

База данных GTRD - интегрированный взгляд на регуляцию транскрипции

АВТОРЫ: Колмыков С.К., Евшин И.С., Куляшов М.А., Шарипов Р.Н., к.б.н. Кондрахин Ю.В., к.б.н. Колпаков Ф.А.

GTRD – Gene Transcription Regulation Database (<http://gtrd.biouml.org/>) - база данных регуляции транскрипции генов содержит единообразно аннотированные и обработанные данные NGS, относящиеся к регуляции транскрипции генов: ChIP-seq, ChIP-exo, DNase-seq, MNase-seq, ATAC-seq и РНК-seq. В последней версии база данных вышла на новый уровень интеграции данных. Все типы клеток

(клеточные линии и ткани), представленные в GTRD, были объединены в словарь и связаны с различными онтологиями (BRENDA, Cell Ontology, Uberon, Cellosaurus и Experimental Factor Ontology) и соответствующими экспериментами в специализированных базах данных по регуляции транскрипции (FANTOM5, ENCODE и GTEx). Обновленная версия GTRD обеспечивает интегрированное представление о регуляции транскрипции через специальный веб-интерфейс с расширенными возможностями просмотра и поиска, интегрированный браузер генома и табличные отчеты по типам клеток, факторам транскрипции и интересующим генам.

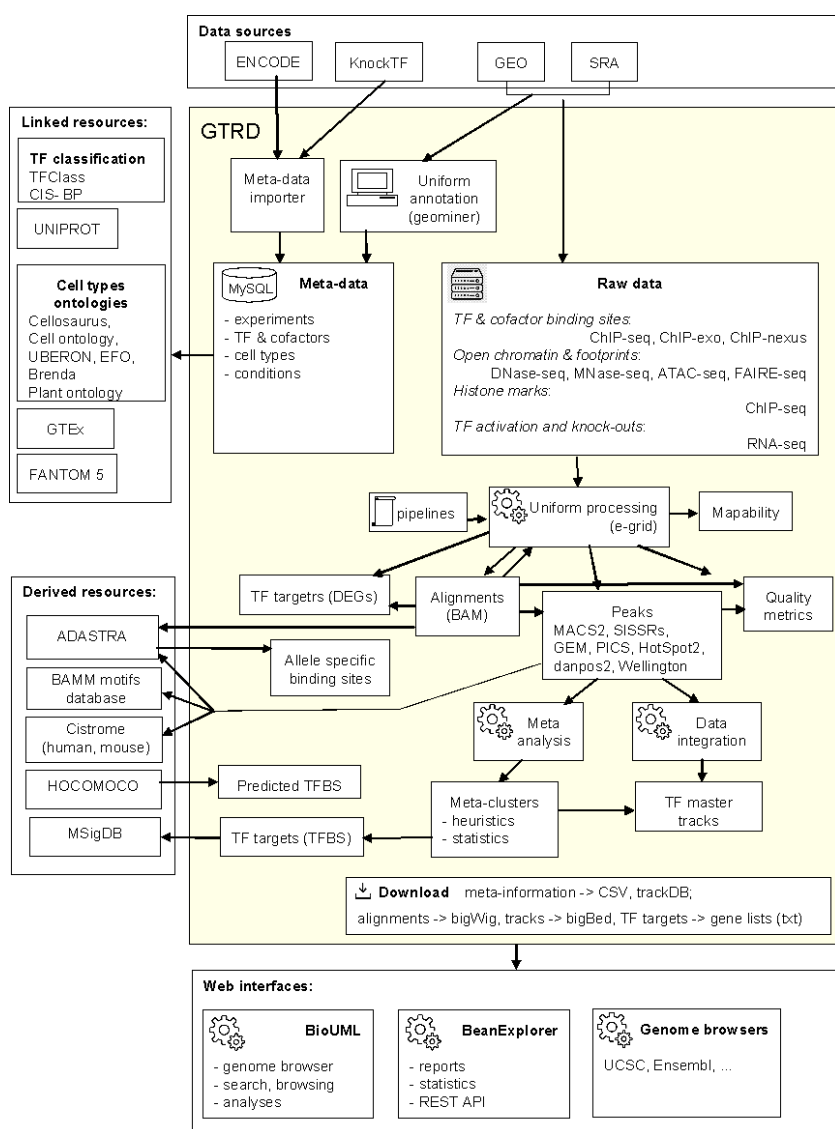


Рисунок. Процесс однообразной аннотации, анализа и интеграции NGS данных по регуляции транскрипции в базе данных GTRD.

ПУБЛИКАЦИИ:

1. Semyon Kolmykov, Ivan Yevshin, Mikhail Kulyashov, Ruslan Sharipov, Yury Kondrakhin, Vsevolod J Makeev, Ivan V Kulakovskiy, Alexander Kel, Fedor Kolpakov. GTRD: an integrated view of transcription regulation. Nucleic Acids Research, , gkaa1057, <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa1057>