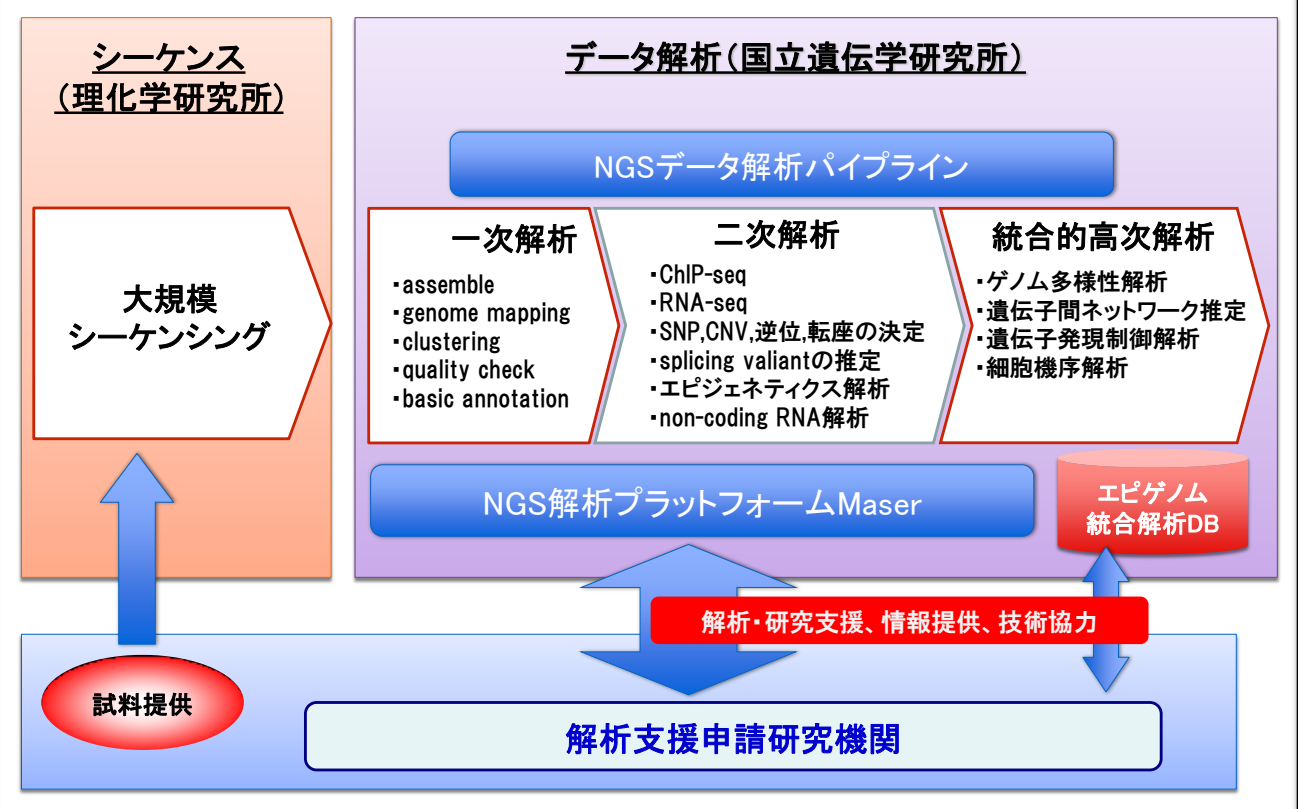


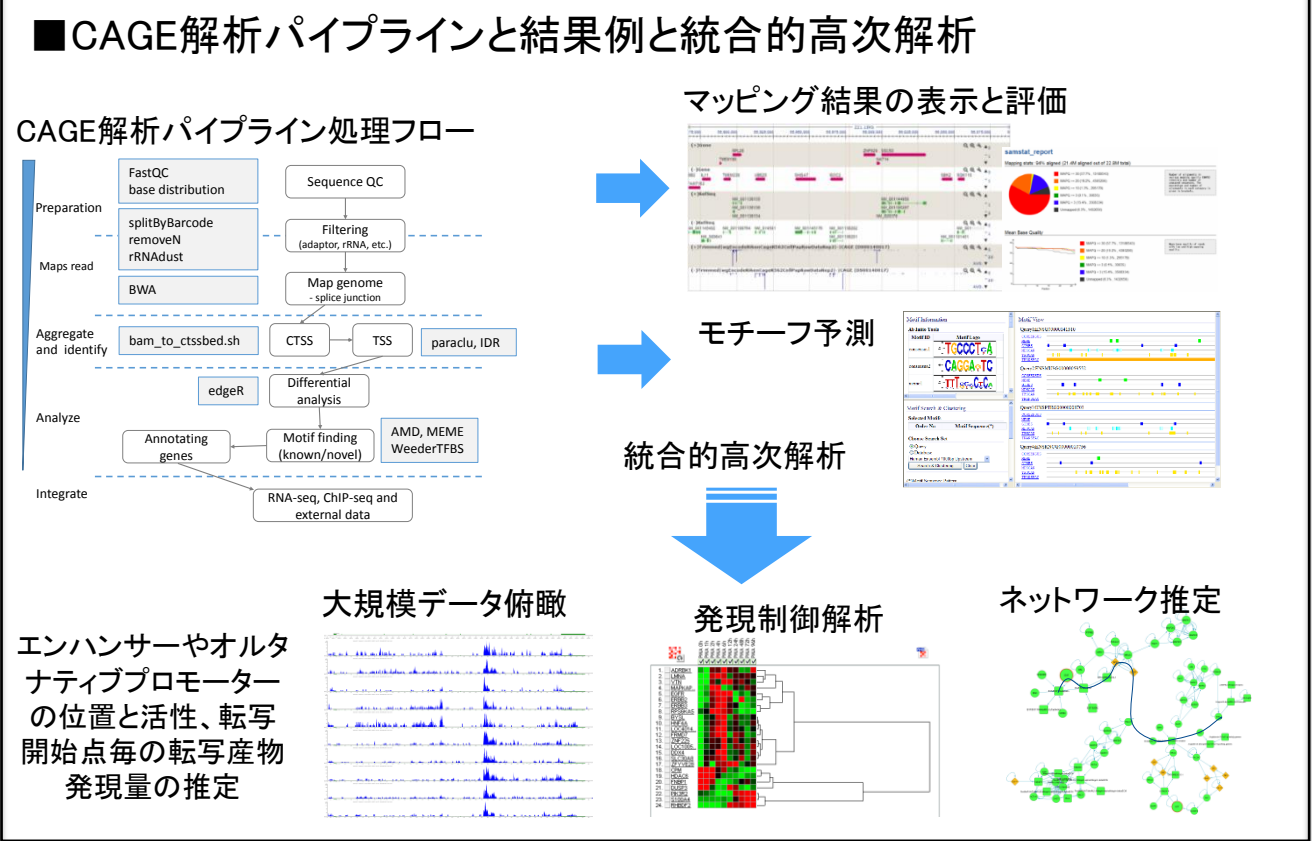
エピゲノミクス高度化データベース構築

[技術の概要]

- 分担機関の国立遺伝学研究所では次世代シーケンス(NGS)のCAGEを含めたデータ解析用プラットフォームMaserを構築しました。
- Maserでは150本以上の解析ツールが利用可能な1,500本以上の多様な解析メニュー(パイプライン)を構築し、その内433本を一般利用に公開中です。



[技術の利用例]



連絡先

[所属] 情報・システム研究機構
国立遺伝学研究所

[名前] 池尾一穂

[E-mail] kikeo@nig.ac.jp