DNA和RNA蛋白质数据处理程序文档说明

经过初期的数据整理，我们已经能够从蛋白质的原始数据中提取出相应的有用的信息，比如蛋白质残基接口的形状特征，和形状所对应的氨基酸类型。接下来的工作就是需要对于我们前一步所提取的性质进行计算，根据三种不同的形状，和AAindex数据库中的氨基酸的属性值，构建一个相对完善的数据特征表。为了方便以后对于属性特征表的管理和维护，首先对于整个特征表的格式做相应的规定：

第一行：各个属性值的名称

0列：蛋白质的名称

1-3列：蛋白质的形状属性 peak -1，flat-2，valley - 3

4-6列：蛋白质的形状氢键属性 peak-H -4，flat-H-5，valley-H - 6