

# 次世代シーケンサ Web 解析システム BLAST 解析システム

## 類似性検索による生物種アノテーション Web システム

膨大な数の配列に類似性検索を行い、その結果をリレーショナルデータベースで管理し、由来生物種で分類検索する Web システムです。

### BLAST 解析システムの特長

- ・大規模類似性検索を行い検索可能なリレーショナルデータベースに格納

次世代シーケンサから出力されるリード配列等、膨大な配列を NCBI-nr などの膨大な配列データベースに類似性検索し、その結果として出力される膨大なデータを、管理・検索ができるようリレーショナルデータベースに格納します。

- ・類似性検索実行やそのパラメータ設定は Web 画面から

コンピュータの専門家の手を借りることなく、Web 画面から類似性検索実行やパラメータ設定を行うことができます。

- ・類似性検索実行状況を Web 画面で確認

大規模類似性検索を行うと 1 回の処理が数日間かかる可能性があります。その間、Web 画面を起動することで、処理の経過を確認することができます。

- ・Taxonomy アノテーションの付与と検索結果の表示

類似性を示した配列には、Taxonomy の情報を付与します。また、類似性検索結果に対する検索結果として、Taxonomy の情報が表示されます。

(本機能は、配列データベースに Taxonomy 情報が付与されている場合に限りです)

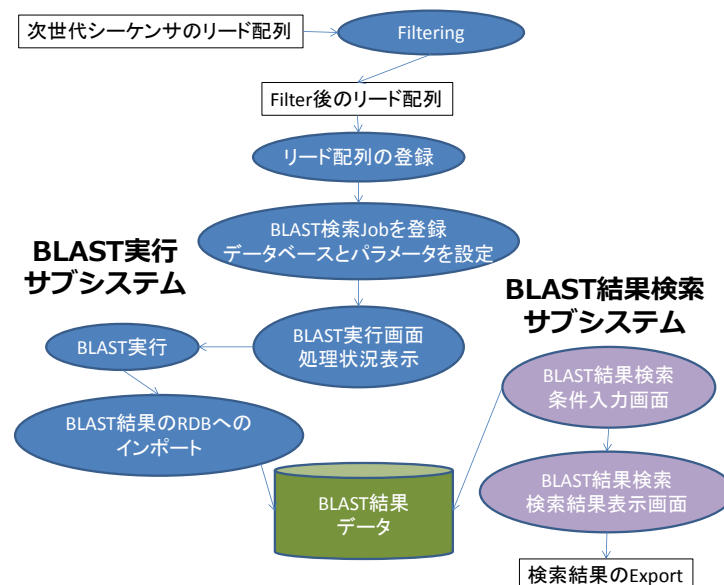


図 1. BLAST 解析システムの処理フロー図。BLAST 実行と BLAST 結果検索システムの2つのサブシステムで構成されています。

利用ソフトウェア NCBI blast+