

課題番号 : 28指1301

研究課題名 : バイオリソースからの情報を扱う臨床研究の品質管理方法およびシステムの開発研究

主任研究者名 : 田中紀子

分担研究者名 :

キーワード : omics; data management; database; clinical bioinformatics; standardization

研究成果 :

平成 29 年度の研究成果報告

2 年度は前年度までにある程度完成されていたシステムを所内公開へ向けて見直すために、以下の 4 つの項目についてそれぞれ検討を行った。

#### 1. 計算環境設計の見直し

前年度、現在の JCRAC データセンターのネットワーク環境から病院ネットワークの DMZ 領域にサーバーを移動することを計画した。今年度は実際に NEC と契約をし、所内に設定いただいた研究用 DMZ 領域にサーバーを移動し、研究所・病院からインターネット経由で解析リソースを操作可能とし、生物統計研究室からのみ開発を行えるような環境を設定した。

#### 2. DNAメチル化測定用ツールの見直し

1 番目のテスト環境の通信環境設定の実行予定が遅れたため、実際に研究所からサーバーへアクセスしてもらい、現在進行中のプロジェクトなどで実験データの管理に使っていただき、改善が必要な項目について調査を行う計画も今年度も実行できなかった。そこで、新規データなどによる十分な見直しはローカルに新たに設定した Galaxy 環境でのみ行うにとどまった。改修事項をローカルのテスト環境からサーバーのテスト環境へ反映した。

#### 3. SNPアレイ用ツールの開発

昨年度決定されたツールの組み込みデザインを設計し、プログラミングをローカルのテスト環境で設定した。次年度はそれを、サーバーのテスト環境へ移行し、ネットワーク経由での実行テストを行う予定である。

#### 4. 電子実験ノート機能の拡張

昨年度に開発言語を Ruby に変更し新たに作り直したものを、今年度はサーバー上で提供を行い、外部からテストを実行した。また、SNP アレイ測定のための機能を追加した。

Subject No. : 28 指 130 1

Title : System development based on the study for quality control in clinical bioinformatics research

Researchers : Noriko Tanaka

Key word : omics; data management; database; clinical bioinformatics; standardization

Abstract :

During last three years, I and my colleagues developed a new system to support for managing quality in clinical bioinformatics research, which can deal only with DNA methylation data.

During three years from last year, we planned to continue developing our system to add functions for Genome Wide Association Studies (GWAS) and open it to NCGM faculties.

In the last year, we considered the following each part of the system:

1. Reconsider computing environment

At the project planning phase, the network environment in our institute had been changing and we needed to plan to discuss which place (or network) was the best for the server to be placed for open it to our communities. Last year, we placed the server in the physical subnetwork (DMZ) of our organization's network.

2. Revise the tool for DNA methylation data

We tested the system with unpublished data in a local setting because the server had not been moved to DMZ on NCGM network from JCRAC network yet. The Galaxy system was modified based on the results of the test.

3. Develop new tools for SNP array data

We decided the platform for which quality control tools were developed and implement algorithms for that platform to our system.

4. Extend the function in our online application for experimental management

We made arrangement to add another function for measurements from SNP microarray platforms.

研究目的:

バイオリソースからの情報を扱う臨床研究の品質管理方法の検討およびシステムの構築

Specific Aim 1:

セキュアな環境下で多層かつ異質的分子生物学的情報を格納するストレージシステムとGalaxyサーバーシステムとを連携したネットワークシステムの構築

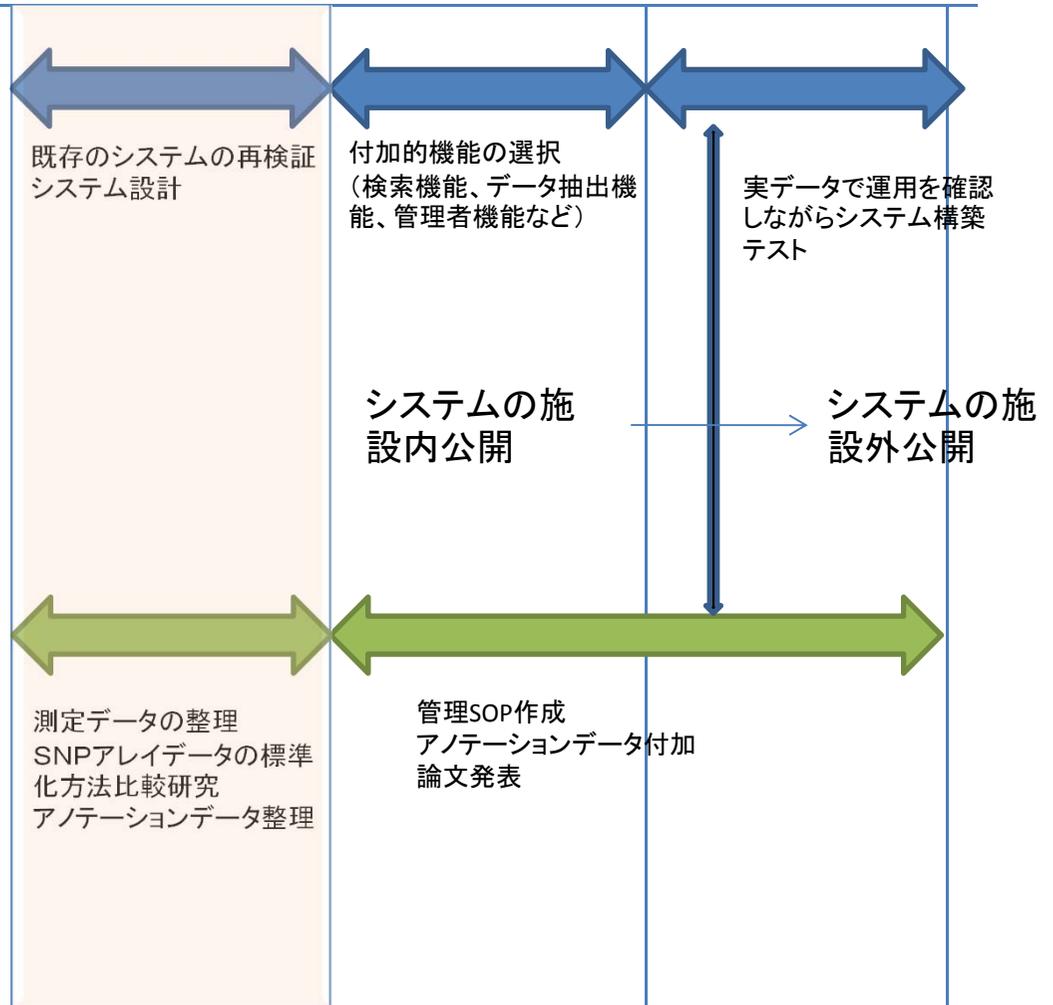
Specific Aim 2:

SNPアレイデータ(実データ)の品質管理工程の確立

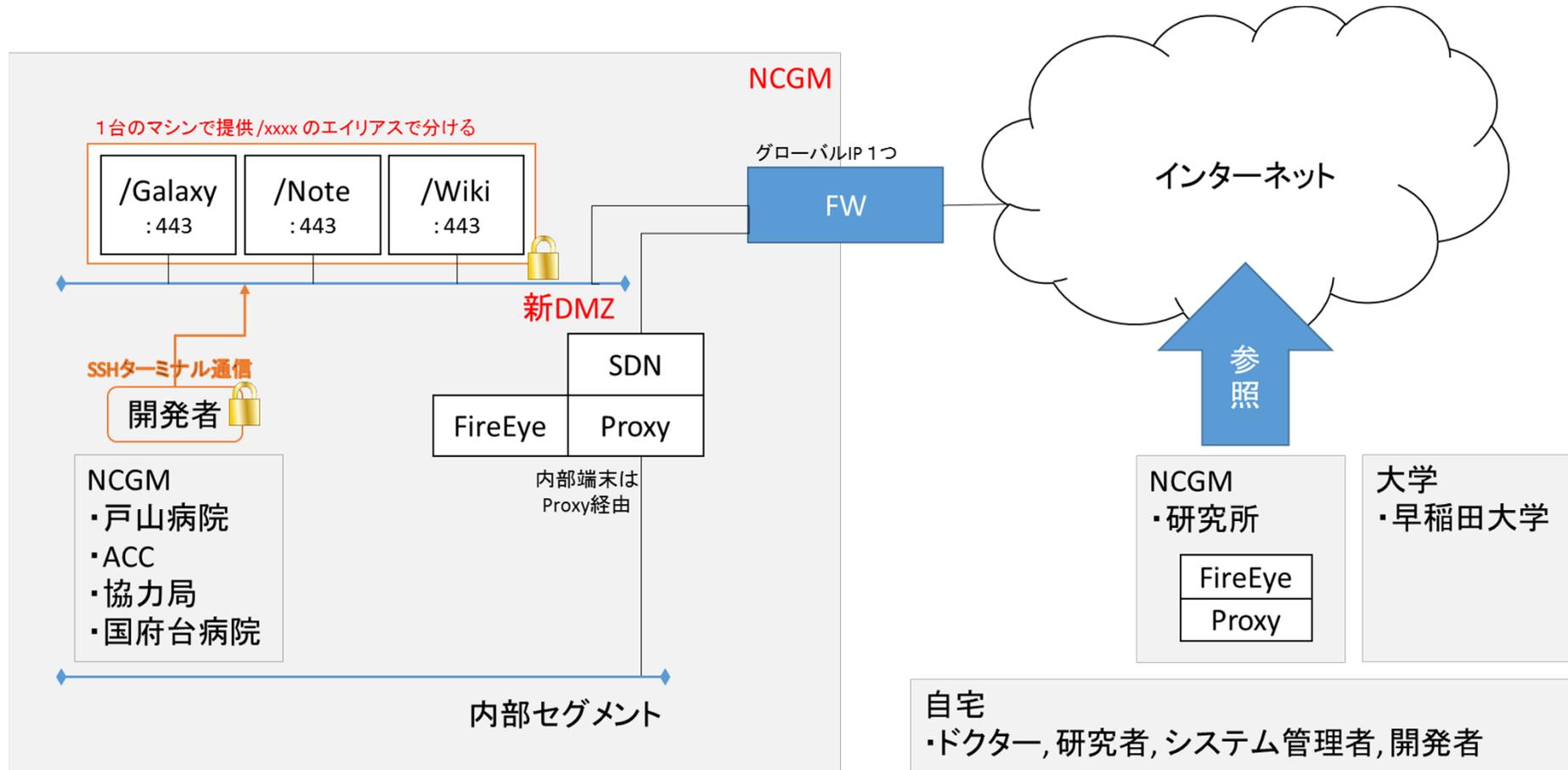
平成28年度

平成29年度

平成30年度



# サーバーを施設内からアクセス可能とする環境へ設置



## 研究発表及び特許取得報告について

課題番号： 28指1301

研究課題名： バイオリソースからの情報を扱う臨床研究の品質管理方法およびシステムの開発研究

主任研究者名： 田中紀子

### 論文発表

論文タイトル	著者	掲載誌	掲載号	年
該当なし				

### 学会発表

タイトル	発表者	学会名	場所	年月
該当なし				

### その他発表(雑誌、テレビ、ラジオ等)

タイトル	発表者	発表先	場所	年月日
該当なし				

特許取得状況について ※出願申請中のものは( )記載のこと。

発明名称	登録番号	特許権者(申請者) (共願は全記載)	登録日(申請日)	出願国
該当なし				

※該当がない項目の欄には「該当なし」と記載のこと。

※主任研究者が班全員分の内容を記載のこと。