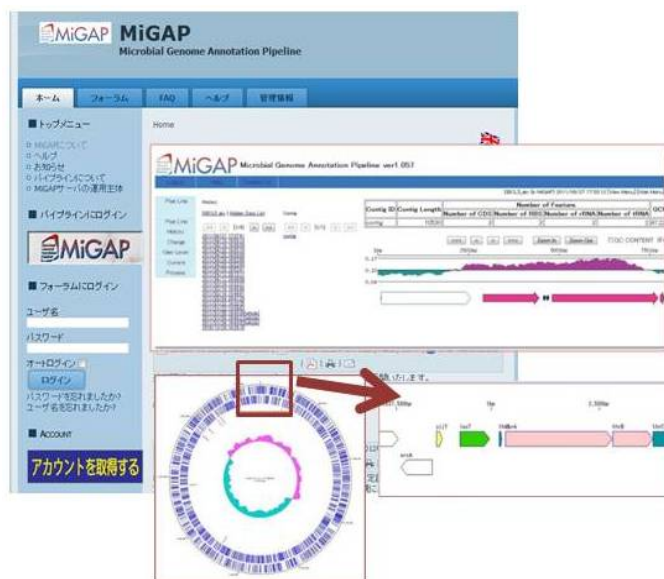


(<http://migap.org/>)

○ MiGAP とは？

微生物ゲノム配列のアノテーションを効率よく実現する情報環境を提供するサービス Microbial Genome Annotation Pipeline の略称です。マイギャップと呼んでください。2011 年にはバクテリアとアーケアに加えて菌類ゲノムの解析も可能になりました。

※2009 年 6 月～2012 年 6 月までの利用実績：
総計 2,919 件のジョブを受付、64 億塩基強を解析



○ MiGAP の特徴は？

・ ユーザーが選択できる 3 つのレベル

デフォルト設定での解析を提供する初級用のブロンズ (b-MiGAP)、パラメーターの設定を可能とする中級用のシルバー (s-MiGAP)、好みのデータベースやアルゴリズムを付加することのできる上級用のゴールド (g-MiGAP) があります。

・ 多数のコンティグからなる配列を一度に投入可能

投入するゲノム配列が多数のコンティグに分かれていても、MiGAP には一度の操作で投入することができます。この解析結果も一つのファイルにまとめることができます。

・ 解析結果をDDBJ登録形式で出力

MiGAP を用いたゲノム配列の解析結果は、数種類の形式で出力できます。たとえば、DNA Data Bank of Japan (DDBJ) など配列登録バンクが受け付ける形式でもダウンロードできます。なお、DDBJ への登録にあたっては、MiGAP からの出力データを一部編集する必要があります。

・ オンラインでマニュアルや参照データベース更新情報を提供

解析やアノテーションに利用しているデータベースの更新情報や、使い方を説明するマニュアルを用意しています。

※ MiGAP を利用するためには DDBJ サイトでの利用者登録が必要です。MiGAP トップページから「アカウントを取得する」をクリックして事前に登録作業を行ってください。

○ 何に使える？

- ・ ORF の一次スクリーニングに使用して、効率的に緻密なアノテーションに入ることができる。
- ・ 未知の微生物ゲノム配列を既知の配列と比較して理解する。
- ・ 解読した微生物ゲノムの配列データを DDBJ などに登録できる形式に自動的に変換する。

○ 今後の展開は？

- ・ ゲノム支援の枠組みで新規機能の開発に取り組んでいます

○ ご質問やご意見はこちらまで

migap@dbcls.rois.ac.jp

開発責任者：菅原秀明(国立遺伝学研究所名誉教授)



(2012 年 7 月現在 ver.4)

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター
〒113-0032 東京都文京区弥生 2-11-16 東京大学工学部 12 号館 TEL: 03-5841-6754(代表) FAX: 03-5841-8090(代表)

本サービスは、文部科学省委託研究開発事業「統合データベースプロジェクト」、同科学研究費新学術領域研究「ゲノム科学の総合的推進に向けた大規模ゲノム情報生産・高度情報解析支援」(ゲノム支援)、JST BIRD 事業、DDBJ により支援されたものです。