平成27年度機能ゲノミクス領域（第２回公募）

利用依頼受付票

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

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 様式 | 様式名称　利用依頼受付票 | |
| (1)お名前と連絡先 | お名前  **必須** |  |
| ふりがな  **必須** |  |
| 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  **必須** |  |
| (2)研究課題名 | 研究課題名  **必須** |  |
| (3)概要 | 研究の背景  **必須** |  |
| 研究目的  **必須** |  |
| 概要  **必須** | (生物学・医学研究上の重要性とインパクト、目標の明確さと妥当性、支援依頼に先立つ準備(先行研究のレベル、実施計画の妥当性)、支援を受けた後の申請者の研究遂行力等が評価の対象となります)　記入例を参考にしてください。 |
| 参考文献 | Pubmedへのリンク(URL)を以下に記入してください。 |
| 成果の活用について  **必須**  （支援により得られた  結果をどのように活用  　　　　　するのか） |  |
| (4)公表  論文発表、知財及び利用者情報について | 論文発表  **必須** | ◯　する　◯　しない |
| 知財化  **必須** | ◯　する　◯　しない |
| 利用者情報の公表 | 大学名・研究所名・会社名　◯　可　◯　不可  研究対象　◯　可　◯　不可 |
| 備考  **必須** | 上記以外に情報の公表について条件付きで公表可能な場合がある場合はお書きください。 |
| (5)現況 | 当該プロジェクトの現況 | ○　純粋な計画段階（ゲノミクス解析に詳しい専門家に相談していない）  ○　着手したが中断中（相談していない）  ○　着手したが中断中（相談している）  ○　未着手だが、専門家に相談している |
| 支援実施研究者と事前相談 | ◯　した　◯　まだしていない。 |
| (6) 支援業務  支援内容は、ホームページの支援メニューにある、ご案内の「詳細」を御覧ください。 | 利用したい支援内容  **必須** | 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  **必須**    仕様及びレーン数  （オプション） | □　遺伝子発現解析（RNA-seq）  □　遺伝子発現解析　(SAGE-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)  □　その他（　　　　　　　　　　　）  □　HiSeq 2500 50base Single Read、　　 \_\_\_\_レーン  □　HiSeq 2500 50base Paired-end Read \_\_\_\_レーン  □　HiSeq 2500 100base Single Read \_\_\_\_レーン  □　HiSeq 2500 100base Paired-end Read \_\_\_\_レーン  □ その他（　　　　　　　　　　） |
| データ解析内容  **必須** | * 不要 * マッピングのみ * 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） * 高度なデータ解析（発現差解析、クラスタリング、データ可視化など） * 複合データ解析（発現とエピゲノムデータの統合解析など） |
| (7)　試料について | 生物種  **必須** | ◯　ヒト　◯　マウス　□　その他(　　　　　　　　　　　) |
| 提供する試料の詳細  **必須** | 試料形態：（　　　　　）（組織、Genome DNA、Total RNA等を記入）  個数：　　個 |
| 試料調製時期  **必須** | ◯　既にある。　◯　201 年　　月頃までに提出予定（数字を記入） |
| ヒト由来試料の場合、  **必須**  倫理審査委員会の承認 | ◯　承認済み　◯　申請中　◯　未承認　◯　必要ない |
| 遺伝子組み換え生物  **必須** | ◯　はい　◯　いいえ |
| (8)その他 | 次世代シーケンサの解析経験 | ◯　なし　◯　有り　解析内容(　　　　　　　　　　　) |
| その他質問事項 |  |