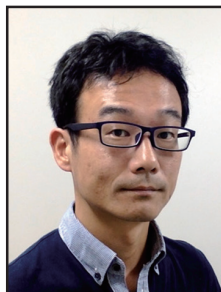


# 公共 ChIP-seq データをフル活用し遺伝性疾患の解明に挑む

## Challenge to elucidate genetic diseases by fully utilizing public ChIP-seq data



講師：沖 真弥 | 九州大学大学院医学研究院 発生再生医学分野・助教

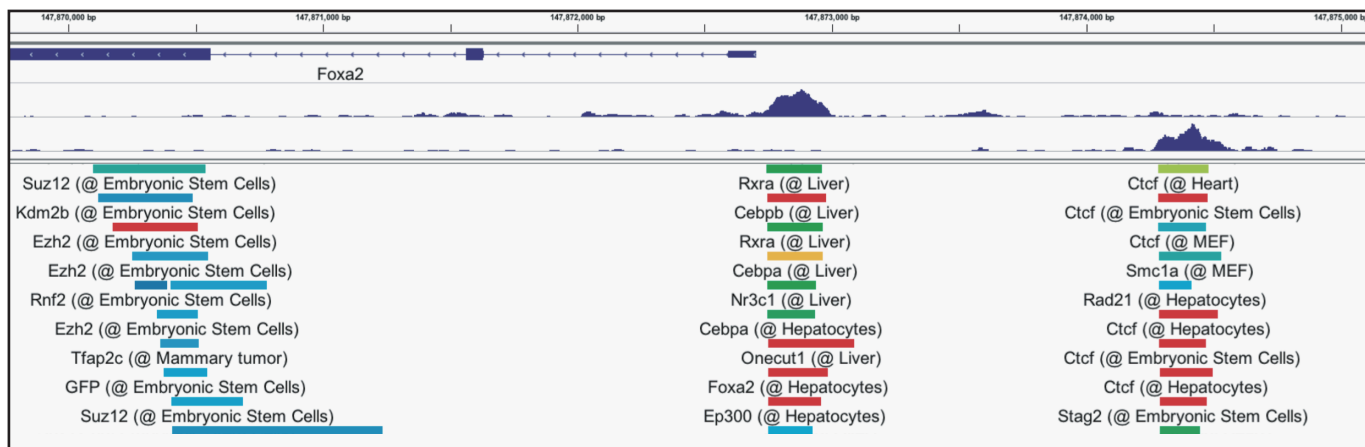
Lecturer: Shinya Oki | Assistant prof., Dept of Dev. Biol., Kyushu Univ. Grad. Sch. of Med. Sci.

### ChIP-Atlas

ChIP-Atlas is an integrative and comprehensive database for visualizing and making use of public ChIP-seq data. ChIP-Atlas covers almost all public ChIP-seq data submitted to the SRA (Sequence Read Archives) in NCBI, DDBJ, or ENA, and is based on over 60,000 experiments.



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。我々はこの膨大なデータを利活用し、各種組織特異的なエンハンサー領域や non-coding RNA、GWAS SNPs 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。これらの結果を利用することにより、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。



日時：2018年1月30日(火) 17:00 - 18:30  
Date and Time: 17:00 - 18:30, January 30 (Tue.), 2018

場所：総合医科学研究棟 1階ラウンジ  
Venue: Lounge@1st floor,  
Institute of Integrated Medical Research.

言語：日本語  
Language: Japanese

事前の申込みは不要です。  
No registration required.

ドライ解析の経験がなくても、ChIP-Atlasを利用することで簡単に、既に大量にデータベースに蓄積された ChIP-seq のデータを可視化し、利用することが出来ます。是非、使ってみてその便利さを実感して見てください。講義では、ChIP-Atlas の紹介に加えて、世の中に溢れている ChIP-seq データを駆使してユニークな切り口で種々の疾患の解明を目指す沖先生の最近の研究成果についてもお話し頂く予定です。ぜひご参加下さい。

担当：小田真由美@システム医学 (内線: 63653)