

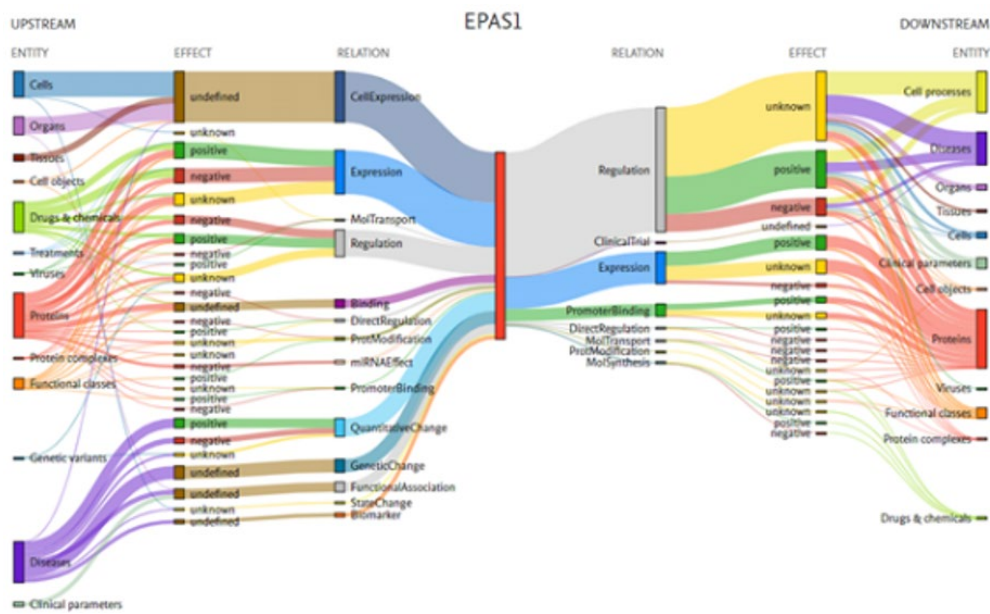
情報計算化学生物学会2023年大会ランチオンセミナー AIベースのディスカバリーツール EmBiologyによるバイオロジー研究の促進

日時: 2023年10月25日(水) 12:00-13:00 LS05

講演者: Sherry Winter: Director Biology and Biomedical Solutions, Elsevier B. V.
齋藤 美里: ライフサイエンスソリューションズ, エルゼビア・ジャパン



Empowering discovery with EmBiology - an AI-based research tool for biologists



323 results for: **epas1**

Export (First 1000) Save to list Clear selects

1. Silencing of ALOX15 reduces ferroptosis and inflammation induced by cerebrotendin (CBT) in a mouse model of cerebral ischemia-reperfusion injury. *Biotechnology and Genetic Engineering Reviews*, 2023
B. Lei, H. Wu, G. Yin, X. Wan, S. Chen, L. Chen, J. Wu, N. Zhang
Relations: 1 Abstract Full text >
2. Induced pluripotent stem cell-derived extracellular vesicles overexpressing against hypoxia-induced injury. *Cell Biology and Toxicology*, 2023
W. Jiao, W. Li, T. Li, T. Feng, C. Wu, D. Zhao
Relations: 1 Abstract Full text >
3. MicroRNAs as prospective biomarkers, therapeutic targets and pharmacological targets in cerebral ischemia-reperfusion injury. *Molecular Biology Reports*, volume 50, Pages 1895-1912, 1 February 2023
N. Andrews, N. Umanan, A. Drey
Relations: 1 Abstract Full text >

Relations Abstract X

Relation N°1 2 snippets

ALOX15 has a negative "Expression" relationship with EPAS1.
1 Reference >

Snippet 1 of 2
Inhibition of ALOX15 up-regulated the GPX4 expression, and promoted HIF-2 α expression by inhibiting PHD2, thus alleviating ferroptosis and inflammation caused by cerebral ischemia-reperfusion injury.

Snippet 2 of 2
HIF-2 α expression was down-regulated in animal and cell models of cerebral ischemia reperfusion, and silencing of ALOX15 increased the HIF-2 α expression by inhibiting PHD2 expression.

Secondary relations

Secondary Relation N°1 2 snippets

ALOX15 has a "Expression" relationship with GPX4.
2 References >

情報計算法学生物学会2023年大会ランチオンセミナー

AIベースのディスカバリーツール

EmBiologyによるバイオロジー研究の促進

The pharmaceutical industry faces significant challenges in drug research and development, with high costs, long timelines, and a high failure rate – most of these challenges can be attributed to having incomplete information when it is needed most for making what are potentially very costly decisions.

In any given disease or drug mechanism, there are a vast range of related biology concepts and relationships that a researcher needs to understand to advance their work. EmBiology – a biology knowledge graph application that visualizes up and downstream biological relationships – enables more efficient discovery and investigation by translational scientists, cell biologists, bioinformaticians and others. It uses advanced technologies to extract biological relationships from more than 7.2 million full-text journal articles, 34.5 million abstracts and 430,000 clinical trials and brings it together in an intuitive way to allow researchers to make AI-informed decisions based on critical evidence – so they can more successfully bring therapies to market sooner.

EmBiology is particularly powerful in discovery projects, providing an unbiased way to search overwhelming amounts of data, where ‘Sometimes you don’t know what you want to look for’ and ‘Information is lost in a sea of data’.

Biological relationships are displayed visually in a way that makes information easy to understand and can be used to focus searches based on the scientific question being asked. For example, if a researcher performs a search in EmBiology for a potential drug target, ‘EPAS 1’ (Endothelial PAS domain-containing protein 1, also known as Hif2a), upstream relationships (on the left-hand side of the visual) could identify potential antagonists – e.g., proteins upstream of EPAS1 that negatively affect its expression (See figure). This format enables deeper understanding of disease development, progression, and drug responsiveness, without requiring advanced data skills.

Join us to learn how AI and high-quality data, visualised and searchable via EmBiology, can lead to a more efficient and successful drug development process, bringing new and better treatments to patients faster.

製薬業界は、医薬品の研究開発において、高コスト、長いタイムライン、高失敗率という大きな課題に直面しており、これらの課題のほとんどは、不完全な情報に起因することがあります。

特定の疾患や薬物のメカニズムには、研究者が研究を進めるために必要な生物学の概念と関係性が広範に存在します。上下流の生物学的関係を視覚化する生物学ナレッジグラフアプリケーションであるEmBiologyは、トランスレーショナルサイエンティスト、細胞生物学者、バイオインフォマティシャンなどにより効率的な発見と調査をもたらします。高度なテクノロジーを用いて、720万を超えるジャーナル、3,450万の抄録、43万の臨床試験から生物学的関係を抽出し、直感的に理解できる方法でまとめることにより、研究者が重要なエビデンスを基にしたAI情報を用いて意思決定することを可能とし、治療法をより早く市場に出すことができます。EmBiologyは創薬初期のプロジェクトで特に力を発揮し、「何を探したいのかわからない」、「データの海で迷子になる」際に、バイアスのかからない方法で圧倒的な量のデータを調べることができます。生物学的な関係性は情報が理解しやすい方法で視覚化され、科学的な質問をベースとして検索をするために使われます。

例えば、研究者がEmBiologyで潜在的な創薬標的である「EPAS 1」(内皮性PASドメイン含有タンパク質1、Hif2aとしても知られる)を検索する場合、上流の関係性(ビジュアルの左側)は、潜在的なアンタゴニスト(その発現に負の影響を与えるEPAS1の上流のタンパク質)であるといえます(図参照)。この形式により、高度なデータスキルを必要とせずに、疾患の発症、進行、および薬剤の反応性をより深く理解できます。

EmBiologyを用いて可視化され検索可能となった高品質のデータとAIがどうやってさらに効率的で創薬開発のプロセスを成功に導き、新しくもっと良い治療法を患者に迅速にもたらすかをご紹介します。

ランチオンセミナーに是非ご参加ください。