

## 「先進ゲノム支援」情報解析講習会に向けての事前アンケート調査

\*当アンケート調査結果及び個人情報、先進ゲノム支援における講習会の内容や今後の企画検討における基礎資料として活用する以外の目的には一切使用しません。

- 氏名： \_\_\_\_\_
- 所属： \_\_\_\_\_
- 身分： 教員  研究員  博士学生  修士学生  学部学生  その他
- 支援依頼状況：（「ゲノム支援」、「先進ゲノム支援」からの支援を申請者自ら、または研究室の長などが受けた事があるか。ある場合は何年度か。）
  - 支援を受けた事はない
  - 支援を受けた事がある（ \_\_\_\_\_ 年度、代表者氏名 \_\_\_\_\_ ）
- 現在の専門： \_\_\_\_\_
- 日常的に使用している PC の OS 種類： MacOS  Windows  Linux

以下の Q1～Q11 の質問にお答え下さい。

**Q1.** 遺伝子配列を用いたバイオインフォマティクス解析のご経験に関して、以下から選択して下さい。

1. 日常的に解析している、2. 解析した事がある、3. 解析した事がない

**Q2.** Q1 で 1 または 2 を選択された方のみお答えください。どのような解析内容か、以下から選択して下さい（複数選択可）。

1. BLAST などの相同性検索、2. ClustalW などのアライメント、3. 系統樹解析、4. 各種データベース検索、5. 遺伝子予測、6. アレイ解析、7. RNA-seq 解析等

**Q3.** 新型シーケンサーデータの解析に関して、以下から選択して下さい。

1. 日常的に解析している、2. 解析した事がある、3. 解析した事がない

**Q4.** Q3 で 1 または 2 を選択された方のみお答えください。どのような解析内容か、以下から選択して下さい（複数選択可）。

1. ゲノムシーケンシング、2. ChIP-seq や RNA-seq 等、3. SNV 解析、4. メタゲノム解析、5. Hi-C 解析等

**Q5.** 現在ご使用中または使用予定の新型シーケンサーの機種をお答え下さい（複数選択可）。

1. HiSeq/MiSeq、2. ION Proton/PGM、3. PacBio、4. NanoPore

（次ページにつづく）

**Q6.** Unix または Linux (MacOS X のターミナル含む) に関して、以下から選択して下さい。

1. 日常的に使用している、2. 使用した事がある、3. 使用した事がない

**Q7.** PC Linux サーバに関して、以下から選択して下さい。

1. 独自に立ち上げた事がある、2. 立ち上げた事がない

**Q8.** プログラミングに関して、以下から選択して下さい。

1. プログラミングができる、2. 簡単なコードなら書ける、3. 経験がない

**Q9.** Q8 で 1 または 2 を選択された方のみお答えください。どのようなプログラミング言語を使用されているか、以下から選択して下さい (複数選択可)。

1. shell、2. Perl、3. Ruby、4. Python、5. Java、6. C/C++、7. Fortran、8. R

**Q10.** DDBJ スーパーコンピュータアカウントに関して、以下から選択して下さい。

1. アカウントを持っている、2. アカウントを持っていない

**Q11.** Q10 で 1 を選択された方のみお答え下さい。DDBJ スパコンの利用に関して、以下から選択して下さい。

1. バッチジョブを投入した事がある、2. バッチジョブを投入した事はない

質問は以上です。ありがとうございました。