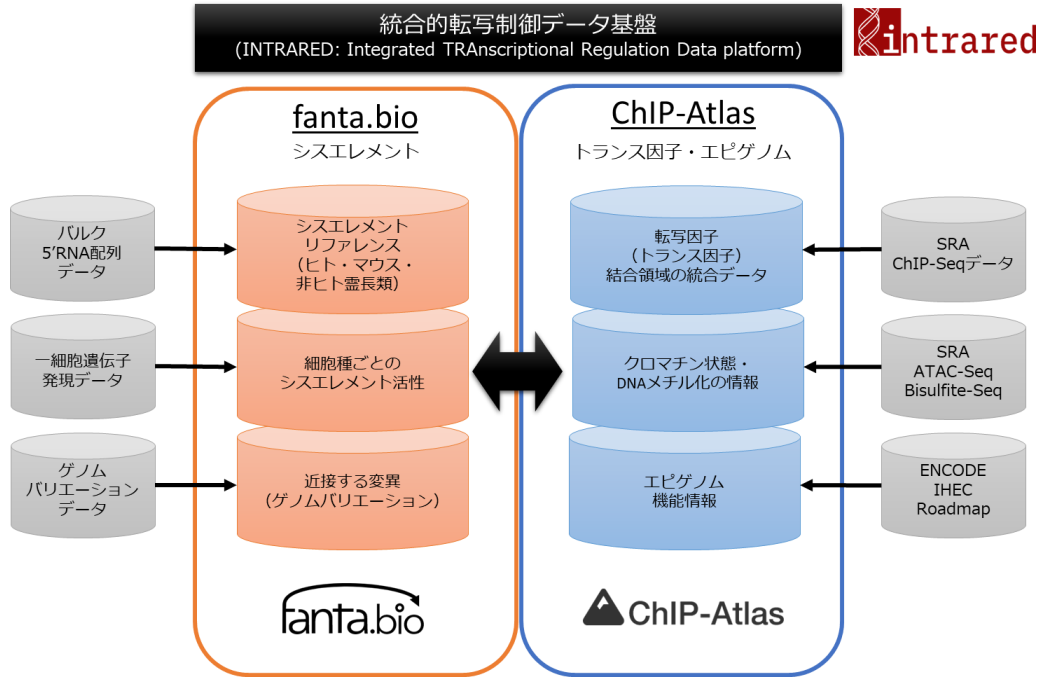


# 統合的転写制御データ基盤



INTRARED

<https://www.intrared.org/>



INTRAREDは転写制御の理解を促進するための統合的転写制御データプラットフォームで、シス制御エレメント(CRE)、トランス因子、エピゲノムのデータを統合しています。

fanta.bioは粕川雄也 理化学研究所 チームリーダーらが開発しているデータベースで、同一染色体内の遺伝子発現および転写産物発現の制御に寄与するゲノム領域であるCREを、様々な細胞種や状態における位置や活性とともに収集したデータベースです。一方、ChIP-Atlasは沖真弥 熊本大学 教授らが開発しているデータベースで、CREに結合するトランス因子とCREおよびトランス因子に影響を与えるエピゲノムを収集したデータベースとなっています。fanta.bioとChIP-Atlasの開発・運用チームは、協力して転写制御のデータセットを構築し、それらを提供するためのインターフェースを開発・公開しています。



**fanta.bio** (<https://fanta.bio/>)

< fanta.bio (ver.1.1.0)の収載データ数 >

ヒト	447,315 CRE領域	(2,413サンプルのシスエレメント活性)
マウス	288,877 CRE領域	(1,229サンプルのシスエレメント活性)



**ChIP-Atlas** (<https://chip-atlas.org/>)

< ChIP-Atlas収載データ > (2025年5月)

ChIP-seq (ゲノム-タンパク質相互作用)	262,635件
ATAC-seq (オープンクロマチン情報)	97,673件
DNase-seq (オープンクロマチン情報)	6,495件
Bisulfite-seq (メチローム情報)	65,516件
合計	432,319件

fanta.bioとChIP-Atlasは、JST統合化推進プログラムの研究開発課題「統合的な転写制御データ基盤の構築 (研究代表者 粕川雄也 理化学研究所 チームリーダー)」の一環で開発・提供しています。



国立研究開発法人科学技術振興機構 (JST)  
情報事業部 NBDC事業推進室

Tel: 03-5214-8491 E-mail: [nbdc-dicp@jst.go.jp](mailto:nbdc-dicp@jst.go.jp)



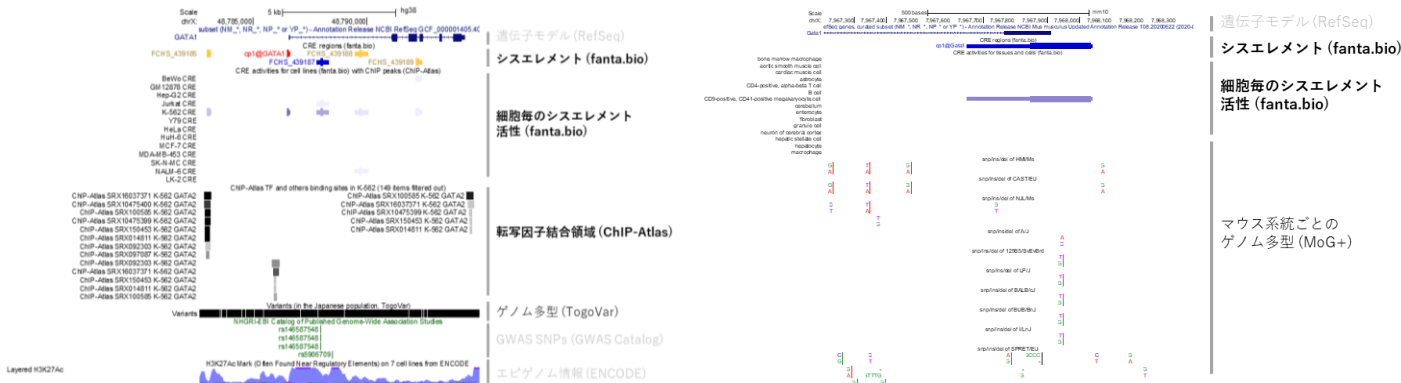
Creative Commons 表示4.0国際ライセンス

(2026年4月)

# シスエレメントデータベース



fanta.bio  
https://fanta.bio/



ヒト シスエレメント  
(GATA1遺伝子のプロモーター、エンハンサー領域)

マウス シスエレメント  
(Gata1遺伝子のプロモーター領域)

シスエレメント (cis-element) とはゲノム配列中に存在する転写制御に関わる領域のことで、代表的なものに遺伝子の転写開始に関わるプロモーターや特定の遺伝子の転写を高めるエンハンサーなどがあります。シスエレメントに転写因子やそれを制御するさまざまな因子が結合することで、特定の組織や細胞において適切なタイミングでその遺伝子が発現するように、厳密に制御されています。

fanta.bio には、遺伝子の転写開始点を正確に検出するCAGE (Cap Analysis of Gene Expression) 法で取得されたトランスクリプトームデータからシスエレメントを高感度に検出するアルゴリズムCREate法によって同定されたヒトとマウスのゲノム中で同定されたシスエレメントの場所 (1)、細胞株や細胞種・組織ごとのシスエレメントの活性 (転写量) (2)、シスエレメント領域内に存在するゲノム変異などの情報 (3) が収載されています。

fanta.bioを使うことで、対象とする任意のゲノム領域や遺伝子周辺に存在するシスエレメントを探索し、細胞等における活性情報 (そのシスエレメントはその細胞等において制御活性を持つか) やそのシスエレメント領域に結合する転写因子、その領域に含まれるゲノム多型情報等を取得することができます。

検索結果はWebサイトにて提供されるインターフェースで閲覧できる他、UCSC Genome Browser を用いてゲノム上の位置を確認することが可能です。さらに、fanta.bioで作成したデータファイルのダウンロードも可能です。これらを活用することで、例えば、利用者もつ疾患に関連するゲノム変異情報などのデータと統合解析し、シスエレメントと疾患との関連を調べたりすることも可能です。

fanta.bio の構築に際し、転写因子結合領域の情報についてはエピゲノミクス統合データベース ChIP-Atlas との、マウスのゲノム多型情報については系統ごとのゲノム変異を収集している MoG+との連携により実現しています。ヒトのゲノム多型情報については、DBCLSが開発・運用している TogoVarが活用されています。

< fanta.bio (ver. 1.1.0)の収載データ数 >

ヒト	447,315 CRE領域	(2,413サンプルのシスエレメント活性)
マウス	288,877 CRE領域	(1,229サンプルのシスエレメント活性)

fanta.bioは、ChIP-Atlasとともに、JST統合化推進プログラムの研究開発課題「統合的な転写制御データ基盤の構築 (研究代表者 粕川 雄也 理化学研究所 チームリーダー)」の一環で開発・提供しています。

## 参考文献

Nobusada T et al., Update of the FANTOM web resource: enhancement for studying noncoding genomes. Nucleic Acids Research, Volume 53, Issue D1, 6 January 2025, Pages D419–D424, <https://doi.org/10.1093/nar/gkae1047>



国立研究開発法人科学技術振興機構 (JST)  
情報事業部 NBDC事業推進室  
Tel: 03-5214-8491 E-mail: nbdc-dicp@jst.go.jp



Creative Commons 表示4.0国際ライセンス

(2026年4月)