

UNIVERSIDAD DE MURCIA

FACULTAD DE BIOLOGÍA

MÁSTER DE BIOINFORMÁTICA



**Práctica: Explotación Semántica de Datos – Proteína Tau (MAPT)**

**Alumno:** Alumno05 (puerto 3034)

**Fecha:** 16 de enero de 2026

**Ruta del proyecto:** /home/alumno05/entrega\_semantica\_tau/

**Entorno:** Servidor Dayhoff – Blazegraph / EasyRDF / FAIRshake

**GitHub:**

<https://github.com/antonioenriquecoll-design/Knowledge-Graph-Tau-Protein>

*AUTOR: Antonio Enrique Coll Meseguer*

*Curso 2025/2026*

# ÍNDICE

ÍNDICE.....	2
<b>1. Introducción.....</b>	<b>2</b>
1.1 Fisiopatología de la Proteína Tau (MAPT).....	2
1.2 Tauopatías y manifestaciones clínicas.....	2
1.3 Impacto y necesidad de modelos FAIR.....	3
<b>2. Objetivos.....</b>	<b>3</b>
<b>3. Materiales.....</b>	<b>3</b>
<b>4. Metodología.....</b>	<b>3</b>
4.1 Diseño del Grafo y Selección de URIs.....	3
4.2 Ingeniería de Datos: Conversión y Persistencia.....	4
4.3 Infraestructura: Despliegue y Túnel SSH.....	4
4.4 Publicación FAIR.....	5
<b>5. Resultados y Discusión.....</b>	<b>5</b>
5.1 Evidencia de carga en Blazegraph.....	5
5.2 Validación Técnica (W3C y RDFShape).....	5
5.3 Consultas SPARQL y Automatización en R.....	7
Consulta 1: Verificación de integridad (Total de tripletas).....	7
Consulta 2: Localización celular (Filtro por Gene Ontology).....	9
Consulta 3: Tauopatías asociadas (Disease Ontology).....	10
Consulta 4: Funciones de Unión (Regex Filter).....	11
Consulta 5: Estadísticas del grafo (Count).....	13
5.4 Resultado de publicación FAIRshake.....	14
<b>6. Conclusiones.....</b>	<b>15</b>
<b>7. Referencias.....</b>	<b>15</b>

## 1. Introducción

### 1.1 Fisiopatología de la Proteína Tau (MAPT)

La proteína Tau, codificada por el gen *MAPT*, es una proteína asociada a microtúbulos expresada predominantemente en las neuronas del sistema nervioso central. Su función biológica primaria es promover el ensamblaje y mantener la estabilidad de los microtúbulos, estructuras esenciales para el transporte axonal y la morfología neuronal. En condiciones patológicas, Tau sufre modificaciones post-traduccionales, principalmente hiperfosforilación, lo que reduce su afinidad por los microtúbulos y favorece su agregación en filamentos helicoidales emparejados.

### 1.2 Tauopatías y manifestaciones clínicas

Las enfermedades neurodegenerativas asociadas a la acumulación patológica de agregados de la proteína Tau se conocen como tauopatías. Entre las principales se encuentran la enfermedad de Alzheimer, la enfermedad de Pick, la parálisis supranuclear

progresiva y la demencia frontotemporal. Un rasgo característico de estas patologías es la formación de ovillos neurofibrilares, cuya acumulación muestra una correlación directa con el grado de deterioro cognitivo observado en los pacientes.

### 1.3 Impacto y necesidad de modelos FAIR

La fragmentación de los datos biomédicos dificulta la investigación. La adopción de tecnologías de la Web Semántica (RDF, SPARQL) y modelos estándar como **BioLink** permite unificar información heterogénea, transformando datos aislados en conocimiento conectado y procesable por máquinas bajo los principios **FAIR** (*Findable, Accessible, Interoperable, Reusable*).

## 2. Objetivos

- **Diseñar y construir** un dataset RDF que integre la información biológica y patológica de la proteína Tau (P10636).
- **Normalizar** el contenido mediante ontologías de referencia (Gene Ontology, Disease Ontology).
- **Reutilizar** vocabularios estándar (BioLink Model).
- **Implementar** un flujo de trabajo de conversión y validación robusto (Turtle, EasyRDF, W3C).
- **Explotar** semánticamente los datos mediante 5 consultas SPARQL ejecutadas desde R.
- **Publicar** el recurso siguiendo los estándares internacionales en FAIRshake.

## 3. Materiales

Para la elaboración del grafo de conocimiento se han empleado los siguientes recursos:

- **Fuentes de Datos:** UniProtKB (Acceso P10636), Disease Ontology (DOID), Gene Ontology (GO).
- **Vocabularios:** BioLink Model (esquema de relaciones), RDF, RDFS.
- **Software:** RStudio (paquete SPARQL), Bloc de notas (edición de sintaxis), EasyRDF (motor de conversión).
- **Infraestructura:** Servidor Blazegraph (Clúster Dayhoff), W3C Validator, RDFShape.

## 4. Metodología

### 4.1 Diseño del Grafo y Selección de URIs

Para garantizar la interoperabilidad semántica, se han seleccionado identificadores persistentes (URIs) de repositorios internacionales. La entidad central es la **Proteína Tau**, identificada en UniProt como up:P10636 y tipificada como biolink:Protein. Esta entidad se vincula a su gen codificante **MAPT** (ncbi\_gene:4137) mediante la propiedad biolink:has\_gene (The UniProt Consortium et al., 2023).

En cuanto a las patologías, se han integrado términos de la **Disease Ontology** para representar las tauopatías clave: Enfermedad de Alzheimer (doid:10652) y Enfermedad de Pick (doid:11970), conectadas mediante la relación causal biolink:causes\_condition. Las funciones moleculares (*RNA binding*) y localizaciones celulares (*Axón*) se han normalizado

utilizando **Gene Ontology (GO)** (Schriml et al., 2012; The Gene Ontology Consortium et al., 2021).

**Tabla 1. Definición de Espacios de Nombres (Prefixes)**

Prefijo	Espacio de Nombres (URI)	Propósito y Relevancia
up:	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/">http://purl.uniprot.org/uniprot/</a>	Identificador de Proteína. Conecta el nodo central con la base de datos UniProtKB, el estándar global de información proteica.
biolink:	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/">https://w3id.org/biolink/vocab/</a>	Modelo de Datos. Proporciona el vocabulario de relaciones (predicados) validado por el consorcio NCATS para grafos de conocimiento biomédicos.
obo:	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/">http://purl.obolibrary.org/obo/</a>	Ontologías Biológicas. Permite integrar términos de Gene Ontology (GO) y Disease Ontology (DOID) bajo el paraguas de la iniciativa OBO Foundry.
rdf / rdfs:	<a href="http://www.w3.org/1999/02/22-rdf-syntax-ns#">http://www.w3.org/1999/02/22-rdf-syntax-ns#</a>	Sintaxis Básica. Define la estructura de las tripletas y las etiquetas de texto (label) legibles por humanos.

## 4.2 Ingeniería de Datos: Conversión y Persistencia

El grafo se redactó inicialmente en sintaxis Turtle (.ttl) por su legibilidad. Posteriormente, se utilizó la herramienta EasyRDF para transformar el código a formato RDF/XML, asegurando la compatibilidad con sistemas legacy.

Para la persistencia, se realizó una gestión manual del archivo resultante mediante el Bloc de notas, forzando la codificación UTF-8 y la extensión .rdf (eliminando residuos .txt). Esto generó un dataset binario válido de 39 tripletas.

## 4.3 Infraestructura: Despliegue y Túnel SSH

El proyecto se aloja en el clúster dayhoff. La estructura de archivos en el directorio /home/alumno05/entrega\_semantica\_tau/ incluye los códigos fuente y el script de análisis en R.

```
[alumno05@dayhoff ~]$ cd entrega_semantica_tau/
[alumno05@dayhoff entrega_semantica_tau]$ ls
blazegraph.jnl  consultas.R  practica.rdf  practica.ttl  rules.log
[alumno05@dayhoff entrega_semantica_tau]$
```

**Figura 1.** Estructura del directorio de trabajo en el servidor remoto mostrando los archivos .ttl, .rdf y .R.

Dado que Blazegraph se ejecuta en el puerto local del servidor, se estableció un **túnel SSH** para permitir el acceso y la carga de datos desde la máquina local:

```
ssh -L 3034:localhost:3034 alumno05@dayhoff.inf.um.es
```

Este comando redirige el tráfico, permitiendo interactuar con la base de datos a través de <http://localhost:3034/blazegraph/>.

**Ejecución de Blazegraph** se despliega en el servidor mediante el binario Java:

```
java -server -Xmx4g -jar blazegraph.jar
```

## 4.4 Publicación FAIR

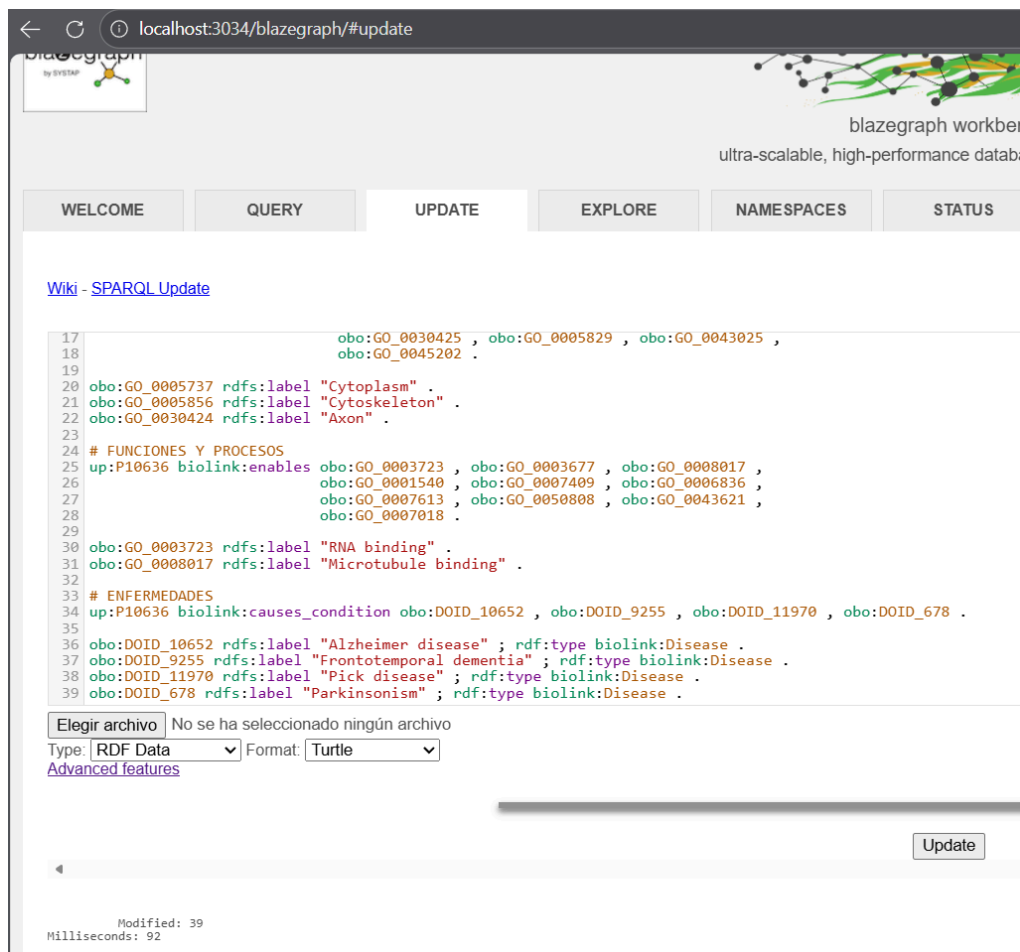
Siguiendo los principios de Ciencia Abierta, el recurso se registró en la plataforma **FAIRshake**. Se completó la evaluación de métricas para garantizar que el grafo es Encontrable, Accesible, Interoperable y Reutilizable, vinculando los metadatos con el *endpoint* del servidor.

Además, la publicación en GitHub refuerza los principios FAIR, permitiendo el acceso público y permanente a los recursos del grafo.

## 5. Resultados y Discusión

### 5.1 Evidencia de carga en Blazegraph

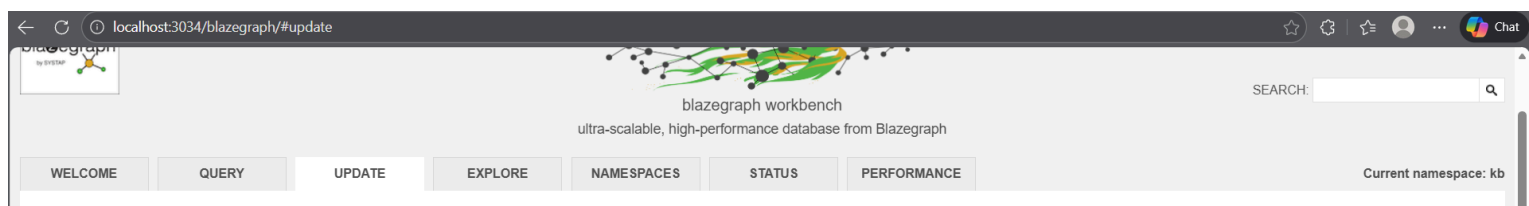
La ingesta de datos en el servidor Blazegraph se realizó mediante la interfaz *Update*, utilizando el formato Turtle validado.



**Figura 2.** Interfaz de carga en Blazegraph confirmando la actualización del namespace.

La carga del grafo en Blazegraph finalizó correctamente, registrando **39 tripletas** y un **tiempo de procesamiento de 92 ms**.

La gestión de datos se realizó en el Triple Store **Blazegraph** bajo el namespace predefinido **kb**, actuando como repositorio central de las 39 tripletas. Esta configuración en el servidor Dayhoff asegura una indexación eficiente y la consistencia del endpoint de consulta (<http://localhost:3034/blazegraph/namespace/kb/sparql>) para su explotación, tanto mediante interfaz web como de forma programática con el script de **R**.



**Figura 3.** Interfaz de Blazegraph (puerto 3034) con el namespace activo "kb".

## 5.2 Validación Técnica (W3C y RDFShape)

El dataset RDF/XML fue sometido al servicio de validación de la W3C, confirmando la sintaxis correcta y el conteo de **39 tripletas**.

Jump To:

- [Source](#)
- [Triples](#)
- [Messages](#)
- [Graph](#)
- [Feedback](#)
- [Back to Validator Input](#)

**Validation Results**

Your RDF document validated successfully.

**Triples of the Data Model**

Number	Subject	Predicate	Object
1	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="http://www.w3.org/1999/02/22-rdf-syntax-ns#type">http://www.w3.org/1999/02/22-rdf-syntax-ns#type</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/Protein">https://w3id.org/biolink/vocab/Protein</a>
2	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label">http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label</a>	"Tau Protein"
3	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/has_gene">https://w3id.org/biolink/vocab/has_gene</a>	<a href="http://identifiers.org/ncbigene:4137">http://identifiers.org/ncbigene:4137</a>
4	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/category">https://w3id.org/biolink/vocab/category</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/Protein">https://w3id.org/biolink/vocab/Protein</a>
5	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/in_taxon">https://w3id.org/biolink/vocab/in_taxon</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/NCBITaxon_9606">http://purl.obolibrary.org/obo/NCBITaxon_9606</a>
6	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737</a>
7	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737</a>	<a href="http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label">http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label</a>	"Cytoplasm"
8	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856</a>
9	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856</a>	<a href="http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label">http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label</a>	"Cytoskeleton"
10	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424</a>
11	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424</a>	<a href="http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label">http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label</a>	"Axon"
12	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030425">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030425</a>
13	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005829">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005829</a>
14	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0043025">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0043025</a>
15	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0045202">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0045202</a>
16	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/enables">https://w3id.org/biolink/vocab/enables</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003723">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003723</a>
17	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003723">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003723</a>	<a href="http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label">http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#label</a>	"RNA binding"
18	<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/enables">https://w3id.org/biolink/vocab/enables</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003677">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003677</a>

**Figura 4.** Validación exitosa en la W3C mostrando la tabla de 39 sentencias semánticas.

Además, se utilizó **RDFShape** para inspeccionar la topología del grafo. La visualización confirma una estructura radial donde el nodo central (Tau) conecta correctamente con nodos de enfermedad y función.

## Data analysis <sup>(?)</sup>

### Data (RDF)

Text URL File

```

1 <?xml version="1.0" encoding="utf-8" ?>
2 <rdf:RDF xmlns:rdfs="http://www.w3.org/1999/02/22-rdf-syntax-ns#"
3     xmlns:rdfs="http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#"
4     xmlns:ns0="https://w3id.org/biolink/vocab/">
5
6     <rdf:Description
7         rdf:about="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">
8         <rdf:type rdf:resource="https://w3id.org/biolink/vocab/Protein"/>
9         <rdfs:label>Tau Protein</rdfs:label>
10        <ns0:has_gene
11            rdf:resource="http://identifiers.org/ncbigene:4137"/>
12        <ns0:category
13            rdf:resource="https://w3id.org/biolink/vocab/Protein"/>
14        <ns0:in_taxon

```

### Format

## RDF/XML

## Inference

NONE

## Overview

## Prefix Map

## Visualizations

- Well formed RDF
- Number of statements: 39
- Data format: RDF/XML

- Full response

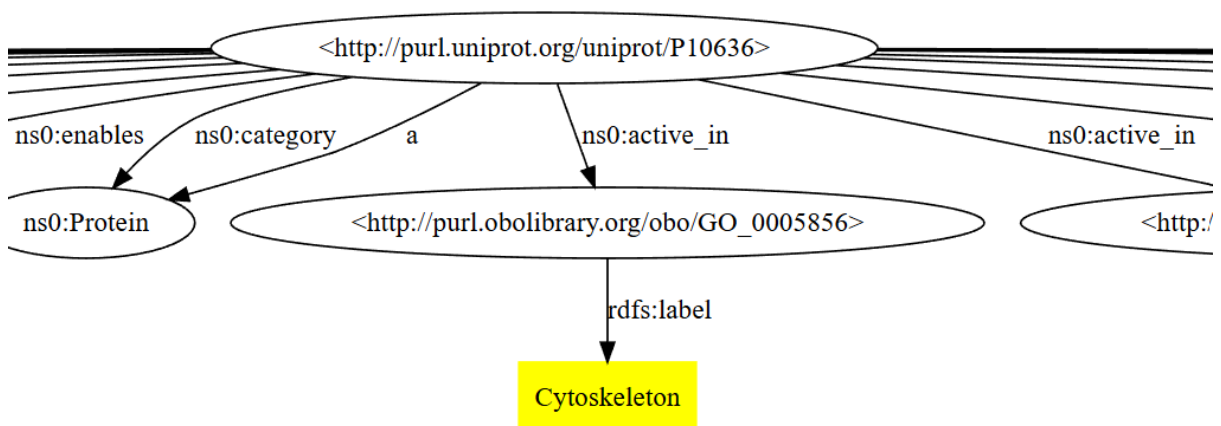
Permalink 

## Overview

## Prefix Map

## Visualizations

Name	IRI
ns0	<https://w3id.org/biolink/vocab/>
rdf	<http://www.w3.org/1999/02/22-rdf-syntax-ns#>
rdfs	<http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#>



**Figura 5.** Visualización del Grafo de Conocimiento generado en RDFShape.

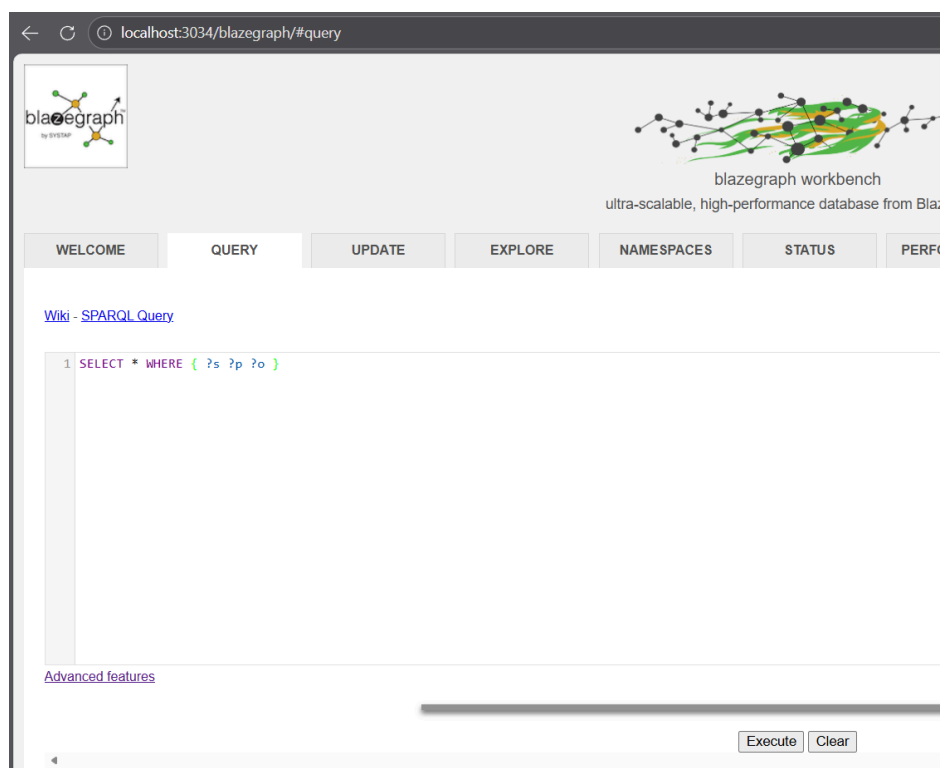
### 5.3 Consultas SPARQL y Automatización en R

Para validar la utilidad biológica del grafo, se diseñaron 5 consultas SPARQL ejecutadas sobre el motor Blazegraph. Estas consultas fueron posteriormente integradas en un script de R (`consultas.R`) para automatizar la extracción de resultados y facilitar su procesamiento en un entorno de análisis estadístico.

#### Consulta 1: Verificación de integridad (Total de tripletas)

**Objetivo:** Verificar la integridad de la carga.

```
SELECT * WHERE { ?s ?p ?o }
```



s	p	o
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_10652">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_10652</a>	<a href="#">rdfs:type</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/Disease">https://w3id.org/biolink/vocab/Disease</a>
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_10652">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_10652</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Alzheimer disease
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_11970">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_11970</a>	<a href="#">rdfs:type</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/Disease">https://w3id.org/biolink/vocab/Disease</a>
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_11970">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_11970</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Pick disease
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_678">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_678</a>	<a href="#">rdfs:type</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/Disease">https://w3id.org/biolink/vocab/Disease</a>
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_678">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_678</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Parkinsonism
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_9255">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_9255</a>	<a href="#">rdfs:type</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/Disease">https://w3id.org/biolink/vocab/Disease</a>
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_9255">http://purl.obolibrary.org/obo/DOID_9255</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Frontotemporal dementia
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003723">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0003723</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	RNA binding
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Cytoplasm
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Cytoskeleton
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0008017">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0008017</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Microtubule binding
<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424</a>	<a href="#">rdfs:label</a>	Axon
<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005737</a>
<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005829">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005829</a>
<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0005856</a>
<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030424</a>
<a href="http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636">http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636</a>	<a href="https://w3id.org/biolink/vocab/active_in">https://w3id.org/biolink/vocab/active_in</a>	<a href="http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030425">http://purl.obolibrary.org/obo/GO_0030425</a>

Total results: 39, displaying 1-39  per page

☐ Show datatypes ☐ Show languages



Time	Query	Results	Execution Time	Delete
2026-01-15T13:05:42.010Z	<a href="#">SELECT * WHERE { ?s ?p ?o }</a>	39	317ms	<a href="#">X</a>

[Clear history](#)



## Consulta 2: Localización celular (Filtro por Gene Ontology)

**Objetivo:** Identificar dónde actúa la proteína según la ontología GO.

PREFIX biolink: <https://w3id.org/biolink/vocab/>

PREFIX rdfs: <http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#>

SELECT ?lugar WHERE {

<http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> biolink:active\_in ?id .

?id rdfs:label ?lugar .

}

The screenshot shows the Blazegraph web interface at localhost:3034/blazegraph/#query. The interface has tabs for WELCOME, QUERY, UPDATE, EXPLORE, NAMESPACES, and STATISTICS. The QUERY tab is active, displaying a SPARQL query:

```
1 PREFIX biolink: <https://w3id.org/biolink/vocab/>
2 PREFIX rdfs: <http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#>
3 SELECT ?lugar WHERE {
4   <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> biolink:active_in ?id .
5   ?id rdfs:label ?lugar .
6 }
```

Below the query, there is a section for "Advanced features" and a table of results. The table shows 3 results, displaying 1-3 per page. The results are:

Time	Query	Results	Execution Time	Delete
2026-01-15T13:07:10.296Z	PREFIX biolink: <https://w3id.org/biolink/vocab/> PREFIX rdfs: <http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#> SELECT ?lugar WHERE { <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> biolink:active_in ?id . ?id rdfs:label ?lugar . }	3	315ms	X
2026-01-15T13:05:42.010Z	SELECT * WHERE { ?s ?p ?o }	39	317ms	X

At the bottom of the interface, there is a "Clear history" button and a link to "Blazegraph - Wiki".

### Consulta 3: Tauopatías asociadas (Disease Ontology)

**Objetivo:** Listar las patologías relacionadas modeladas bajo BioLink.

```
PREFIX biolink: <https://w3id.org/biolink/vocab/>
```

```
SELECT ?enfermedad WHERE {
```

```
  <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636>
  biolink:causes_condition ?id .
```

```
  ?id rdfs:label ?enfermedad .
```

```
}
```

blazegraph wor

ultra-scalable, high-performance d

WELCOME

QUERY

UPDATE

EXPLORE

NAMESPACES

STATU

[Wiki - SPARQL Query](#)

```

1 PREFIX biolink: <https://w3id.org/biolink/vocab/>
2 PREFIX rdfs: <http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#>
3 SELECT ?enfermedad WHERE {
4   <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> biolink:causes_condition ?id .
5   ?id rdfs:label ?enfermedad .
6 }

```

[Advanced features](#)

Execute

Cl

enfermedad
Alzheimer disease
Pick disease
Parkinsonism
Frontotemporal dementia

[Advanced features](#)

Execute

Clear

enfermedad
Alzheimer disease
Pick disease
Parkinsonism
Frontotemporal dementia

Total results: 4, displaying 1-4 

50

 per page

☐ Show datatypes
 ☐ Show languages

Time	Query	Results	Execution Time	Delete
2026-01-15T13:08:15.808Z	PREFIX biolink: <https://w3id.org/biolink/vocab/> PREFIX rdfs: <http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#> SELECT ?enfermedad WHERE { <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> biolink:causes_condition ?id . ?id rdfs:label ?enfermedad . }	4	305ms	<a href="#">X</a>
2026-01-15T13:07:10.296Z	PREFIX biolink: <https://w3id.org/biolink/vocab/> PREFIX rdfs: <http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#> SELECT ?lugar WHERE { <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> biolink:active_in ?id . ?id rdfs:label ?lugar . }	3	315ms	<a href="#">X</a>
2026-01-15T13:05:42.010Z	SELECT * WHERE { ?s ?p ?o }	39	317ms	<a href="#">X</a>

Clear history

## Consulta 4: Funciones de Unión (Regex Filter)

**Objetivo:** Filtrar funciones moleculares que impliquen capacidad de "binding".

```
SELECT ?funcion WHERE {  
  
  ?s rdfs:label ?funcion .  
  
  FILTER regex(?funcion, "binding", "i")  
  
}
```

The screenshot shows a web interface for a SPARQL query engine. At the top, there are tabs: WELCOME, QUERY (selected), UPDATE, EXPLORE, and NAMESPACES. Below the tabs, there is a link to "Wiki - SPARQL Query". The main area contains a text editor with the following SPARQL query:

```
1 PREFIX rdfs: <http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#>  
2 SELECT ?funcion WHERE {  
3   ?s rdfs:label ?funcion .  
4   FILTER regex(?funcion, "binding", "i")  
5 }
```

Below the query editor, there is a section titled "Advanced features" with a horizontal scrollbar. To the right of this section is a button labeled "Execute". Below the query editor, there is a table with the following data:

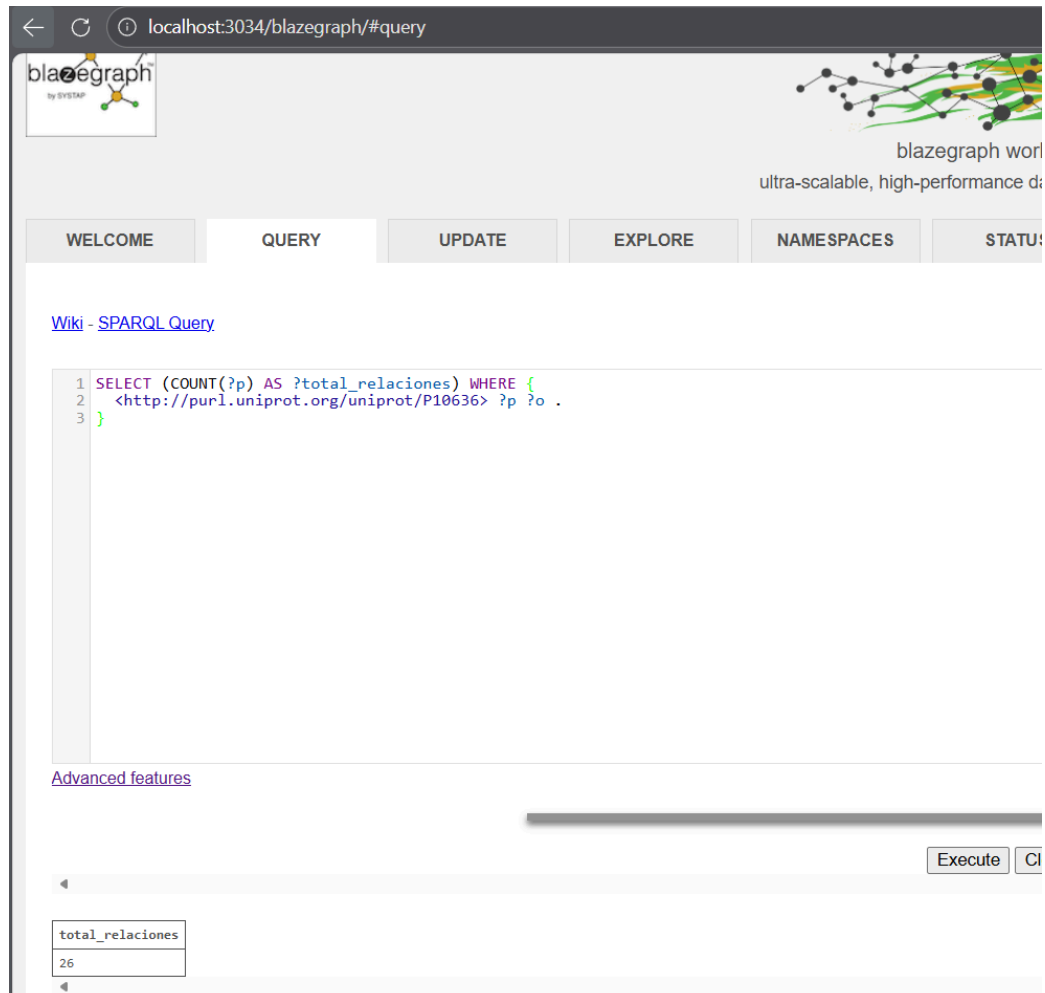
funcion
Microtubule binding
RNA binding

At the bottom of the interface, there is a status bar that reads: "Total results: 2, displaying 1-2" followed by a dropdown menu set to "50" and the text "per page". Below this, there are two checkboxes: "Show datatypes" and "Show languages", both of which are unchecked.

## Consulta 5: Estadísticas del grafo (Count)

**Objetivo:** Cuantificar las relaciones directas de la proteína Tau.

```
SELECT (COUNT(?p) AS ?total_relaciones) WHERE {
  <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> ?p ?o .
}
```



The screenshot shows the blazegraph web interface at localhost:3034/blazegraph/#query. The interface includes a navigation bar with tabs: WELCOME, QUERY, UPDATE, EXPLORE, NAMESPACES, and STATUS. Below the navigation bar, there is a link to the SPARQL Query Wiki. The main area contains a text editor with the following SPARQL query:

```
1 SELECT (COUNT(?p) AS ?total_relaciones) WHERE {
2   <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636> ?p ?o .
3 }
```

Below the query editor, there is a section for "Advanced features" and a progress bar. At the bottom right, there are buttons for "Execute" and "Clear". Below the query editor, a table displays the results of the query:

total_relaciones
26

Time	Query	Results	Execution Time	Delete
2026-01-15T13:10:39.759Z	<a href="#">SELECT (COUNT(?p) AS ?total_relaciones) WHERE { &lt;http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636&gt; ?p ?o . }</a>	1	232ms	<a href="#">X</a>
2026-01-15T13:09:11.986Z	<a href="#">PREFIX rdfs: &lt;http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#&gt; SELECT ?funcion WHERE {   ?s rdfs:label ?funcion .   FILTER regex(?funcion, "binding", ".") }</a>	2	243ms	<a href="#">X</a>
2026-01-15T13:08:15.808Z	<a href="#">PREFIX biolink: &lt;https://w3id.org/biolink/vocab/&gt; PREFIX rdfs: &lt;http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#&gt; SELECT ?enfermedad WHERE {   &lt;http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636&gt; biolink:causes_condition ?id .   ?id rdfs:label ?enfermedad . }</a>	4	305ms	<a href="#">X</a>
2026-01-15T13:07:10.296Z	<a href="#">PREFIX biolink: &lt;https://w3id.org/biolink/vocab/&gt; PREFIX rdfs: &lt;http://www.w3.org/2000/01/rdf-schema#&gt; SELECT ?lugar WHERE {   &lt;http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636&gt; biolink:active_in ?id .   ?id rdfs:label ?lugar . }</a>	3	315ms	<a href="#">X</a>
2026-01-15T13:05:42.010Z	<a href="#">SELECT * WHERE { ?s ?p ?o }</a>	39	317ms	<a href="#">X</a>

Clear history

A continuación, se muestra la ejecución exitosa de este script en el entorno del clúster:

```
[alumno05@dayhoff entrega_semantica_tau]$ Rscript consultas.R
loading required package: SPARQL
loading required package: XML
loading required package: RCurl
[1] "--- Consulta 1: Listado completo de tripletas ---"
      s
1 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_10652>
2 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_10652>
3 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_11970>
4 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_11970>
5 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_678>
6 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_678>
7 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_9255>
8 <http://purl.obolibrary.org/obo/D0ID_9255>
9 <http://purl.obolibrary.org/obo/G0_0003723>
10 <http://purl.obolibrary.org/obo/G0_0005737>
11 <http://purl.obolibrary.org/obo/G0_0005856>
12 <http://purl.obolibrary.org/obo/G0_0008017>
13 <http://purl.obolibrary.org/obo/G0_0030424>
14 <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636>
15 <http://purl.uniprot.org/uniprot/P10636>

35 <http://purl.obolibrary.org/obo/G0_0050808>
36 <http://identifiers.org/ncbigene:4137>
37 <http://purl.obolibrary.org/obo/NCBITaxon_9606>
38 <https://w3id.org/biolink/vocab/Protein>
39 Tau Protein
[1] "--- Consulta 2: Localización celular (G0) ---"
      lugar      lugar.1 lugar.2
1 Cytoplasm Cytoskeleton Axon
[1] "--- Consulta 3: Patologías relacionadas (D0ID) ---"
      enfermedad enfermedad.1 enfermedad.2 enfermedad.3
1 Alzheimer disease Pick disease Parkinsonism Frontotemporal dementia
[1] "--- Consulta 4: Funciones de tipo 'binding' ---"
      funcion      funcion.1
1 Microtubule binding RNA binding
[1] "--- Consulta 5: Conteo total de relaciones ---"
      total_relaciones
1 26
[alumno05@dayhoff entrega_semantica_tau]$
```

**Figura 6.** Ejecución del script 'consultas.R' contra el endpoint, recuperando patologías y funciones.

## 5.4 Resultado de publicación FAIRshake

La evaluación final en la plataforma FAIRshake:

## Assessments (1)



**Figura 7.** Evaluación FAIR (Cuadrado Azul) obtenida tras el registro del proyecto.

El recurso obtuvo la certificación FAIR, con el siguiente identificador:

[Assessment of RDF Dataset: Neurodegenerative Diseases \(Biolink Model\) - Alumno05 with FAIR metrics by fairmetrics.org](#)

**Blazegraph endpoint (Dayhoff UMU):** <http://dayhoff.inf.um.es:3034/blazegraph/>

Para asegurar la transparencia y reutilización, el código y el dataset se han publicado en: <https://github.com/antonioenriquecoll-design/Knowledge-Graph-Tau-Protein>.

## 6. Conclusiones

El desarrollo de esta práctica ha permitido implementar un flujo de trabajo para la gestión de datos semánticos utilizando como modelo la proteína **Tau (MAPT)**. El proceso se inició con el modelado en formato **Turtle (.ttl)** y su posterior conversión a un archivo **.rdf (RDF/XML)**, logrando un grafo final de **39 tripletas** validadas mediante el servicio del W3C. La persistencia de los datos se realizó en una instancia de **Blazegraph** alojada en el servidor **Dayhoff**, accesible mediante un **túnel SSH**. La explotación del recurso se ha verificado con la ejecución de **5 consultas SPARQL**, incluyendo la automatización de las mismas a través de un script en **R**. Finalmente, el conjunto de datos se ha publicado en **GitHub** y ha sido evaluado bajo los estándares **FAIR** en la plataforma **FAIRshake**, garantizando su interoperabilidad y capacidad de reutilización en el dominio biomédico.

## 7. Referencias

- Schriml, L. M., Arze, C., Nadendla, S., Chang, Y.-W. W., Mazaitis, M., Felix, V., Feng, G., & Kibbe, W. A. (2012). Disease Ontology: A backbone for disease semantic integration. *Nucleic Acids Research*, 40(D1), D940-D946. <https://doi.org/10.1093/nar/gkr972>
- The Gene Ontology Consortium, Carbon, S., Douglass, E., Good, B. M., Unni, D. R., Harris, N. L., Mungall, C. J., Basu, S., Chisholm, R. L., Dodson, R. J., Hartline, E., Fey, P., Thomas, P. D., Albou, L.-P., Ebert, D., Kesling, M. J., Mi, H., Muruganujan, A., Huang, X., ... Elser, J. (2021). The Gene Ontology resource: Enriching a GOld mine. *Nucleic Acids Research*, 49(D1), D325-D334. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa1113>
- The UniProt Consortium, Bateman, A., Martin, M.-J., Orchard, S., Magrane, M., Ahmad, S., Alpi, E., Bowler-Barnett, E. H., Britto, R., Bye-A-Jee, H., Cukura, A., Denny, P., Dogan, T., Ebenezer, T., Fan, J., Garmiri, P., Da Costa Gonzales, L. J., Hatton-Ellis, E., Hussein, A., ... Zhang, J. (2023). UniProt: The Universal Protein Knowledgebase in 2023. *Nucleic Acids Research*, 51(D1), D523-D531. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac1052>