ヒトゲノム解析センター計算機システム
利用の手引き
【第 1.2 版】

1995 年 *1* 月

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター
〒 108 東京都港区白金台 4-6-1
(03) 5449-5620

目次

はじめに

1　システムの概要と利用案内

2　データベースサービスの概要

3　DBGET の利用法

4　IRx の利用法

5　Entrez の利用法

6　ホモロジー検索プログラム (FASTA, BLAST) の利用法

7　タンパク質モチーフ検索システム (MOTIF) の利用法

8　FTP, Gopher による広域情報検索と
WWW による統合データベース環境

9　Macintosh からの利用法

10　Macintosh から利用するためのソフトウェアのインストール法

11　各種端末からの接続法

12　電子メールプログラム (MH) の使い方

はじめに

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターは、日本におけるヒトゲノム解析研究推進を目的として、 1993 年 2 月にデータベースサーバや超並列計算機からなる計算機システムを導入すると共に、京都大学化学研究所スーパーコンピュータラボラトリーおよび米国 NIH の NCBI の協力の下に、各種のデータベースや解析ソフトウェアの整備を進めてきました。

この利用の手引きは、本センターが提供するサービスのうち、おもに、 GenBank や PIR といった公共のデータベースの検索サービスの利用法についてまとめたものです。また、これらの検索サービスは、広域コンピュータネットワーク (ゲノムネット) を介して行われることから、 WWW (World Wide Web), 電子メールや FTP (File Transfer Protocol) などのネットワーク機能やネットワークへの接続法などにも章を割いています。この利用の手引きが、日本のヒトゲノム解析研究の推進に少しでもお役に立てば幸いです。今後、この利用の手引きは版を重ねてよりよいものにしていきたいと考えていますので、ご意見やご要望を当センターまでお寄せください。

なお、公共データベースの整備の他に、ヒトゲノム解析センターでは、日本のゲノム研究者の協力を得て、本センター独自のデータベースの開発も進めています。現在、以下の 6 本のデータベースの開発をほぼ終了し、ゲノムセンターを中心に運用されているゲノムネットの上で Anonymous FTP によって公開配布されています。

ネットワークを利用した配列解析支援システム	Gnome
配列モチーフ検索・解析ツール	SMART
染色体地図と配列情報を統合したデータベース	HyperGenome
染色体上の物理位置に基づき DNA 配列を整理したデータベース	Genomatica
マッピングデータ入力と統合マップ作成のためのデータベースシステム	Locus-in
コンティグ地図作成のためのソフトウェアツール	ContigMaker

これらのデータベースについてはその概略を紹介した「ゲノムネットデータベースサービス利用案内」パンフレットを用意しています。御希望の方はゲノムセンターまで「データベース利用案内請求」と明記してご請求下さい。また、上記ソフトウェアの利用法をビデオで紹介したものも用意しております。こちらは原則として研究室などの単位に限らせていただいていますが、配布致していますので、ゲノムセンター宛に「データベースシステム利用案内ビデオ」と明記してご請求下さい。

1995 年 1 月