

○課題名：バイオ基幹情報資源の高準化と共用化

代表研究者：菅原秀明（国立遺伝学研究所）

K-3

バイオ情報資源の高準化と共用化：Web API for Biology (WABI) の広がり

菅原秀明¹、権娟大²、宮崎智³、川本祥子⁴、神沼英理¹、中村保一¹、舘野義男¹、五條堀孝¹、猿橋智²、児玉悠一¹

(1 国立遺伝学研究所、2 BIRD研究員、3 東京理科大学、4 ライフサイエンス統合データベースセンター)

現代のバイオ研究が産み出す膨大なデータは、さまざまな観点のデータベースや解析ツールの形をとって公共財「バイオ情報資源」としてインターネットに公開される。研究の新たな展開は、新たな観点でこうしたバイオ情報資源を選択し組合わせて利用することから始まる。一方で、アドホックに構築されることが多いバイオ情報資源は、大量データ処理や繰返し処理に必須であるコンピュータプログラムから再利用することが困難であった。そこで、日本DNAデータバンク (DDBJ) のサービスをPerl, JAVA, Python, RubyまたはCから利用できるようにWeb APIを用意して、バイオ情報資源の高準化と共用化への道を拓いた。また、ウエット系研究者のために、プログラミングすることなく一連の解析の流れを構築できるナビゲーションシステムも整えた。今回は、このWABIとともに、新型シーケンサ由来のリード・アーカイブの登録から公開までの流れも紹介する。なお、11月26-27日にライフサイエンス統合データベースセンターにて「WABIワークショップ：データベースとツールを使いこなしてバイオの課題を解決しよう」を開催する (<http://wabi2009.nig.ac.jp/>)。

○課題名：オントロジーによるパスウェイの高度化および国際標準化 (INOHパスウェイデータベース)

代表研究者：高木利久（東京大学大学院新領域創成科学研究科）

K-4

INOHパスウェイデータベース

酒井智子¹、酒井紀子¹、中村浩実²、福田賢一郎³、高木利久⁴

(1 科学技術振興機構、2 情報数理研究所、3 産業技術総合研究所、4 東京大学大学院新領域創成科学研究科)

体系化が求められる様々なデータの中でも、扱われる概念が多岐にわたり、電子化が難しかったシグナル伝達パスウェイのデータベース化に、我々は以下のような方法で取り組んできた。1) 図や言葉で表現される知識を漏れなく記述できる形式の開発、2) 専門家による論文からの知識抽出・概念間の関係を計算機に識別させるためのオントロジー構築、3) 国際的なデータ標準化への貢献。

現在、60以上のカノニカルおよびモデル生物特異的なパスウェイをINOH形式およびBioPAX国際標準形式でホームページ(<http://www.inoh.org>)より公開中である。パスウェイ全体を視覚的に把握し易くする、分子を主体とした表示機能をINOH client (パスウェイ検索・閲覧アプリケーション)に追加した。また、オントロジー検索・閲覧Webアプリケーション (INOH Ontology Viewer) からパスウェイにアクセスする機能を追加した。さらに、利用者の興味ある部分パスウェイをクエリとして、オントロジーの階層を利用し、生物種をまたがった類似パスウェイを検索・提示するシステムを構築した。これらの機能について紹介する。