

2024 年度 研究開発実施報告

概要

研究開発課題名	ヒトゲノム・病原体ゲノムと疾患・医薬品をつなぐ統合データベース
開発対象データベースの名称(URL)	KEGG MEDICUS (https://www.kegg.jp/kegg/medicus/)
研究代表者氏名	金久 實 (70183275)
所属・役職	京都大学化学研究所 特任教授 (2025 年 3 月時点)



□目次

概要	1
§1. 研究実施体制	3
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等	4
(1) データベース一覧	4
(2) ツール等一覧	4
§3. 実施内容	5
(1) 本年度に計画されていた研究開発項目・タスク	5
(2) 進捗状況	5
§4. 成果発表等	10
(1) 原著論文発表	10
① 論文数概要	10
② 論文詳細情報	10
(2) その他の著作物(総説、書籍など)	10
(3) 国際学会および国内学会発表	10
① 概要	10
② 招待講演	10
③ 口頭講演	10
④ ポスター発表	10
(4) 知的財産権の出願（国内の出願件数のみ公開）	11
① 出願件数	11
② 一覧	11
(5) 受賞・報道等	11
① 受賞	11
② メディア報道	11
③ その他の成果発表	11
§5. 主要なデータベースの利活用状況	12
1. アクセス数	12
① 実績	12
② 分析	12
2. データベースの利用状況を示すアクセス数以外の指標	12
3. データベースの利活用により得られた研究成果(生命科学研究への波及効果)	12
4. データベースの利活用によりもたらされた産業への波及効果や科学技術のイノベーション(産業や科学技術への波及効果)	13
§6. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)	14
(1) 進捗ミーティング	14
(2) 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等	14

§1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者・ 研究分担者 氏名	所属機関・役職名	研究題目
研究代表者グループ	金久 實	京都大学・特任教授	ヒトゲノム・病原体ゲノムと疾患・医薬品をつなぐ統合データベース

§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

(1) データベース一覧

【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	KEGG MEDICUS		https://www.kegg.jp/kegg/medicus/

【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	Virus-Host DB		https://www.genome.jp/virushostdb/

(2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1	医薬品相互作用チェック		https://www.kegg.jp/medicus-bin/ddi_manager

§3. 実施内容

(1) 本年度に計画されていた研究開発項目・タスク

- (1) ネットワークデータベースの開発
 - ・ 代謝ネットワークデータの集積
 - ・ シグナリングネットワークデータの集積
 - ・ ネットワークに対するゆらぎの情報集積
 - ・ ゆらぎと疾患との関連情報集積
- (1a) ウイルスタンパク質のオーソロググループの開発
 - ・ VOG (ウイルスオーソロググループ) データの隔月更新
 - ・ VOG を生物種に拡張したデータの定期更新 (週 1 回程度)
 - ・ これらのデータを検索ツールとともに公開
- (2) 疾患データベースの開発
 - ・ DISEASE データベースの高品質化
 - ・ ネットワーク情報、パスウェイ情報との統合
 - ・ 医薬品情報との統合
 - ・ 疾患カテゴリ分類の作成
- (3) 医薬品データベースの開発
 - ・ DRUG データベースの品質管理
 - ・ 適応症を通して疾患データベースと統合
 - ・ 標的分子を通してネットワークデータベースと統合
 - ・ DGROUP データベースの品質管理
 - ・ 医薬品添付文書に基づく商品一覧の改善
- (4) 解析ツールの開発
 - ・ VOG 検索・閲覧ツールの改善
 - ・ ゲノム上での VOG の並びを比較するアルゴリズム開発
 - ・ ウイルス間、ウイルス・宿主間で類似の並び検出ツール開発

(2) 進捗状況

本研究開発では、ヒトゲノムおよびウイルスその他の病原体ゲノムの情報を社会で活用するための基盤データベースとして、ネットワーク情報、疾患情報、医薬品情報を統合した KEGG MEDICUS の機能拡張と高品質化を行っている。とくにネットワークデータベースを中心とした開発により、疾患と分子間相互作用・反応ネットワークのゆらぎとの関連づけを行うことで、KEGG MEDICUS を医薬品情報だけでなく疾患情報としても国際的に最高品質のデータベースとすることを目指している。研究開発項目としては、「ネットワークデータベース」、「疾患データベース」、「医薬品データベース」、「解析ツール」の 4 つを設定し、ネットワークデータベースの中でもとくに「ウイルスタンパク質のオーソロググループ」を主要なサブ項目としている。当初計画の通り、このサブ項目の開発は 3 年間で終了した。

(1) ネットワークデータベース

今年度の進捗状況の全体像は、表 1 に示した KEGG MEDICUS データ数の推移で 2024/4/1 から

2025/4/1 の部分に反映している。

表 1. KEGG MEDICUS (<https://www.kegg.jp/kegg/medicus>) データ数の推移

	2022/4/1	2023/4/1	2024/4/1	2025/4/1
KEGG NETWORK (N)	1,408	1,349+702	1,396+1,099	1,448+1,275
(nt)	133	151	140	145
KEGG VARIANT	456	928	1,328	1,535
KEGG DISEASE	2,551	2,627	2,701	2,894
(nt linked)	175 (7%)	417 (16%)	739 (27%)	858 (30%)
KEGG DRUG	11,873	12,101	12,368	12,624
KEGG DGROUP	2,384	2,426	2,462	2,498

(N) – Network element

(nt) – Network variation map

KEGG では疾患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おり、これを実現したのが **NETWORK** データベースである。シグナル伝達や代謝をはじめとした様々な分子間相互作用・反応ネットワークを構成する一次元的な分子のつながりをネットワーク要素(N 番号エン트리)として定義し、レファレンスとなる通常のネットワーク要素に対してヒト遺伝子バリエーション、ウイルスその他の病原体、環境因子などによるゆらいだネットワーク要素をアライメント表示したのがネットワークバリエーションマップ(nt 番号エン트리)である。ネットワークバリエーションマップではゆらいだネットワークと疾患との関連が示され、さらには医薬品との関連も標的分子とともに示すことができるようになっている。またレファレンスとなる通常のネットワーク要素は KEGG パスウェイマップ上でハイライト表示できるようになっている。

今年度の実施計画書に記載した内容として、まずネットワークバリエーションマップに含まれる疾患の割合は疾患エン트리全体の 1/3 程度になる見込みとしたが、2024 年 3 月末時点では 30%、4 月初めに公開したものを含めると 31%であり、ほぼこの目標を達成した。またこれまで医薬品とターゲットの関係はネットワーク要素の 1 つのタイプとして N 番号を定義していたが、計画書に記載した通りこれを不要にし **DRUG** データベースの D 番号エントリで定義したターゲットを直接表示できるようした。また医薬品と遺伝子の関連については、通常遺伝子(産物)と遺伝子バリエーションに加えて、翻訳後修飾とくにペプチド鎖が切断された活性ペプチドもターゲットとして定義できるようにした。これらには従来から **Bioactive peptides** として **COMPOUND** データベースの C 番号がつけられており、例えばセリンプロテアーゼのカスケードである血液凝固系や補体系で切断・活性化された酵素が医薬品のターゲットとして適切に表現できるようになった。

ネットワークデータベースとして最初に開発したがんのシグナル伝達などでは、バリエーションネットワークでもレファレンスと同様に下流まで含めて記載していた。実質的にはレファレンスと同じものの繰り返し表示であるため、単純化のために現在のネットワークバリエーションマップではほとんどの場合ヒト遺伝子バリエーションのみを表示している。表 1 の N 番号エントリで+をつけた数がこれに対応している。機能的にはレファレンスに記載された下流へのシグナリングや代謝反応がなくなる場合が多いが、逆に増加する場合は **Gain of function** として右上方向の矢印をつけている。これに加えて中間評価で指摘いただいたことに対応するため、矢印表記だけでなくバリエーションエントリに新たなフィールド **Type** を追加して、**Loss of function** と **Gain of function** を明記する形へと変更を行った。

(1a) ウイルスタンパク質のオーソロググループ

ウイルスタンパク質の **VOG (Virus Ortholog Group)** は計算手法で作成したオーソロググループである。もともとは手作業で作成している **KO (KEGG Orthology)** を補完する目的で始めたものであるが、ゲノム上で保存された遺伝子の並び(遺伝子クラスターと呼んでいる)を解析することに用いて、**VOG** の利用価値が大幅に高まった。これについては解析ツールの報告で詳細を述べる。

当初計画ではウイルスタンパク質のオーソロググループ開発は 3 年間で行う予定であったが、実際には 2 年間で完了したため、今年度は維持・更新体制の確認を行った。ただ元データである NCBI RefSeq の 2 ヶ月ごとの定期更新から作成しているウイルスデータが 1 年間ほとんどかわっておらず、表 2 に示した VOG のデータ数も昨年度に報告したものとほぼ同じである。

表 2. RefSeq Release 229 から生成した VOG (Virus ortholog group)

配列類似度の閾値	30%	50%	70%
グループの数	50,667	76,299	87,373
グループに含まれるタンパク質数	605,412	550,952	494,621
ウイルスタンパク質の総数	676,333		

(2) 疾患データベース

疾患データベースはヒト疾患遺伝子、感染症の場合は病原体ゲノムを中心に、関連するパスウェイやネットワーク、さらには適応が認められた治療薬などをリスト化した疾患エントリの集合として作成している。また全体的には ICD-11 などの疾患分類との対応、疾患のカテゴリ、疾患名のサブクラスやスーパークラスといった情報も付与している。表 1 に示した通り、エントリ数は本研究開始以降、初年度は 76、昨年度は 74、今年度は 193 の増加があり、現在は約 2,900 エントリとなっている。このうち本研究で重視しているネットワークバリエーションマップの情報を付与できたものは約 30%である。

疾患データベース構築の手順は従来通りで、疾患遺伝子の Gene フィールドについては、文献情報、NCBI MedGen、そこからリンクされた OMIM を参照し、疾患エントリの追加・修正を継続して行った。病原体の Pathogen フィールドについてはゲノムレベルの情報に限定し、分子レベルの詳細はネットワークバリエーションマップに登録する形とした。国際疾病分類については 7 年前から最新版の ICD-11 との対応づけを日本語訳も含めて行っている。しかし国内では ICD-11 は正式に採用されておらず旧版の ICD-10 のままであるため、疾患エントリには両者を併記する形をとってきた。今年度からは ICD-10 は削除し、ICD-11 との対応づけだけを行うこととした。また NLM の MeSH との対応づけも積極的に行うこととし、内部的にはその分類も利用している。さらに独自のデータとして、疾患カテゴリの情報を Category フィールドに記載し、疾患群が個別の疾患名の集合になっている場合は疾患名の階層化を行い、ICD-11 の階層レベルとの対応づけも行っている。

疾患と分子ネットワークの関連については従来通り、Disease pathway、Pathway、Network の 3 つのフィールドを維持した。Disease pathway は疾患パスウェイマップが存在する特定の疾患に限定されたフィールドで、新規マップの開発は行っていない。かわりに本研究では多数の疾患に分子ネットワーク情報を付与するために、ネットワークバリエーションマップで疾患とゆらいだ分子ネットワークの関連についての知識を集約しており、その逆引きが Network フィールドに反映されるようになっている。これに関連する通常のパスウェイマップは Pathway フィールドに選別して入力している。治療薬については医薬品データベースの適応症のデータが逆引きで Drug フィールドに反映されるようになっている。

(3) 医薬品データベース

医薬品データベースは、独自に作成している DRUG データベースと DGROUP データベース、および実際に社会で使われている医薬品添付文書のデータから構成されている。DRUG データベースは医薬品の有効成分(主に単一成分だが混合物もある)を単位に医薬品エントリ(D 番号エントリ)を作成し、独自にアノテーションを付与したデータベースである。米国(FDA)、欧州(EMA)、日本(PMDA)で承認された新薬、および米国(USAN)、欧州(INN)、日本(JAN)で登録された一般名(開発中のものを含む)を直ちに取

込む更新体制は確立している。今年度も従来からの開発を継続し、アノテーションの中で最も重要な医薬品の標的分子(Target フィールド)についてはこれまでの関連パスウェイマップ(Pathway サブフィールド)だけでなく関連ネットワークバリエーションマップ(Network サブフィールド)も記載するようにした。また上述の通り、遺伝子産物から切断された活性ペプチドを記述できるようにした。例えば D07086 抗凝固薬リバーロキサバンの Target は

Target	F10a [CPD:C01065] [HSA:2159] [KO:K01314]
Pathway	hsa04610 Complement and coagulation cascades
Network	nt06514 Coagulation cascade

となっている。さらにこれも上述した通り、DRUG データベースの Network サブフィールドで定義した D 番号は対応する nt 番号のネットワークバリエーションマップに drug-target relation として表示されるようにした。

疾患と医薬品の関係については従来通り DRUG データベース側で管理し、DRUG データベースの Disease フィールドが逆引きで DISEASE データベースの Drug フィールドは入るようになっている。日本または米国の医療用医薬品添付文書に記載された適応疾患に基づいているので、DRUG データベース、DISEASE データベースいずれでも日本語版と英語版で多少の違いがある。また DGROUP データベースの開発も従来通り継続し、日本の医療用医薬品添付文書と一般用医薬品添付文書、および米国の医療用医薬品添付文書についても毎月一度更新して KEGG DRUG と統合する作業を継続して行った。

(4) 解析ツール

解析ツールの開発は、当初計画では(1a)に記載したウイルスタンパク質のオーソロググループ(VOG)データセットを検索・閲覧し、ウイルスの系統分類との関連を調べ特徴づけを行うといった解析ができるようにすることを予定していた。これらは前倒しで実施し、初年度に VOG 検索ツールと Taxonomy マッピングツール公開した。昨年度からは当初計画にはなかった発展形として、VOG を遺伝子の並びとして解析するツール群の開発を始めた。KEGG ではゲノム上の遺伝子の並びを KO の並びとしてアライメントするアルゴリズムの開発を行っており、これを VOG の並びとしても調べることができるように、KEGG の全生物種の遺伝子がウイルス遺伝子だけから作成された VOG のグループに属すかどうか(類似であるかどうか)を判定することで、VOG の拡張データセットを作成している。今年度はこのデータセットを使ったツール群を開発し公開した。1 つはゲノムアライメントツールで(<https://www.kegg.jp/kegg/syntax/galign.html>)、これまでのようにゲノムを KO の並びとして比較するだけでなく、VOG の並びとしても比較できるようにした。ゲノムは生物種でもウイルスでもよく、2 つの生物種ゲノムを VOG の並びとして比較することも可能である。

もう 1 つはゲノム間で保存された遺伝子クラスター(シンテニー領域)があるかどうかを調べるツール(<https://www.kegg.jp/kegg/syntax/synteny.html>)で、とくにウイルスと生物種の間で保存された遺伝子クラスターを解析できるようにした。そのためあらかじめ全生物種ゲノムと全ウイルスゲノムの間で、VOG の並びとしてペアワイズアライメントした計算結果を作成しておき、1 つの生物種ゲノムを指定すれば全ウイルスゲノムとの比較結果を、1 つのウイルスゲノムを指定すれば全生物種ゲノムとの比較結果を表示できるようにした。

図 1 は解析結果の一例である。巨大ウイルスの 1 つであるコトウイルスのゲノムと KEGG の生物種ゲノムを比較すると、全部で 44 生物種のヒットがあり、いずれもバクテリア(とアーキアが 1 つ)であった。このウイルスの宿主である原生生物アメーバは、ゲノムデータの品質の問題(遺伝子の位置情報がない)で比較対象になっていない。クラスターに含まれるバクテリア遺伝子には KO がつけられており、そこからこの遺伝子クラスターは糖ヌクレオチドの合成経路に関与していることが分かる。糖ヌクレオチドは糖鎖を構成する単糖の

活性型であり、このような解析は糖鎖が関与したウイルスとホストの相互作用を理解することにもつながると考えられる。

KEGG Gene order alignment by VOGs (precomputed version)

Enter organism code or vtax number
Genome:

2811091 dsDNA(V); Cottonvirus japonicum

sort by [[score](#) | [2811091](#)]

2811091 NC_079139 709(r) => NC_079139 711(r) Score: 3 Ident: 1.00 (3/3)
[aem](#) 2014 => 2012 B.Gam; Aeromonas sp. CU5

K15894

80558402 <80558403 80558404

314460 314464 314445

<CK911_10475 <CK911_10470 <CK911_10465

K15894 K00067 K24258

[[KO list](#)]

図 1. コトンウイルスと生物種で共通の遺伝子クラスター

§4. 成果発表等

(1) 原著論文発表

① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	1 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	0 件

② 論文詳細情報

1. Minoru Kanehisa, Miho Furumichi, Yoko Sato, Yuriko Matsuura and Mari Ishiguro-Watanabe, “KEGG: biological systems database as a model of the real world”, Nucleic Acids Research, vol. 53, No. D1, pp. D672-D677, 2025 (DOI: 10.1093/nar/gkae909).

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

(3) 国際学会および国内学会発表

① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	0 件
	国際	0 件
口頭発表	国内	0 件
	国際	0 件
ポスター発表	国内	1 件
	国際	0 件

② 招待講演

〈国内〉

〈国際〉

③ 口頭講演

〈国内〉

〈国際〉

④ ポスター発表

〈国内〉

1. Lingjie Meng, Minoru Kanehisa, Hiroyuki Ogata, Viral Orthologous Groups Database of KEGG MEDICUS, 日本微生物生態学会第 37 回広島大会、広島国際会議場、2024 年 10 月 29 日

〈国際〉

なし

(4) 知的財産権の出願（国内の出願件数のみ公開）

① 出願件数

種別		件数
特許出願	国内	0 件

② 一覧

1) 国内出願

なし

(5) 受賞・報道等

① 受賞

なし

② メディア報道

1. NHK ヒューマニエンス タンパク質、2024 年 7 月 6 日 (BS 4K)、12 月 16 日 (BS)

③ その他の成果発表

1. Clarivate Analytics Highly Cited Researchers 2024、金久 實、2024 年 11 月 19 日

§5. 主要なデータベースの利活用状況

1. アクセス数

① 実績

表 1 研究開発対象の主要なデータベースの利用状況

名称	種別	2024 年度(月間平均値)
KEGG MEDICUS	訪問者数	2,635,269
	訪問数	5,936,011
	ページ数	15,243,099

② 分析

昨年度の月間平均訪問者数は 3,032,459、訪問数は 6,762,179、ページ数は 14,667,077 で、多少減少したようにも見えるが、月ごとのばらつきも多いので従来からの利用状況はほぼ変化ないと考えている。一方、KEGG 全体では 2024 年 9 月以降、アクセス数が飛躍的に増大しており、2025 年 4 月の訪問者数は 1500 万、1 日あたり 200 万を越えるようになった。KEGG MEDICUS も 2025 年 4 月の訪問者数は 5,859,361、訪問数は 11,380,638、ページ数は 19,898,787 に増加しており、5 月はこれからさらに倍増する勢いである。日本語ページの利用者が突然このように増加するのは奇異な感じがしている。

利用状況は数が多ければいいというものではない。KEGG に対する大量のアクセスはプログラム化されており、とくに PATHWAY 関連データを取得しようとしている。それが単一の IP アドレスからであれば簡単にブロックできるし、1 秒間にアクセスできる回数なども制限しているが、何千、何万ものアドレス(しかもクラス B のような関連したアドレス)が使われ、それがダイナミックに変化している感じである。もしかしたら大規模な AI 学習のために使われているのかもしれない。KEGG MEDICUS の日本語ページもそれに使われだしたのかもしれない。いずれにせよ KEGG のサーバーに膨大な負荷がかかり、通常の研究者や一般の方々が KEGG MEDICUS のデータを取得するのに時間がかかる状況になっている。どうすればアクセスを増やすかではなく、どうすればアクセスを減らせるか、しかも高度な技術をもつ相手に有効な手段はあるかを模索している。

2. データベースの利用状況を示すアクセス数以外の指標

Web of Science で引用回数が 1,000 回以上ある KEGG 論文 18 件を引用した論文は 61,661 あった(2025 年 5 月 23 日現在)。このうち発行年が 2024 年は 7,367、2025 年は 2,958 であった。

また KEGG を利用した論文でパスウェイマップ等の図を転載して使う際の Copyright permission 申請件数は、2024 年度に 2,336 件(2023 年度は 2,232 件)あった。

3. データベースの利活用により得られた研究成果(生命科学研究への波及効果)

上記の 61,661 件のうち Web of Science で最新の Hot Papers と指定されたものが 20 件あり、そのうち Nature 系列誌 6 件は以下の通りであった。

1. Furuichi, M; Kawaguchi, T; (...); Honda, K. Commensal consortia decolonize

- Enterobacteriaceae via ecological control. Nature 633(8031):878-886, 2024.
2. Moody, ERR; Alvarez-Carretero, S; (...); Donoghue, PCJ. The nature of the last universal common ancestor and its impact on the early Earth system. Nature Ecology & Evolution 8(9):1654-1666, 2024.
 3. Haney, MS; Pálóvics, R; (...); Wyss-Coray, T. APOE4/4 is linked to damaging lipid droplets in Alzheimer's disease microglia. Nature 628(8006):154-161, 2024.
 4. Omura, T; Isobe, N; (...); Iwata, T. Microbial decomposition of biodegradable plastics on the deep-sea floor. Nature Communications 15(1):568, 2024.
 5. Camargo, AP; Roux, S; (...); Kyrpides, NC. Identification of mobile genetic elements with geNomad. Nature Biotechnology 42(8):1303-1312, 2024
 6. Chklovski, A; Parks, DH; (...); Tyson, GW. CheckM2: a rapid, scalable and accurate tool for assessing microbial genome quality using machine learning. Nature Methods 20(8):1203-1212, 2023.

4. データベースの利活用によりもたらされた産業への波及効果や科学技術のイノベーション(産業や科学技術への波及効果)

上記の 61,661 件を Web of Science のカテゴリで分類した件数と割合は以下の通りで、産業や科学技術への波及効果を含むと考えられるものにアスタリスクをつけた。

Multidisciplinary Sciences	8,900	(14.4%)
Biochemistry Molecular Biology	8,460	(13.7%)
Genetics Heredity	7,703	(12.5%)
* Biotechnology Applied Microbiology	7,588	(12.3%)
Microbiology	6,876	(11.2%)
* Biochemical Research Methods	4,498	(7.3%)
Mathematical Computational Biology	4,260	(6.9%)
Plant Sciences	3,808	(6.2%)
Oncology	3,046	(4.9%)
Cell Biology	2,645	(4.3%)
Medicine Research Experimental	2,021	(3.3%)
* Computer Science Interdisciplinary Applications	1,972	(3.2%)
Chemistry Multidisciplinary	1,877	(3.0%)
* Pharmacology Pharmacy	1,775	(2.9%)
* Environmental Sciences	1,699	(2.8%)
Biology	1,630	(2.68%)
Immunology	1,624	(2.68%)
Statistics Probability	1,246	(2.08%)
* Food Science Technology	1,036	(1.7%)
Neurosciences	1,008	(1.6%)
Ecology	933	(1.5%)
* Marine Freshwater Biology	925	(1.5%)
Endocrinology Metabolism	814	(1.3%)
Evolutionary Biology	794	(1.3%)
* Chemistry Medicinal	754	(1.2%)

§6. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

(1) 進捗ミーティング

なし

(2) 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

なし。

以上

別紙 1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
1	KEGG MEDICUS		ゲノムの情報と疾患・医薬品との関連を、生体システムを構成する分子ネットワークを通して統合的に理解し、ヒトゲノム情報および病原体ゲノム情報の有効利用を促進するためのリソースである。また日本と米国のすべての医薬品添付文書も統合されており、一般社会にとっても有用なリソースである。	https://www.kegg.jp/kegg/medicus/	2010/10/1	維持・発展	データベース等	Minoru Kanehisa, Miho Furumichi, Yoko Sato, Yuriko Matsuura and Mari Ishiguro-Watanabe, "KEGG: biological systems database as a model of the real world", Nucleic Acids Research, vol. 53, No. D1, pp. D672-D677, 2025 (DOI: 10.1093/nar/gkae909)
2	医薬品相互作用チェック		与えられた医薬品リストの中に併用禁忌・併用注意に該当する相互作用があるかを判定するツール。KEGG MEDICUSにある医薬品添付文書に記載された相互作用をすべて抽出し、標準化したデータセットを用いている。	https://www.kegg.jp/medicus-bin/ddi_manager	2016/4/1	維持・発展	ツール等	