

課題名 (タイトル) :

## データ融合解析プラットフォームの研究開発

利用者氏名 : ○宮野 悟 長崎 正朗  
所属 : 社会知創成事業 次世代計算科学研究開発プログラム  
次世代生命体統合シミュレーション研究推進グループ  
データ解析融合研究開発チーム

本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

本研究は、データ解析融合チームで開発した技術とプログラムを、相互に連携させるソフトウェアプラットフォームを構築することを目標している。そのために、既存の商用・非商用 GUI ソフトウェア及びデータベースと本チームで開発されるソフトウェアを統合したソフトウェア環境を一つの利用形態事例として構築している。本統合環境の開発においては、商用ソフトウェア Cell Illustrator をモデリング・GUI ツールとして利用し、その他に BIOBASE などのデータベースを利用しながら、ネットワーク推定、データ同化、データ解析、シミュレーション、データベースを生命分子のネットワークでつなぐためのプログラム開発も随時おこなっている。また、データベースの調査及び本研究で開発されたプログラムの入出力形式を Cell Illustrator のデータ形式である CSML 形式に対応できるように整備を行っている。さらに Java web start 技術で開発された最新のバージョンである Cell Illustrator Online 及びその関連ソフトウェアである SBiP を用いて、データ解析融合研究開発チームで開発されているプログラムの統合を進めている。現在は特に、生命体データ同化プログラムにかかわる解析コンポーネントの拡充、およびテスト解析フローの作成を行っている。

## 1. 具体的な利用内容、計算方法

このデータ解析融合プラットフォームはおもに Java で作成されている本プラットフォームの解析フローを、RICC 上で確認するには、実機に近い形

のテスト機でのジョブ管理システムについて理解する。

## 2. 結果

RICC 上で SBiP を用いて作成したパイプラインが batch ジョブとして円滑に実行できることを確認した。

## 3. まとめ

RICC 上でのジョブシステムの理解を行い、SBiP との連携ができるように改良を行った。

## 4. 今後の計画・展望

SBiP の各パイプラインは実行できるようになったが、パイプラインの一部のコンポーネントの実行のみをサーバー側で行うことは現在困難である。その部分について、より深い連携ができるように改良を進める。

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

4を行うために継続して RICC の利用を行う。

## 6. 一般利用で演算時間を使い切れなかった理由

該当せず。

## 7. 利用研究成果が無かった場合の理由

該当せず。

平成 22 年度 RICC 利用研究成果リスト

**【国際会議、学会などでの口頭発表】**

The 2010 Annual Conference of the Japanese Society for Bioinformatics

Modulator-Dependent System Changes Unravel Cancer Heterogeneity Teppei Shimamura, Seiya Imoto, Atsushi Niida, Masao Nagasaki, Rui Yamaguchi and Satoru Miyano

発表者：島村徹平、九州大学百年講堂、2010 年 12 月