

第9回発生生物学セミナー

## 公共 ChIP-seq データのフル活用術 ～組織特異的エンハンサーと遺伝性疾患の解析～

沖 真弥 先生

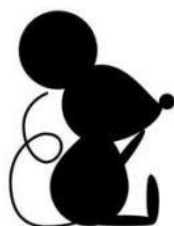
九州大学大学院 医学研究院  
発生再生医学分野 助教

2017年8月28日(月)

17:00～18:00

藤井節郎記念医科学センター 4階セミナー室

ゲノムに結合する様々なタンパク質の結合や分布を調べるため、これまでに数万件以上の ChIP-seq データが報告されている。しかしそれらを利活用するためには非常に複雑で大規模な計算処理が必要なため、その多くが利活用されずに死蔵されているのが現状である。そこで我々は既報の ChIP-seq データを網羅的に収集、計算、統合し、その解析結果をウェブサービスとして公開している(ChIP-Atlas; <http://chip-atlas.org>)。これにより、興味のあるゲノム領域における転写因子や修飾ヒストンの分布が視覚的に理解できるため、遺伝子制御ネットワークの解明や、エンハンサー領域の同定に応用できる。また、複数のゲノム領域群を与えると、それらに結合が enrich する転写因子を探索するためのサービスを公開している。我々はこのツールを利用し、各種組織特異的なエンハンサー領域や、non-coding GWAS SNP の周辺領域において、結合が enrich するような転写因子を複数同定した。これらの結果は遺伝性疾患の分子メカニズムの解明や、個人化医療への応用が期待される。



お問い合わせ先

藤井節郎記念医科学センター・発生生物学分野

竹本龍也(内線 7915 [takemoto.tatsuya@tokushima-u.ac.jp](mailto:takemoto.tatsuya@tokushima-u.ac.jp))