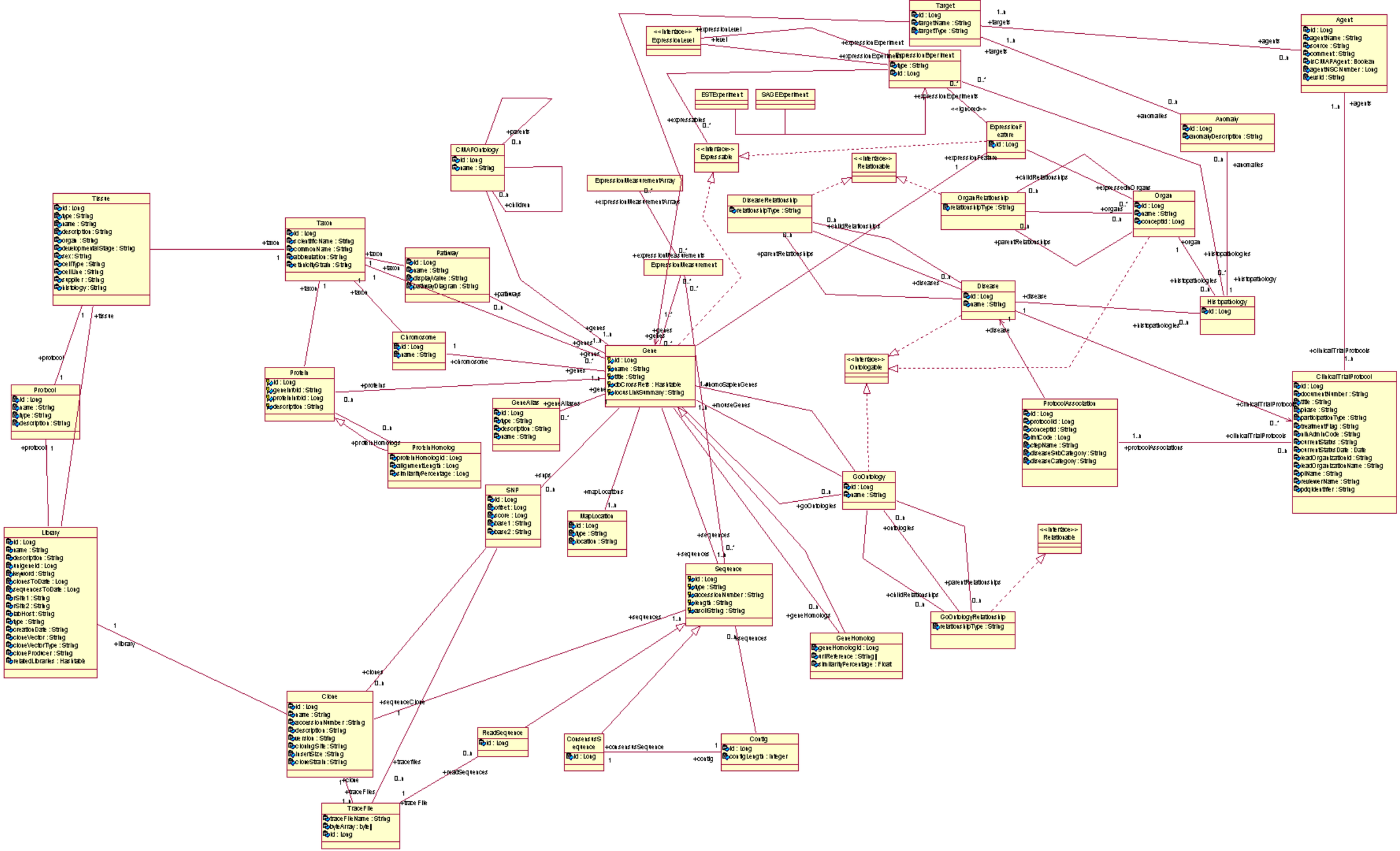
Target
id : Long
targetName : String
targetType : String
Agent
id : Long
agentName : String
source : String
comment : String
isCIMAPAgent : Boolean
agentNSCNumber : Long
geneId : String
<<Interface>>
ExpressionLevel
ExpressionExperiment
type : String
id : Long
BSTExperiment
SAGEExperiment
<<Interface>>
Expressable
ExpressionFeature
id : Long
Anomaly
id : Long
anomalyDescription : String
CIMAPOntology
id : Long
name : String
ExpressionMeasurementArray
ExpressionMeasurement
<<Interface>>
Relationable
DiseaseRelationship
relationshipType : String
OrganRelationship
relationshipType : String
Organ
id : Long
name : String
conceptId : Long
Tissue
id : Long
type : String
name : String
description : String
organ : String
developmentalStage : String
sex : String
cellType : String
cellLine : String
supplier : String
histology : String
Taxon
id : Long
scientificName : String
commonName : String
abbreviation : String
strainStrain : String
Pathway
id : Long
name : String
displayValue : String
pathwayDiagram : String
Disease
id : Long
name : String
Histopathology
id : Long
Chromosome
id : Long
name : String
Gene
id : Long
name : String
title : String
locusCrossRefs : Hashtable
locusLinkSummary : String
Protein
id : Long
geneInfoId : String
proteinInfoId : Long
description : String
GeneAlias
id : Long
type : String
description : String
name : String
<<Interface>>
Ontologable
ClinicalTrialProtocol
id : Long
documentNumber : String
title : String
phase : String
participationType : String
treatmentFlag : String
nciAdminCode : String
currentStatus : String
currentStatusDate : Date
leadOrganizationId : String
leadOrganizationName : String
piName : String
reviewerName : String
pdqIdentifier : String
ProtocolAssociation
id : Long
protocolId : Long
conceptId : String
nmCode : Long
stepName : String
diseaseSubCategory : String
diseaseCategory : String
Protocol
id : Long
name : String
type : String
description : String
ProteinHomolog
proteinHomologId : Long
alignmentLength : Long
similarityPercentage : Long
SNP
id : Long
portfolio : Long
score : Long
base1 : String
base2 : String
MapLocation
id : Long
type : String
location : String
GoOntology
id : Long
name : String
<<Interface>>
Relationable
GoOntologyRelationship
relationshipType : String
Library
id : Long
name : String
description : String
uniqueId : Long
keyword : String
clonesToDate : Long
sequencesToDate : Long
siteId1 : String
siteId2 : String
labHost : String
type : String
creationDate : String
cloneVector : String
cloneVectorType : String
cloneProducer : String
relatedLibraries : Hashtable
Sequence
id : Long
type : String
accessionNumber : String
length : String
sequenceString : String
GeneHomolog
geneHomologId : Long
urlReference : String
similarityPercentage : Float
Clone
id : Long
name : String
accessionNumber : String
description : String
version : String
cloningSite : String
insertSize : String
cloneStrain : String
ReadSequence
id : Long
ConsensusSequence
id : Long
Contig
id : Long
contigLength : Integer
TraceFile
traceFileName : String
byteArray : byte[]
id : Long
+expressionLevel
+level
+expressionExperiment
+expressionExperiments
+targets
+agents
+anomalies
<<Ignored>>
+expressables
+parent
+children
+expressionFeature
+childRelationships
+parentRelationships
+expressedInOrgans
+organs
+organ
+histopathologies
+histopathology
+diseases
+disease
+clinicalTrialProtocols
+protocolAssociations
+taxon
+tissue
+protocol
+pathways
+genes
+chromosome
+proteins
+geneAliases
+proteinHomologs
+snps
+mapLocations
+homoSapienGenes
+mouseGenes
+goOntologies
+ontologies
+geneHomologs
+sequences
+sequenceClone
+clones
+library
+traceFiles
+readSequences
+trace File
+trace Files
+clone
+consensusSequence
+contig