

微生物の表現型データベースの開発
Development of Microbial Phenotype database

東京大学 新領域創成科学研究科 先端生命科学専攻 永田普治研究室

藤吉真生

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、微生物の表現型データベースの開発を行なった。微生物の表現型は微生物群集と環境との関係を議論する上で重要であるにも関わらず、これまで十分な研究がされていない。そこで本研究では、微生物生態系の表現型解析を行うことを目的とする。その達成のために、微生物の表現型解析を可能にするデータベースの構築、表現型解析による微生物生態系の構成機序の分析を行った。まず微生物の配列情報と表現型情報が紐づいた大規模なデータベースを作成したのち、表現型を推定する際に最適な手法の探索を行なった。推定が難しい表現型については何が推定を困難にしているのかを詳しく調べた。また、表現型データベースとして公開するために、ウェブインターフェースを開発した。研究成果は国際雑誌に発表した。また外部データベース Microbiome Datahub との統合を行い、そちらも共同著者として国際雑誌に発表した。

発表論文(謝辞なし)

- ・Fujiyoshi et al., 2025, Bioinform. Adv. “Bac2Feature: an easy-to-use interface to predict prokaryotic traits from 16S rRNA gene sequences”
- ・Mori et al., 2026, Microbiome, “Microbiome Datahub: an open-access platform integrating environmental metadata, taxonomy, and functional annotation for comprehensive metagenome-assembled genome datasets”