

「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～Q10 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. MAFFT などの配列アライメント、 3. 分子系統解析、
4. 各種データベース検索、 5. 遺伝子予測、 6. アレイ解析、 7. NGS 解析

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. ゲノム解析、 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. Unix または Linux（MacOS 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

（次ページにつづく）

Q6. 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

Q7. Q6 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、
9. その他

Q8. 遺伝研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

Q9. Q9 で 1 を選択された方のみお答え下さい。遺伝研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

Q10. 講習会当日に持参予定の PC の OS について、以下から選択してください。

1. Windows10、
2. MacOS、
3. Linux

質問は以上です。ありがとうございました。