2017. 07. 18
統合化推進プログラム 2017 年度
キックオフ・ミーティング

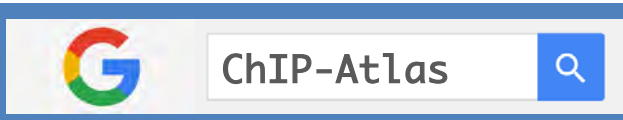
エピゲノム統合データベースの開発と機能拡充

九州大学大学院・医学研究院
発生再生医学分野・助教
沖　真弥

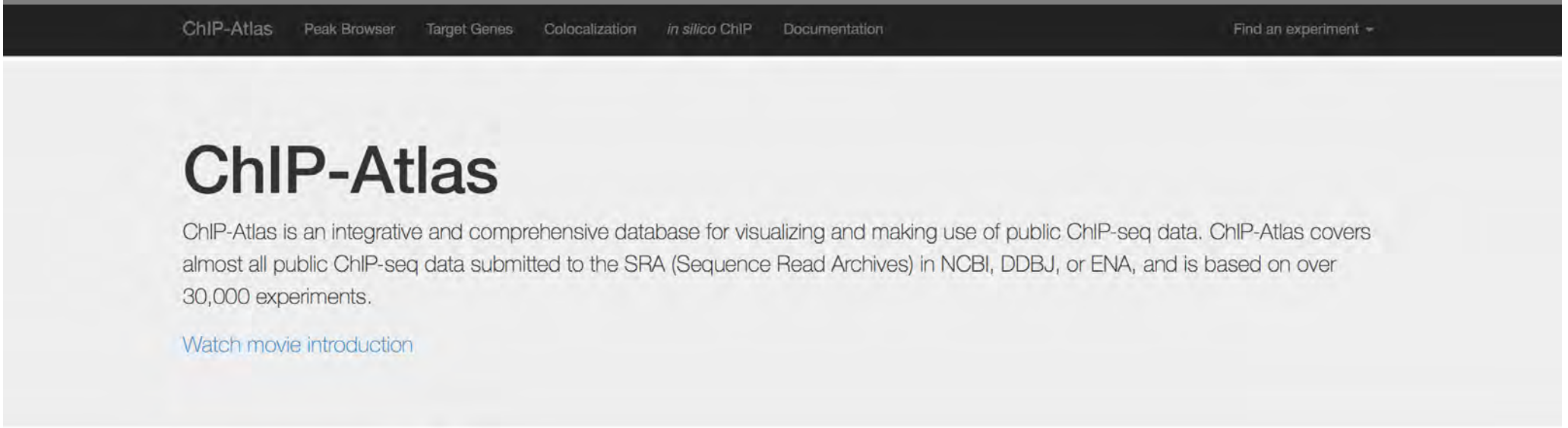
九州大学大学院・医学研究院
医化学分野・講師
三浦 史仁

国立がん研究センター
がん分子修飾制御学分野・分野長
浜本 隆二

ChIP-Atlas:



既報の ChIP-seq データの網羅的かつ統合的データベース

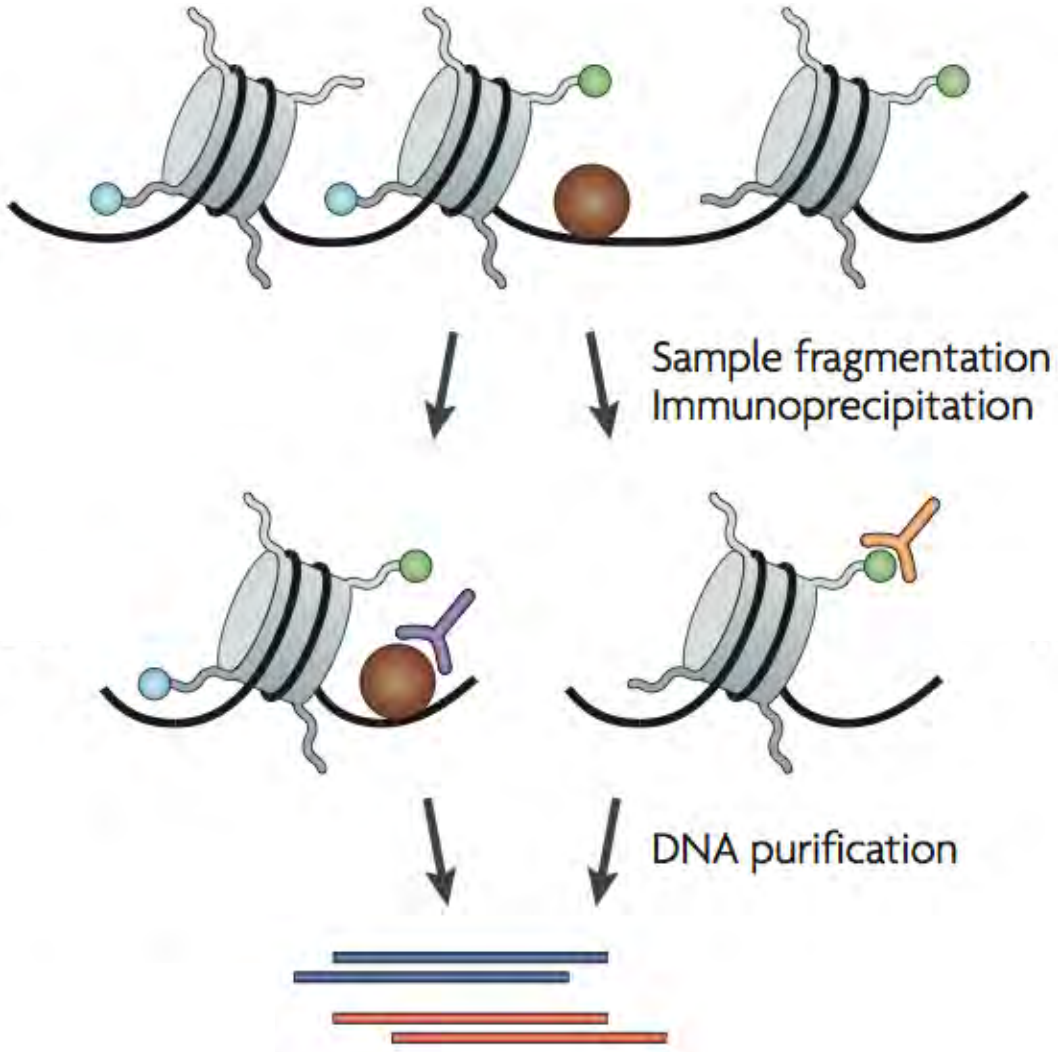


Funded by:
平成 27 年度 JST NBDC 統合化推進プログラム
（統合データ解析トライアル）

Collaborations with:
DBCLS, NBDC, DDBJ, RIKEN, 東大, 産総研, 九大

ChIP-seq: 転写因子の結合部位を同定できる

ChIP-seq = **Ch**romatin **I**mmuno**p**recipitation with **Seq**uencing



↓

High-throughput sequencing

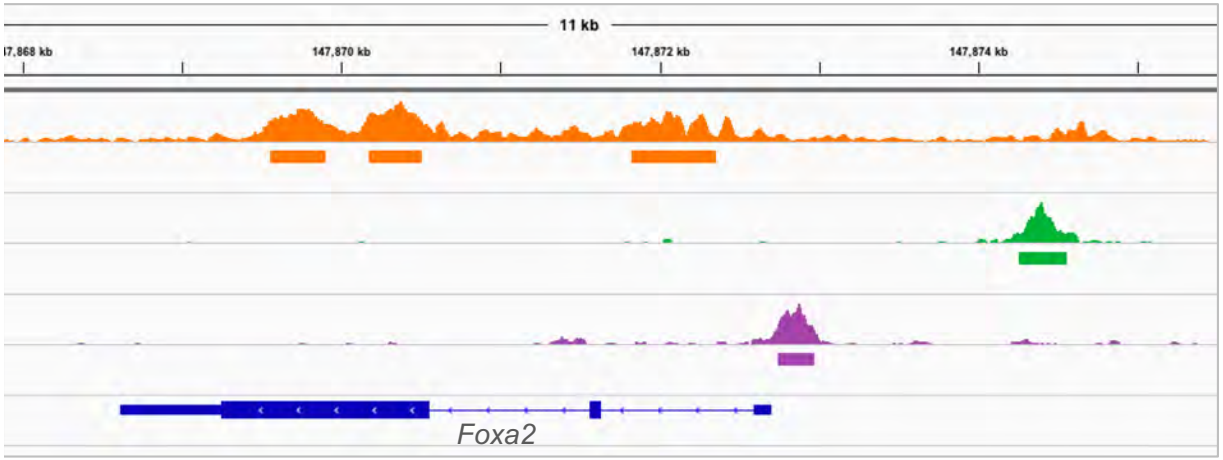
Park PJ (2009) *Nat Rev Genet*

データ処理・公開しているデータ

DDBJ　NCBI　ENA

SRA (FastQ)

Alignment
Peak-call



Sample metadata

Curation

ID	抗原	細胞
SRX330668	Ezh2	ES cells
SRX310198	Ctcf	Mast cells
SRX1092953	Cebpa	Liver

データ統合・データマイニング

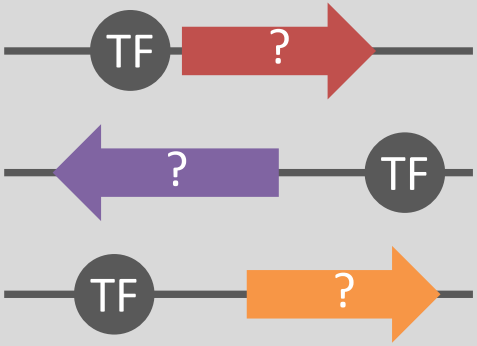
４つの機能

① Peak Browser

何がどこに結合する？

② Target Genes

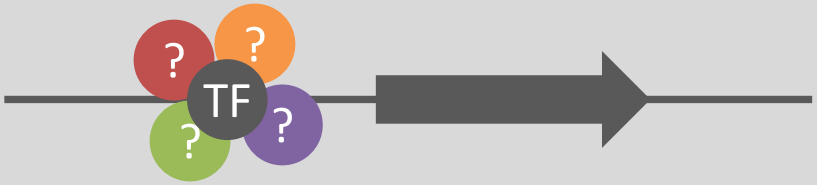
転写因子の標的遺伝子を探す。



ChIP-Atlas

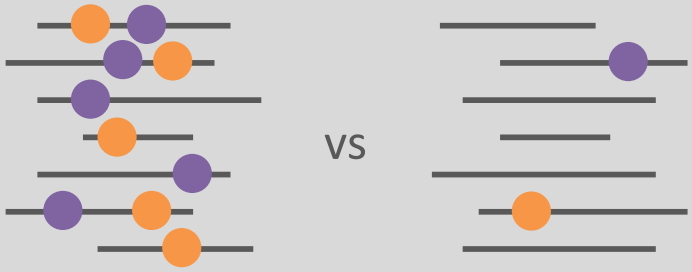
③ Colocalization

共局在する転写因子を探す。

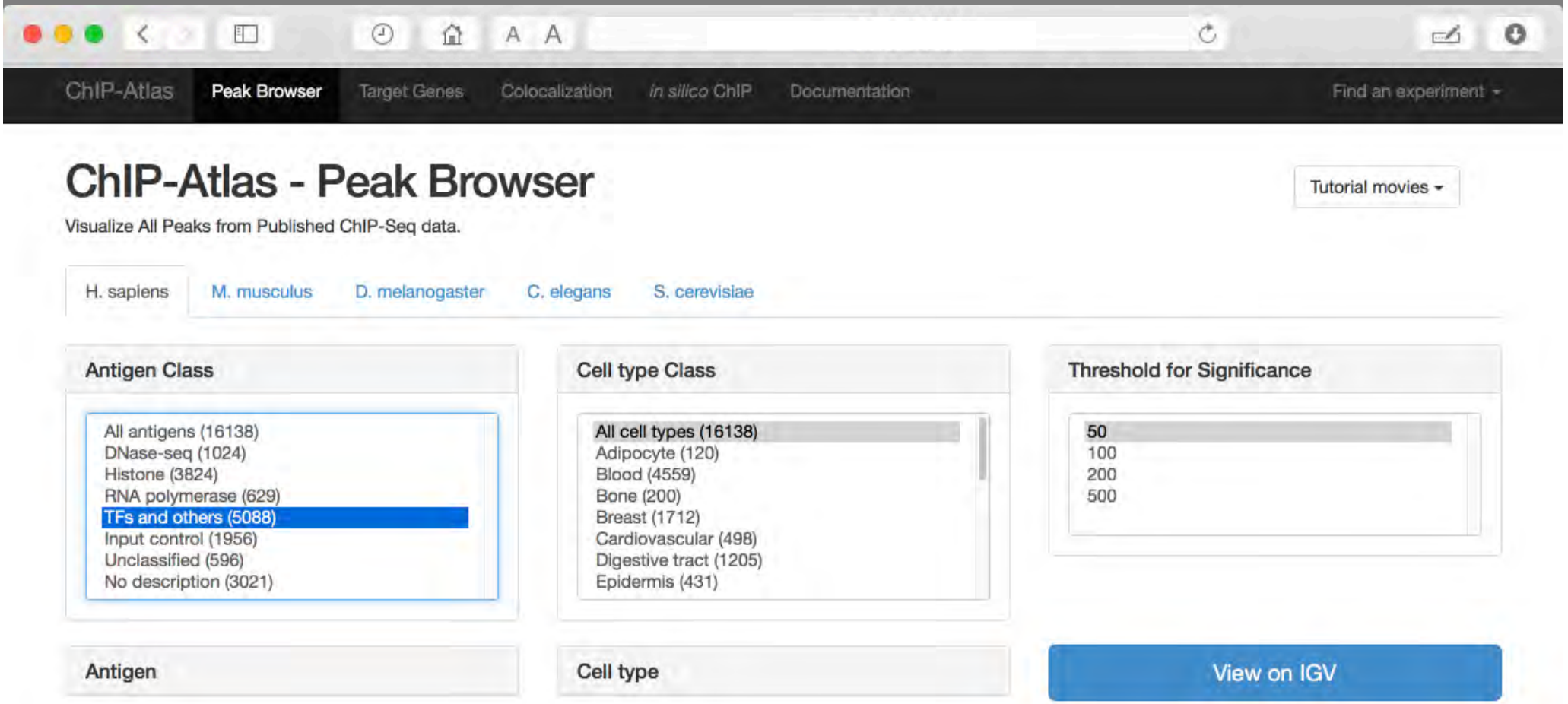


④ in slico ChIP

ゲノム領域への Enrichment 解析

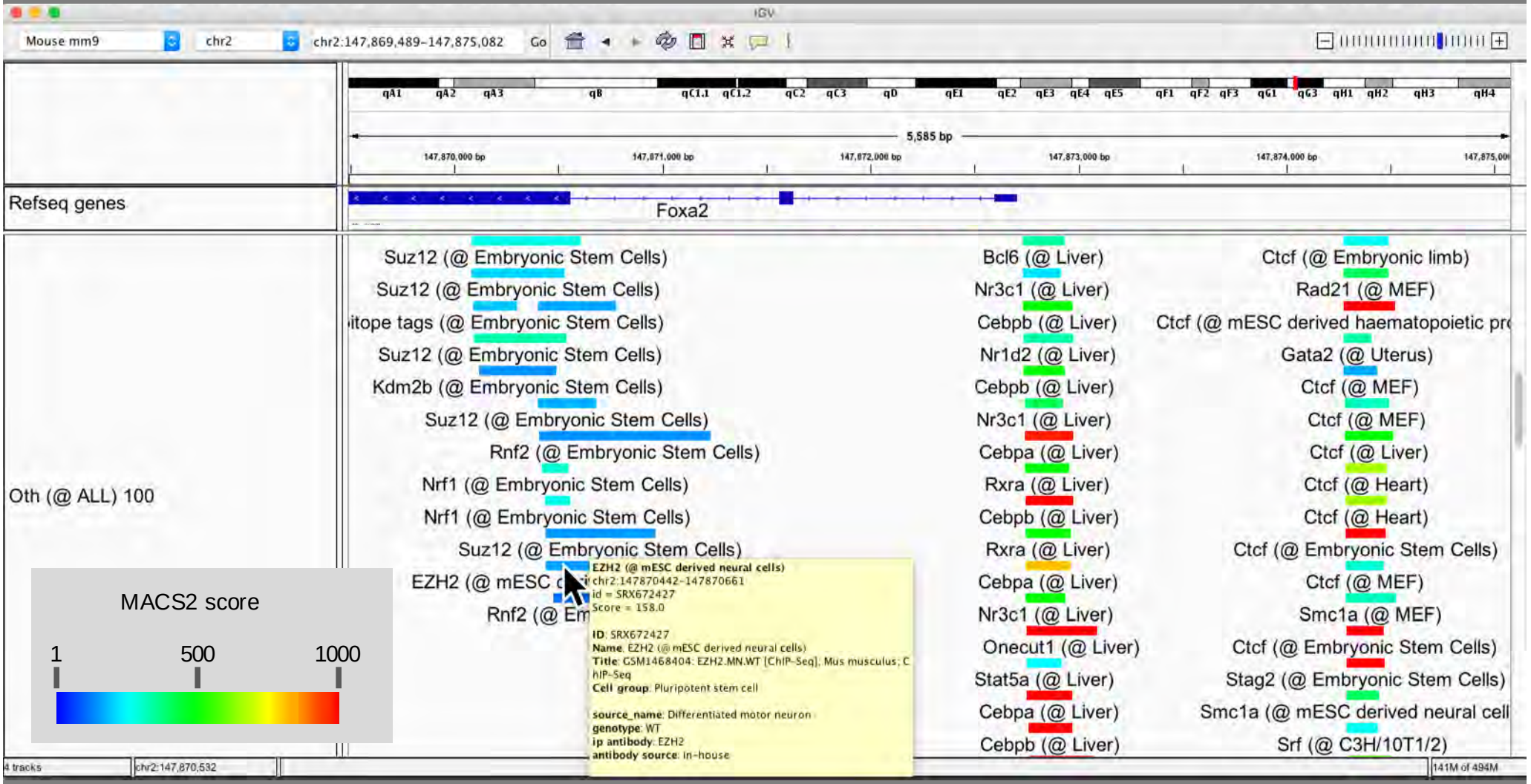


Peak Browser



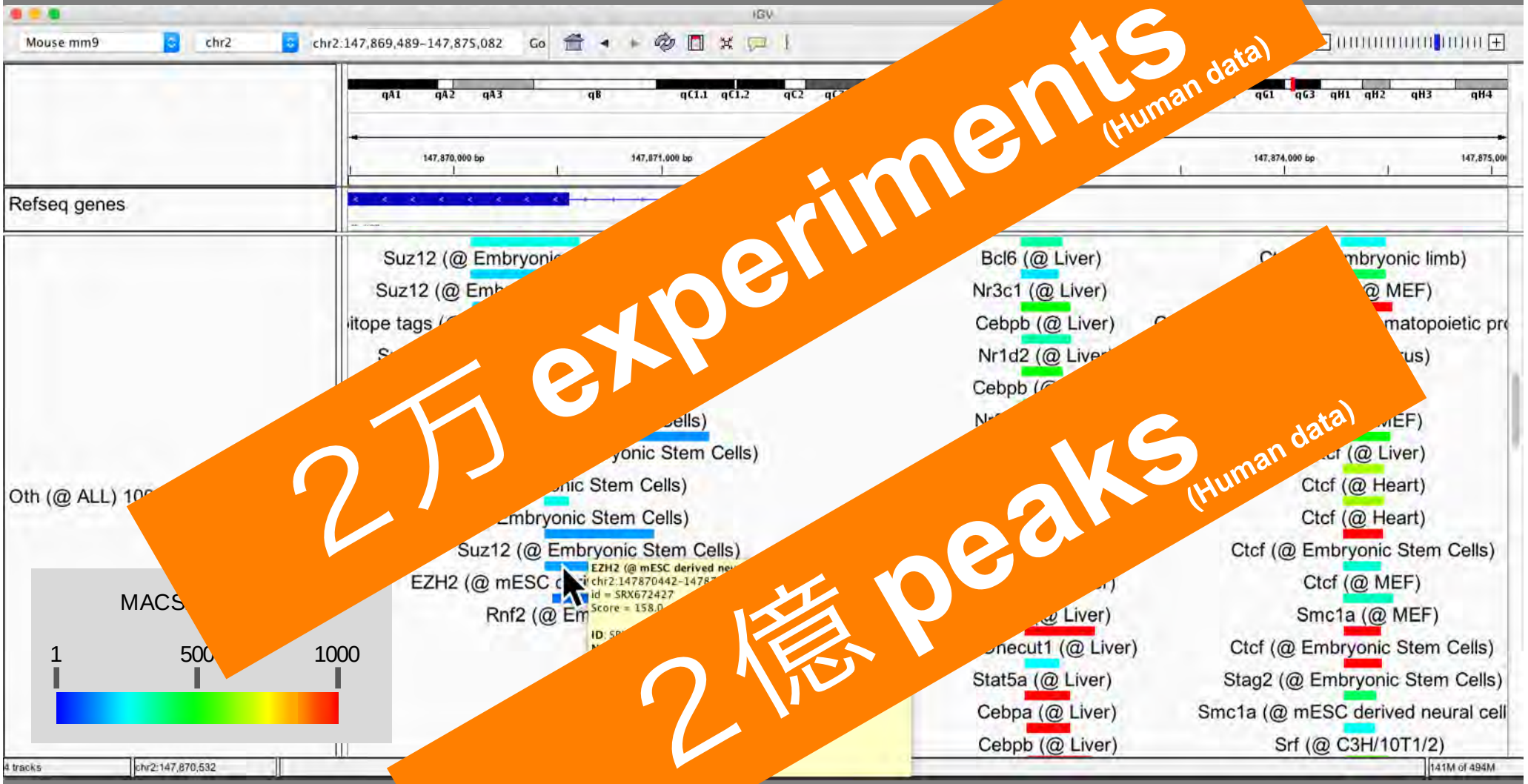
構想：塩井 剛 (RIKEN, CLST)
UI：大田 達郎 (DBCLS)

Peak Browser



- 「なにがどこに結合するか？」がすべてわかる。
- シス調節領域の特定に応用できる。

Peak Browser



2万 experiments (Human data)

2億 peaks (Human data)

- 「なにがどこに か？」がすべてわかる。
- シス調節領域の特 に応用できる。

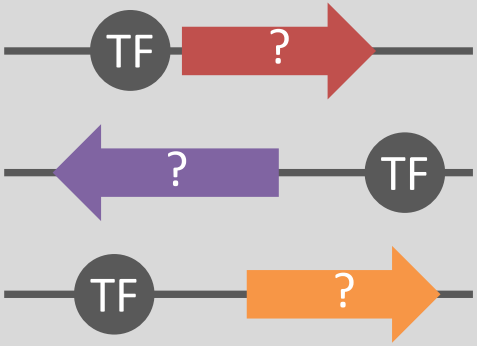
Target Genes

① Peak Browser

何がどこに結合する？

② Target Genes

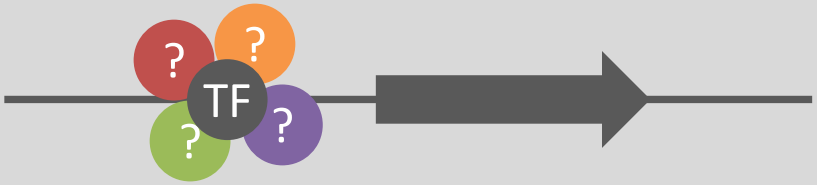
転写因子の標的遺伝子を探す。



ChIP-Atlas

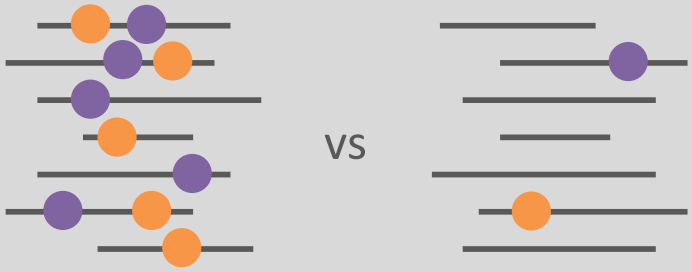
③ Colocalization

共局在する転写因子を探す。

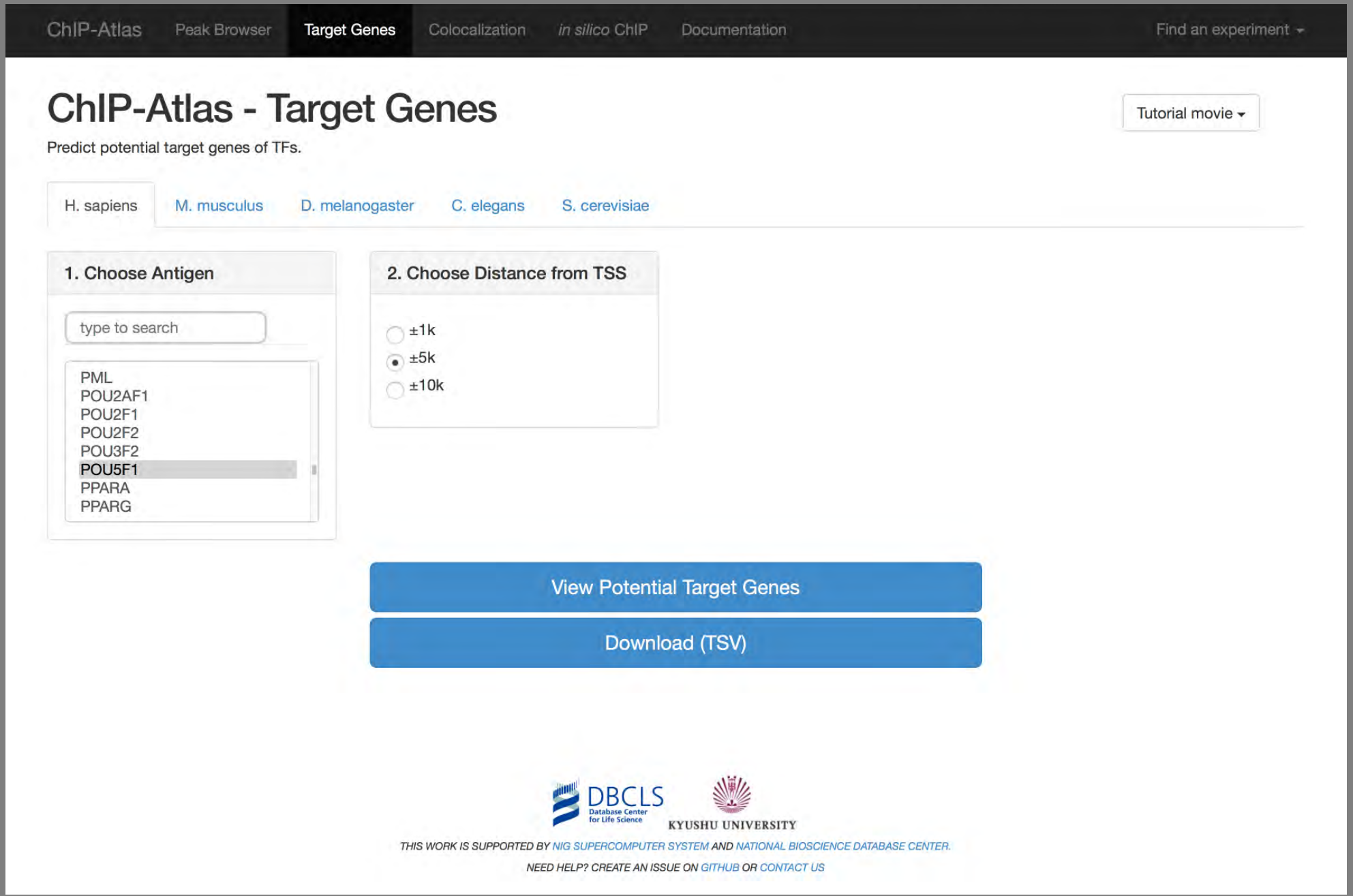


④ in slico ChIP

ゲノム領域への Enrichment 解析

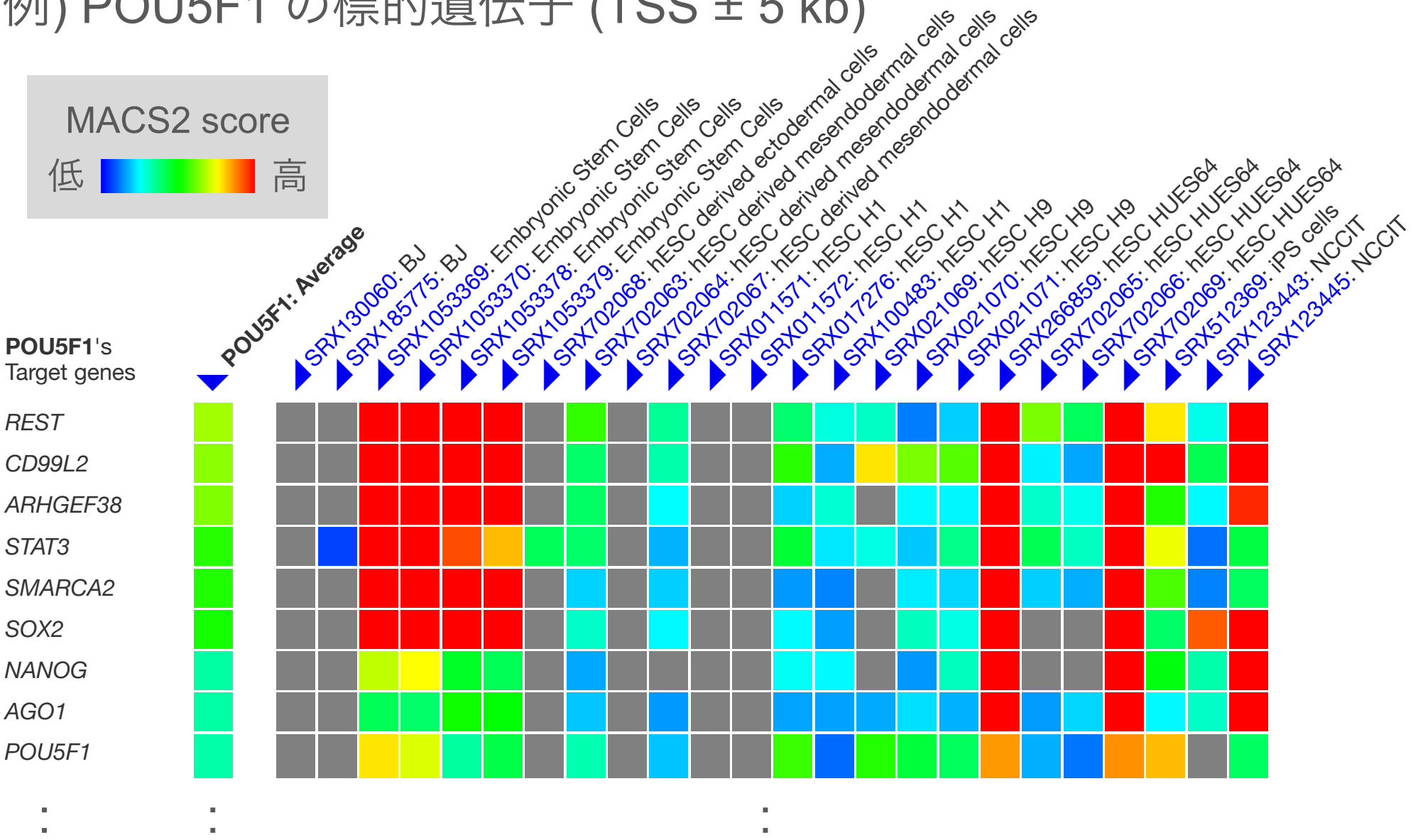


Target Genes



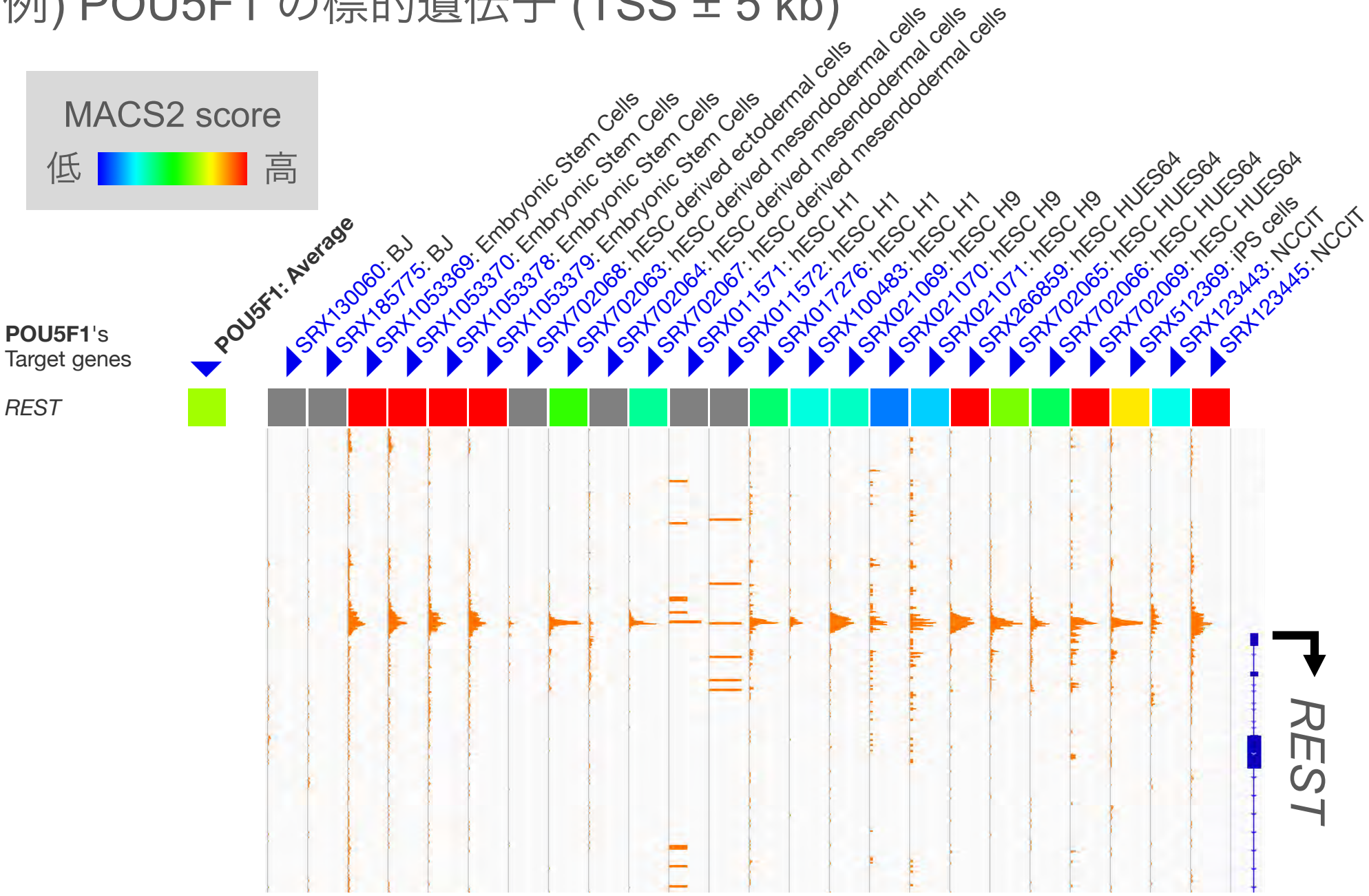
Target Genes

例) POU5F1 の標的遺伝子 (TSS ± 5 kb)



Target Genes

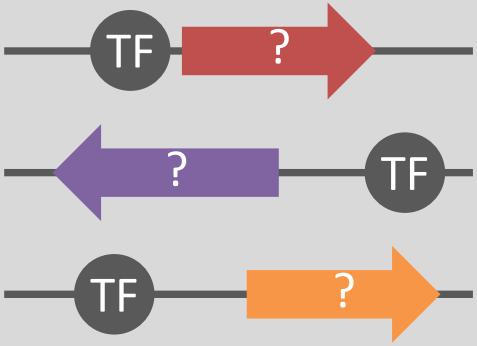
例) POU5F1 の標的遺伝子 (TSS ± 5 kb)



Colocalization

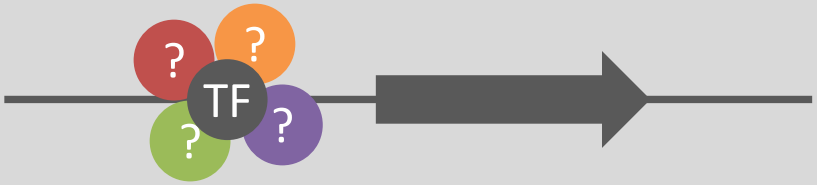
① Peak Browser
何がどこに結合する？

② Target Genes
転写因子の標的遺伝子を探す。



ChIP-Atlas

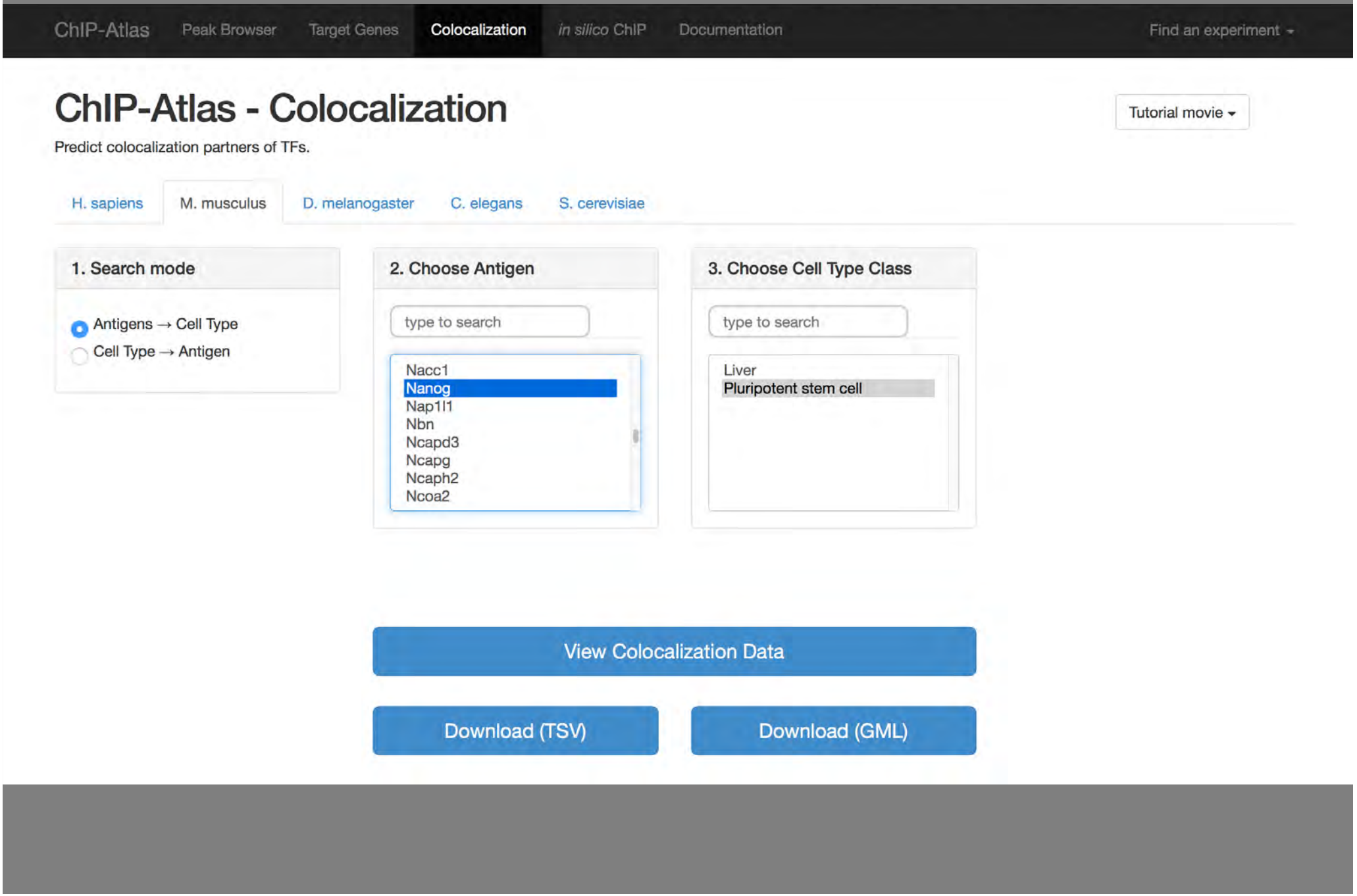
③ Colocalization
共局在する転写因子を探す。



④ in slico ChIP
ゲノム領域への Enrichment 解析

解析ツール (CoLo)：
仲木 竜（現 Rhelixa 社長）

Colocalization

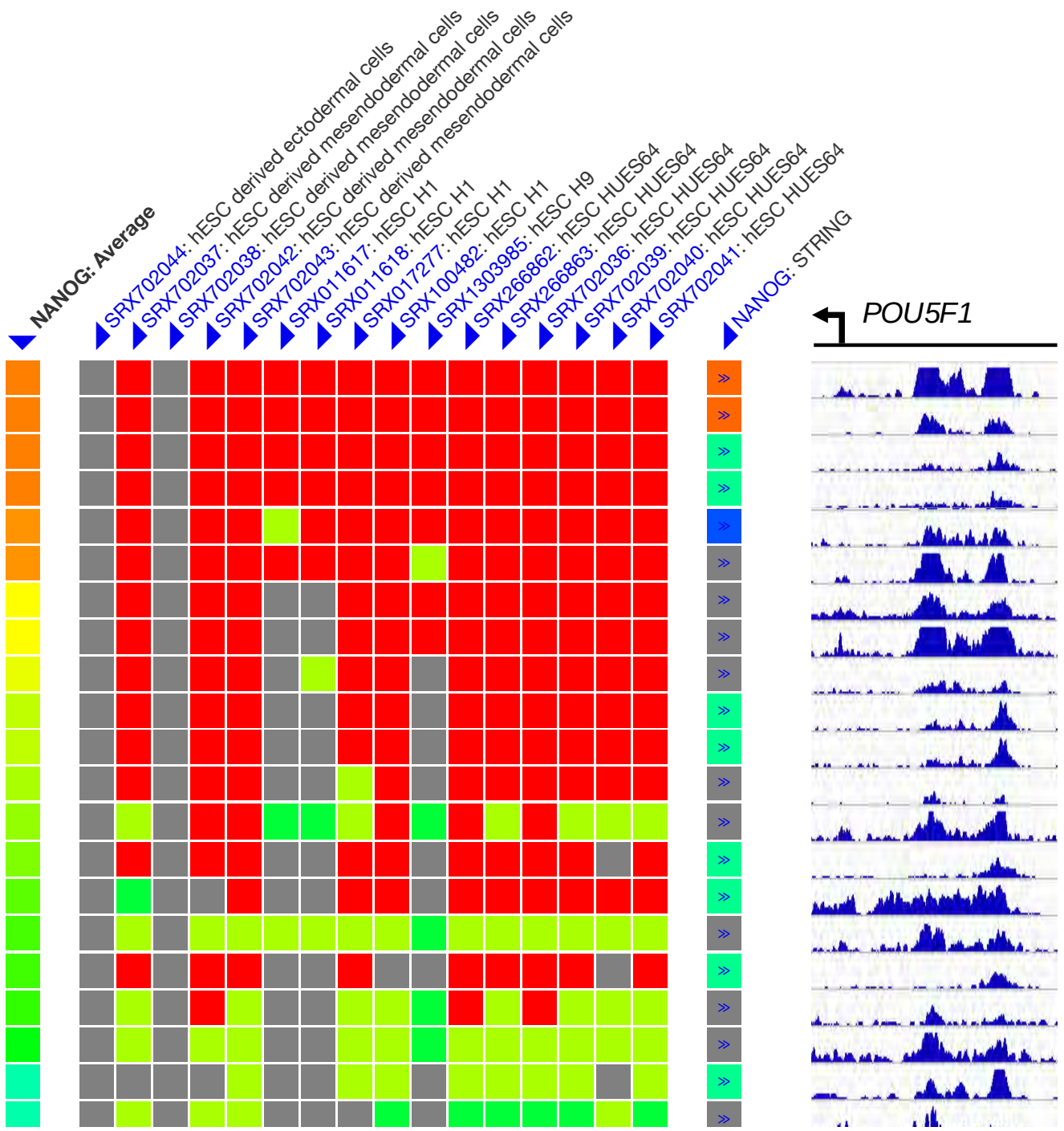


Colocalization

類似度

低 高

(CoLo; 仲木 竜氏, unpbl)



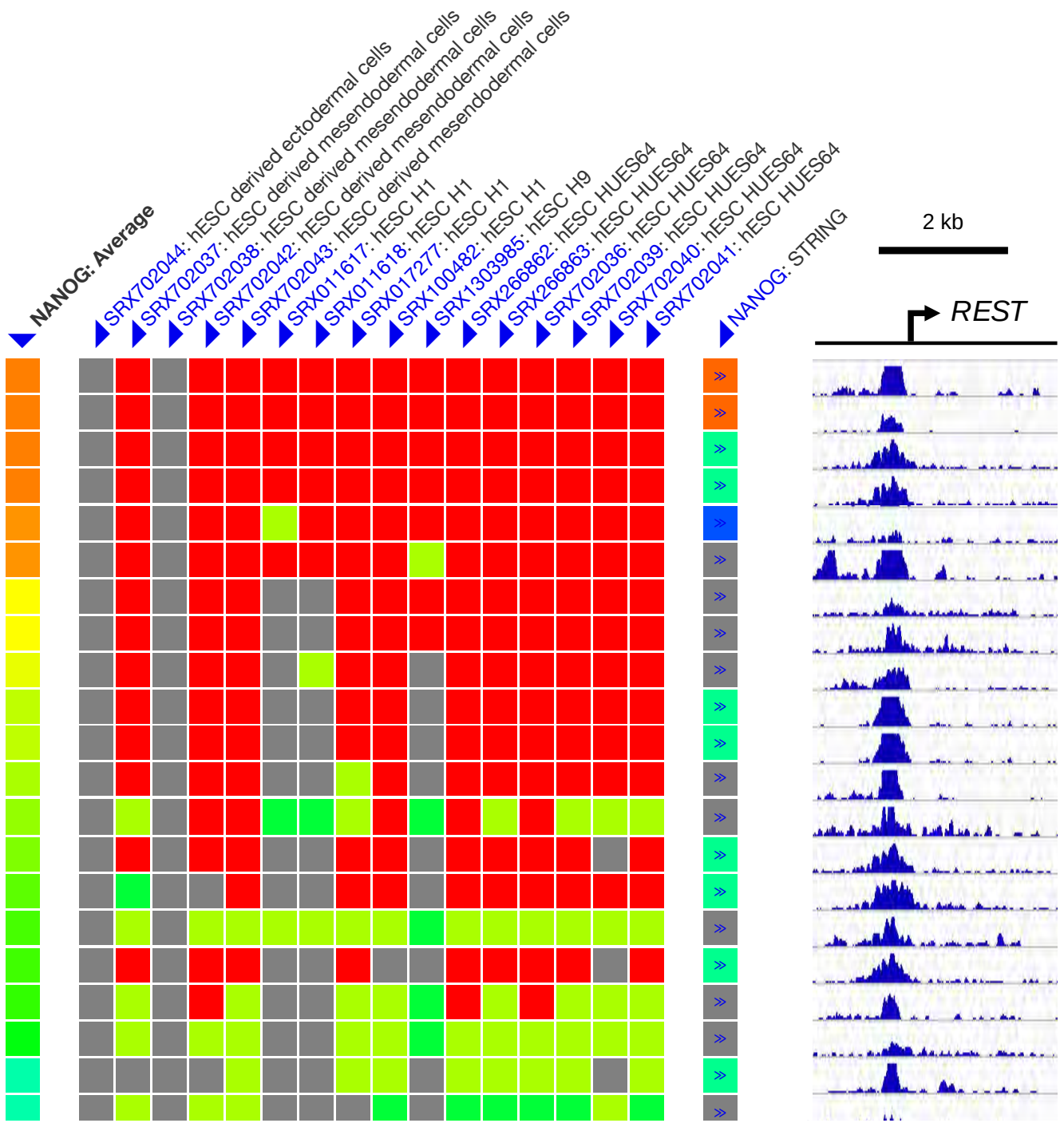
Cell types	Exp. IDs	**NANOG**'s Colocalization partners
iPS cells	SRX512370	SOX2
hESC H9	SRX1047413	SOX2
Embryonic Stem Cells	SRX1053379	POU5F1
Embryonic Stem Cells	SRX1053378	POU5F1
hESC H9	SRX027488	SMARCA4
hESC H1	SRX833403	CTNNB1
hESC H1	SRX833420	NIPBL
hESC H9	SRX027482	EP300
hESC HUES64	SRX702045	OTX2
hESC HUES64	SRX702069	POU5F1
hESC HUES64	SRX266859	POU5F1
hESC HUES64	SRX702132	TCF4
hESC H1	SRX833422	NIPBL
Embryonic Stem Cells	SRX1053369	POU5F1
NCCIT	SRX123445	POU5F1
hESC H1	SRX833421	NIPBL
Embryonic Stem Cells	SRX1053370	POU5F1
hESC H1	SRX833401	LEF1
hESC H1	SRX833423	NIPBL
iPS cells	SRX512369	POU5F1
hESC derived mesendoderm	SRX684516	T

Colocalization

類似度

低 高

(CoLo; 仲木 竜氏, unpbl)



Cell types	Exp. IDs	**NANOG**'s Colocalization partners
iPS cells	SRX512370	SOX2
hESC H9	SRX1047413	SOX2
Embryonic Stem Cells	SRX1053379	POU5F1
Embryonic Stem Cells	SRX1053378	POU5F1
hESC H9	SRX027488	SMARCA4
hESC H1	SRX833403	CTNNB1
hESC H1	SRX833420	NIPBL
hESC H9	SRX027482	EP300
hESC HUES64	SRX702045	OTX2
hESC HUES64	SRX702069	POU5F1
hESC HUES64	SRX266859	POU5F1
hESC HUES64	SRX702132	TCF4
hESC H1	SRX833422	NIPBL
Embryonic Stem Cells	SRX1053369	POU5F1
NCCIT	SRX123445	POU5F1
hESC H1	SRX833421	NIPBL
Embryonic Stem Cells	SRX1053370	POU5F1
hESC H1	SRX833401	LEF1
hESC H1	SRX833423	NIPBL
iPS cells	SRX512369	POU5F1
hESC derived mesendoderm	SRX684516	T

科学技術や医療への応用性

■ 遺伝子制御機構の解明

Epigenome 情報が容易に理解できる

➢ 遺伝子制御の上下関係、制御領域の特定

■ 遺伝性疾患の解明

Non-coding GWAS SNP に結合する転写因子を同定した

➢ 発症メカニズムの分子基盤

➢ リスク予測、precision medicine への応用

■ 組織工学と再生医療

組織特異的エンハンサーに結合する転写因子を同定した

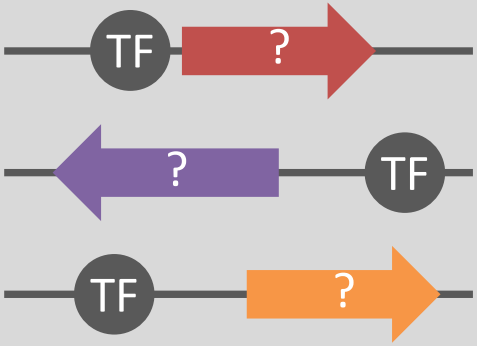
➢ 各種組織のマスター制御因子の特定

➢ ダイレクトリプログラミングへの応用

in silico ChIP

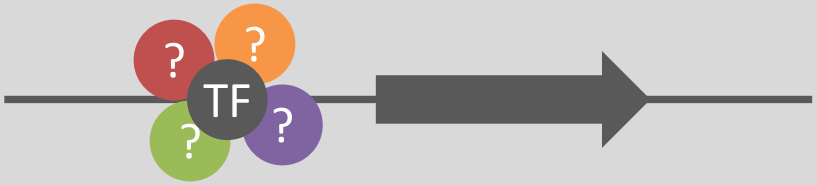
① Peak Browser
何がどこに結合する？

② Target Genes
転写因子の標的遺伝子を探す。

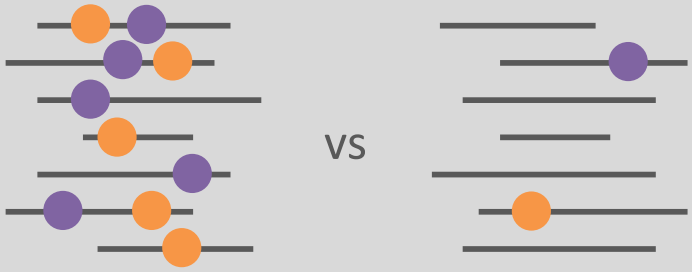


ChIP-Atlas

③ Colocalization
共局在する転写因子を探す。

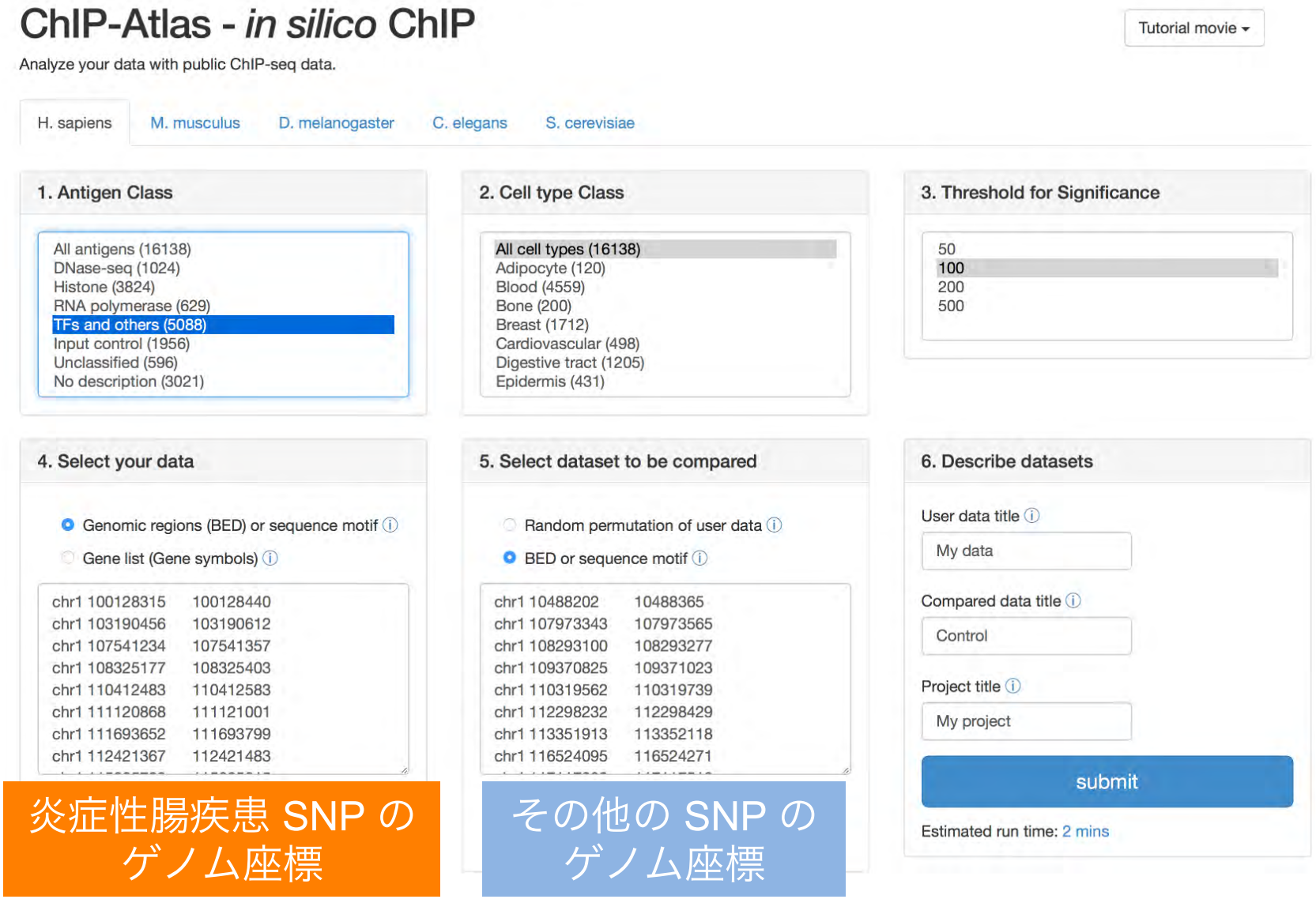


④ in slico ChIP
ゲノム領域への Enrichment 解析



in silico ChIP

例) 炎症性腸疾患 SNP に enrich する転写因子を探したい



解析パイプライン：大田 達郎 (DBCLS), 小笠原 理 (DDBJ)

炎症性腸疾患 SNP と有意に overlap するデータ

ID	Antigen class	Antigen	Cell class	Cell	Log P-val
SRX212650	TFs and others	STAT1	Blood	Monocytes-CD14+	-26.7
SRX831873	TFs and others	STAT5B	Blood	CD8-Positive T-Lymphocytes	-21.7
SRX212648	TFs and others	STAT1	Blood	Monocytes-CD14+	-20.9
SRX1023792	TFs and others	SPI1	Blood	Macrophages	-20.2
SRX831874	TFs and others	STAT5B	Blood	CD8-Positive T-Lymphocytes	-18.9
SRX212649	TFs and others	STAT1	Blood	Monocytes-CD14+	-17.2
SRX831878	TFs and others	STAT5B	Blood	CD8-Positive T-Lymphocytes	-15.9
SRX092314	TFs and others	GATA3	Blood	Th1 Cells	-15.6
SRX831879	TFs and others	STAT5B	Blood	CD8-Positive T-Lymphocytes	-15.4
SRX1023791	TFs and	SPI1	Blood	Macrophages	-14.9

疾患 SNP に結合する転写因子がわかる。

疾患の原因となる細胞タイプがわかる。

科学技術や医療への応用性

■ 遺伝子制御機構の解明

Epigenome 情報が容易に理解できる

➢ 遺伝子制御の上下関係、制御領域の特定

■ 遺伝性疾患の解明

Non-coding GWAS SNP に結合する転写因子を同定した

➢ 発症メカニズムの分子基盤

➢ リスク予測、precision medicine への応用

■ 組織工学と再生医療

組織特異的エンハンサーに結合する転写因子を同定した

➢ 各種組織のマスター制御因子の特定

➢ ダイレクトリプログラミングへの応用

利用状況 (2015 年 12 月 ～)

■ 機能的利用数

15,795 回

*４つの機能のいずれかの利用回数 (2017 年 1 月まで)。
単純訪問者や、bot などのアクセスは除く

年月	訪問者数	訪問回数	ページ数
2017 年 4 月	1,171	4,118	20,656
2017 年 5 月	1,858	6,095	50,612
2017 年 6 月	1,637	5,717	55,772

*2017 年 4 月より、AWStats で集計

■ 利用実績や評価

OPEN SCIENCE AWARD データベース部門 **第１位** * 2015 年度

Life Science Database Archive LSDB Archive データダウンロード回数

第１位 * 2017 年 5 月

第２位 * 2017 年 4 月

利用状況 (2015 年 12 月 ～)

■被引用論文： 8 報

- Guo, et al. **Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.** (2017).
- Ishigaki, et al. **Nat. Genet.** (2017).
- Kalender, et al. **bioRxiv** (2017).
- Kehl, et al. **Nucleic Acids Res.** (2017).
- Matsuda, et al. **Development** (2017).
- Tanegashima, et al. **Genes to Cells** (2017).

  Yevshin, et al. **Nucleic Acids Res.** (2017).
- Sugeno, et al. **Sci. Rep.** (2016).

おもに知識発見や
仮説構築に利用

■投稿中： 2 報

■投稿準備中： 2 報

■共同研究者：18 名

ChIP-Atlas の特長

個々の実験データ (*n* > 50,000)

Curation

Alignment, Peak-call

統合解析

ユーザ

データの視覚的理解

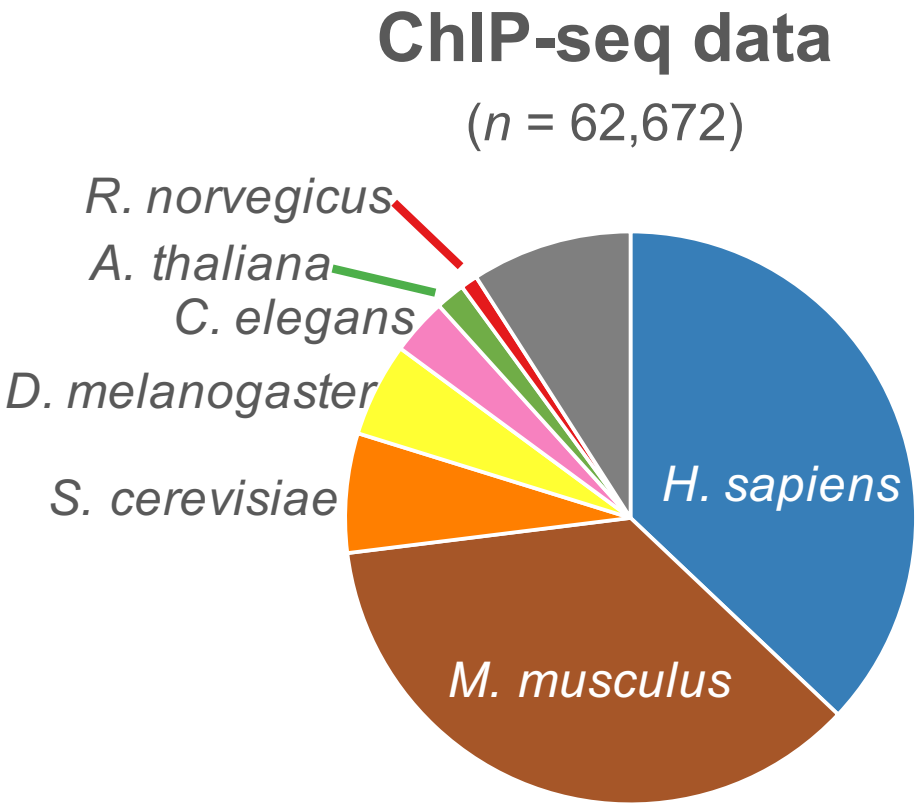
データマイニング

知識発見・仮説構築

実施計画

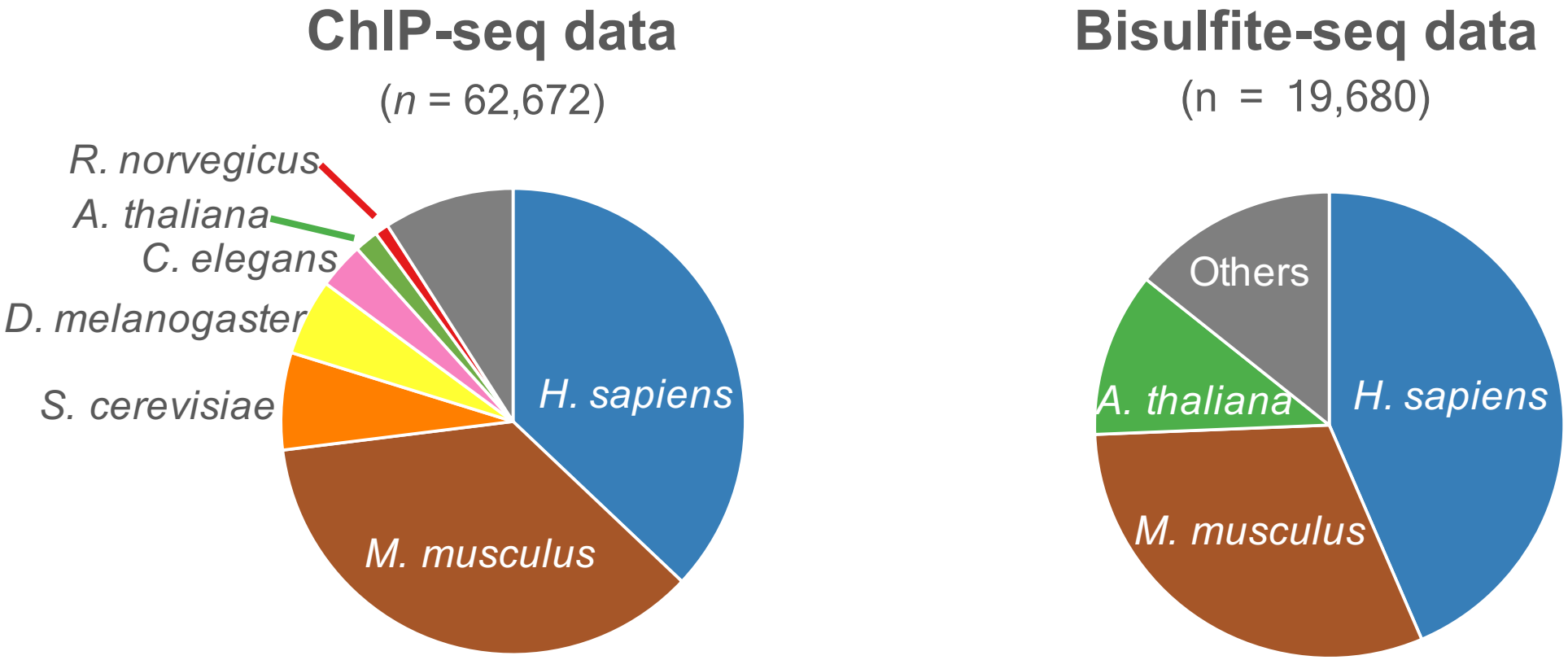
- 生物種の追加
- Bisulfite-seq データの追加
- キュレーションの効率化
- 他のデータベースとの連携
- 広報活動

生物種の追加



ナズナとラットのデータを追加する。

Bisulfite-seq データの追加



ヒト、マウス、ナズナのデータを追加する。

Bisulfite-seq データの追加

Bisulfite-seq データの追加

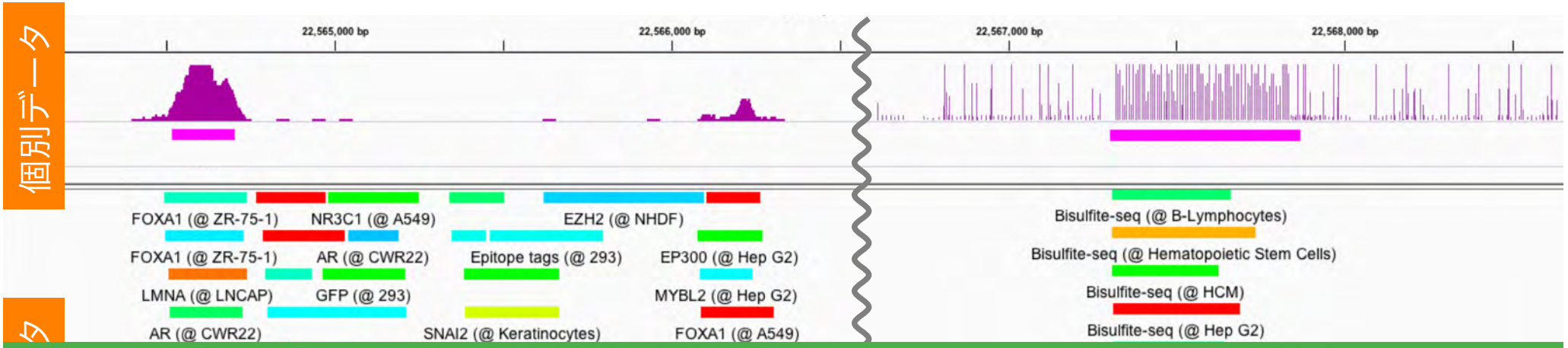
DDBJ　NCBI　ENA

ChIP-seq SRA

Alignment
Peak-call

Bisulfite-seq SRA

Alignment
Methyl-call



タンパクの結合やゲノムメチル化が全てわかる。
→ エピゲノミクス統合データベースとする。

Bisulfite-seq データの追加：**進捗状況**

アライメントツールの選定

Bisulfite-seq のリードは直接アライメントできない

(Bisulfite conversion 後)

Bisulfite-seq データの追加：**進捗状況**

アライメントツールの選定

Bisulfite-seq アライメントツールはたくさんある。

BatMeth	BS-Seeker	MethylCoder
Bismark	BS-Seeker2	Novoalign
Bisulfighter	B-SOLANA	Pash
BRAT-BW	GSNAP	RMAP
BSMAP	ERNE-BS5LAST	SOCS-B
BSmooth	MAQ	

Tsuji et al. *Brief Bioinform*. (2016)

➢ 選定とパイプライン構築を外注 (Rhelixa 社)

- 汎用度（論文数）
- 使いやすさ（消費メモリ、実行速度）
- 再現性（論文の図との比較）

三浦 G 担当

実施計画

- 生物種の追加
- Bisulfite-seq データの追加
- キュレーションの効率化
- 他のデータベースとの連携
- 広報活動

メタ情報のキュレーション

属性	属性値
ID	SRX213809
Title	AntiGFP KD Oct4; Mus musculus; ChIP-Seq
source_name	Anti-GFP KD mESCs
strain	129S4/Svjae
phenotype	agouti
gender	male
cell type	ESC
genotype	Anti-GFP shRNA KD
chip antibody	Oct4(N-19)(sc-8628), Santa Cruz Biotechnology

細胞名 = Embryonic Stem Cells

抗原名 = Pou5f1

メタ情報のキュレーション

BEFORE

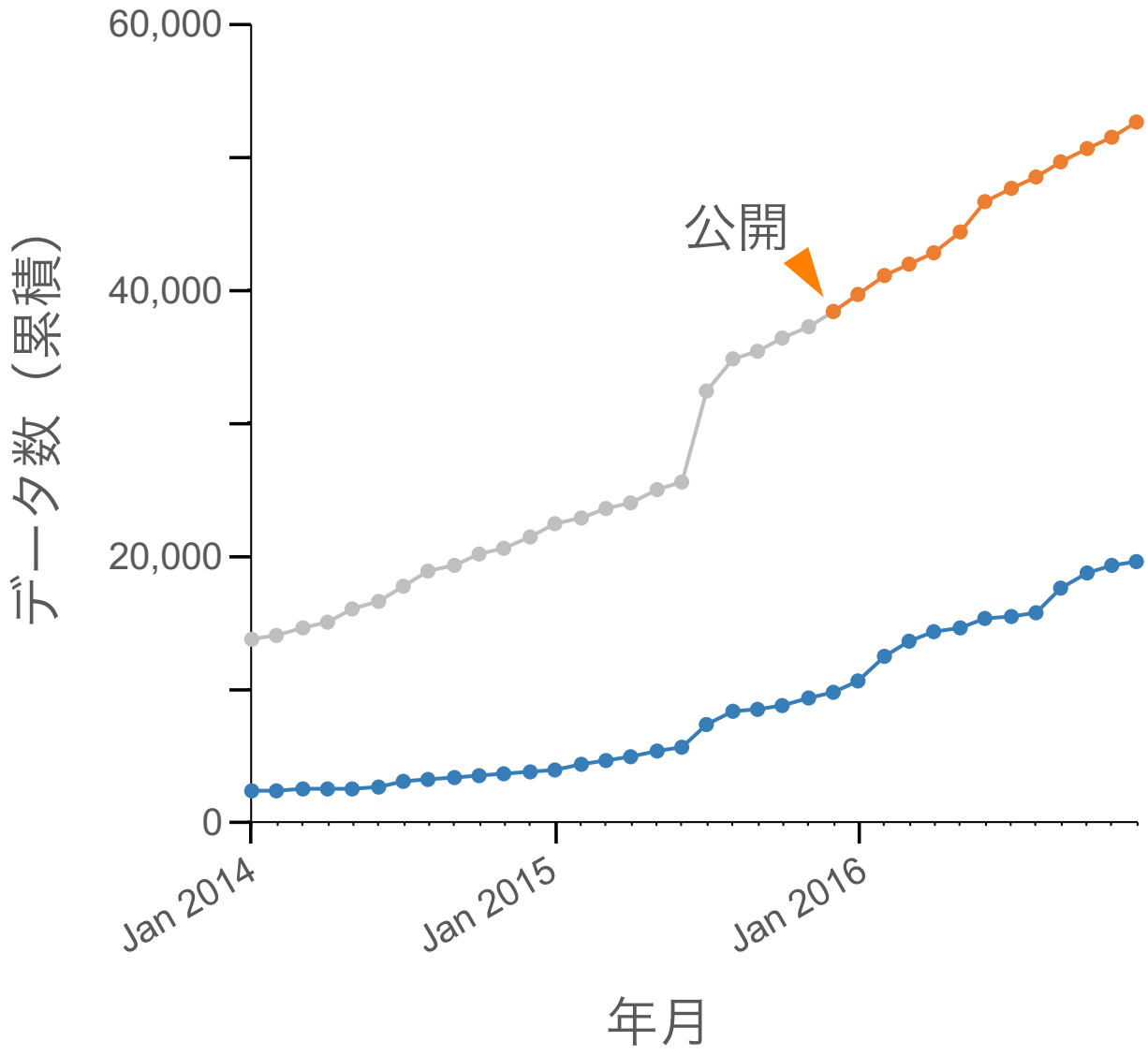
ID	Original sample metadata
ERX200492	ArrayExpress-Sex=male; ArrayExpress-CellType=B-Lymphocyte; ArrayExpress-Immunoprecipitate=CTCF; ArrayExpress-Species=Hom
SRX1024932	source_name=chronic myelogenous leukemia cell line; cell line=K562; antibody=AGO2
SRX212431	source_name=CD4+CD25+CD45RA+ expanded naive regulatory T ce donor=S030b; cell type=CD4+CD25+CD45RA+ expanded naive regul
SRX831872	source_name=Pre-activated CD8+ T cells; tissue=Peripheral blood; ce type=Pre-activated CD8+ T cells; chip antibody=STAT5B (Invitrogen,
SRX100477	source_name=HepG2; biomaterial_provider=ATCC; datatype=ChipSe datatype description=Chromatin IP Sequencing; cell
SRX530184	source_name=primary human hepatocytes; tissue=Liver; chip antibody=FXR (1:1 mixture of sc-1204x and sc-13063x, ChIP grade,
SRX159094	source_name=HuH7 cells, mitotic block and release; cell type=HuH7; cycling state=mitotic; antibody=FoxA1; vendor/catalog/lot=Abcam
SRX644410	source_name=PANC1 Pancreatic cancer cell line; antibody=ETS1 (Sa Cruz, sc-350, lot #F1312); cell line=PANC1

メタ情報のキュレーション

AFTER

ID	Antigen	Cell type Class	Cell type
ERX200492	CTCF	Blood	B-Lymphocytes
SRX1024932	AGO2	Blood	K-562
SRX212431	STAT5A	Blood	CD4-Positive T-Lymphocytes
SRX831872	STAT5B	Blood	CD8-Positive T-Lymphocytes
SRX100477	FOXA1	Liver	Hep G2
SRX530184	NR1H4	Liver	Hepatocytes
SRX159094	FOXA1	Liver	HuH-7
SRX644410	ETS1	Pancreas	PANC-1

メタ情報のキュレーション



ChIP-seq

$n \simeq 50{,}000$

1,300 件／月

Bisulfite-seq

$n \simeq 20{,}000$

700 件／月

キュレータの雇用、養成

沖 G, 浜本 G 担当

キュレーションの品質管理

転写因子名

名称	生物種
HGNC	ヒト
MGI	マウス
FlyBase	ハエ
WormBase	線虫
SGD	酵母

例)

OCT4 → POU5F1

p53 → TP53

細胞名

名称	概要
Yu et al 2015	Nature 誌で提唱された細胞名表記法
ATCC	非営利団体細胞バンク
MeSH	NLM が定める生命科学用語集

例)

K562, K-562→ K-562

HepG2, Hep-G2 → Hep G2

マニュアル策定・ルールの徹底

特徴語抽出

BEFORE		AFTER
biomaterial_provider=ATCC; cell_line=K562; disease=chronic myelogenous leukem…	→	Blood K-562
Sample Description=K562 ChIP DNA; ArrayExpress-Phenotype=Normal; ArrayExpı…	→	Blood K-562
ArrayExpress-Sex=female; ArrayExpress-CellType=K562; ArrayExpress-DiseaseSt…	→	Blood K-562
datatype=ChipSeq; datatype description=Chromatin IP Sequencing; cell=K562; cell …	→	Blood K-562
antibody=ZNF263; cell type=myelogenous leukaemia; cell line=K562; passage=10-…	→	Blood K-562

機械学習による半自動化

➢ ヒューマンエラーを防ぐ

➢ データ爆発に備える

キュレーションの効率化：**進捗状況**

機械学習による半自動化

- 文字 n-gram 分割
- CNN または SVM 法によるテキスト分類
  (ten-fold cross validation)

BEFORE	AFTER
Cultured K562 cells_dCas9_KRAB_HS2_CR4_H3K9me3	K-562
K562; K562_H3K122ac; human erythroleukemic cell line	K-562
K562; K562 NaBut 72hr DNase-seq; myelogenous leukemia cell line	K-562
K562; Leukemia; Leukemia	K-562
K562; Input ChIP-Seq K562 BIO	K-562
Cultured K562 cells_dCas9_KRAB_HS2_CR10_FLAG	K-562
K562 PU.1 shRNA2 DMSO DNase-seq; myelogenous leukemia cell line	K-562
chronic myeloid leukemia	K-562
K562-RNF2 ChIP-seq; K562 erythrocytic leukaemia cells (ATCC CCL-243)	K-562
K562 cells	K-562
Chromatin IP with NFYA Ab	K-562
K562 High NaBut 72hr DNase-seq; myelogenous leukemia cell line	K-562

瀬々アドバイザーとの共同研究

キュレーションの効率化：**進捗状況**

機械学習による半自動化

- 文字 *n*-gram 分割
- CNN または SVM 法によるテキスト分類
  (ten-fold cross validation)

BEFORE	AFTER
Cultured K562 cells_dCas9_KRAB_HS2_CR4_H3K9me3	K-562
Cul	K-562
ult	K-562
ltu	K-562
tur	K-562
ure	K-562
red	K-562
K56	K-562
562	K-562
cel	K-562
ell	K-562
lls	K-562

n = 3 の場合

瀬々アドバイザーとの共同研究

キュレーションの効率化：**進捗状況**

正答例

INPUT	OUTPUT
K562; K562 Input Control ChIP-seq; myelogenous leukemia cell line	K-562
K562 myelogenous leukemia; N/A; N/A	K-562
K562; K562 PU.1 shRNA2 SAHA DNase-seq; myelogenous leukemia cell line	K-562
K562; K562 SAHA PU.1 ChIP-seq; myelogenous leukemia cell line	K-562
K562; chronic myelogenous leukemia; chronic myelogenous leukemia cell line	K-562
K562 cells; TBP ChIP-seq (Human K562 cells) Rep 1	K-562
K562-P300 ChIP-seq; K562 erythrocytic leukaemia cells (ATCC CCL-243)	K-562
K562-RNF2 ChIP-seq; K562 erythrocytic leukaemia cells (ATCC CCL-243)	K-562
leukemia cell line K562; K562	K-562
ATCC CCL-243; cultured K562 cells (ATCC CCL-243); K562	K-562
Mock-treated K562 erythroleukemia cells	K-562
ERS363987; K-562; mesoderm; Chronic Myelogenous Leukemia	K-562

瀬々アドバイザーとの共同研究

キュレーションの効率化：**進捗状況**

正答例

INPUT	OUTPUT
OCT4; embryonic stem cells	POU5F1
Oct4; SC-8628; Embyonic stem cells	POU5F1
POU5F1(Abcam,ab19857,GR21088-1); dEC	POU5F1
Oct4; BJ_Oct4 ChIP-Seq_48hr_mockinduction	POU5F1
Oct4; BJ_Oct4 ChIP-Seq_48hr_postinduction	POU5F1
POU5F1(Abcam,ab19857,GR21088-1); dEN	POU5F1
POU5F1(Abcam,ab19857,GR21088-1); dME	POU5F1
Oct4; sc8628; Embryonic stem cells	POU5F1

AFTER の頻出回数が 10 以上：約９割の正答率

10 以下：精度が極端に低い

瀬々アドバイザーとの共同研究

キュレーションの効率化：**進捗状況**

誤答例

INPUT	OUTPUT
anti OCT3 antibody; Induced pluripotent stem cells	Input control
OCT4	Unclassified
OCT4A; embryonic carcinoma NCCIT	Unclassified
anti-Oct4 (Abcam, ab19857, GR21088-1); hES HUES6	Unclassified

AFTER の頻出回数が 10 以上：約９割の正答率

10 以下：精度が極端に低い

➢ Rhelixa 社との共同開発。

キュレーションの効率化：**進捗状況**

これまでのキュレーションの再チェック

- 医学的観点からの妥当性
- どのレベルまで書き下すかという問題

例 1）白血病サンプル

[急性／慢性] [骨髄性／リンパ性] 白血病

+ 表面抗原？

+ 採取した組織部位？

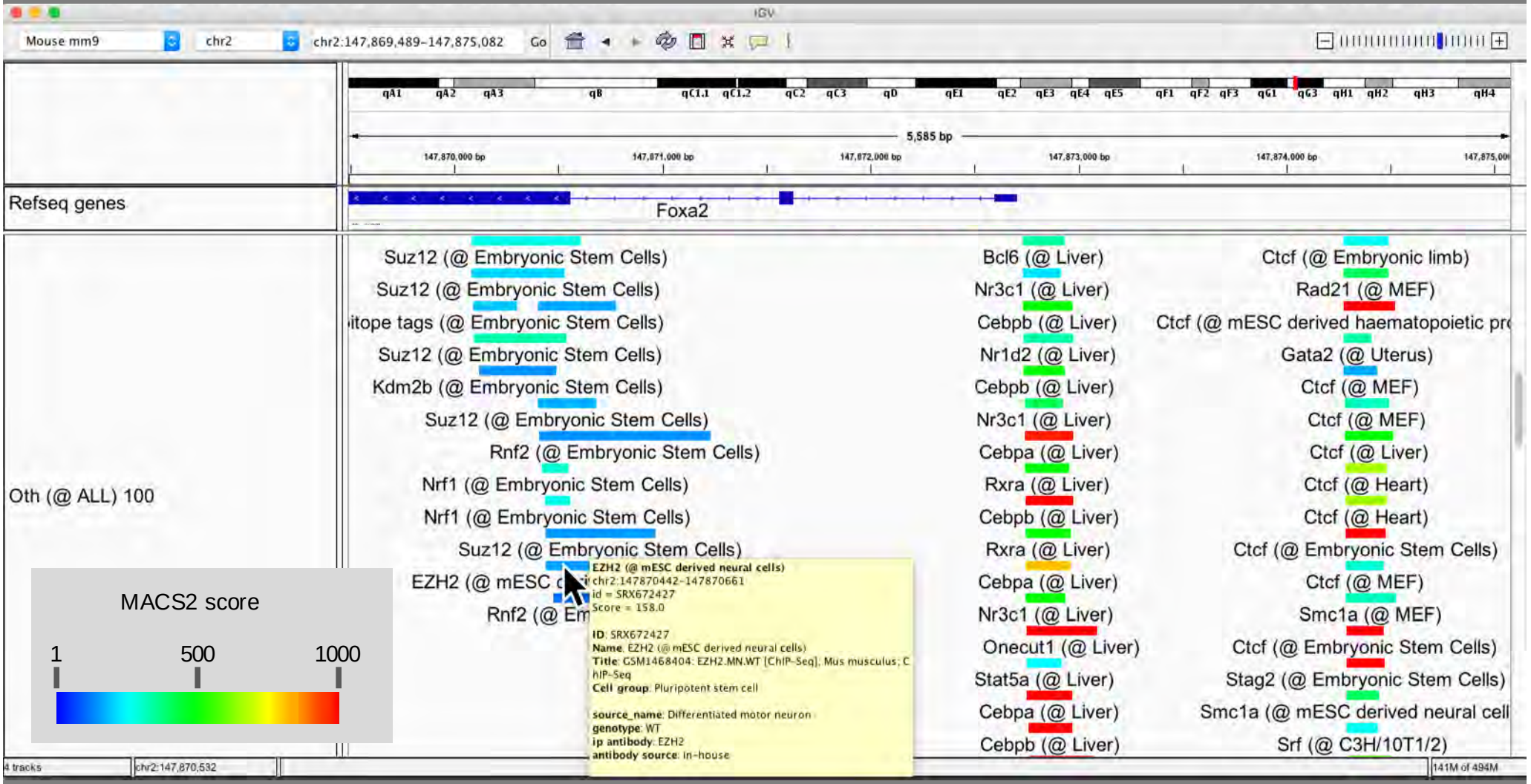
例 2）乳がんサンプル

+ 硬がん／乳頭腺管がん？

+ ホルモン受容体、HER2などの陰性／陽性？

浜本 G と協議中

キュレーションの効率化：**進捗状況**



・視認性とのトレードオフ
（細分化するほど、視認性や検索性が低下）

浜本 G と協議中

実施計画

- 生物種の追加
- Bisulfite-seq データの追加
- キュレーションの効率化
- 他のデータベースとの連携
- 広報活動

連携するための前提

BEFORE		AFTER
biomaterial_provider=ATCC; cell_line=K562; disease=chronic myelogenous leukem…	→	Blood K-562
Sample Description=K562 ChIP DNA; ArrayExpress-Phenotype=Normal; ArrayExpr…	→	Blood K-562
ArrayExpress-Sex=female; ArrayExpress-CellType=K562; ArrayExpress-DiseaseSt…	→	Blood K-562
datatype=ChipSeq; datatype description=Chromatin IP Sequencing; cell=K562; cell …	→	Blood K-562
antibody=ZNF263; cell type=myelogenous leukaemia; cell line=K562; passage=10-…	→	Blood K-562

テキストデータだけでは意味不明

連携するための前提

K-562 (CLO_0007059) とは

- immortal human cell line cell (CLO_0000511)

- derives from patient having disease leukemia (DOID_1240)

- derives from blood cell (CL_0000081)

細胞名が controlled vocabulary に紐づくことが前提条件

他のデータベースとの連携

ID	Antigen	Cell	Ontology ID
SRX150420	ATF1	K-562	CLO_0007059
SRX150423	GTF3C1	K-562	CLO_0007059
SRX150436	USF2	K-562	CLO_0007059
SRX150441	NRF1	K-562	CLO_0007059
SRX150452	RPC155	K-562	CLO_0007059
SRX150465	RCOR1	K-562	CLO_0007059
SRX150472	NELFE	K-562	CLO_0007059
SRX150474	GTF2B	K-562	CLO_0007059
SRX150504	XRCC4	K-562	CLO_0007059
SRX150548	STAT2	K-562	CLO_0007059
SRX150550	STAT1	K-562	CLO_0007059
SRX150569	BRF2	K-562	CLO_0007059
SRX150574	TBP	K-562	CLO_0007059
SRX150575	TAL1	K-562	CLO_0007059
SRX150576	MXI1	K-562	CLO_0007059
SRX150578	CEBPB	K-562	CLO_0007059
SRX150580	GTF2F1	K-562	CLO_0007059
SRX150581	CHD2	K-562	CLO_0007059
SRX150583	IRF1	K-562	CLO_0007059
SRX150599	MAFF	K-562	CLO_0007059
SRX150623	HMGN3	K-562	CLO_0007059
SRX150626	CCNT2	K-562	CLO_0007059
SRX150644	RFX5	K-562	CLO_0007059
SRX150647	ZNF143	K-562	CLO_0007059
SRX150653	TBL1XR1	K-562	CLO_0007059
SRX150655	BACH1	K-562	CLO_0007059

連携できる

K-562 (CLO_0007059) を用いた実験を含むその他の omics DB

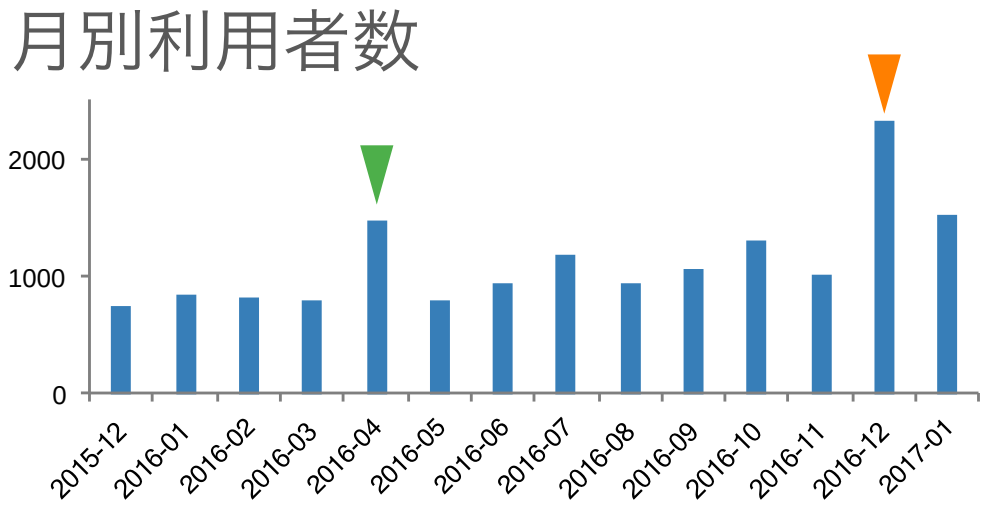
DBKERO（協議予定）　　FANTOM5（協議中）

実施計画

- 生物種の追加
- Bisulfite-seq データの追加
- キュレーションの効率化
- 他のデータベースとの連携
- 広報活動

広報活動

会議種別	会議名
国内学会	日本分子生物学会、日本発生生物学会、
国際学会	Keystone symposium, Cold Spring Horbor Lab meeting
研究集会	遺伝研研究会、トーゴーの日、「個性創発脳」領域会議 生命情報科学若手の会、NGS 現場の会、発生と代謝の会
招待セミナー	京大 CiRA、横浜理研、神戸理研、国立がんセンター （予定：東京医科歯科大、先端医療センター）
講習会	DDBJ 講習会

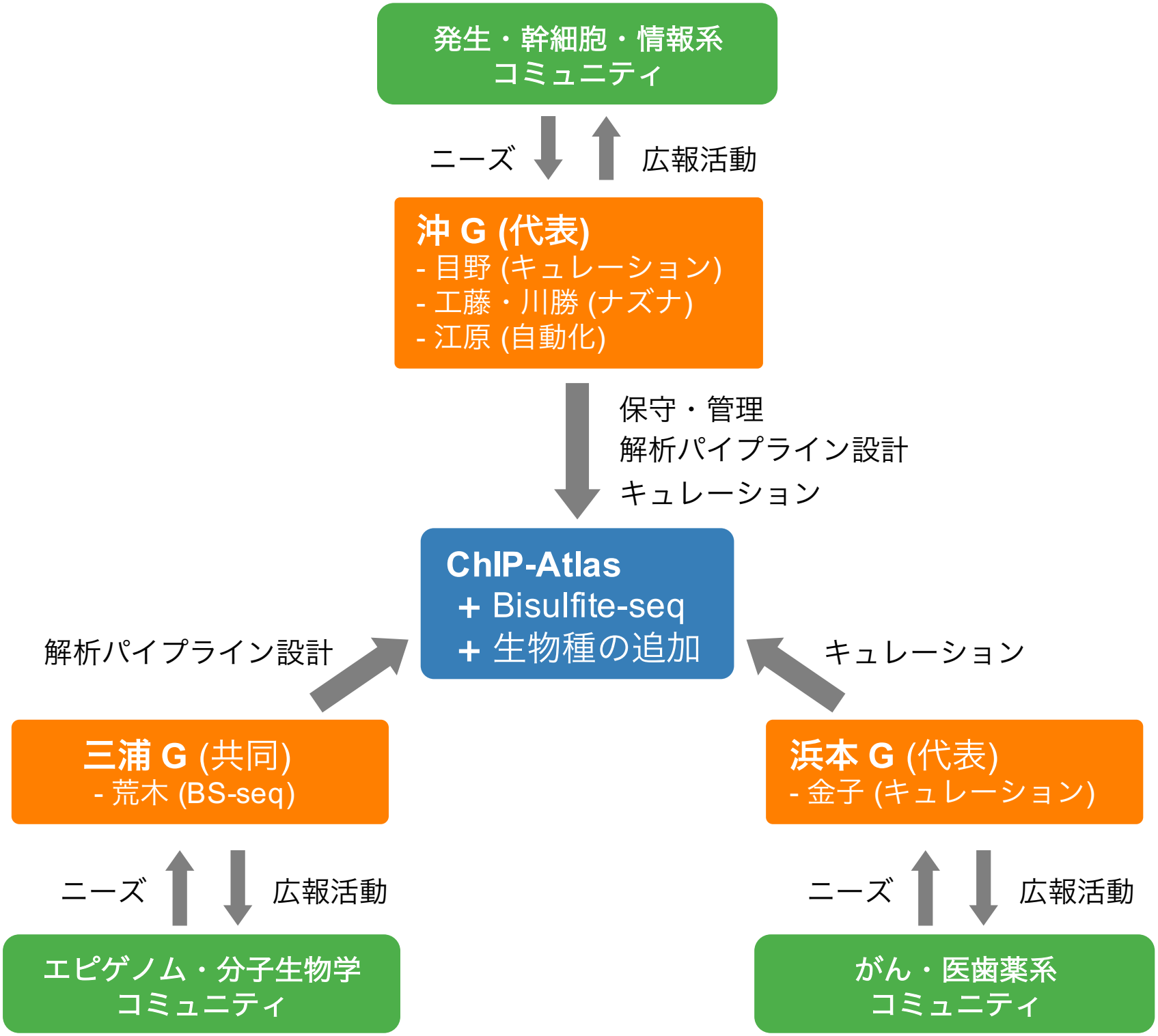


広報活動

最近の活動

2017 年	7 月	東京大学	招待セミナー
2017 年	7 月	次世代生命科学の会	口頭発表
2017 年	7 月	個性創発脳 領域会議	ポスター
2017 年	5 月	日本発生生物学会	口頭発表
2017 年	5 月	NGS 現場の会	ポスター
2017 年	3 月	先端医療センター研究所	招待セミナー
2017 年	3 月	東京医科歯科大学	招待セミナー
2017 年	2 月	発生と代謝を考える会	口頭発表
2017 年	2 月	Keystone symposium	口頭発表

+ 論文投稿


発生・幹細胞・情報系
コミュニティ
ニーズ
広報活動
沖 G (代表)
- 目野 (キュレーション)
- 工藤・川勝 (ナズナ)
- 江原 (自動化)
保守・管理
解析パイプライン設計
キュレーション
ChIP-Atlas
+ Bisulfite-seq
+ 生物種の追加
解析パイプライン設計
キュレーション
三浦 G (共同)
- 荒木 (BS-seq)
浜本 G (代表)
- 金子 (キュレーション)
ニーズ
広報活動
ニーズ
広報活動
エピゲノム・分子生物学
コミュニティ
がん・医歯薬系
コミュニティ

達成目標

～３年次末	～５年次末
・ラットとナズナの追加 ・Bisulfite-seq データの追加	・さらなる生物種の追加
・キュレーションの半自動化 ・オントロジー化, RDF 化	・キュレータへの業務移行 ・その他の DB との連携
・現行の３倍の訪問回数 （20 万回／年）	・現行の５倍の訪問回数 （32 万回／年）

謝辞

Web UI の作製, 様々な提言
大田 達郎 (DBCLS)

構想, 提案
塩井 剛 (RIKEN)

CoLo の提供
仲木 竜 (東大)

データ可視化
川路 英哉 (RIKEN)

計算機
NIG supercomputer

WABI の作製
小笠原 理
奥田 喜広 (DDBJ)

サーバ提供
畠中 秀樹 (NBDC)

統計解析
瀬々 潤 (産総研)

データ考察
目野 主税 (九大)

九州大学
DBCLS Database Center for Life Science
NBDC National Bioscience Database Center
DDBJ DNA Data Bank of Japan
独立行政法人 科学技術振興機構 Japan Science and Technology Agency

H27 年度 統合化推進プログラム
データ解析トライアル
H29 年度 統合化推進プログラム