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 | □　核酸抽出  □　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  □　一般的なデータ解析  □　高度なデータ解析 |
| 解析内容 | □　遺伝発現解析（RNA-seq）  □　遺伝子発現　(SAGE-seq)  □　転写開始点解析　(CAGE)  □　small RNA解析  □　タンパク質—DNA相互作用　(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 (Re-sequence)  □　新規ゲノム配列解析　(de novo Seq)  □　エキソン領域解析　(Exome) |
| 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(遺伝子発現解析)  □　当該解析の高度解析(例、パスウェイ解析)  □　複数データの統合解析 |
|  | 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　◯　採択後3ヶ月以内　◯　採択後6ヶ月以内 |
| 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)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 |  |