	---

06 ロングリード解析

 Pacbioロングリード シーケンス	 Nanoporeロングリード シーケンス
---	---

07 菌叢解析

 ショットガンメタゲノム シーケンス	 16S rRNAアンプリコン シーケンス	 ITS rRNAアンプリコン シーケンス
--	---	---

08 シーケンスのみ

 調製済ライブラリー シーケンス
--

Rhelixa

Decoding Life, Creating Future

レリクサ 解析



<https://www.rhelixa.com/>