平成28年度機能ゲノミクス領域

お問い合わせフォーム

必要事項をご記入の上、[PDIS.genome\_analysis@riken.jp](mailto:PDIS.genome_analysis@riken.jp)宛に送信ください。

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| (1)お名前と連絡先 | お名前  **必須** |  |
| ふりがな |  |
| 所属機関  **必須** |  |
| 電話番号  **必須** |  |
| メールアドレス  **必須** |  |
| 確認のためもう一度  **必須** |  |
| 研究室のURL |  |
| (2) 問い合わせ内容  分かる範囲で結構です。ご記入をお願いします。 | 利用したい支援 | * ライブラリ作製（領域A） * ライブラリ作製（領域B）   ◯　伊藤研究室  ◯　神原研究室  ◯　白髭研究室  ◯　二階堂研究室  ◯　橋本研究室  シーケンス  ◯希望する（領域A）  ◯希望する（白髭研）  ◯希望しない   * データ解析   ◯ 領域A  ◯　伊藤研究室  ◯　神原研究室  ◯　白髭研究室  ◯　二階堂研究室 |
| 解析内容 | □　遺伝子発現解析（RNA-seq）  □　単一細胞遺伝子発現解析　(Single cell RNA-seq)  □　遺伝子発現解析（微量RNA-seq）  □　転写開始点解析　(CAGE-seq)  □　遺伝子発現解析　(SAGE-seq)  □　遺伝子発現解析　(smallRNA-seq)  □　タンパク質—DNA相互作用解析　(ChIP-Seq)  □　全ゲノムメチル化解析　(Whole Genome BS-seq)  □　標的メチル化解析 (Targeted BS-Seq)  □　ゲノムリシーケンス　(Genome Re-seq)  □　新規ゲノム配列解析　(de novo-seq)  □　エクソン領域解析　(Exome-seq)  □　その他（　　　　　　　　　　　） |
| データ解析 | □　アッセンブリーのみ  □　当該解析の標準データ解析（発現定量、ChIPピーク発見、遺伝子ごとのメチル量定量など）  □　当該解析の高度解析（発現差解析、クラスタリング、データ可視化など）  □　複数データの統合解析（発現とエピゲノムデータの統合解析など） |
|  | 問い合わせ内容  **必須** |  |
| (3)試料について | 生物種  **必須** | ◯　ヒト　◯　マウス　◯　その他(　　　　　　　　　　　) |
| 試料数 | 個 |
| 試料調製時期 | ◯　既にある　◯　2015年 月頃 |
| ヒトサンプルの場合  **必須**  ヒト倫理試料に該当 | ◯　はい　◯　いいえ |
| 遺伝子組み換え生物  に該当 | ◯　はい　◯　いいえ |
| (4)その他 | 次世代シーケンサの解析経験 | ◯　無し　◯　有り　解析内容(　　　　　　　　　　　) |
| その他質問事項 |  |