送り先：　E-mail sequencer-tech-course@ml.riken.jp

シーケンサー利用技術講習会　参加申込書

第14回　CAGEデータ解析およびFANTOM5データベース利用実技講習会（2017年12月5日）

|  |  |
| --- | --- |
| 参加希望者氏名（ふりがな） |  |
| 所属研究機関 |  |
| 職位等 |  |
| 所在地 |  |
| 電話番号 |  |
| E-mail |  |
| 次世代シーケンサー利用経験もしくは利用予定 | 利用経験　　　＿＿あり（　　年）　＿＿なし利用予定 ＿＿あり　　　　　　＿＿なし |
| 次世代シーケンサーデータ解析の経験もしくは解析予定 | 解析経験　　　＿＿あり（　　年）　＿＿なし解析予定 ＿＿あり　　　　　　＿＿なし |
| 持ち込めるデータ解析実習用パソコン　 | \*インストールされているOSをお知らせください。　　　・　Windows (バージョン:\_\_\_ \_\_\_\_\_\_)・MacOS (バージョン:\_\_\_\_ \_\_\_\_\_\_\_)・Linux（種類/バージョン:\_\_ \_\_\_\_\_\_\_\_）・その他 \_\_\_\_\_\_\_\_\* サーバーにアクセスするためのソフトウェアをお知らせください。 ・PuTTY・ Cygwin・SSH・その他 \_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_ |
| LinuxとRソフトウエアの使用経験 | \* Linuxの 使用経験　　　＿＿＿年\* R の 使用経験 　　　＿＿＿年 |
| この講習会を何で知りましたか？ | ＿　ホームページを見て　＿　ポスターを見て　＿　人から聞いて　（どなたから聞きましたか？・・・　　　　　　　　　）＿　その他 |
| 受講の目的をお知らせください。（該当するものをいくつでも） | ＿　新しい発現解析方法を学びたい＿　RNA-Seqでは得られなかった転写開始点付近のデータを入手して分析したい。＿　新しいマーカー遺伝子を探したい＿　遺伝子の転写開始点近傍のプロモーターや転写因子を知りたい＿　転写ネットワークを描きたい＿　自分のテーマに関係するエンハンサーデータを入手したい＿　FANTOM5データが自分の研究に使えるかを確認したい＿　FANTOM5データを参照データとして使用したい＿　その他（特記事項にお書きください） |
| 特記事項(ご希望、ご質問、その他) |  |
| ラボツアー（講習会終了後開催いたします。） | ラボツアーに参加希望　　＿＿＿あり　　　　　　＿＿＿なし |
| 応募者多数の場合にはご参加いただけない場合もございます。次回の同じ内容の講習会への参加の希望をお聞かせください。 | 応募者多数の場合次回の参加希望　＿＿＿あり　　　　　　＿＿＿なし |