平成27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（領域A）
* シーケンス（領域B、白髭研究室でライブラリ作製を行う場合）
* データ解析（領域A）
* データ解析（領域B）

◯　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）□　遺伝子発現解析　(SAGE-seq)□　転写開始点解析 (CAGE-seq)□　small RNA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解析 (Re-sequence)□　新規ゲノム配列解析 (de novo seq)□　エキソン領域解析 (Exome)□　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 |  |