◀ 前に戻る

◆ 検索画面に戻る

研究課題情報

研究課題名	日本産疾患モデルマウス系統の長鎖解読によるゲノム情報整備
課題管理番号	20km0210169j0001
統合プロジェクト	<u>ゲノム・データ基盤プロジェクト</u>
事業名	<u>ナショナルバイオリソースプロジェクト</u>
タグ (2020)	<u>/研究の性格/その他</u> / <u>開発フェーズ/基礎的</u> / <u>対象疾患/該当なし<対象とする疾患なし></u>
代表研究機関	国立研究開発法人理化学研究所
研究代表者	(2020) <u>高田豊行</u> , 国立研究開発法人理化学研究所, 国立研究開発法人理化学研究所バイオリソース研究センター統合情報開発室・開発研究員
研究期間	2020年度-2020年度
課題への総配分額	8,250

8,250

2020年度

研究概要 (2020)

(単位:千円)

本課題の当年度目的は、NBRP実験動物マウスの中核機関である理研BRCに寄託され、提供実績のある疾患 及び健常モデルのマウス近交系統5種類を対象にして、長鎖解読によるゲノム情報整備を行うことである。対 象とする近交系統は、日本で開発されたか、あるいは、理研BRCが唯一の提供機関となっている系統であ る。対象とするマウス近交系統のゲノム情報整備を行うため、PacBio社製のゲノム解析機器を使用して、 「1分子リアルタイムシーケンス(SMRTシーケンス)」による長鎖の配列解読を行う。さらに、アセンブリ配 列の補正と検証に利用するため、イルミナ社製ゲノム解析機器による短鎖配列解析も行う。以上により、当 該マウス近交系統を対象にして、高精細な構造多型を含むゲノム多型情報を整備することが可能になる。

研究成果情報

【成果報告書】

- 成果の概要

本課題は、NBRP実験動物マウスの中核機関である理化学研究所バイオリソース研究センター(理研BRC)に寄託され、提供実績のある疾患及 び健常モデルのマウス近交系統5種類を対象にして、長鎖配列解析によるゲノム情報整備を行うことを目的としている。対象とする近交系統 (略称;疾患モデル)は、FLS/Shi(FLS;非アルコール性脂肪肝炎)、NC/Nga(NC;アトピー性皮膚炎)、STR/OrtCrlj(STR;遺伝性変 形性関節症)、日本産モロシヌス亜種由来のJF1/Ms(JF1; ヒルシュスプルング病 [厚労省指定難病291])、ならびに同亜種由来のMSM/Ms (MSM;健常型)である。これらは、日本で開発されたか、あるいは、現時点で理研BRCが唯一の提供機関となっている系統である。

本整備では、まずFLS、NC、STR系統の各個体より試料を収集し、それらを使用して高分子DNAを精製した。JF1およびMSMについては、 凍結保存試料より高分子DNAを精製した。高分子DNAは品質検査を行ったのち、長鎖配列解析および短鎖配列解析に用いるライブラリをそれ ぞれ作製して解析を行った。長鎖配列解析により、NCは330.5 Gbp、FLSは306.0 Gb、STRは367.0 Gbp、JF1は315.4 Gbp、MSMは 365.3 Gbpのデータを得た。次に、短鎖配列解析を行い、NCは260.5Gbp、FLSは257.2Gbp、STRは252.2Gbp、MSM は244.0Gbpのデ 一夕を得た。JF1の短鎖配列解析データについては、申請者が2017年度に同整備事業で取得したものを利用する。以上、長鎖配列解析および 短鎖配列解析とも、申請時の目標を超える成果(長鎖配列解析はゲノムの100倍程度、短鎖配列解析はゲノムの60倍程度)を得た。以上のデ ータは、表記5系統の高品質ゲノム情報を効果的に整備するために、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。また、理研BRC実験動物開発室およびマウス表現 型解析開発チームの協力を得た。すべてのゲノム解析データは、DDBJに登録済みである(DRA011245)。

	1		

1.Masuya H, Usuda D, Nakata H, Yuhara N, Kurihara K, Namiki Y, Iwase S, Takada T, Tanaka N, Suzuki K, Yamagata Y, Kobayashi N, Yoshiki A, Kushida T. Establishment and application of information resource of mutant mice in RIKEN BioResource Research Center. Laboratory Animal Research 2021, 37(1) 6. doi:10.1186/s42826-020-00068-8.



- 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター

1.MoG+: 効果的な実験動物学推進のためのマウスゲノム多型データベース, 高田豊行, 福多賢太郎, 近藤伸二, 野口英樹, 豊田 敦, 城石俊彦, 桝屋啓志, 第67回日本実験動物学会総会, 2020/5/23-25, 国内, 誌上開催	国内 /
2.マウスゲノム多型データベースMoG+(モグプラス) の機能拡張, 高田豊行, 櫛田達矢, 城石 俊彦, 桝屋啓志, 日本遺伝学会第92回大会, 2020/9/16-18, 国内, 誌上開催	国内 /
3.MoG+: 理研BRCマウスゲノム多型データベース, 高田豊行, 櫛田達矢, 城石俊彦, 桝屋啓志, トーゴーの日シンポジウム2020, 2020/10/5, 国内(オンライン), ポスター発表	国内 / ポスター
4.MoG+:実験動物学推進のためのマウスゲノム多型データベース, 高田豊行, 櫛田達矢, 城石俊彦, 桝屋啓志, 第43回日本分子生物学会年会, 2020/12/1-3, 国内(オンライン), ポスター発表	国内 / ポスター

更新日:2023-02-09