Update of the Mouse Genome Variation Database MoG+ Reflecting the Results of ROIS-DS-JOINT

Toyoyuki Takada Integrated Bioresource Information Division RIKEN BRC

https://molossinus.brc.riken.jp/mogplus/



我々は実験動物マウスを対象にして、複数の亜種に由来する野生由来近交系統の比較ゲノム解析から見出した4千万種以上の単塩基多型などのゲノム多型情報をデータベースMoG+(モグ プラス:https://molossinus.brc.riken.jp/mogplus/)から公開している。MoG+を利用することで、ウエット研究者は多数のマウス系統を対象にして、塩基多型やアミノ酸置換情報を簡単に探索することができる。MoG+にはこれに加えて、遺伝子シンボルを利用したヒト疾患情報へのリンク、疾患モデルマウスの検索機能などが搭載され、理研BRCから入手可能なマウス系統の有無を検索することができる。今回MoG+は、ROIS-DS-JOINTの成果を含む長鎖ゲノム解読などによる構造多型情報を追加して機能向上を行った。MoG+はこれ以外にも、汎用マウス系統の公開ゲノム多型情報、ヒト疾患関連ゲノム多型情報、転写制御に関わる cis 制御領域へのリンク機能の向上など、医学生物学分野の研究に資する機能拡張を適宜行っている。

A ChIP-Atlas

https://chip-atlas.org

Public Epigenetic dataset

Bisulfite-Seq data

DNase-Seq

ATAC-Seq

fanta.bio

Cis-regulatory-element (CREs)

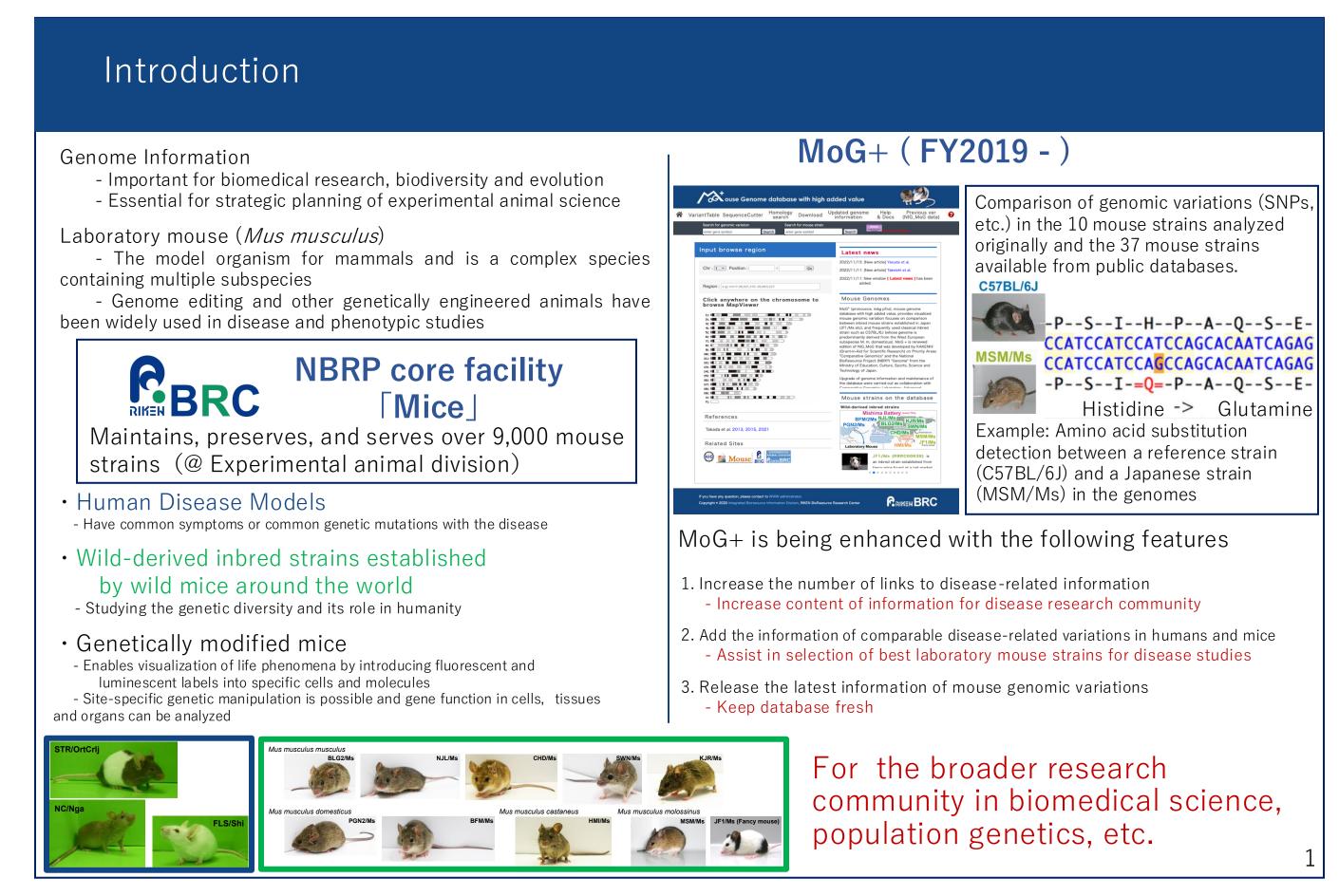
Non-human primate

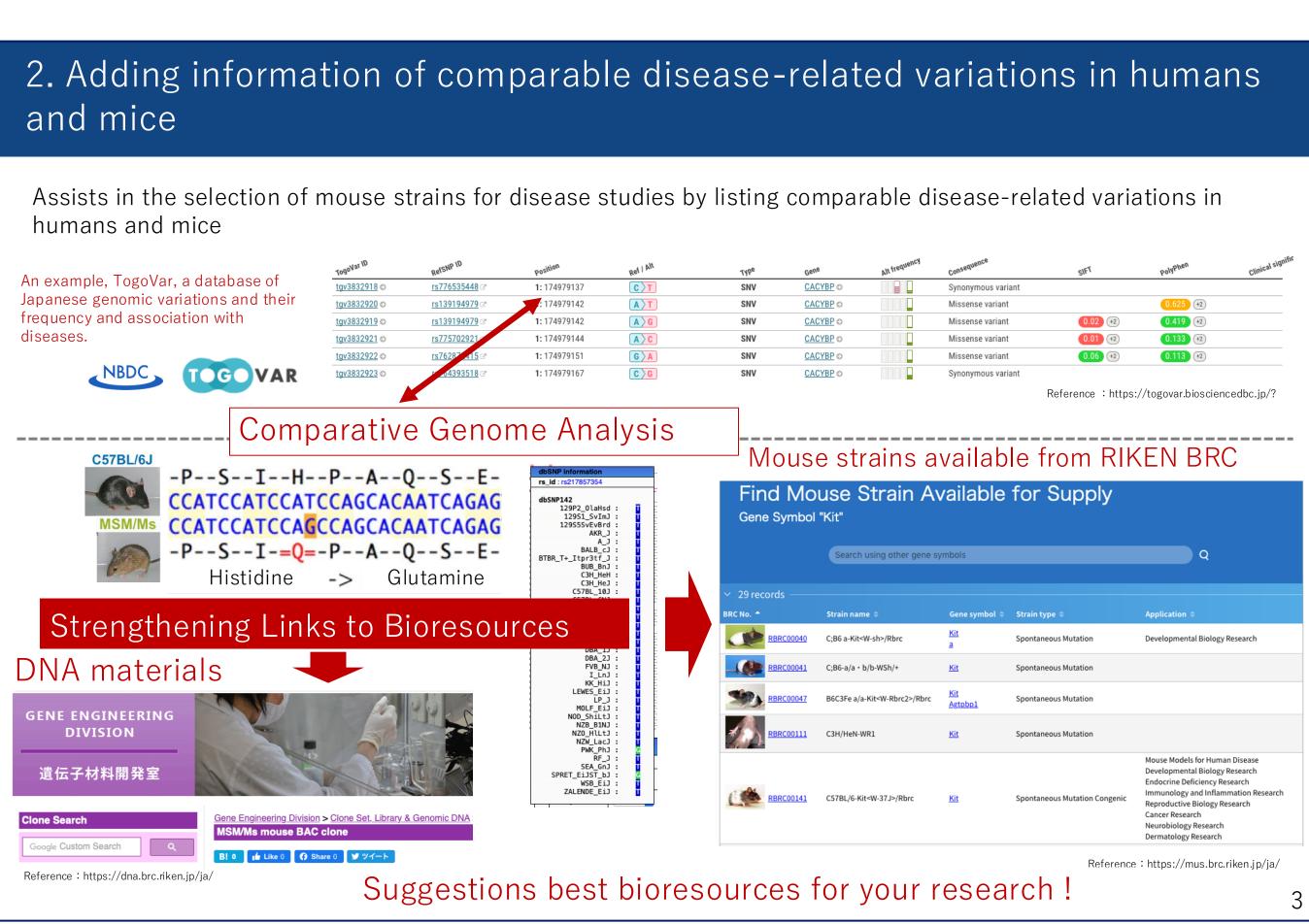
Cis-element activity by cell type

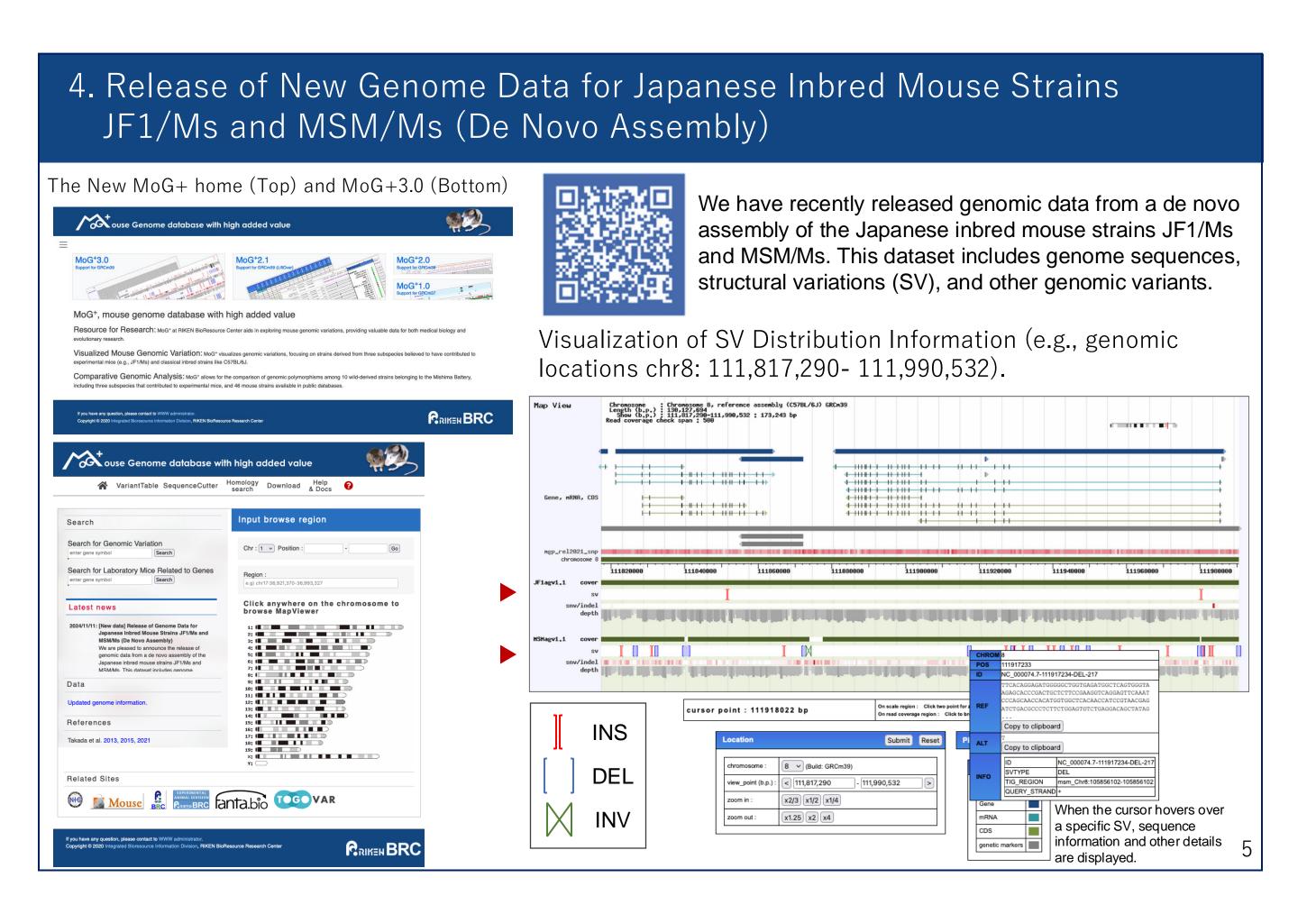
explore candidate transcription factors with binding potential

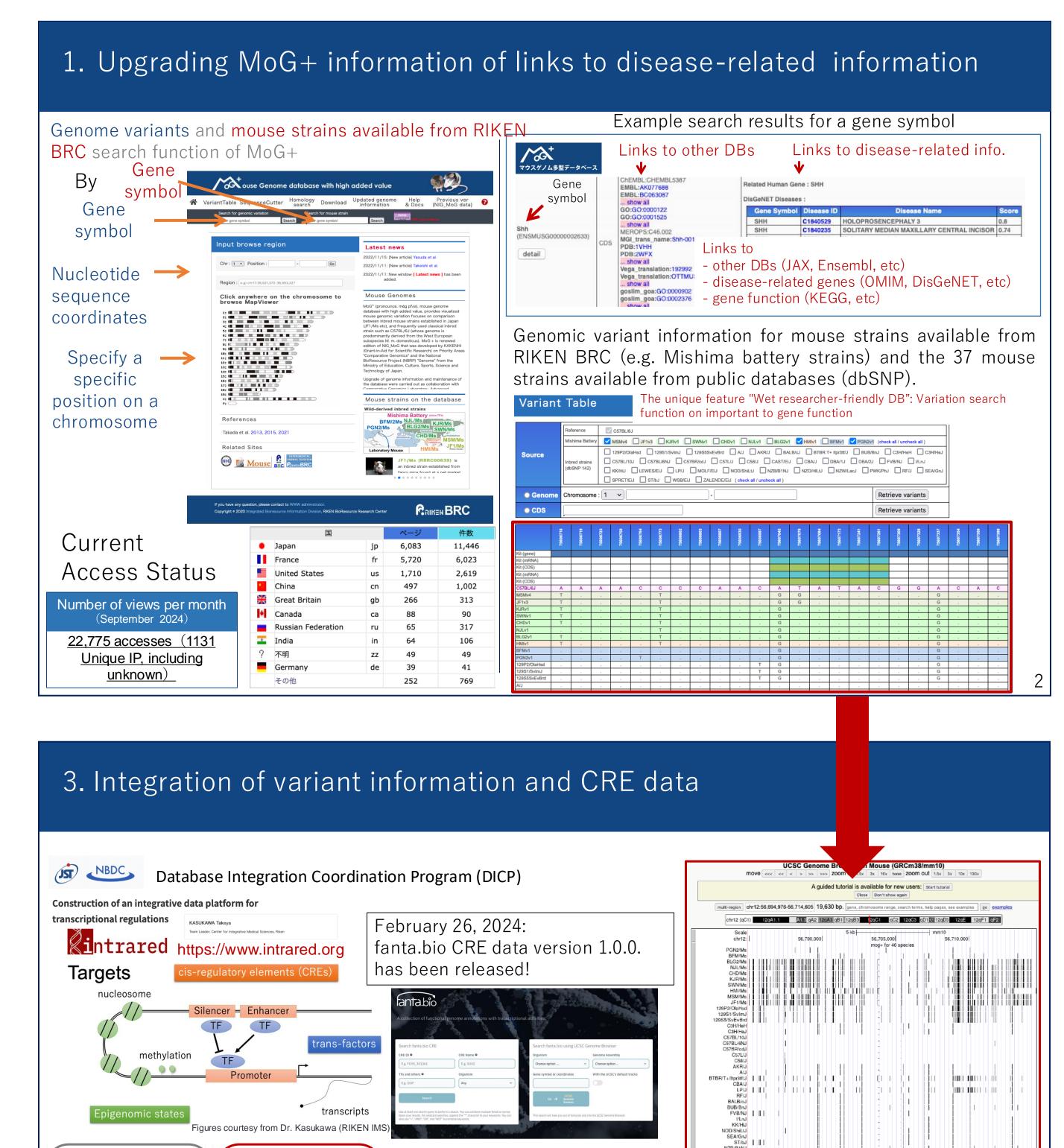
https://fanta.bio

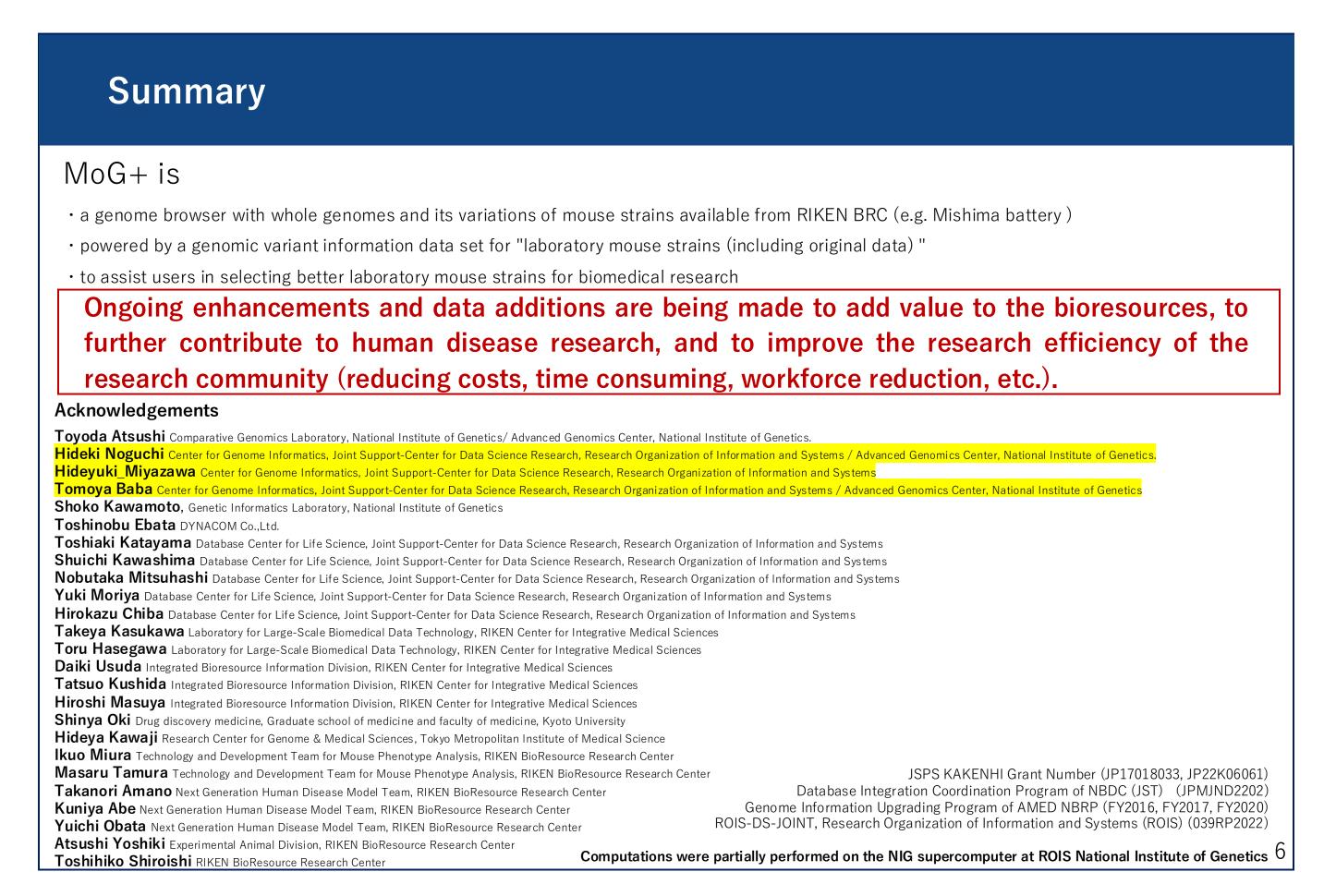
Mouse











Users can leverage genomic polymorphisms in CRE (cis-regulatory element) regions and