

記錄 編號	5768
狀態	NC093FJU00392035
助教 查核	
索書 號	
學校 名稱	輔仁大學
系所 名稱	資訊工程學系
舊系 所名 稱	
學號	492515069
研究 生 (中)	黃志帆
研究 生 (英)	gavin huang
論文 名稱 (中)	以 Web-based 介面進行範例式查詢生化代謝途徑查詢系統
論文 名稱 (英)	A QBE-like and Web-based Retrieval System for Metabolic Pathway
其他 題名	
指導 教授 (中)	徐嘉連
指導 教授 (英)	JIA-LIEN HSU
校內 全文 開放 日期	

校外全文開放日期	
全文不開放理由	
電子全文送交國圖.	
國圖全文開放日期.	
檔案說明	
電子全文	
學位類別	碩士
畢業學年度	94
出版年	
語文別	中文
關鍵字(中)	生化代謝途徑 範例式查詢 關聯式資料庫 相似性計算函數
關鍵字(英)	Metabolic Pathway Query-by-example Similarity Matching Contend-based Retrieval Relational Database
摘要(中)	我們針對生物資訊中快速成長的生化代謝途徑 (Metabolic Pathway) 資?提出新的範?式查詢 (Query-by-example) 介面，解決使用者於目前 Internet 知名生化代謝途徑資?庫查詢網站介面中只能透過簡單的關鍵字 (Keyword-based) 而無法表達條件間的關係進?內涵式查詢 (Contend-based Retrieval) 的缺失，滿足可依提供查詢相對關係條件之相似性比對

	<p>(Similarity Matching) 加以排序，使能快速找到真正所需生化代謝途徑的問題。我們將生化代謝途徑簡化為圖型 (Graph) 資料：即用資料庫分別儲存節點 (Node, 如酵素 (Enzyme))、接線 (Edge, 如化合物 (Compound)) 資料與相對位置，並用 Evangelos Simeonidis[Seva03] 等人在生化代謝工程期刊 (Metabolic Engineering) 提出的生化代謝途徑相似計算演算法，計算使用者提供查詢之生化代謝途徑與資料庫中的生化代謝途徑相似。我們實作的系統可讓使用者用網路瀏覽器 (Web Browser) 在 Internet 上透過友善 (User-friendly) 的「圖型式」輸入範例 (Graph Example) 介面進行查詢，也採用開放式的資料交換格式：GML (Graph Modeling Language) 提供「上傳」查詢的範例圖檔，亦可運用在生化代謝途徑上之酵素關鍵字 (Enzyme Keyword)、化合物關鍵字 (Compound Keyword) 或成對的鄰近酵素 (Neighbor Enzyme Pairs) 加上其間的反應化合物，用我們定義的結構性文字語法及符號以表達關係等輸入條件的方式，在我們提供的系統中進行相似性比對查詢；為提供可攜性高 (Portability)、可交換性 (Exchangeable) 的生化代謝途徑資料，我們亦提供將查詢所得到的結果以 GML 格式轉出 (Export)。另為用傳統關式資料庫 (Relational Database) 的成熟技術與眾多研究調校後的速效，我們將所有的生化代謝途徑資料進行模組化 (Modeling) 存入我們定義在關式資料庫中的表格 (Table)，並將各種型式的查詢條件均轉換為標準 SQL (Structured Query Language) 語法，使得在資料非常巨大時，還可快速處理大的查詢需求並排序查詢結果；最後我們採用可攜性高 (Portable)、可跨作業平台 (System Platform) 的 Java 程式語言進行專案建置，提高整個專案的可擴充性</p>
摘要 (英)	A QBE-like and Web-based Retrieval System for Metabolic Pathway
論文 目次	1.序 1.1.生化代謝途徑 (METABOLIC PATHWAY) 的意義 1.2. 於 KEGG 的生化代謝途徑表示法簡介 1.3. GML 簡介 2. 相關研究 3. 研究目的 3.1. 生化代謝途徑定義 3.2. 研究問題定義 (PROBLEM DEFINITION) 4. 研究方法 4.1. MULTIPLE QUERY TYPES 說明 4.2. 生化反應所需最小次數函數定義 4.3. 生化代謝途徑資料的取得與儲存 4.4. 生化代謝途徑資料轉存入關式資料庫表格的方法 4.5. 查詢圖型切割法 4.6. MULTIPLE QUERY TYPE ALGORITHM 5.系統實作 5.1.系統架構 5.2. 查詢介面 5.3. 伺服器、資料庫系統及開發語言 6. 結論與未來目標 參考文獻
參考 文獻	[BIND] BIND website, http://bind.ca/ . [Bioc] BioCarta website, http://www.biocarta.com/ . [Bioi03] Bioinfo website, http://www.bioinfo.de/isb/2003/04/0007/main.html - img-4. [Biop05] BioPAX Workgroup, "Biological pathways exchange language level 2, version 0.9 (Draft Release) Documentation Recommendation", April 29, 2005. [Chan05]張青揚, "Modeling, QBE-like query and processing for metabolic pathway data", 輔大資訊工程研究所畢業論文, June 2005. [Cjkr04] C. J. Krieger, "A multi-organism database of metabolic pathways and enzymes", Nucleic Acids Res. 32 Database issue, D438-42, 2004. [Clem04] C. Lemer, "A web interface to a relational database of cellular processes", Nucleic Acids Res. 32 Database issue, D443-8,

	2004.
論文 頁數	51
附註	
全文 點閱 次數	
資料 建置 時間	
轉檔 日期	
全文 檔存 取記 錄	
異動 記錄	M admin Y2008.M7.D3 23:17 61.59.161.35