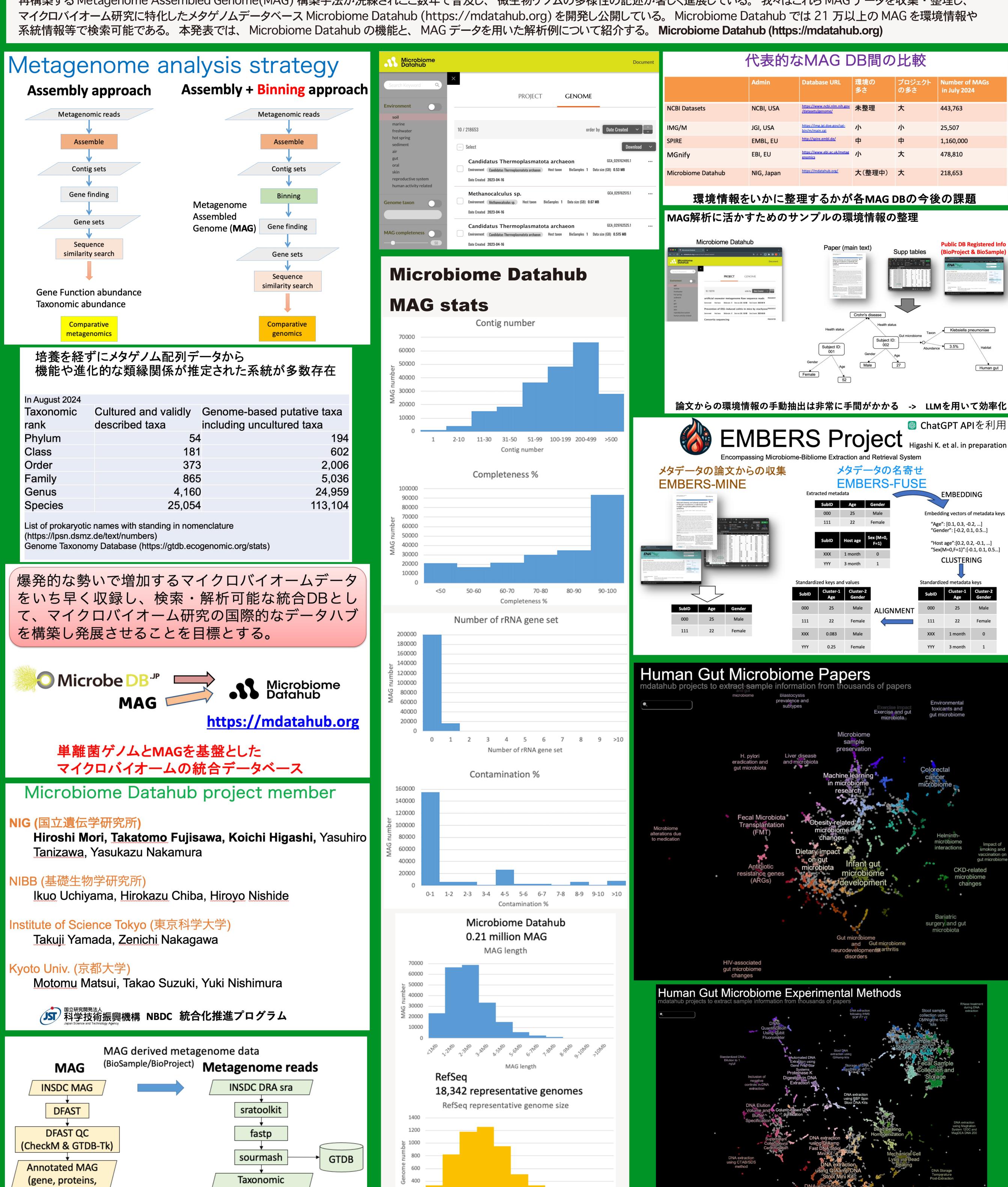
マイクロバイオーム研究を先導するハブとなる Microbiome Datahub の開発

○森宙史(遺伝研)、 藤澤貴智(遺伝研)、 東光一(遺伝研)、 谷澤靖洋(遺伝研)、 中川善一(東京科学大)、 西出浩世(基生研)、中村保一(遺伝研)、山田拓司(東京科学大)、松井求(京大)、内山郁夫(基生研)

Abstract 微生物群集をメタゲノム解析等で培養することなく解析するマイクロバイオーム研究は、 爆発的な勢いで研究が行われている。 特に、 メタゲノム配列から個別菌のドラフトゲノム配列を 再構築する Metagenome Assembled Genome(MAG) 構築手法が洗練されここ数年で普及し、 微生物ゲノムの多様性の記述が著しく進展している。 我々はこれら MAG データを収集・整理し、 マイクロバイオーム研究に特化したメタゲノムデータベース Microbiome Datahub (https://mdatahub.org) を開発し公開している。 Microbiome Datahub では 21 万以上の MAG を環境情報や



composition

25万BioSamples

200

LIMB LIAND 23MB 3 AND ASMB SEND SEND 1-SAND 8 SMB 9-10MB 720MB

taxon)

21万MAGs