データベースと ネットワーク解析

清水謙多郎

shimizuk@fc.jwu.ac.jp

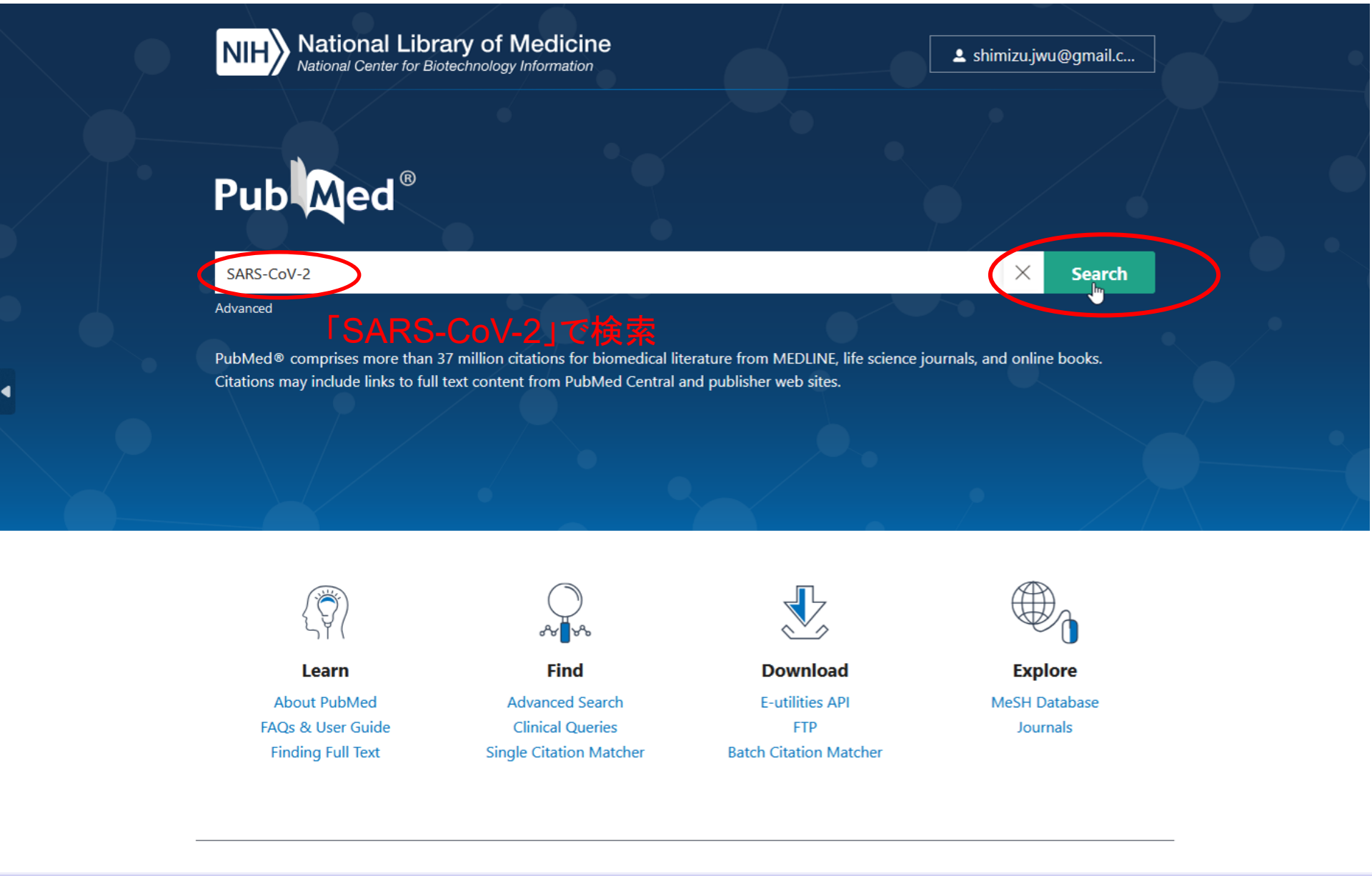
オントロジー

- **オントロジー**（ontology）：対象となる領域における概念とそれらの関係を形式的に表現
  - 知識を統一的な枠組みで記述するための手法
  - 概念とは、特定の領域で共有される知識を指す
- **統制語**（controlled vocabulary）：同じ意味をもつ語彙や（それが表す概念）を統一するための標準化された語彙の集合
  - オントロジーで定義された概念を、語彙として具体的に表現したもの →知識の表現に用いられる語彙の標準化
  - 情報検索で使用する語を限定し、その意味や使用方法を明確に規定 ← 現実には多様な語が用いられる
  - 医学・生命科学 MeSH、情報科学 ACM CCS など
  - 目的: 知識の共有や再利用を可能にし、人間とコンピュータの双方が理解できる形式で記述する

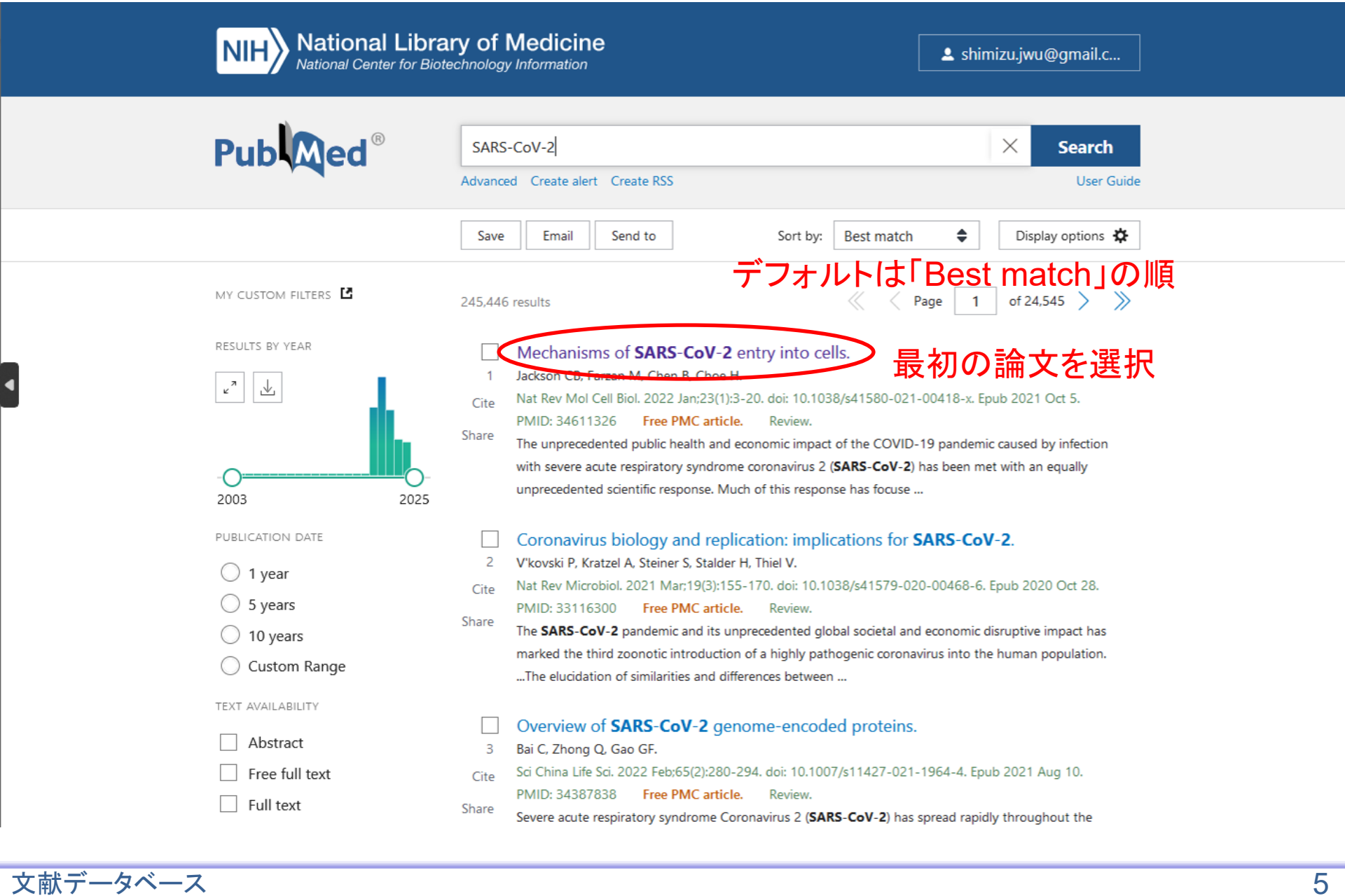
PubMed

- MEDLINE（MEDlars onLINE）
  - NCBI NLM（National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine, 国立医学図書館）が作成する医学・生命科学の文献データベース
  - MEDlars: Medical Literature Analysis and Retrieval System
  - 80カ国で出版された生物医学系ジャーナル5,294誌からの要約、1950年以降の30,966,708件の文献情報を含む（2023年統計）
- PubMed（https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/）
  - MEDLINEにデータを追加し、検索機能をもたせたデータベース
  - 3,900万件以上の文献情報（現在）、年間36億件の検索（2023年統計）
  - PubMed Central: 論文のフルテキストのアーカイブ
  - 出版社サイトのフルテキストへのリンク

PubMedの利用（1）


National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information
shimizu.jwu@gmail.c...
PubMed®
SARS-CoV-2
Search
Advanced
「SARS-CoV-2」で検索
PubMed® comprises more than 37 million citations for biomedical literature from MEDLINE, life science journals, and online books.
Citations may include links to full text content from PubMed Central and publisher web sites.
Learn
About PubMed
FAQs & User Guide
Finding Full Text
Find
Advanced Search
Clinical Queries
Single Citation Matcher
Download
E-utilities API
FTP
Batch Citation Matcher
Explore
MeSH Database
Journals

PubMedの利用（2）


National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information
shimizu.jwu@gmail.c...
PubMed
SARS-CoV-2
Search
Advanced
Create alert
Create RSS
User Guide
Save
Email
Send to
Sort by:
Best match
Display options
デフォルトは「Best match」の順
MY CUSTOM FILTERS
245,446 results
Page 1 of 24,545
RESULTS BY YEAR
2003
2025
PUBLICATION DATE
1 year
5 years
10 years
Custom Range
TEXT AVAILABILITY
Abstract
Free full text
Full text
Mechanisms of SARS-CoV-2 entry into cells.
最初の論文を選択
1
Cite
Share
Jackson CB, Farzan M, Chen B, Choe H.
Nat Rev Mol Cell Biol. 2022 Jan;23(1):3-20. doi: 10.1038/s41580-021-00418-x. Epub 2021 Oct 5.
PMID: 34611326 Free PMC article. Review.
The unprecedented public health and economic impact of the COVID-19 pandemic caused by infection with severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) has been met with an equally unprecedented scientific response. Much of this response has focuse ...
Coronavirus biology and replication: implications for SARS-CoV-2.
2
Cite
Share
V'kovski P, Kratzel A, Steiner S, Stalder H, Thiel V.
Nat Rev Microbiol. 2021 Mar;19(3):155-170. doi: 10.1038/s41579-020-00468-6. Epub 2020 Oct 28.
PMID: 33116300 Free PMC article. Review.
The SARS-CoV-2 pandemic and its unprecedented global societal and economic disruptive impact has marked the third zoonotic introduction of a highly pathogenic coronavirus into the human population. ...The elucidation of similarities and differences between ...
Overview of SARS-CoV-2 genome-encoded proteins.
3
Cite
Share
Bai C, Zhong Q, Gao GF.
Sci China Life Sci. 2022 Feb;65(2):280-294. doi: 10.1007/s11427-021-1964-4. Epub 2021 Aug 10.
PMID: 34387838 Free PMC article. Review.
Severe acute respiratory syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) has spread rapidly throughout the

PubMedの利用（3）


National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information
shimizu.jwu@gmail.c...
PubMed
SARS-CoV-2
Search
Advanced
User Guide
Search results
Save
Email
Send to
Display options
Review
Nat Rev Mol Cell Biol. 2022 Jan;23(1):3-20. doi: 10.1038/s41580-021-00418-x.
Epub 2021 Oct 5.
Mechanisms of SARS-CoV-2 entry into cells
Cody B Jackson 1 2, Michael Farzan 1, Bing Chen 3 4, Hyeryun Choe 5
Affiliations + expand
PMID: 34611326 PMCID: PMC8491763 DOI: 10.1038/s41580-021-00418-x
Abstract
アブストラクト（要旨）
The unprecedented public health and economic impact of the COVID-19 pandemic caused by infection with severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) has been met with an equally unprecedented scientific response. Much of this response has focused, appropriately, on the mechanisms of SARS-CoV-2 entry into host cells, and in particular the binding of the spike (S) protein to its receptor, angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2), and subsequent membrane fusion. This Review provides the structural and cellular foundations for understanding the multistep SARS-CoV-2 entry process, including S protein synthesis, S protein structure, conformational transitions necessary for association of the S protein with ACE2, engagement of the receptor-binding domain of the S protein with ACE2, proteolytic activation of the S protein, endocytosis and membrane fusion. We define the roles of furin-like proteases, transmembrane protease, serine 2 (TMPRSS2) and cathepsin L in these processes, and delineate the features of ACE2 orthologues in reservoir animal species and S protein adaptations that facilitate efficient human transmission. We also examine the utility of
FULL TEXT LINKS
nature portfolio
FREE Full text PMC
NEXT RESULT
2 of 245,446
ACTIONS
Cite
Collections
SHARE
PAGE NAVIGATION
Title & authors
Abstract
Conflict of interest
この下を見てみよう

PubMedの利用（4）

References

1. Lu R, et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. Lancet. 2020;395:565–574. - PMC - PubMed
2. Shang J, et al. Structural basis of receptor recognition by SARS-CoV-2. Nature. 2020;581:221–224. - PMC - PubMed
3. Zhou P, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. Nature. 2020;579:270–273. - PMC - PubMed
4. Walls AC, et al. Structure, function, and antigenicity of the SARS-CoV-2 spike glycoprotein. Cell. 2020 doi: 10.1016/j.cell.2020.02.058. - DOI - PMC - PubMed
5. Lan J, et al. Structure of the SARS-CoV-2 spike receptor-binding domain bound to the ACE2 receptor. Nature. 2020;581:215–220. - PubMed

Show all 261 references

Publication types

- Research Support, N.I.H., Extramural
- Research Support, Non-U.S. Gov't
- Review

MeSH terms

MeSH terms
統制語として、論文の主題や内容を体系的に表現

- Animals
- Evolution, Molecular
- Humans
- Membrane Fusion
- Peptidyl-Dipeptidase A / metabolism
- SARS-CoV-2 / immunology
- SARS-CoV-2 / physiology*
- Viral Proteins / chemistry
- Viral Proteins / metabolism
- Virus Internalization*

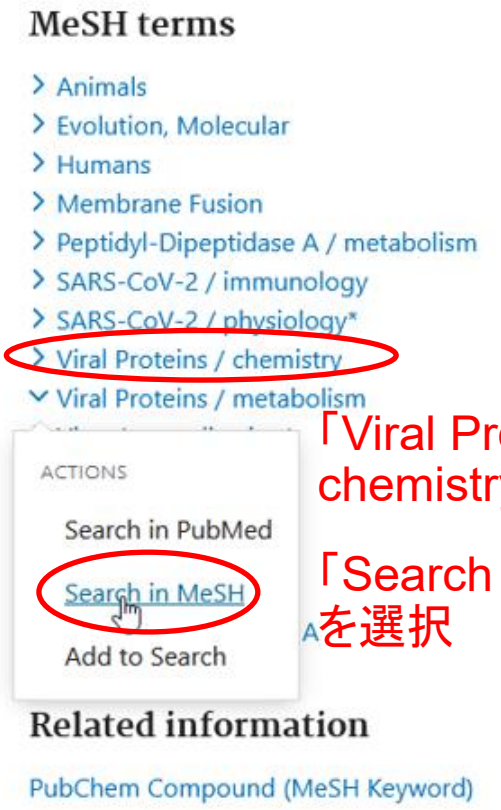
Substances

- Viral Proteins
- Peptidyl-Dipeptidase A

MeSH

- MeSH（Medical Subject Headings）
  - MEDLINEに収録されている論文の主題を表すための生物医学分野の統制語（control language）、シソーラス（thesaurus）
    - シソーラス: 用語を意味上の関係に基づき整理した辞書・辞典・語彙集
  - 検索の際、自動マッピング機能により、入力した検索語のほか、対応するMeSHの用語も使って自動的に検索

PubMedの利用（5）



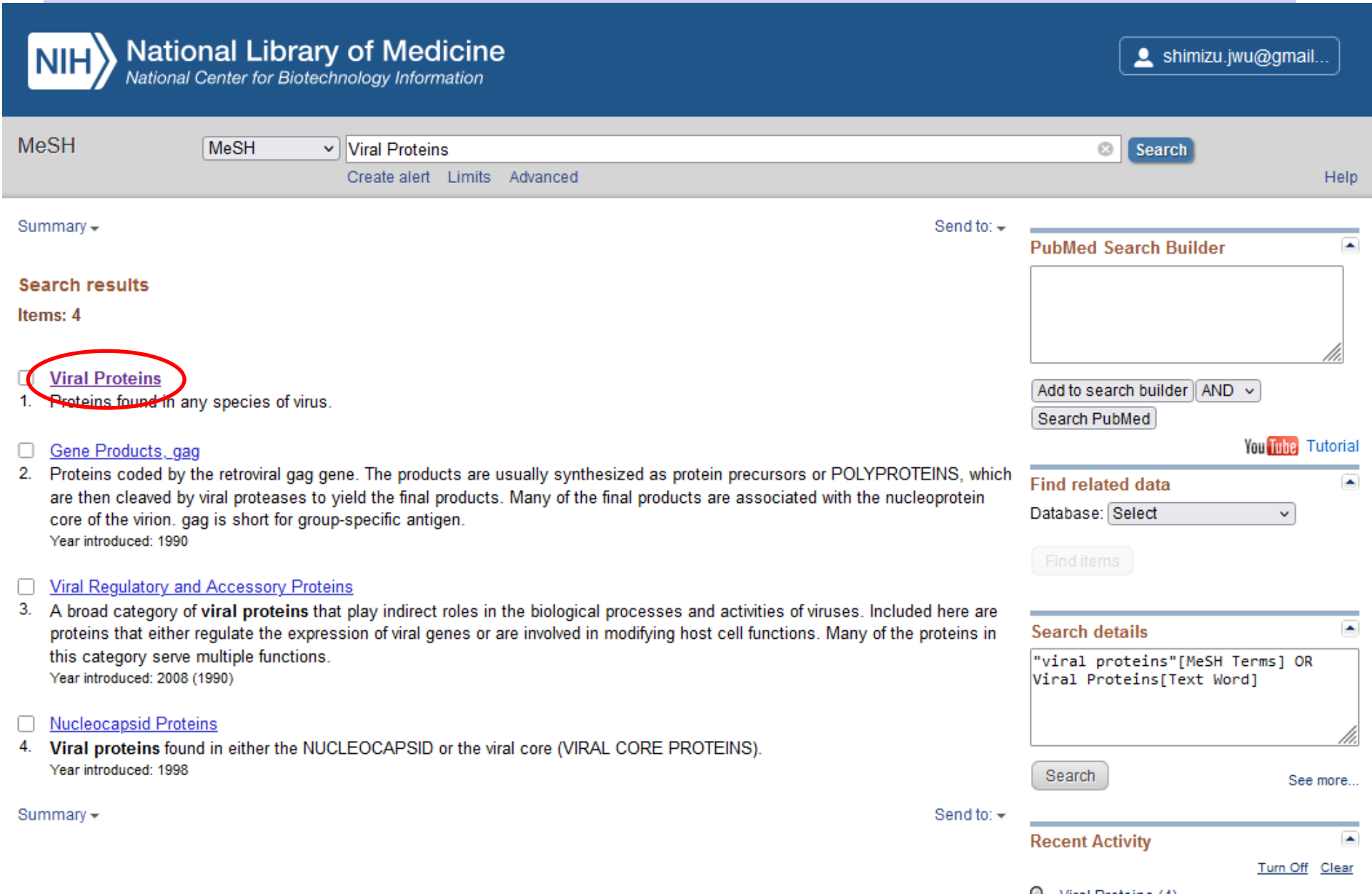
「Viral Proteins / chemistry」を選択

「Search in MeSH」を選択

「Viral Proteins / chemistry」の「/」の後は、Subheading（限定語）を表す
→ 例えば、ウイルスタンパク質の化学的性質、化学的研究側面を表す

「Viral Proteins / physiology」は、ウイルスタンパク質の生理的機能を表し、
*は、それが論文の主題であることを示す

PubMedの利用（6）


National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information
shimizu.jwu@gmail...
MeSH
MeSH
Viral Proteins
Search
Create alert
Limits
Advanced
Help
Summary
Send to:
Search results
Items: 4
Viral Proteins
1. Proteins found in any species of virus.
Gene Products, gag
2. Proteins coded by the retroviral gag gene. The products are usually synthesized as protein precursors or POLYPROTEINS, which are then cleaved by viral proteases to yield the final products. Many of the final products are associated with the nucleoprotein core of the virion. gag is short for group-specific antigen.
Year introduced: 1990
Viral Regulatory and Accessory Proteins
3. A broad category of viral proteins that play indirect roles in the biological processes and activities of viruses. Included here are proteins that either regulate the expression of viral genes or are involved in modifying host cell functions. Many of the proteins in this category serve multiple functions.
Year introduced: 2008 (1990)
Nucleocapsid Proteins
4. Viral proteins found in either the NUCLEOCAPSID or the viral core (VIRAL CORE PROTEINS).
Year introduced: 1998
Summary
Send to:
PubMed Search Builder
Add to search builder
AND
Search PubMed
YouTube Tutorial
Find related data
Database:
Select
Find items
Search details
"viral proteins"[MeSH Terms] OR Viral Proteins[Text Word]
Search
See more...
Recent Activity
Turn Off
Clear

PubMedの利用（7）

Full ▾ Send to: ▾

Viral Proteins

Proteins found in any species of virus.

PubMed search builder options

Subheadings:

subheading: 主要なMeSH用語（heading）をさらに詳細に分類し、文献の内容をより細かく記述するための補助的な語句

- ☐ administration and dosage
- ☐ adverse effects
- ☐ agonists
- ☐ analysis
- ☐ antagonists and inhibitors
- ☐ biosynthesis
- ☐ blood
- ☐ cerebrospinal fluid
- ☐ chemical synthesis
- ☐ chemistry
- ☐ classification
- ☐ drug effects
- ☐ economics
- ☐ genetics
- ☐ history
- ☐ immunology
- ☐ isolation and purification
- ☐ metabolism
- ☐ pharmacokinetics
- ☐ pharmacology
- ☐ physiology
- ☐ poisoning
- ☐ radiation effects
- ☐ standards
- ☐ supply and distribution
- ☐ therapeutic use
- ☐ toxicity
- ☐ ultrastructure
- ☐ urine

☐ Restrict to MeSH Major Topic.

☐ Do not include MeSH terms found below this term in the MeSH hierarchy.

Tree Number(s): D12.776.964

MeSH Unique ID: D014764

階層的な概念の整理

Entry Terms:

- Proteins, Viral
- Viral Protein
- Protein, Viral
- Gene Products, Viral
- Viral Gene Products
- Viral Gene Proteins

Entry Terms: ユーザが使用する検索語が主要なMeSH用語にマッピングされる

All MeSH Categories
Chemicals and Drugs Category
Amino Acids, Peptides, and Proteins
Proteins
Viral Proteins
Antigens, Viral
Adenovirus Early Proteins +
Antigens, Viral, Tumor +
Deltaretrovirus Antigens +
Epstein-Barr Virus Nuclear Antigens
Hemagglutinins, Viral +
Hepatitis Antigens +
HIV Antigens +

PubMed Search Builder

Add to search builder AND ▾

Search PubMed

YouTube Tutorial

Related information

PubMed

PubMed - Major Topic

Clinical Queries

NLM MeSH Browser

PubChem Compound

Recent Activity

Turn Off Clear

Viral Proteins MeSH

Animals MeSH

"olfactory receptor" AND "homo sapience"[Organism] AND "pseudoge Gene

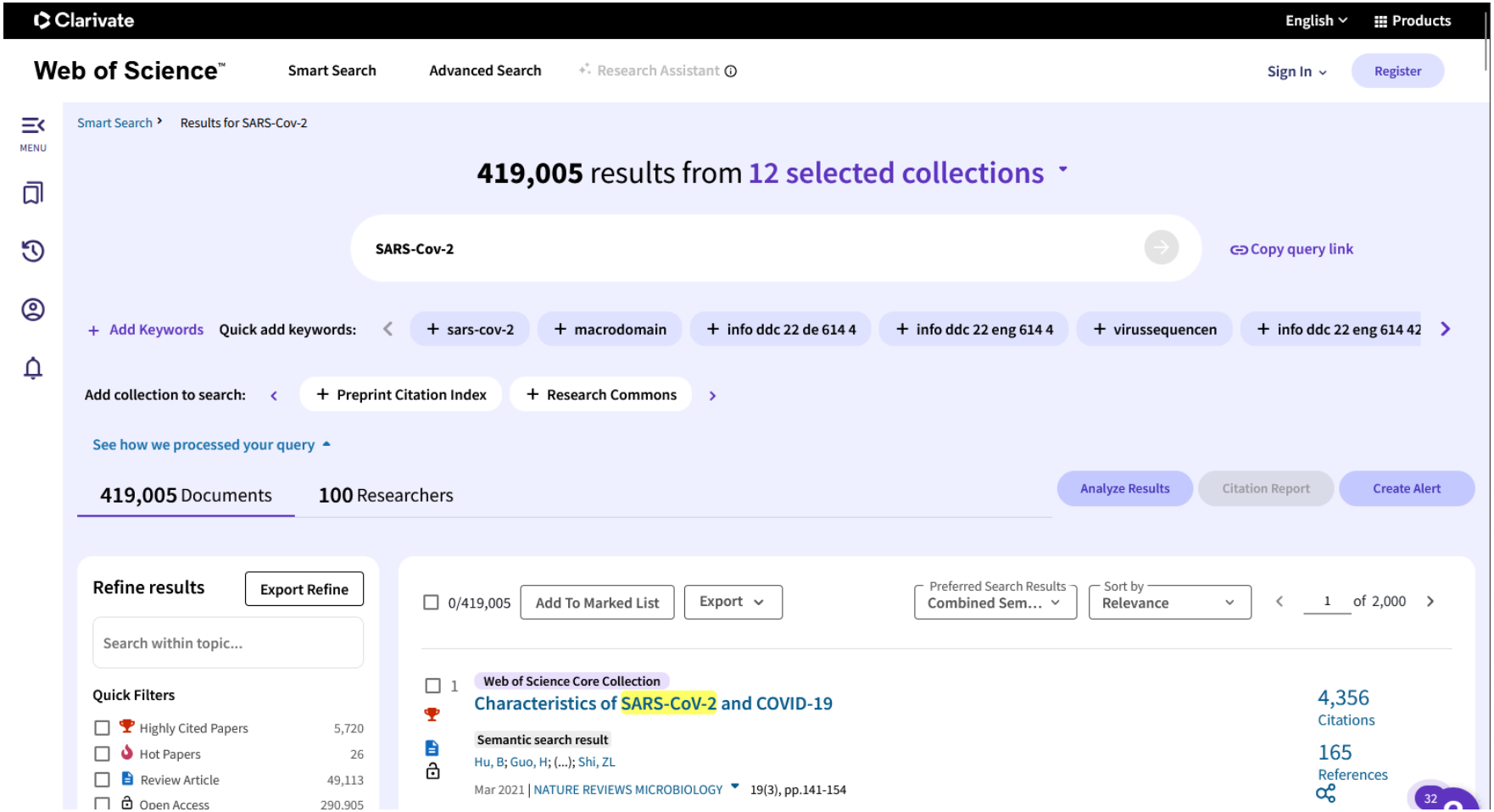
"olfactory receptor" AND "Bos taurus"[Organism] AND "pseudogene' Gene

"olfactory receptor" AND "Bos taurus"[Organism] AND "pseudogene: Gene

See more...

Web of Science

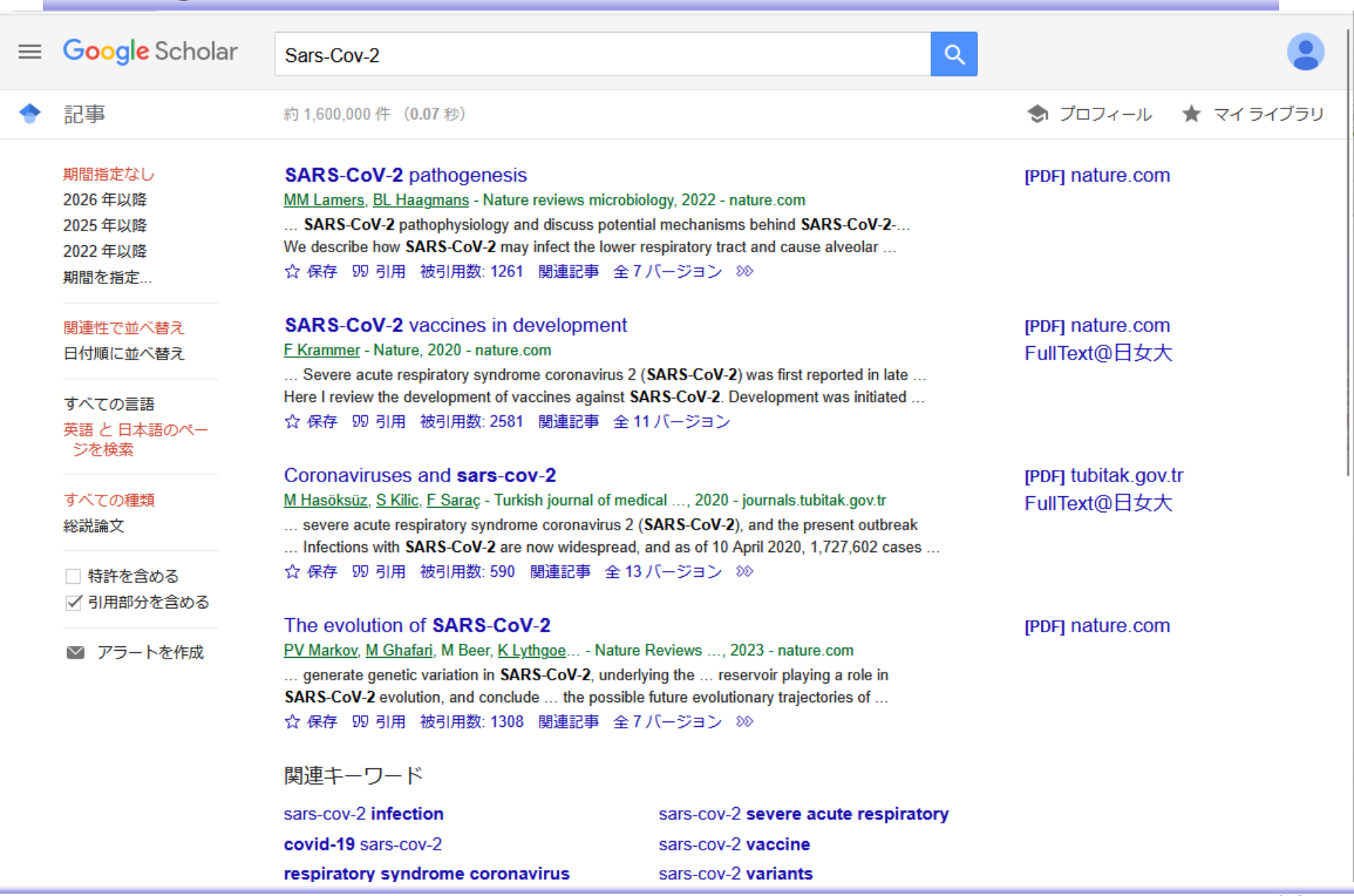
- Clarivate AnalyticsのWeb of Scienceグループにより提供されているオンラインの学術データベース
- 自然科学、社会科学、人文科学の全分野の文献
- インパクトファクターの計算のもとになっている



Google Scalar

- Googleが提供する学術向け検索サービスの一つ
- 学術論文、出版物の全文、メタデータのアクセス

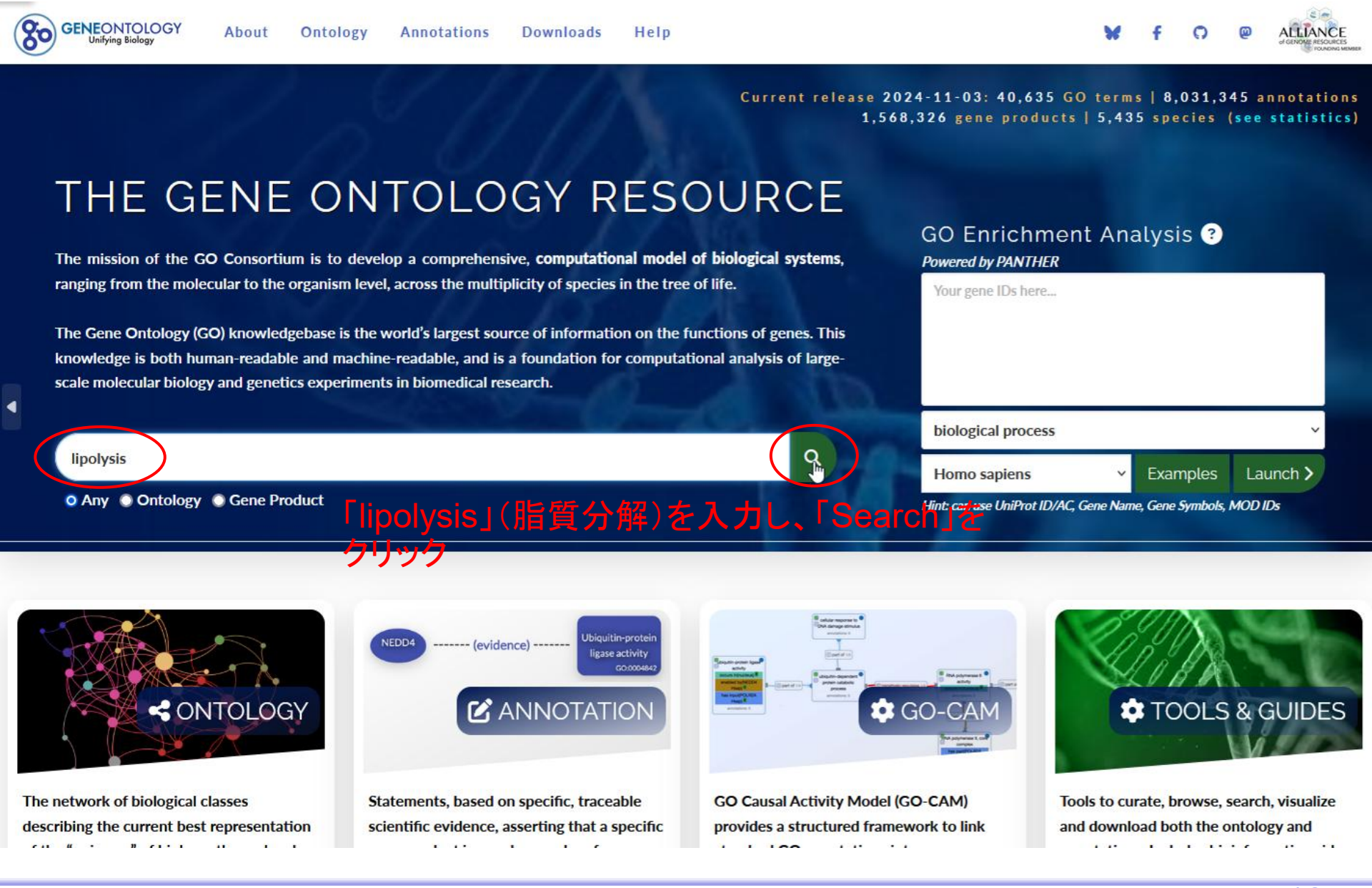
Google Scalar



Gene Ontology

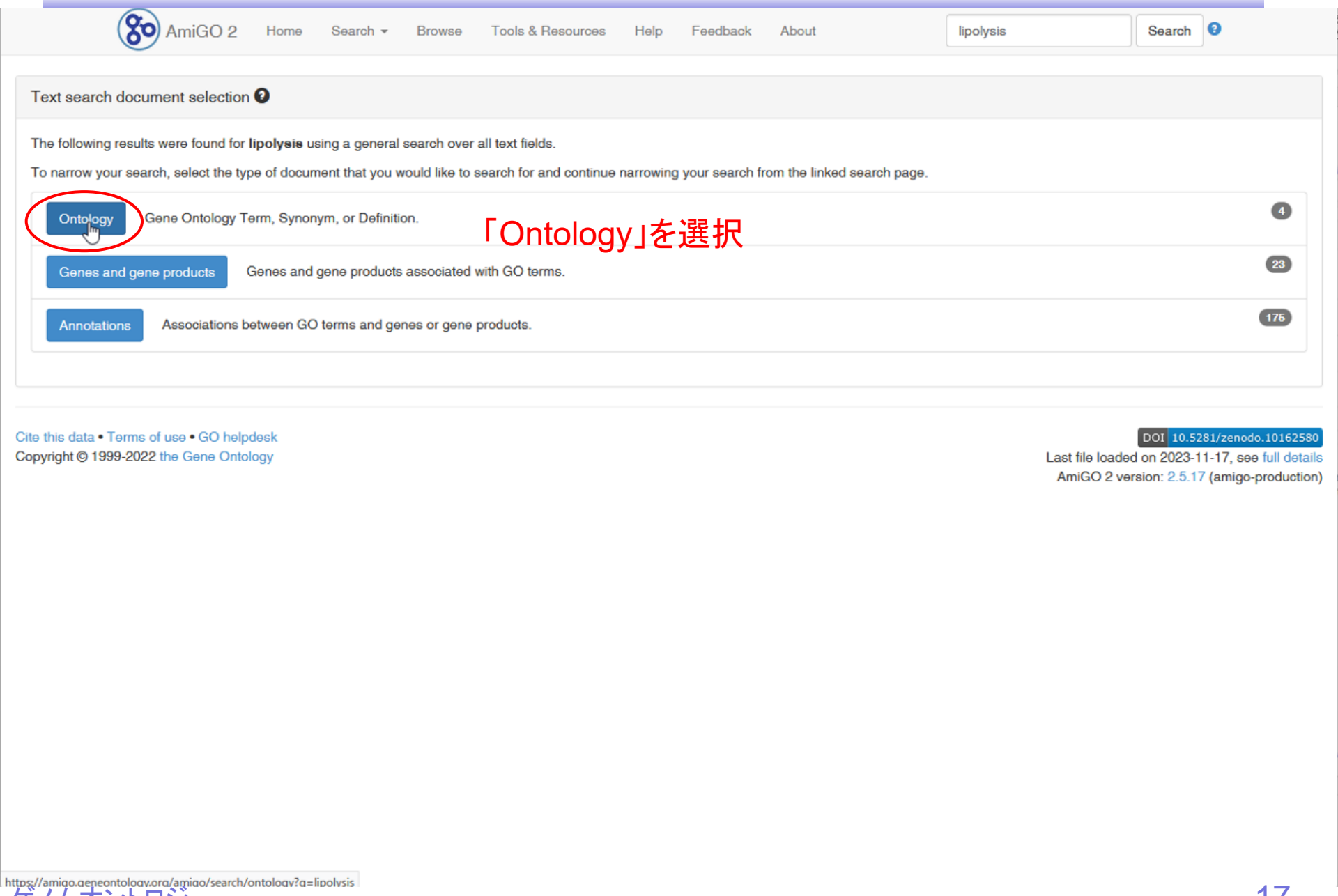
- **Gene Ontology（GO）**：遺伝子および遺伝子産物のアノテーションを統一的に行う
- **GO Term**: GOの統制語
- https://geneontology.org/

GO Termの検索（1）

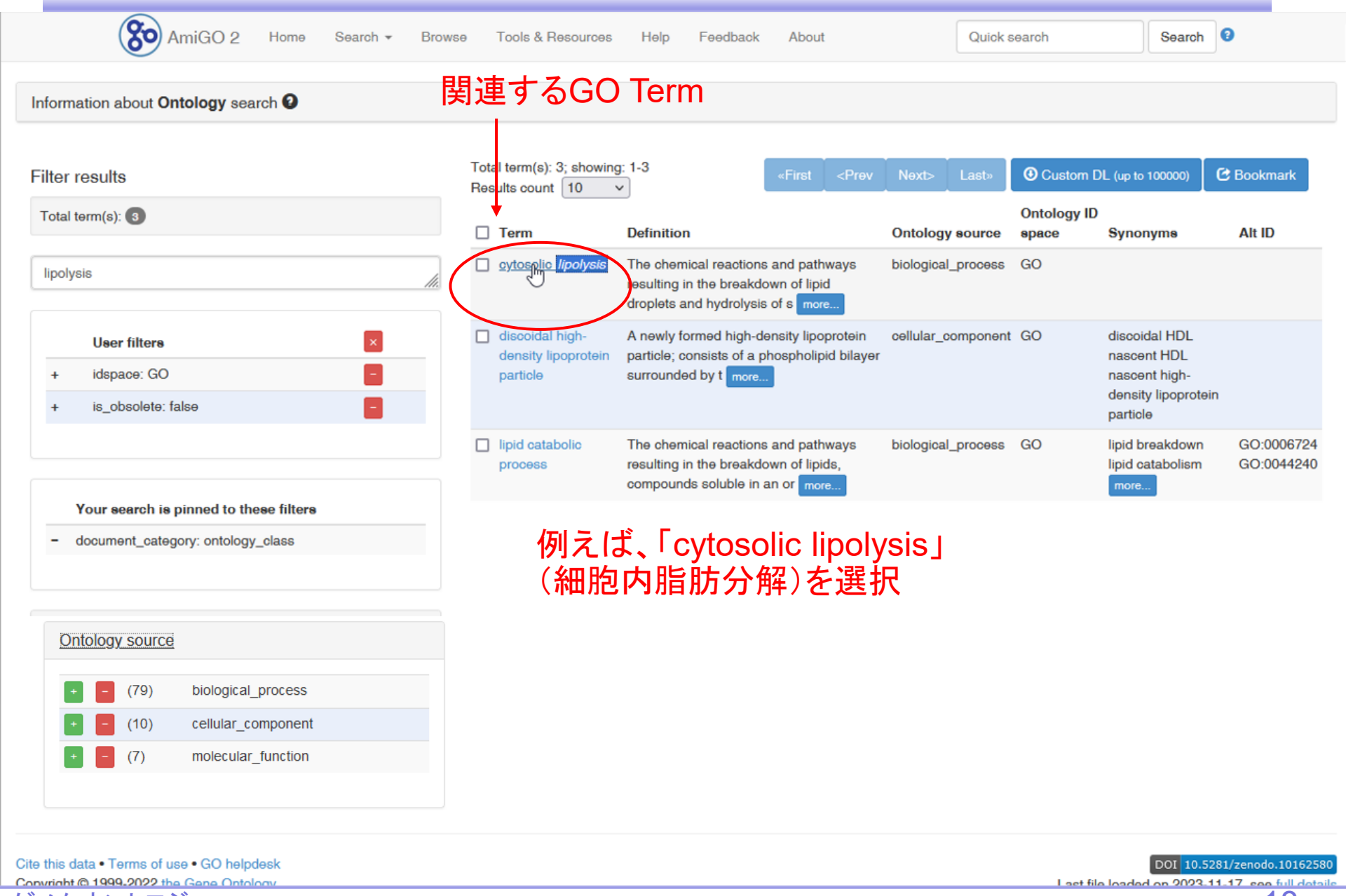


「lipolysis」（脂質分解）を入力し、「Search」をクリック

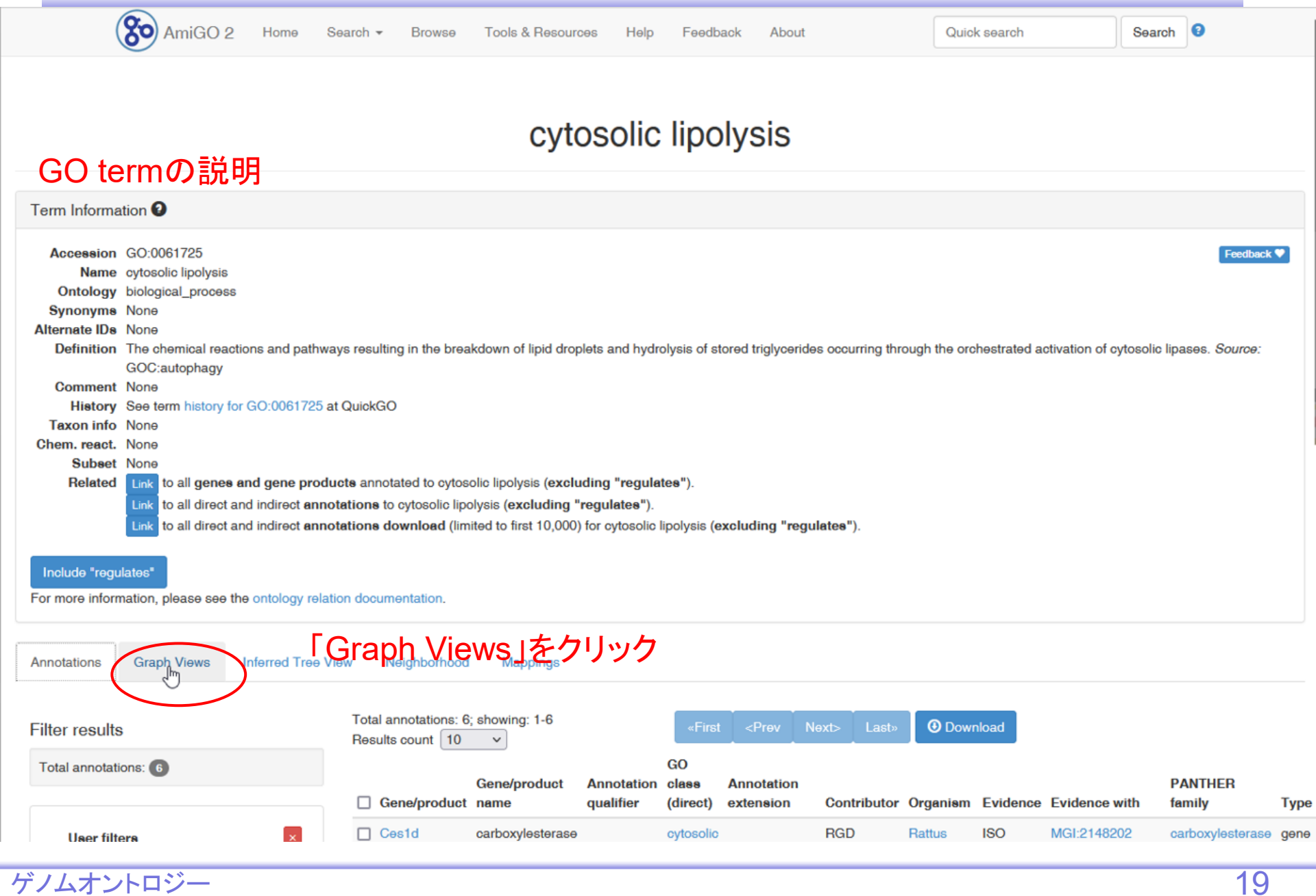
GO Termの検索（2）


AmiGO 2
Home
Search
Browse
Tools & Resources
Help
Feedback
About
lipolysis
Search
Text search document selection
The following results were found for lipolysis using a general search over all text fields.
To narrow your search, select the type of document that you would like to search for and continue narrowing your search from the linked search page.
Ontology
Gene Ontology Term, Synonym, or Definition.
4
「Ontology」を選択
Genes and gene products
Genes and gene products associated with GO terms.
23
Annotations
Associations between GO terms and genes or gene products.
175
Cite this data • Terms of use • GO helpdesk
Copyright © 1999-2022 the Gene Ontology
DOI 10.5281/zenodo.10162580
Last file loaded on 2023-11-17, see full details
AmiGO 2 version: 2.5.17 (amigo-production)
https://amigo.geneontology.org/amigo/search/ontology?q=lipolysis

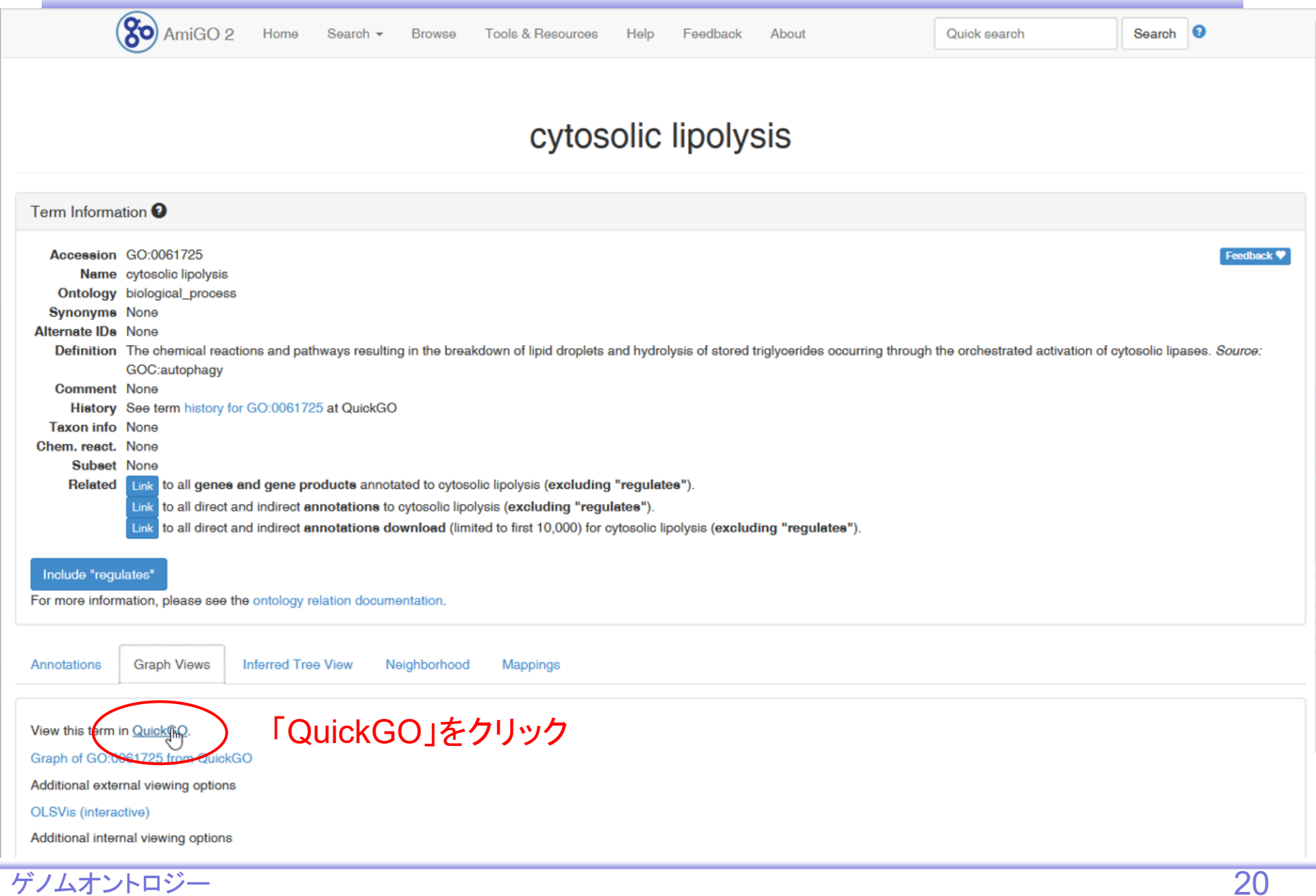
GO Termの検索（3）


AmiGO 2
Home
Search
Browse
Tools & Resources
Help
Feedback
About
Quick search
Search
Information about Ontology search
関連するGO Term
Filter results
Total term(s): 3
lipolysis
User filters
idspace: GO
is_obsolete: false
Your search is pinned to these filters
document_category: ontology_class
Ontology source
(79) biological_process
(10) cellular_component
(7) molecular_function
Total term(s): 3; showing: 1-3
Results count 10
«First
<Prev
Next>
Last»
Custom DL (up to 100000)
Bookmark
Term
Definition
Ontology source
Ontology ID space
Synonyms
Alt ID
cytosolic lipolysis
The chemical reactions and pathways resulting in the breakdown of lipid droplets and hydrolysis of s more...
biological_process
GO
discoidal high-density lipoprotein particle
A newly formed high-density lipoprotein particle; consists of a phospholipid bilayer surrounded by t more...
cellular_component
GO
discoidal HDL
nascent HDL
nascent high-density lipoprotein particle
lipid catabolic process
The chemical reactions and pathways resulting in the breakdown of lipids, compounds soluble in an or more...
biological_process
GO
lipid breakdown
lipid catabolism
more...
GO:0006724
GO:0044240
例えば、「cytosolic lipolysis」
（細胞内脂肪分解）を選択
Cite this data • Terms of use • GO helpdesk
Copyright © 1999-2022 the Gene Ontology
DOI 10.5281/zenodo.10162580

GO Termの検索（4）


AmiGO 2
Home
Search
Browse
Tools & Resources
Help
Feedback
About
Quick search
Search
cytosolic lipolysis
GO termの説明
Term Information
Accession GO:0061725
Name cytosolic lipolysis
Ontology biological_process
Synonyms None
Alternate IDs None
Definition The chemical reactions and pathways resulting in the breakdown of lipid droplets and hydrolysis of stored triglycerides occurring through the orchestrated activation of cytosolic lipases. Source: GOC:autophagy
Comment None
History See term history for GO:0061725 at QuickGO
Taxon info None
Chem. react. None
Subset None
Related
Link to all genes and gene products annotated to cytosolic lipolysis (excluding "regulates").
Link to all direct and indirect annotations to cytosolic lipolysis (excluding "regulates").
Link to all direct and indirect annotations download (limited to first 10,000) for cytosolic lipolysis (excluding "regulates").
Feedback
Include "regulates"
For more information, please see the ontology relation documentation.
Annotations
Graph Views
Inferred Tree View
Neighborhood
Mappings
「Graph Views」をクリック
Filter results
Total annotations: 6
User filters
Total annotations: 6; showing: 1-6
Results count 10
«First
<Prev
Next>
Last»
Download
Gene/product
Gene/product name
Annotation qualifier
GO class (direct)
Annotation extension
Contributor
Organism
Evidence
Evidence with
PANTHER family
Type
Ces1d
carboxylesterase
cytosolic
RGD
Rattus
ISO
MGI:2148202
carboxylesterase
gene

GO Termの検索（5）



「QuickGO」をクリック

GO Termの検索（6）

- Overview
- Synonyms
- Ancestor Chart
- Child Terms
- Annotation Guidance
- GO Discussions
- Taxon Constraints
- Blacklist
- Cross-References
- Cross-Ontology Relations
- Replaces
- Replaced By
- Co-occurring Terms
- GO Slims
- Change Log

GO:0061725 JSON

cytosolic lipolysis

Biological Process

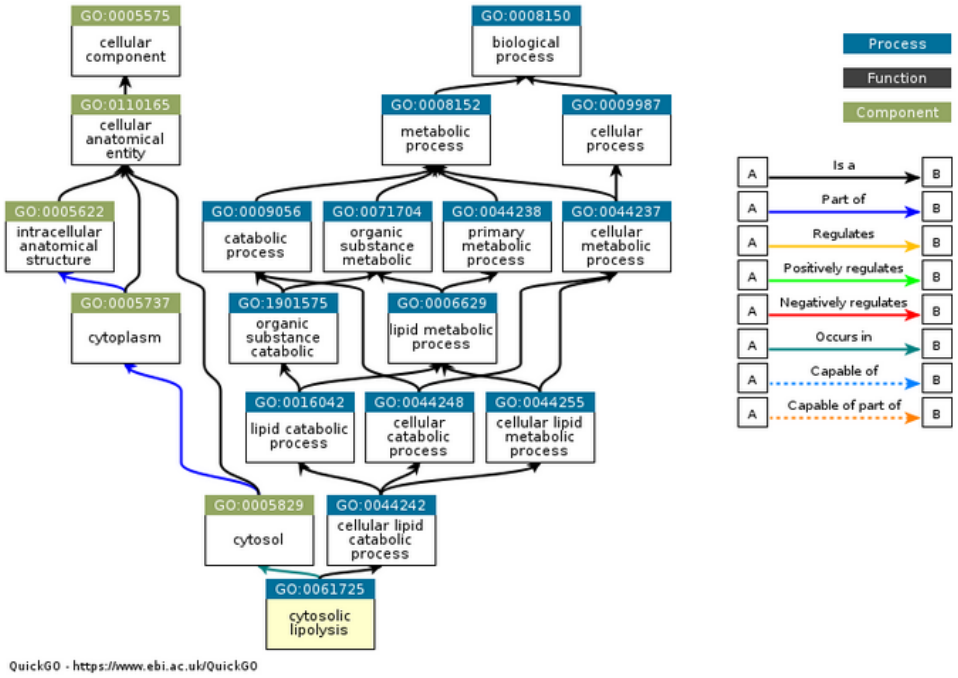
Definition (GO:0061725 GONUTS page)

The chemical reactions and pathways resulting in the breakdown of lipid droplets and hydrolysis of stored triglycerides occurring through the orchestrated activation of cytosolic lipases.

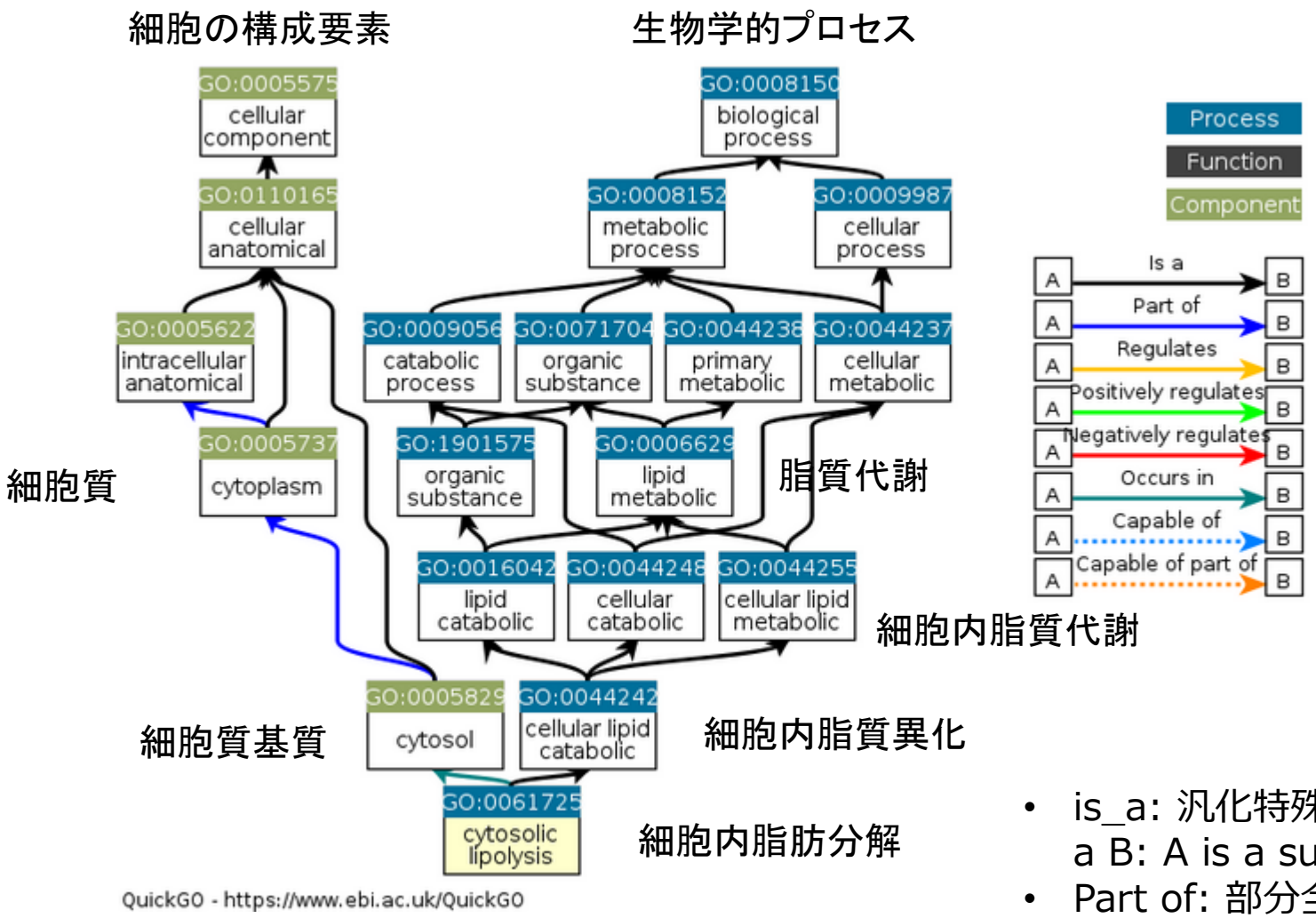
7 annotations

Ancestor Chart

Ancestor chart for GO:0061725 Chart options



GO Termの検索（7）



- is_a: 汎化特殊化関係（A is a B: A is a subtype of B）
- Part of: 部分全体関係（B is a part of A）

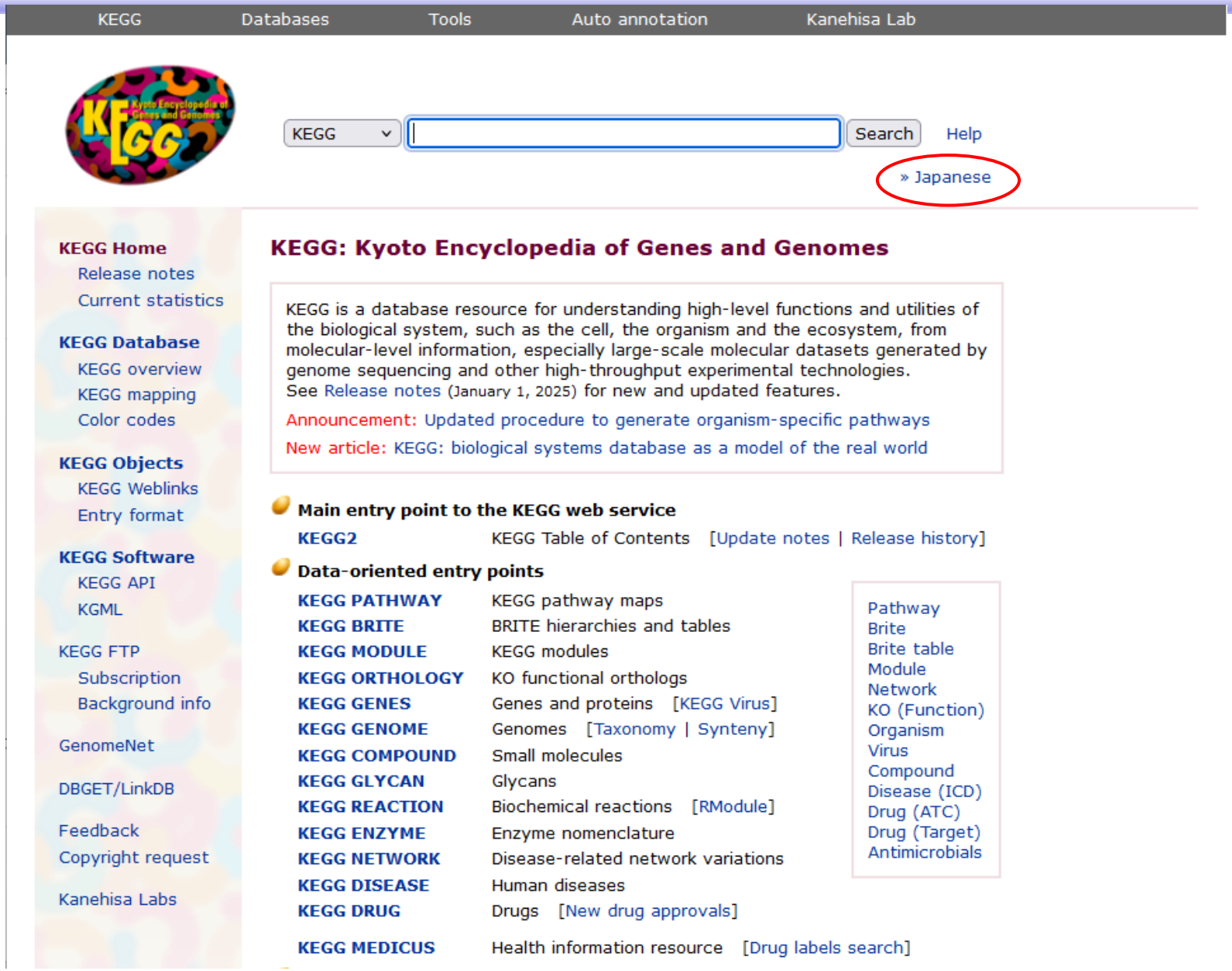
Gene Ontologyの構成

- GO Termのカテゴリー
  - Biological process（生物学的プロセス）
    - 生理的プロセスやシグナル伝達など、一連の分子機能によって起きる細胞内イベント
  - Cellular component（細胞の構成要素）
    - 細胞中の存在場所
  - Molecular function（分子機能）
    - 触媒活性や結合活性など
- アノテーションのevidence（根拠、裏付け）
  - 実験、系統学的推定、計算手法による推定など

KEGG

- KEGG（Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes）
- 遺伝子の機能情報を登録した統合的なデータベース
  - PATHWAY: 遺伝子、タンパク質、化合物の相互情報をネットワークの形でデータベース化
  - BRITE: さまざまな機能の情報を階層的に分類
  - KEGG ORTHOLOGY: PATHWAYとBRITEをまとめて、すべての生物種に適用できるようにしたもの
- 文献などをもとに人手によって登録
- https://www.genome.jp/kegg/

KEGGの利用（1）


KEGG
Databases
Tools
Auto annotation
Kanehisa Lab
KEGG
Search
Help
» Japanese
KEGG Home
Release notes
Current statistics
KEGG Database
KEGG overview
KEGG mapping
Color codes
KEGG Objects
KEGG Weblinks
Entry format
KEGG Software
KEGG API
KGML
KEGG FTP
Subscription
Background info
GenomeNet
DBGET/LinkDB
Feedback
Copyright request
Kanehisa Labs
KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
KEGG is a database resource for understanding high-level functions and utilities of the biological system, such as the cell, the organism and the ecosystem, from molecular-level information, especially large-scale molecular datasets generated by genome sequencing and other high-throughput experimental technologies.
See Release notes (January 1, 2025) for new and updated features.
Announcement: Updated procedure to generate organism-specific pathways
New article: KEGG: biological systems database as a model of the real world
Main entry point to the KEGG web service
KEGG2 KEGG Table of Contents [Update notes | Release history]
Data-oriented entry points
KEGG PATHWAY KEGG pathway maps
KEGG BRITE BRITE hierarchies and tables
KEGG MODULE KEGG modules
KEGG ORTHOLOGY KO functional orthologs
KEGG GENES Genes and proteins [KEGG Virus]
KEGG GENOME Genomes [Taxonomy | Synteny]
KEGG COMPOUND Small molecules
KEGG GLYCAN Glycans
KEGG REACTION Biochemical reactions [RModule]
KEGG ENZYME Enzyme nomenclature
KEGG NETWORK Disease-related network variations
KEGG DISEASE Human diseases
KEGG DRUG Drugs [New drug approvals]
KEGG MEDICUS Health information resource [Drug labels search]
Pathway
Brite
Brite table
Module
Network
KO (Function)
Organism
Virus
Compound
Disease (ICD)
Drug (ATC)
Drug (Target)
Antimicrobials

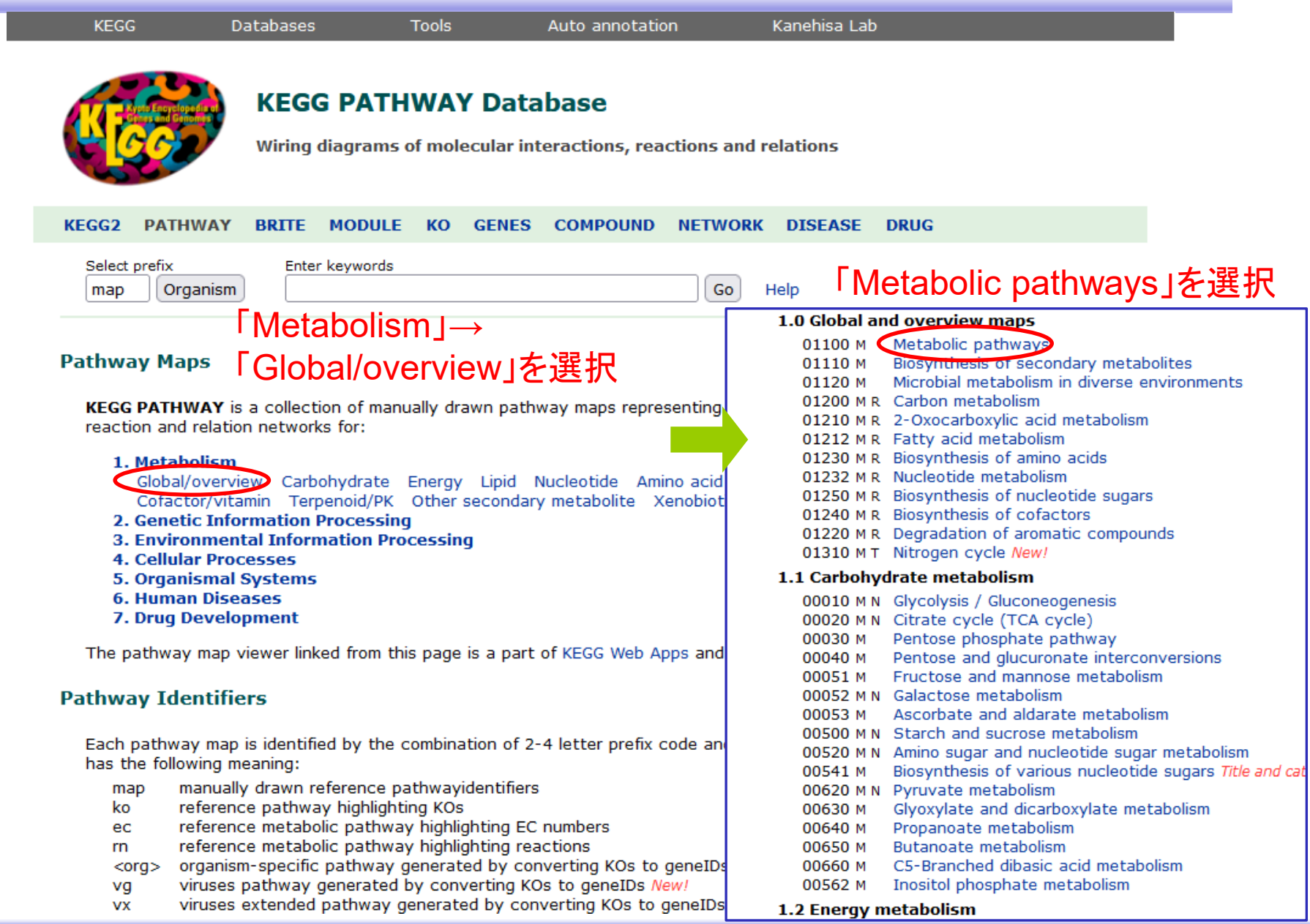
KEGGの利用（2）


KEGG
Databases
Tools
Auto annotation
Kanehisa Lab
日本語のページ
KEGG
検索
ヘルプ
» English
KEGG Home
Release notes
Current statistics
KEGG Database
KEGG の概要
KEGG mapping
Color codes
KEGG Objects
KEGG Weblinks
Entry format
KEGG Software
KEGG API
KGML
KEGG FTP
Subscription
Background info
GenomeNet
DBGET/LinkDB
Feedback
Copyright request
Kanehisa Labs
KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
KEGG は分子レベルの情報から細胞、個体、エコシステムといった高次生命システムレベルの機能や有用性を理解するためのリソースです。とくにゲノムをはじめとしたハイスループットデータの生物学的意味解釈に広く利用されています。また KEGG MEDICUS では医薬品添付文書など社会的ニーズの高いデータとの統合も行われています。
新規・更新等の内容は英文の Release notes (January 1, 2025) をご覧ください。
Announcement: Updated procedure to generate organism-specific pathways
New article: KEGG: biological systems database as a model of the real world
KEGG の主要エントリーポイント
KEGG2 KEGG の目次のページ [Update notes | Release history]
データタイプごとのエントリーポイント
KEGG PATHWAY KEGG パスウェイマップ
KEGG BRITE BRITE 機能階層・テーブル
KEGG MODULE KEGG モジュール
KEGG ORTHOLOGY KO 機能オーソログ
KEGG GENES 遺伝子・タンパク質 [KEGG Virus]
KEGG GENOME ゲノム [Taxonomy | Synteny]
KEGG COMPOUND 化合物
KEGG GLYCAN 糖鎖
KEGG REACTION 化学反応 [RModule]
KEGG ENZYME 酵素
KEGG NETWORK 疾患関連のネットワーク多様性
KEGG DISEASE 疾患 (日本語)
KEGG DRUG 医薬品 (日本語) [日米欧の新薬]
パスウェイ
Brite階層
Briteテーブル
Module
Network
KO (機能)
生物種
Virus
化合物
疾患 (ICD-11)
医薬品 (ATC)
医薬品 (薬効)
医薬品 (標的)
抗微生物薬

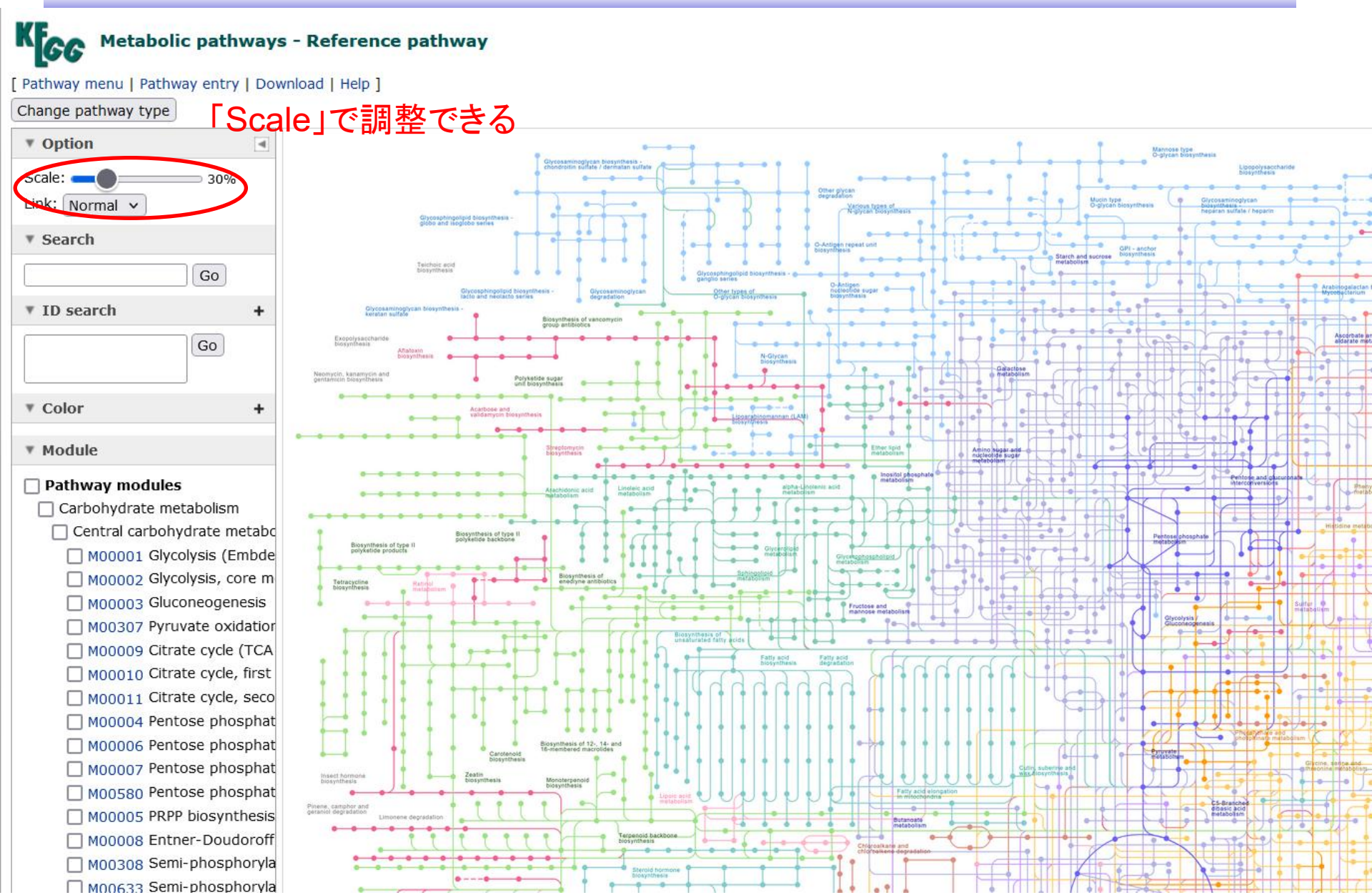
KEGGの利用（3）


KEGG
Databases
Tools
Auto annotation
Kanehisa Lab
KEGG
Search
Help
» Japanese
KEGG Home
Release notes
Current statistics
KEGG Database
KEGG overview
KEGG mapping
Color codes
KEGG Objects
KEGG Weblinks
Entry format
KEGG Software
KEGG API
KGML
KEGG FTP
Subscription
Background info
GenomeNet
DBGET/LinkDB
Feedback
Copyright request
Kanehisa Labs
KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
KEGG is a database resource for understanding high-level functions and utilities of the biological system, such as the cell, the organism and the ecosystem, from molecular-level information, especially large-scale molecular datasets generated by genome sequencing and other high-throughput experimental technologies.
See Release notes (January 1, 2025) for new and updated features.
Announcement: Updated procedure to generate organism-specific pathways
New article: KEGG: biological systems database as a model of the real world
「KEGG PATHWAY」を選択
Main entry point to the KEGG web service
KEGG2 KEGG Table of Contents [Update notes | Release history]
Data-oriented entry points
KEGG PATHWAY KEGG pathway maps
KEGG BRITE BRITE hierarchies and tables
KEGG MODULE KEGG modules
KEGG ORTHOLOGY KO functional orthologs
KEGG GENES Genes and proteins [KEGG Virus]
KEGG GENOME Genomes [Taxonomy | Synteny]
KEGG COMPOUND Small molecules
KEGG GLYCAN Glycans
KEGG REACTION Biochemical reactions [RModule]
KEGG ENZYME Enzyme nomenclature
KEGG NETWORK Disease-related network variations
KEGG DISEASE Human diseases
KEGG DRUG Drugs [New drug approvals]
KEGG MEDICUS Health information resource [Drug labels search]
Pathway
Brite
Brite table
Module
Network
KO (Function)
Organism
Virus
Compound
Disease (ICD)
Drug (ATC)
Drug (Target)
Antimicrobials

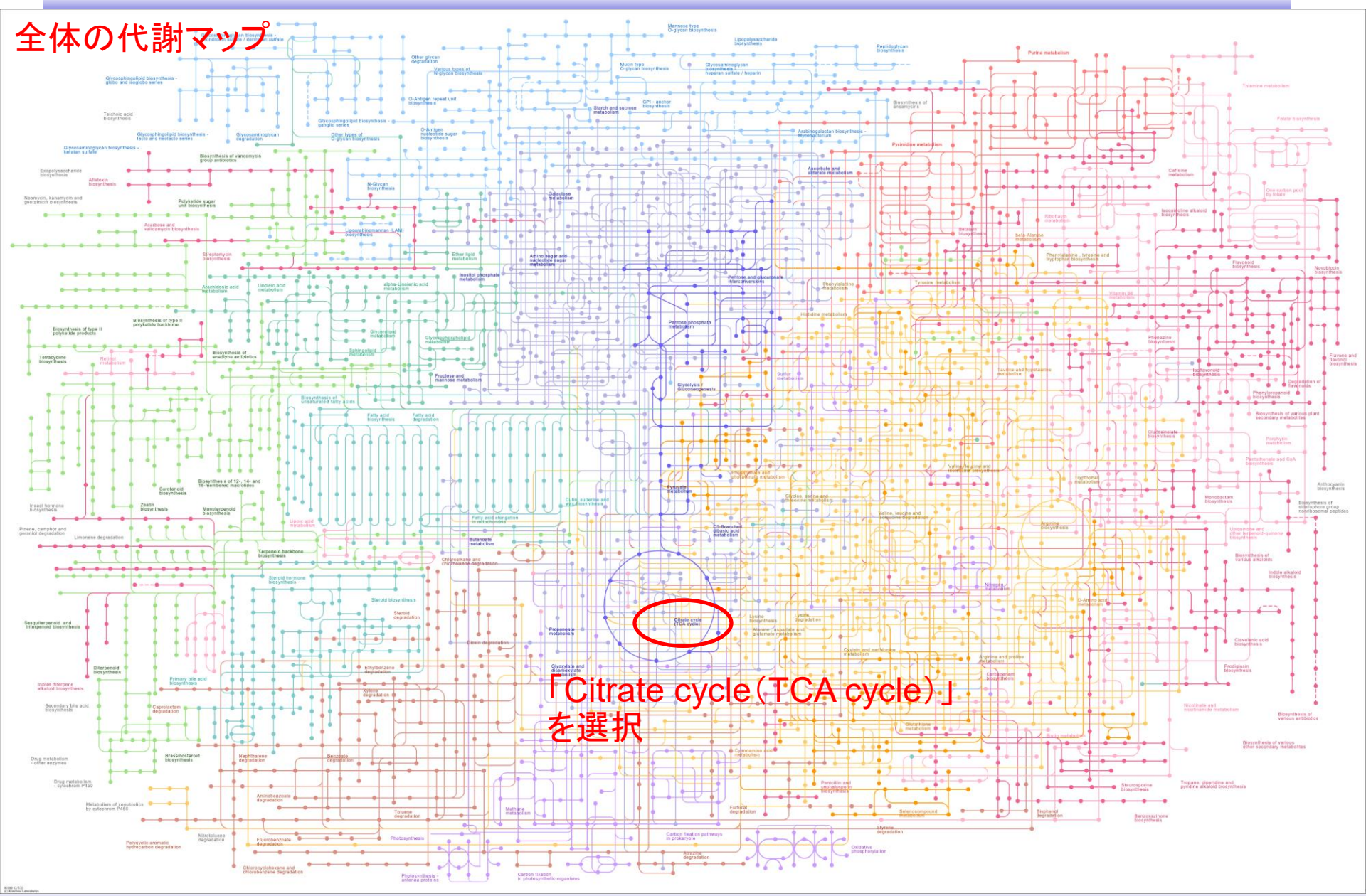
KEGGの利用（4）


KEGG
Databases
Tools
Auto annotation
Kanehisa Lab
KEGG PATHWAY Database
Wiring diagrams of molecular interactions, reactions and relations
KEGG2 PATHWAY BRITE MODULE KO GENES COMPOUND NETWORK DISEASE DRUG
Select prefix
map
Organism
Enter keywords
Go
Help
「Metabolism」→
「Global/overview」を選択
Pathway Maps
KEGG PATHWAY is a collection of manually drawn pathway maps representing
reaction and relation networks for:
1. Metabolism
Global/overview Carbohydrate Energy Lipid Nucleotide Amino acid
Cofactor/vitamin Terpenoid/PK Other secondary metabolite Xenobiot
2. Genetic Information Processing
3. Environmental Information Processing
4. Cellular Processes
5. Organismal Systems
6. Human Diseases
7. Drug Development
The pathway map viewer linked from this page is a part of KEGG Web Apps and
Pathway Identifiers
Each pathway map is identified by the combination of 2-4 letter prefix code an
has the following meaning:
map manually drawn reference pathwayidentifiers
ko reference pathway highlighting KOs
ec reference metabolic pathway highlighting EC numbers
rn reference metabolic pathway highlighting reactions
<org> organism-specific pathway generated by converting KOs to geneIDs
vg viruses pathway generated by converting KOs to geneIDs New!
vx viruses extended pathway generated by converting KOs to geneIDs
「Metabolic pathways」を選択
1.0 Global and overview maps
01100 M Metabolic pathways
01110 M Biosynthesis of secondary metabolites
01120 M Microbial metabolism in diverse environments
01200 M R Carbon metabolism
01210 M R 2-Oxocarboxylic acid metabolism
01212 M R Fatty acid metabolism
01230 M R Biosynthesis of amino acids
01232 M R Nucleotide metabolism
01250 M R Biosynthesis of nucleotide sugars
01240 M R Biosynthesis of cofactors
01220 M R Degradation of aromatic compounds
01310 M T Nitrogen cycle New!
1.1 Carbohydrate metabolism
00010 M N Glycolysis / Gluconeogenesis
00020 M N Citrate cycle (TCA cycle)
00030 M Pentose phosphate pathway
00040 M Pentose and glucuronate interconversions
00051 M Fructose and mannose metabolism
00052 M N Galactose metabolism
00053 M Ascorbate and aldarate metabolism
00500 M N Starch and sucrose metabolism
00520 M N Amino sugar and nucleotide sugar metabolism
00541 M Biosynthesis of various nucleotide sugars Title and cat
00620 M N Pyruvate metabolism
00630 M Glyoxylate and dicarboxylate metabolism
00640 M Propanoate metabolism
00650 M Butanoate metabolism
00660 M C5-Branched dibasic acid metabolism
00562 M Inositol phosphate metabolism
1.2 Energy metabolism

KEGGの利用（5）


Metabolic pathways - Reference pathway
[Pathway menu | Pathway entry | Download | Help]
Change pathway type
「Scale」で調整できる
Option
Scale: 30%
Link: Normal
Search
Go
ID search
Go
Color
Module
Pathway modules
Carbohydrate metabolism
Central carbohydrate metabc
M00001 Glycolysis (Embde
M00002 Glycolysis, core m
M00003 Gluconeogenesis
M00307 Pyruvate oxidation
M00009 Citrate cycle (TCA
M00010 Citrate cycle, first
M00011 Citrate cycle, seco
M00004 Pentose phosphat
M00006 Pentose phosphat
M00007 Pentose phosphat
M00580 Pentose phosphat
M00005 PRPP biosynthesis
M00008 Entner-Doudoroff
M00308 Semi-phosphoryla
M00633 Semi-phosphoryla

KEGGの利用（6）



KEGGの利用（7）

KEGG Citrate cycle (TCA cycle) - Reference pathway

[Pathway menu | Organism group | Pathway entry | Show description | Download | Help]

Change pathway type

Option

Scale: 100%

Search

Go

ID search

Go

Color

Module

Pathway modules

Carbohydrate metabolism

Central carbohydrate metab

M00003 Gluconeogenesis

M00307 Pyruvate oxidatio

M00009 Citrate cycle (TC

M00010 Citrate cycle, firs

M00011 Citrate cycle, sec

Other carbohydrate metabo

M00740 Methylaspartate

M00982 Methylcitrate cyc

Network

nt06031 Citrate cycle and pyru

N01603 Pyruvate oxidation

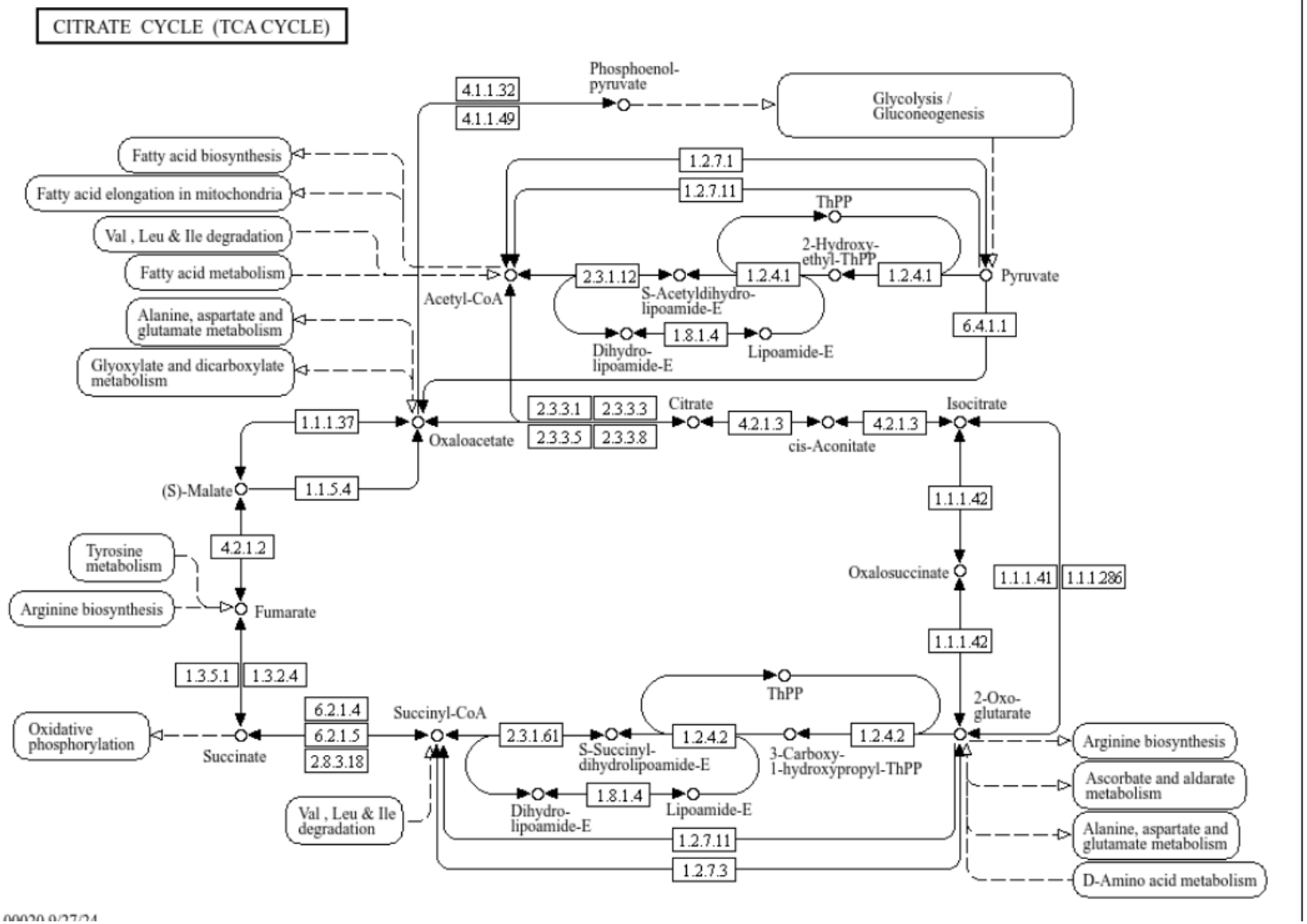
N01609 Citrate cycle, second

N01616 Dihydrolipoamide dehy

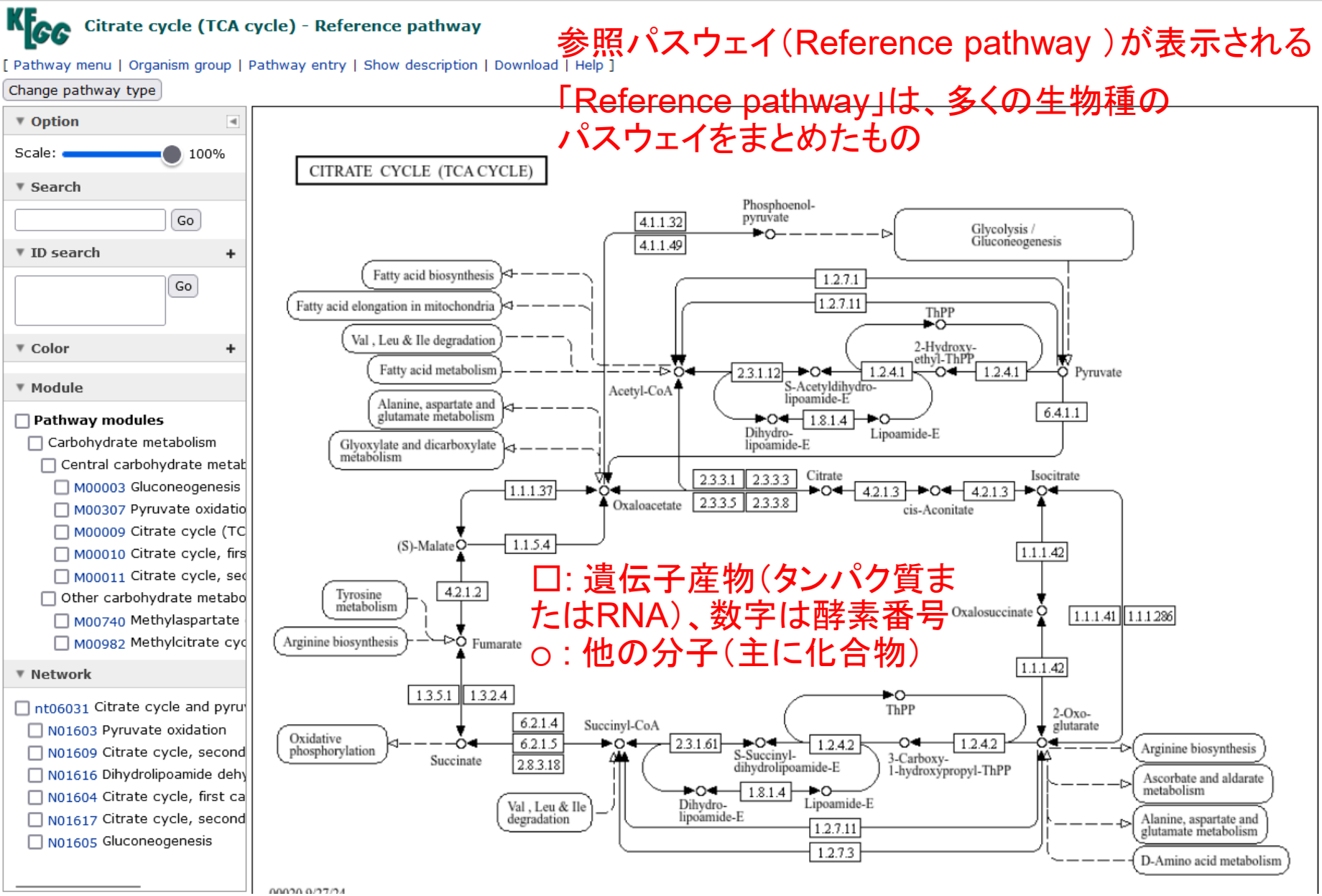
N01604 Citrate cycle, first ca

N01617 Citrate cycle, second

N01605 Gluconeogenesis



KEGGの利用（8）



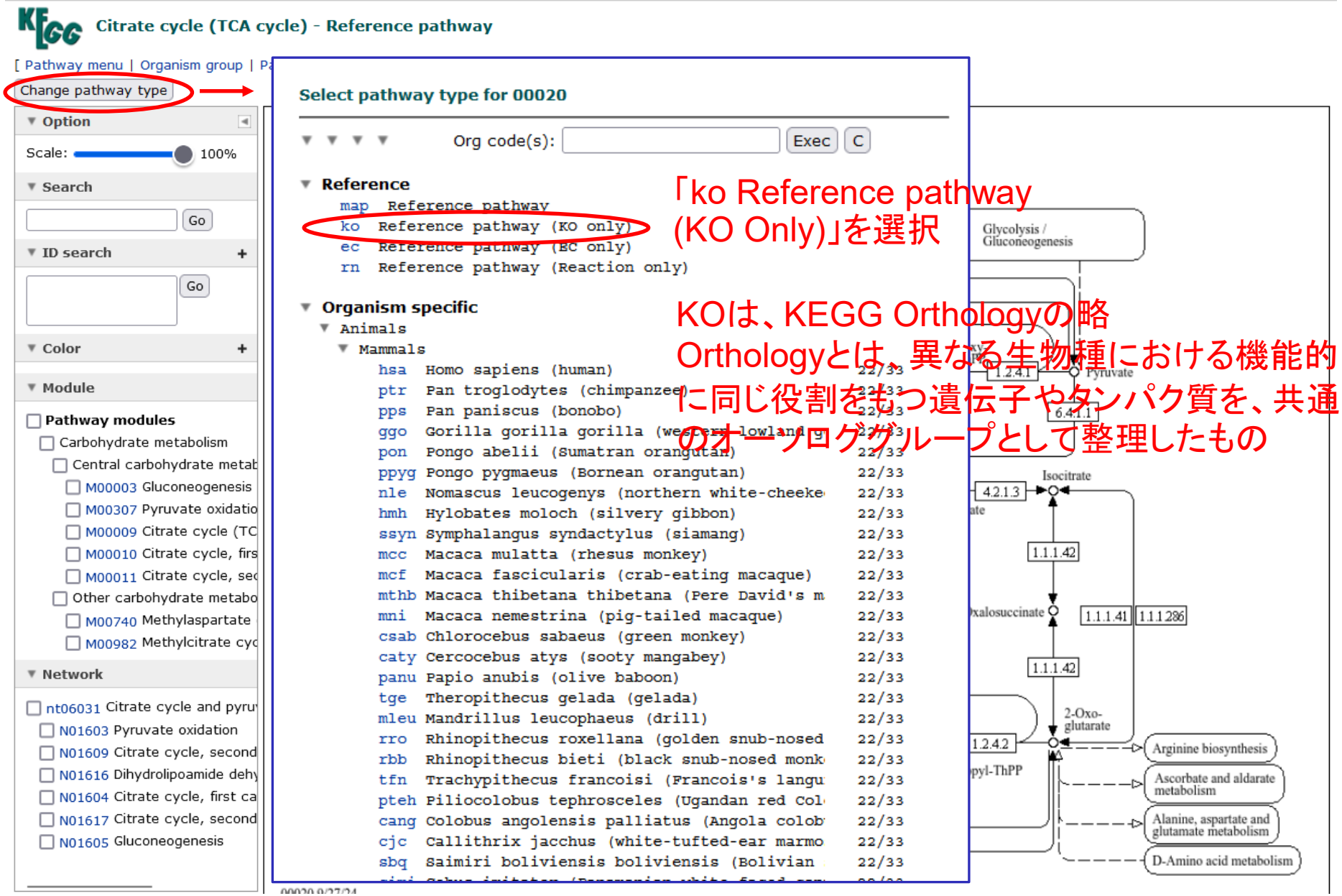
参照パスウェイ（Reference pathway ）が表示される

「Reference pathway」は、多くの生物種のパスウェイをまとめたもの

□: 遺伝子産物（タンパク質またはRNA）、数字は酵素番号

○：他の分子（主に化合物）

KEGGの利用（9）

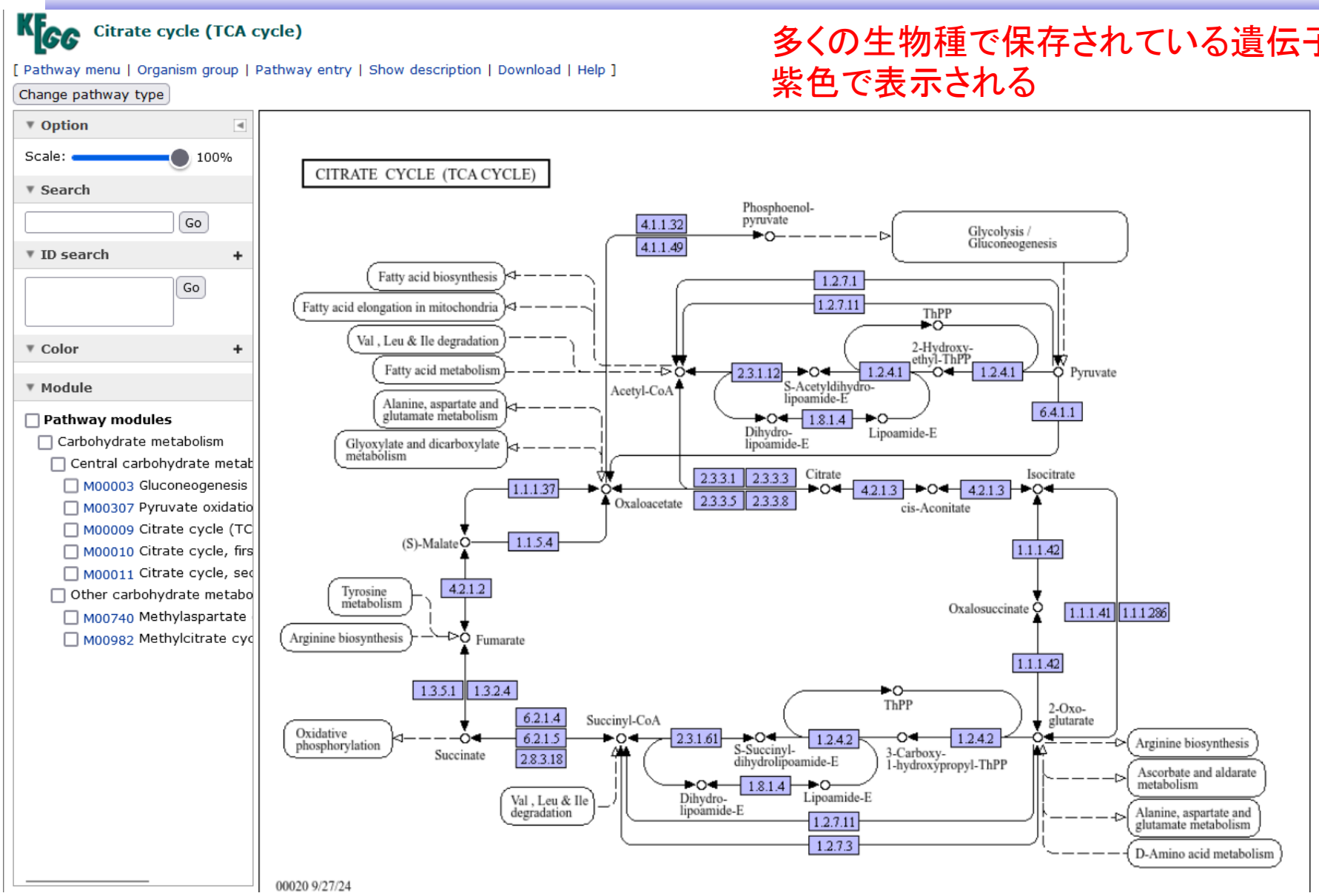


「ko Reference pathway (KO Only)」を選択

KOは、KEGG Orthologyの略
Orthologyとは、異なる生物種における機能的に同じ役割をもつ遺伝子やタンパク質を、共通のオーソロググループとして整理したもの

KEGGの利用（10）

多くの生物種で保存されている遺伝子が紫色で表示される



KEGGの利用（11）

Select pathway type for 00020

Reference

map Reference pathway
ko Reference pathway (KO only)
ec Reference pathway (EC only)
rn Reference pathway (Reaction only)

Organism specific

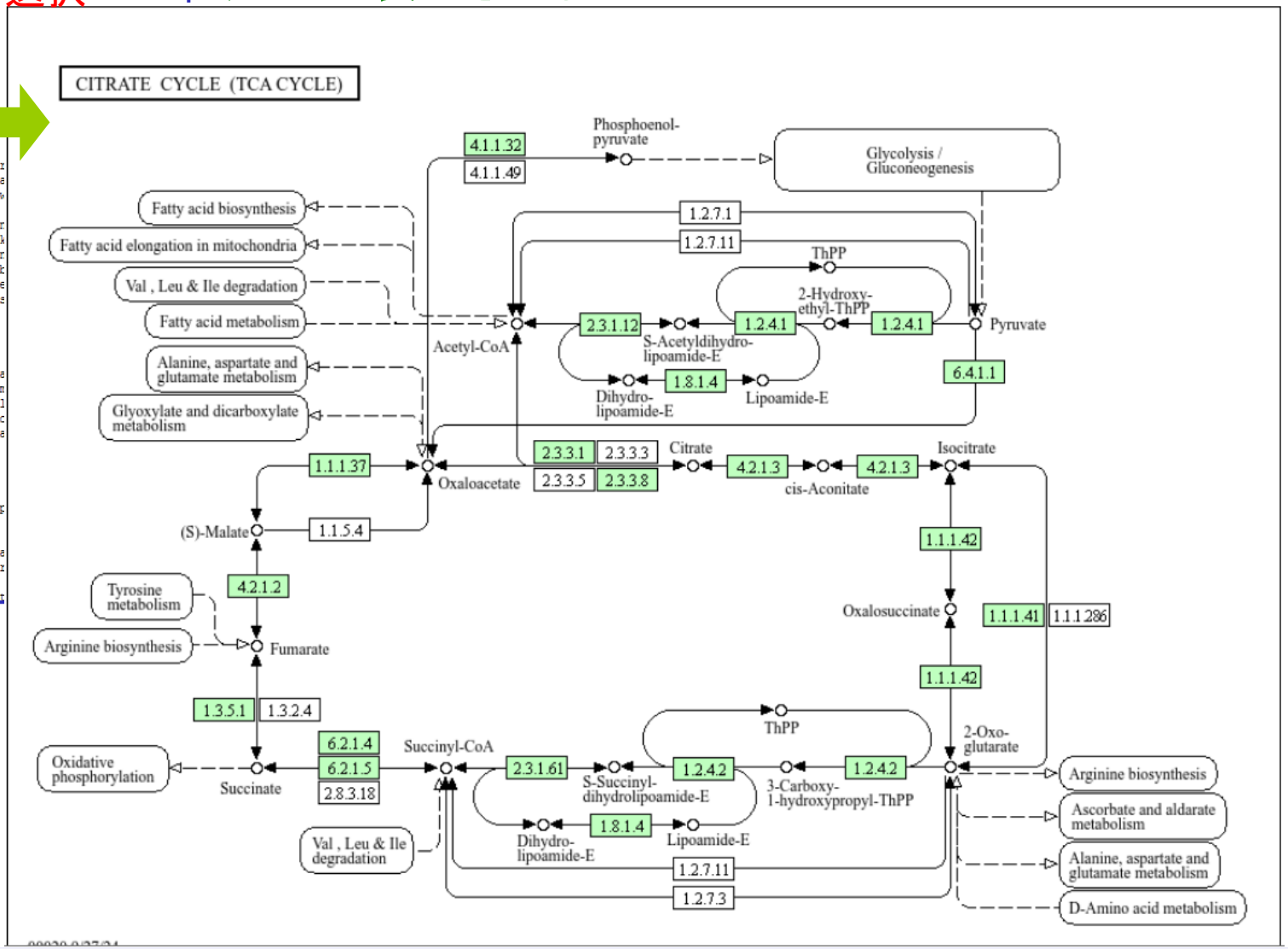
Animals

Mammals

hsa Homo sapiens (human)
ptr Pan troglodytes (chimpanzee)
pps Pan paniscus (bonobo)
ggo Gorilla gorilla gorilla (wester
pon Pongo abelii (Sumatran orangute
nle Nomascus leucogenys (northern w
mcc Macaca mulatta (rhesus monkey)
mcf Macaca fascicularis (crab-eatin
csab Chlorocebus sabaeus (green monk
rro Rhinopithecus roxellana (golden
rbb Rhinopithecus bieti (black snuk
cjc Callithrix jacchus (white-tufte
sbq Saimiri boliviensis boliviensis
mmu Mus musculus (mouse)
mcal Mus caroli (Ryukyu mouse)
mpah Mus pahari (shrew mouse)
rno Rattus norvegicus (rat)
mun Meriones unguiculatus (Mongolia
cge Cricetulus griseus (Chinese ham
ngi Nannospalax galili (Upper Galil
hgl Heterocephalus glaber (naked mo
ccan Castor canadensis (American bea
ocu Oryctolagus cuniculus (rabbit)
tup Tupaia chinensis (Chinese tree
cfa Canis lupus familiaris (dog)
vvp Vulpes vulpes (red fox)
aml Ailuropoda melanoleuca (giant p
umr Ursus maritimus (polar bear)
uah Ursus arctos horribilis
oro Odobenus rosmarus divergens (Pa
elk Enhydra lutris kenyoni (norther
fca Felis catus (domestic cat)
ptg Panthera tigris altaica (Amur t

「hsa Homo sapiens (human)」を選択

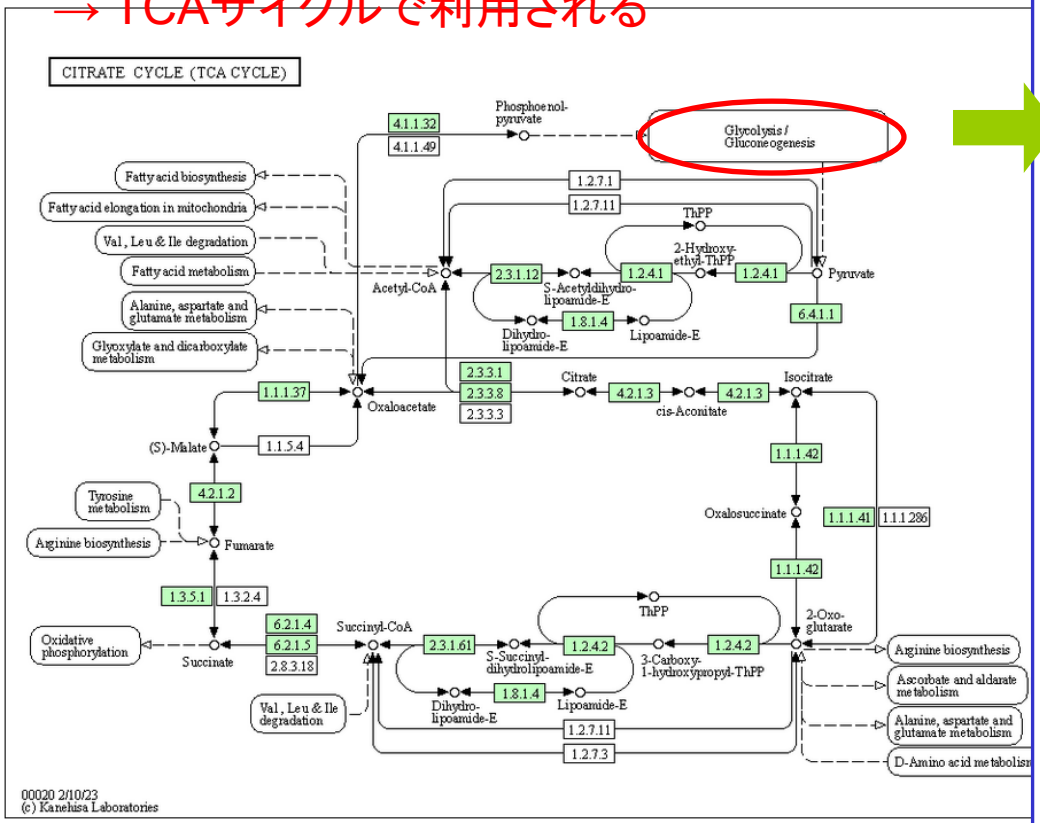
ヒトがもつ要素がグリーンで表示される

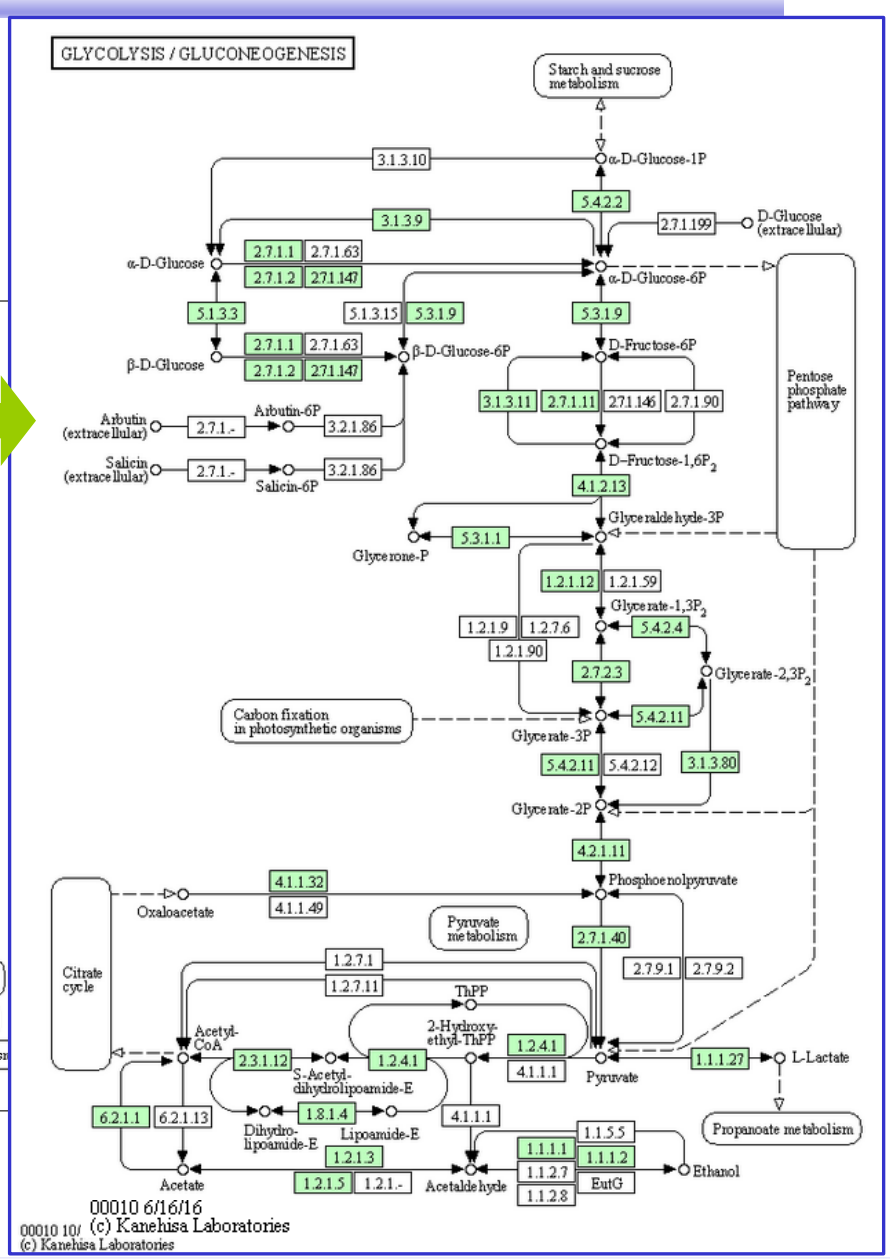


KEGGの利用（12）

解糖系／糖新生系をクリック

グルコースを分解してピルビン酸を生成→ ミトコンドリア内に取り込まれ、アセチルCoAに変換
→ TCAサイクルで利用される





KEGGの利用（13）


KEGG
Databases
Tools
Auto annotation
Kanehisa Lab
ガンに関与する遺伝子のネットワークを調べる
KEGG
Search
Help
» Japanese
KEGG Home
Release notes
Current statistics
KEGG Database
KEGG overview
KEGG mapping
Color codes
KEGG Objects
KEGG Weblinks
Entry format
KEGG Software
KEGG API
KGML
KEGG FTP
Subscription
Background info
GenomeNet
DBGET/LinkDB
Feedback
Copyright request
Kanehisa Labs
KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
KEGG is a database resource for understanding high-level functions and utilities of the biological system, such as the cell, the organism and the ecosystem, from molecular-level information, especially large-scale molecular datasets generated by genome sequencing and other high-throughput experimental technologies.
See Release notes (January 1, 2025) for new and updated features.
Announcement: Updated procedure to generate organism-specific pathways
New article: KEGG: biological systems database as a model of the real world
Main entry point to the KEGG web service
KEGG2 KEGG Table of Contents [Update notes | Release history]
Data-oriented entry points
KEGG PATHWAY KEGG pathway maps
KEGG BRITE BRITE hierarchies and tables
KEGG MODULE KEGG modules
KEGG ORTHOLOGY KO functional orthologs
KEGG GENES Genes and proteins [KEGG Virus]
KEGG GENOME Genomes [Taxonomy | Synteny]
KEGG COMPOUND Small molecules
KEGG GLYCAN Glycans
KEGG REACTION Biochemical reactions [RModule]
KEGG ENZYME Enzyme nomenclature
KEGG NETWORK Disease-related network variations
KEGG DISEASE Human diseases
KEGG DRUG Drugs [New drug approvals]
KEGG MEDICUS Health information resource [Drug labels search]
Pathway
Brite
Brite table
Module
Network
KO (Function)
Organism
Virus
Compound
Disease (ICD)
Drug (ATC)
Drug (Target)
Antimicrobials
「KEGG DISEASE」を選択
Organism-specific entry points

KEGGの利用（14）

KEGG　Databases　Tools　Auto annotation　Kanehisa Lab

KEGG DISEASE Database

分子ネットワークのゆらぎ状態としての疾患情報リソース

» English

KEGG2　PATHWAY　BRITE　MODULE　KO　NETWORK　DISEASE　DRUG　MEDICUS

DISEASE を H番号、名称、概要、カテゴリ、パスウェイ、病因遺伝子で検索

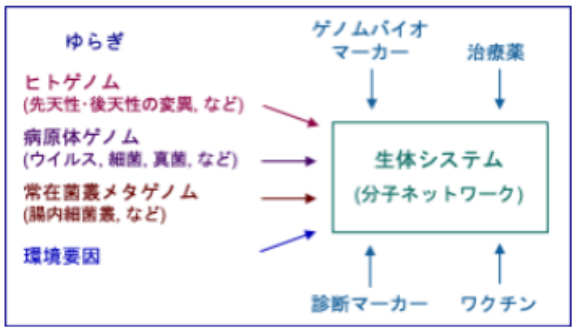
検索

DISEASE を KEGG MEDICUS で検索

検索

背景

KEGG では、疾患とは生体システムを司る分子ネットワークがゆらいだ状態であるとみなしています。疾患の遺伝要因と環境要因、それに医薬品は分子ネットワークへのゆらぎ物質です。単一遺伝子疾患、多因子性疾患、感染症疾患など様々な疾患は、ゆらぎ物質とその相互作用を蓄積することで統一的に扱うことができます。



現在のデータ数 (2024/12/25)

疾患(KEGG DISEASE H番号エントリ)の数	2,832
病因遺伝子を含む疾患数	2,292
病因遺伝子の数	5,003
ネットワークバリエーションマップにある疾患数	851
ネットワークバリエーションマップの数	118
疾患パスウェイマップがある疾患数	75
疾患パスウェイマップの数	70

ゆらいだ分子ネットワークに関する知識は疾患パスウェイマップとして表現され、KEGG PATHWAY データベースの一部として提供されてきましたが、特定の疾患に限定されていました。現在は KEGG NETWORK データベースのネットワークバリエーションマップとして、幅広い疾患に対し幅広いゆらぎを蓄積する試みがなされています。

下を見ると

KEGG DISEASE データベース

KEGGの利用（15）

KEGG DISEASE データベース

KEGG DISEASE は、疾患の要因となるゆらぎ物質として上の概念図の中で、とくにヒト疾患遺伝子と病原体をリスト化したデータベースです。ゆらぎ物質が分子ネットワークにどのような影響を与えるかの詳細は KEGG NETWORK データベースのネットワークバリエーションマップで表現され、両者は密接につながる形で作成されています。環境因子については、当初は KEGG DISEASE に含まれていましたが、現在は分子ネットワークのつながりが明確なものに限定して、KEGG NETWORK にのみ含まれています。各疾患エントリは H 番号で識別され、ネットワークバリエーションマップへのリンクでゆらいだ分子ネットワークが分かる形になっています(例えば、脊髄性筋萎縮症の疾患エントリ H00455)。治療薬については日本語版では日本の、英語版では米国の医薬品添付文書に適応と記載された医薬品が治療薬フィールドに入っています。

疾患は以下の BRITE 階層ファイルで分類されています。

- ICD-11 による疾患分類
- パスウェイに基づく疾患分類
- ゲノムに基づく感染症分類

また日本の法令で定められた疾患との対応づけも行われています。

- 感染症法による感染症分類
- 感染症法における特定病原体等
- 指定難病

ネットワークバリエーションマップ

KEGG NETWORK データベースのネットワークバリエーションマップは上の図で表現した概念を実現したもので、ヒト遺伝子バリアント、ウイルスその他病原体のタンパク質、環境因子など様々なゆらぎ物質が、レファレンスとなる分子ネットワーク (緑色で表現されています) のどこの影響を与え、それがどの疾患と関連しているかを示しています。

- KEGG network variation maps

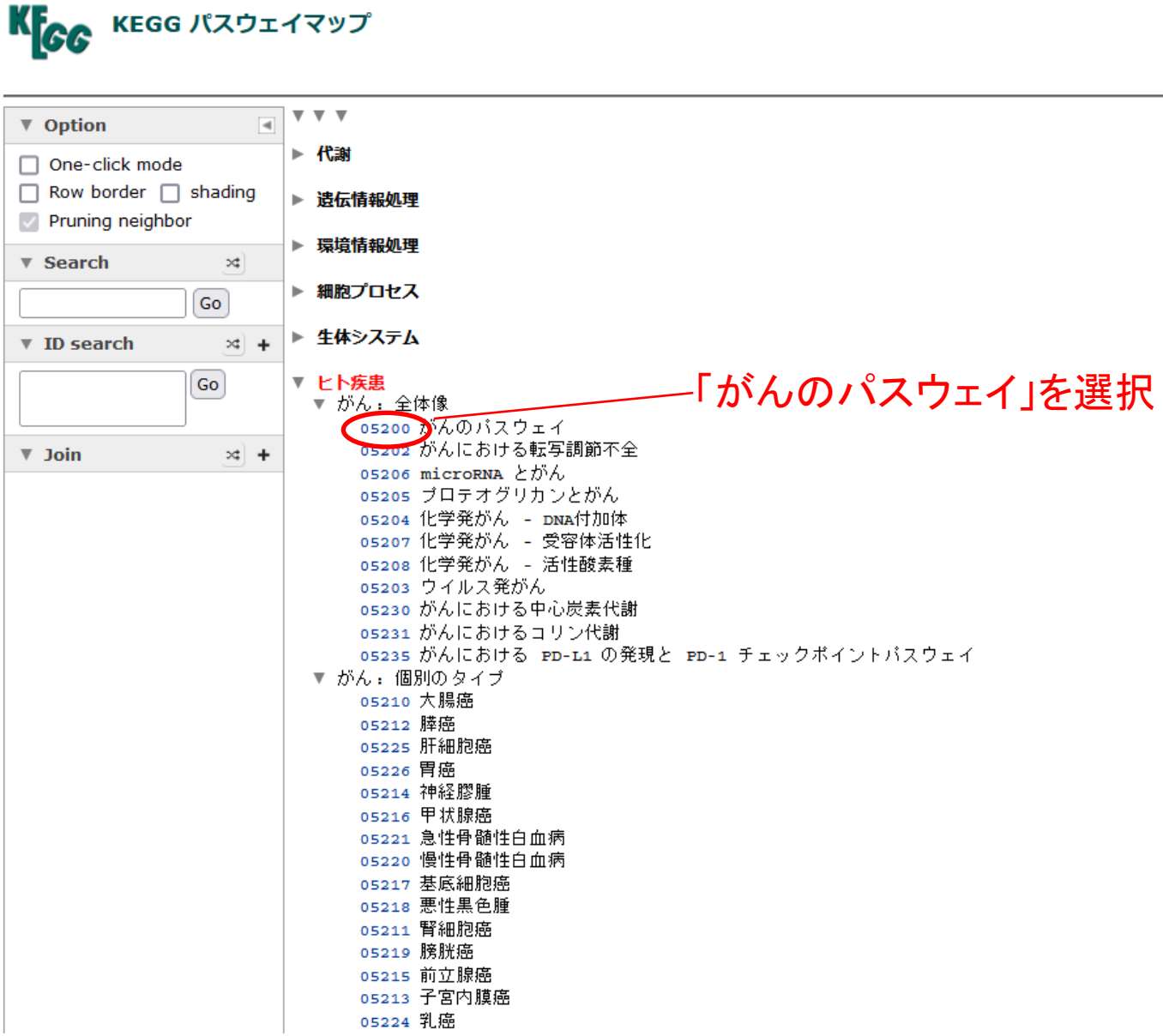
疾患パスウェイマップ

KEGG PATHWAY データベースの「ヒト疾患」カテゴリには、疾患パスウェイマップが蓄積されています。

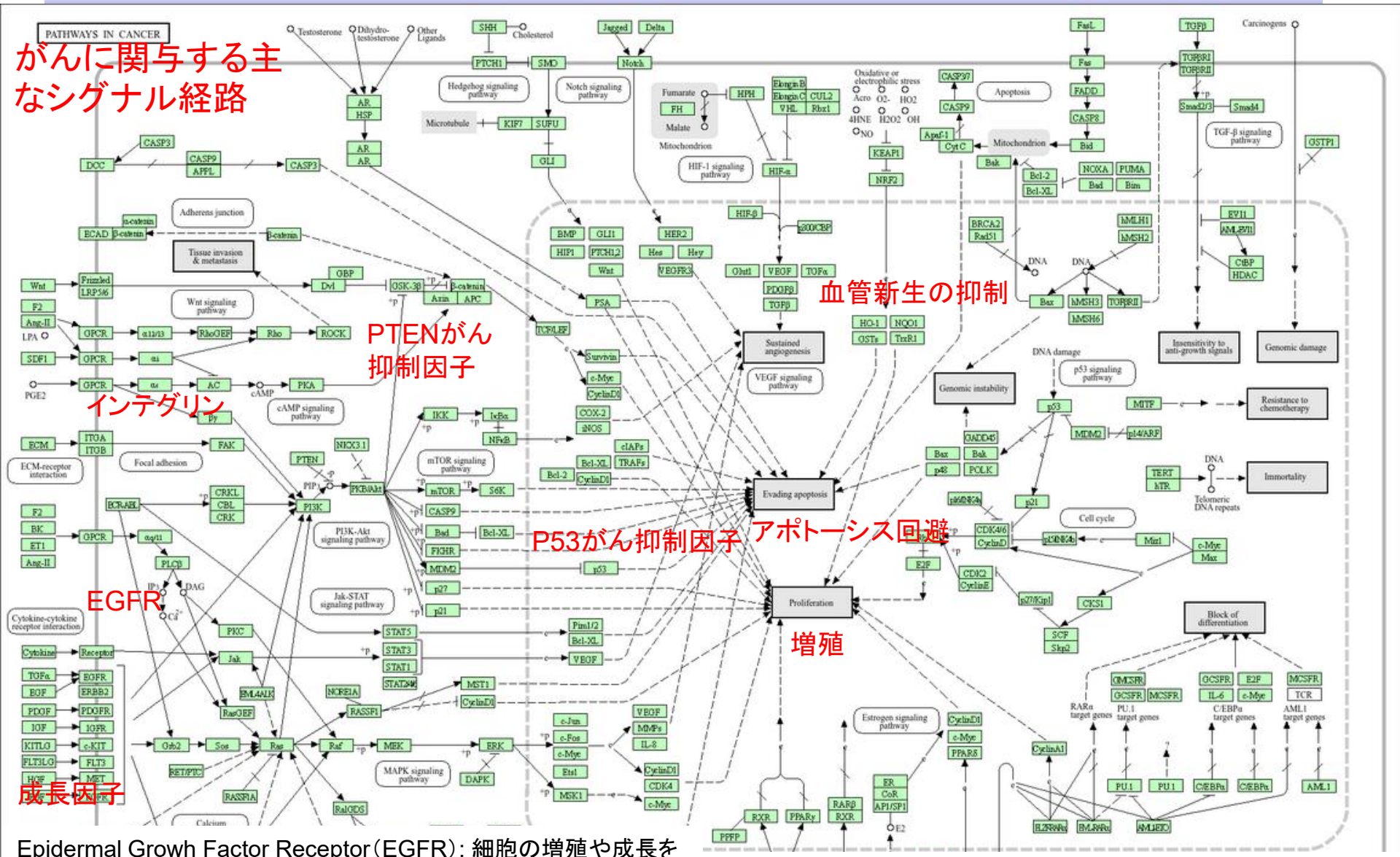
- KEGG パスウェイマップ：ヒト疾患

疾患パスウェイマップは、がん、免疫系疾患、神経変性疾患、循環器疾患、代謝疾患などの多因子性疾患が中心で、病因遺伝子は赤字で示されています。また感染症疾患では、病原体の分子ネットワークとヒトの分子ネットワークの相関が表現されています。

KEGGの利用（16）


KEGG パスウェイマップ
Option
One-click mode
Row border
shading
Pruning neighbor
Search
Go
ID search
Go
Join
代謝
遺伝情報処理
環境情報処理
細胞プロセス
生体システム
ヒト疾患
がん：全体像
05200 がんのパスウェイ
05202 がんにおける転写調節不全
05206 microRNA とがん
05205 プロテオグリカンとがん
05204 化学発がん - DNA付加体
05207 化学発がん - 受容体活性化
05208 化学発がん - 活性酸素種
05203 ウイルス発がん
05230 がんにおける中心炭素代謝
05231 がんにおけるコリン代謝
05235 がんにおける PD-L1 の発現と PD-1 チェックポイントパスウェイ
がん：個別のタイプ
05210 大腸癌
05212 膵癌
05225 肝細胞癌
05226 胃癌
05214 神経膠腫
05216 甲状腺癌
05221 急性骨髄性白血病
05220 慢性骨髄性白血病
05217 基底細胞癌
05218 悪性黒色腫
05211 腎細胞癌
05219 膀胱癌
05215 前立腺癌
05213 子宮内膜癌
05224 乳癌
「がんのパスウェイ」を選択

KEGGの利用（17）



Epidermal Growth Factor Receptor（EGFR）: 細胞の増殖や成長を制御する上皮成長因子（EGF）を認識し、シグナル伝達を行う受容体
P53: DNA損傷の修復やアポトーシス誘導を担う（異常細胞が死なずに分裂変異が蓄積）

インテグリン: 細胞表面の細胞接着タンパク質、細胞の移動や浸潤を助け、がん細胞が周囲の組織へ広がるのを促進
PTEN: 細胞内増殖因子PIP3の脱リン酸化によりシグナル伝達を抑制

代謝経路の探索（1）


KEGG
Databases
Tools
Auto annotation
Kanehisa Lab
KEGG
caffeine
Search
Help
» Japanese
「caffeine」と入力
KEGG Home
Release notes
Current statistics
KEGG Database
KEGG overview
KEGG mapping
Color codes
KEGG Objects
KEGG Weblinks
Entry format
KEGG Software
KEGG API
KGML
KEGG FTP
Subscription
Background info
GenomeNet
DBGET/LinkDB
Feedback
Copyright request
Kanehisa Labs
KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
KEGG is a database resource for understanding high-level functions and utilities of the biological system, such as the cell, the organism and the ecosystem, from molecular-level information, especially large-scale molecular datasets generated by genome sequencing and other high-throughput experimental technologies.
See Release notes (January 1, 2025) for new and updated features.
Announcement: Updated procedure to generate organism-specific pathways
New article: KEGG: biological systems database as a model of the real world
Main entry point to the KEGG web service
KEGG2 KEGG Table of Contents [Update notes | Release history]
Data-oriented entry points
KEGG PATHWAY KEGG pathway maps
KEGG BRITE BRITE hierarchies and tables
KEGG MODULE KEGG modules
KEGG ORTHOLOGY KO functional orthologs
KEGG GENES Genes and proteins [KEGG Virus]
KEGG GENOME Genomes [Taxonomy | Synteny]
KEGG COMPOUND Small molecules
KEGG GLYCAN Glycans
KEGG REACTION Biochemical reactions [RModule]
KEGG ENZYME Enzyme nomenclature
KEGG NETWORK Disease-related network variations
KEGG DISEASE Human diseases
KEGG DRUG Drugs [New drug approvals]
KEGG MEDICUS Health information resource [Drug labels search]
Pathway
Brite
Brite table
Module
Network
KO (Function)
Organism
Virus
Compound
Disease (ICD)
Drug (ATC)
Drug (Target)
Antimicrobials
Organism-specific entry points

代謝経路の探索（2）

KEGG Search KEGG for caffeine Go Clear

Database: KEGG - Search term: caffeine

KEGG PATHWAY

map00232
Caffeine metabolism

「map00232（Caffeine metabolism）」を選択

KEGG MODULE

M00915
Caffeine degradation, caffeine => xanthine

KEGG ORTHOLOGY

K12731
DXMT; caffeine synthase [EC:2.1.1.160]
K21673
cdhA; caffeine dehydrogenase subunit alpha [EC:1.17.5.2]
K21674
cdhB; caffeine dehydrogenase subunit beta [EC:1.17.5.2]
K21675
cdhC; caffeine dehydrogenase subunit gamma [EC:1.17.5.2]

KEGG GENES

dme:Dmel_CG14980
K27045 vacuolar fusion protein CCZ1, animal type | (RefSeq) Ccz1; Caffeine, calcium, zinc sensitivity 1
cfel:113374615
no KO assigned | (RefSeq) caffeine-induced protein 16-like
hrf:124148568
no KO assigned | (RefSeq) probable caffeine synthase 4
epa:110240480
no KO assigned | (RefSeq) caffeine synthase 1
epa:110240476
no KO assigned | (RefSeq) probable caffeine synthase 2 isoform X1
• • • » display all

KEGG MGENES

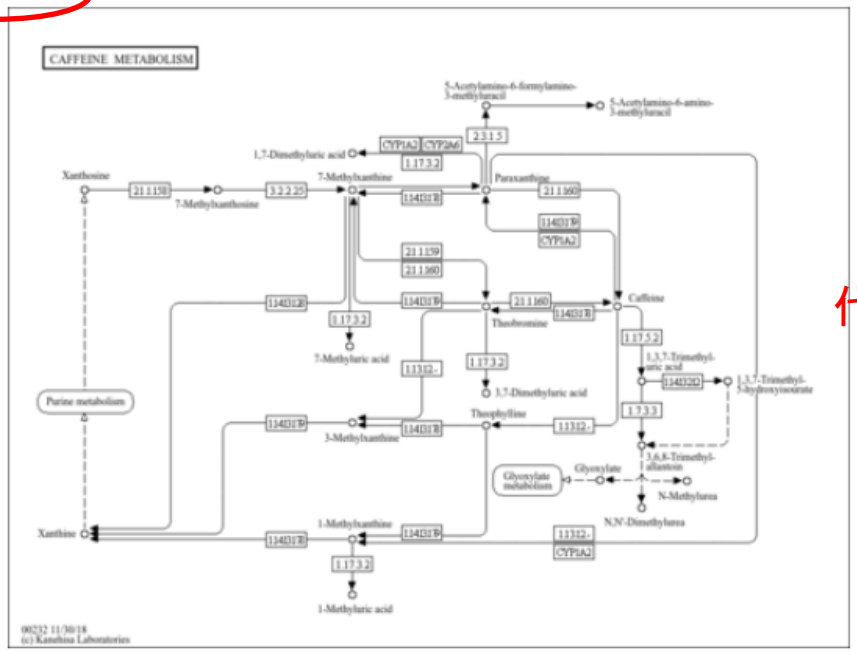
T30176:19157
K08158 MFS transporter, DHA1 family, multidrug resistance protein | caf5; caffeine resistance protein 5
T30231:3551
K08158 MFS transporter, DHA1 family, multidrug resistance protein | caf5; caffeine resistance protein 5

代謝経路の探索（3）

KEGG **PATHWAY: map00232**

Help

Entry	map00232 Pathway
Name	Caffeine metabolism
Class	Metabolism; Biosynthesis of other secondary metabolites BRITE hierarchy
Pathway map	map00232 Caffeine metabolism
Module	M00915 Caffeine degradation, caffeine => xanthine [PATH:map00232]
Other DBs	UMBBD: caf caf2
Reference	PMID:9705852
Authors	Madyastha KM, Sridhar GR.
Title	A novel pathway for the metabolism of caffeine by a mixed culture consortium.



Ortholog table

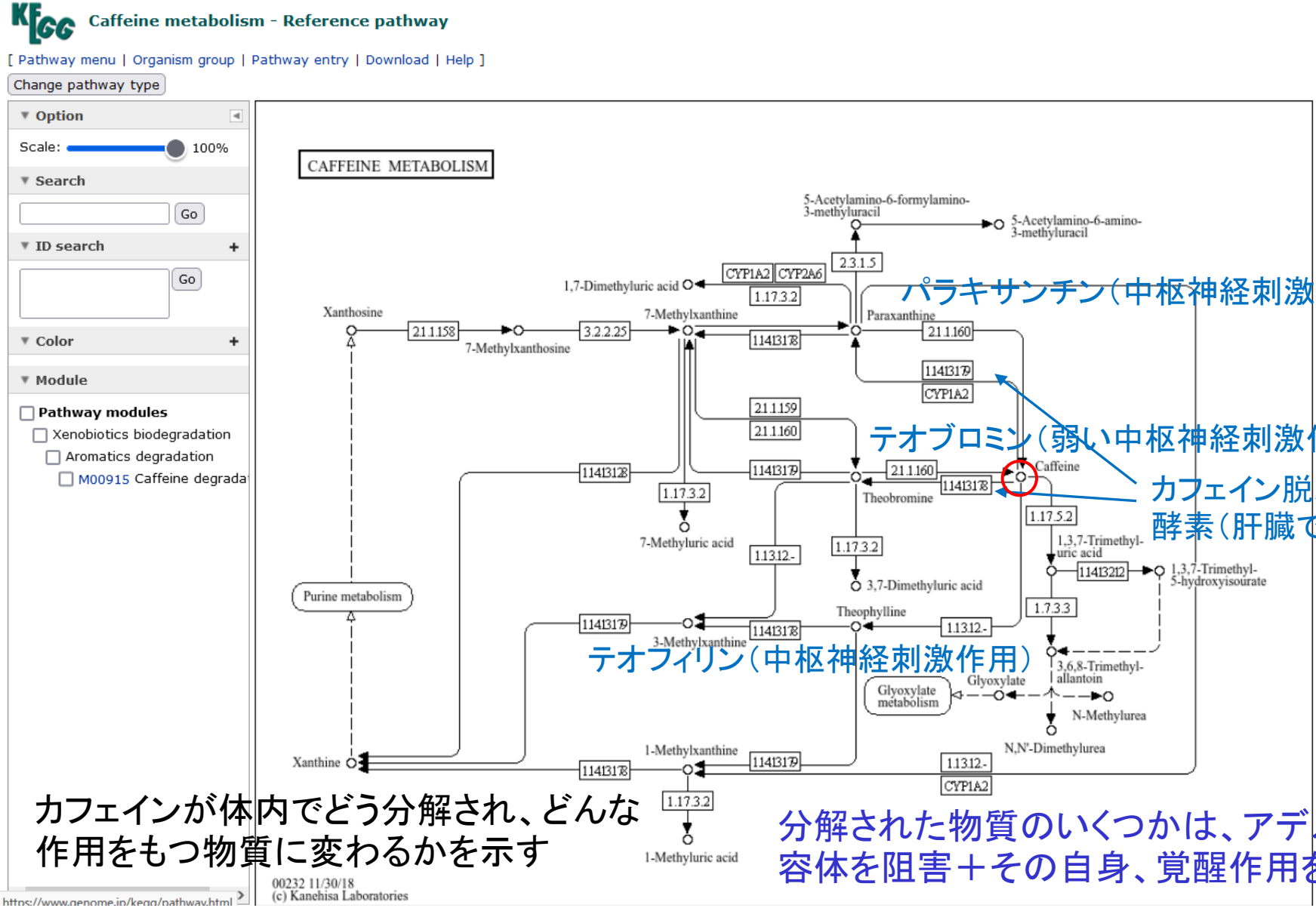
All links

Pathway (1)
KEGG MODULE (1)
Chemical substance (22)
KEGG COMPOUND (22)
Chemical reaction (55)
KEGG ENZYME (13)
KEGG REACTION (42)
Gene (11047)
KEGG ORTHOLOGY (16)
RefGene (11031)
Literature (5)
PubMed (5)
All databases (11130)

Download RDF

代謝経路の画像をクリック

代謝経路の探索（4）



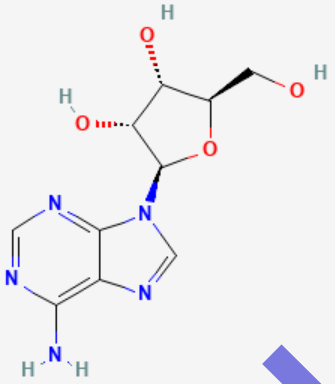
カフェインが体内でどう分解され、どんな作用をもつ物質に変わるかを示す

分解された物質のいくつかは、アデノシン受容体を阻害＋その自身、覚醒作用をもつ

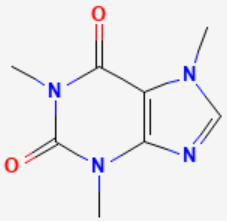
代謝経路の探索（5）

アデノシンとカフェインは構造が似ている

アデノシン



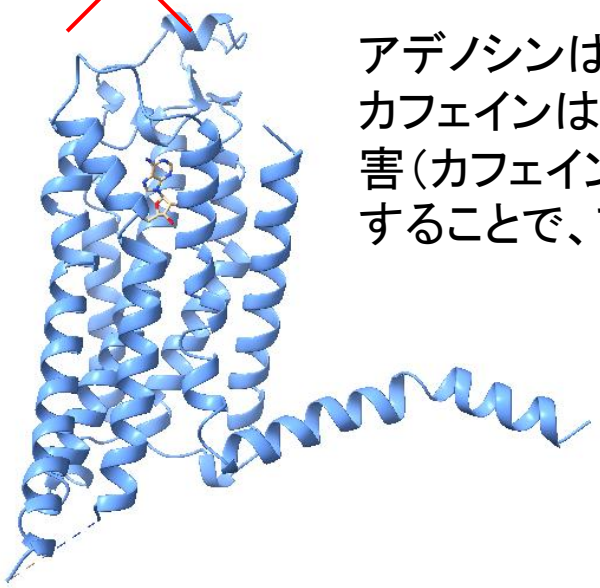
カフェイン



ストレスやエネルギー不足で興奮するが、アデノシンは、心拍数を抑え、興奮を抑制する

アデノシンは脳内で眠気を誘発するが、カフェインはアデノシン受容体を競合阻害（カフェインがアデノシン受容体に結合することで、アデノシンの効果を阻害）

アデノシン受容体
（PDB ID: 2YDO）



遺伝子からの代謝経路の探索（1）

遺伝子からの代謝経路の探索（2）

KEGG Mapper

A suite of KEGG mapping tools

KEGG Mapper
- **Reconstruct**
- **Search**
- **Color**
- **Join**
- **MWsearch**
- Convert ID

KEGG Web Apps
- Map coloring GUI
- Map coloring URL

KEGG Syntax
- Taxonomy mapping
- Genome alignment
- Synteny analysis

KEGG Annotation
- KO assignment
- BlastKOALA
- GhostKOALA

KEGG2
KEGG

[**Reconstruct** | **Search** | **Color** | **Join** | **MWsearch**]

About KEGG Mapper

KEGG Mapper is a collection of tools for KEGG mapping including popular KEGG pathway mapping, JOIN BRITE operations and MODULE completeness checks. Historically, two basic tools of "Search Pathway" (currently, Search) and "Search&Color Pathway" (currently, Color) were introduced at the beginning of the KEGG project. As the KEGG database contents expanded, so did the mapping tools [1,2].

The current version 5 of KEGG Mapper released in July 2021 consists of four main tools: Reconstruct, Search, Color and Join. Since October 2023 these tools are tightly integrated with KEGG pathway map viewer and Brite hierarchy viewer, so that the final steps of mapping are processed on the client side.

See also: Map coloring GUI and Map coloring URL in KEGG Web Apps.

KEGG Mapper tools

There are five KEGG Mapper tools as summarized below.

Reconstruct is the basic mapping tool used for linking KO annotation (K number assignment) data to KEGG pathway maps, BRITE hierarchies and tables, and KEGG modules.

「Search」を選択

Search is the traditional tool for searching mapped objects in the user's dataset and mark them in red.

Color is another traditional tool for searching mapped objects in the user's dataset and mark them in any combination of background and foreground colors. This tool now applies only to KEGG pathway maps. Use the Join tool for coloring of Brite hierarchies.

Join is a tool to combine a Brite hierarchy file and a binary relation file, effectively adding a new column to the hierarchy file.

MWsearch is a variant of the Search tool performing conversion of mass spectrometry data, either as a set of molecular masses or molecular formulas, to a set of numbers.

Query data

遺伝子からの代謝経路の探索（3）

KEGG Mapper – Search

KEGG Mapper
- **Reconstruct**
- **Search**
- **Color**
- **Join**
- **MWsearch**

Convert ID

KEGG Web Apps
- Map coloring GUI
- Map coloring URL

KEGG Syntax
- Taxonomy mapping
- Genome alignment
- Synteny analysis

KEGG Annotation
- KO assignment
- BlastKOALA
- GhostKOALA

KEGG2
KEGG

Search tool

The Search tool searches various KEGG objects, including genes, KOs, EC numbers, metabolites and drugs, against KEGG pathway maps and other network entities. Found objects are marked in red.

Search mode: (•) Reference ( ) hsa ( ) other org [ ]

Enter query KEGG identifiers

K02092
K02093
K02094
K02095
K02096
K02284
K02285
K02286
K02287

ファイルcyn-gene-k.txt
の遺伝子群を入力

Examples: Select

hsa mode
diseasegene.txt (human disease genes)
drugtarget.txt (drug targets)
mabtarget.txt (drug targets, MAB only)

Or upload file: 参照... ファイルが選択されていません。

Filter1 Filter2 (to extract K/C/G/D/R/RC numbers)

☐ Include "same as" objects

☐ Include aliases (for hsa and other org modes)

Exec Clear

「Exec」を押す

遺伝子からの代謝経路の探索（4）

KEGG Mapper Search Result

Pathway (30) | Brite (11) | Brite Table(0) | Module (7)

Sort by the pathway list

Show matched objects

map01100 Metabolic pathways (51)

map00195 Photosynthesis (33)

map00196 Photosynthesis - antenna proteins (11)

map01110 Biosynthesis of secondary metabolites (2)

map00130 Ubiquinone and other terpenoid-quinone biosynthesis (1)

map05208 Chemical carcinogenesis - reactive oxygen species (1)

map05207 Chemical carcinogenesis - receptor activation (1)

map05225 Hepatocellular carcinoma (1)

map01240 Biosynthesis of cofactors (1)

map02020 Two-component system (1)

map00982 Drug metabolism - cytochrome P450 (1)

map01120 Microbial metabolism in diverse environments (1)

map01524 Platinum drug resistance (1)

map00520 Amino sugar and nucleotide sugar metabolism (1)

map00910 Nitrogen metabolism (1)

map00480 Glutathione metabolism (1)

map00190 Oxidative phosphorylation (1)

全体の代謝マップ

光合成系の代謝マップ

遺伝子からの代謝経路の探索（5）

KEGG **Photosynthesis - Reference pathway**

[Pathway menu | Organism group | Pathway entry | Show description | Download | Help]

Change pathway type

Option

Scale: 100%

Search

Go

ID search

Go

Color

KEGG Mapper

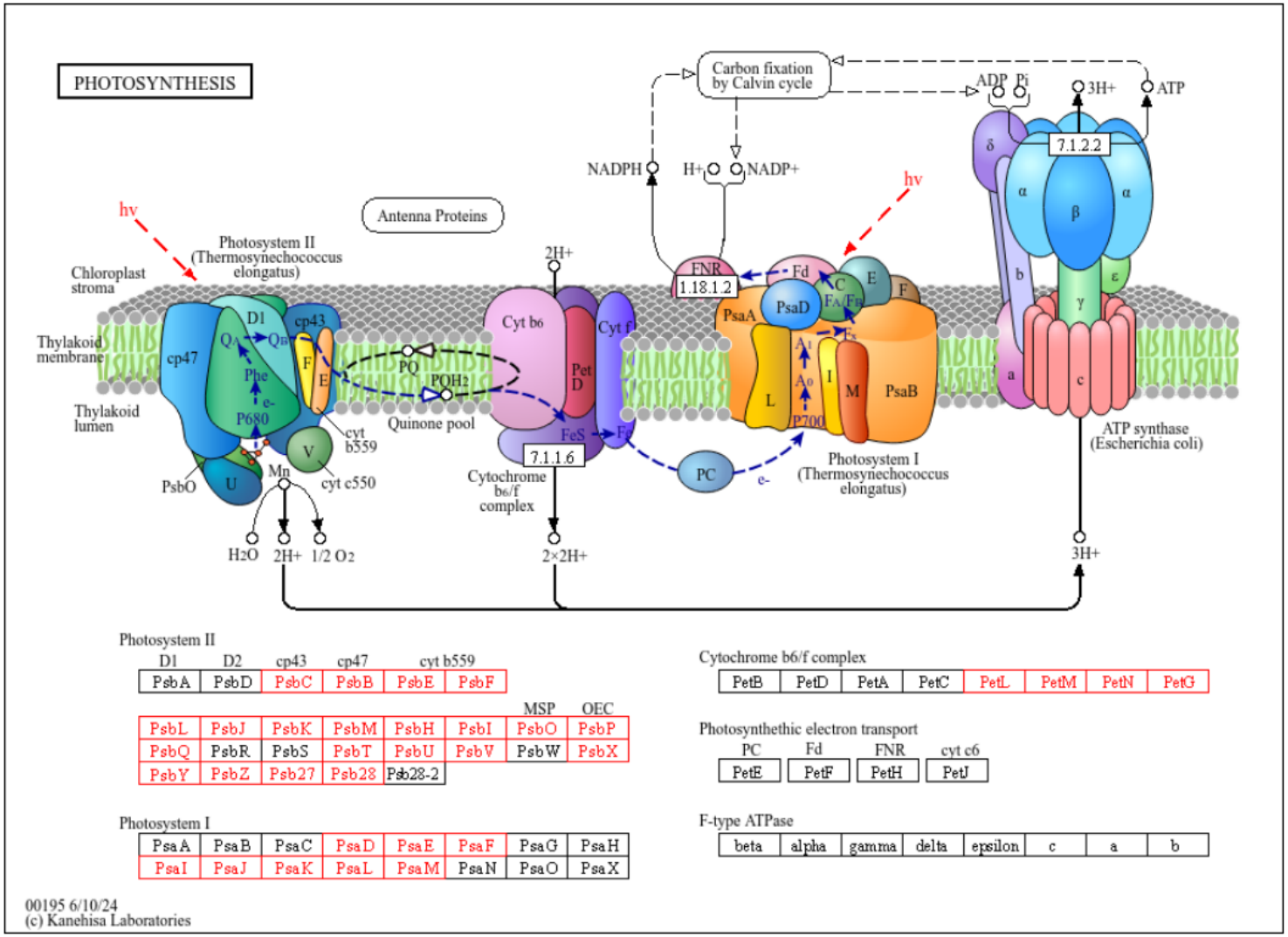
Module

Pathway modules

- Energy metabolism
  - Photosynthesis
    - M00161 Photosystem II
    - M00163 Photosystem I
  - ATP synthesis
    - M00162 Cytochrome b6f c
    - M00157 F-type ATPase, p

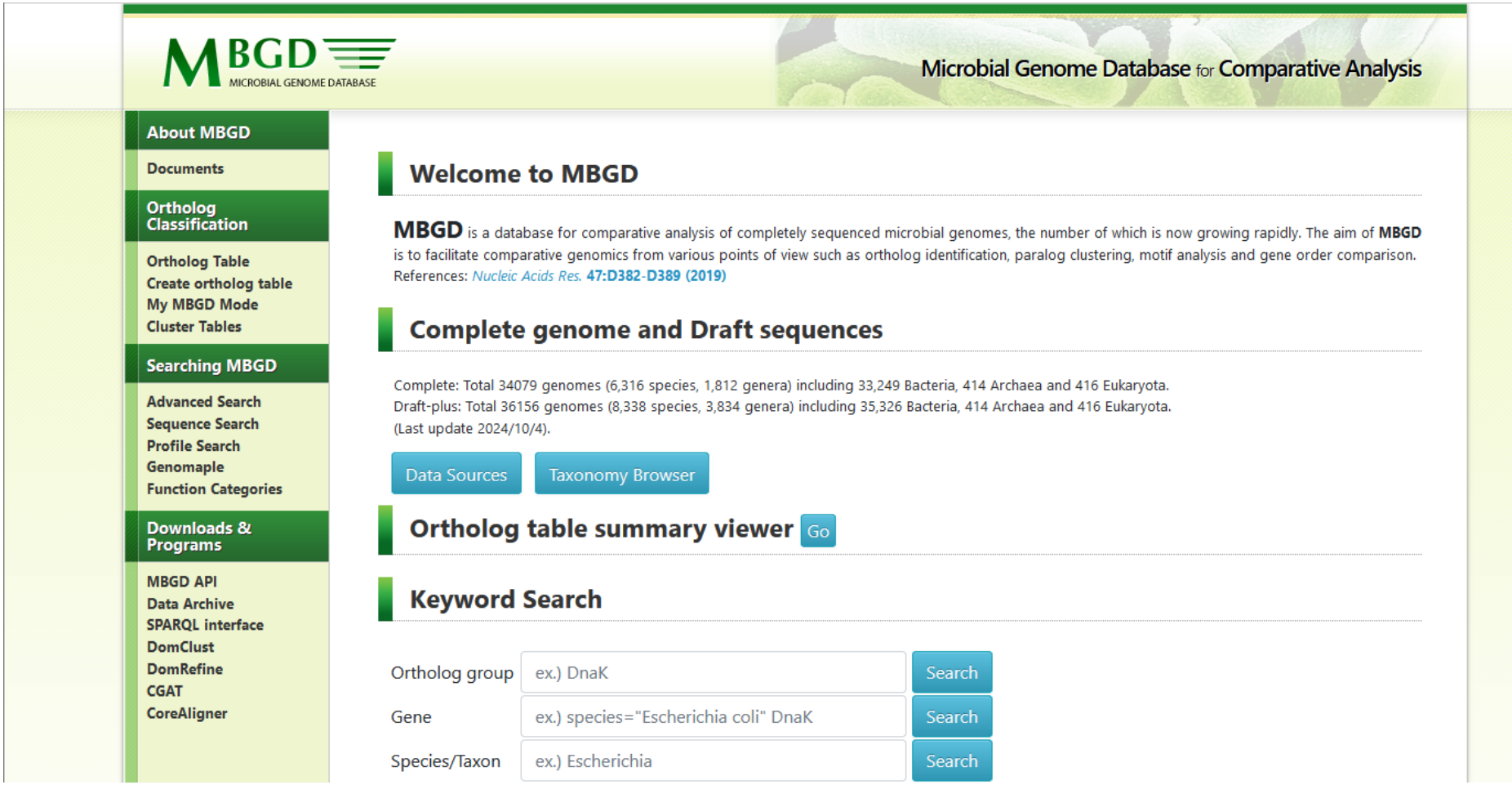
Related Brite

00194 Photosynthesis proteins



MBGD

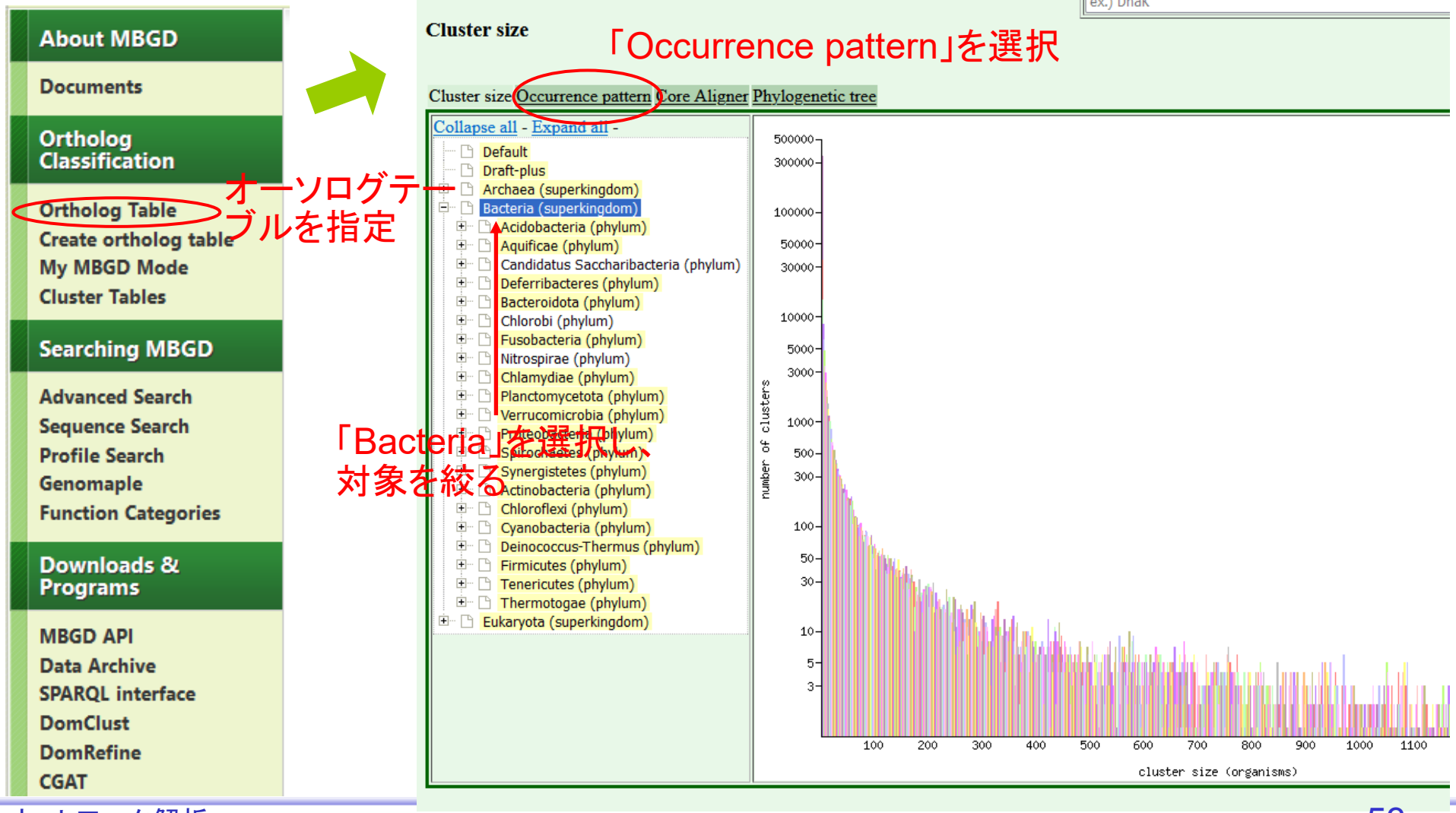
- 微生物ゲノム比較解析データベース（Microbial Genome Database for Comparative Analysis）
- 真正細菌33249、古細菌414、真核生物416のゲノムを登録（2024年10月4日更新）
- オーソログのグルーピング
  - デフォルトの生物種、利用者が指定した生物種
- 生物種間の比較ゲノム解析
- https://mbgd.nib.ac.jp/



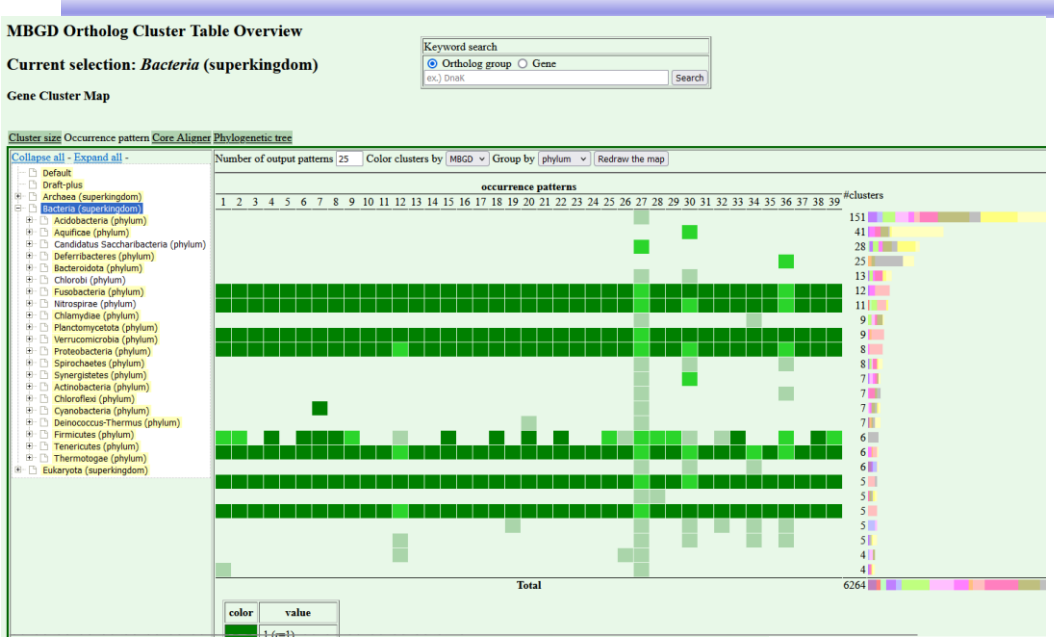
MBGDの利用（1）

藍藻類に特異的な遺伝子をどのように取得したか？

クラスタの統計が表示される

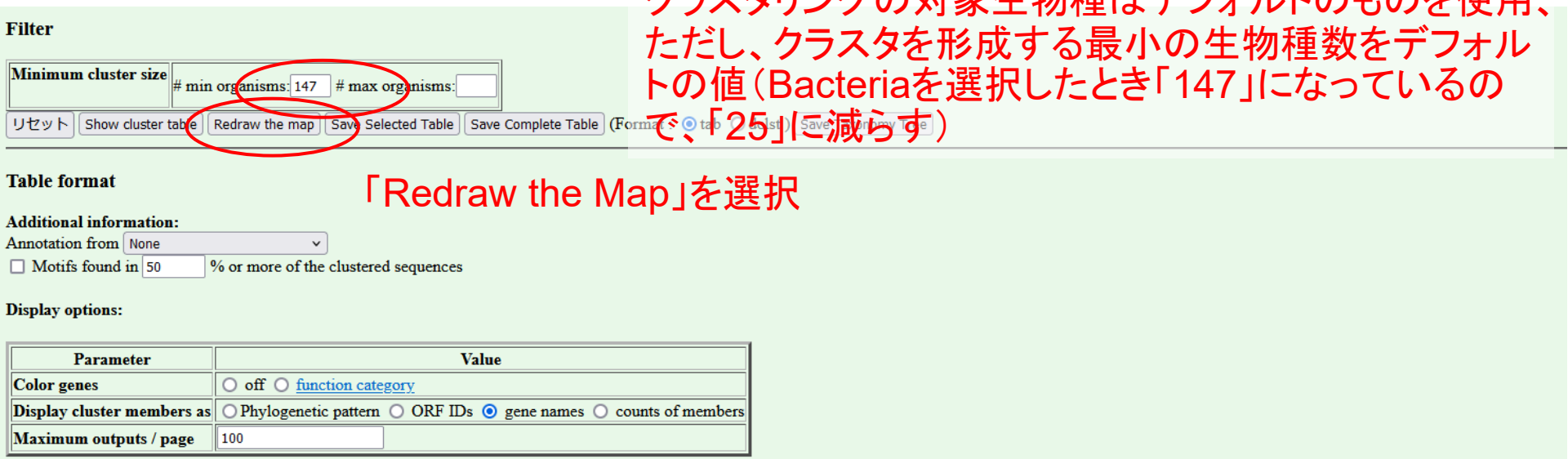


MBGDの利用（2）



このページの下の方

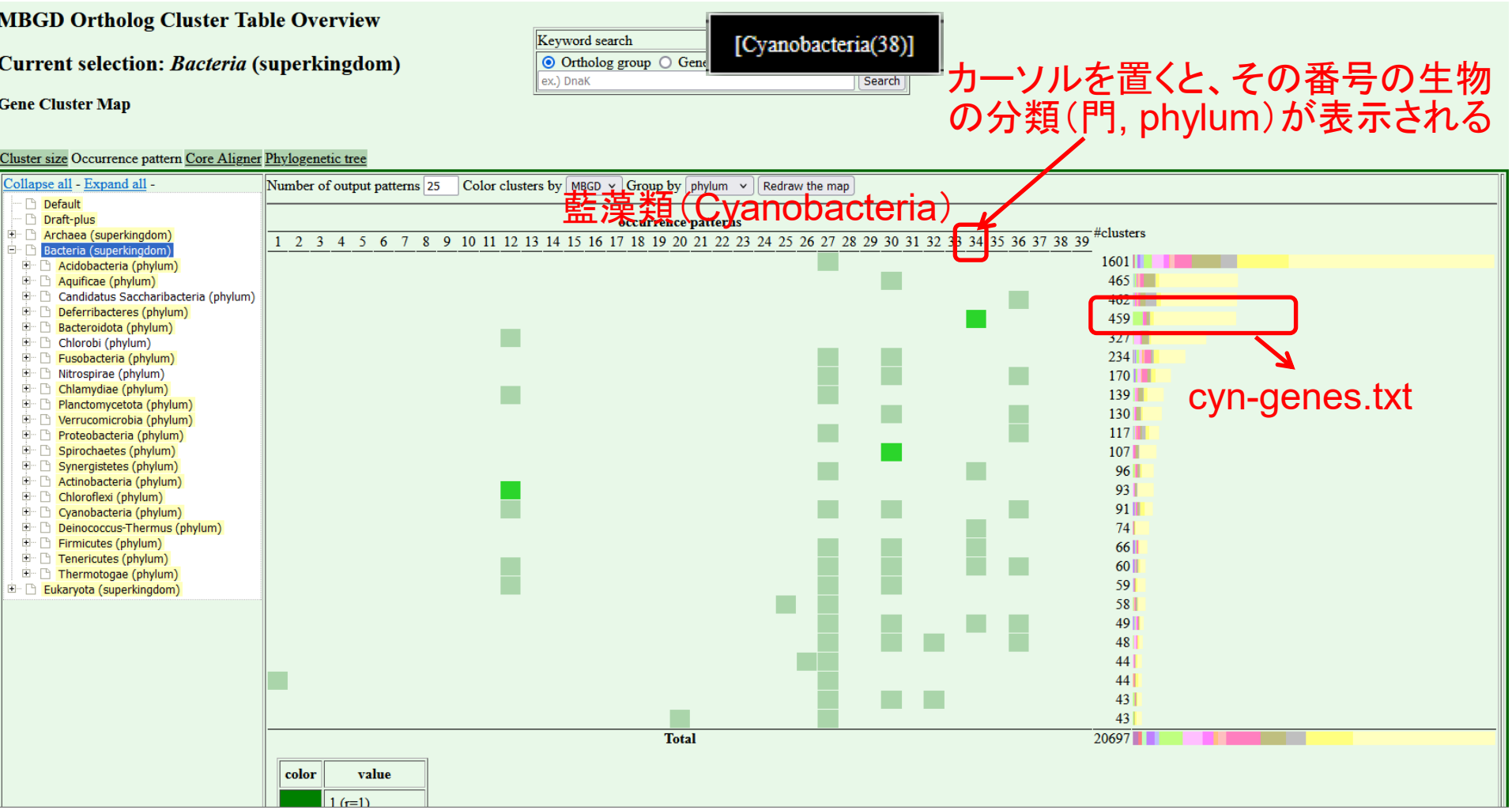
クラスタリングの対象生物種はデフォルトのものを使用、ただし、クラスタを形成する最小の生物種数をデフォルトの値（Bacteriaを選択したとき「147」になっているので、「25」に減らす）



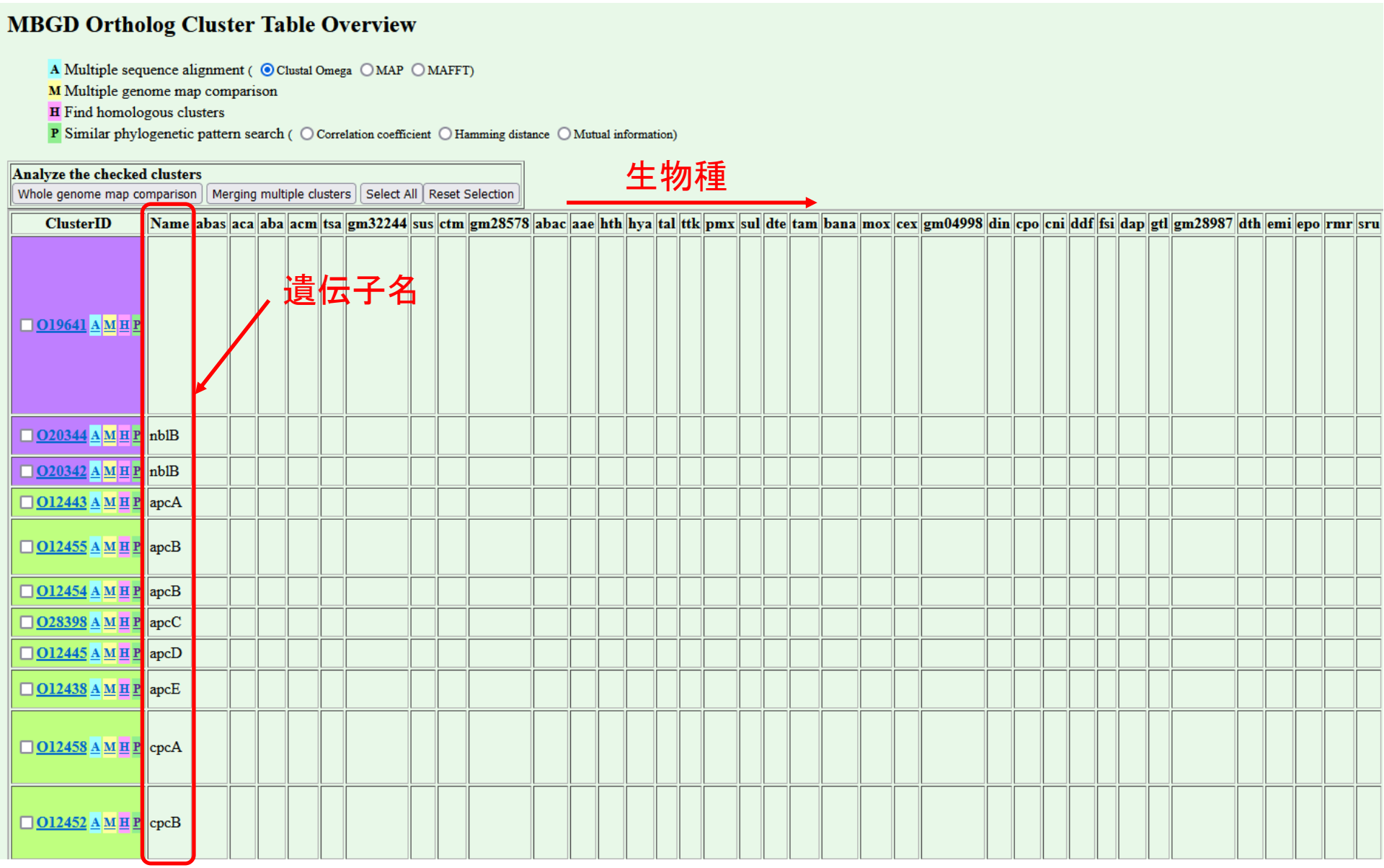
「Redraw the Map」を選択

MBGDの利用（3）

藍藻類（Cyanobacteria）に特徴的な遺伝子を集める



MBGDの利用（4）


MBGD Ortholog Cluster Table Overview
A Multiple sequence alignment (Clustal Omega MAP MAFFT)
M Multiple genome map comparison
H Find homologous clusters
P Similar phylogenetic pattern search (Correlation coefficient Hamming distance Mutual information)
Analyze the checked clusters
Whole genome map comparison
Merging multiple clusters
Select All
Reset Selection
生物種
遺伝子名
ClusterID
Name
abas aca aba acm tsa gm32244 sus ctm gm28578 abac aae hth hya tal ttk pmx sul dte tam bana mox cex gm04998 din cpo cni ddf fsi dap gtl gm28987 dth emi epo rmr sru
O19641 A M H P
O20344 A M H P nblB
O20342 A M H P nblB
O12443 A M H P apcA
O12455 A M H P apcB
O12454 A M H P apcB
O28398 A M H P apcC
O12445 A M H P apcD
O12438 A M H P apcE
O12458 A M H P cpcA
O12452 A M H P cpcB

エンリッチメント解析

- **エンリッチメント解析**
  - 遺伝子のリストを入力し、それらがもつ機能や特性を解析すること
  - 例えば、ある生物のグループに特徴的に見られる遺伝子、特定の条件で特異的に発現した遺伝子あるいは発現変動が大きい遺伝子など
- KEGGエンリッチメント解析
  - 関連性の認められた遺伝子を代謝経路上にマップ
- GOエンリッチメント解析
  - GO termでヒットした機能や特性が有意性とともに表示される
    - 生物学的プロセス、細胞の構成要素、分子機能ごと
  - GOのサイトではPANTHER（Gene List Analysis）が利用される

GOエンリッチメント解析の例

GOエンリッチメント解析の例

The mission of the PANTHER knowledgebase is to support biomedical and other research by providing **comprehensive information about the evolution of protein-coding gene families**, particularly protein phylogeny, function and genetic variation impacting that function. Learn more

PANTHER19.0 Released. Click for more details.

search keyword | All | Go

Home | About | Data Version | Tools | API/Services | Publications | Workspace | Downloads | FAQ/Help/Tutorial | Login | Register | Contact us

Current Release: **PANTHER 19.0** | **15,683** family phylogenetic trees | **144** species | News
Whole genome function views

Analysis Summary: Please report in publication

Analysis Type: PANTHER Overrepresentation Test (Released 20240807)

Annotation Version and Release Date

Analyzed List: upload

Reference List: Oryza

Annotation Data Set: GO biological pr

Test Type: Fisher's Exact | Bino

Correction: Calculate False Discove

Results

	Reference list
Uniquely Mapped IDS:	43658 out of 4
Unmapped IDs:	0
Multiple mapping information:	0

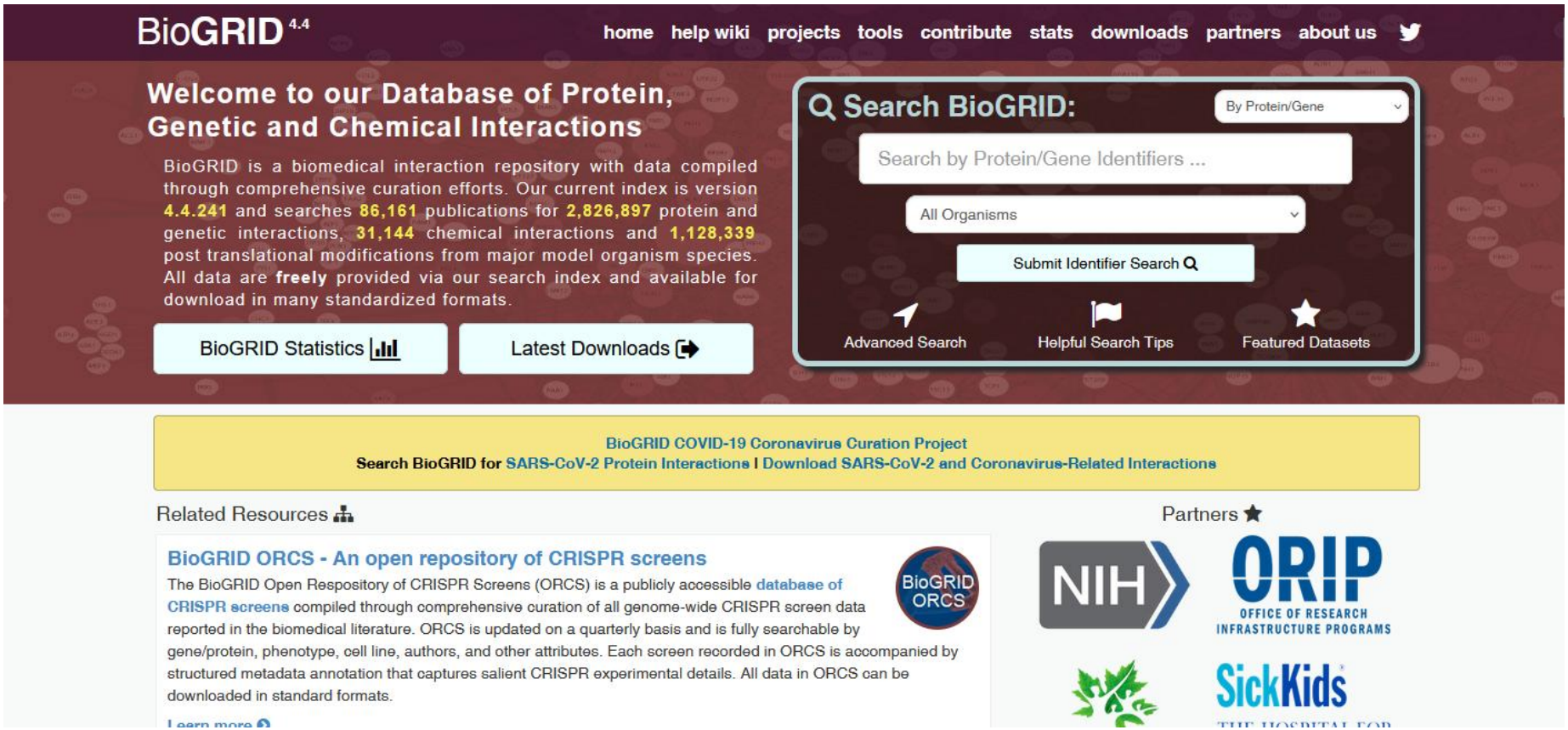
Export Table | XML with user input ids

Displaying only results for FDR P < 0.05, click here to display all results

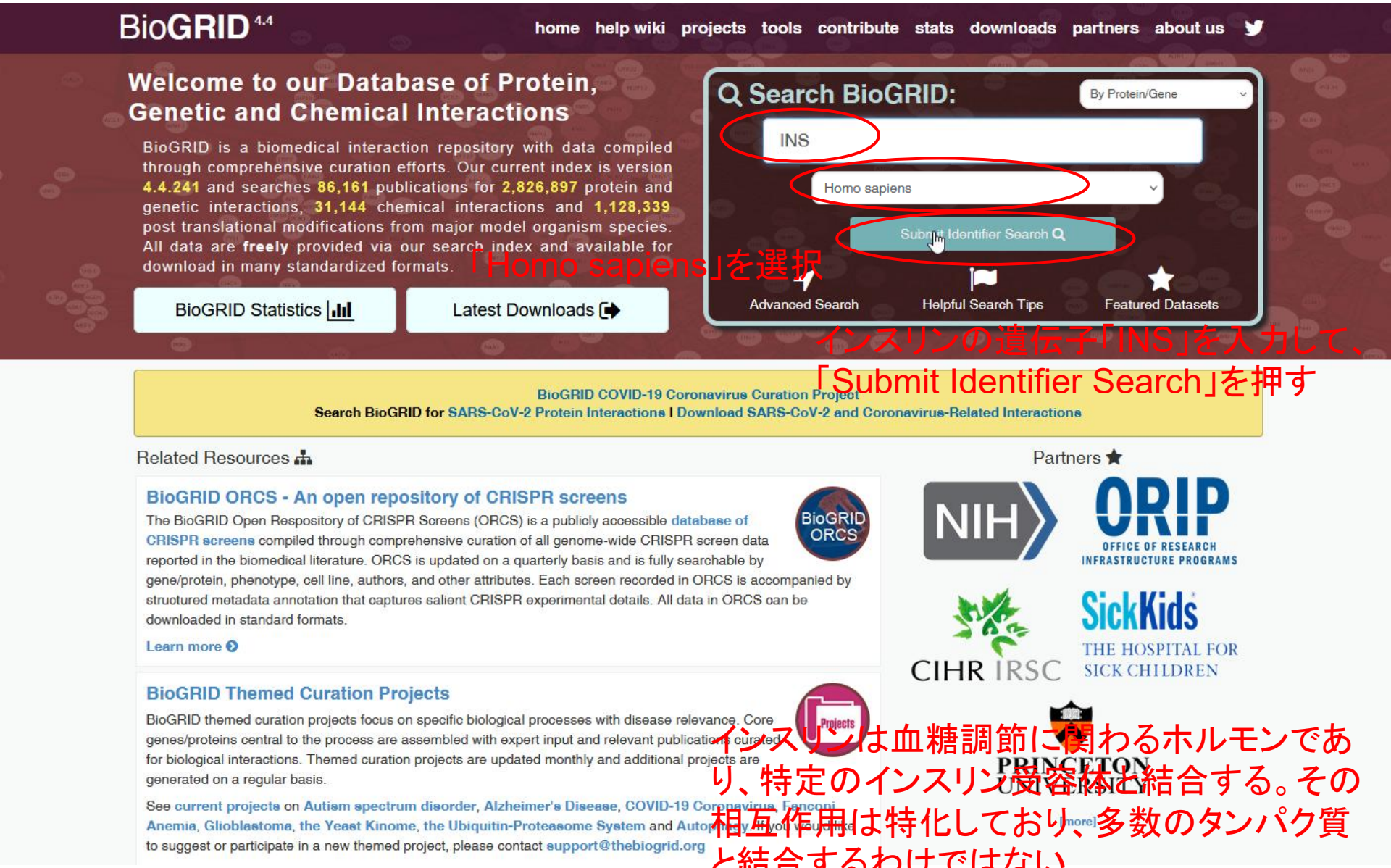
	Oryza sativa (REF)	upload_1 (∇ Hierarchy NEW!)					
GO biological process complete	#	#	expected	Fold Enrichment	+/-	raw P value	FDR
photosynthetic electron transport in photosystem II	8	4	.01	> 100	+	6.66E-11	2.72E-08
↳photosynthetic electron transport chain	32	8	.02	> 100	+	7.17E-19	6.45E-16
↳electron transport chain	190	11	.12	90.27	+	2.97E-19	3.34E-16
↳generation of precursor metabolites and energy	326	13	.21	62.18	+	9.90E-21	1.48E-17
↳cellular metabolic process	6607	25	4.24	5.90	+	6.70E-18	5.02E-15
↳metabolic process	9567	27	6.14	4.40	+	3.60E-17	2.31E-14
↳cellular process	10813	25	6.93	3.61	+	1.04E-12	5.84E-10
↳photosynthesis, light reaction	77	10	.05	> 100	+	7.32E-21	1.64E-17
↳photosynthesis	179	24	.11	> 100	+	5.06E-53	2.27E-49
Unclassified	27815	1	17.84	.06	-	2.40E-11	1.20E-08

タンパク質間相互作用ネットワーク

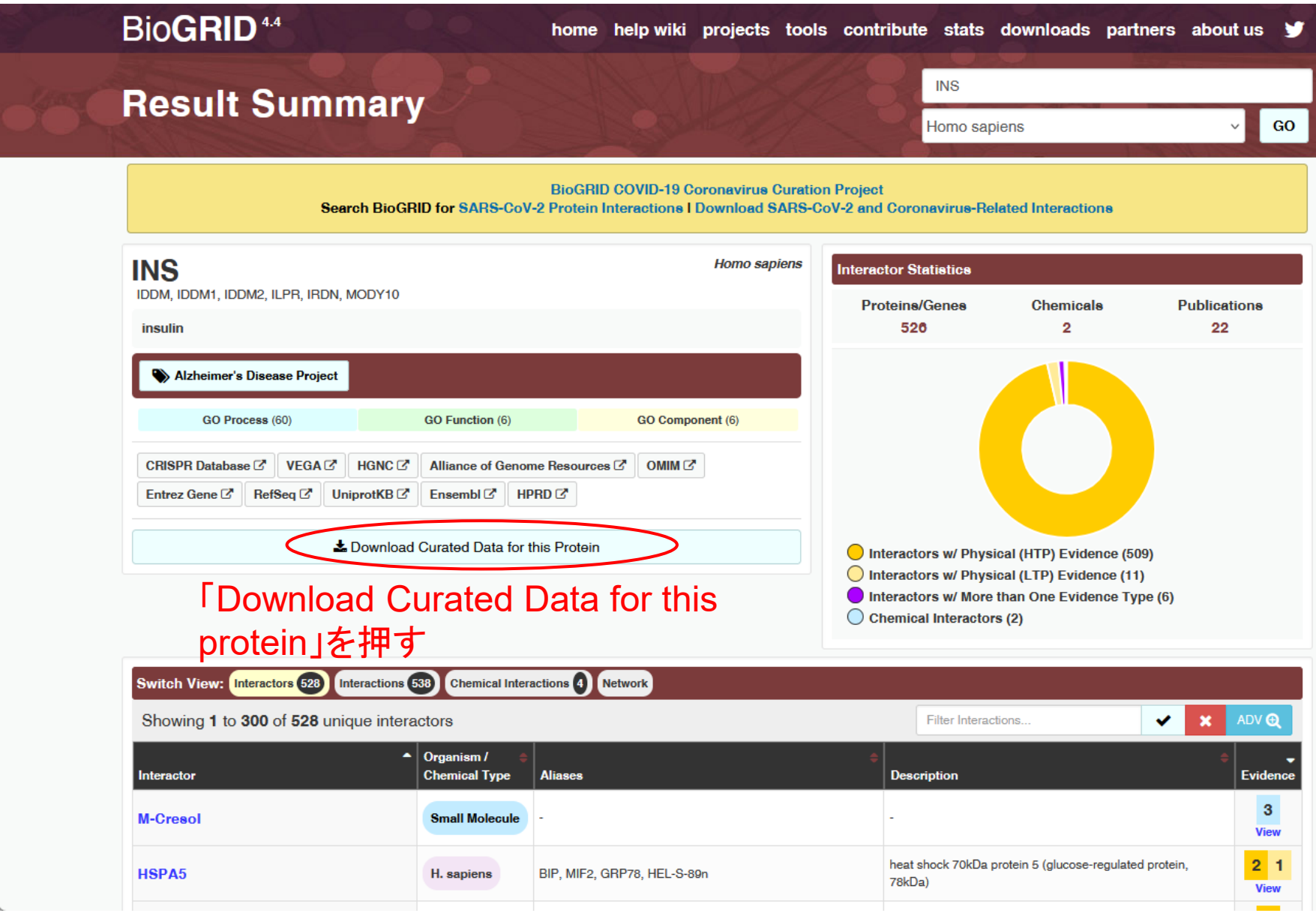
- BioGRID
  - 主要なモデル生物種のタンパク質および遺伝子の相互作用、化学的相互作用、翻訳後修飾を、文献情報（実験結果）をもとに収集したデータベース
  - https://thebiogrid.org/



BioGRIDの利用

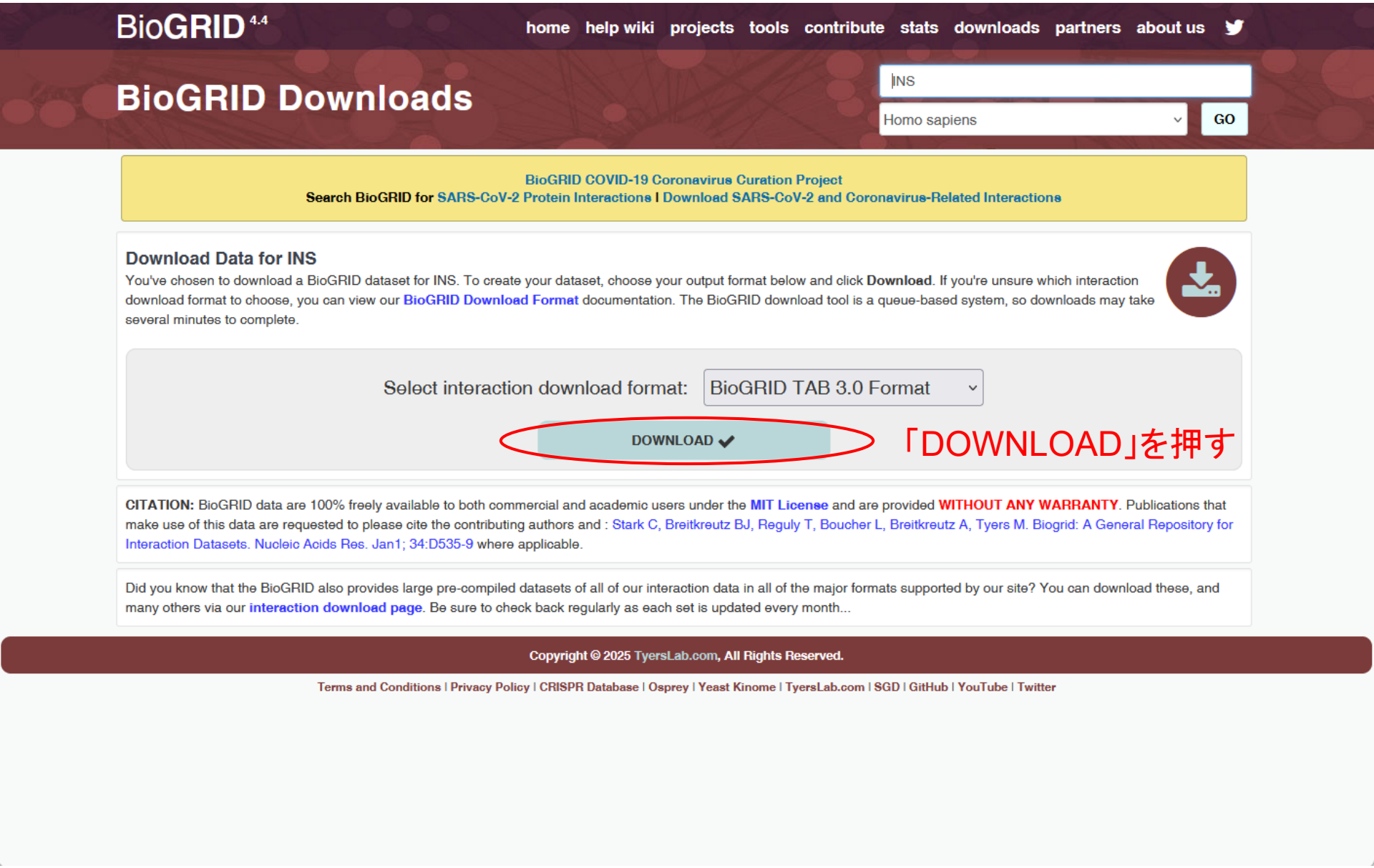

BioGRID 4.4
home help wiki projects tools contribute stats downloads partners about us
Welcome to our Database of Protein, Genetic and Chemical Interactions
BioGRID is a biomedical interaction repository with data compiled through comprehensive curation efforts. Our current index is version 4.4.241 and searches 86,161 publications for 2,826,897 protein and genetic interactions, 31,144 chemical interactions and 1,128,339 post translational modifications from major model organism species. All data are freely provided via our search index and available for download in many standardized formats.
BioGRID Statistics
Latest Downloads
Search BioGRID:
By Protein/Gene
INS
Homo sapiens
Submit Identifier Search
Advanced Search
Helpful Search Tips
Featured Datasets
「Homo sapiens」を選択
インスリンの遺伝子「INS」を入力して、
「Submit Identifier Search」を押す
BioGRID COVID-19 Coronavirus Curation Project
Search BioGRID for SARS-CoV-2 Protein Interactions | Download SARS-CoV-2 and Coronavirus-Related Interactions
Related Resources
BioGRID ORCS - An open repository of CRISPR screens
The BioGRID Open Respository of CRISPR Screens (ORCS) is a publicly accessible database of CRISPR screens compiled through comprehensive curation of all genome-wide CRISPR screen data reported in the biomedical literature. ORCS is updated on a quarterly basis and is fully searchable by gene/protein, phenotype, cell line, authors, and other attributes. Each screen recorded in ORCS is accompanied by structured metadata annotation that captures salient CRISPR experimental details. All data in ORCS can be downloaded in standard formats.
Learn more
BioGRID Themed Curation Projects
BioGRID themed curation projects focus on specific biological processes with disease relevance. Core genes/proteins central to the process are assembled with expert input and relevant publications curated for biological interactions. Themed curation projects are updated monthly and additional projects are generated on a regular basis.
See current projects on Autism spectrum disorder, Alzheimer's Disease, COVID-19 Coronavirus, Fanconi Anemia, Glioblastoma, the Yeast Kinome, the Ubiquitin-Proteasome System and Autophagy. If you would like to suggest or participate in a new themed project, please contact support@thebiogrid.org
Partners
NIH
ORIP
OFFICE OF RESEARCH INFRASTRUCTURE PROGRAMS
CIHR IRSC
SickKids
THE HOSPITAL FOR SICK CHILDREN
PRINCETON
インスリンは血糖調節に関わるホルモンであり、特定のインスリン受容体に結合する。その相互作用は特化しており、多数のタンパク質と結合するわけではない。

BioGRIDの利用

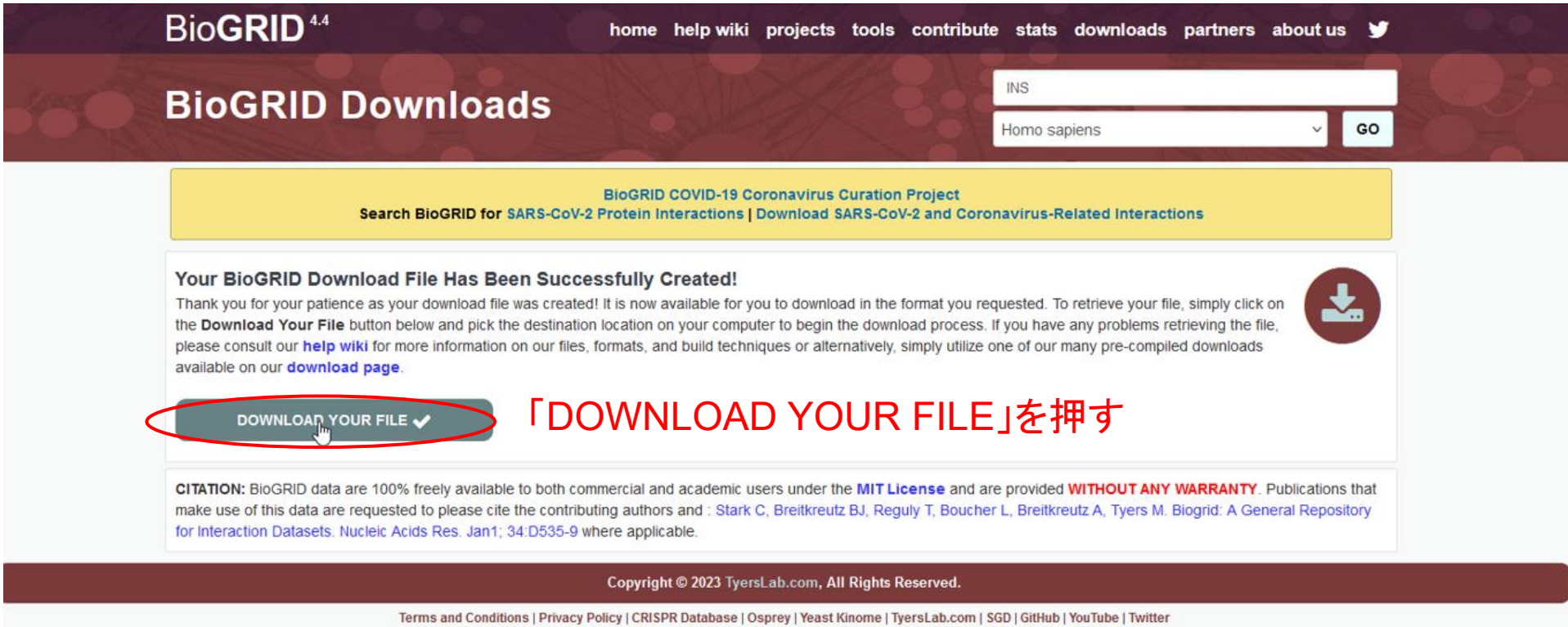


「Download Curated Data for this protein」を押す

BioGRIDの利用


BioGRID 4.4
home help wiki projects tools contribute stats downloads partners about us
BioGRID Downloads
INS
Homo sapiens
GO
BioGRID COVID-19 Coronavirus Curation Project
Search BioGRID for SARS-CoV-2 Protein Interactions | Download SARS-CoV-2 and Coronavirus-Related Interactions
Download Data for INS
You've chosen to download a BioGRID dataset for INS. To create your dataset, choose your output format below and click Download. If you're unsure which interaction download format to choose, you can view our BioGRID Download Format documentation. The BioGRID download tool is a queue-based system, so downloads may take several minutes to complete.
Select interaction download format:
BioGRID TAB 3.0 Format
DOWNLOAD
「DOWNLOAD」を押す
CITATION: BioGRID data are 100% freely available to both commercial and academic users under the MIT License and are provided WITHOUT ANY WARRANTY. Publications that make use of this data are requested to please cite the contributing authors and : Stark C, Breitkreutz BJ, Reguly T, Boucher L, Breitkreutz A, Tyers M. Biogrid: A General Repository for Interaction Datasets. Nucleic Acids Res. Jan1; 34:D535-9 where applicable.
Did you know that the BioGRID also provides large pre-compiled datasets of all of our interaction data in all of the major formats supported by our site? You can download these, and many others via our interaction download page. Be sure to check back regularly as each set is updated every month...
Copyright © 2025 TyersLab.com, All Rights Reserved.
Terms and Conditions | Privacy Policy | CRISPR Database | Osprey | Yeast Kinome | TyersLab.com | SGD | GitHub | YouTube | Twitter

BioGRIDの利用

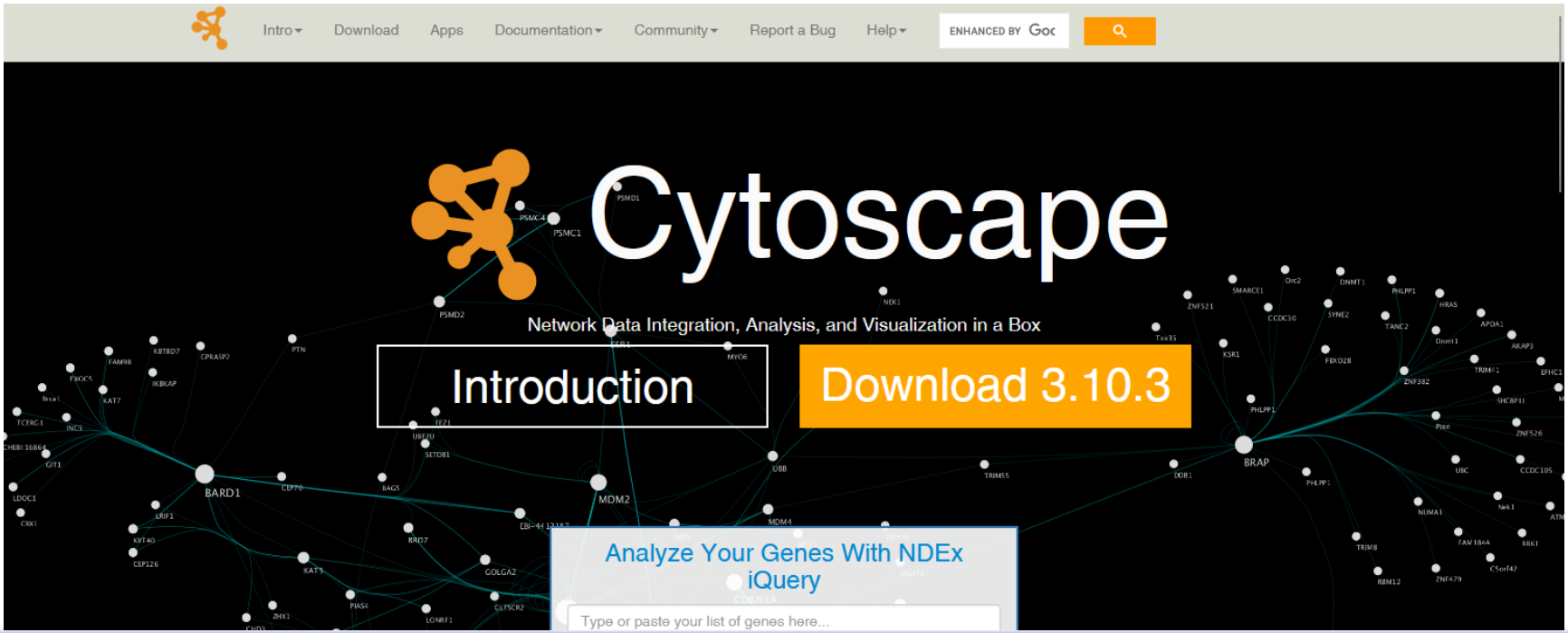


「DOWNLOAD YOUR FILE」を押す

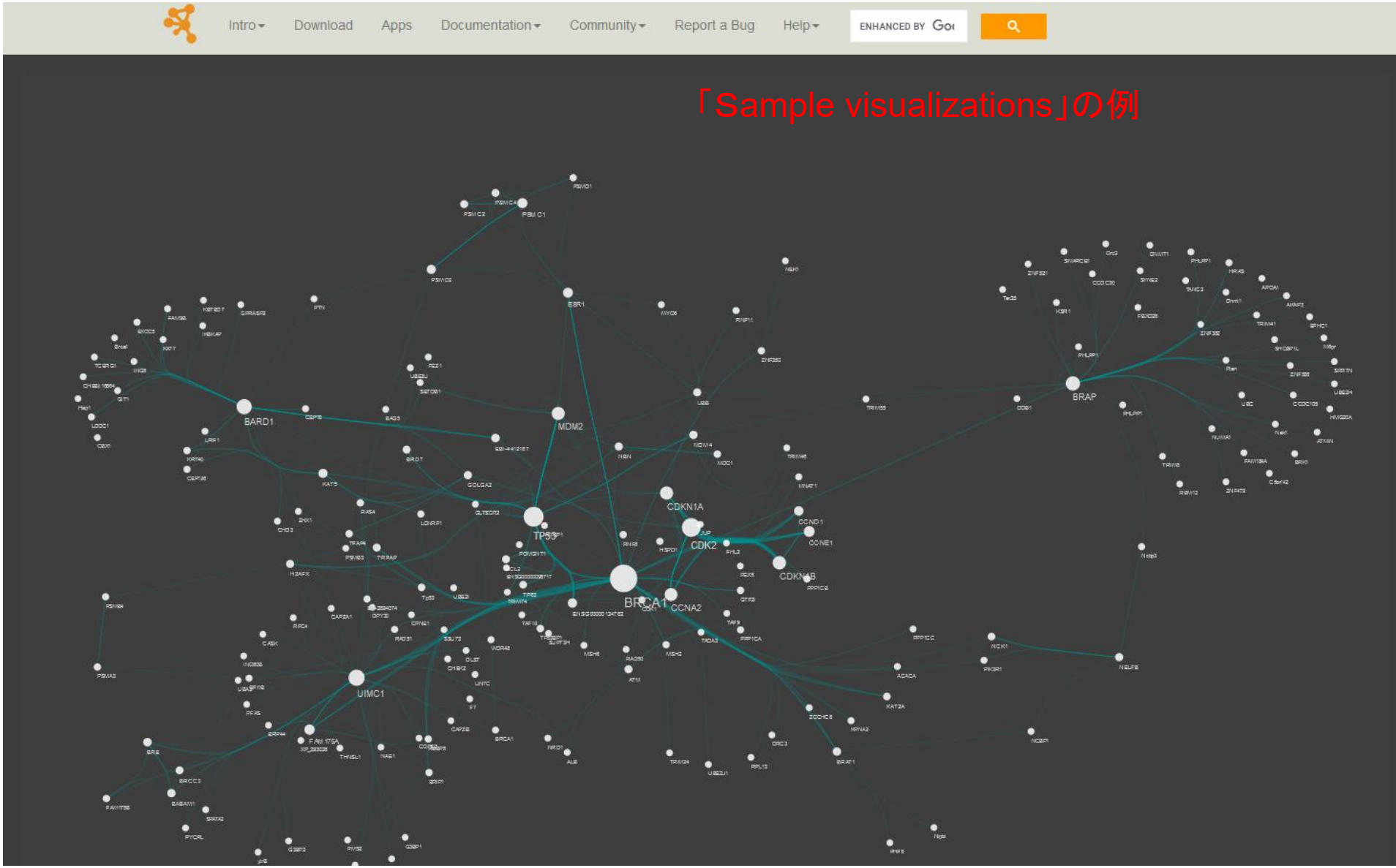
例えば、「BIOGRID-GENE-109842-4.4.241.DOWNLOADS.zip」といった名前の圧縮ファイルがダウンロードされる
これを解凍すると、2つのファイルが得られる
そのうち、「BIOGRID-GENE-109842-4.4.241.tab3.txt」という名前のファイルがINSと相互作用する相手の遺伝子の表になっている

Cytoscape

- Cytoscape
  - 生物学的ネットワークの視覚化、解析のためのオープンソースプラットフォーム
  - タンパク質間の相互作用、遺伝的相互作用、パスウェイなどを直感的にマッピングし表現するのに用いられる
  - ダウンロードして利用する
    - Webでの利用は、遺伝子を入力して、既知のネットワークを検索

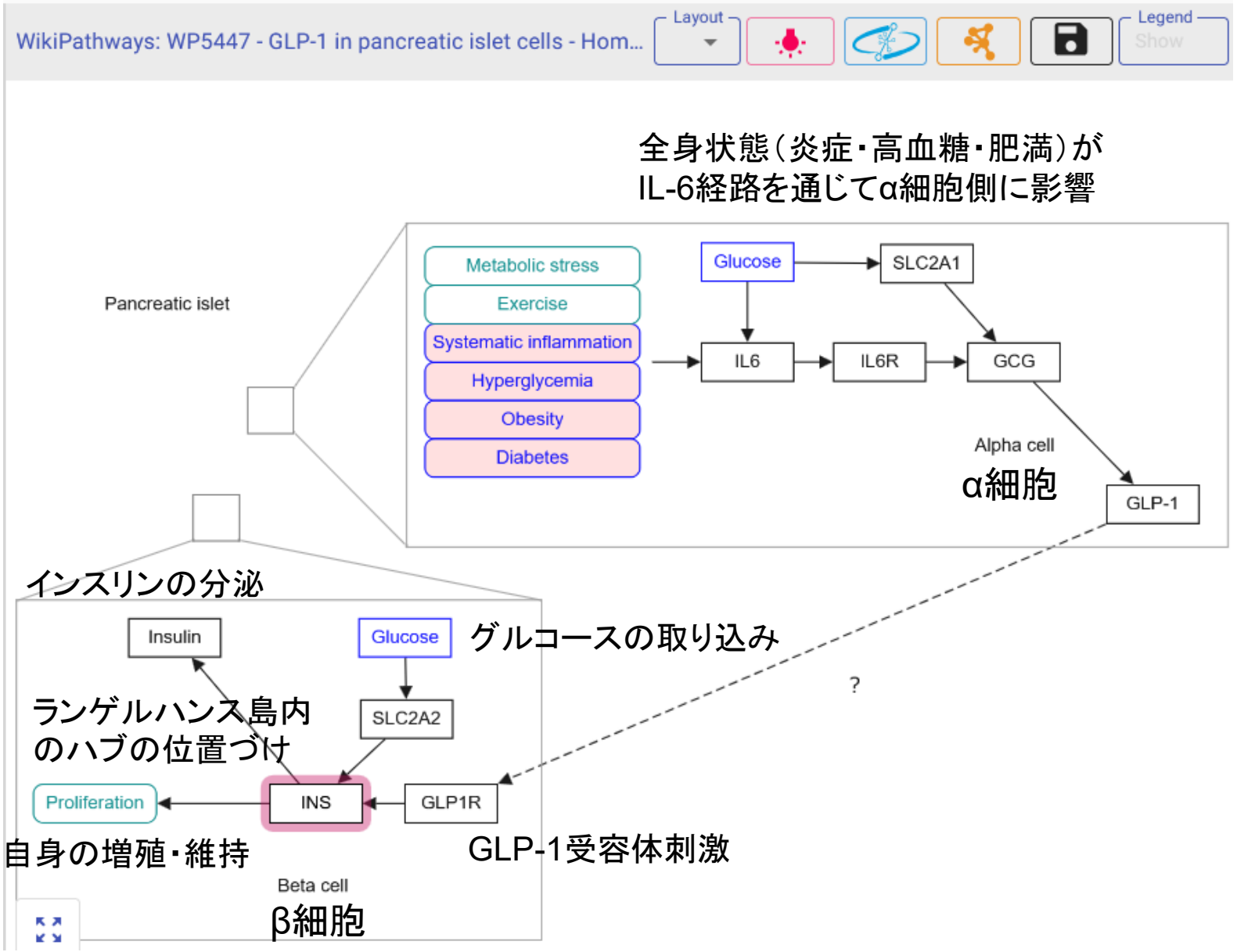


Cytoscape

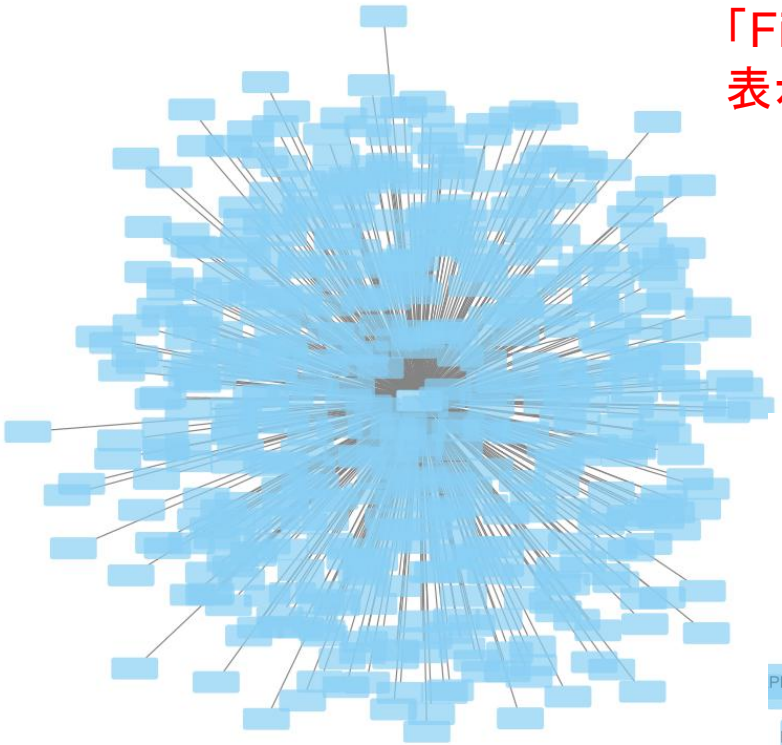

Intro
Download
Apps
Documentation
Community
Report a Bug
Help
「Sample visualizations」の例
BARD1
MDM2
TP53
BRCA1
CDK2
CDKN1A
CCNA2
CCND1
CCNE1
CDKN2B
BRAP
UIMC1

Cytoscapeの利用

Cytoscapeの利用



Cytoscapeの利用

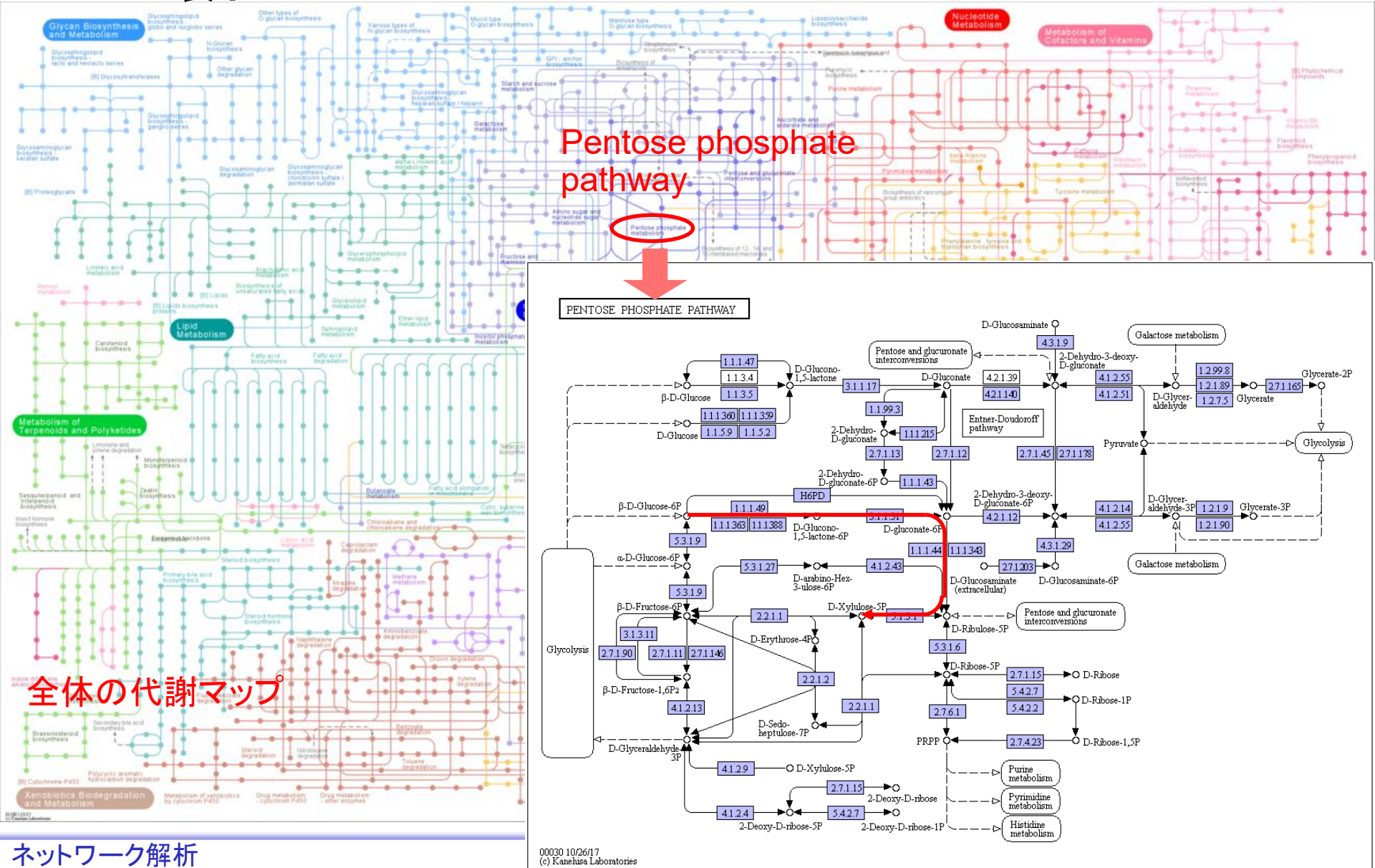


Cytoscapeのダウンロード版に、「BIOGRID-GENE-109842-4.4.228.tab3.txt」を入力して表示したINSとのインタラクションの図
「File」→「import」→「Network from file」を選択
表示するカラムで、ソースとデスティネーションを指定

拡大するとラベルが表示される

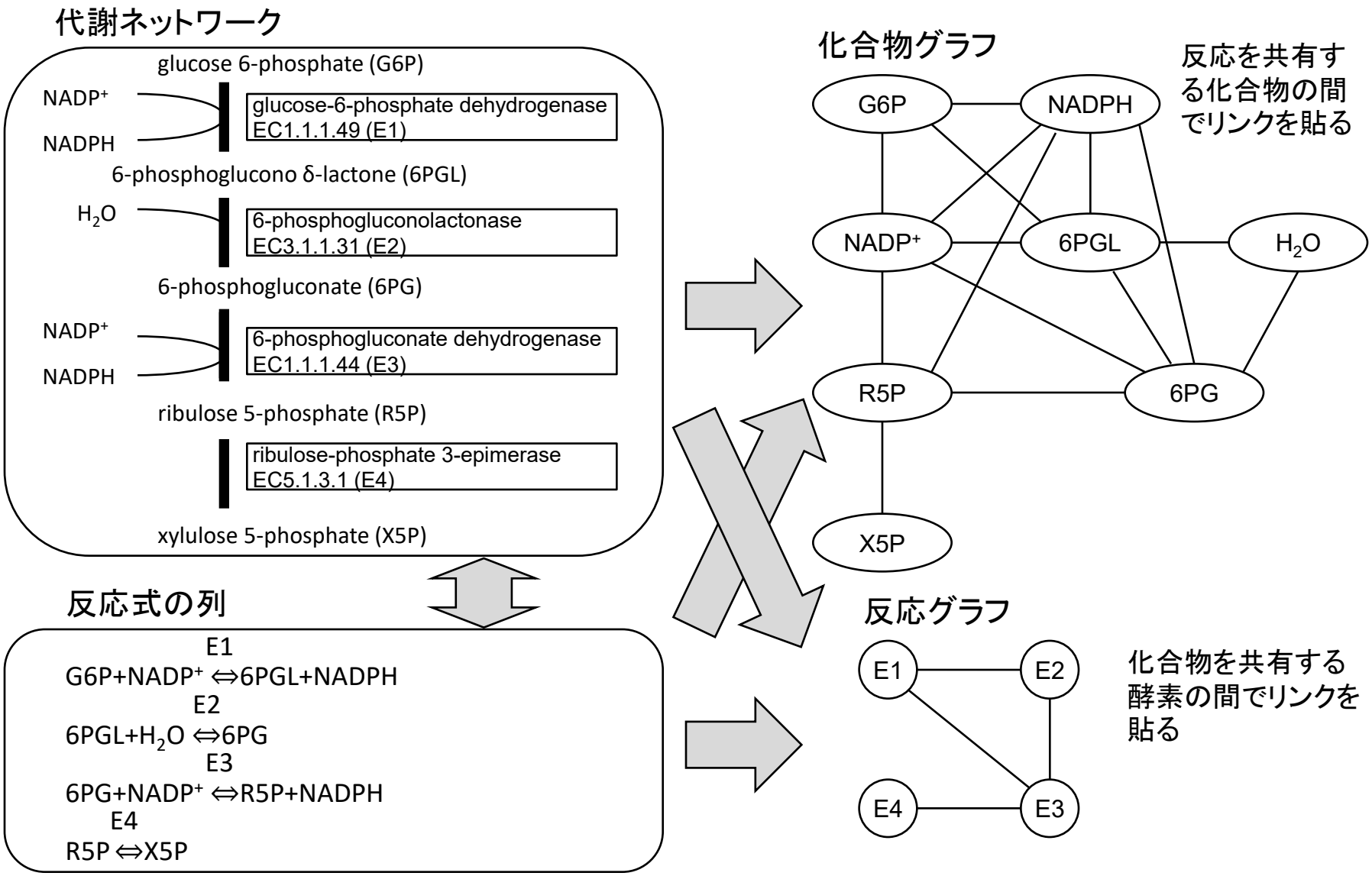
代謝ネットワークの表現の例

KEGGの表示



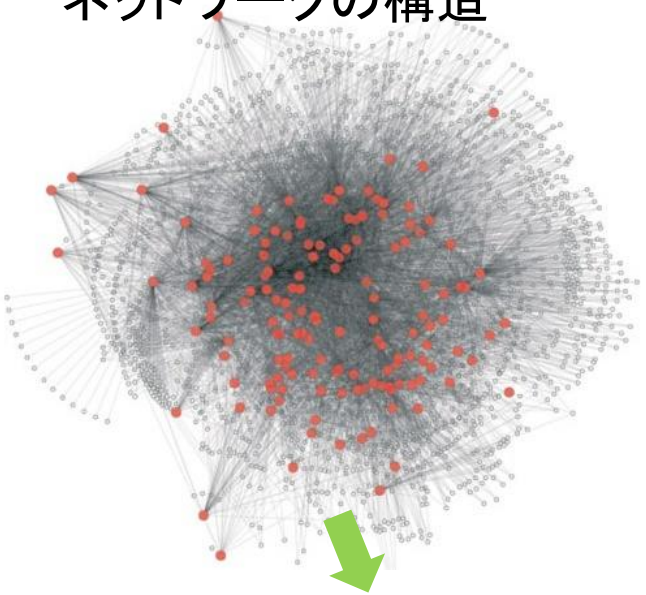
ネットワーク解析

代謝ネットワークの表現の例

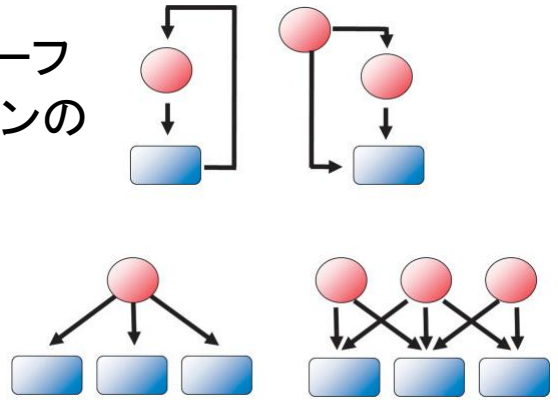


ネットワーク構造の解析の例

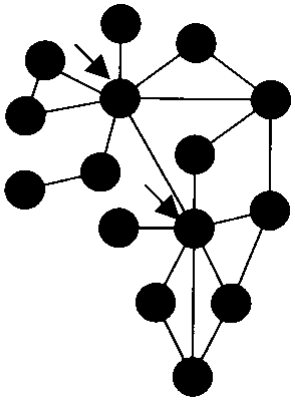
ネットワークの構造



ネットワークモチーフ
（典型的なパターンの
抽出、検索）



ネットワークの特性解析



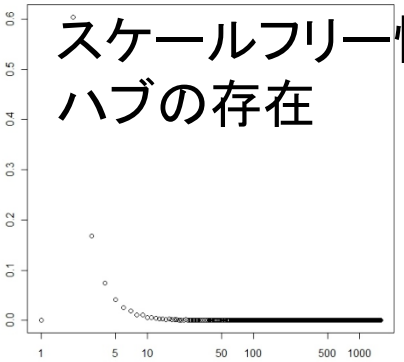
ハブ: 枝の数がとくに多い頂点

スモールワールド性

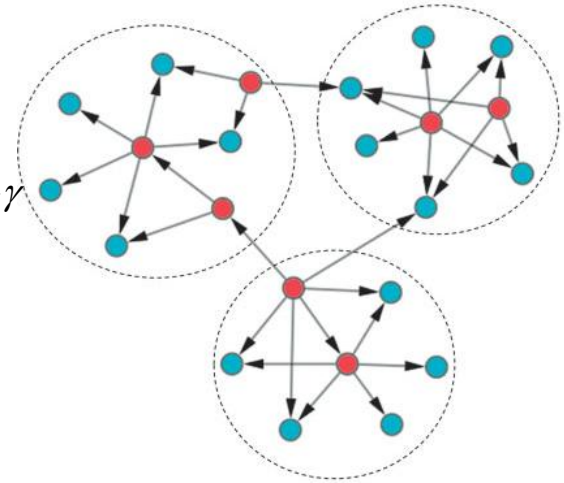
次数kの分布の解析

スケールフリー性 $P(k) = Ck^{-\gamma}$

ハブの存在

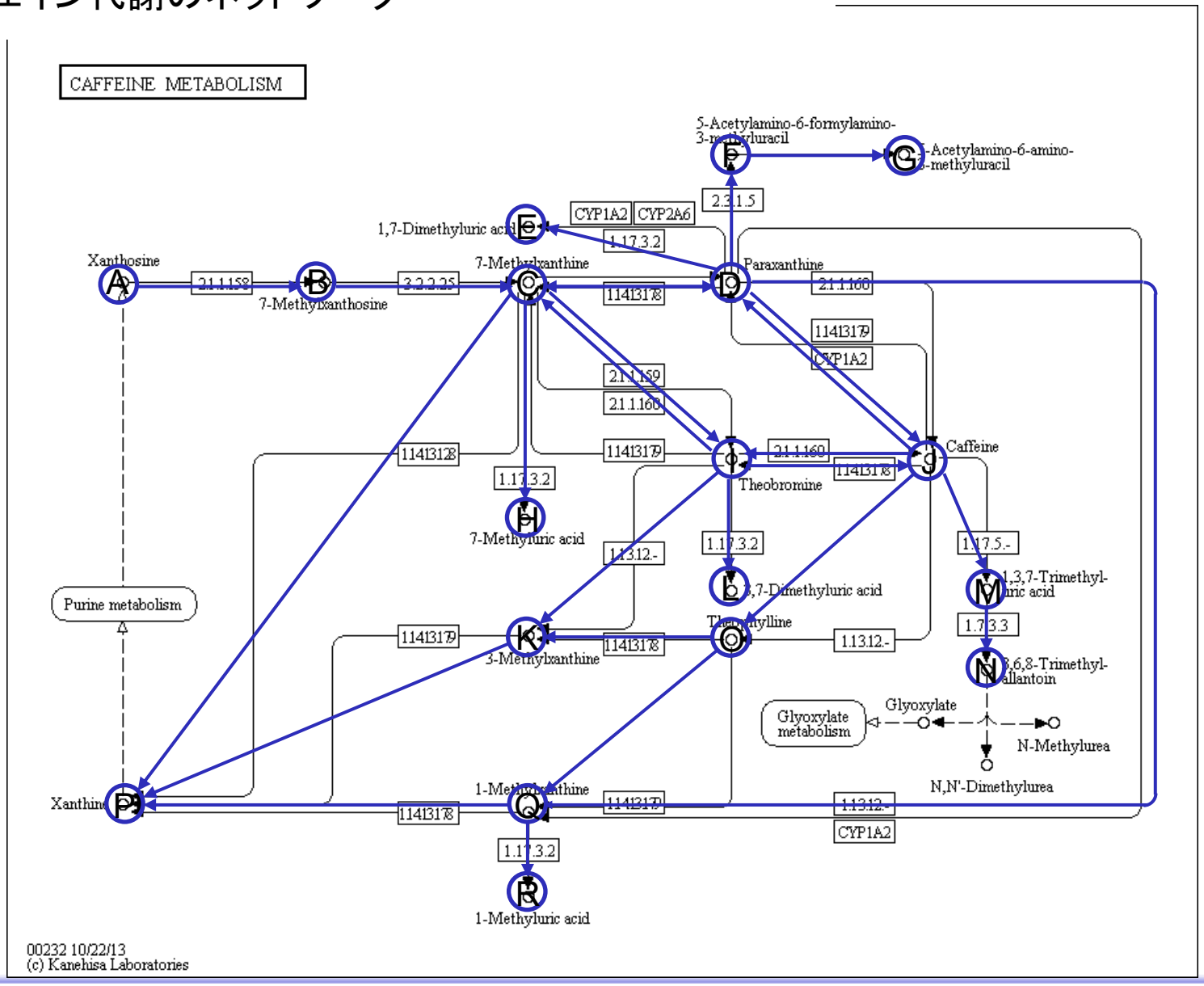


モジュール構造の同定



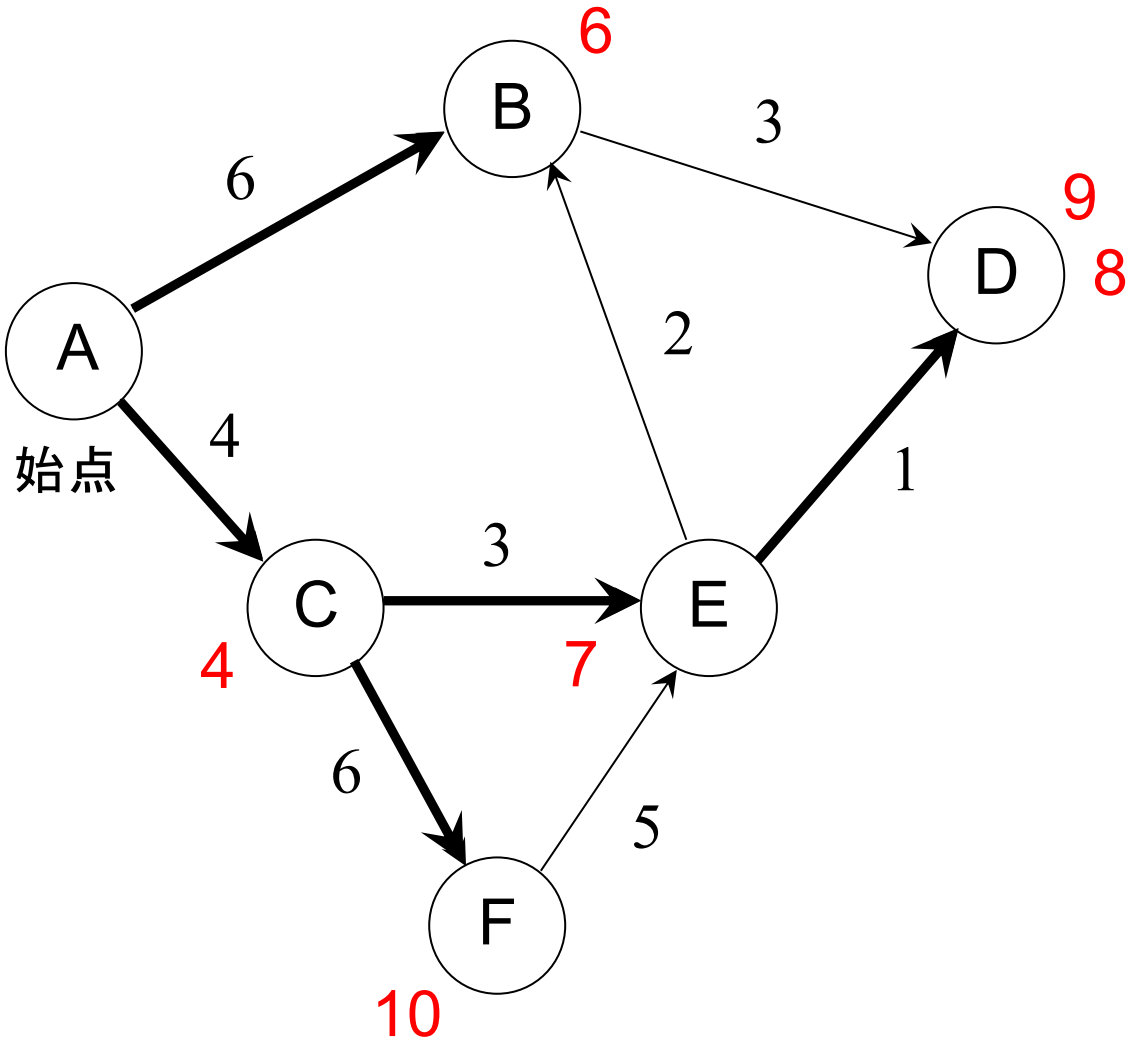
グラフの例

カフェイン代謝のネットワーク



最短経路を求めるアルゴリズム

- 各辺に重み（頂点間の距離）が定義される
- 経路上の重みの和が最小になるのが最短経路
- 始点から各頂点への最短経路を、始点に近いところから１つずつ確定していく

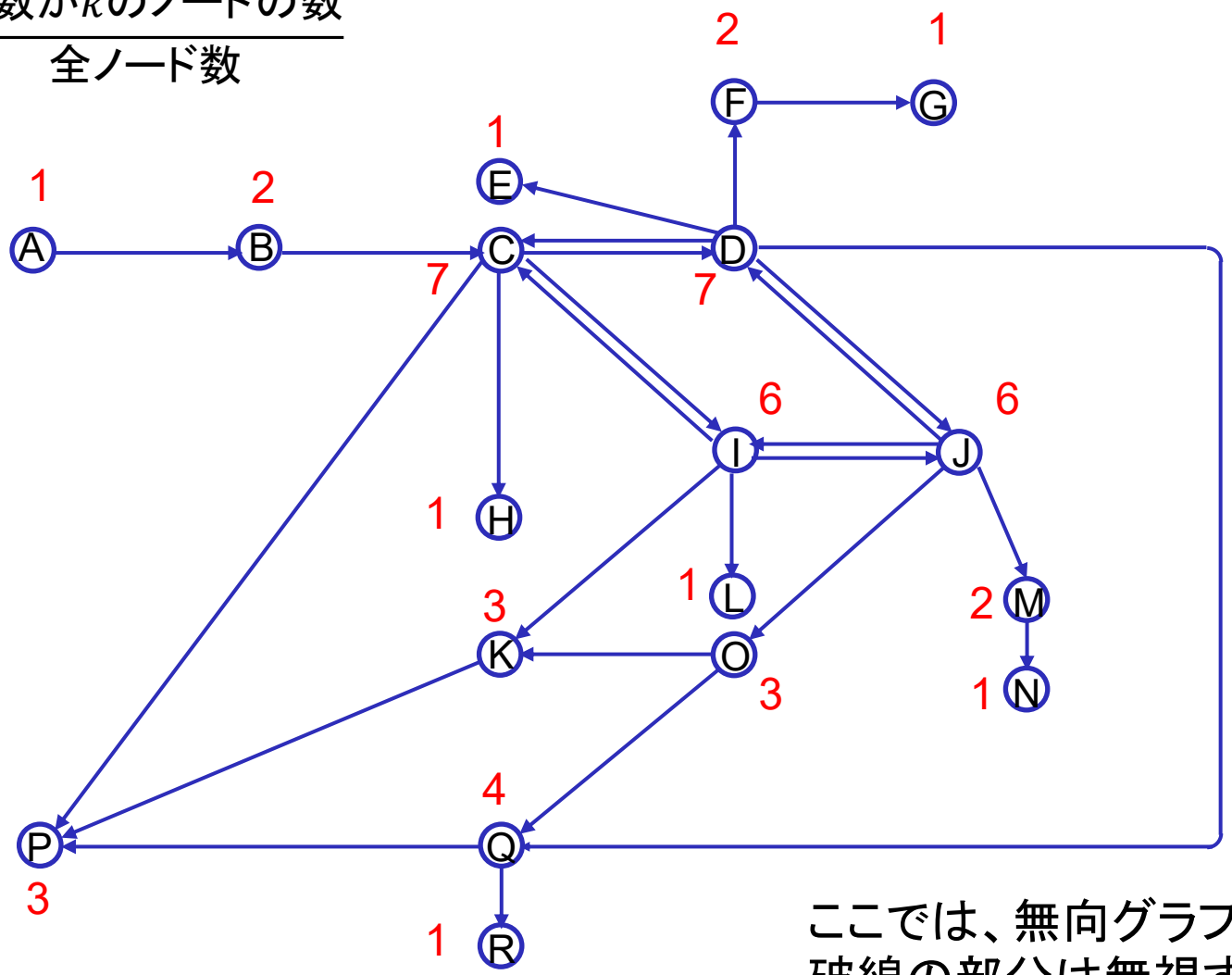


次数分布

$P(k)$: 次数分布（次数 k の頂点がネットワーク内に存在する頻度）

$$P(k) = \frac{\text{次数が}k\text{のノードの数}}{\text{全ノード数}}$$

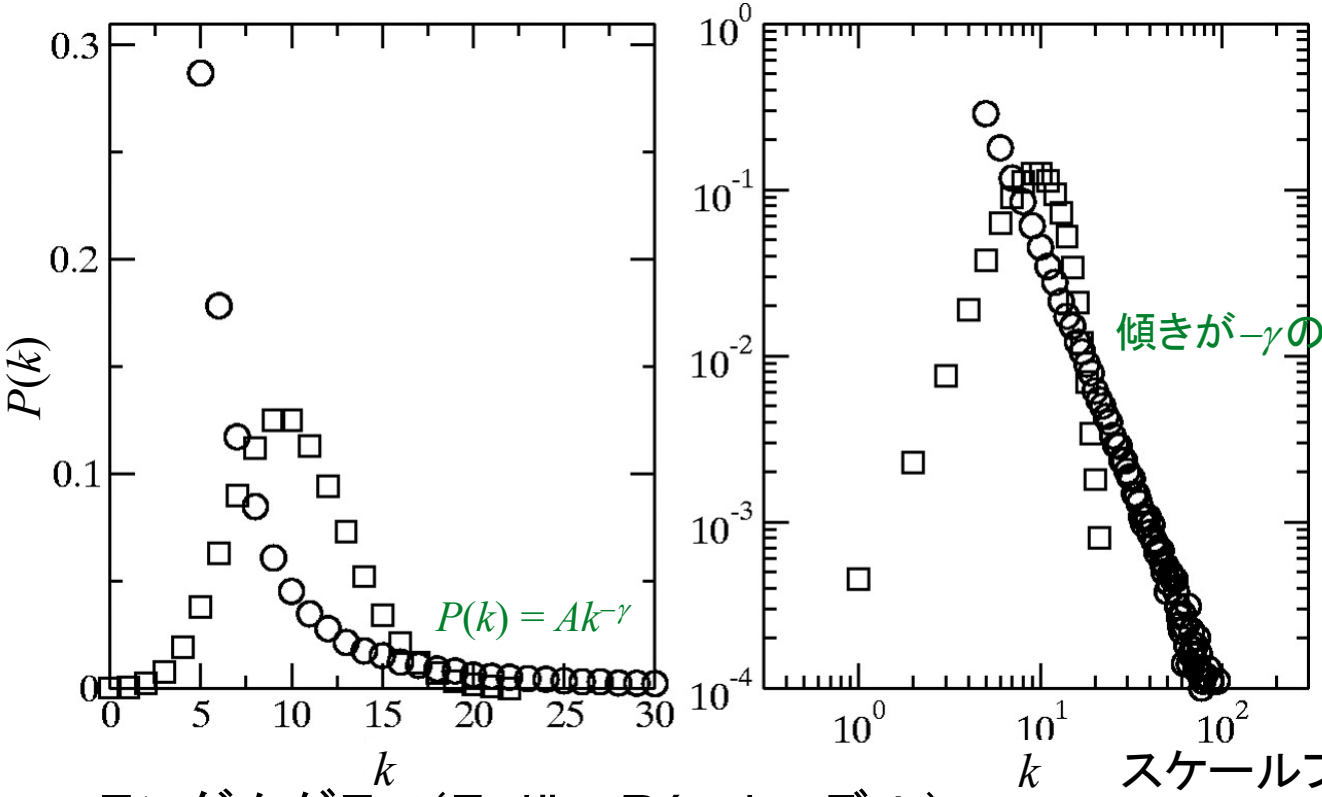
$P(1) = 7/18$
$P(2) = 3/18$
$P(3) = 3/18$
$P(4) = 1/18$
$P(5) = 0/18$
$P(6) = 2/18$
$P(7) = 2/18$

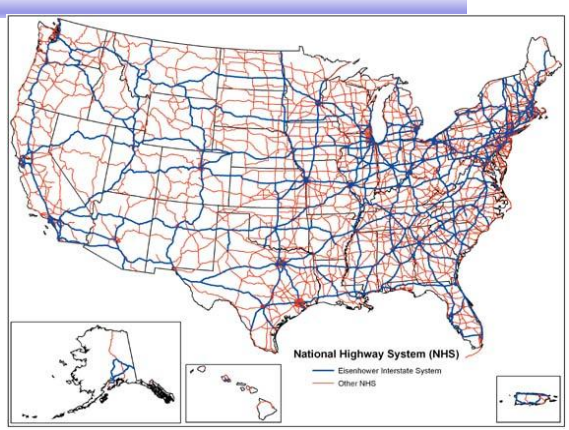


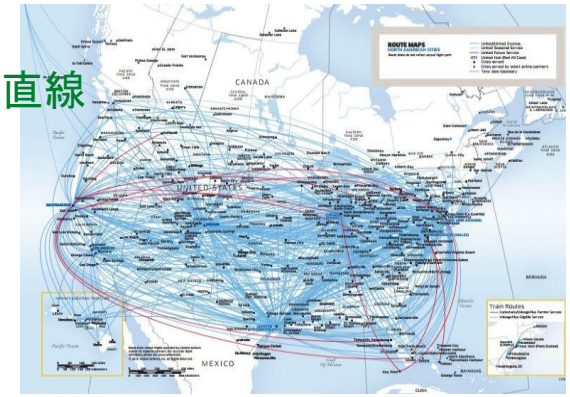
ここでは、無向グラフとして扱い、破線の部分は無視するものとする

ネットワークの特性解析

- スケールフリーネットワーク
  - $P(k)$ がべき乗則に従う: $P(k) \propto k^{-\gamma}$







□ ランダムグラフ(Erdös–Rényi モデル)

○ スケールフリーネットワーク

n個の頂点だけからなるグラフで、各頂点の対に対して、ランダムに確率pで辺を引いてできるグラフ

次数が小さい場合、次数分布はポアソン分布に従う $P(k) = \frac{\mu^k e^{-k}}{k!}$

スケールフリーネットワークの方が、ランダムグラフに比べ、次数の増加に対してなだらかに減少 → 次数の大きな頂点(ハブ)がある程度存在

ネットワークの特性解析

- 頂点間の経路
  - 2つの頂点をつなぐ辺（枝）の列
- 経路の長さ
  - 経路中の辺の個数
  - 1つの辺を通ることを1ステップとするとき、何ステップで到達できるかを示す
- 頂点間距離
  - 最短の経路の長さ（経路中の辺の数の最小値）
  - 有向グラフ、無向グラフに対して定義できる
    - 有向グラフの場合は、辺の方向でつながりが決まる
- 頂点数n のネットワークの平均頂点間距離L

  L = 2点間距離の$n(n-1)/2$ペア全体の平均
  - ネットワーク直径（network diameter）と呼ぶこともある

ネットワークの特性解析

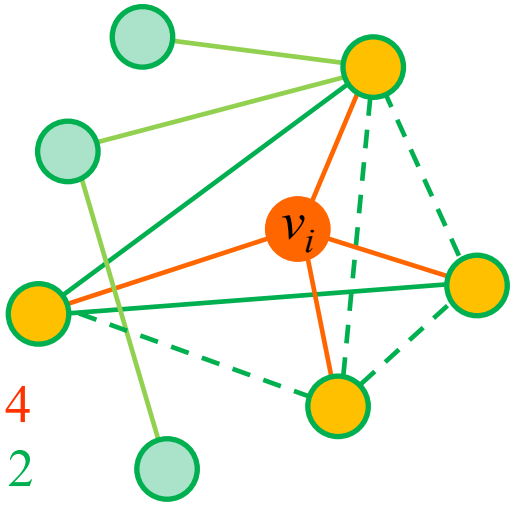
- クラスター係数
  - ある頂点に接続されている頂点のすべての組み合わせのうち、実際に辺（枝）で接続されている割合
  - 頂点v_iの次数をk_iとするとき、その頂点v_iに接続されている頂点のすべての組み合わせの数は

    $k_i(k_i-1)/2$
  - 実際に辺で接続されている個数をn_iとすると、n_iはv_iを含む三角形の数となり、クラスター係数C_iは、

    $$C_i = \frac{n_i}{k_i(k_i-1)/2}$$
  - 頂点がかたまっている度合いを表す
    - 頂点の周りのモジュール性
- ネットワーク全体のクラスター係数

$$C = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} C_i$$

  - nはネットワークの頂点の数
  - すべてのノードのクラスター係数の平均

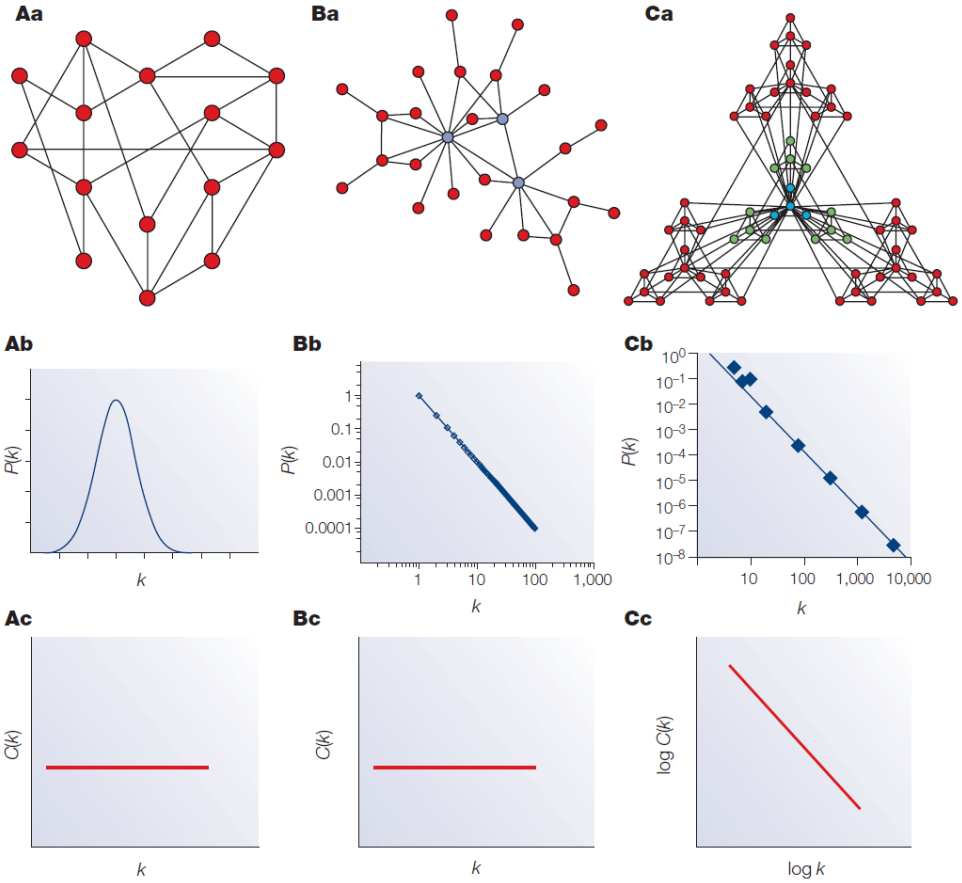


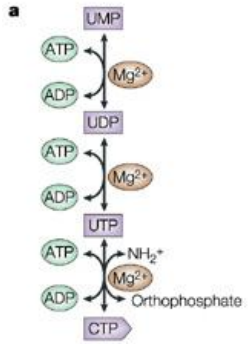
スモールワールド性

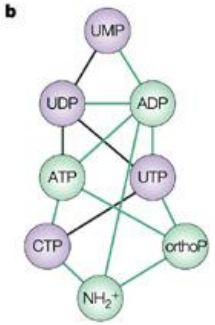
- スモールワールドネットワーク: 平均頂点間距離Lが小さく（$O(\log n)$以下）、かつクラスター係数Cの平均値が大きいグラフ
  - 次数の分布は比較的均等
- 単純な格子からなる（クラスターのある）構造に、ランダムな辺を少数導入することで平均頂点間距離が小さくなる
  - D. J. Watts and S. H. Strogatz: “Collective dynamics of 'small-world' networks”, Nature, 393, 440-442 (1998).

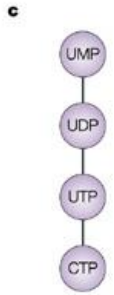
代謝ネットワークの例

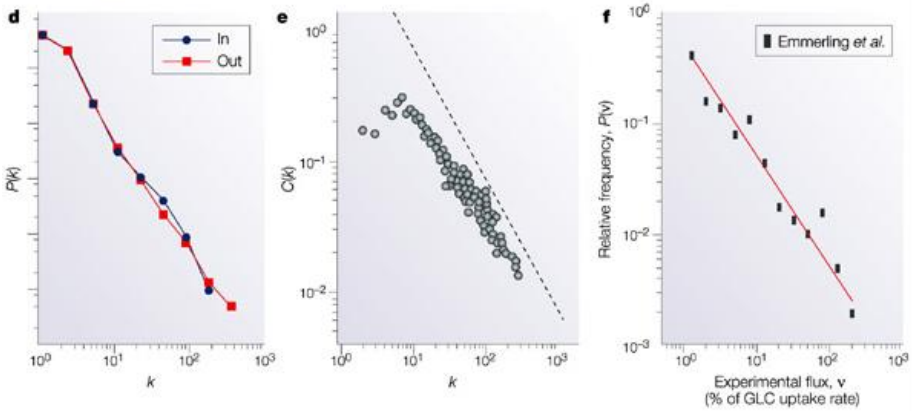
参考











現実の代謝ネットワークでは生化学的にまとまった機能的モジュールが存在
実際の代謝ネットワークの形状はCの階層的ネットワークに近い

Mg^{2+}に関係する酵素によって触媒される反応
通常のグラフ表現

すべての代謝物を頂点にしたグラフ

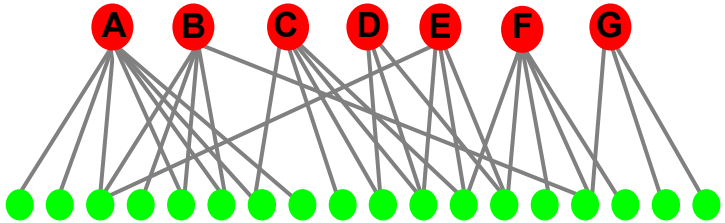
主要な生成物（ATP などの共通因子を無視）を頂点にしたグラフ

E. Ravasz, et al. Network biology: understanding the cell's functional organization., Naure Review Genetics, 5, 101-13. (2004).

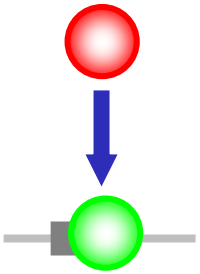
酵母の転写制御ネットワーク

参考

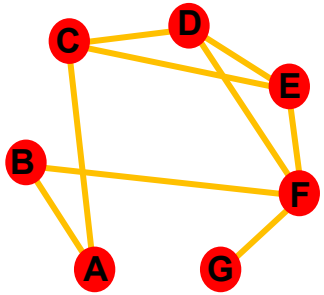
Transcriptional regulatory network

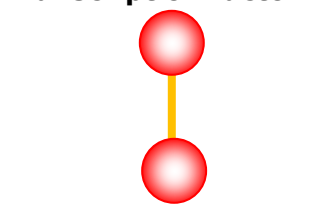


酵母の転写制御因子とそれらのターゲットの遺伝子の関係からなるネットワーク

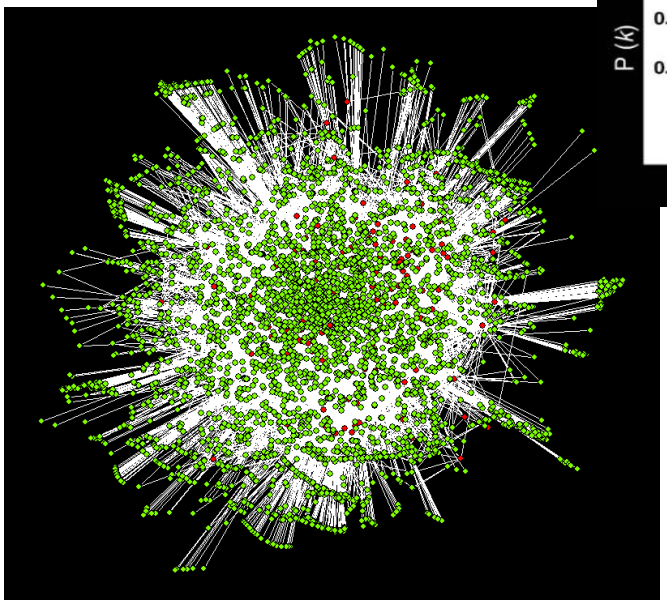


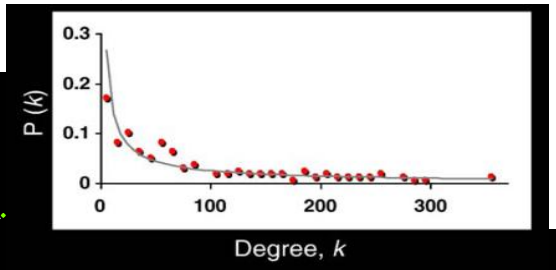
Co-regulation network

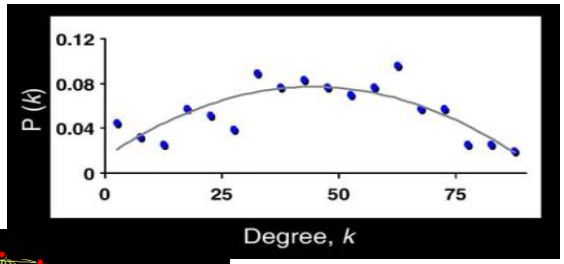


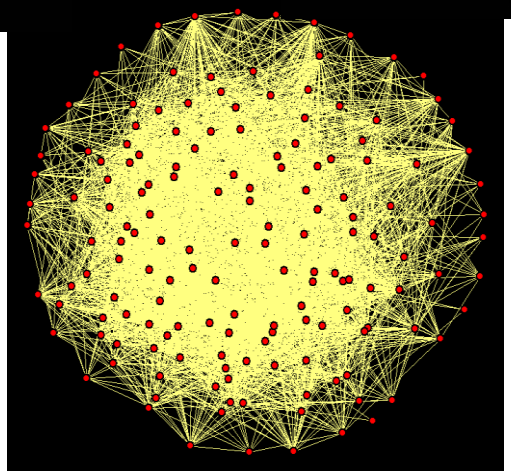


共発現の関係を示すネットワーク









Transcription factors (157)
Target genes (4410)
Regulatory interactions (12,873)

On average 82 targets

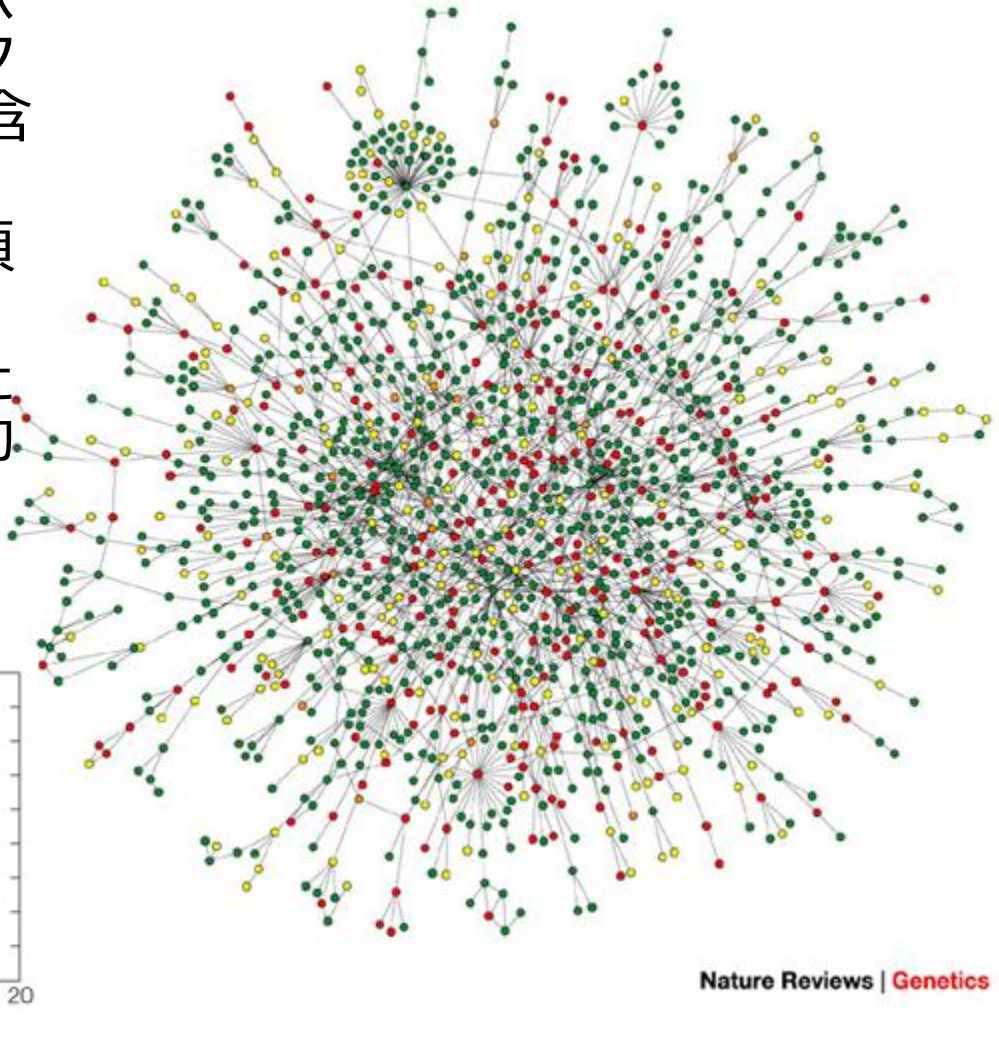
Transcription factors (157)
Co-regulatory association (3,459)

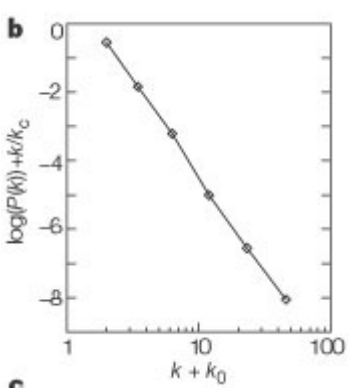
On average 44 co-regulatory partners

タンパク質間相互作用ネットワークの例

参考

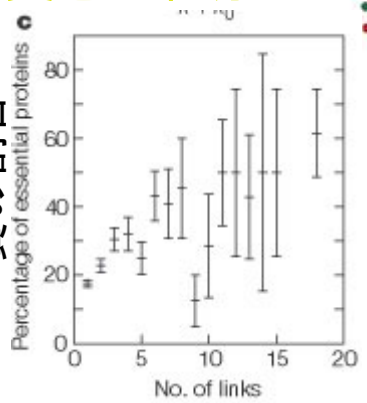
- Y2Hによる出芽酵母のタンパク質間相互作用ネットワーク（全タンパク質の約78%を含む最大のクラスター）
- 多数の頂点に結合している頂点（ハブ）が少数存在
- 対応するタンパク質を除いたときの表現型として表れる効果
  - 赤色: 致死、橙色: 低成長、緑色: 非致死、黄色: 不明





次数分布

削除すると致死のタンパク質の割合

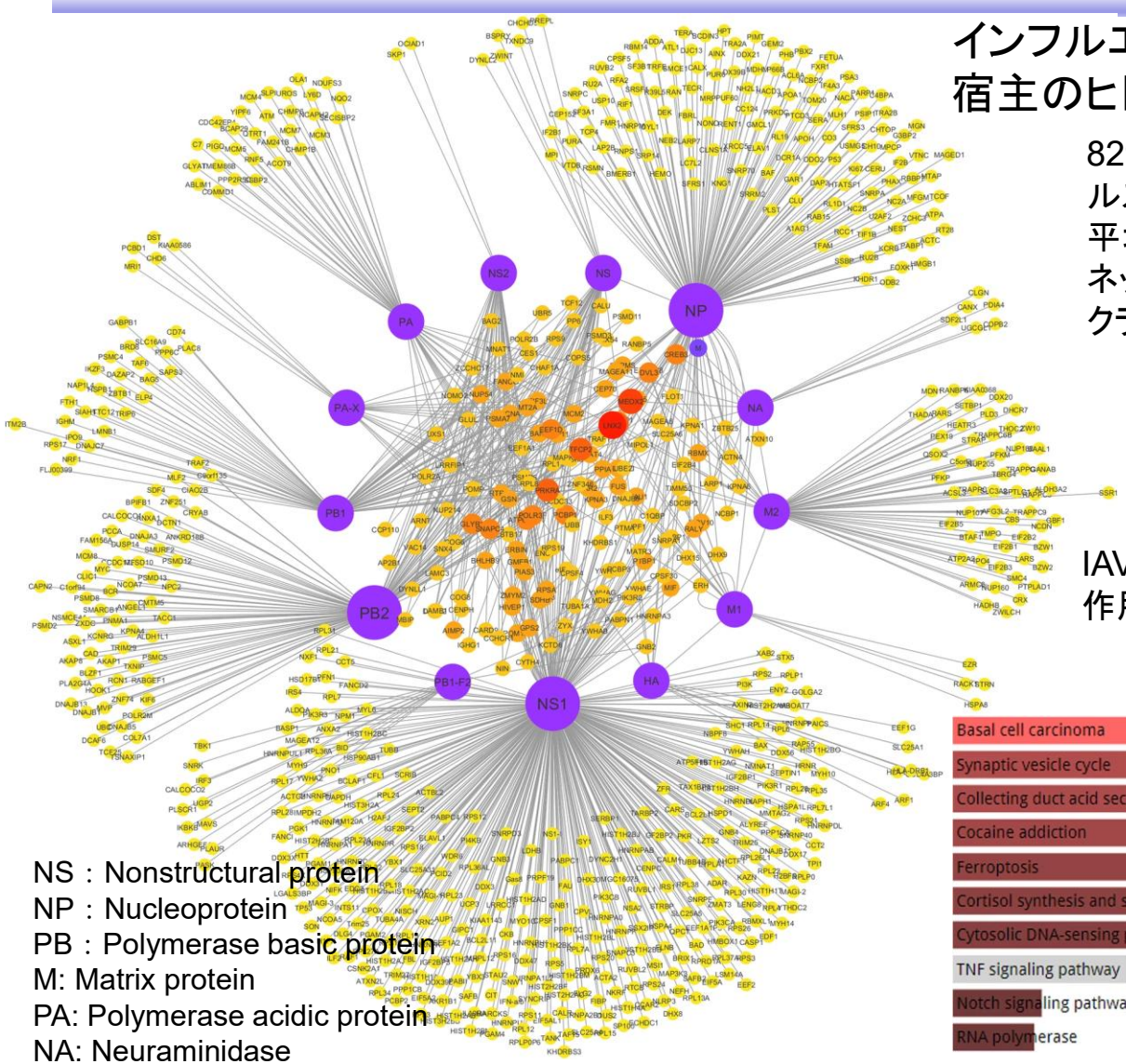


各タンパク質のリンク数

H. Jeong, et al. Lethality and centrality in protein networks, Nature, 411, 41-2 (2001).

タンパク質間相互作用ネットワークの例

参考

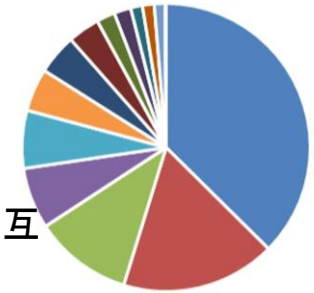


NS：Nonstructural protein
NP：Nucleoprotein
PB：Polymerase basic protein
M: Matrix protein
PA: Polymerase acidic protein
NA: Neuraminidase
HA：Hemagglutinin

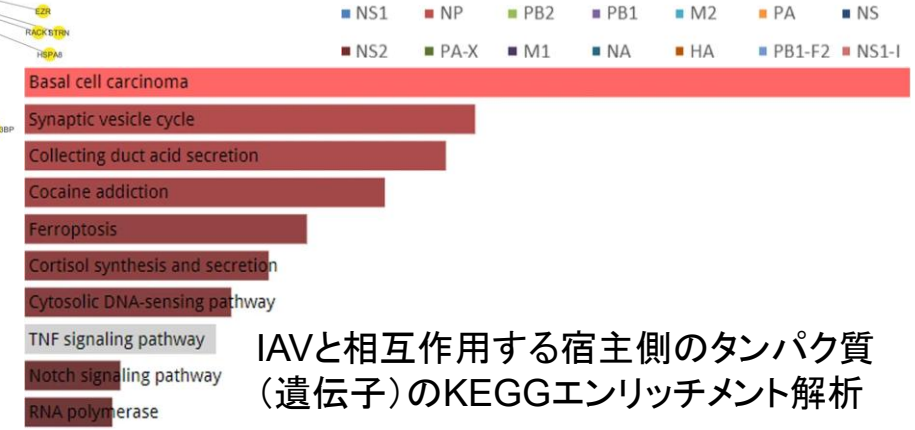
Cytoscapeによる

インフルエンザAウイルス（IAV）と宿主のヒトのタンパク質間相互作用

829個のノード（タンパク質）のうち14個がウイルスタンパク質、815個がヒトタンパク質
平均次数 2.4 → 相互作用は比較的疎
ネットワーク直径 6
クラスタ係数 0.001



IAVタンパク質の相互作用数の内訳



IAVと相互作用する宿主側のタンパク質（遺伝子）のKEGGエンリッチメント解析

A systems biology-driven approach to construct a comprehensive protein interaction network of influenza A virus with its host, BMC Infectious Diseases 20: 480 (2020).