

⑧ Toward a Human Genome Encyclopedia

K. Yoshida*(Lawrence Berkeley Lab, 米国)

C. Smith(Univ. of California at Berkeley, 米国)

T. Kazic(Washington Univ. , School of Medicine, 米国)

G. Michaels, R. Taylor(National Institutes of Health, 米国)

D. Zawada, R. Hagstrom, R. Overbeek(Argonne National Lab. , 米国)

発表要旨

ヒト遺伝子百科辞典の構築を目指し、ヒト遺伝子地図データベース・システム“Lucy”が開発されている。

染色体21番を最初の題材として採用し、色々な種類40個以上の地図が出版物から抽出され、加えて種々の公的および局所的データベースが統合された。

著者の知る所、Lucyは遺伝子データベースの統合に成功した最初のシステムである。このようにうまく行ったのは、次のような設計方針に寄るものである。

- (1) 逐次型論理言語Prologの利用：Prologの内部データベース管理機能を利用して、データベースの構築と質問処理が実現された。
- (2) オブジェクト指向データ表現の採用：これにより、どのようなデータも同じように操作できるようになった。
- (3) 簡易言語“map expression”の導入：これにより、相対アドレス法で地図を表現し、また1つの地図を別の地図と結合できるようになった。

これらの手法は、ヒト遺伝子染色体21番だけでなく、別の染色体あるいは別種のための遺伝子地図データベースの構築に応用できるものである。

質疑応答

質問：この問題解決には潜在的に並列性はどのくらい含まれているか。

回答：現在、並列的解法は試みていないが、地図を構成するDNAフラグメントの組立は高並列度を含んだ問題である。また、多種要素データベースの探索自体、並列性を含んでいる。