

課題名 (タイトル) :

DNA シーケンスデータのクラスタリング/相同性解析

利用者氏名 : 天野 晃

所属 : 筑波研究所 バイオリソースセンター 情報解析技術室

1. 具体的な利用内容、計算方法

すでに作成してあるプログラムを移植し、利用する。また、並列化/チューニングを行う。

2. 結果

プログラムの移植はほぼ完了。

3. まとめ

クラスタリングプログラムの移植を完了した。

4. 今後の計画・展望

プログラムの並列化を試みる。並列化プログラムの経験がないので、これに 1 年から 2 年を要すると思われる。

5. RICC の継続利用を希望の場合は、これまで利用した状況 (どの程度研究が進んだか、研究においてどこまで計算出来て、何が出来ていないか) や、継続して利用する際に行う具体的な内容
今年度の目標は、シングルスレッド/シングルプロセスのプログラムを移植すること。これはすでに完了。

平成 21 年度 RICC 利用研究成果リスト

【論文、学会報告・雑誌などの論文発表】

1. 天野晃. アンカーを用いない迅速で簡便なシンテニー領域の決定. 情報メディア学会第 11 回研究会発表資料, p17-20. 2009.