

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】「マイクロバイーム研究を先導するハブを目指した微生物統合データベースの特化型
開発」

研究代表者：

森 宙史（情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 准教授）

研究分担者：

内山 郁夫（基礎生物学研究所 超階層生物学センター 准教授）

山田 拓司（東京科学大学 生命理工学院 教授）

松井 求（京都大学 化学研究所 助教）



©2025 森 宙史(国立遺伝学研究所) licensed under CC表示4.0国際

1. 研究進捗状況と成果

本研究では、Microbiome Datahub を中核データベースとして、MAG、単離菌ゲノム、表現型、環境メタデータ、オーソログ情報等を統合的に活用するためのデータ基盤整備と解析技術開発を進めた。INSDC 由来の約 21 万件の MAG データと RefSeq 由来の約 2.6 万件のリファレンス単離菌ゲノムデータを対象に、他の主要 MAG データベースとの比較解析を行い、Microbiome Datahub のデータ規模、特徴、既存 DB に対する位置づけを整理した論文を 2026 年 3 月に出版した。MAG および単離菌ゲノムの更新、SAG データの追加についても、論文出版後のデータベース反映に向けた準備を進めている。

MAG の機能アノテーションについては、約 21 万 MAG に対する MBGD オーソログ組成データを基盤に、KEGG Orthology 組成および Genomaple による KEGG Module 充足率を MAG ごとに計算し、Microbiome Datahub 上で閲覧可能にした。また、オーソログアサイン数が少なかった MAG については、高感度なプロファイル検索を用いて可能な限り機能アノテーションを行った。微生物表現型情報については、Phenotype 推定ツール Bac2Feature の論文を出版し、ツールを公開した。さらに、Bac2Feature による各 MAG の Phenotype 推定結果を Microbiome Datahub 上で提供するとともに、至適温度や至適 pH 等の表現型推定結果に基づく MAG の絞り込み検索機能を追加した。解析基盤の高度化として、BioSample および BioProject メタデータから ME0 等のオントロジークラスを高速にアサインするプログラムを開発し、9 割以上の MAG に環境情報を付与した。また、タンパク質配列類似性検索ツール PZLAST-MAG を速度面で改良し、DIAMOND や MMSeqs2 との性能評価を行って論文を投稿した。さらに、7 種類の CO₂ 固定経路の有無をゲノムから高精度に予測するツール AutoFixMark を開発し、論文を出版した。日本ゲノム微生物学会年会でユーザーミーティングを開催し、利用者ニーズを収集した。

2. 代表的な成果事例

1. Mori H, Fujisawa T, Higashi K, Tanizawa Y, Nakagawa Z, Nishide H, Fujiyoshi M, Nakamura Y, Uchiyama I, Matsui M, Yamada T. Microbiome Datahub: an open-access platform integrating environmental metadata, taxonomy, and functional annotation for comprehensive metagenome-assembled genome datasets. *Microbiome*. 2026;14(1):119. (DOI: 10.1186/s40168-026-02385-x).
概要：Microbiome Datahub の概要と他の MAG データベースとの比較解析結果についての論文
2. Kawashima S, Okabeppu Y, Miyazawa S, Ichikawa N, Nagazumi H, Nishihara Y, Nakazato T, Goto S, Kurokawa K, Ishii M, Mori H. A curated resource of chemolithoautotrophic genomes and marker genes for CO₂ fixation pathway prediction. *Sci Data*. 2026;13(1):121. doi: 10.1038/s41597-026-06655-z.
概要：化学合成独立栄養細菌が持つ CO₂ 固定経路をゲノムから予測するツール AutoFixMark の論文
3. Fujiyoshi M, Suzuki KT, Iwasaki W, Furusawa C, Matsui M. Bac2Feature: an easy-to-use interface to predict prokaryotic traits from 16S rRNA gene sequences. *Bioinform Adv*. 2025;vbaf136. (DOI: 10.1093/bioadv/vbaf136).
概要：16S rRNA 遺伝子または系統名からの Phenotype 推定ツール Bac2Feature の論文

以上