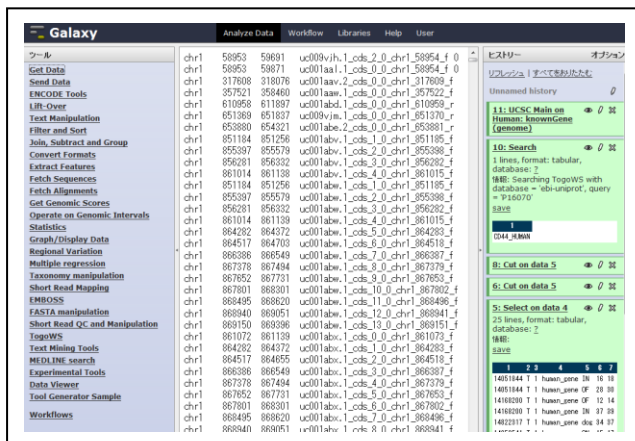


DBCLS Galaxy 解析ワークフローインタフェース

(<http://galaxy.dbcls.jp/>)



○ DBCLS Galaxy とは

ゲノム、タンパク質、文献などの情報を、マウスを中心とした操作で、複数のツールを組み合わせることで処理できる解析インタフェースです。OREFiL や TogoWS などライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) で開発した独自のツールを、既存の解析インタフェース Galaxy に加えました。プログラミングに慣れていない研究者でも使えるインタフェースです。

○ DBCLS Galaxy の特徴

- ・ 統合ウェブサービス (TogoWS) を通じて国内外の主要データベースにアクセス可能
TogoWS が対応している国内外の主要なデータベースからデータを取り込んで解析に利用できます。
- ・ 文献処理ツールも利用可能
DBCLS で開発した OREFiL などの文献処理ツールが組み込まれているので、データ解析のほか、文献データからの情報抽出も行えます。
- ・ データセットやワークフローの保存や共有が可能
ユーザー認証に DBCLS OpenID を用いているため、データセットや作成したワークフローを保存して次回ログイン時に再利用できます。また、ユーザーのあいだでこれらの情報を共有できます。

○ 利用例

- ・ 次世代シーケンサーから得られた配列の解析に。
- ・ プログラミングなど計算機処理の経験の少ない生物系研究室でのデータ解析に。

○ 今後の開発予定

- ・ 生命科学データベース横断検索など利用可能な DBCLS のツールを順次追加していきます。ユーザー各自の計算機で簡単に構築できる DBCLS Galaxy のパッケージを開発します。

○ ご質問やご意見はこちらまで

info@dbcls.rois.ac.jp

(2010年5月現在)