

課題名	日本産愛玩由来 JF1/Ms 系統の高精細ゲノム情報整備
課題管理者	高田 豊行 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター
実施期間	2017 年度
概要・実施体制	<p>実験動物マウスは、生命・医学研究に不可欠な哺乳動物のバイオリソースです。国立遺伝学研究所（遺伝研）は、世界中で汎用される C57BL/6J（B6）系統とは遺伝的起源が異なる野生由来系統を含んだ「ミシマバッテリー」を樹立しました。これらは、理研 BRC や遺伝研を通して広く研究コミュニティに提供され、様々な研究に活用されています。その中で、愛玩マウス由来 JF1/Ms（JF1）系統は、我々が行ったゲノム解析から、その祖先が複数の汎用実験用マウス系統の成立に関与し、表現型にも大きな影響をおよぼしている可能性が示唆されています。我々は、以前より JF1 のゲノム多型情報を整備し、データベースを通じて公開してきました。本ゲノム情報等整備事業では、新たに 1 分子リアルタイム DNA シーケンサーによる JF1 のゲノム解析とデータの公開を行います。これにより、SNP などの既存の多型情報に加えて、複雑なゲノム構造多型を考慮した「より正確な JF1 のゲノム参照配列」の整備が進み、「正しい参照配列」として研究コミュニティの多面的な研究に貢献します。なお、本プログラムにより得られたデータの公開は、遺伝研のマウスゲノムデータベース"NIG_MoG2"を通じて行います。</p>
成果	<p>【概要】</p> <p>本事業の目的は、実験動物「マウス」を対象にして、日本産モロシヌス亜種に由来する近交系である愛玩由来 JF1/Ms（JF1）系統のゲノム構造を考慮した「正しい参照配列（プラチナゲノム）」を整備、公開することである。そのため、従来のゲノム解析機器と比較して、長鎖解読が可能で、難解読ゲノム領域を高い確度で構造決定できる PacBio 社製ゲノム解析機器による「1 分子リアルタイム（SMRT）シーケンス」などを活用して JF1 系統のゲノム解析を行った。まず、国立遺伝学研究所で維持している JF1 系統より高分子 DNA を取得し、品質検査を行ったのち、ゲノムライブラリを作製した。このライブラリを用いて SMRT シーケンスによるゲノム解析を行った。また、プラチナゲノムの整備のためのデノボアセンブリを効果的に行うために、イルミナ社製ゲノム解析機器による短鎖読みのゲノム情報も得た。SMRT シーケンスによるゲノム解析に関しては、最終的に総塩基数 103.74Gb のデータを得た。これはマウスゲノム（2.73Gb）の約 38 倍の量であり、本整備の「ゲノムの 20-30 倍量のデータを得る」という目標を超える結果を得た。次に、SMRT シーケンスと同様に、JF1 のゲノム DNA を使用して、短鎖読みのためのペアエンドリードおよびメイトペアリードに対応したゲノムライブラリを作製した。これらを用いたイルミナ社製ゲノム解析機器による解析の結果、ペアエンドリードは 250bp のリード長でマウスゲノムの約 104 倍のデータを得た。また、メイトペアリードは、長さの異なる複数のライブラリを作製して解析を行い、最終的にマウスゲノムの約 48 倍のデータを得た。これらのデータは今後整備する JF1 系統の「プラチナゲノム」のアセンブルを効果的に行うために、現時点で十分な量である。本課題は、国立遺伝学研究所の生命情報研究センター比較ゲノム解析研究室および先端ゲノミクス推進センター、さらに情報・システム研究機構データサイエンス共同利用基盤施設ゲノムデータ解析支援センターと共同で実施した。 なお、すべての生データは、DDBJ へ登録済みである（DRA006630）。</p>