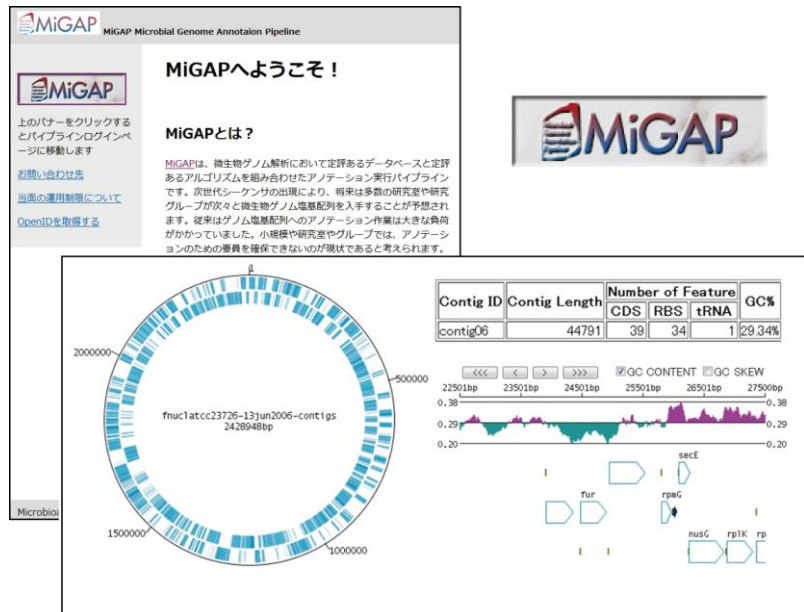


○ MiGAP とは？

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。2010年3月の時点ではバクテリアとアーケアが対象です。
 ※2009年6月～2010年2月までの利用実績：総計200件以上のジョブ



○ 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。現在は、b-MiGAP と s-MiGAP を提供しています。

・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、あるいは、Artemis などゲノムビューワーへの入力形式でもダウンロードできます。

・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ライフサイエンス統合データベースセンターの提供する OpenID の取得が必要です。

○ 何に使える？

- ・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？

- ・原核微生物だけでなく、真核微生物のゲノムアノテーションも可能にします。また、上級用のゴールド (g-MiGAP) のサービスも開始します。

○ 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)



(2010年3月現在 ver.2)