

2025 年度年次報告書

ライフサイエンスデータベース統合推進事業
統合化推進プログラム

【研究課題名】「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」

研究代表者：

金久 實（京都大学 化学研究所 特任教授）

研究分担者：

なし



©2025 金久 實(京都大学) licensed under CC表示4.0国際

1. 研究進捗状況と成果

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。とくにパスウェイマップにあるシグナル伝達や代謝反応等の主要経路部分をレファレンスネットワークとし、遺伝子バリエーションや病原体によるゆらいだネットワークとともにアライメント表示したネットワークバリエーションマップを用いて、ヒトの疾患と分子ネットワークの関連、さらには医薬品との関連づけを行っている。これに伴い、当初はヒト疾患遺伝子をリスト化することで始めた疾患データベースに分子ネットワーク情報が付与され、品質向上につながっている。2025 年度の 1 年間で、ネットワーク情報が付与された疾患エントリの割合は 30% から 37% に増加した。医薬品情報については提供サービスの改善を行った。とくに処方薬(医療用医薬品)の添付文書のページからリンクされている「商品一覧」に、同一有効成分・同一経路の OTC 薬があれば、それも追加で表示できるようにした。

KEGG MEDICUS は KEGG の一部としてそのリソースを利用する形で開発してきた。一方では本研究で VOG (Virus Ortholog Group) の開発を行ったことは、KEGG 全体で KO の価値向上につながる波及効果があった。VOG はウイルスタンパク質の 90% をカバーする網羅的なデータセットであるが、KO (KEGG Orthology) はゲノムとパスウェイをつなぐために開発を始め、網羅的なオーソログデータベースを目指したものではなかった。しかし現在の KO は BRITE 階層分類などにもつながることで、そのレパートリーが拡張されており、既に全生物種の 52% の遺伝子をカバーしている。KO をパスウェイマッピング以外でも活用するため、以下の代表的な成果事例にあげた KEGG Syntax を開発した。

2. 代表的な成果事例

1. Kanehisa, M., Sato, Y. KEGG Syntax for comparison of organisms, organism groups and viruses by conserved gene repertoires. *Protein Science*, 35, e70652 (2026).

概要：KEGG Syntax は KO や VOG など保存された遺伝子、module や synteny など保存された遺伝子セットとその系統関係を調べるツール群である。KEGG Mapper がゲノムから生命システムの機能情報を解読するツール群であるのに対し、KEGG Syntax はゲノム比較や系統比較を通して生命の全体像を探るツール群と位置づけている。

以上