## 平成20年度目標と中間報告 (植物オミックス情報および蛋白質構造情報)

	中間報告	H20年度最終目標
1. シロイヌナズナ オミックス情報の注 釈付けと公開	シロイヌナズナの発現と表現型に関するデータベースについて、オントロジー作成とIDの割り当てを行い、XMLやテーブル形式でのダウンロード用データを作成した。	1. シロイヌナズナの発現、表現型、リソースに関する計6DBを統合化して公開。
2. 動植物由来蛋 白質構造データと 実験データの注釈 付けと公開	高等動植物等由来の蛋白質構造データに付随する実験データ30件分について、各々の位相決定に用いた回折実験データを中心に集積中である。	2. 高等動植物等由来の蛋白質構造データを付随する実験データを含めて30件公開。
3. 微生物由来蛋白質構造データと実験データの注釈付けと公開	試料調整と結晶化実験データについて公開に向けてデータクレンジング作業を行った。重原子導入蛋白質に関するデータについて公開に向けたアノテーション作業を行った。	3. 微生物由来蛋白質に関わる 試料調整(発現プラスミド構築実験 1万、培養実験 5千、精製実験 3千)、結晶化実験データ(結晶化条件:90万件、観察1000万件)と200件の回折実験データ公開。 4. 変異導入蛋白質に関わる実験データ150件、重原子導入蛋白質に関わるデータ500件を公開。
4. 理化学研究所のデータベース統合化のためのモデルケース構築	理化学研究所のDB群のハブサイトを database.riken.jpとして構築し、理研内部での 監査作業が終了したのち、公開できるようにシステムを構築した。また登録したデータをDB群のkeyword検索機能を実装した。	5. アノテーションシステムの開発運用と変換データの中核機関への提供(契約締結後)

## 平成20年度進捗状況(豊田担当①植物オミックス情報注釈、④DB統合モデル構築)

#### 年度目標

- ①10件のうち6件のDBを統合化して公開
- ④アノテーションシステムの開発運用と 変換データの中核機関への提供(契約締結後)

#### 進捗

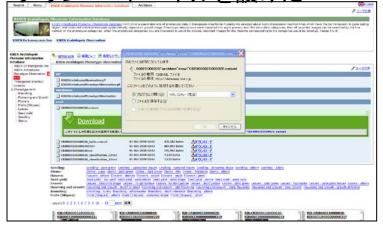
- ①6DBのオントロジー作成、ID割当、ダウンロードデータ作成
- ④database.riken.jpとしてシステム構築(監査後公開予定)

委託費 ※のDB 番号(1-)	公開予定時期	データベース名	オーム空間
1番	今年度	RARGE 完全長cDNAクロー ン(RAFL)	transcriptome
2番	来年度以降	タイリングアレイ	transcriptome
3番	今年度(サンプ ルのみ:論文出 版時に全公開)	454 small RNA library	genome
4番	来年度以降	代謝質量分析プロファイル	metabolome
5番	今年度	RARGEトランスポゾンタグラ イン(RARGE)	genome
6番	今年度	RIKEN Arabidopsis Phenome Information Database (RAPID)	phenome
7番	来年度以降	Activationタグライン	phenome
8番	来年度以降	BRCリソース	resource
9番	今年度	ストラクチュローム(高等動 植物等由来)	proteome
10番	今年度	ストラクチュローム(微生物 由来)	proteome



Keyword 検索結果

ダウンロードパネルを設けた



平成20年度進捗状況 (横山担当③動植物由来蛋白質構造データアノテーション)

# キュレーション進捗

- 公開ターゲット(暫定)
  - 結晶構造系
  - 高等動植物由来タンパク質

- データ収集(紐付け)状況
  - ターゲット配列: **52** / 52件
  - 発現:
    - 発現培養管理レコード: **13** / 52件
    - 発現チェック画像:-/52件
  - 精製:
    - サンプル管理レコード:13/52件
    - プロトコル:-/52件
  - 結晶化:
    - 結晶化管理レコード: 52 / 52件
    - 結晶観察画像 評価:-/52件
  - X線解析:
    - 結晶構造解析レコード: **52** / 52件
    - X線回折反射データ: 28 / 52件

### 平成20年度進捗状況 (国島担当③微生物由来蛋白質構造データアノテーション)

A)データの回収 [データの拡散を防ぐ] B)データの整理

→[データ間の紐づけや情報の修正)] 「情報の品質を高める]

[情報の価値を高める]

提供

C)アノテーション

D)データの公開 > [理研のデータ公開 基盤から公開]

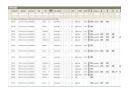
- ①微生物由来タンパク質のX線結晶構造解析実験情報と立体構造データに関する体系的データの提供
- A) ほぼ完了。B) ほぼ完了(結晶化まで)。
- C) 画像データは基盤に送付済み。タンパク質数種類のサンプルデータを使いRiken Semantic Web 基盤上でアノテーション作業を実施中。
- ②微生物由来変異導入タンパク質の結晶構造に関する均一で詳細なデータの提供
- A) ほぼ完了。 B) 実施中。
- C) 画像データは基盤に送付済み。
- ③重原子実験情報の提供
- A) ほぼ完了。B) ほぼ完了。
- C) 全データを基盤に送付済み。Riken Semantic Web 基盤上でアノテーション作業を実施中。

#### タンパク質結晶構造解析研究グループ(国島)

①微生物関連実験情報 ②変異体構造情報

分子機能情報

ローカル環境に あるデータ



And the second of the second o

③ 重原子実験情報



ローカル環境に あるデータ

①微生物実験情報

|放射光システム生物学研究グループ(倉光)







微生物関連実験情報のWeb

Riken Semantic Web 基盤(豊田)