

# 遺伝子、蛋白の機能、形態解析のための細胞内超微構造のデータベースの構築

●竹居 孝二

岡山大学医学部医学科

## 背景と目的

細胞には典型的な形態に属さない超微構造が数多く観察されており、論文として報告されている。それらの構造は多様で様々な表現で記述されているため文献検索が困難である。これらの『特異的超微構造』の画像および関連情報を体系的にまとめ形態解析に利用できるデータベースを構築することが本研究の目的である。

## 検討結果

### 1) 論文検索、電顕像の分析

今年度は対象論文を神経細胞に限定した。PubMedで『neuron (神経)』および『ultrastructure (微細構造)』のキーワードにより検索される約3万7千余の論文のうち、本データベースの対象としての妥当な論文は一部の学術雑誌に集中していた。当該論文の多いCell Tissue Researchに掲載された1,197件について、電顕像の形態的特徴による分類、入力を現在行っている。

### 2) データベース構築

今年度はデータベース構築のためのプロトタイプシステムの実装を行った。このシステムでは、PubMedからの書誌情報、スキャナで取り込んだ論文画像データ、および画像の特徴をあらわすキーワードなどをデータベースに格納し、相互の関連付けを半自動で行っている。データベース検索は、要求が最も高いと思われるキーワードからの検索を中心に実装した。PubMedの書誌情報がASN.1形式で構造化されているため、テキスト情報は構造化文書の標準規格であるXML形式でデータベースに格納する。このためデータベースとしてXML文書処理機能の豊富なOracle8iを、また検索システムはJava言語のServlet機能を用いたWWWサーバ・クライアント方式をそれぞれ採用した。

## 考 察

画像のメタ情報をPubMedの書誌情報から取込むことによりデータ入力効率大幅に改善された。来年度はより使いやすいデータ入力方式や検索方法、PubMedの更新への自動追従などを検討していきたい。

プロトタイプシステムの全体図

