



sgⁱ

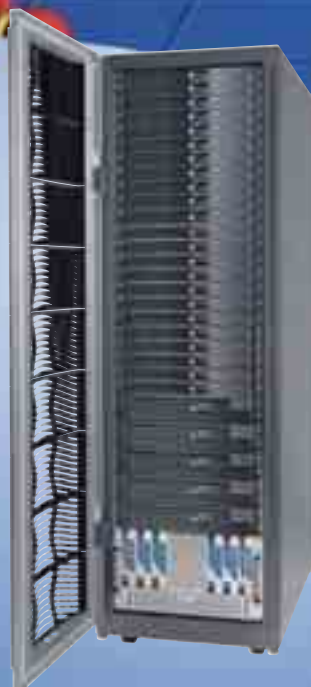
バイオ研究支援システム

BioSerendip[®]

ーバイオセレンディッパー

バイオ研究の新たなひらめき

最新のバイオ研究はここから始まる



京都大学での長年のサポートで
培われたノウハウをベースとした
研究開発環境の構築支援をいたします

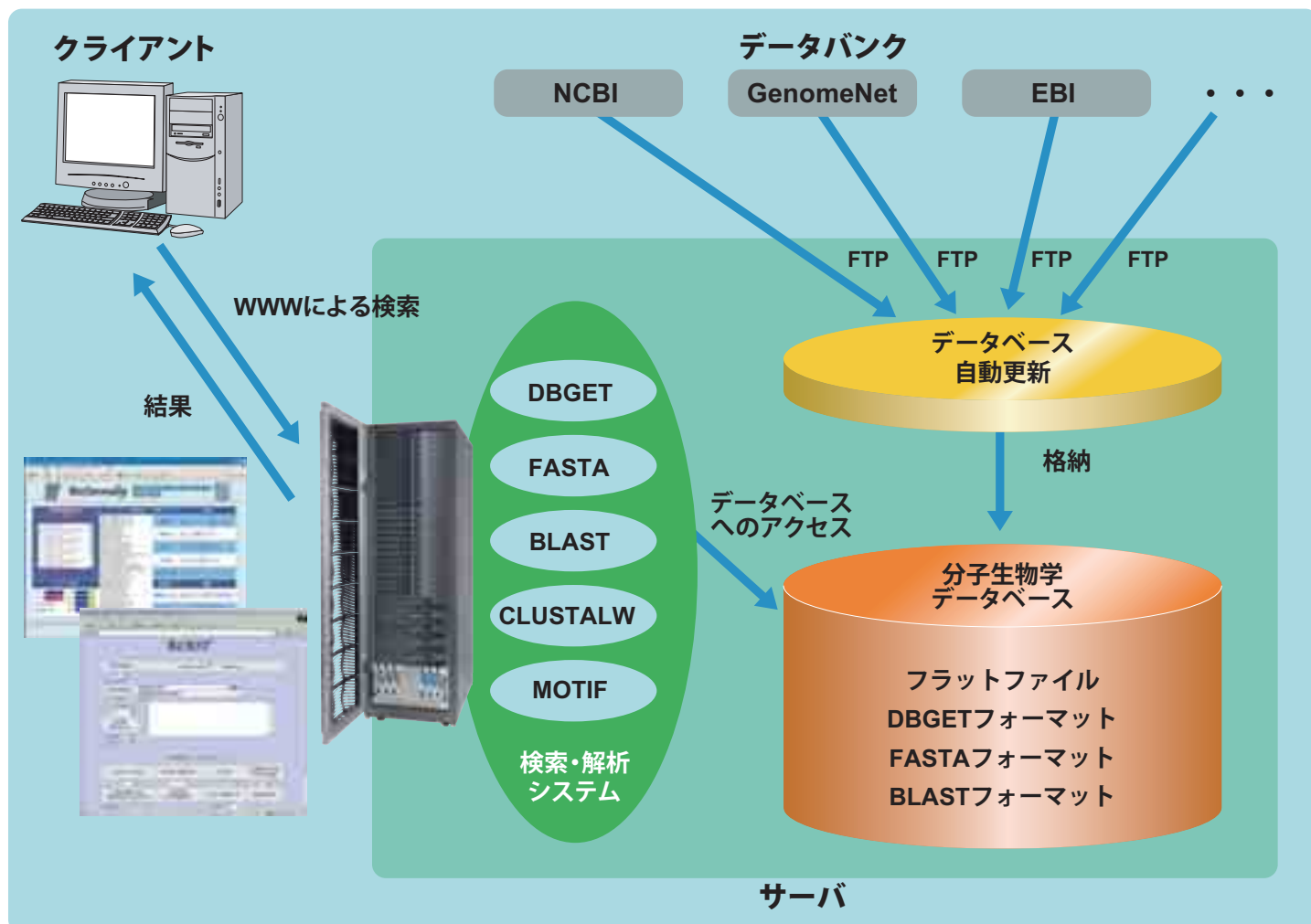
BioSerendipは京都大学での長年のサポートによるノウハウをベースとしたバイオインフォマティクス研究支援システムです。

世界中に数多く存在する遺伝子やタンパク質、世界中に数多く存在する遺伝子やタンパク質、モチーフなどの分子生物学データベースはあらゆる研究開発において今や必要不可欠ですが、日々増大する巨大なデータベースを研究者が管理するのは非常に困難となっています。BioSerendipは、研究開発に必要な分子生物学データベースを自動的に更新することで、研究者に最新のデータベース環境を提供すると同時に、キーワード検索やホモロジー検索、マルチプルアライメント、モチーフ検索など、ユーザインタフェースに優れた検索解析ツールを提供することで研究を強力にサポートします。

インターネット上でこれらのデータベース検索及び解析も可能ですが、検索データ情報漏洩の可能性があるとともに、大量データ解析処理やデータファイルを直接扱った研究が困難です。BioSerendipが提供するシステムは、ローカルなサーバー上で構築されるために、このようなインターネット上の検索解析サービスにて生じる問題や制限を解決することができ、さらに研究の幅を広げることが可能です。

BioSerendipは、バイオデータベース更新システムをベースとし、統合データベース検索システム (DBGET)、配列解析システムおよびモチーフ検索システムから構成されています。DBGETは京都大学で開発されたシステムであり、バイオデータベース更新システム、配列解析システムおよびモチーフ検索システムは、日本SGIと京都大学との共同開発ツールとなります。また、配列解析システムでは、米国SGIによって高速化されたBLASTやCLUSTALWなどの検索ツールが利用可能です。

バイオインフォマティクス環境は、急増するデータベースや様々な検索ツールに対応するために柔軟性や信頼性の高いシステムが要求されています。日本SGIでは、京都大学での長年のサポートによるノウハウをベースとした研究開発環境の構築が可能であり、BioSerendipの導入支援や保守だけでなく、顧客ニーズに応じた統合的なバイオ研究支援サービスを提供いたします。



BioSerendipの特長

経済性

BioSerendipはアカデミック環境で開発されたシステムであり、また商用データベースを必要としないため、非常に安価なシステム構築が可能です。そのため、より多くの予算を計算機リソースへ充てることが可能になります。

堅牢性

バイオインフォマティクスを用いた研究開発を行う場合、データベースを常に最新の状態に保つことが必要不可欠です。しかし、データベース取得先のFTPサイトの移動や環境変更、データフォーマットの変更や正規フォーマットから外れたエントリー、フリーウェアのバグや大規模ファイルなど様々な問題に直面するためにデータベース更新は非常に煩雑な作業となります。そのような問題を解決するため、BioSerendipは京都大学における長年のサポートにより得られたノウハウをベースとしているため非常に堅牢性が高いシステムを実現しています。また、問題発生を未然に防ぐ強力なサポート体制も完備しています。

柔軟性

必要となるバイオインフォマティクス環境はその研究開発環境において様々であり、時として構築されたシステムのカスタマイズを行う必要があります。BioSerendipはインタプリタ言語をベースとしたシステムであるため、顧客のニーズに合わせたカスタマイズを容易にかつ柔軟に行うことが可能です。

汎用性

バイオインフォマティクス環境では数多くのデータベースを複合的に用いることが研究開発成功の鍵を握ります。BioSerendipはGenBankやSwissProtといったおよそ30もの代表的なバイオデータベースに対応しています。

また、商用のデータベースを利用しないテキストベースのシステムであるため、他のソフトウェアとの連携が容易です。

BioSerendipは経済性、堅牢性、柔軟性、汎用性に富んだシステムであり、あらゆる面から研究開発を強力にサポートします。

経済性

- ・アカデミック環境で開発されたシステムであるため、**非常に安価**にシステム構築可能
- ・商用ソフトを必要としない

堅牢性

- ・**京都大学でのノウハウがベース**
- ・冗長性の実現

BioSerendip

- ・インタプリタ言語をベースにしているため**カスタマイズが容易**
- ・システムリソースに応じた環境設定

柔軟性

- ・**およそ30もの代表的なバイオデータベース**に対応 (KEGGにも対応)
- ・テキストベースのシステムであるため、他のソフトウェアとの連携が容易
- ・**IRIX®**および**Linux®**に対応

汎用性

BioSerendipの機能

BioSerendipは操作性の優れたWebインタフェースを備えており、パソコンなどのクライアントから容易にデータベース検索・解析を行うことが可能です。メイン画面では各種検索解析システムへのリンクの他、検索プログラムの利用統計情報やシステムリソース（メモリ、CPU、ディスク容量）に関する統計情報、データベース更新状況、現在のシステム稼動状況など様々な情報も参照できます。

BioSerendipのメイン画面



バイオデータベース更新システム

機能

- 30種類以上の主要なデータベースに対応
- 国内、海外FTPサイトからのファイル自動取得および再取得機能
- DBGETインデックスファイル生成
- FASTAフォーマットおよびBLASTフォーマット生成
- 定期およびデイリーデータベースの自動更新

特長

- システムリソースに応じた更新環境構築
- 重複のない核酸およびアミノ酸データベースの作成
- 大部分がインテグリティ言語をベースに作成されているため、機能やデータベースの追加といったカスタマイズが容易
- 京都大学との共同開発により、ファイルフォーマット変更やFTPサイト変更などにいち早く対応することが可能

30種類以上のデータベースに対応した、定期データベース、デイリーデータベースの自動更新が可能です。また、システムリソースに応じた環境構築も可能です。

データベース更新画面



DBGET検索システム

- 30種類以上の主要なデータベースに対応
- フィールドに対する細かなキーワード検索（エントリー名、アクセッション名、タイトル行、リファレンス行、著者行など）
- エントリー情報の抽出
- データベース間リンク情報の抽出
- データベースを持たないクライアントマシンでも、キーワード検索やエントリー抽出が可能
- 並列処理による高速なインデックスファイルの生成

キーワード検索結果画面



エントリー情報の抽出画面



配列解析システム

ユーザインタフェースに優れたホモロジー検索やマルチプルアライメントを行うことが可能です。また、このシステムでは、米国SGIにて最適化されたプログラム群がすでにインストールされています。さらに、日本語化されたわかりやすくかつ詳細なオンラインマニュアルを参照することができます。

構成システム

- ホモロジー検索システム：FASTA、BLAST
- マルチプルアライメントシステム：CLUSTALW

特長

- 簡単で便利なWebインターフェイス
- 日本語化されたわかりやすく詳細なオンラインマニュアル
- 米国SGIにより最適化されたプログラム群（HT-BLAST、並列化版ClustalWなど）

BLAST検索画面



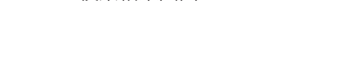
検索結果のアライメント表示



詳細なヘルプ画面



BLAST検索結果画面



モチーフ検索システム

モチーフ検索システムは、有力な機能情報を抽出するシステムです。このシステムでは、通常のモチーフ検索の他、指定されたモチーフによる配列検索、マルチプルアライメントによるモチーフの作成が可能です。

配列モチーフ検索：

- 問い合わせ配列と一致するモチーフをデータベースから検索します。

配列データベース検索：

- 配列パターンあるいはプロフィールで表現されたモチーフを含むエントリを配列データベースから検索します。

プロフィール作成：

- マルチプルアライメントからPROSITE形式もしくはHMMER形式のプロフィールを生成します。

モチーフ検索画面



検索結果画面



PDBにおけるモチーフ該当箇所



SwissProtにおけるモチーフ該当箇所と機能部位

他のツールとの連携

BioSerendipは以上に述べた機能の他、京都大学が開発した生命システム情報統合データベースKEGGとの連携が可能です。なお、KEGGは別途ライセンス購入が必要です。

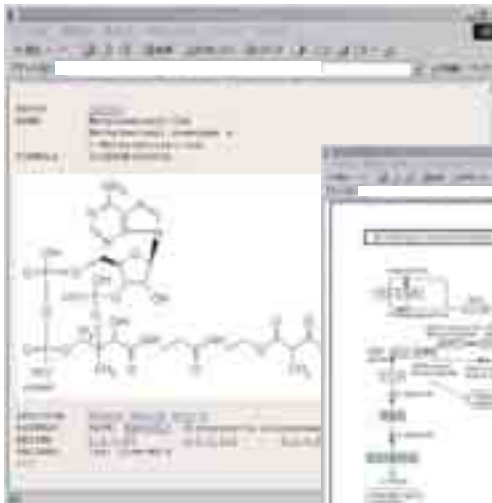


KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)

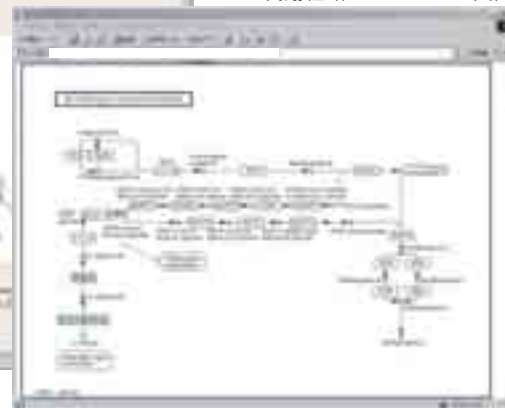
KEGGは生命システム情報統合データベースであり、ゲノム解析がもたらす遺伝子やタンパク質（生命システムの部品）の情報と、細胞機能に関与する分子間相互作用ネットワーク（生命システムの配線）の知識を統合したシステムです。

開発元：京都大学化学研究所
バイオインフォマティクスセンター
<http://www.genome.ad.jp/>

化合物データベース画面



代謝経路データベース画面



推奨マシン

SGI® Altix® 450 サーバ



デュアルコア インテル® Itanium® 2 プロセッサを搭載した、Altix 450は上位機種Altix 4700サーバと同等の開発・運用環境を構築でき、ワークグループ・サーバとして最適なモデルです。Altix 450は最大38個のインテル Itanium 2 (プロセッサ・コアで76個) が搭載可能で、グローバル・アドレス・メモリ空間は456ギガバイト (GB) まで拡張可能です。

通常のPCクラスターでは実行が難しい、巨大なゲノム配列、データベースによるホモロジー検索などの困難な問題を解決します。



SGI® Altix® XE サーバ&クラスター

SGI Altix XEは、優れたパフォーマンスとエネルギー効率をお求めやすい価格帯で提供します。先進のデュアルコア インテル® Xeon®プロセッサ・アーキテクチャとの組み合わせは、クラスター・ソリューションとして工場でのインテグレーションを完了してから出荷され、SGIの業界をリードするサービスおよびサポートによってバックアップされます。

膨大な数の入力配列に対するホモロジー検索などのハイスループット処理を可能とします。

©2006 SGI Japan, Ltd. All rights reserved. 仕様は予告なしに変更される場合があります。SGI、SGIのロゴマーク、BioSerendip、IRIX、およびSGIのキューブは日本SGI株式会社の登録商標です。LinuxはLinus Torvalds氏の登録商標です。インテル、Itanium、およびXeonはIntel Corporationの登録商標です。その他の商標については商標の所有者に所有権が属しています。(12/2006)





日本SGIは地球環境に優しい企業を目指しています

日本SGIは様々なソリューションの提供を通じてお客様の製品の開発・設計の過程において発生する紙や燃料等の資源消費量やCO2排出量の低減を行い、省資源、省エネルギー化に貢献しています。

日本SGI株式会社

〒150-6031 東京都渋谷区恵比寿4-20-3 恵比寿ガーデンプレイスタワー31階

 TEL:0120-161-086  FAX:0120-161-087 <http://www.sgi.co.jp>

本社	TEL:03-5488-1811(大代表)	FAX:03-5420-7201
西日本支社	TEL:06-6343-6700(代表)	FAX:06-6343-6713
中部支社	TEL:0565-35-2561(代表)	FAX:0565-35-2189
つくば・東北事業所	TEL:029-858-1551(代表)	FAX:029-858-1071
東北営業所	TEL:022-221-2301(代表)	FAX:022-221-2304
北海道営業所	TEL:011-708-1511(代表)	FAX:011-758-2789
テクニカルサポートセンター 横浜ラーニングセンター	TEL:045-682-3700(代表)	FAX:045-682-0856