



マウス表現型知識化研究開発ユニット



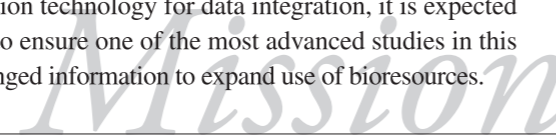
ユニットリーダー 榎屋 啓志 (理博)
Hiroshi MASUYA, Ph.D.

Technology and Development Unit for Knowledge Base of Mouse Phenotype

ミッションと事業概要

バイオリソースは科学技術・イノベーションの礎であり、リソースの情報発信は極めて重要な要素である。近年、情報の統合化技術が発展したことで、研究リソースへのアクセスを従来に比べて大きく改善できるようになりつつある。当ユニットは、この分野において最先端の研究開発を行い、リソースに関わる膨大かつ多様な情報を整理統合し可視化することで、我が国のライフサイエンス的基盤の向上に貢献することを目指す。

Information is a one of the most important elements for the dissemination of the bio-resources, foundation stones of the scientific technologies and innovation. After the advent of information technology for data integration, it is expected that data access to resources would be greatly improved. We aims to ensure one of the most advanced studies in this research field and to develop integrated databases capturing broad-ranged information to expand use of bioresources.



平成22年度の成果

Development of Technology in 2010-2011

(1) バイオリソース情報標準化に関する基礎的研究

分子から表現型にいたるまでの生物階層のあらゆるデータを格納するために、大阪大学との共同研究により、遺伝情報および、生物特性情報のデータ構造の設計を行った。この仕様は、様々な情報システムに取り込めるよう、オントロジーとして公開している。(Genetics Ontology (GXO): http://www.brc.riken.jp/lab/bpmp/ontology/ontology_gxo_j.html)。

(1) Basic studies on the data-standardization for bioresources

We have continued basic research on the data formalization about genetic information and phenotypic properties of organisms in collaboration with Osaka University. The Specification of data structure is open for biomedical community as an ontology file, Genetics Ontology (GXO), at the URL: http://www.brc.riken.jp/lab/bpmp/ontology/ontology_gxo_j.html.

(2) 理研哺乳類統合データベースの開発

上記基盤研究によって設計したデータ構造に基づいて、理研哺乳類統合データベース (<http://scinets.org/db/mammal>) を生命情報基盤部門と共同で作成した。バイオリソースデータベースをはじめ、FANTOM, DCT-DB等の理研による大規模データベース、および、NCBIやOBOオントロジー等、生命科学研究で用いられている標準的な公共のデータベースを統合し、データの継続性、公開性、アクセスのしやすさの実

現を目指した。WWWコンソーシアムの提唱する標準技術「セマンティックWeb」に基づくデータベース基盤「理研総合データベース」の上に、GXOをインポートすることで、データ間の論理的な構造を定義し、さらにその上で各種データベースを扱うことによって、データベース間の違いを吸収し、全体的に一貫した一つのデータベースとして機能する。本データベースは、世界に先駆けて、上位オントロジーを情報論理基盤として直接的に利用した先進的なデータベースである。

(2) Development of the RIKEN integrated database of mammals

For the practice of the data structure described above, we developed The RIKEN integrated database of mammals (<http://scinets.org/db/mammal>) in collaboration with Bioinformatics And Systems Engineering division. The database integrates not only RIKEN's original databases, such as Bio-resource database, FANTOM and the RIKEN Cerebellar Development Transcriptome Database, but also imported data from public databases, such as Ensembl, MGI and biomedical ontologies. Through the development of this database, we propose a novel methodology for the development of standardized comprehensive management of heterogeneous data sets in multiple databases to improve the sustainability, accessibility, utility and publicity of the data of biomedical information.

(3) 分子ネットワークに基づく、疾患や薬剤とリソース情報との統合

公共データとして整備されている分子ネットワーク情報を用いて、研究資源であるバイオリソースと、疾患や薬剤との関係を

推論し、どのようなリソースが創薬研究に有用かを示すシステム「BioResource Proposer」を、創薬・医療技術基盤プログラムと共同で開発した。現在テスト版の評価を行っており、近日中に公開する予定である。

(3) Integration of resource with disease and drug information using molecular network data.

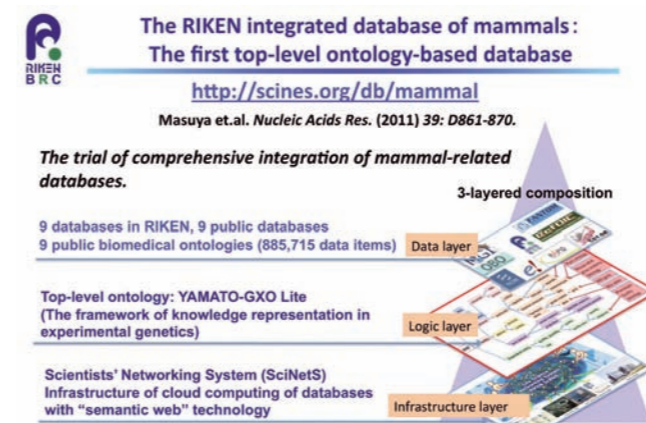
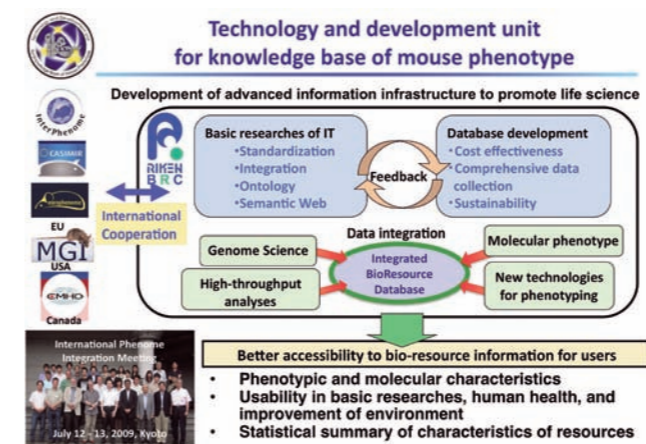
We developed a new database system, "Bio-resource proposer", reasoning the supposed relationships between mouse resources with disease or drug. This system may be valid to find candidate of mouse resources valid for drug discovery. This is collaboration with RIKEN Program for Drug Discovery and Medical Technology Platforms.

(4) 実験解析手法相互比較データベースの拡張

リソース特性データを管理・測定方法に基づいて評価するためのプロトコルデータベース"SDOP-DB" (<http://www.brc.riken.jp/lab/bpmp/SDOP/>) について、国内外からプロトコルを収集し公開するためのサービス、国際的なデータ交換用フォーマットの改訂、SDOP-PPML自動変換ツールの提供を行った。

(4) Enhancement of the protocol database

To verify phenotype data based on the difference of the assay protocol, We have developed a comparative standardised-protocol



database, SDOP-DB(<http://www.brc.riken.jp/lab/bpmp/SDOP/>). We newly developed a public service to collect procedures from public, modification of the standardized data format for procedure, PPML, and provision of a data-conversion software SDOP to PPML.

(5) マウスリソース情報の共有、統合、標準化に向けた国際連携

国際マウス表現型解析コンソーシアム (International Mouse Pheotyping Consortium: IMPC) の情報技術ワーキンググループとして、国際連携データベースの構築について議論を行った。

(5) International cooperation toward the standardization and integration of mouse phenotype information

We have incorporated the IT-working group in the International Mouse Pheotyping Consortium (IMPC) to discuss future requirement of the global mouse phenotype database.

職員とメンバー構成 Members

- ユニットリーダー [Unit Leader]
榎屋 啓志 Hiroshi MASUYA, Ph.D.
- 開発研究員 [Research & Development Scientist]
田中 信彦 Nobuhiko TANAKA, Ph.D.
- テクニカルスタッフI [Technical Staff]
脇 和規 Kazunori WAKI
- テクニカルスタッフII [Technical Staff II]
高月 照江 Terue TAKATSUKI
- 客員研究員 [Visiting Scientist]
溝口 理一郎 Riichiro MIZOGUCHI
- 派遣職員 [Agency Staff]
渡口 清太 Kiyota TOGUCHI
宮城 哲 Tetsu MYAGI
入沢 幸代 Yukiyo IRISAWA
- パートタイマー [Part-timer]
齋藤 実香子 Mikako SAITO

