生体分子の熱力学データと構造データの統合



機能

文献

収集

熱力学

構造

PDB j

テキストマイニング技術

- データを含む論文の自動収集
- テキストからのデータの自動抽出

統合化技術

- 熱力学情報と構造情報のクロスレファレンス
- オントロジーの整備
- データ交換フォーマットの整備
- 検索の統合(APIの共通仕様)

今年度の経過

- 蛋白質と変異体の熱力学データと構造データを対応させるクロス レファレンスを約600件作成
- 蛋白質と核酸の相互作用の熱力学データを対応させるクロスレファレンスを約500件作成
- 蛋白質・蛋白質相互作用データベースのスキーマの設計を行い、 データベースシステムとWebページを作成中
- 蛋白質・核酸相互作用熱力学データについてXMLフォーマットの プロトタイプを作成
- テキストマイニングにより文献検索と文献からのデータ抽出を自動化する方法を統合DBセンターと連携して開発中