



**「次世代シーケンサーのデータ解析技術」
のワークショップにご応募いただく皆様へ。
あなたの現在の状況とお考えについて教えてください。**

お 名 前	
所 属 ・ 役 職	

※応募いただく方々が有している技術内容を把握し、開催に向けての参考とするため、下記アンケートへの回答をお願いします。また、各講義において、特に知りたい内容等があれば記入をお願いします。（知識の有無と選考結果は無関係です）

- 1. 研究活動において、次世代シーケンサー(NGS)及びそのデータを利用していますか。該当箇所に○を付けて下さい。(複数選択可)** ※該当内容の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

自らのサンプルで新規に配列解読している	公共データベース等から得た配列を利用している
今までは利用していないが、今後利用を予定している	今のところはっきりした利用予定はない

- 2. 問1でデータを利用している場合、NGSのデータ解析を行っていますか。該当箇所に○を付けて下さい。(複数選択可)**

※該当内容の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

データ解析を自分で行っている	同僚や共同研究者がデータ解析を行っている
外部の業者にデータ解析を依頼している	データが死蔵されてしまっている

- 3. データ解析を自ら行う場合、最も望ましいと考えている作業環境について、1つを選び、該当箇所に○を付けて下さい。**

※該当内容の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

サーバーにログインしてコマンド入力する	普段利用しているパソコンでプログラムを動作させて行う
Web サービスを利用する	その他 (具体的に: _____)

- 4. Linux/Unix 環境での作業経験について1つを選び、該当箇所に○を付けて下さい。**

※該当内容の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

簡単なコマンド入力等是可以	プログラムを自分で作成したことがある
---------------	--------------------

- 5. NGS が算出するデータについて、ファイルのフォーマット等、基本的な知識はお持ちですか。**

※レベルに応じて数値の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

よく知っている(5 - 4 - 3 - 2 - 1)全く知らない

特に知りたい内容があればその内容：

- 6. ゲノムのリシーケンシングによる SNP 同定について、知識はお持ちですか。**

※レベルに応じて数値の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

よく知っている(5 - 4 - 3 - 2 - 1)全く知らない

特に知りたい内容があればその内容：

- 7. ゲノムの新規アセンブルについて、知識はお持ちですか。**

※レベルに応じて数値の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

よく知っている(5 - 4 - 3 - 2 - 1)全く知らない

特に知りたい内容があればその内容：



**「次世代シーケンサーのデータ解析技術」
のワークショップにご応募いただく皆様へ。
あなたの現在の状況とお考えについて教えてください。**

8. RNA-Seqによる大量発現データ解析について、知識はお持ちですか。

※レベルに応じて数値の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

よく知っている(5 - 4 - 3 - 2 - 1)全知らない

特に知りたい内容があればその内容：

9. Webベースの解析サービスである Galaxy について、知識はお持ちですか。

※レベルに応じて数値の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

よく知っている(5 - 4 - 3 - 2 - 1)全く知らない

特に知りたい内容があればその内容：

10. 平素から当該分野の研究者とのネットワーク作りに取り組んでいますか。

※レベルに応じて数値の左側をクリックすると○、もう一度クリックすると○が削除できます。

積極的に取り組んでいる(5 - 4 - 3 - 2 - 1)全く取り組んでいない

特に効果的と思われるネットワーク(学会、ML、研究会等)がございましたらお書き下さい。

11. 本ワークショップで習得したいこと、質問したいこと、その他ご要望がございましたらご記入下さい。

※アンケートに記載いただいた内容については、本ワークショップに係ること以外に使用する事はございません。
ご協力有難うございました。