



長庚大學分子醫學研究中心

Chang Gung Molecular Medicine Research Center

技術服務平台說明會

2017.09.13

第二醫學大樓會議廳(三)

Chang Gung Molecular Medicine Research Center

Integrated technology platforms (>US\$ 10 million)

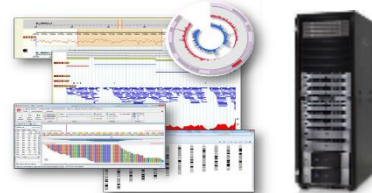
Genomics



Next Generation Sequencing



Multiplex quantitative PCR



Bioinformatics



Pyrosequencing

Digital PCR

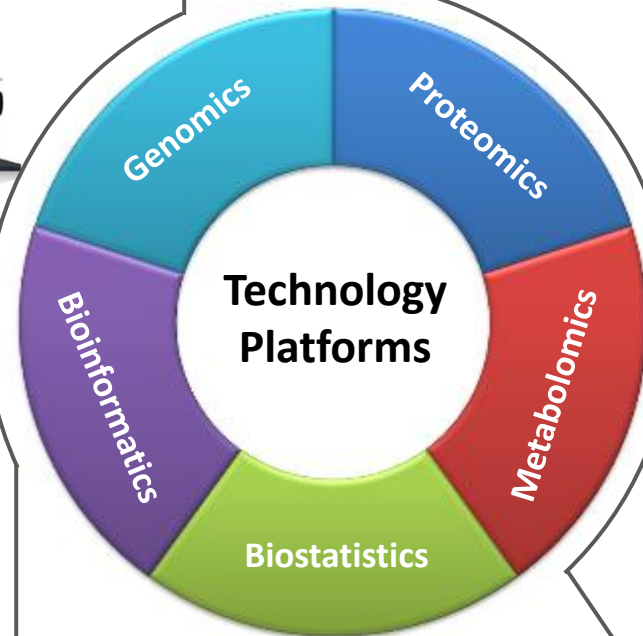
Proteomics



LTQ-orbitrap MS (for proteome quantification) Q-trap 5500 /6500 MS (for MRM quantification)



Bioplex (for multiplex protein quantification)



- ✓ High quality data
- ✓ High throughput
- ✓ High sensitivity
- ✓ Multiple targets
- ✓ Quantitation
- ✓ Big data

Metabolomics



Q-TOF MS (for metabolite identification)



FT-MS (for metabolite accurate mass detection)

說明會流程

1. 蛋白質體分析平台---游佳融 副教授
2. 次世代定序基因體分析平台---劉軒 助理教授
3. 生物資訊分析平台---陳亭妘 助理研究員
4. microRNA偵測平台---陳嘉君 助理研究員
5. 申請流程及注意事項---吳啟生 助理研究員
6. Q & A



長庚大學分子醫學研究中心

Chang Gung Molecular Medicine Research Center

長庚大學蛋白質體核心實驗室 服務說明



游佳融 副教授

長庚大學蛋白質體核心實驗室網頁

<http://163.25.92.61/core/Proteomics/services.htm>

Services

Home
Introduction
Research
Instrument
Techniques
Services
Publications
International Collaborations
Download
Links
Contact

公告與聲明
服務項目暨收費標準
送件流程及申請表
申請者需知
服務成效



一.公告與聲明

- 申請貴儀中心使用費用。長庚體系欲使用蛋白質體核心設施表列之「項目」，請編列貴儀中心使用費用，並於網路下載「蛋白質體核心實驗室聯辦表單」。
- 向本實驗室申請表列之各項服務或技術支援者，請簽署「同意書」，同意於成果發表時於文章的致謝欄 (Acknowledgment) 中載明。並於文章被正式接受發表後，白質水解、質譜數據取得及分析等內容，本實驗室將提供說明。
- 非蛋白質體核心設施表列之「服務項目」，以學術合作方式執行，其成果之分享等相關細節（如作者排序）則依一般學術合作慣例，由合作研究者自行擬定。

二.服務項目暨收費標準

● 服務項目:

- 2D-PAGE
- Gel staining
- Image analysis
- In-gel digestion
- MALDI-TOF PMF (peptide mass fingerprinting)
- MALDI-TOF/TOF (peptide sequencing)
- MS data analysis
- LC-MS/MS
- Multiplex Immunoassay system

● 收費標準:

- 詳見「蛋白質電泳暨分析」服務申請表
- 詳見「MALDI-TOF質譜分析」服務申請表
- 詳見蛋白質體技術平台(一)「液相層析串聯式質譜分析」服務申請表
- 詳見蛋白質體技術平台(二)「多個蛋白質免疫學同步定量分析」服務申請表

三.送件流程

欲申請或使用本核心實驗室資源及服務者，請依照本實驗室服務申請流程自行評估適當做法後，並詳讀申請者須知後，再檢附申請表或現有計劃書 proposal，



©2006
Proteomics Core Lab.

服務項目

- 詳見"蛋白質電泳暨分析"服務申請表
- 詳見"MALDI-TOF質譜分析"服務申請表
- 詳見蛋白質體技術平台(一)"液相層析串聯式質譜分析"服務申請表
- 詳見蛋白質體技術平台(二)"多個蛋白質免疫學同步定量分析"服務申請表

1. 送件樣品資訊 (Sample Information)

樣品名稱(names)		樣品數量(number):	
樣品來源(species)		樣品量(μg or nmol):	
樣品體積(μl)		樣品濃度(Conc., μM):	

2. 樣品量之估計方法 (e.g., BCA protein assay) :

3. 樣品可容許之儲存條件(可複選): ☐ 25°C ☐ 4°C ☐ -20°C ☐ -80°C

4. 送件樣品種類 (Sample type)

<http://163.25.92.61/core/Proteomics/services.htm>

I:二維電泳

服務項目與收費

蛋白質電泳暨分析 (委託服務)		
服務項目	服務項目	單價(NT)
7cm (片)	不染色	700
	Coomassie blue	1700
	Silver stain	2000
	Ruby stain	4000
13cm (片)	不染色	1400
	Coomassie blue	2000
	Silver stain	2500
	Ruby stain	7500
24cm (片)	不染色	2520
	Coomassie blue	3600
	Silver stain	4500
	Ruby stain	13500

二維電泳服務 報告範例

20170425

Sample 17(300 μ g)

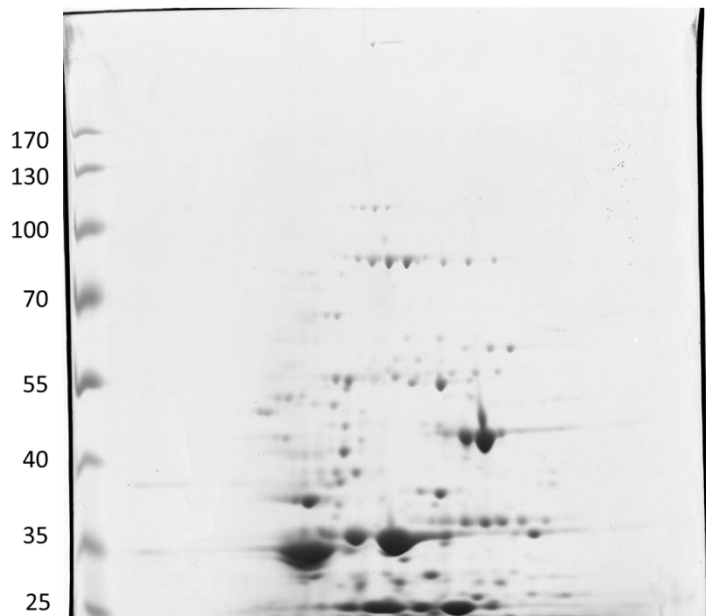
Conc. 9.371 μ g/ μ l

Loading 10.671 μ l

10% SDS-PAGE

Coomassie blue stain

pH 3 → pH 10



20170425

Sample 17(100 μ g)

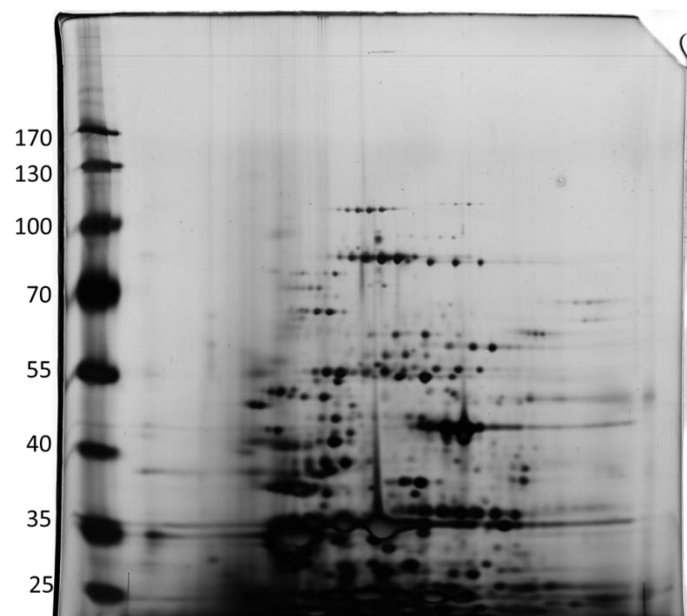
Conc. 9.371 μ g/ μ l

Loading 10.671 μ l

10% SDS-PAGE

Silver stain

pH 3 → pH 10



II: MALDI-TOF 質譜分析

服務項目與收費

蛋白質酵素水解/質譜分析(MALDI-TOF)	
服務項目(1-4委託服務)	單價(NT)
1.膠體內蛋白質酵素水解	1000/件
2.胜肽或蛋白質質譜圖(MS)之取得	300/件
3. 胜肽結構解析質譜圖(MS/MS)之取得	500/件
4.資料庫比對分析(MS peptide mass fingerprinting或MS/MS sequencing)	300/件
5. 蛋白質質譜取得雷射槍數 (自行上機，需認證)	1/300槍

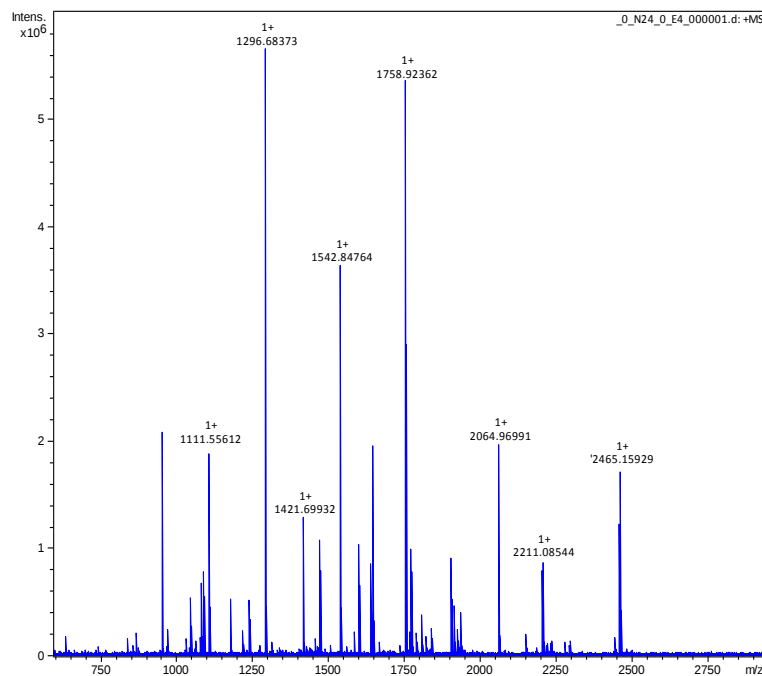
MALDI-TOF 質譜分析服務

報告範例

1. Peptide 資訊

m/z	z	Intensity
870.5413	1+	196410
973.5282	1+	224895
1051.528	1+	515475
1086.489	1+	689140
1094.511	1+	350405
1094.532	1+	818033
1111.556	1+	1948167
1181.664	1+	549086
1244.63	1+	501612
1296.684	1+	5561209
1421.699	1+	1224676
1461.639	1+	133013
1477.628	1+	1019241
1542.848	1+	3449901
1605.723	1+	877985
1643.904	1+	880386
1650.981	1+	1884109
1758.924	1+	5345647
1771.993	1+	181948
1777.865	1+	884614
1794.831	1+	189701
1811.872	1+	378925
1844.9	1+	240061
1908.882	1+	876992
1918.847	1+	468057
1929.851	1+	251886
1939.959	1+	380183
2064.97	1+	1980774
2155.081	1+	188802
2211.085	1+	894386
2239.115	1+	134994
2448.155	1+	175823
2465.159	1+	1751602

2. 質譜圖譜 (m/z vs. intensity)



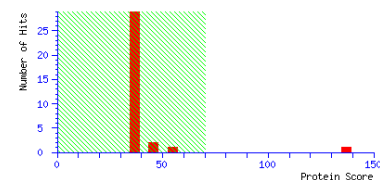
3. 比對結果 (ID, score, peptide....)

MATRIX SCIENCE Mascot Search Results

User : harry
 Email : 4203yinli@yahoo.com.tw
 Search title :
 Database : SwissProt 2017_08 (555426 sequences; 198919479 residues)
 Timestamp : 7 Sep 2017 at 02:25:28 GMT
 Top Score : 137 for **ANXA2_BOVIN**, Annexin A2 OS=Bos taurus GN=ANXA2 PE=1 SV=2

Mascot Score Histogram

Protein score is $-10 \cdot \log(P)$, where P is the probability that the observed match is a random event. Protein scores greater than 70 are significant ($p < 0.05$).



Concise Protein Summary Report

Format As: Concise Protein Summary [Help](#)

Significance threshold $p < 0.05$ Max. number of hits: AUTO

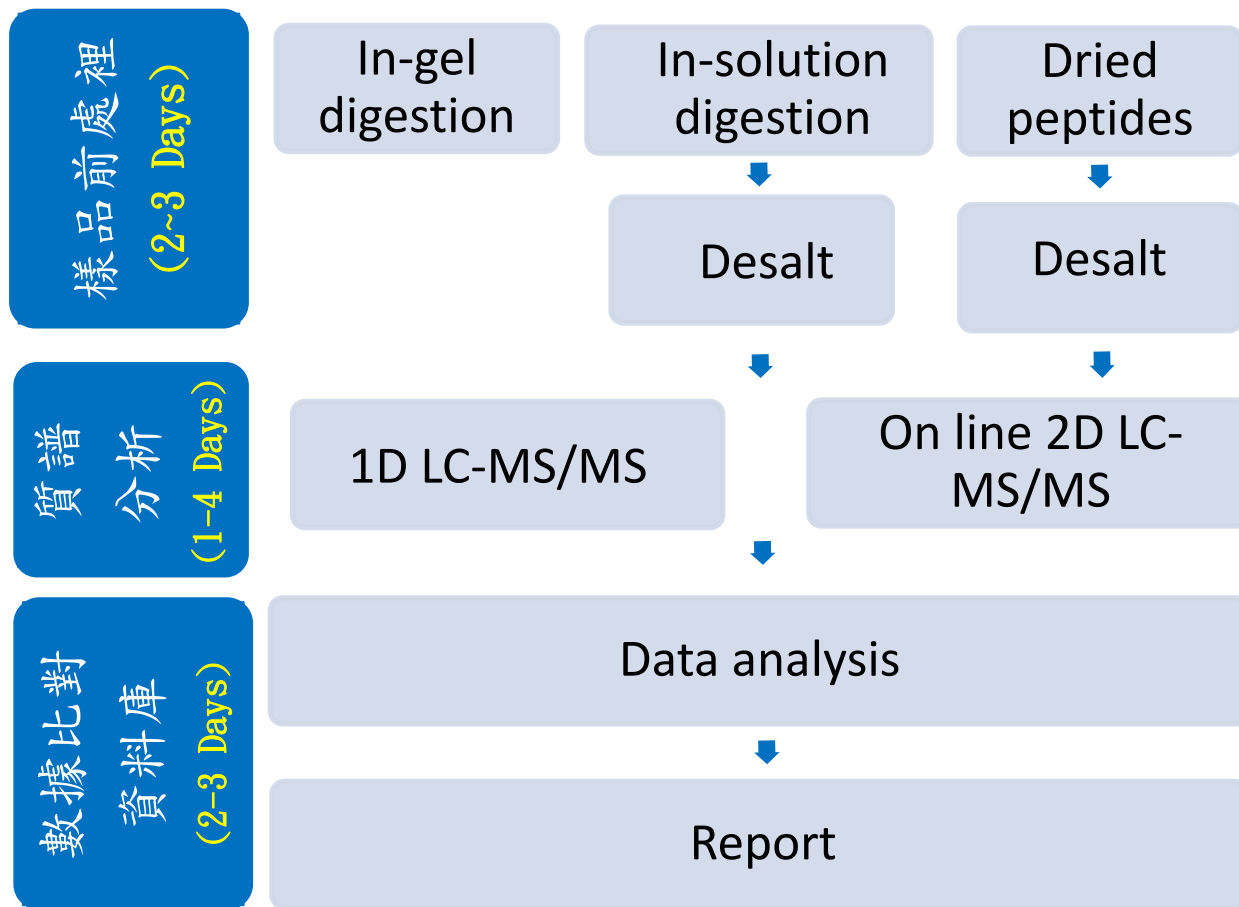
Preferred taxonomy: All entries

[Re-Search All](#) [Search Unmatched](#)

- ANXA2_BOVIN** Mass: 38873 Score: **137** Expect: 1.1e-08 Matches: 10
 Annexin A2 OS=Bos taurus GN=ANXA2 PE=1 SV=2
ANXA2_CANIS Mass: 38915 Score: **137** Expect: 1.1e-08 Matches: 10
 Annexin A2 OS=Canis lupus familiaris GN=ANXA2 PE=1 SV=1
ANXA2_HUMAN Mass: 38808 Score: **137** Expect: 1.1e-08 Matches: 10
 Annexin A2 OS=Homo sapiens GN=ANXA2 PE=1 SV=2
ANXA2_PONAB Mass: 38808 Score: **137** Expect: 1.1e-08 Matches: 10
 Annexin A2 OS=Pongo abelii GN=ANXA2 PE=2 SV=1
ANXA2_SHEEP Mass: 38873 Score: **137** Expect: 1.1e-08 Matches: 10
 Annexin A2 OS=Ovis aries GN=ANXA2 PE=1 SV=1

III:液相層析串聯式質譜分析

分析項目流程



收費標準

服務項目		單價 (元)		數量(件)
		☐ 長庚體系	☐ 非長庚體系	
樣品前處理	膠體內蛋白質水解 (in-gel digestion)	1,000元/件	2,500元/件	
	溶液態蛋白質水解 (in-solution digestion)	1,500元/件	3,750元/件	
	樣品淨化處理 (樣品種類為 dried peptides)	800元/件	2000元/件	
	離線磷酸化胜肽富集 (off-line TiO ₂ enrichment)	1,000元/件	2,500元/件	
質譜分析	一維液相層析串聯式質譜分析 (1D LC-MS/MS)	1,000元/小時	2,500元/小時	總時數_____小時
	線上二維液相層析串聯式質譜分析 (on-line 2D LC-MS/MS)	1,500元/小時	3,750元/小時	總時數_____小時
質譜數據資料庫比對分析 (data analysis)		200元/小時數據	500元/小時數據	總時數_____小時
總時數計算		一維：___件各___小時；___件各___小時；___件各___小時； 二維：___件各___小時；___件各___小時；___件各___小時；___件各___小時		

* 質譜分析時間之規格如下：

1D LC-MS/MS：共有1、1.5、及2小時等三種。

2D LC-MS/MS：共有12、24、48、及72小時等四種。

液相層析串聯式質譜分析

報告範例

Protein identification: Protein accession, description, unique peptides, PSM, MW, pI...

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
Accession	Description	Score	Coverage	# Unique Peptides	# Peptides	# PSMs	Area	# AAs	MW [kDa]	calc. pI	
P04264	Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6 -	3147.88	57.14	33	36	80	1.237E8	644	66.0	8.12	
P18124	60S ribosomal protein L7 OS=Homo sapiens GN=RPL7 PE=1 SV=1 - [RL	888.96	47.18	16	16	32	1.071E8	248	29.2	10.65	
P13645	Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6	2030.86	42.98	19	21	47	6.565E7	584	58.8	5.21	
P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1	1965.80	45.23	18	24	47	6.551E7	639	65.4	8.00	
P05141	ADP/ATP translocase 2 OS=Homo sapiens GN=SLC25A5 PE=1 SV=7 - [A	1931.31	50.67	9	19	49	6.551E7	298	32.8	9.69	
P62701	40S ribosomal protein S4, X isoform OS=Homo sapiens GN=RPS4X PE=1	1065.19	44.11	12	12	32	6.497E7	263	29.6	10.15	
P12236	ADP/ATP translocase 3 OS=Homo sapiens GN=SLC25A6 PE=1 SV=4 - [A	980.46	30.87	4	12	26	5.767E7	298	32.8	9.74	
P35527	Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3 -	1824.96	38.68	18	18	49	4.042E7	623	62.0	5.24	

*** Protein quantification:** identification information and quantitative ratio.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
1	Accession	Description	ΣCoverage	Σ# Proteins	# Unique Peptide	Σ# Peptides	Σ# PSMs	A1: 115/114	A1: 115/114 Count	A1: 115/114 Variability [%]	# AAs	MW [kDa]	calc. pI
2	P60709	Actin, cytoplasmic 1 OS=Ho	67.20	7	8	19	303	1.621	88	41.9	375	41.7	5.48
3	P14618	Pyruvate kinase PKM OS=H	29.57	2	16	16	233	1.085	204	35.2	531	57.9	7.84
4	P11142	Heat shock cognate 71 kDa	51.70	5	17	26	228	1.442	128	35.3	646	70.9	5.52
5	P35579	Myosin-9 OS=Homo sapiens	29.80	2	39	50	207	1.664	134	32.1	1960	226.4	5.60
6	P07900	Heat shock protein HSP 90-α	39.75	5	13	25	206	1.610	57	29.5	732	84.6	5.02
7	Q9Y490	Talin-1 OS=Homo sapiens C	25.58	2	48	48	201	1.744	171	37.4	2541	269.6	6.07
8	P68104	Elongation factor 1-α	30.95	3	11	11	188	1.087	168	23.0	462	50.1	9.01
9	P68032	Actin, α cardiac muscle	34.48	4	1	12	185	4.793	1		377	42.0	5.39
10	P08238	Heat shock protein HSP 90-β	42.68	4	15	28	183	1.288	60	34.9	724	83.2	5.03
11	P11021	78 kDa glucose-regulated p	40.52	1	24	26	166	1.772	117	34.7	654	72.3	5.16
12	P10809	60 kDa heat shock protein, i	39.79	1	20	20	155	1.052	142	38.8	573	61.0	5.87
13	P14204	Cytochrome c OS=Homo sapiens	20.28	1	22	22	150	1.476	121	38.8	1666	52.1	6.40

*** 穩定同位素標定樣品 (ex. iTRAQ 或 SILAC)，則需使用者自行完成標定或與核心實驗室 PI 合作。**

IV:多個蛋白質免疫學同步定量分析

服務項目及收費標準

Bio-Plex/Luminex服務項目	收費標準	
	長庚體系	非長庚體系
1. 體液中蛋白質濃度測定	NT 500元/樣本 (標準品與試劑組另計)	NT 700元/樣本 (標準品與試劑組另計)
2. 體液中自體抗體相對量測定	NT 500元/樣本 (標準品與試劑組另計)	NT 700元/樣本 (標準品與試劑組另計)

標準品與試劑組

3. 免疫學定量分析服務項目 (Service item)

(1). 蛋白濃度測定 (BioPlex/Luminex-based detection of proteins)

☐ 申請人自行購買 BioPlex/Luminex kit，產品種類：

☐ BioPlex kit 名稱：_____

☐ Luminex kit 名稱：_____

☐ 類似產品廠牌與名稱：_____

☐ 申請人委託購買 BioPlex/Luminex kit

☐ BioPlex kit 名稱：_____

☐ Luminex kit 名稱：_____

☐ 類似產品廠牌與名稱：_____

(2). 自體抗體相對量測定 (BioPlex/Luminex-based detection of auto-antibody)

☐ 申請人自行準備自體抗原 (auto-antigen)

自體抗原數量：_____ 名稱：_____

☐ 申請人委託購買自體抗原 (auto-antigen)

自體抗原數量：_____ 名稱：_____

蛋白質免疫學同步定量分析平台 服務報告

1. 體液中蛋白質濃度測定

一、小量初步檢測分析報告

Kit producer	Kit (Cat. No.)	Analytes	Sample type (dilution factor)
Bio-Rad			
R&D			
Millipore			
Home-made			

三、分析方法撰寫

二、大量樣本檢測分析報告 (Protein vs. Concentration)

Case ID	p53	BSA	ANXA2	KNG1	MMP1	CA2	ISG1
A	579.5	501	1647.5	1370	920	943.5	2676
B	759	478	1335	8323	1159.5	1719	2502
C	1554.5	327	843	1822.5	1493.5	1384	3403
D	659	493	1435	1180	808	1971	2172
E	776.5	534	1393	3546	1890.5	1756	3029
F	1177	197	1071	904	730.5	1072.5	2231
G	1867	258.5	1737.5	2816	2319	1705	3063
H	1628	190	2925	3330	1076	1760	3076
I	1660	681	1547.5	1623	1490.5	1352	2646
J	703	188	735	1147	1654	1194.5	3470.5
K	304.5	164	488.5	1988	812	870	2711.5
L	433	285	811	1485	2036	1038.5	3760.5

分析皆含樣本與試劑組品質初步檢測與後續大量樣本檢測。

蛋白質免疫學同步定量分析平台

報告範例

2. 體液中自體抗體相對量測定

一、小量初步檢測分析報告

IgA/IgM	Antigen	Sample type	dilution factor

三、分析方法撰寫

二、大量樣本檢測分析報告 (Anti-protein vs. Median Fluorescence Intensity)

Case ID	Anti-p53	Anti-BSA	Anti-ANXA2	Anti-KNG1
A	579.5	501	1647.5	1370
B	759	478	1335	8323
C	1554.5	327	843	1822.5
D	659	493	1435	1180
E	776.5	534	1393	3546
F	1177	197	1071	904
G	1867	258.5	1737.5	2816
H	1628	190	2925	3330
I	1660	681	1547.5	1623
J	703	188	735	1147
K	304.5	164	488.5	1988
L	433	285	811	1485

分析皆含樣本與試劑組品質初步檢測與後續大量樣本檢測。



長庚大學分子醫學研究中心

Chang Gung Molecular Medicine Research Center

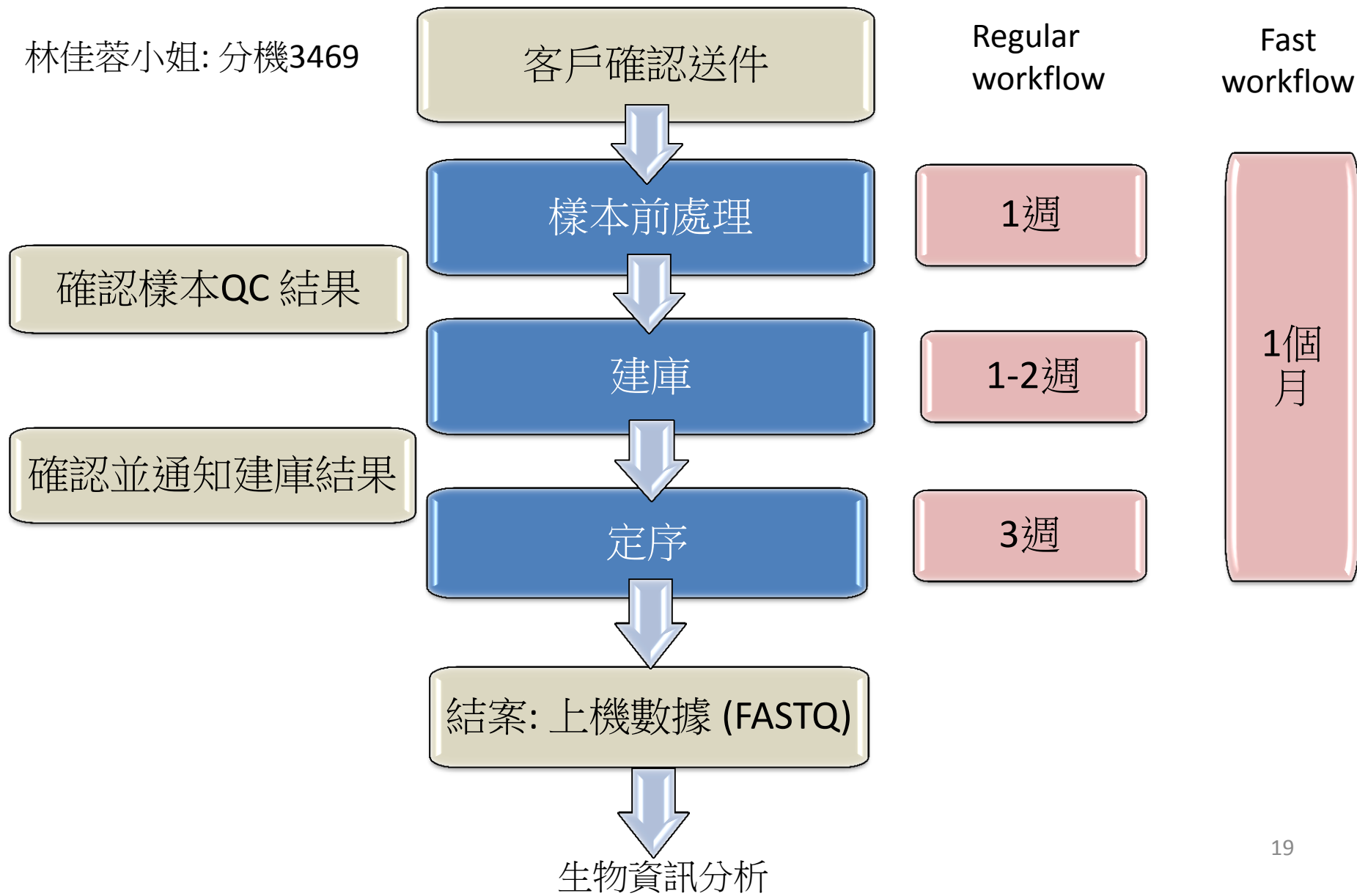


長庚大學次世代定序基因體核 心實驗室服務說明

劉軒 助理教授

次世代高通量定序工作流程圖

林佳蓉小姐: 分機3469



高通量測序平台：Illumina 測序平台



NextSeq 500

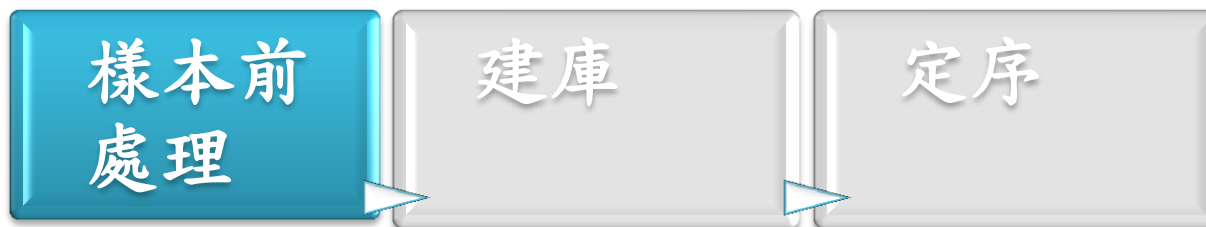


MiSeq

服務項目



服務項目



收費標準

服務項目	單價 (元)	
	☐ 長庚體系	☐ 非長庚體系
A. 核酸萃取費 (DNA/RNA)	500元/樣本	650元/樣本
B. 核酸QC費	750元/樣本	900元/樣本
C. Library QC費	750元/樣本	900元/樣本



收費標準

服務項目	單價 (元)	
	☐ 長庚體系	☐ 非長庚體系
DNA (whole genome, ChIP seq)	9,000元/樣本	11,700元/樣本
Exome	10,000元/樣本	13,000元/樣本
polyA RNA	8,000元/樣本	10,400元/樣本
Ribominus RNA	12,000元/樣本	15,600元/樣本
Coding RNA	15,000元/樣本	19,500元/樣本
Small RNA(microRNA)	13,000元/樣本	16,900元/樣本

Types of RNA sequencing

Types	% of total RNA	RNA quality requirement	Sequencing throughput requirement	Types of RNA detected
PolyA RNA	1%	RIN>8 (high quality)	25M	mRNA lncRNA
Ribominus RNA	15%	degrade RNA	>50 M	mRNA, lncRNA nocoding RNA circular RNA
Targeted RNA sequencing (coding)	~1%	degraded RNA (DV200>30%)	25M	mRNA lncRNA circular RNA

服務項目



收費標準

* 定序價格：依照**長度**，**深度**，而有所不同

服務項目	單價 (元)
	☐ 長庚體系
Exome sequencing: 150 cycles (2*75 PE)	
20M	13,000元/樣本
40M	26,000元/樣本
80M	52,000元/樣本
Exome sequencing: 300 cycles (2*150 PE)	
20M	20,000元/樣本
40M	40,000元/樣本
80M	80,000元/樣本

其他

收費標準

服務項目	單價 (元)
	☐ 長庚體系
Microbiome-16S Library construction and Sequencing	3,500元/樣本
275 target gene panel library construction and sequencing	31,000/樣本
客製化gene panel	請洽專案人員

次世代高通量定序完整流程價目參考表



NGS 應用	價格
•全外顯子組測序(Whole exome sequencing): 100x	36,000
•275標的基因測序(targeted re-sequencing)	31,000
•轉錄體測序(Transcriptome sequencing)	24,250-30,000
•染色質免疫沉澱測序 (ChIP sequencing)	15,000-18,000
•微小RNA 測序(Small RNA sequencing)	16,500-2,0000
•細菌16S 測序(Bacterial 16S sequencing)	3500
•外吐小體微小RNA測序 (exosome small RNA sequencing)	16,500-20,000
•細胞外游離DNA測序 (cfDNA target sequencing), 275gene pannel	31,000
•免疫譜測序 (Immune repertoire sequencing)	Coming soon.....
•DNA甲基化測序(Methylation sequencing)	Coming soon.....
•單細胞轉錄體測序 (Single cell RNA sequencing)	test



長庚大學分子醫學研究中心

Chang Gung Molecular Medicine Research Center

長庚大學生物資訊分析平台 服務說明

陳亭紋 助理研究員

服務申請流程



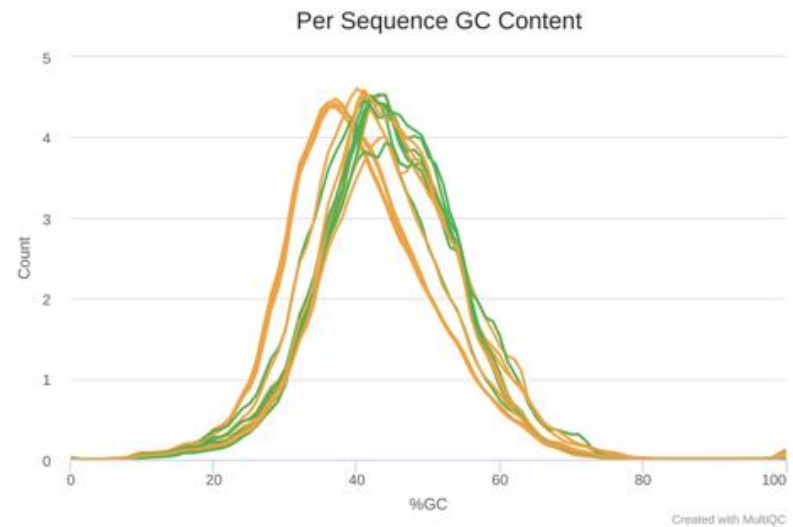
服務項目

#No.	項目	收費標準-長庚體系	收費標準-非長庚體系
1	RNA sequencing data analysis (25M reads/單位)	NT 2,500元/單位	NT 3,300元/單位
2	Small RNA sequencing data analysis (20M reads/單位)	NT 1,500元/單位	NT 2,000元/單位
3	Human exome sequencing data analysis (40M reads/單位)	NT 4,000元/單位	NT 5,200元/單位
4	Panel 平台分析	NT 1,000元/單位	NT 1,300元/單位
5	Bacteria 16S metagenome sequencing analysis (60樣本以下)	NT 1,000元/單位	NT 1,500元/單位
6	Bacteria 16S metagenome sequencing analysis (61~100樣本)	NT 2,000元/單位	NT 4,000元/單位
7	視覺化整合與客製化分析(電洽)		

分析皆含樣本數據品質檢測、前處理與伺服器核心使用費

生資服務報告

- 序列品質檢查 (FastQC)



生資服務報告

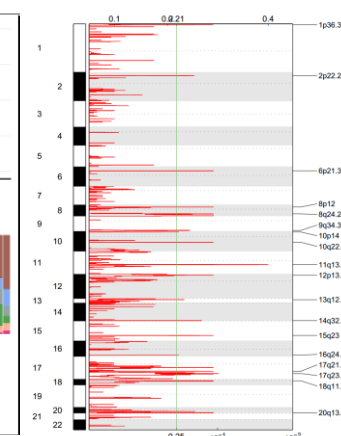
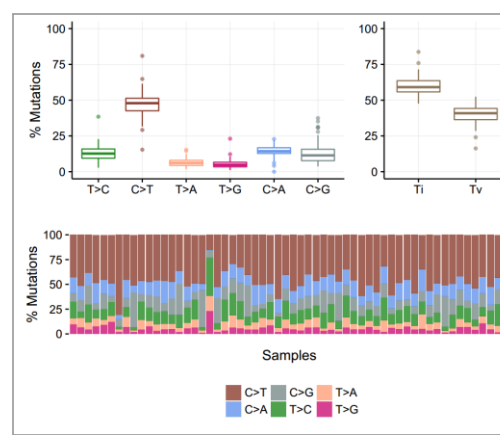
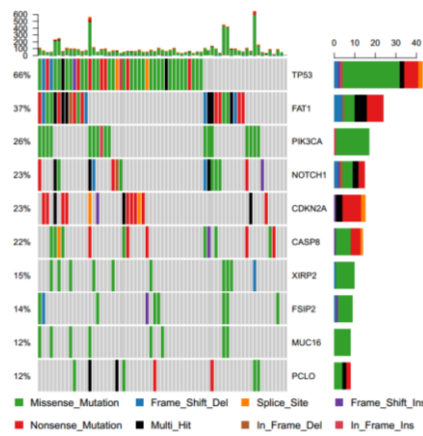
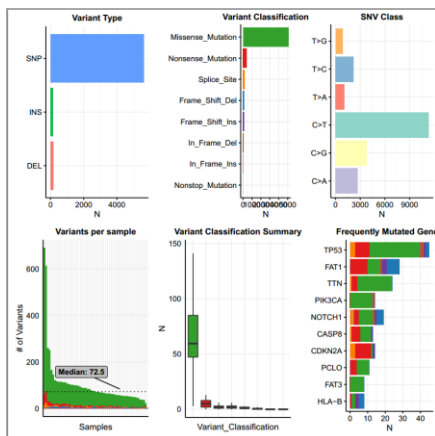
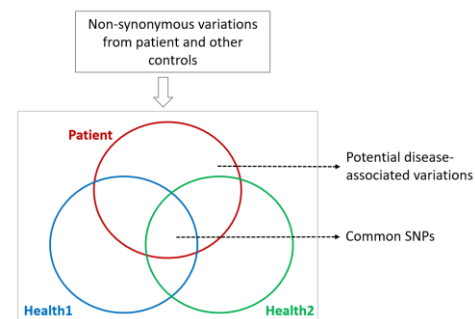
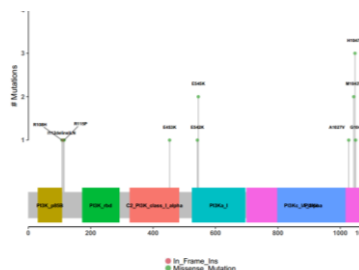
• Human exome sequencing data/Panel 平台

Annotated variants (maf)

Sample	Gene	Position	Ref	Alt	AF	AC	AN	DP	AD	AS	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AV	AW	AX	AY	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR	BS	BT	BV	BW	BX	BY	BZ	CA	CB	CC	CD	CE	CF	CG	CH	CI	CJ	CK	CL	CM	CN	CO	CP	CQ	CR	CS	CT	CU	CV	CW	CX	CY	CZ	DA	DB	DC	DD	DE	DF	DG	DH	DI	DJ	DK	DL	DM	DN	DO	DP	DQ	DR	DS	DT	DU	DV	DW	DX	DY	DZ	EA	EB	EC	ED	EE	EF	EG	EH	EI	EJ	EK	EL	EM	EN	EO	EP	EQ	ER	ES	ET	EU	EV	EW	EX	EY	EZ	FA	FB	FC	FD	FE	FF	FG	FH	FI	FJ	FK	FL	FM	FN	FO	FP	FQ	FR	FS	FT	FU	FV	FW	FX	FY	FZ	GA	GB	GC	GD	GE	GF	GG	GH	GI	GJ	GK	GL	GM	GN	GO	GP	GQ	GR	GS	GT	GU	GV	GW	GX	GY	GZ	HA	HB	HC	HD	HE	HF	HG	HH	HI	HJ	HK	HL	HM	HN	HO	HP	HQ	HR	HS	HT	HU	HV	HW	HX	HY	HZ	IA	IB	IC	ID	IE	IF	IG	IH	II	IJ	IK	IL	IM	IN	IO	IP	IQ	IR	IS	IT	IU	IV	IW	IX	IY	IZ	JA	JB	JC	JD	JE	JF	JG	JH	JI	IJ	JK	JL	JM	JN	JO	JP	JQ	JR	JS	JT	JU	JV	JW	JX	JY	JZ	KA	KB	KC	KD	KE	KF	KG	KH	KI	KJ	KK	KL	KM	KN	KO	KP	KQ	KR	KS	KT	KU	KV	KW	KX	KY	KZ	LA	LB	LC	LD	LE	LF	LG	LH	LI	LJ	LK	LL	LM	LN	LO	LP	LQ	LR	LS	LT	LU	LV	LW	LX	LY	LZ	MA	MB	MC	MD	ME	MF	MG	MH	MI	MJ	MK	ML	MM	MN	MO	MP	MQ	MR	MS	MT	MU	MV	MW	MX	MY	MZ	NA	NB	NC	ND	NE	NF	NG	NH	NI	NJ	NK	NL	NM	NN	NO	NP	NQ	NR	NS	NT	NU	NV	NW	NX	NY	NZ	OA	OB	OC	OD	OE	OF	OG	OH	OI	OJ	OK	OL	OM	ON	OO	OP	OQ	OR	OS	OT	OU	OV	OW	OX	OY	OZ	PA	PB	PC	PD	PE	PF	PG	PH	PI	PJ	PK	PL	PM	PN	PO	PP	PQ	PR	PS	PT	PU	PV	PW	PX	PY	PZ	QA	QB	QC	QD	QE	QF	QG	QH	QI	QJ	QK	QL	QM	QN	QO	QP	QQ	QR	QS	QT	QU	QV	QW	QX	QY	QZ	RA	RB	RC	RD	RE	RF	RG	RH	RI	RJ	RK	RL	RM	RN	RO	RP	RQ	RR	RS	RT	RU	RV	RW	RX	RY	RZ	SA	SB	SC	SD	SE	SF	SG	SH	SI	SJ	SK	SL	SM	SN	SO	SP	SQ	SR	SS	ST	SU	SV	SW	SX	SY	SZ	TA	TB	TC	TD	TE	TF	TG	TH	TI	TJ	TK	TL	TM	TN	TO	TP	TQ	TR	TS	TT	TU	TV	TW	TX	TY	TZ	UA	UB	UC	UD	UE	UF	UG	UH	UI	UJ	UK	UL	UM	UN	UO	UP	UQ	UR	US	UT	UU	UV	UW	UX	UY	UZ	VA	VB	VC	VD	VE	VF	VG	VH	VI	VJ	VK	VL	VM	VN	VO	VP	VQ	VR	VS	VT	VU	VV	VW	VX	VY	VZ	WA	WB	WC	WD	WE	WF	WG	WH	WI	WJ	WK	WL	WM	WN	WO	WP	WQ	WR	WS	WT	WU	WV	WW	WX	WY	WZ	XA	XB	XC	XD	XE	XF	XG	XH	XI	XJ	XK	XL	XM	XN	XO	XP	XQ	XR	XS	XT	XU	XV	XW	XX	XY	XZ	YA	YB	YC	YD	YE	YF	YG	YH	YI	YJ	YK	YL	YM	YN	YO	YP	YQ	YR	YS	YT	YU	YV	YW	YX	YY	YZ	ZA	ZB	ZC	ZD	ZE	ZF	ZG	ZH	ZI	ZJ	ZK	ZL	ZM	ZN	ZO	ZP	ZQ	ZR	ZS	ZT	ZU	ZV	ZW	ZX	ZY	ZZ
--------	------	----------	-----	-----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----

Variant counts for each sample

Tumor_Sample_Barcode	Frame_Shift_Del	Frame_Shift_Ins	ICR	In_Frame_Del	In_Frame_Ins	Intron	Missense_Mutation	Nonsense_Mutation	RNA	Silent	Splice_Site	Total
OP19	0	1	0	0	0	0	526	262	28	378	156	43 1394
P16	1	0	4	0	0	0	452	311	28	333	115	34 1278
P55	1	1	1	0	0	0	188	122	10	128	41	9 501
P01	1	1	0	1	0	0	179	109	15	116	49	14 465
P48	2	0	1	1	0	0	111	92	7	86	27	8 325
P40	0	1	2	0	0	0	105	70	4	82	13	11 288
P59	0	1	0	0	0	0	101	58	6	81	31	9 287
P36	3	1	1	1	0	0	113	55	5	62	17	8 266
P39	3	4	0	0	0	0	90	59	3	69	17	9 254

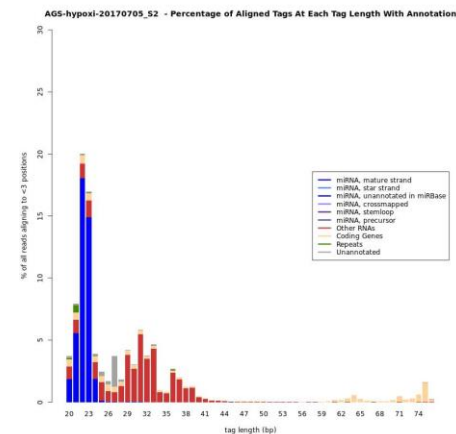
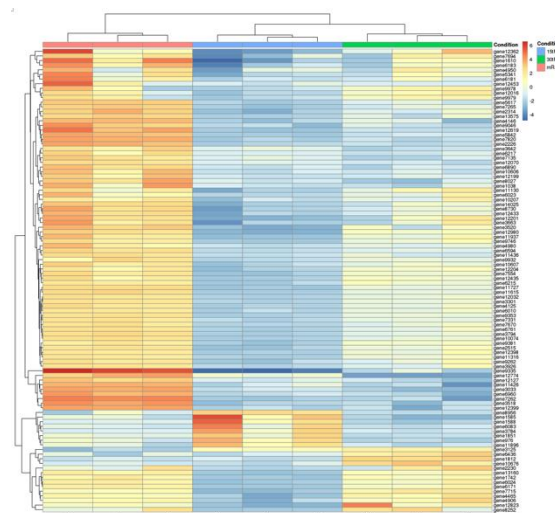
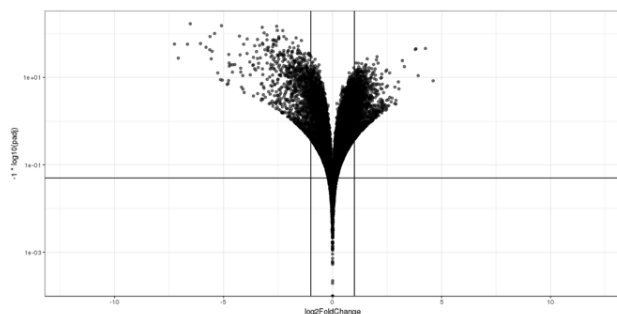
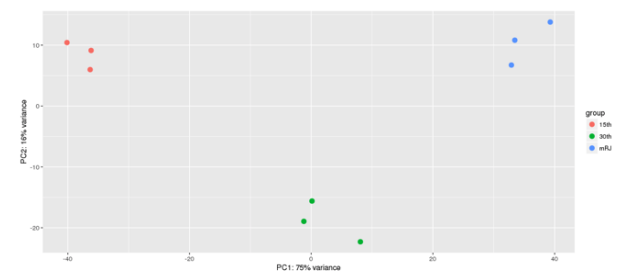
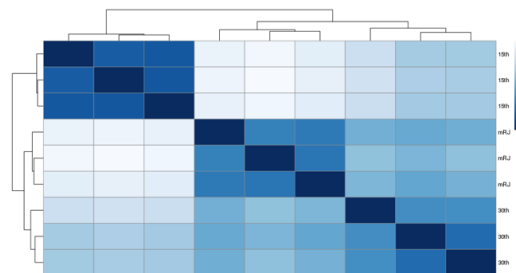


生資服務報告

• RNA sequencing/Small RNA sequencing

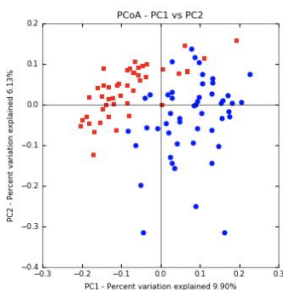
Table 1. Mapping summary⁴²

Sample ID	18h-1	18h-2	18h-3	30h-1	30h-2	30h-3	ML2-1	ML2-2	ML2-3
Number of input reads	27022370	26268254	27334863	24444894	24738014	24569199	24444119	24894380	22961871
Mapping speed, Million of reads per hour	371.3	402.41	377.03	289.48	136.8	155.87	94.52	171.06	132.65
UNIQUE READS									
Uniquely mapped reads number	25132562	24723035	25749842	22430071	18260437	20437261	22053609	22701322	20537130
Uniquely mapped reads %	93.01%	94.12%	94.20%	91.72%	73.82%	83.20%	90.22%	90.83%	90.42%
Average mapped length	150.1	150.12	150.09	150.1	149.45	150.18	150.22	150.25	150.23
Number of splices, Total	11044947	10738955	11478386	10702211	8219007	9926878	11350404	11725464	10530687
Number of splices, Annotated (spliced)	11030430	10721549	11131979	10771472	8201229	9913026	11279119	11703681	10526363
Number of splices, GTAG	10960285	10627120	11061646	10705981	8134779	9871559	11331774	11645545	10462024
Number of splices, GCAG	80310	75711	82018	77808	71065	67652	57651	75447	70939
Number of splices, ATAC	4372	6024	4322	4422	4563	3767	2444	4460	2824
Number of splices, Non-canonical	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mismatch rate per base, %	0.41%	0.40%	0.41%	0.46%	0.76%	0.49%	0.53%	0.49%	0.51%
Deletion rate per base	0.03%	0.03%	0.03%	0.03%	0.03%	0.03%	0.02%	0.02%	0.02%
Deletion average length	2.21	2.18	2.17	2.04	2	2.17	2.08	2.1	2.08
Insertion rate per base	0.02%	0.02%	0.02%	0.02%	0.02%	0.02%	0.02%	0.02%	0.02%
Insertion average length	1.79	1.78	1.77	1.76	2.08	1.80	2.04	1.92	1.96
MULTI-MAPPING READS									
Number of reads mapped to multiple loci	794691	748132	788724	906842	816136	1321325	1151535	1166624	1032605
% of reads mapped to multiple loci	2.84%	2.85%	2.89%	4.05%	3.30%	5.38%	4.56%	4.67%	4.56%
Number of reads mapped to too many loci	9	10	5	0	4	5	4	2	8
% of reads mapped to too many loci	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
UNMAPED READS									
% of reads unmapped: too many mismatches	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
% of reads unmapped: too short	3.07%	2.86%	2.84%	4.07%	22.84%	11.20%	4.46%	4.14%	4.33%
% of reads unmapped: other	0.96%	0.95%	0.97%	0.16%	0.05%	0.17%	0.77%	0.37%	0.46%
CHIMERIC READS									
Number of chimeric reads	102079	68085	62098	57967	54939	48463	32221	43137	31471
% of chimeric reads	0.38%	0.26%	0.23%	0.24%	0.22%	0.20%	0.13%	0.17%	0.14%

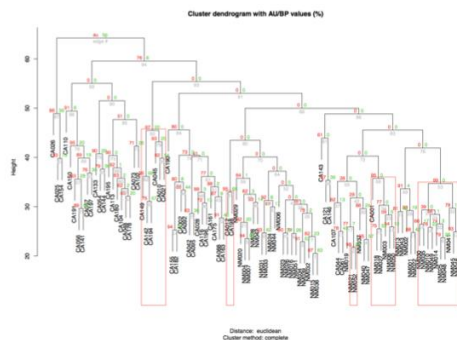


生資服務報告

• Bacteria 16S metagenome sequencing

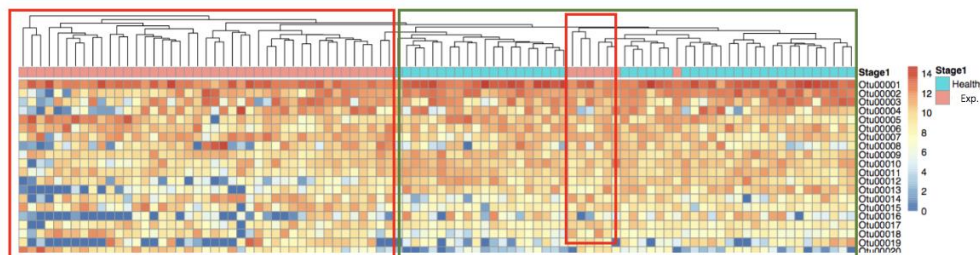


unweighted

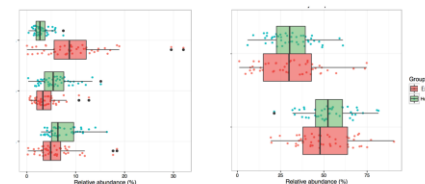
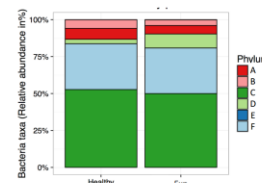


AU (Approximately Unbiased) p-value, which is more accurate than BP value as unbiased p-value. It is computed by multiscale bootstrap resampling.

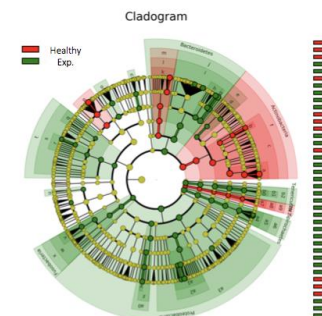
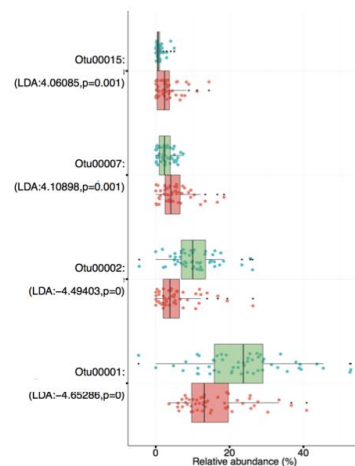
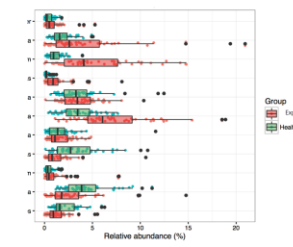
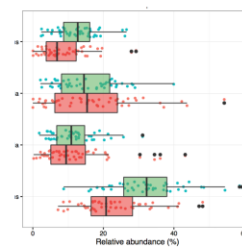
BP (Bootstrap Probability) value, which is a simple statistic computed by bootstrap resampling. This value tends to be biased as p-value when the absolute value of c (explained below) is large.



Phylum



Genus





長庚大學分子醫學研究中心
Chang Gung Molecular Medicine Research Center

長庚大學microRNA偵測平台 服務說明



陳嘉君 助理研究員



miRNA 平台服務項目

特點:

- 384-well qPCR
- 48 multiplex RT-qPCR
- Sample types
 - tissue
 - Serum/Plasma
 - Stool
 - Urine
 - Saliva
- RNA-RT-qPCR

#No.	項目	收費標準-長庚體系	收費標準-非長庚體系
1	多基因客製化臨床檢測 RNA to QPCR_48 set-normal	2,750元/樣本	4,125元/樣本
2	多基因客製化臨床檢測 RNA to QPCR_48 set- Heparinase I	3,000元/樣本	4,500元/樣本
3	多基因客製化臨床檢測 RNA to QPCR_48 set-FastStart Taq DNA Polymerase	3,250元/樣本	4,875元/樣本
4	單基因客製化臨床檢測 RNA to QPCR-normal	850元/樣本	1,275元/樣本
5	單基因客製化臨床檢測 RNA to QPCR-Heparinase I	1,100元/樣本	1,650元/樣本
6	單基因客製化臨床檢測 RNA to QPCR-FastStart Taq DNA Polymerase	875元/樣本	1,315元/樣本
7	單基因客製化臨床檢測 RT to QPCR-normal	250元/樣本	375元/樣本
8	單基因客製化臨床檢測 RT to QPCR-Heparinase I	500元/樣本	750元/樣本
9	單基因客製化臨床檢測 RT to QPCR-FastStart Taq DNA Polymerase	275元/樣本	415元/樣本
10	TaqMan Array card (754 human microRNAs)-Pre_Amp	32,000元/樣本	48,000元/樣本
11	TaqMan Array card (754 human microRNAs)-Non-Pre_Amp	30,000元/樣本	45,000元/樣本

miRNA 平台服務申請流程

- **multiplex stem-loop RT-PCR system** (目前有251 TaqMan probes)

服務前討論

1. miRNA list
2. 後續生資分析

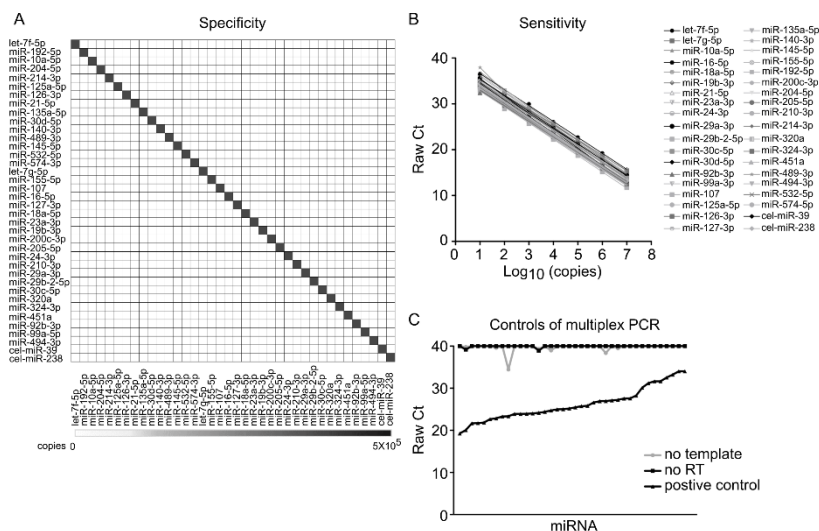


預算編列/
付款



收件上機

- **Report:** primer control and miRNA Raw Ct



file name	A							
	130505							
	PL_01587	PL_01617	PL_01622	PL_01581	PL_01602	PL_01618	PL_01621	PL_01705
hsa-let-7f-5p	30.43	35.08	32.74	30.38	34.13	33.92	34.52	30.34
hsa-miR-192-5p	33.47	40.15	38.10	31.11	41.35	35.26	38.31	35.90
hsa-let-7g-5p	30.50	35.50	32.53	30.30	34.04	34.92	34.67	30.97
hsa-miR-19b-3p	24.74	29.77	29.44	24.19	30.93	30.27	31.07	25.21
hsa-miR-107	28.17	31.06	30.74	27.10	31.41	32.07	31.02	27.43
hsa-miR-204-5p	35.82	45.00	36.63	34.26	37.69	36.92	36.40	36.22
hsa-miR-10a-5p	36.18	35.88	34.57	35.21	37.04	36.09	36.19	34.05
hsa-miR-125a-5p	45.00	45.00	45.00	45.00	45.00	45.00	45.00	45.00
hsa-miR-23a-3p	34.17	35.17	33.44	32.43	34.98	35.05	35.69	33.22
hsa-miR-130b-5p	27.05	29.97	28.77	25.26	29.39	29.42	30.41	25.12
hsa-miR-130b-5p	32.32	35.78	34.26	31.15	35.08	35.72	36.68	32.03
hsa-miR-29a-3p	29.86	33.19	33.22	28.41	33.70	33.48	35.92	30.67
hsa-miR-135a-5p	40.67	38.12	38.42	36.74	45.00	42.12	45.00	45.00
hsa-miR-29b-2-5p	32.87	40.90	36.17	32.36	45.00	38.95	38.55	35.63
hsa-miR-140-3p	27.30	31.93	31.69	26.34	33.73	32.47	32.57	28.77
hsa-miR-30d-5p	27.84	29.85	29.45	26.10	30.22	29.99	30.76	26.76
hsa-miR-324-5p	31.64	37.02	34.63	29.66	35.02	36.18	35.77	30.97

miRNA 平台服務申請流程

- TaqMan® Array Human MicroRNA A+B Cards Set v3.0 including 754 miRNAs

服務前討論
& 後續生資分析



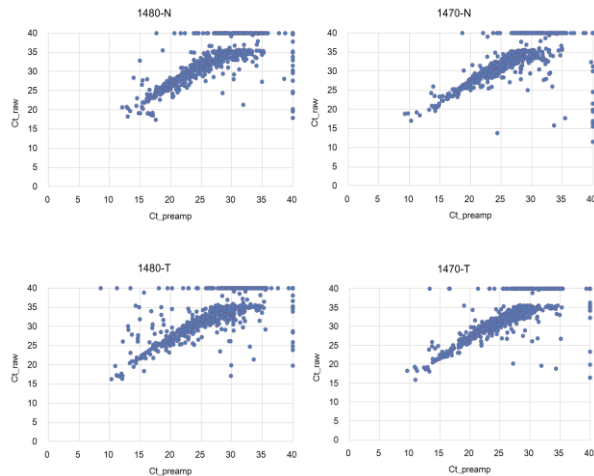
預算編列/
付款



收件上機

- Data comparison between qPCR and array

- The linearity of pre-amplification



RT NO.	qPCR	qPCR	Array	Array	qPCR	Array	qPCR	qPCR	Array	Array	qPCR	Preamp
RT NO.	1480-N	1480-T	1480-N	1480-T	Fold	Fold	1470-N	1470-T	1470-N	1470-T	Fold	Fold
Threshold	0.05	0.05	Auto	Auto	Auto	Auto	0.05	0.05	Auto	Auto	Auto	Auto
hsa-miR-10b-5p	24.24	24.93	20.55	21.31	0.6	0.6	24.73	25.01	20.66	20.36	0.8	1.2
hsa-miR-135b-5p	28.02	22.25	25.59	18.45	54.8	141.3	28.15	24.20	24.35	19.98	15.4	20.7
hsa-miR-100-5p	25.09	26.76	20.52	21.98	0.8	0.5	25.65	24.72	21.43	19.46	1.9	3.9
hsa-miR-141-3p	24.06	23.01	19.98	18.73	2.1	2.4	23.77	24.30	20.08	20.33	0.7	0.8
hsa-miR-106a-5p	23.23	22.28	17.30	15.37	1.9	3.8	23.55	21.73	17.67	15.41	3.5	4.8
hsa-miR-106b-5p	23.29	22.37	20.46	18.86	1.9	3.0	23.54	22.56	21.39	19.67	2.0	3.3
hsa-miR-143-3p	17.97	19.23	18.84	19.34	0.4	0.7	18.16	18.79	18.36	19.37	0.6	0.5
hsa-miR-10a-5p	24.05	22.05	20.67	18.15	4.0	5.7	24.24	23.03	20.88	19.06	2.3	3.5
hsa-miR-145-5p	18.59	20.15	16.17	17.50	0.3	0.4	19.47	20.66	15.45	17.25	0.2	0.3
hsa-miR-130b-3p	26.98	25.69	24.53	22.52	2.5	4.6	27.13	26.50	23.73	22.81	1.5	1.9
hsa-miR-149a-3p	23.60	22.12	20.37	18.06	3.2	5.0	24.01	23.69	20.44	19.44	1.3	2.0
hsa-miR-103a-3p	21.90	21.06	21.92	20.48	1.8	2.7	22.22	21.40	21.66	20.49	1.8	2.3
hsa-miR-149-5p	27.01	28.42	23.31	24.24	0.4	0.5	27.11	27.93	23.29	23.79	0.6	0.7
hsa-miR-135a-5p	29.40	27.77	27.74	23.91	3.1	14.2	28.69	29.79	26.15	25.24	0.5	1.9
hsa-miR-155-5p	25.33	25.72	19.99	19.07	0.8	1.9	26.09	26.67	20.59	20.53	0.7	1.0
hsa-miR-15a-5p	23.95	23.38	15.28	13.64	1.5	3.1	24.03	23.48	22.75	22.14	1.5	1.5
hsa-miR-18a-3p	21.04	20.53	20.25	19.24	1.4	2.0	21.20	20.04	20.03	18.26	2.2	3.4
hsa-miR-17-5p	21.20	20.47	17.13	15.14	1.7	4.0	21.78	20.00	18.04	15.45	3.4	6.0
hsa-miR-19b-3p	19.99	19.41	15.52	14.16	1.5	2.6	20.04	19.17	15.49	14.28	1.8	2.3
hsa-miR-200c-3p	21.40	20.28	15.75	13.30	2.2	5.4	21.10	21.63	15.30	15.42	0.7	0.9
hsa-miR-126-3p	21.28	21.89	16.33	15.69	0.7	1.6	22.40	21.75	17.39	16.08	1.6	2.5
hsa-miR-142-3p	20.41	20.24	17.67	16.85	1.1	1.8	21.50	22.15	18.85	18.99	0.6	0.9
hsa-miR-183-5p	29.18	26.60	30.73	26.42	6.0	18.9	29.03	27.31	27.56	25.39	3.3	4.5
hsa-miR-20a-5p	22.32	21.85	17.39	15.56	1.4	3.6	23.11	21.16	18.08	15.43	3.9	6.2
hsa-miR-18a-5p	25.00	23.94	24.27	22.49	2.1	3.4	25.53	23.61	26.09	22.82	3.8	9.6
hsa-miR-21-5p	20.19	19.00	16.30	14.45	2.3	3.6	20.10	18.28	16.29	13.84	3.5	5.5
hsa-miR-128-3p	26.48	25.47	26.07	24.30	2.0	3.4	26.91	26.29	25.87	25.08	1.5	1.7
hsa-miR-210-3p	23.66	21.66	18.17	17.46	4.0	1.6	23.09	24.25	20.34	21.38	0.4	0.5
hsa-miR-195-5p	23.04	24.85	19.81	21.13	0.3	0.4	23.85	24.58	19.47	19.18	0.6	1.2
hsa-miR-191-5p	23.30	23.19	17.31	15.68	1.1	3.1	23.29	23.27	17.09	16.51	1.0	1.5
hsa-miR-221-3p	21.99	21.21	22.25	20.35	1.7	3.8	21.89	20.63	21.95	20.07	2.4	3.4
hsa-miR-9-5p	27.86	29.30	23.06	24.02	0.4	0.5	28.85	30.78	23.51	24.98	0.3	0.4
hsa-miR-222-3p	22.13	22.39	20.92	19.76	0.8	2.2	22.38	20.94	17.85	15.87	2.7	4.0
hsa-miR-92a-3p	20.74	20.14	20.46	19.30	1.5	2.2	20.81	19.50	20.43	18.50	2.5	3.8
hsa-miR-223-3p	21.40	21.50	16.25	15.16	0.9	2.1	22.57	19.61	17.91	14.29	7.7	12.4
hsa-miR-93-5p	21.98	21.02	20.50	18.91	1.9	3.0	21.91	20.49	20.62	18.63	2.7	4.0
hsa-miR-24-3p	19.98	19.57	16.11	14.51	1.3	3.0	20.11	19.20	16.08	14.59	1.9	2.8
hsa-miR-25-3p	22.22	21.93	22.25	21.13	1.2	2.2	21.72	20.80	22.63	20.84	1.9	3.5
hsa-miR-497-5p	22.20	23.39	23.42	24.46	0.4	0.5	22.45	23.58	23.64	24.46	0.5	0.6
hsa-miR-29a-3p	20.82	20.79	17.43	16.67	1.0	1.7	21.05	19.83	18.06	15.97	2.3	4.3
hsa-miR-16-5p	20.05	19.95	18.26	17.15	1.1	2.2	20.57	20.23	17.87	16.97	1.3	1.9
hsa-miR-30a-3p	25.72	26.25	21.14	21.67	0.7	0.7	26.23	26.55	21.87	21.67	0.8	0.7
RNU44_A	22.142	19.526	20.94	16.15	6.1	27.7	22.59	21.41	26.52	24.95	2.3	3.0
RNU44_B	-	-	21.39	16.02	-	-	-	-	41.2	26.35	-	3.9
RNU48_A	21.032	19.745	20.32	15.11	2.4	37.0	21.45	19.97	24.87	23.32	2.8	2.9
RNU48_B	-	-	21.15	15.64	-	45.5	-	-	25.19	23.44	-	3.4

長庚大學分醫中心研究服務平台 申請流程及注意事項

吳啟生 助理研究員



快速搜尋

Keyword

search

手機版

Students

流中心

中心簡介

Introduction

國際合作

International Cooperation

核心實驗室

Laboratory

研究服務平台

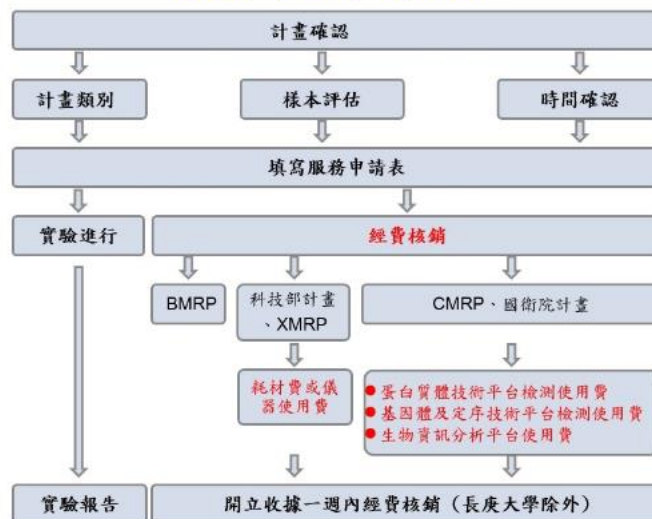
Research Service Platform

BIOMARKER

首頁 > 研究服務平台

研究服務平台

服務平台申請流程



核心實驗室連結

蛋白質體核心實驗室
次世代定序基因體核心實驗室
生物資訊核心實驗室
病理核心實驗室
實驗動物核心實驗室
分子流行病學核心實驗室
RNAi 與重組病毒核心實驗室
顯微鏡中心
生物統計核心實驗室

最新消息

- 分子醫 20178
- 分子醫
- 分子醫
- 2016.0 Thoma 學。
- 美國國
- 本中心的基因
- 生物資
- 蛋白質
- 蛋白質

1 蛋白質體技術分析平台

蛋白質體技術分析平台分析項目及收費標準

2 生物資訊分析平台

生物資訊分析平台分析項目及收費標準

3 基因體定序技術平台

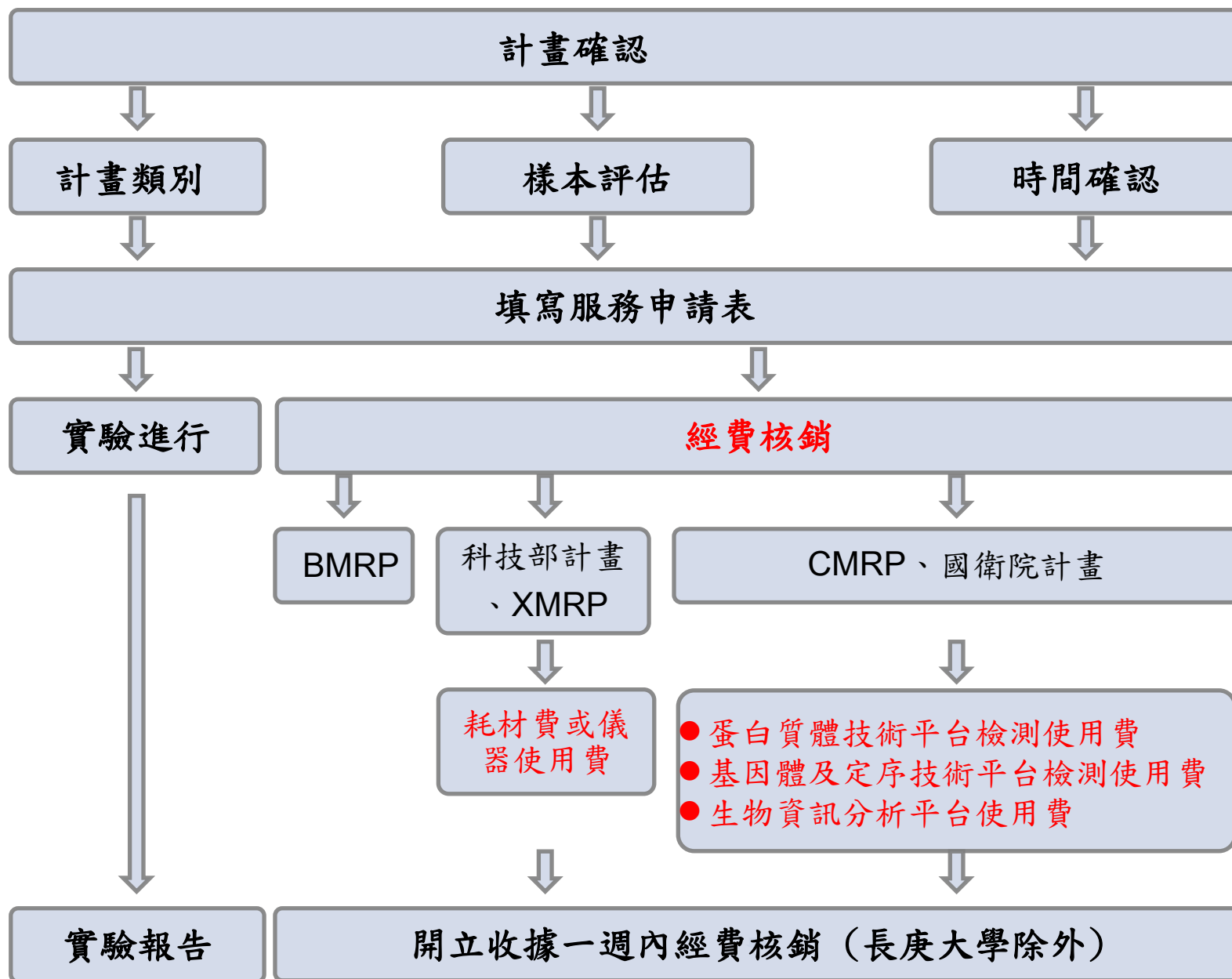
2 基因體QPCR技術平台

• 蛋白質體核心實驗室針對微小RNA如何調控膀胱上皮細胞分化作用進行首次探討

[2014-10-02]

訊公開區

服務平台申請流程





長庚大學分子醫學研究中心

長庚體系委託服務收費明細

申請人資料：長庚體系

計畫主持人		使用校(院)內計畫經費請蓋計畫章
Email		
連絡電話 (分機)		
服務單位		

委託項目

項目	單價	數量	總數
		費用總計	

申請案件資料(由長庚大學分醫中心填寫)

案件編號		收件日期	
技術員		結果送交日期	
技術平台負責人		結案確認日期	
分醫中心簽章			

分醫中心聯絡人：_____ (分機 _____) Email: _____

長庚大學分子醫學研究中心服務委託申請表

基因體定序技術平台

一、基本資料(自行填寫)

申請人	○○○	連絡電話		計畫經費者請蓋計畫章
E-mail	○○@gmail.com			
指導老師 (姓名)	■■■	簽名		
學校/系所/單位	長庚大學■■■老師實驗室			
繳款方式	☐ CMRP 扣款 ☐ 電匯繳款 ☒ 其他			醫研部簽核: _____

三、委託項目(自行填寫)

※(A, B, C, D項必填, E, F依申請需求填寫)

服務項目	單價 (元)		數量(件)
	☒ 長庚體系	☐ 非長庚體系	
A. 核酸萃取費 (DNA/RNA)	500 元/樣本	650 元/樣本	6
B. 核酸 QC 費	750 元/樣本	900 元/樣本	6
C. Library QC 費	750 元/樣本	900 元/樣本	6
D. 基因建庫費 (Library construction) (Illumina)			

五、以下由本實驗室填寫：

收件日期		本案金額		案件編號	
操作人簽名		結果送交日期		結案確認	

委託**基因體及定序技術平台**，若需要進行資訊分析，請同時連繫**生物資訊平台**。



長庚大學分子醫學研究中心

Chang Gung Molecular Medicine Research Center



Thank You