

แนะนำ Bio-Mirror ของฐานข้อมูลชีวภาพของ เครือข่ายนักวิจัยภาคพื้นเอเชีย-แปซิฟิก

สมนึก ศิริโต และ จิตมนต์ เขียนดวงจันทร์
ฝ่ายสารสนเทศงานวิจัย สถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
พันธุ์ปิติ เปี่ยมสง่า
ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
อีเมลล์ {sk,g4265081,pp}@ku.ac.th)

ABSTRACT -- Kasetsart University Research and Development Institute (KURDI) by cooperation with Asia-Pacific Advanced Network (APAN) establishes and services biological sequence databanks. We provide free of charge for researchers and general person at web site: <http://bio-mirror.ku.ac.th> and ftp site: <ftp://bio-mirror.ku.ac.th/biomirror>. The currently total databanks are about 28 Gigabyte in compressed format and include many subdata that separate 3 widely groups. 1) DNA sequence database include GENBANK, BLAST, DDBJ, EMBL and RICE; 2) Protein sequence database include PROSITE, BLOCKS, PFAM, PIR, SWISSPROT, and TREMBL and 3) Other sub database include ENZYME, REBASE, TAXONOMY, and UNIGENE.

Beside, there are many software engines used for analyze and manage biological sequence database in Bio-Mirror that is useful to researcher and general person. Bio-Mirror helps users in Thailand for high-speed access to increase performance in using network that connects other countries. Moreover Bio-Mirror is useful to biological technology researcher and information technology researcher for research and development in the future.

Keywords -- Biological Database, DNA and Protein Sequences

บทคัดย่อ -- สถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ โดยความร่วมมือกับเครือข่ายนักวิจัยภาคพื้นเอเชีย-แปซิฟิก (Asia-Pacific Advanced Network: APAN) ได้ดำเนินการติดตั้งและให้บริการระบบข้อมูลทางชีวภาพให้กับนักวิจัยและผู้สนใจทั่วไปโดยไม่คิดค่าบริการใดๆ ในลักษณะของ WWW ที่ <http://bio-mirror.ku.ac.th> และ FTP ที่ <ftp://bio-mirror.ku.ac.th/biomirror/> ระบบดังกล่าวเก็บรวบรวมข้อมูลลำดับเบสของดีเอ็นเอและโปรตีนทางชีวภาพ ไร่จำนวนมากกว่า 19 กิกะไบต์ (ขนาดของข้อมูลเมื่อถูกบีบอัด) โดยประกอบด้วยข้อมูลย่อยต่างๆ มากมาย โดยแบ่งกว้างๆ ได้สามกลุ่มคือ 1) ฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนประกอบด้วย GENBANK, BLAST, DDBJ, EMBL และฐานข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของข้าว (RICE); 2) ฐานข้อมูลลำดับกรดอะมิโนและโปรตีนประกอบด้วย PROSITE, BLOCKS, PFAM, PIR, SWISSPROT, และ TREMBL และ 3) ฐานข้อมูลย่อยอื่นๆ ประกอบด้วย ENZYME, REBASE, TAXONOMY, และ UNIGENE

นอกจากนี้ยังมีโปรแกรมที่ช่วยในการวิเคราะห์และจัดการฐานข้อมูลในระบบข้อมูล Bio-Mirror ในลักษณะต่างๆ ซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อนักวิจัยและผู้สนใจทั่วไปด้วย ระบบข้อมูล Bio-Mirror นี้จะช่วยทำให้ผู้ใช้งานในประเทศไทยสามารถเข้าถึงข้อมูลได้สะดวกและรวดเร็วขึ้น ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการใช้สายเครือข่ายข้ามประเทศให้มี ประสิทธิภาพสูงขึ้น และเพื่อให้นักวิจัยทั้งทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพ และนักวิจัยทางด้านเทคโนโลยีสารสนเทศได้ใช้ประโยชน์ระบบข้อมูลนี้ เพื่อการค้นคว้า วิจัยและพัฒนาให้เกิดประโยชน์มากขึ้นต่อไป

คำสำคัญ -- ระบบข้อมูลทางชีวภาพ, ลำดับเบสของดีเอ็นเอและโปรตีน