**三维基因组学项目信息咨询单**

**询价单号：**

尊敬的客户：

您好！为了顺利的对您的项目进行评估，请您详细填写以下内容，并将填写完整的表格以附件形式发送至: jin.liu@genecreate.com

**\*为必填字段**

1. **委托人信息：**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| \***客户姓名** |  | **\*客户单位** |  | |
| **\*客户单位详细地址** |  | | | |
| **固定电话** |  | **\*移动电话** | |  |
| **\*E-mail** |  | **\*销售员** |  | |

1. **样品信息：**

|  |  |
| --- | --- |
| **\*研究背景实验目的** | 1. 研究目的： 2. 研究背景：前期您做过哪些高通量测序相关的研究： 无 RNA-seq ChIp-seq  ATAC-seq 其它 3. 实验设计思路： |
| **\*样本信息** | 1. 物种： 2. 物种拉丁名： 3. 样本类型： 组织样本 细胞样本 4. 样本描述： （备注：样本来源和处理条件、时间点等信息；组织类型） 5. 样本构成：   （注：各亚型、各处理组或各时期分别有多少？共分成多少个组？） |
| **\*样品个数** | (备注：实验重复样本，技术重复样本需要单独计算样本个数) |
| **\*样品是否具有传染性** | 是 否  (备注：如样品具有传染性，请务必说明，以便我们妥善处理，如未作申明，则一切后果将由客户自己承担) |
| **请您确认所寄样品无致病性，请签名** | |

1. **实验信息：**

|  |  |
| --- | --- |
| **\*服务选择** | Hi-C全套（A/B compartments、TADs、Loops） RNA-seq ChIp-seq  ATAC-seq  其他 (备注：上述为平台的常规服务项目，如有特殊要求，请备注，我们会尽快安排技术支持与您联系) |
| **\*实验要求** | 标准的实验重复、技术重复，可直接用于发表文章  大项目中的一个组成部分，结果用于后续实验  仅作为一个预实验，看是否需要继续进行  (备注：我们会根据您对实验的要求，具体设计实验方案) |
| **\*样本命名** | |  |  |  | | --- | --- | --- | | 样本名称 | 分析名称（图片表格文章用） | 生物学重复分组名称 | |  |  |  | |  |  |  | |  |  |  | |  |  |  | |

**注意事项：**

1. 我们不接受含有病原体的样品，请您确认样品无致病性后在上栏中签名。
2. 依据您所提供的信息，我们会及时的给出合理的推荐及报价。
3. 想了解更加详细的信息，请联系我们三维基因组学技术支持，电话：13260607372。

**参考文献：**

金开瑞技术顾问曹罡教授发表文献：

Da Lin, Ping Hong, Gang Cao, et, al. Digestion-ligation-only Hi-C is an efficient and cost-effective method for chromosome conformation capture. Nature Genetics. 5-year Impact Factor: 31.694