

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 3 年 6 月 4 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(B) (特設分野研究)

研究期間：2018～2020

課題番号：18KT0024

研究課題名(和文) Non-coding領域に存在する疾患原因SNPの同定と機能解析

研究課題名(英文) Identification and functional analysis of noncoding SNPs causative for genetic disorders

研究代表者

沖 真弥 (OKi, Shinya)

京都大学・医学研究科・特定准教授

研究者番号：90452713

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,300,000円

研究成果の概要(和文)：GWASなどのcase-control studyにより、疾患と関連する一塩基多型(marker SNP)が数多く同定されている。しながら、疾患と関連するmarker SNPの約9割がnon-coding領域に存在するため、SNPがどの遺伝子に影響を与え、なぜ疾患につながるのかといった因果関係の理解が非常に難しい。本研究では疾患と関連するnon-coding領域のSNPに焦点を当て、それに起因する疾患プロセスの解明をめざす。その結果、noncoding領域に存在する疾患関連SNPの連鎖不平衡領域内で、免疫や炎症に関わる複数の転写因子が結合する領域を特定した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究はこれまで見過ごされてきたnon-coding領域のSNPに着目し、転写因子結合情報をフル活用してそのcausal SNPの同定を目指すため、統計遺伝学を駆使した従来のfine-mappingとは大きく異なるアプローチである。本研究の成果は罹患リスクを予測するためのマーカーとしてそのまま用いることができるため、coding領域に偏っていた従来の予測精度を飛躍的に引き上げることが期待される。

研究成果の概要(英文)：GWAS and other case-control studies have identified many disease-associated single nucleotide polymorphisms (marker SNPs). However, since about 90% of disease-associated marker SNPs are located in non-coding regions, it is very difficult to understand the causal relationship between SNPs, which genes they affect, and why they lead to diseases. In this study, we focused on SNPs in non-coding regions that are associated with diseases, and aimed to elucidate the disease process caused by them. As a result, we identified a region where multiple transcription factors involved in immunity and inflammation bind within the linkage disequilibrium region of disease-related SNPs in the non-coding region.

研究分野：統合ゲノミクス

キーワード：GWAS SNP ChIP-seq 転写因子

## 1. 研究開始当初の背景

GWAS などの case-control study により、疾患と関連する一塩基多型 (marker SNP) が数多く同定されている。例えば乳がんでは BRCA1、自己免疫疾患では HLA 遺伝子群などにマッピングされ、これらの遺伝子異常が疾患を引き起こすメカニズムについて精力的に研究されてきた。しかしながら、疾患と関連する marker SNP の約 9 割が non-coding 領域に存在する (Maurano et al. 2012 Science) ため、SNP がどの遺伝子に影響を与え、なぜ疾患につながるのかといった因果関係の理解が非常に難しい。また non-coding 領域における causal SNP の探索については、coding 領域におけるコドンのような指標がないため、LD-block 内の緻密な fine-mapping と大規模なサンプル集団が必要となる。そのため non-coding 領域の SNP のほとんどが後続研究に供されておらず、遺伝性疾患の全容解明には程遠いのが現状である。GWAS の成果は、ゲノム配列による疾患分類や罹患リスク予測などへ応用されているが、現状では遺伝子 coding 領域のタイピングに偏っているため、予測精度の向上には non-coding SNP の積極的な理解と活用が不可欠である。

また遺伝性疾患は、寄与率の低い複数の疾患感受性 SNP の組み合わせによって生じるという polygenic effect が提唱されており、理論的な研究は盛んになされている (Stahl et al. 2012 Nat Genet)。しかしながら SNP の組み合わせが疾患を惹起するまでのプロセスはほとんど未解明である。複数の変異導入と表現型の因果関係を検証する実験はこれまで困難であったが、近年のゲノム編集技術はそれを実現するための強力なツールである。

## 2. 研究の目的

以上の問題をふまえ、本研究では疾患と関連する non-coding 領域の SNP に焦点を当て、それに起因する疾患プロセスの解明をめざす。申請者のこれまでの解析により、non-coding GWAS SNP の周辺には様々な転写因子を結合する hotspot があり、なおかつ既知の causal SNP の座位と一致するものが見出された。つまり転写因子結合 hotspot が causal SNP を見つけるための指標になりうることを示唆しており、本研究では転写因子結合 hotspot の欠失実験による機能解析と causality の検証をおこなう。また、polygenic effect の実体解明のために、ゲノム編集技術による複数変異導入をおこなう。これにより疾患リスクを高める組み合わせを検証し、発症のメカニズムやプロセスを解析する。本研究はこれまで見過ごされてきた non-coding 領域の SNP に着目し、転写因子結合情報をフル活用してその causal SNP の同定を目指すため、統計遺伝学を駆使した従来の fine-mapping とは大きく異なるアプローチである。本研究の成果は罹患リスクを予測するためのマーカーとしてそのまま用いることができるため、coding 領域に偏っていた従来の予測精度を飛躍的に引き上げることが期待される。

## 3. 研究の方法

### (1) 転写因子結合 hotspot の探索

申請者が行なった予備的な情報解析の結果、non-coding 領域に存在する marker SNP 周辺には種々の転写因子を結合する hotspot を見出した。これはいくつかの既報の ChIP-seq データを解析して得られた結果であるため、網羅性が低いことが問題である。そこで本研究では世界中で報告された全ての ChIP-seq データを統合させたデータベースを作成する。そのデータをフル活用することにより、あらゆる転写因子が結合する箇所の洗い出しについて再解析を行う。

## (2) 転写因子結合 hotspot の欠失実験

上記で見出された転写因子結合 hotspot の両側を挟むように guide RNA を作成し、hotspot 領域の欠失実験を行う。

## 4. 研究成果

### (1) 転写因子結合 hotspot の探索

これまでに論文などで報告された ChIP-seq データは全て NCBI SRA に収録され、公開されている。しかしながら、そこに収録されているのはシーケンサーが読み取った配列生データ (Fastq 形式) であるため、どのゲノム領域に結合するのかという情報が得られない。そこで我々は遺伝研スパコンを活用し、すべての ChIP-seq データの Fastq 形式ファイルをダウンロードし、レファレンスゲノムへのアライメントとピークコールを行なった。またそれらのデータ全てを Web で検索や閲覧ができるよう、ChIP-Atlas というサイトを通じて公開した (Oki, et al, EMBO Rep 2018)。その後もデータの更新を続けており、これまでに約 14 万件のヒト、マウス、ラット、ハエ、線虫、出芽酵母の ChIP-seq データを収集・解析し、公開した。

これまでに報告された GWAS データは EMBL-EBI より「GWAS catalog」としてまとめられおり、約 2,000 の形質、のべ約 4 万ヶ所の marker SNP 周辺について ChIP-Atlas の全 ChIP-seq データの enrichment 解析をおこなった。その結果、自己免疫疾患と関連する non-coding SNP 周辺には、免疫細胞における、血球分化に重要な転写因子の ChIP-seq データが顕著に enrich した。特に炎症性腸疾患と乾癬のそれには macrophage の PU.1 が enrich した (PU.1 は macrophage 分化のマスター転写因子)。したがって、正常な macrophage の non-coding 領域に PU.1 を結合する部位があるが、そこに疾患タイプの causal SNP があると PU.1 が結合できずに macrophage 分化が異常となると考えられ、それが両疾患の引き金になると思われる。とくに腸と皮膚は常に常在菌にさらされるため、免疫寛容システムが必要な臓器であり、その破綻が炎症性腸疾患や乾癬を引き起こすとされる。両疾患では他にも monocyte の STAT1 などの結合などが共通しており、両疾患の発症プロセスの共通性を示唆する。

この ChIP-Atlas のデータをフル活用することで、noncoding 領域に存在する疾患関連 SNP の連鎖不平衡領域内で、免疫や炎症に関わる複数の転写因子が結合する領域を特定した。またそれらのうち、マウスゲノムと相同性が高いものを選別し、さらにマウスゲノムにおいても複数の転写因子が結合するかについて ChIP-Atlas で検証した結果、最終的に数十箇所の領域が causal SNP 候補として得られた。

## (2) 転写因子結合 hotspot の欠失実験

上記で得られた数十箇所の causal SNP 候補領域について、それぞれの両端を挟むように guide RNA を設計し、欠失変異の導入を試みた。Guide RNA の有効性を評価するため、ひとつのコンストラクトあたり 20-30 個の受精卵にエレクトロポレーション法で導入し、胚盤胞まで培養したのち、PCR によって変異導入率を算出した。これにより有効な guide RNA を選別した。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計21件（うち査読付論文 19件／うち国際共著 1件／うちオープンアクセス 12件）

1. 著者名 Yoshizaki Kaichi, Koike Tasuku, Kimura Ryuichi, Kikkawa Takako, Oki Shinya, Koike Kohei, Mochizuki Kentaro, Inada Hitoshi, Kobayashi Hisato, Matsui Yasuhisa, Kono Tomohiro, Osumi Noriko	4. 巻 -
2. 論文標題 Paternal age affects offspring's behavior possibly via an epigenetic mechanism recruiting a transcriptional repressor REST	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 BioRxiv	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/550095	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Wu Zhaoming, Rao Yanxia, Zhang Sushan, Kim Eun-Jung, Oki Shinya, Harada Hidemitsu, Cheung Martin, Jung Han-Sung	4. 巻 248
2. 論文標題 Cis-control of Six1 expression in neural crest cells during craniofacial development	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Developmental Dynamics	6. 最初と最後の頁 1264-1272
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/dvdy.109	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Honda Mizuki, Oki Shinya, Harada Akihito, Maehara Kazumitsu, Tanaka Kaori, Meno Chikara, Ohkawa Yasuyuki	4. 巻 -
2. 論文標題 High resolution spatial transcriptome analysis by photo-isolation chemistry	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 BioRxiv	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/2020.03.20.000984	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Kaminuma Eli, Baba Yukino, Mochizuki Masahiro, Matsumoto Hiroataka, Ozaki Haruka, Okayama Toshitsugu, Kato Takuya, Oki Shinya, Fujisawa Takatomo, Nakamura Yasukazu, Arita Masanori, Ogasawara Osamu, Kashima Hisashi, Takagi Toshihisa	4. 巻 -
2. 論文標題 DDBJ Data Analysis Challenge: a machine learning competition to predict chromatin feature annotations from DNA sequences	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Genes & Genetic Systems	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1266/ggs.19-00034	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Iida Hideaki, Furukawa Yoko, Teramoto Machiko, Suzuki Hitomi, Takemoto Tatsuya, Uchikawa Masanori, Kondoh Hisato	4. 巻 -
2. 論文標題 Sox2 gene regulation via the D1 enhancer in embryonic neural tube and neural crest by the combined action of SOX2 and ZIC2	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Genes to Cells	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/gtc.12753	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Teramoto Machiko, Sugawara Ryo, Minegishi Katsura, Uchikawa Masanori, Takemoto Tatsuya, Kuroiwa Atsushi, Ishii Yasuo, Kondoh Hisato	4. 巻 9
2. 論文標題 The absence of SOX2 in the anterior foregut alters the esophagus into trachea and bronchi in both epithelial and mesenchymal components	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Biology Open	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1242/bio.048728	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Sugiura Daisuke, Maruhashi Takumi, Okazaki Hi-mi, Shimizu Kenji, Maeda Takeo K., Takemoto Tatsuya, Okazaki Taku	4. 巻 364
2. 論文標題 Restriction of PD-1 function by cis-PD-L1/CD80 interactions is required for optimal T cell responses	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Science	6. 最初と最後の頁 558 ~ 566
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/science.aav7062	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Yamamoto Shiori, Uchida Yuji, Ohtani Tomomi, Nozaki Erina, Yin Chunyang, Gotoh Yoshihiro, Yakushiji Kaminatsui Nayuta, Higashiyama Tetsuya, Suzuki Takamasa, Takemoto Tatsuya, Shiraishi Yo-ichi, Kuroiwa Atsushi	4. 巻 61
2. 論文標題 Hoxa13 regulates expression of common Hox target genes involved in cartilage development to coordinate the expansion of the autopodal anlage	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Development, Growth & Differentiation	6. 最初と最後の頁 228 ~ 251
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/dgd.12601	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Takemoto Tatsuya	4. 巻 -
2. 論文標題 Zygote Electroporation for CRISPR/Cas9 Delivery to Generate Genetically Modified Mice	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Springer Protocols	6. 最初と最後の頁 121 ~ 126
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-1-4939-9740-4_13	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Seiji Fukumoto, Yuichi Takashi, Maria Tsoumpra, Shun Sawatsubashi, Toshio Matsumoto	4. 巻 38
2. 論文標題 How do we sense phosphate to regulate serum phosphate level?	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Bone and Mineral Metabolism	6. 最初と最後の頁 1-6
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00774-019-01066-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Tsoumpra Maria K, Sawatsubashi Shun, Imamura Michihiro, Fukumoto Seiji, Takeda Shin'ichi, Matsumoto Toshio, Aoki Yoshitsugu	4. 巻 64
2. 論文標題 Dystrobrevin alpha gene is a direct target of the vitamin D receptor in muscle	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Molecular Endocrinology	6. 最初と最後の頁 195 ~ 208
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1530/JME-19-0229	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Takashi Yuichi, Kosako Hidetaka, Sawatsubashi Shun, Kinoshita Yuka, Ito Nobuaki, Tsoumpra Maria K., Nangaku Masaomi, Abe Masahiro, Matsuhisa Munehide, Kato Shigeaki, Matsumoto Toshio, Fukumoto Seiji	4. 巻 116
2. 論文標題 Activation of unliganded FGF receptor by extracellular phosphate potentiates proteolytic protection of FGF23 by its O-glycosylation	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 11418 ~ 11427
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.1815166116	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Oki Shinya, Ohta Tazro, Shioi Go, Hatanaka Hideki, Ogasawara Osamu, Okuda Yoshihiro, Kawaji Hideya, Nakaki Ryo, Sese Jun, Meno Chikara	4. 巻 19
2. 論文標題 ChIP Atlas: a data mining suite powered by full integration of public ChIP seq data	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 EMBO reports	6. 最初と最後の頁 e46255 ~ e46255
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embr.201846255	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Lizio Marina, Abugessaisa Imad, Noguchi Shuhei, Kondo Atsushi, Hasegawa Akira, Hon Chung Chau, deHoon Michiel, Severin Jessica, Oki Shinya, Hayashizaki Yoshihide, Carninci Piero, Kasukawa Takeya, Kawaji Hideya	4. 巻 47
2. 論文標題 Update of the FANTOM web resource: expansion to provide additional transcriptome atlases	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 D752 ~ D758
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gky1099	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Mochizuki Kentaro, Hayashi Yohei, Sekinaka Tamotsu, Otsuka Kei, Ito-Matsuoka Yumi, Kobayashi Hisato, Oki Shinya, Takehara Asuka, Kono Tomohiro, Osumi Noriko, Matsui Yasuhisa	4. 巻 24
2. 論文標題 Repression of Somatic Genes by Selective Recruitment of HDAC3 by BLIMP1 Is Essential for Mouse Primordial Germ Cell Fate Determination	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Cell Reports	6. 最初と最後の頁 2682 ~ 2693.e6
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.celrep.2018.07.108	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Anan Kotaro, Hino Shinjiro, Shimizu Noriaki, Sakamoto Akihisa, Nagaoka Katsuya, Takase Ryuta, Kohroggi Kensaku, Araki Hirotaka, Hino Yuko, Usuki Shingo, Oki Shinya, Tanaka Hirotoshi, Nakamura Kimitoshi, Endo Fumio, Nakao Mitsuyoshi	4. 巻 46
2. 論文標題 LSD1 mediates metabolic reprogramming by glucocorticoids during myogenic differentiation	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 5441 ~ 5454
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gky234	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Tanihara Fuminori, Hirata Maki, Nguyen Nhien T., Le Quynh A., Hirano Takayuki, Takemoto Tatsuya, Nakai Michiko, Fuchimoto Dai-ichiro, Otoi Takeshige	4. 巻 90
2. 論文標題 Generation of PDX-1 mutant porcine blastocysts by introducing CRISPR/Cas9-system into porcine zygotes via electroporation	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Animal Science Journal	6. 最初と最後の頁 55~61
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/asj.13129	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Tanihara Fuminori, Hirata Maki, Nguyen Nhien Thi, Le Quynh Anh, Hirano Takayuki, Takemoto Tatsuya, Nakai Michiko, Fuchimoto Dai-ichiro, Otoi Takeshige	4. 巻 13
2. 論文標題 Generation of a TP53-modified porcine cancer model by CRISPR/Cas9-mediated gene modification in porcine zygotes via electroporation	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0206360
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0206360	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Sawatsubashi Shun, Nishimura Koichi, Mori Jinichi, Kouzmenko Alexander, Kato Shigeaki	4. 巻 26
2. 論文標題 The Function of the Vitamin D Receptor and a Possible Role of Enhancer RNA in Epigenomic Regulation of Target Genes: Implications for Bone Metabolism	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Bone Metabolism	6. 最初と最後の頁 3~3
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.11005/jbm.2019.26.1.3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Joko Yudai, Joko Yudai, Sugano Shigeo S., Fukumoto Seiji, Matsumoto Toshio, Sawatsubashi Shun	4. 巻 -
2. 論文標題 Protocol for CRISPR/Cas9-based knock-in using the VIKING method	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Protocol Exchange	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/protex.2019.010	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Nishio K, Tanihara F, Nguyen T-V, Kuniyama T, Nii M, Hirata M, Takemoto T, Otoi T	4. 巻 53
2. 論文標題 Effects of voltage strength during electroporation on the development and quality of in vitro-produced porcine embryos	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Reproduction in Domestic Animals	6. 最初と最後の頁 313 ~ 318
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/rda.13106	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

[学会発表] 計37件 (うち招待講演 31件 / うち国際学会 4件)

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 遺伝子発現の時空間的な制御のしくみ
3. 学会等名 KBC第4回勉強会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 Data-driven and technical approaches to understand spatial gene regulation
3. 学会等名 WPI-IIIIS Seminar (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 Data-driven and technical approaches to understand spatial gene regulation
3. 学会等名 BDR seminar in Kobe (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータをフル活用し、遺伝性疾患の解明や創薬に挑む
3. 学会等名 次世代脳プロジェクト冬のシンポジウム2019
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 ChIP-Atlas: 公共 ChIP-seq データを利活用できる
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 位置情報と遺伝子発現とその仕組み
3. 学会等名 新学術領域「個性創発脳」若手の会・技術支援講習会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 ChIP-Atlasにおけるサンプルメタデータのキュレーションと、その爆速化
3. 学会等名 Annotathon 2019 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Shinya Oki
2. 発表標題 ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data
3. 学会等名 Lecture in College of Dentistry, Yonsei University (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 特定領域の発現情報を光照射で取り出す技術
3. 学会等名 JST新技術説明会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 ChIP-Atlasをつないで使う
3. 学会等名 トーゴの日シンポジウム2019 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Shinya Oki, Mizuki Honda, Akihito Harada, Kazumitsu Maehara, Kaori Tanaka, and Yasuyuki Ohkawa
2. 発表標題 High resolution spatial transcriptomics method by photo-isolation chemistry
3. 学会等名 EMBO/EMBL Symposium: Multiomics to Mechanisms - Challenges in Data Integration (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 ChIP-Atlas: 既報ChIP-seqデータの統合データベース
3. 学会等名 統合データベース講習会: AJACS番町3 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 ChIP-Atlas: 既報ChIP-seqデータの統合データベース
3. 学会等名 日本プロテオーム学会2019年大会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータの利活用術
3. 学会等名 国立精神・神経医療研究センター セミナー (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータの統合解析
3. 学会等名 京都大学 セミナー (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 ChIP-Atlas の使い方とその応用
3. 学会等名 資生堂 セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 薬効の作用点となる転写因子の特定と創薬への応用
3. 学会等名 日本たばこ医薬総合研究所 セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沢津橋俊、横山敦、上甲裕大、松本俊夫、福本誠二
2. 発表標題 ゲノム編集を利用したくる病点変異導入ビタミンD受容体の機能解析
3. 学会等名 第92回日本生化学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沢津橋俊、松本俊夫、福本誠二
2. 発表標題 栄養情報が調節するグルココルチコイド受容体の転写制御機構の解明
3. 学会等名 第37回内分泌代謝学サマーセミナー
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Shinya Oki
2. 発表標題 ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data
3. 学会等名 Lecture in College of Dentistry, Yonsei University (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータをフル活用し、遺伝性疾患の解明や創薬に挑む
3. 学会等名 質量分析インフォマティクス研究会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータの利活用術
3. 学会等名 新潟大学 セミナー (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータの利活用術
3. 学会等名 産総研 セミナー (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータの利活用術
3. 学会等名 全薬工業 セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータの利活用術
3. 学会等名 創価大学 セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータの利活用術
3. 学会等名 東京理科大学 セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータをフル活用し遺伝性疾患の解明に挑む
3. 学会等名 北里大学 セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータをフル活用し、遺伝性疾患の解明に挑む
3. 学会等名 JSBi 九州部会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 ChIP-Atlas: 既報のChIP-seqデータをフル活用できる
3. 学会等名 統合データベース講習会：AJACS町田（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 医工学研究ビッグデータのデータベース構築と活用
3. 学会等名 東京大学 工学系研究科 医工学概論（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータと疾患関連SNPの統合解析
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共ChIP-seqデータをフル活用し、遺伝性疾患の解明に挑む
3. 学会等名 第16回JCGGシンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Shinya Oki
2. 発表標題 ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data
3. 学会等名 Research collaborating meeting on "Molecular mechanism of tooth development and regeneration"（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沖 真弥、石濱泰
2. 発表標題 ChIP-seqとプロテオーム：公共データをつないで使う
3. 学会等名 トーゴの日シンポジウム2018（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沖 真弥
2. 発表標題 公共 ChIP-seq データをフル活用し、遺伝性疾患の解明に挑む
3. 学会等名 九州工業大学 セミナー（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沢津橋俊、上甲裕大、松本俊夫、福本誠二
2. 発表標題 表皮・毛包の恒常性におけるビタミンD受容体の機能解析
3. 学会等名 第36回内分泌代謝学サマーセミナー
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 沢津橋俊、横山敦、上甲裕大、菅野茂夫、松本俊夫、福本誠二
2. 発表標題 VIKING法によるノックアウト/ノックイン細胞を用いた比較プロテオーム解析によるビタミンD受容体複合体の探索
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計3件

1. 著者名 沖 真弥, 大田達郎	4. 発行年 2019年
2. 出版社 メディカルレビュー社	5. 総ページ数 7
3. 書名 THE LUNG perspectives 27	

1. 著者名 沖真弥, 大田達郎	4. 発行年 2019年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 4
3. 書名 実験医学 37	

1. 著者名 沢津橋俊, 上甲裕大, 菅野茂夫	4. 発行年 2019年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 7
3. 書名 実験医学 37	

〔出願〕 計1件

産業財産権の名称 オリゴヌクレオチド、オミクス解析方法及びオミクス解析用キット	発明者 沖真弥, 大川恭行	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2019-094216	出願年 2019年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

<p>遺伝子のスイッチ役を「見える化」 - バイオビッグデータを有効活用 - (九州大学プレスリリース)  <a href="http://www.kyushu-u.ac.jp/f/34496/18_11_09.pdf">http://www.kyushu-u.ac.jp/f/34496/18_11_09.pdf</a></p>
---

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	竹本 龍也 (Takemoto Tatsuya)  (30443899)	徳島大学・先端酵素学研究所(オープンイノベ)・教授  (16101)	
研究分担者	沢津橋 俊 (Sawatsubashi Shun)  (70535103)	徳島大学・先端酵素学研究所(オープンイノベ)・特任准教授  (16101)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------