



実験動物マウス (*Mus musculus*)

- ・哺乳動物のモデルであり、複数の亜種に由来する複合種
- ・ゲノム編集をはじめとした各種遺伝子改変動物の作製、およびそれらの解析による、疾患、表現型研究に多用されている
 - ヒト疾患モデル
疾患と共通の症状、または共通の遺伝子変異を有する
 - 世界各地で捕獲された野生マウスに由来する系統
人類の遺伝的多様性とその役割を研究することが可能
 - 遺伝子改変マウス（ゲノム編集などによる）
 - 特定の細胞や分子に、蛍光、発光標識を導入して生命現象の可視化が可能
 - 部位特異的に遺伝子操作を行うことが可能で、細胞や組織、臓器における遺伝子機能が解析可能

○高田豊行¹、臼田大輝¹、櫛田達矢¹、城石俊彦²、梶屋啓志¹

1. 理研BRC統合情報開発室、2. 理研BRCセンター長室

ゲノム情報（塩基配列の計測情報）は、遺伝子、アミノ酸の配列のみならず、遺伝子発現やその制御機構（クロマチン、転写制御、エピジェネティクスなど）の理解に利用可能。また、細胞、ウイルスなどの存在、分布、生物種（内）の多様性の判定に有効。

実験動物マウスのゲノム情報は

- ・生物多様性や進化、さらには様々な生命現象の理解のために重要な総合情報
- ・医学生物学研究的戦略立案や、その効果的な遂行に必須



日本産野生由来系統のゲノム情報の重要性（次項）

1

BRC NBRP中核機関「実験動物マウス」

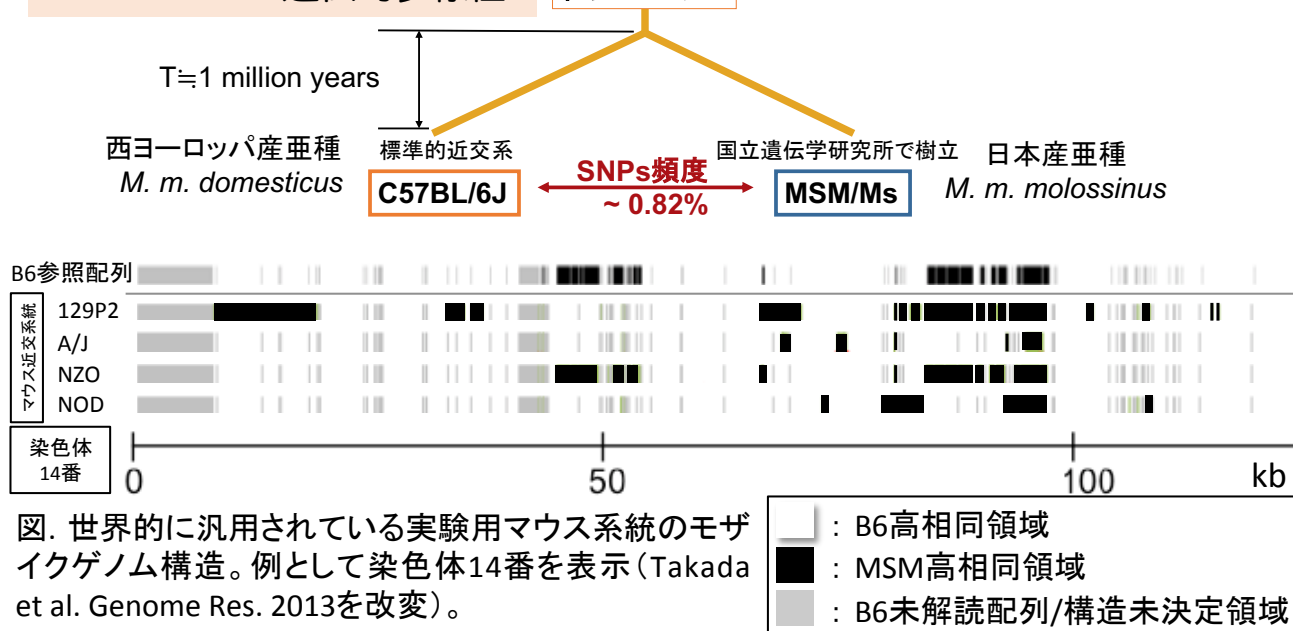
- ・約9,000種類のマウス系統を維持、保存、提供（実験動物開発室）



日本産野生由来系統のゲノム情報の重要性

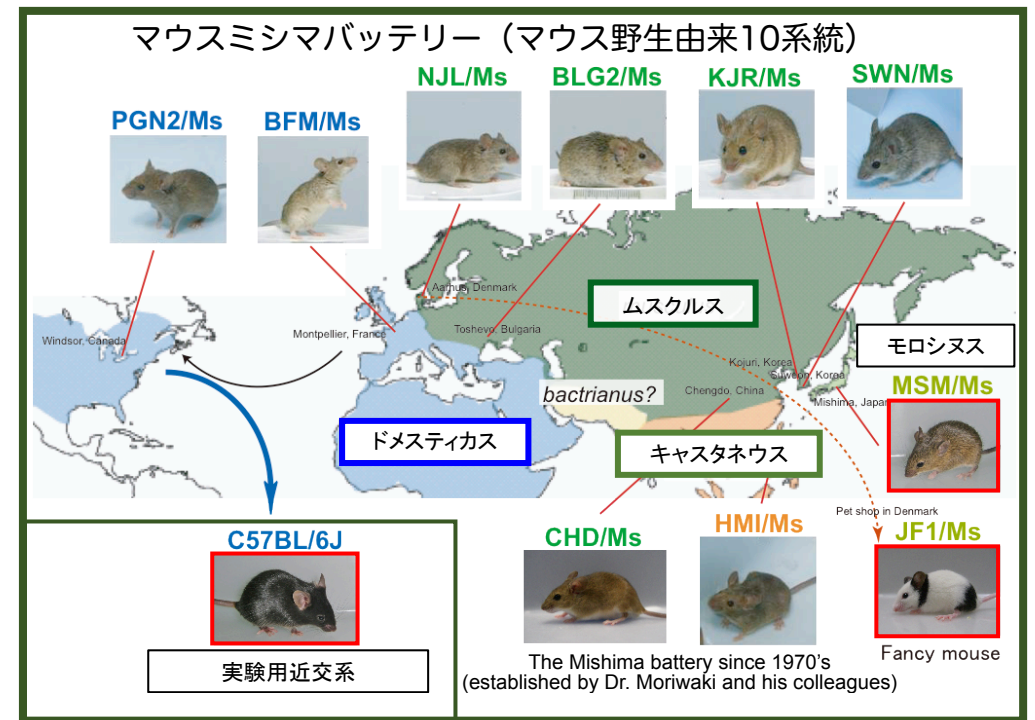
B6とMSM の遺伝的多様性

祖先型マウス



実験動物マウスのゲノムはモザイクである

マウス基準系統のゲノムの一部は日本亜種由来であり、マウス基準系統を特徴づける疾患感受性や体質の表現型の一部は、日本亜種由来のゲノム多型が原因となっている可能性が高い



理研BRCから提供可能な実験動物マウス (例; 野生由来近交系統)

疾患や表現型に関わる責任遺伝子同定など、各種の研究に、複数の亜種由来マウス系統のゲノム (多型) 情報が貢献する

データベース化して公開



MoG+ mouse Genome database with high added value

VariantTable SequenceCutter Blast Download Download NBRP Genome Citing MoG+ Previous ver (NIG_MoG data)

enter gene symbol Search

Input browse region

Chr: 1 Position: - (kb)

Region: e.g. chr17:36,921,370-36,993,327

Click anywhere on the chromosome to browse MapViewer

Mouse Genomes

MoG+ (pronounce, móg p/ás), mouse genome database with high added value, provides visualized mouse genomic variation focuses on comparison between inbred mouse strains established in Japan (JF1/Ms etc), and frequently used classical inbred strain such as C57BL/6J (whose genome is predominantly derived from the West European subspecies *M. m. domesticus*). MoG+ is renewed edition of NIG_MoG that developed by KAKENHI (Grant-in-Aid for Scientific Research) on Priority Areas "Comparative Genomics" and the National BioResource Project (NBRP) "Genome" from the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology of Japan.

Genome information upgrading and maintenance of the database carried out in collaboration with

Mouse strains on the database

Wild-derived inbred strains

Mishima Battery (since 1970)

BFM/2Ms NJL/Ms KJR/Ms
PGN2/Ms BLG2/Ms SWN/Ms
CHD/Ms MSM/Ms
HMI/Ms JF1/Ms

Laboratory Mouse

JF1/Ms (RBRC00639) is an inbred strain established from fancv mice found at a pet

References

Takada et al. 2013, 2015

Related Sites

NIG Mouse BRC EXPERIMENTAL ANIMAL DIVISION RIKEN BRC

If you have any question, please contact to WWW administrator.
Copyright © 2020 Integrated Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Research Center

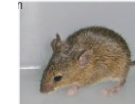
MoG+ (モグプラス; mouse genome database with high added value) は、実験動物「マウス」のゲノム多型を収集、整理、公開するデータベース。現在、理研BRCから入手可能な野生由来10系統の全ゲノム（オリジナルデータ）、および公共データ（36種類の近交系統）の塩基多型情報を搭載

コンテンツの一例
(遺伝子上にある塩基置換や、アミノ酸置換の目視が可能)

C57BL/6J



MSM/Ms



-P--S--I--H--P--A--Q--S--E-
CCATCCATCCATCCAGCACAATCAGAG
CCATCCATCCAGCCAGCACAATCAGAG
-P--S--I--Q--P--A--Q--S--E-
Histidine -> Glutamine

ミシマバッテリーのゲノム多型情報

> 4.5千万
SNPs/Indels sites

vs. C57BL/6J
(GRCm38/mm10)

Takada et al. 2021

国立遺伝学研究所先端ゲノミクス推進事業、科研費・特定領域「ゲノム」支援、NBRPゲノム情報等整備プログラム@ 国立遺伝学研究所城石研究室

疾患、集団遺伝学など広範な研究コミュニティ向け



1. 疾患関連情報とモデルマウス検索機能の強化

データベースに付帯する各種機能、データダウンロードページ、チュートリアルなどのリンク

遺伝子記号をクエリにして検索し、遺伝子情報を取得

遺伝子記号をクエリにして検索し、マウス系統検索結果を取得

染色体上の位置情報をクエリにしてマップ情報を取得

ミシマバッテリー
Adam & Eveの地理的分布

ミシマバッテリー系統の解説

関連リンク

MoG+ (pronounced: mōg pŕs), mouse genome database with high added value, provides visualized mouse genomic variation focuses on comparison between inbred mouse strains established in Japan (JF1/Ms etc), and frequently used classical inbred strain such as C57BL/6J (whose genome is predominantly derived from the West European subspecies M. m. domesticus). MoG+ is a renewed edition of NIG MoG that developed by RIKEN-HI (Grant-in-Aid for Scientific Research) on Priority Areas "Comparative Genomics" and the National BioResource Project (NBRP) "Genome" from the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology of Japan.

Genome information upgrading and maintenance of the database carried out as collaboration with

Mouse strains on the database

Wild-derived inbred strains

Mishima Battery (since 1970)

BFM2/Ms NJL/Ms KJR/Ms SWN/Ms

PGN2/Ms CHD/Ms MSM/Ms

Laboratory Mouse HMI/Ms JF1/Ms

References

Takada et al. 2013, 2015

Related Sites

NIG Mouse BRC Experimental Animal Division RIKEN BRC

If you have any question, please contact to WWW administrator.
Copyright © 2020 Integrated Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Research Center

遺伝子情報 (遺伝子記号「Wnt4」の検索結果)

遺伝子情報へのリンク 他の公共DBへのリンク

ヒト疾患関連遺伝子、遺伝子機能情報へのリンク

理研BRCから供出可能なマウス系統のリスト 遺伝子のある染色体上のマップへのリンクと塩基配列の取得

Wnt4

Gene Symbol	Type	Cross Reference
Wnt4	Gene	CCDS18815.1
Wnt4	Transcript	ENSMUST000000036856
Wnt4	Protein	ENSMUST000000036856
Wnt4	Ensembl Orthologues	ENSMUST000000036856

Related Human Gene: WNT4 (Ensembl, HGNC)

Gene Symbol	Disease ID	Disease Name	Score
WNT4	C2678492	Sex Reversal, Female, With Dysgenesis Of Kidneys, Adrenals, And Lungs	0.7
WNT4	C2678494	Mullerian Aplasia and Hydrandrogenism	0.7
WNT4	C0677886	Epithelial ovarian cancer	0.41
WNT4	C0013336	Dwarfism	0.3
WNT4	C0376358	Malignant mesothelioma of prostate	0.3

Links to BioResources

No	BRC No	Resource Name	Location
1	RBRC02719	B6;BG02-Tg(MLC-Wnt4)1.28Mni	4:137,277,680 - 137,296,779 (plus)
2	RBRC02824	B6;BG02-Tg(MLC-Wnt4)1.202Mni	

Location Detail

MapView Link: narrow broad

Sequence Manipulation: get sequence

TOGOVAR 日本人ゲノム多型とその頻度、疾患との関連性のデータベース

遺伝子の詳細情報と塩基配列比較などのリンク (重要)

マウス系統の検索結果 (理研BRCから供出可能な系統を表示)

Find Mouse Strain Available for Supply

Gene Symbol "Wnt4"

Search using other gene symbols

2 records

BRC No.	Strain name	Gene symbol	Strain type	Application
RBRC02719	B6;BG02-Tg(MLC-Wnt4)1.28Mni	Tg(MLC-Wnt4)1.28Mni	Transgene Congenic	
RBRC02824	B6;BG02-Tg(MLC-Wnt4)1.202Mni	Tg(MLC-Wnt4)1.202Mni	Transgene Congenic	

NBRP中核機関「実験動物マウス」
9,000種以上のマウス系統を維持、保存、提供 (実験動物開発室)

TogoVarの
情報にリンク
(日本人の疾
患関連ゲノム
多型)

塩基レベルの
相互比較困難

WNT4

Results The number of available variations is 1,178 out of 1,178.

TogoVar ID	RefSeq ID	Position	Ref / Alt	Type	Gene	Alt frequency	Consequence	SIFT	PolPhen
txd598438	rs756520677	1:22448054	G / C	SNV	WNT4		Missense variant		
txd598437	rs754592355	1:22448056	G / T	SNV	WNT4		Synonymous variant		
txd598438	rs721165935	1:22448062	G / T	SNV	WNT4		Synonymous variant		
txd598439	rs758187239	1:22448063	G / C	SNV	WNT4		Missense variant		
txd598440	rs779851559	1:22448066	G / A	SNV	WNT4		Missense variant		
txd598441		1:22448075	G / A	SNV	WNT4		Splice region variant		
txd598442	rs751085764	1:22448080	G / A	SNV	WNT4		Intron variant		
txd598443		1:22448085	G / C	SNV	WNT4		Intron variant		
txd598444		1:22448088	G / A	SNV	WNT4		Intron variant		
txd598445	rs75481542	1:22448093	G / A	SNV	WNT4		Intron variant		
txd598446	rs781214566	1:22448100	G / A	SNV	WNT4		Intron variant		
txd598447	rs747994985	1:22448111	G / C	SNV	WNT4		Intron variant		
txd598448	rs769685831	1:22448113	T / G	SNV	WNT4		Intron variant		

参照: <https://togovar.biosciencedbc.jp/?term=WNT4>

将来、ヒトマウスで比較可能な疾患関連多型情報を掲載して疾患研究に最適な実験用マウス系統の選択をアシスト

疾患研究に有用な情報の提供や、最適なバイオリソースの提案





2. 疾患研究コミュニティに提供する情報の高付加価値化

各種のマウス
近交系統

例) 各種転写制御関連ゲノム領域とマウスゲノム多型の並列表示を可能にする基盤の構築（統合化推進プログラム（2022~）の一部として実施中）

統合化推進プログラム（2022~）

統合的な転写制御データ基盤の構築

ゲノム座標情報と塩基多型 (MoG+; VariantTable)

Present Region : 17:37,011,213-37,023,398

Download tsv file

Browse on Map View

	3701214	3701303	3701305	3701328	3701338	3701403	3701527	3701607	3701651	3701654	3701662	3701663	3701684	3701713	3701754	3701802	3701829	3701847	3701856	3701871	3701874
Mog (gene)																					
Mog (mRNA)																					
Mog (CDS)																					
Mog (mRNA)																					
Mog (CDS)																					
Gm22388 (gene)																					
C57BL/6J	A	C	T	G	G	A	C	G	A	T	G	G	T	G	G	C	C	A	T	C	T
MSMv4	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
JF1v3	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
KJRv1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SWNv1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CHDv1	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NJLv1	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BLG2v1	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HMIv1	-	-	-	-	T	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BFMv1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PGN2v1	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
129P2/OlaHsd	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
129S1/SvImJ	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
129S5/SvEvBrd	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
AKR/J	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BALB/cJ	-	-	-	T	A	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-
BTBR T+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
lpr3/J	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BUB/BnJ	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C3H/HeJ	-	-	-	T	A	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-
C57BL/10J	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C57BL/6NJ	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CAST/EiJ	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
DBA/1J	-	-	-	T	A	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-
DBA/2J	-	G	C	-	-	G	A	-	-	C	-	-	-	-	-	-	T	T	-	-	G
FVB/NJ	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ILN/J	-	G	C	-	-	G	A	-	-	C	-	-	-	-	-	-	T	T	-	-	C
KKH/J	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
LEWES/EiJ	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

進行中

統合化推進プログラム

2022年度採択

粕川 雄也

理化学研究所 生命医科学研究センター チームリーダー

転写制御の総合的理解をサポートするため、シスエレメント・トランス因子・エピゲノミクスデータを統合したデータ基盤を構築する。本データ基盤は同一染色体上で遺伝子の発現の調節に関わるゲノム中の領域であるシスエレメントについて、その領域や細胞の種類・状態毎のシスエレメント領域の活性状態を同定して収録したシスエレメントデータベースと、シスエレメントに結合するトランス因子や関連するエピゲノミクス情報を提供するChIP-Atlasで構成され、相互連携したビューを提供する。

<https://biosciencedbc.jp/funding/project/22677335.html>

表記プログラムの基盤構築の一部として、理研BRCから入手可能な野生由来10系統の全ゲノム、および公共データ（36種類の近交系統）の塩基多型（SNPs & Indels）情報を対象にした情報統合作業が進行中



3. 最新のゲノム多型情報などコンテンツのアップデートに注力

最新のゲノム多型情報の追加

例) ゲノム構造多型について

理研BRCから提供可能な実験動物マウスの長鎖解読によるゲノム情報整備
 令和2年度 AMED - NBRP ゲノム情報等整備事業
 「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」

内容：BRC提供マウス系統5種類 (BRC5)のLong-read解析を利用したゲノム多型解析
 解析系統 MSM/Ms (MSM；健常型)

JF1/Ms (JF1；ヒルシュスプルング病 [指定難病291])
 ：日本産亜種に由来する健常・疾患系統のゲノム情報整備による
 ヒト地域集団のモデル化

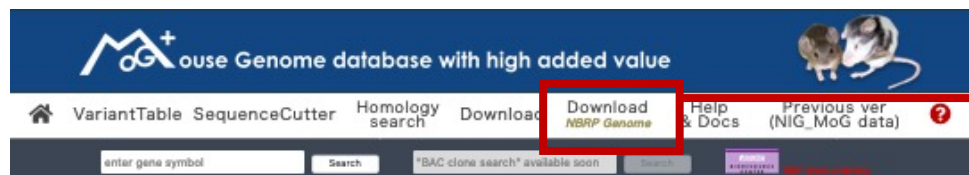
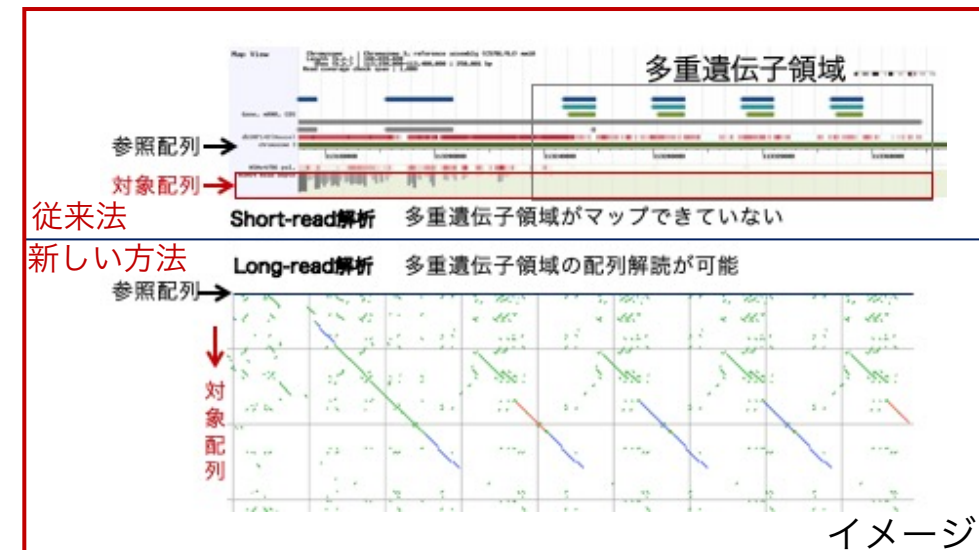
NC/Nga (NC；アトピー性皮膚炎、日本で樹立)

FLS/Shi (FLS；非アルコール性脂肪肝炎、日本で樹立)

STR/OrtCrlj* (STR；遺伝性変形性関節症、米国で樹立)

：理研BRCから提供可能な野生由来を含む近交系統99種から提供実績のある系統

ゲノム長鎖解読を行う必要性、意義
 [従来は困難だったゲノム構造多型の観測が可能に!]



ゲノム配列やゲノム多型データの公開予定



まとめ

マウスゲノム多型データベースMoG+の付加価値向上と、各種データの統合による生命現象の総合的理解など、研究コミュニティへの貢献を目指して、以下の高度化を推進しています

1. ヒト疾患関連情報、理研BRCから入手可能なリソースなどのコンテンツの追加
2. 外部dbとの連携を強化
3. 継続した最先端ゲノム情報の付加

謝辞

豊田 敦	国立遺伝学研究所比較ゲノム解析研究室/国立遺伝学研究所先端ゲノミクス推進センター
野口英樹	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 / 国立遺伝学研究所先端ゲノミクス推進センター
近藤伸二	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 / 国立遺伝学研究所先端ゲノミクス推進センター
馬場知哉	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 / 国立遺伝学研究所先端ゲノミクス推進センター
宮澤秀幸	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
福多賢太郎	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
川本祥子	国立遺伝学研究所系統情報研究室
三橋 信孝	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/ライフサイエンス統合データベースセンター
片山 俊明	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/ライフサイエンス統合データベースセンター
川島 秀一	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/ライフサイエンス統合データベースセンター
小幡 裕一	理化学研究所バイオリソース研究センター
田村 勝	理化学研究所バイオリソース研究センター マウス表現型解析開発チーム
三浦郁生	理化学研究所バイオリソース研究センター マウス表現型解析開発チーム
吉木 淳	理化学研究所バイオリソース研究センター 実験動物開発室

国立遺伝学研究所DNA Data Bank of Japan (DDBJ) スパコン

科研費 (22K06061)

科研費・特定領域「ゲノム」支援

国立遺伝学研究所先端ゲノミクス推進事業

NBRPゲノム情報等整備プログラム (2016, 2017, 2020年度)

情報・システム研究機構新領域融合プロジェクト(生命システム)

統合化推進プログラム (JPMJND2202)

ROIS-DS-JOINT (039RP2022)