

ChIP-Atlas

(<http://chip-atlas.org/>)



ライフサイエンスデータベース統合推進事業 統合化推進プログラム
「エピゲノミクス統合データベースの開発と機能拡充」
研究代表者：沖 真弥 (九州大学大学院医学研究院)
soki@dev.med.kyushu-u.ac.jp

■ ChIP-Atlas とは

論文などで報告されたほぼ全ての **ChIP-seq** データを網羅的に統合し、データの**閲覧**や**データマイニング**を可能にした Web サービスです。

■ 特長

- 8万件以上の **ChIP-seq** と **DNase-seq** データを収録。データは**毎月更新**。
- ヒト、マウス、ラット、ハエ、線虫、酵母のデータをカバー。
- 使い方はとてもカンタン、マウスクリックだけ。

■ ChIP-Atlas の4つの機能

Peak Browser

どのタンパク質がゲノムのどこに結合するかが、一目で理解できます。

Target Genes

興味のある転写因子を入力すると、その標的遺伝子を予測します。

Colocalization

興味のある転写因子を入力すると、その共局在因子を予測します。

Enrichment Analysis

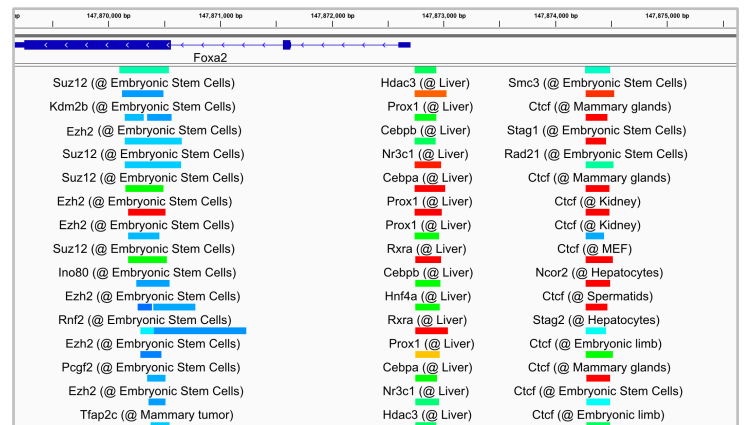
複数の遺伝子やゲノム領域に対する enrichment 解析ができます。

■ 利用例

Peak Browser により、マウス *Foxa2* 遺伝子座周辺に結合する転写因子を表示。

Foxa2 の転写開始点近傍 (中央) では、liverにおいて様々な転写因子が結合し、その gene body (左) では Polycomb タンパク質群が ES 細胞において結合する。

またその上流領域 (右) では CTCF が様々な細胞で結合していることが見てとれる。



Enrichment Analysis において、炎症性腸疾患と関連する SNP の座標を submit した結果、免疫系細胞における血球分化に重要な転写因子の結合が enrich することがわかった。

これは当疾患が自己免疫系の異常が原因であることと関連しており、疾患の分子メカニズムの理解に応用できる。

