

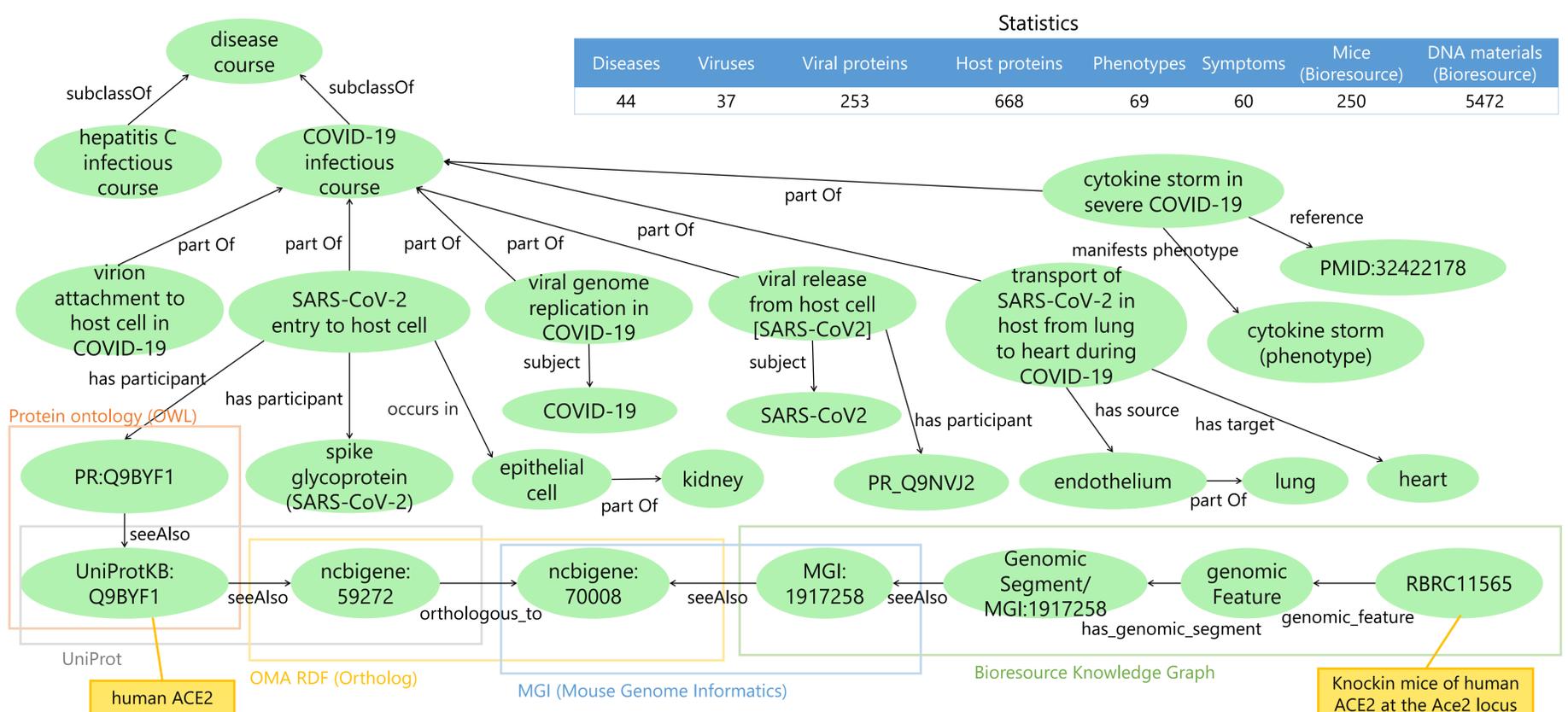
ヒトウイルス疾患における感染サイクルの知識グラフ作成

櫛田達矢（理研BRC）、臼田大輝（理研BRC）、高田豊行（理研BRC）、山縣友紀（理研R-IH）、梶屋啓志（理研BRC）

新型コロナウイルス感染症やC型肝炎を含む44種類のヒトウイルス性疾患の感染サイクル（ウイルス吸着、侵入、複製、放出）、関係する生物学的プロセスおよび機能障害について、関連するウイルス分子、宿主分子、解剖学的部位およびオルガネラの情報を、文献やデータベースからマニュアルキュレーションによって収集し、ウイルス疾患の知識グラフを作成した。この知識グラフには、C型肝炎ウイルスの吸着に参与するヒトタンパク質9種類（例、hLDLR、hOCLN）、侵入に参与するヒトタンパク質15種（例、hEPhA2、hAAK1/[h1/h2]）、放出に参与するヒトタンパク質2種（例、hPPID、hMETTL7A）などの情報が含まれている。この知識グラフを、理研BRCがホストするトリプルストアに格納し、既存のバイオリソースの知識グラフと統合することで、ウイルス研究におけるバイオリソース候補の探索が可能になる。例えば、hEphA2はC型肝炎ウイルス侵入の宿主因子で、膜融合を促進し、抗ウイルス療法の標的となりうることが知られており、このhEPhA2遺伝子欠損マウスRBRC04926およびRBRC05141は、C型肝炎の研究への活用が期待される。これらのウイルス性疾患およびバイオリソースの情報は、理研BRCのトップページ（<https://web.brc.riken.jp>）およびSPARQL endpoint（<https://knowledge.brc.riken.jp/sparql>）から検索可能である。

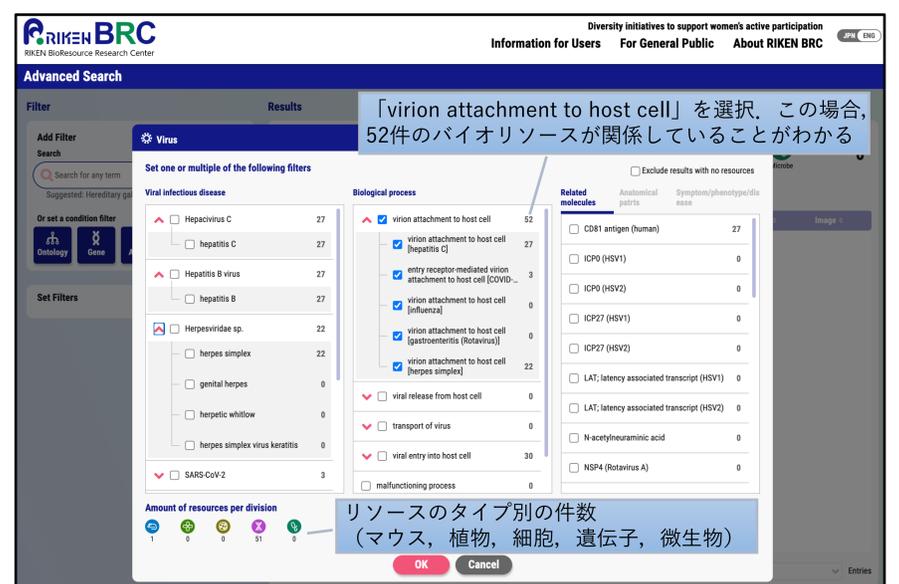
キーワード：ウイルス、知識グラフ、新型コロナウイルス感染症、SARS-CoV-2、C型肝炎、バイオリソース

ウイルス疾患知識グラフとバイオリソース知識グラフの統合例



バイオリソース Advanced Search (β版)

- ・ **カテゴリ別の検索**が可能。現在、遺伝子、文献（PubMed ID）、ウイルス（ウイルス名、ウイルス感染症名、生物学的プロセス、関連分子、解剖学的部位、症例）のカテゴリに対応。
- ・ **オントロジーの階層構造**（例、疾患、微生物生息環境）を確認しながらオントロジー用語を選択し、関連するバイオリソースの検索が可能。
- ・ **ウイルス検索**では、ウイルス、ウイルス感染症、生物学的プロセス（Gene Ontology）、（ウイルス、宿主）関連分子、解剖学的部位、症状、表現型の日英の名称、IDを用いた検索が可能。
- ・ 検索の過程で、**検索対象の絞り込み、拡張**をしながらヒットしたバイオリソースの件数を確認し、検索を進めることができる。
- ・ 複数の検索条件を組み合わせた**AND、OR検索**が可能。



<https://web.brc.riken.jp>

