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 |