

遺伝子解析支援データベースの構築

清水 佳奈 秋岡 明香

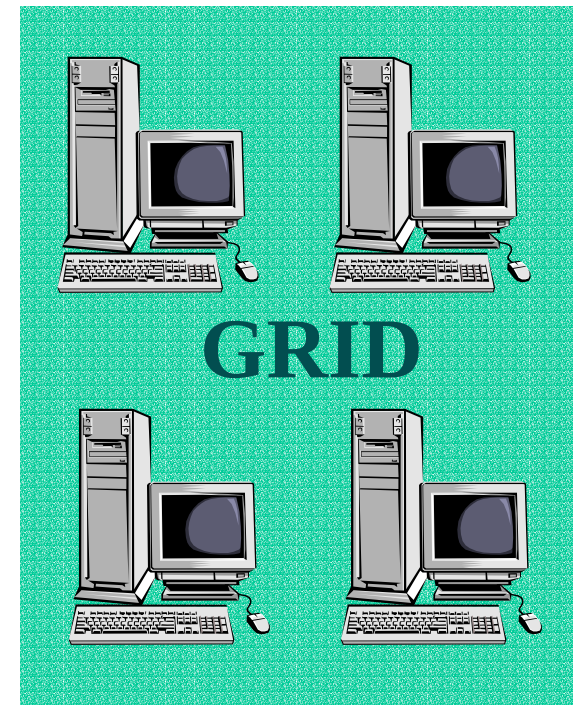
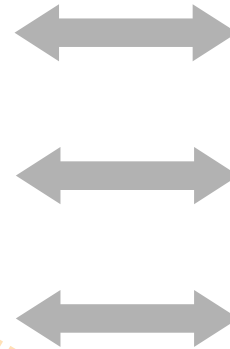
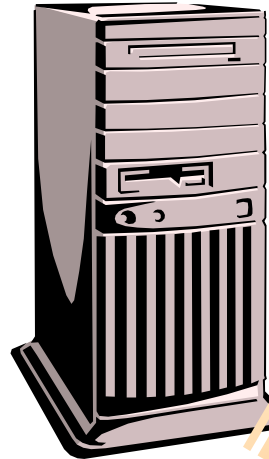
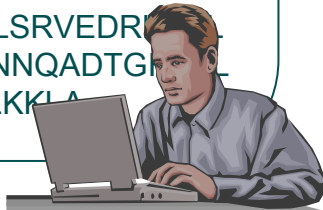
- ゲノム解析において、相同性検索は最も重要なサービス。
- 現在のデータベースでは個々の研究者の目的に合わせた柔軟な検索を行うことができない。
- ゲノムのデータベースは膨大であるため、**網羅的な解析**を行うには莫大な計算量を必要とする。
- 現存する遺伝子配列について、全対全の類似度をGRIDを用いることで計算してデータベース化し、**高速で柔軟**な相同性検索を提供するフレームワークを提案する。

公共のデータベース

遺伝子解析支援 データベース

```
/note="Hem gene product"  
/codon_start=1
```

```
/product="Hemoglobin subunit alpha"  
/protein_id="P02141"  
/db_xref="GI:123456789"  
//translation  
EKLILNRIYNIKKAC  
GDTKSLLESSIKFVK  
RFPNIDNIKAEI  
SLYYHNDNVCELLT  
TMDACDLENFELTKYYLD  
LVVTYVSLMIVLSRVEDR  
GLYNAAYELQNNQADTG  
GQMILDYEVPLKKA
```



- アクセションナンバー (各遺伝子配列固有のID) のみで検索可能。
- 対象とする種・キーワード等のアノテーション情報と関連付けて検索できる。
- 毎日の更新にも対応

