國立臺灣大學計算與系統生物學研究中心

計算生物分析服務收費標準

2024 年 7 月 16 日修訂

服務項目	收費標準(NTD)		服務說明
	校內	校外	
計時分析服務	600/小時	1,200/小時	任何非屬於常規化分析項目之計算生物學分析需求，均請先洽本中心技術員討論分析內容與收費時數。
	*實際收費時數依討論而定		
研究專案	50,000 起	100,000 起	詳見#6~#10
諮詢服務	500/小時	1,000/小時	第 1 小時未滿 1 小時以 1 小時計。第 1 小時之後以每 30 分鐘為計時單位累計。
常規化高通量定序資料分析項目 - 特定與已有 reference genome 物種			
WGS/WES-based SNV/indel 分析	Genome size ~10Mb: 5,000/樣本 ~100Mb: 6,000/樣本 >1Gb: 10,000/樣本	Genome size ~10Mb: 10,000/樣本 ~100Mb: 12,000/樣本 >1Gb: 20,000/樣本	分析資料: raw read fastq files and reference genome 分析流程: 1. Data preprocessing and quality control 2. Alignment and mapping (bwa) 3. Duplicate marking and sort (GATK4) 4. Variant calling and filtering (GATK4) 5. Variant effect prediction (SnpEff) 分析結果: SNV/indel report (including VCF & html files) 本項目不適合偵測長片段 indel, 有相關需求請洽詢計時分析服務
WGS-based forward genetic screening	7,000/樣本	14,000/樣本	分析資料: raw read fastq files and reference genome 分析流程: 1. Data preprocessing and quality control 2. Alignment and mapping (snap) 3. Variant calling and filtering (bcftools) 4. Bulked segregant analysis (MiModD) 5. Variant effect prediction (SnpEff) 分析結果: Phenotype-causing SNV /indel report (including VCF & html files) 本項目限 *C. elegans* 和 *A. thaliana* , 相關實驗設計請參見 Doitsidou *et al*. *Genetics*, 2016。其它物種如果蠅和小鼠，請先諮詢本中心技術員。

服務項目	收費標準(NTD)		服務說明
	校內	校外	
RNA-Seq 分析	5,000/組	10,000/組	分析資料: raw read fastq files and reference genome 分析流程: 1. Data preprocessing and quality control 2. Alignment and mapping (HISAT2) 3. Read counting (featureCounts) 4. Differential expression analysis (DESeq2) 5. GO/KEGG analysis 分析結果: lists of DEGs and the enriched GO/KEGG terms 每組可含不限次數重複樣本
miRNA-Seq 分析	5,000/組	10,000/組	分析資料: raw read fastq files, known miRNA data, and reference genome 分析流程: 1. Data preprocessing and quality control 2. Alignment and mapping (NovoAlign) 3. miRNA analysis (mirPRo) 4. Novel miRNA prediction (randfold, RNAfold) 分析結果: lists of DE miRNAs and novel miRNAs 每組可含不限次數重複樣本 提供後續 miRNA-3'UTR interaction analysis，請洽詢計時分析服務
ChIP-Seq 分析	5,000/樣本	10,000/樣本	`分析資料: raw read fastq files and reference genome 分析流程: 1. Data preprocessing and quality control 2. Alignment and mapping (bwa) 3. Peak calling (MACS2) 4. Peak annotation (ChIPseeker) 分析結果: lists of called peaks (including BED and bedGraph files), peak annotations 提供後續 motif analysis (known motif search and *de novo* motif discovery)，請洽詢計時分析服務

服務項目	收費標準(NTD)		服務說明
	校內	校外	
Single-cell RNA-Seq 分析	收費標準僅列最低收費原則，實際收費須經雙方討論，依資料與分析複雜程度調整收費。僅限人類與小鼠樣本。		
	10,000 起	20,000 起	(1) 初階分析：僅將 Raw fastq files mapping 到上述物種 reference。
	30,000 起	60,000 起	(2) 中階分析：涵蓋 (1) 和 cell type annotations。
	50,000 起	100,000 起	(3) 高階分析：涵蓋 (1) & (2) 和 GO/KEGG terms。

服務項目	收費標準(NTD)		服務說明
	校內	校外	
NTU Galaxy 帳號使用申請			
NTU Galaxy **生物資訊分析軟體**	3,500/三個月 6,000/六個月 10,000/一年	10,500/三個月 18,000/六個月 30,000/一年	

#1. **服務收費繳費流程**

使用者於接獲本中心開設之服務明細與繳費單，請至銀行匯款或 ATM 轉帳，匯款帳戶如下：

銀行：(008)華南商業銀行台大分行

帳號：154360000028

戶名：國立台灣大學 401 專戶

並掃描匯款單或 ATM 收據，然後將收據的統編、抬頭和寄送地址一併回傳本中心。

#2. 有任何分析需求，請先洽陳凱普博士(02-3366-9680; ntucsb@ntu.edu.tw)，預約諮詢服務，以討論分析內容與服務案進行方式(計時分析服務、常規化分析項目、或研究專案)。服務案成案後則該次諮詢不另收諮詢費。

#3. 申請計時分析服務與常規化分析項目之使用者，請提交「使用同意證明單」，以保障雙方權利。

#4. 計時分析服務與常規化分析項目服務案於分析結束後，使用者若需要分析結果諮詢，結果報告寄送後一個月內不另外加收諮詢費，超過一個月後按表訂諮詢服務計費。

#5. 使用者使用計時分析服務或常規化分析項目之分析結果發表研究成果（含學術演講、論文、著作、專利…等)，請於「Acknowledgments」或「Methods」中列入 *Center for Computational and Systems Biology, National Taiwan University*/國立臺灣大學計算與系統生物學研究中心，以呈現本中心之貢獻。

#6. 研究專案以合作開發新生物資訊分析管線或參與研究計畫為主。實際內容以定期討論，依計畫實際進行面向作調整，並協助解讀分析結果、圖表呈現與撰寫論文的生資部分。專案收費以雙方討論而定，

原則上校內 50,000/校外 100,000，並依專案複雜程度調整收費。

#7. 申請研究專案之使用者，請提交研究專案合作意願書。意願書應載明：

a. 申請者聯絡資訊 (電話及電子郵件帳號)

b. 研究計畫摘要

c. 實驗資料來源簡述

#8. 研究專案合作對象原則上以校內使用者為主，校內專案排程依申請先後順序與中心技術員人力而定。校外專案接案與否需視校內專案排案狀況而定。

#9. 研究專案之使用者發表成果於 SCIE 期刊論文時，請將專案相關人員列入共同作者，且其 affiliation 為 *Center for Computational and Systems Biology, National Taiwan University*。

#10. 使用者使用本中心分析服務成果發表於 SCIE 期刊論文上，致謝對象包含 *Center for Computational and Systems Biology, National Taiwan University*，或將研究專案相關人員列入共同作者，於論文發表後一年內，可享有一次分析服務或研究專案費用折扣優惠。於 SCIE 期刊論文上致謝本中心分析服務，可享有一次服務費九折優惠；將研究專案相關人員列入共同作者，可享有一次服務費八折優惠。