

Track Hubを使ってオリジナルデータと公共データを比較した図を作成する

UCSC Track Hubには、さまざまな**公共データ**が登録されており、ゲノム情報を必要に合わせてカスタマイズすることができます。また、**Custom track**でUCSC genome browser上にファイルをアップロード、もしくはURLを指定することで、ゲノム地図上にオリジナルデータなどを載せ、目的とする遺伝子座などの地図を作成して論文のfigureなどを作成することができます。

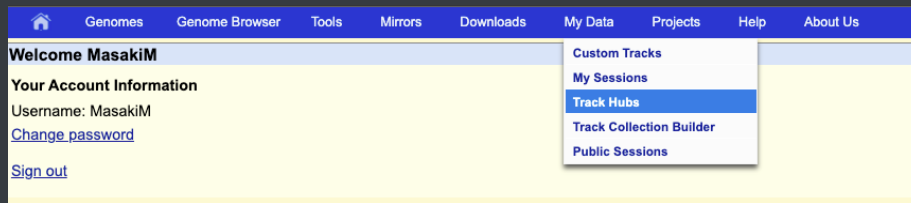
UCSC GB上で可視化し、図を作成する際は、主にエピゲノムデータなどの **定性的な情報を表示してオーバーラップを確認できる図**を作成することが多いと思います。今回は先ほど紹介した**ATF3遺伝子**について、その上流シス領域に注目して、さらにATF3のChIP-seqデータを加えることで、ATF3が自身の転写制御（autoregulation）に関係している可能性を示唆するデータを作成してみたいと思います。

Track Hubからテストデータをつくる

オリジナルデータの例として、すでにUCSC GBに存在するATF3 ChIP-seqデータのダウンロードを行いたいと思います。UCSC GBのTrack Hubには、おおよそ**bigWigファイル**とよばれるバイナリーデータが読み込まれています。in-Houseでのデータは、ゲノムヘマップ後のBAMファイルが多いと思いますが、UCSC GBに存在するUtility スクリプトで変換することでデータを読み込むことができます。今回はURLが公開できる公共サーバーにアップロードできる場合は、bigWigファイルを作成してアップロードできますが、UCSC GBにアップロードする場合はファイルサイズを小さくして、目的の箇所だけを可視化する必要があります。今回は実習を簡単にするために、**BigWigファイルからbedGraph（テキストファイル）に変換**し、そのファイルに**設定を書き込み**、UCSC GBにアップロードしたいと思います。

補足: オリジナルのBAMファイルからBigWigファイルを作成するには、[こちらのパイプライン](#)を利用すると可能です。**samtools**, **bedtools**そしてUtilityのスクリプトであるbedGraphToBigWigをインストールすると利用することができます。

まず、Track Hubへ移動します。



Track Hubでは、UCSC GBに登録されている接続可能なデータを**横断的に検索**することができます。**Search terms**に**ATF3,assembly**に**hg38**を入力して**submit**してください。すこし時間がかかりますが結果が表示されます。

The list below can be filtered on words in the hub description pages or by assemblies.

Search terms: Assembly:

Search terms: Assembly:

Displayed list **restricted by search terms: ATF3**

When exploring the detailed search results for a hub, you may right-click on an assembly or track line to open it in a new window.

Display	Hub Name	Description	Assemblies <small>Click to connect and browse directly</small>
<input type="button" value="Connect"/>	ENCODE DNA Trackhub	ENCODE Trackhub for DNA-based assays	hg19 , hg38 , mm10
<input type="button" value="Search details ..."/>			
<input type="button" value="Connect"/>	Ensembl Regulatory Build	Evidence summaries and provisional results for the new Ensembl Regulatory Build	hg38 , hg19 , mm10
<input type="button" value="Search details ..."/>			
<input type="button" value="Connect"/>	UCSC Repeat Browser 2020 Update	Human Repeat consensus annotated with lifted tracks	hg38reps , hg19 , hg38
<input type="button" value="Search details ..."/>			
<input type="button" value="Connect"/>	UniBind 2021 permissive Hub	UniBind 2021 hub for permissive direct TF-DNA interactions	[+] hg38 , mm10 , ce11 , dm6 , danRer11 , spo2 , sacCer3 , rn6 ...
<input type="button" value="Search details ..."/>			
<input type="button" value="Connect"/>	UniBind 2021 Robust Hub	UniBind 2021 hub for robust direct TF-DNA interactions	[+] hg38 , mm10 , ce11 , dm6 , danRer11 , sacCer3 , rn6 , araTha1 ...
<input type="button" value="Search details ..."/>			

ATF3に関連するデータセットが接続されているHubとして、5つの候補が存在するようです。この中からChIP-seqのデータを得るためにENCODE DNA Track hubの**Search details**をクリックして階層を辿っていきます。

Display	Hub Name	Description	Assemblies
<div>Connect</div>	ENCODE DNA Trackhub	ENCODE Trackhub for DNA-based assays	hg19, hg38, mm10
<div>Search details ...</div> <div><div>1 Matching Assembly</div><div><div>hg38 (73 tracks)</div><div><div>Experiments by Ontology (4 subtracks)</div><div>TF ChIP-seq (by biosample) (5 subtracks)</div><div><div>TF ChIP-seq (by target) (1 subtrack)</div><div><div>TF ChIP-seq (by target) ATF3 (16 subtracks)</div><div><div>ChIP-seq of ATF3 in embryonic H1 (unknown age male) (ENCSR000BKC/ENCFF481EHX) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in embryonic H1 (donor unknown age male) (ENCSR000BKC/ENCFF481EHX) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in embryonic H1 (unknown age male) (ENCSR000BKC) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div><div>ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR000BNU/ENCFF619WVY) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in K562 (donor 53 year female) (ENCSR000BNU/ENCFF619WVY) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR000BNU) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div><div>ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR632DCH/ENCFF021ELR) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in K562 (donor 53 year female) (ENCSR632DCH/ENCFF021ELR) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR632DCH) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div><div>ChIP-seq of ATF3 in liver (4 year female) (ENCSR205FOW/ENCFF328EUI) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in liver (donor 4 year female) (ENCSR205FOW/ENCFF328EUI) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in liver (4 year female) (ENCSR205FOW) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div><div>ChIP-seq of ATF3 in liver (32 year male) (ENCSR480LIS/ENCFF608OBE) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in liver (donor 32 year male) (ENCSR480LIS/ENCFF608OBE) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in liver (32 year male) (ENCSR480LIS) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div><div>ChIP-seq of ATF3 in A549 (58 year male) (ENCSR000BPS/ENCFF705EUI) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in A549 (donor 58 year male) (ENCSR000BPS/ENCFF705EUI) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in A549 (58 year male) (ENCSR000BPS) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div><div>ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (15 year male) (ENCSR000BKE/ENCFF461IPU) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (donor 15 year male) (ENCSR000BKE/ENCFF461IPU) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (15 year male) (ENCSR000BKE) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div><div>ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIU/ENCFF481PMC) signal (fold change over control)</div><div>Metadata: description: "ChIP-seq of ATF3 in K562 (donor 53 year female) (ENCSR028UIU/ENCFF481PMC) signal (fold change over control)"</div><div>ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIU) peaks (optimal IDR thresholded peaks) (1 subtrack)</div></div></div></div></div></div></div>			

ATF3のChIP-seqの複数のデータに辿り着くことができました。このHubに接続したいと思いますのでConnectボタンを押します。成功すれば ~ **Successful** という表示が一瞬だけ現れてgatewayに飛びます。gatewayから、**genomes -> hg38**をクリックしてください。

ENCODE DNA Trackhub						disconnect	refresh
<div>ATAC-seq</div> <div>dense</div>	<div>DNase-seq</div> <div>hide</div>	<div>Experiments by Ontology</div> <div>hide</div>	<div>Histone ChIP-seq (by biosample)</div> <div>hide</div>	<div>Histone ChIP-seq (by target)</div> <div>hide</div>	<div>TF ChIP-seq (by biosample)</div> <div>hide</div>		
<div>TF ChIP-seq (by target)</div> <div>hide</div>	<div>whole-genome shotgun bisulfite sequencing</div> <div>hide</div>						

ゲノムブラウザは、ATF3遺伝子座が表示された以前の状態のままですが、その下段に**ENCODE DNA Trackhub**が上段にきて接続されている様子がわかります（実は元からあるのですが練習のため）。この中から、**TF ChIP-seq by target**の文字をクリックしてください。

TF ChIP-seq (by target) Tracks

TF ChIP-seq (by target) tracks

Display mode: show Submit

+

-

All

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ADNP

TF ChIP-seq (by target) ADNP

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) AEBP2

TF ChIP-seq (by target) AEBP2

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) AFF1

TF ChIP-seq (by target) AFF1

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) AHR

TF ChIP-seq (by target) AHR

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ARHGAP35

TF ChIP-seq (by target) ARHGAP35

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ARID3A

TF ChIP-seq (by target) ARID3A

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ARID4B

TF ChIP-seq (by target) ARID4B

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ARNT

TF ChIP-seq (by target) ARNT

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ATF1

TF ChIP-seq (by target) ATF1

☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ATF2

TF ChIP-seq (by target) ATF2

☒

dense

TF ChIP-seq (by target) ATF3

TF ChIP-seq (by target) ATF3

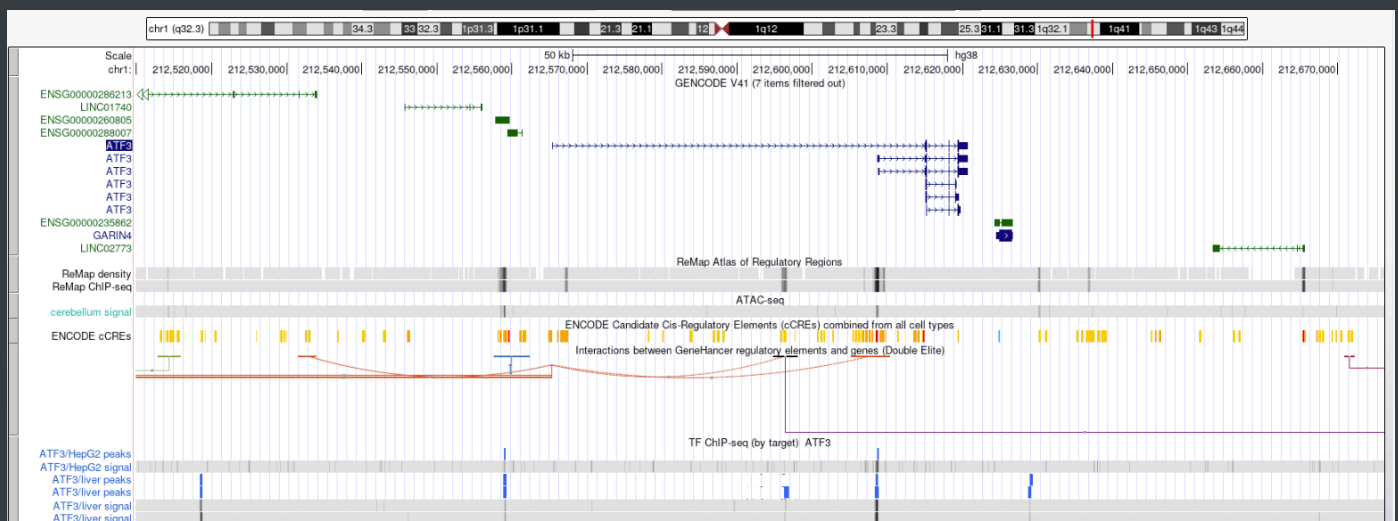
☐

hide

TF ChIP-seq (by target) ATF4

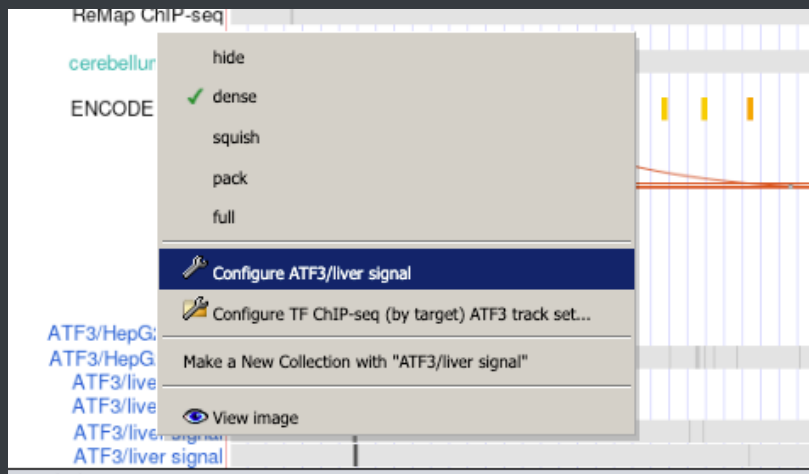
TF ChIP-seq (by target) ATF4

ChIP-seqのデータ一覧が表示されます。ATF3を上記のように**dense**モードでsubmitして表示させましょう。



最下段にATF3のChIP-seqのpeak summitが現れました。この遺伝子座の面白いのは、ATF3のプロモーターなどのシス領域にATF3自身が結合してそうなところです。さらに、最長ATF3の上流にあるENCODEでは遺伝子アノテーションとして登録されている **exon1つの領域**がReMap, ATF3の結合サイト、GenHancerと密にオーバーラップしています（みなさんのブラウザでは、これらのトラックをONにしていないので、わからないかもしれませんが、実習のために先に表示してATF3が自己応答することをcheckしていました。ONの方法は後ほど）。

さあ、ATF3の自己応答の目処がつかしました。トラックにすでにシス情報を載せて確認している時点でチートで恐縮ですが、このChIP-seqデータをオリジナルデータだと思っていただいて、このATF3遺伝子領域への結合性を図示するために、擬似オリジナルデータを用意するためにこのデータをダウンロードします。ATF3/liver signalのtrackの上で右クリックして、**Configure ATF3/liver signal (by target) ATF3 track set...**を選択してください。



▶ All tracks in this collection (477)

Maximum display mode: [Reset to defaults](#)

Type of graph:

Track height: pixels (range: 8 to 64)

Data view scaling: Always include zero:

Vertical viewing range: min: max: (range: 0 to 127)

Transform function: Transform data points by:

Windowing function: Smoothing window: pixels

Negate values: ☐

Draw y indicator lines: at y = 0.0: at y =

[Graph configuration help](#)

Select subtracks by data type and biosample:

	data type	optimal IDR peaks replicates	signal replicates
<input type="checkbox"/> All			
<input type="checkbox"/> A549	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<input type="checkbox"/> HepG2	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<input type="checkbox"/> K562	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<input type="checkbox"/> embryonic H1	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<input type="checkbox"/> liver	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

List subtracks: ☐ only selected/visible ☒ all (6 of 16 selected)

<input type="checkbox"/> dense	ATF3/A549 peaks	ChIP-seq of ATF3 in A549 (58 year male) (ENCSR000BPS) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/A549 signal	ChIP-seq of ATF3 in A549 (58 year male) (ENCSR000BPS/ENCFF705EUJ) signal (fold change over control)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/embryonic H1 peaks	ChIP-seq of ATF3 in embryonic H1 (unknown age male) (ENCSR000BKC) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/embryonic H1 signal	ChIP-seq of ATF3 in embryonic H1 (unknown age male) (ENCSR000BKC/ENCFF481EHX) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> dense	ATF3/HepG2 peaks	ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (15 year male) (ENCSR000BKE) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> dense	ATF3/HepG2 signal	ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (15 year male) (ENCSR000BKE/ENCFF461IPU) signal (fold change over control)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/K562 peaks	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIU) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/K562 signal	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIU) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/K562 signal	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR632DCH) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/K562 signal	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR000BNU) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/K562 signal	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIU/ENCFF481PMC) signal (fold change over control)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/K562 signal	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR632DCH/ENCFF021ELR) signal (fold change over control)	Schema
<input type="checkbox"/> dense	ATF3/K562 signal	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR000BNU/ENCFF619WVY) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> dense	ATF3/liver peaks	ChIP-seq of ATF3 in liver (32 year male) (ENCSR480LIS) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> dense	ATF3/liver peaks	ChIP-seq of ATF3 in liver (4 year female) (ENCSR205FOW) peaks (optimal IDR thresholded peaks)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> dense	ATF3/liver signal	ChIP-seq of ATF3 in liver (32 year male) (ENCSR480LIS/ENCFF608OBE) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> dense	ATF3/liver signal	ChIP-seq of ATF3 in liver (4 year female) (ENCSR205FOW/ENCFF328EUU) signal (fold change over control)	Schema

6 of 16 selected

[Open table schema in new window](#)

するとtrackの設定をいろいろ変更するページが出てきます。ATF3/liver peaksの右側にある **Schema** をクリックしてください。

Schema for TF ChIP-seq (by target) ATF3 - TF ChIP-seq (by target) ATF3

Binary file of type bigWig stored at <https://www.encodeproject.org/files/ENCFF6080BE/@@download/ENCFF6080BE.bigWig?proxy=true>

ATF3/liver signal (hub_98678_666de091988f270877834856fb7e2835) Track Description

Transcription factor ChIP-seq supertrack

This supertrack contains all available ENCODE data produced by **transcription factor ChIP-seq**, which profiles the **binding sites of transcription factor proteins**. All experiments at the [ENCODE Portal](#) which have data processed through the [ChIP-seq uniform processing pipeline](#) have data available in this supertrack. Available data types for ChIP-seq include **unreplicated fold change signal**, **replicated fold change signal**, **unreplicated peaks**, and **IDR-thresholded peaks**.

This supertrack is a component of the ENCODE DNA mega-trackhub, which also includes data from experiments produced using **ATAC-seq**, **histone ChIP-seq**, **DNase-seq**, **RRBS**, **WGBS**, and **repli-seq**. You can visualize the results from those assays using their corresponding supertracks, or, if you are interested in viewing data from a particular tissue or biosample across multiple assays, you can use the *Experiments by Tissue* supertrack.

Acknowledgments

Thanks to the ENCODE Consortium, the ENCODE production laboratories, and the ENCODE Data Coordination Center for generating and processing the datasets used here. The ENCODE accession numbers of the constituent datasets are available from the peak details page. Henry Pratt, Jill Moore, Michael Purcaro, and Zhiping Weng, PI, at the ENCODE Data Analysis Center ([ZLab](#) at UMass Medical Center) developed this trackhub. Special thanks to Kate Rosenbloom and Jim Kent at UCSC for guidance developing this trackhub.

References

ENCODE Project Consortium, Jill E. Moore, Michael J. Purcaro, Henry E. Pratt, Charles B. Epstein, Noam Shores, Jessica Adrian, et al. 2020. "Expanded Encyclopaedias of DNA Elements in the Human and Mouse Genomes." *Nature* 583 (7818): 699-710.

Contact

Please contact henry.pratt@umassmed.edu with any questions or comments about this trackhub.

すると、そのデータの詳細な情報（実験の情報、論文の情報など）を閲覧することができます。ここで実はこのデータが一体どこにあるかが記載されています。上段のURLに実はデータが存在していて、track hubはweb上にあるそのデータを読み込んでブラウザに表示していることがわかります。今回このデータをダウンロードしてまるで自分のデータであるようにテストデータとして利用します。データはご覧の通り**bigWigファイル**ですね。ダウンロードには20分ほどかかりますし、その後のファイル整形はあくまで例として記載します。レクチャー内では行わないでください。**?proxy=true**を除いてwgetでダウンロードします。

```
wget
https://www.encodeproject.org/files/ENCFF6080BE/@@download/ENCFF6080BE.bigWig
```

ダウンロードしたbigWigファイルを編集し、UCSC GBで読み込みやすいように**染色体1番だけのbedGraphファイル**を作成します。そのために**bedGraphにファイル変換操作**を行います。

```
# 必要なツールとファイルをダウンロード
```

```
wget
```

```
http://hgdownload.soe.ucsc.edu/admin/exe/macOSX.x86_64/bigWigToBedGraph
```

```
wget https://genome.ucsc.edu/goldenPath/help/hg38.chrom.sizes
```

```
chmod 755 bigWigToBedGraph
```

```
chmod 755 bedGraphToBigWig
```

```
# 変換を実行
```

```
# ./bigWigToBedGraph -chrom=chr1 ENCFF6080BE.bigWig
```

```
ENCFF6080BE.chr1.bedGraph
```

```
./bigWigToBedGraph -chrom=chr1 -start=212509895 -end=212676211
```

```
ENCFF6080BE.bigWig ENCFF6080BE.chr.1212509895.212505D9895.bedGraph
```

これで**テスト用のbedGraphファイル**が完成しました。さてこのデータにグラフの設定用のheaderを追加します。**テキストエディタ**で

ENCFF6080BE.chr.1212509895.212505D9895.bedGraphファイルを開き、先頭に以下の文字を入力し、保存します。

```
browser position chr1:212509895-212676211
```

```
browser hide all
```

```
track type=bedGraph name=ATF3_ChIP description="ATF3 ChIP-seq"
```

```
visibility=full color=200,128,0 altcolor=0,100,200
```

```
#chrom chromStart chromEnd score
```

この設定の詳細は、[こちら](#)に記載されています。編集したbedGraphを**Custom Tracks**から読み込みます。

[Genomes](#)[Genome Browser](#)[Tools](#)[Mirrors](#)[Downloads](#)[My Data](#)[Projects](#)[Help](#)[About Us](#)

Displaying Your Own Annotations in the Genome Browser

The Genome Browser provides dozens of aligned annotation tracks that have been computed from public data for temporary display in the browser. These custom annotation tracks are viewable only in your **Session**. Optionally, users can make custom annotations viewable by others as well. For a quick display of data, while track hubs are more configurable and permanent.

Custom tracks are a wonderful tool for research scientists using the Genome Browser. Because space is limited in the Genome Browser track window, many excellent tracks of interest may be excluded from distribution because the annotation track data is too specific to be of general interest or can't be shared. To view a list of these custom annotation tracks, click [here](#).

[Custom Tracks](#)[My Sessions](#)[Track Hubs](#)[Track Collection Builder](#)[Public Sessions](#)

Genomes Genome Browser Tools Mirrors Downloads My Data Projects Help About Us

Add Custom Tracks

clade Mammal genome Human assembly Dec. 2013 (GRCh38/hg38)

Display your own data as custom annotation tracks in the browser. Data must be formatted in [bigBed](#), [bigBarChart](#), [bigChain](#), [bigGenePred](#), [bigInteract](#), [bigLolly](#), [bigMaf](#), [bigPsl](#), [broadPeak](#), [CRAM](#), [GFF](#), [GTF](#), [hic](#), [interact](#), [MAF](#), [narrowPeak](#), [Personal Genome SNP](#), [PSL](#), or [WIG](#) formats.

- You can paste just the URL to the file, without a "track" line, for bigBed, bigWig, bigGenePred, BAM and VCF.
- To configure the display, set [track](#) and [browser](#) line attributes as described in the [User's Guide](#).

Examples are [here](#). If you do not have web-accessible data storage available, please see the [Hosting](#) section of the Track Hub Help documentation.

Please note a much more efficient way to load data is to use [Track Hubs](#), which are loaded from the [Track Hubs Portal](#) found in the menu under My Data.

Paste URLs or data: Or upload: ファイルを選択 選択されていません Submit

Clear

ファイルを選択し、**submit**してください。

Genomes Genome Browser Tools Mirrors Downloads My Data Projects Help About Us

Manage Custom Tracks

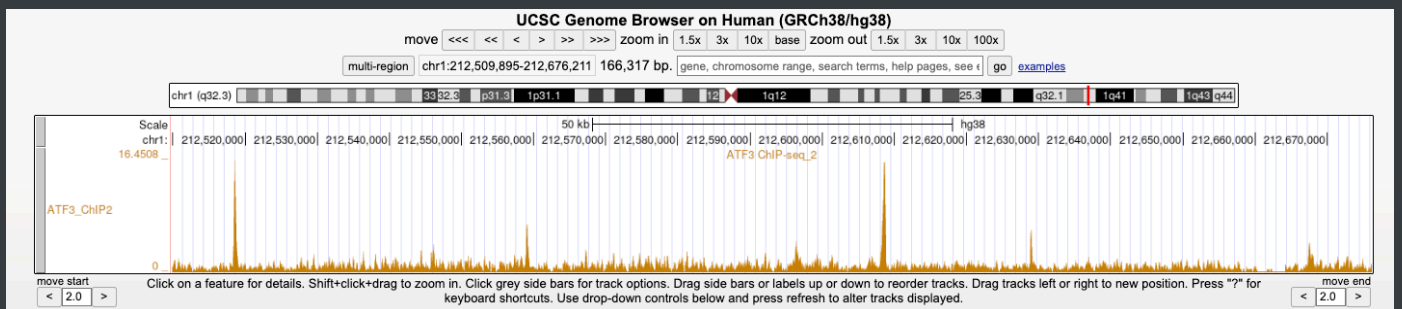
genome: Human assembly: Dec. 2013 (GRCh38/hg38) [hg38]

Name	Description	Type	Doc	Items	Pos	delete
ATF3_ChIP2	ATF3 ChIP-seq_2	bedGraph		20967	chr1:	<input type="checkbox"/>

view in Genome Browser go to first annotation return to current position

add custom tracks

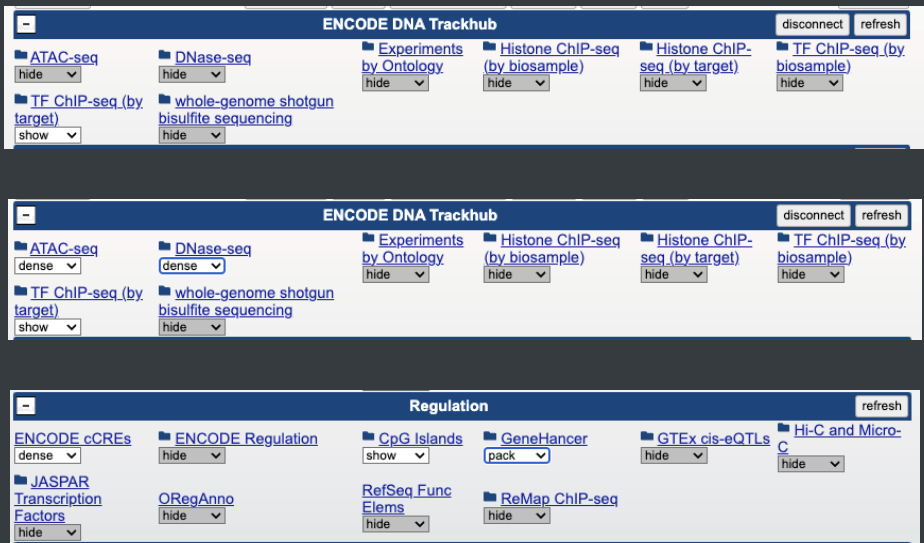
無事読み込まれたら、**Manage Custom Tracks**にデータが表示されているはずで
す。**return to current position**を押して、genome browserに移動します。



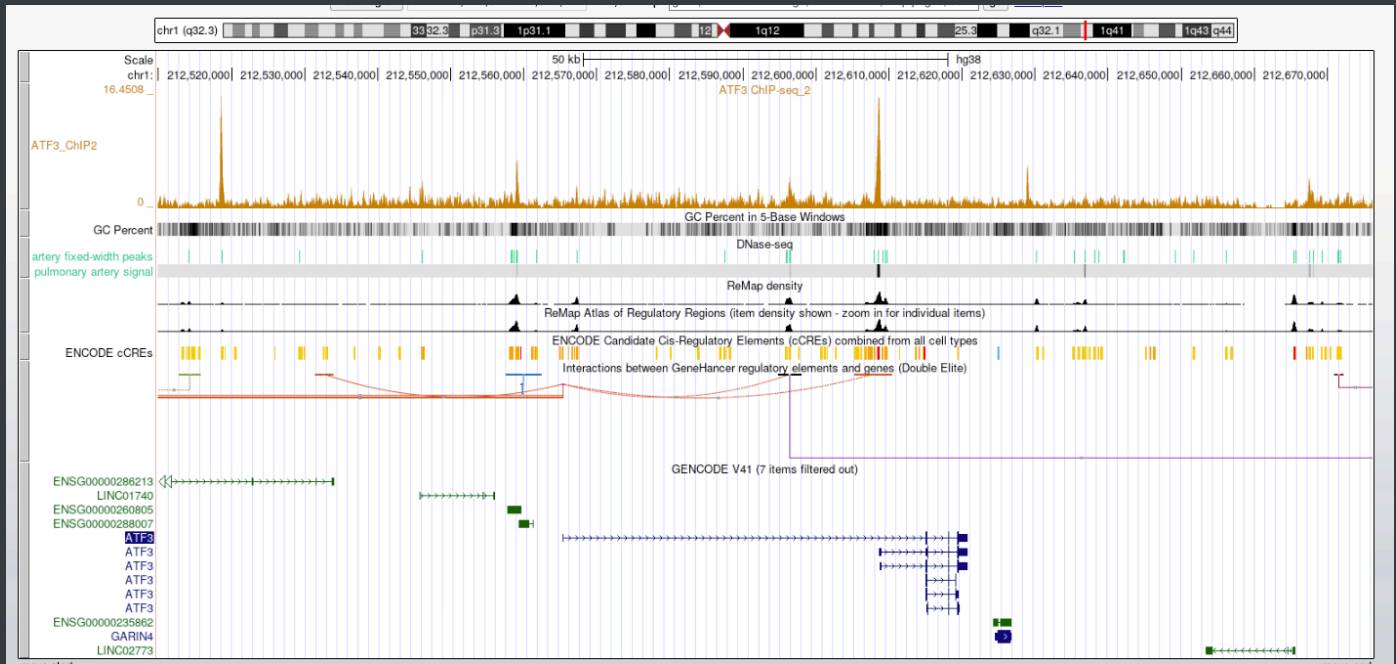
ATF3のChIP-seqデータが表示されました。このように、custom trackでデータをロード
すると他のtrackの情報は失われてしまうので、ここから必要な情報を足していきます。

公共データベースの情報をゲノム地図に追加する

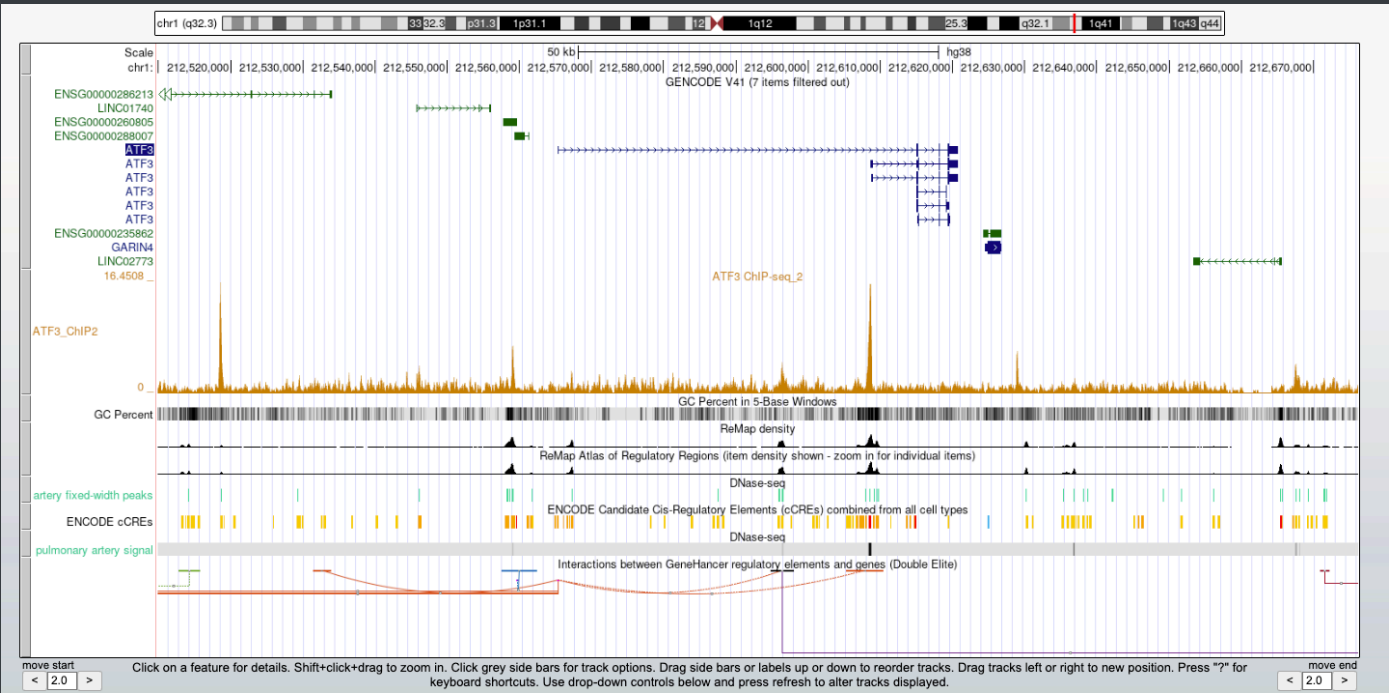
地図の下にあるデータのコレクションからGENCODE V41,、DNase-seq、CpGの情報、そしてエンハンサー候補を眺めるために **ReMap, GeneHancer**をONにしていきます。初めは画面を見やすくするようにdenseやpackモードで表示するといいかもしれません。**GeneHancer**は相互作用の推定が見えるようにfullで設定します。



最後に一番底にある**refresh**ボタンを押すと選んだデータが表示されます。

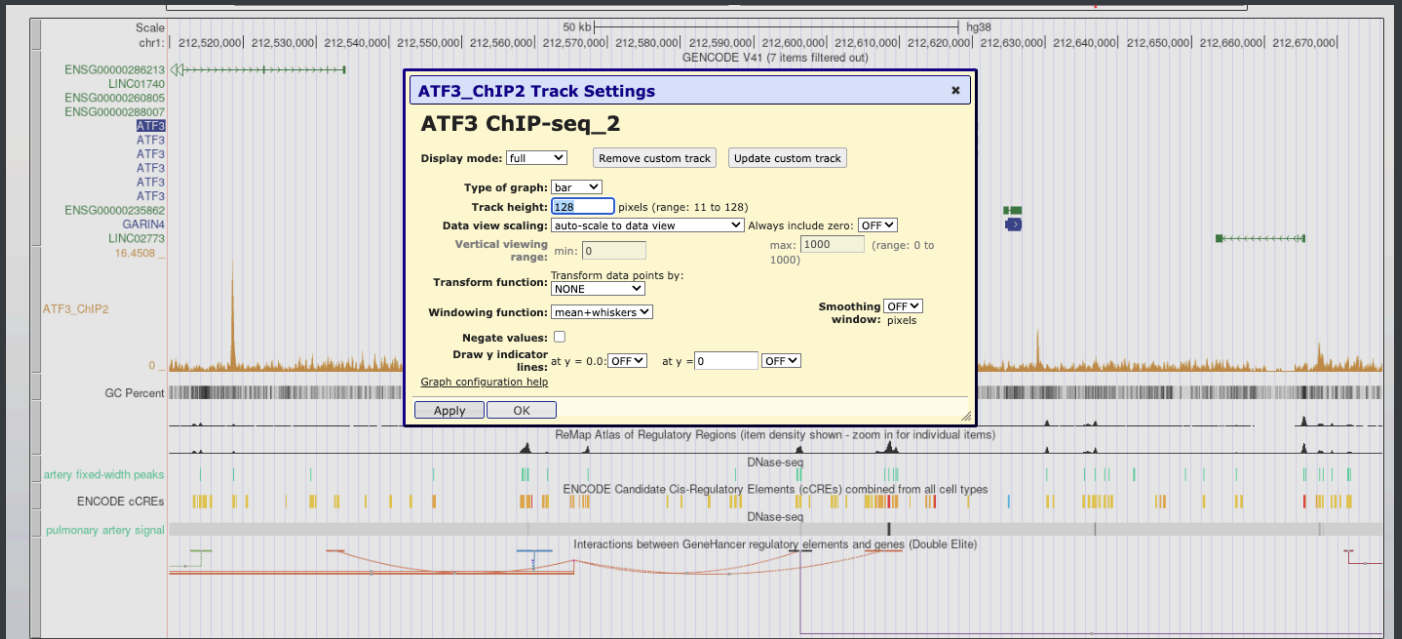


次に、表示したデータの順番を変更します。トラックの左端をドラッグアンドドロップすると上下を入れ替えることができます。入れ替えた後は次のような図です。どう見せるかは好みなので、見えやすい順序を模索してください。

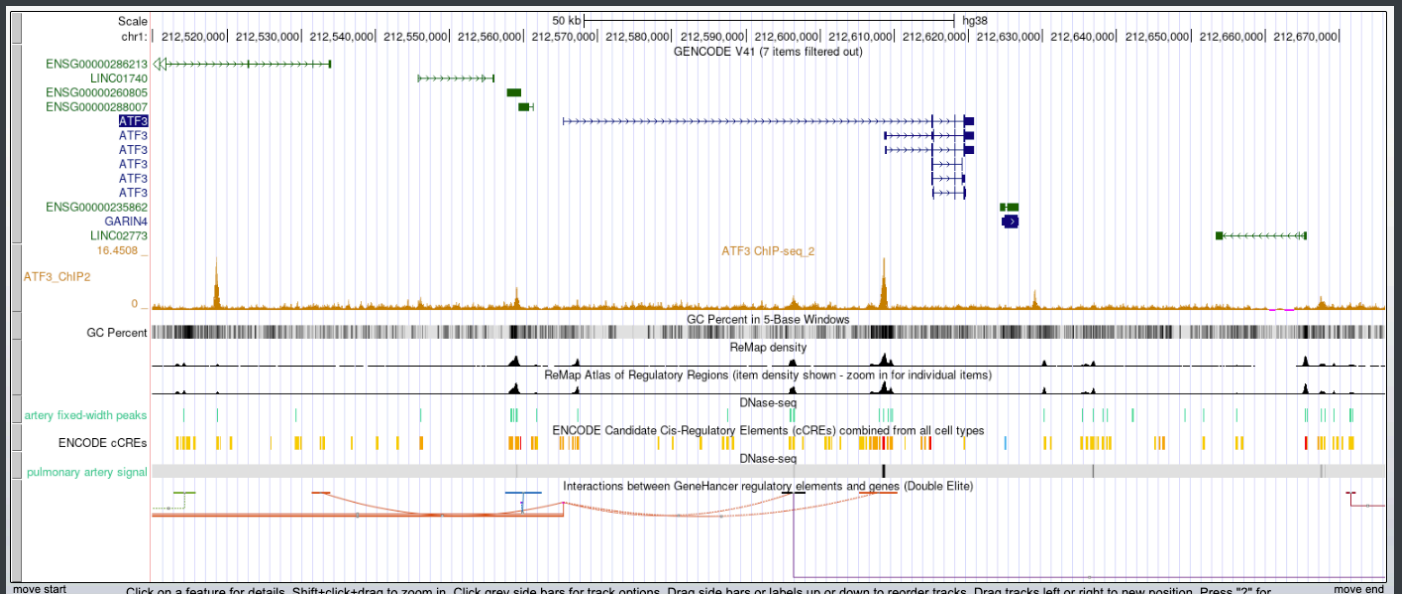


一番上の段にGENCODEアノテーションにしました。ATF3の結合がプロモーター付近や、gene body最長のATF3より**上流の位置**にシグナルがみられます。そして、**GeneHancer**によって推定されたエンハンサー領域の相互作用として、この2つが繋がっていますね。もしかすると上流シスはindirectなATF3結合をChIP-seqでみているのではないかと想像させる一枚です。

さて、このfigure、ChIP-seqのデータが少し背が高い気がするので調節します（これでいいかもしれませんが、練習のため）。ATF3-ChIPのトラック上で右クリックをしてください。



ここでさまざまな設定ができますが、ひとまず**Track height**を60、**smoothing window**を5ぐらいにセットします。

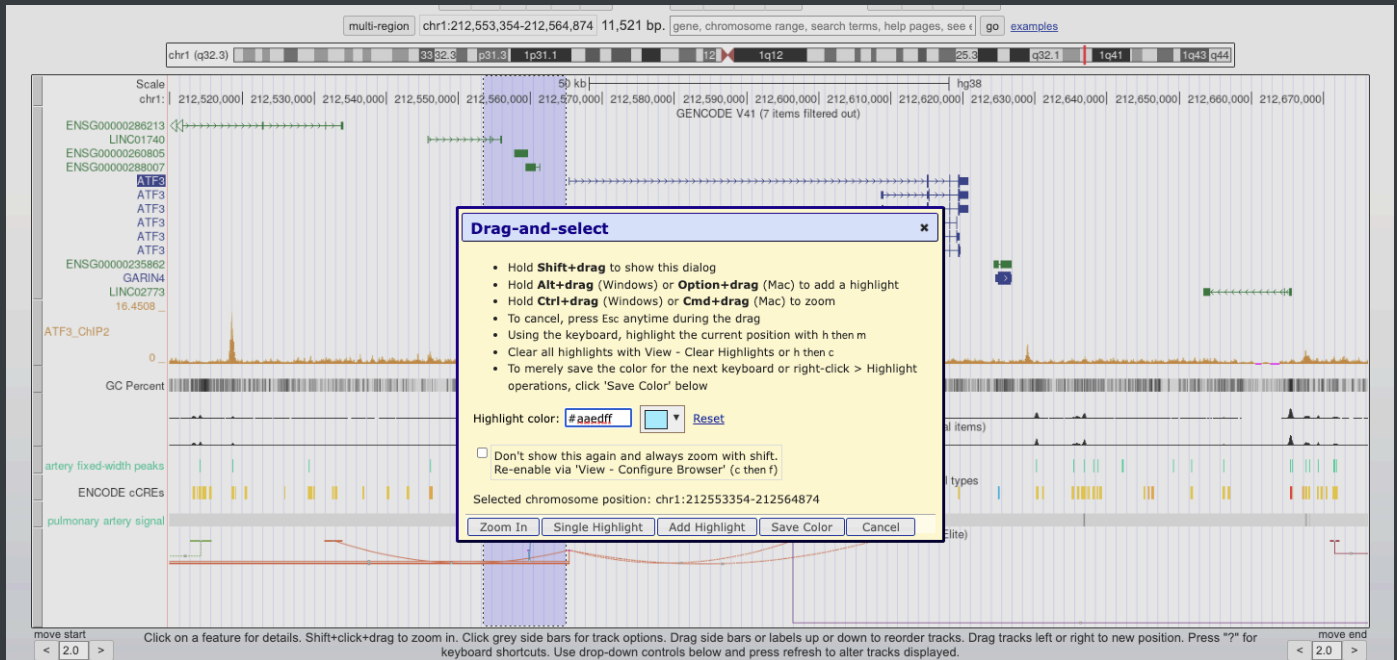


このように、trackの高さも好みに合わせて調整が可能です。

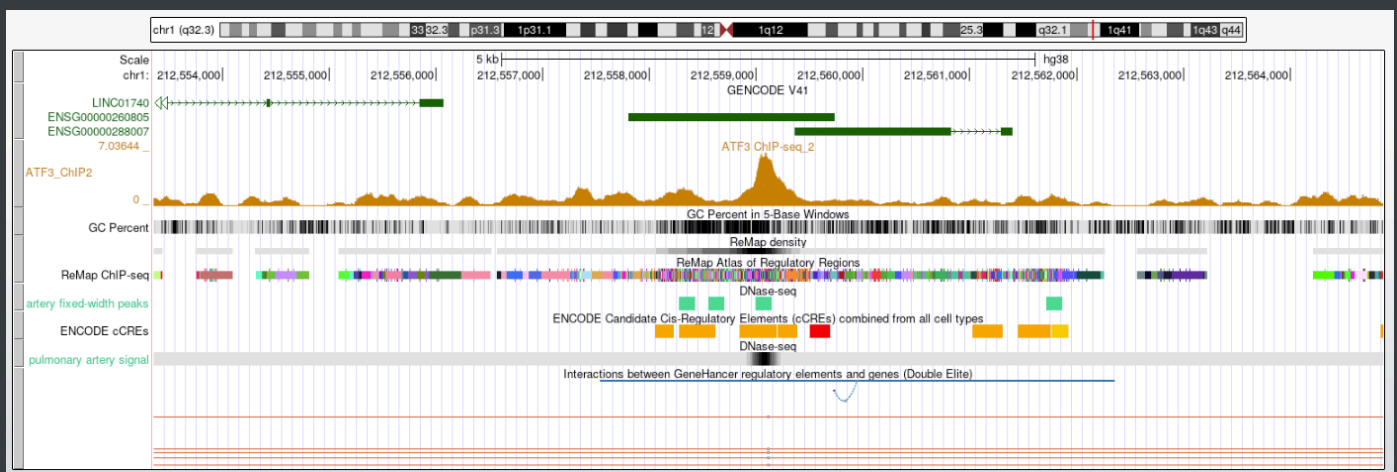
論文用の図のために、魅せたいところをハイライトする

最後に、この図を完成させるために、**ATF3プロモータとエンハンサー相互作用の場所をハイライト**して見たいと思います。GeneHancerによる推定が相互作用を想わせるよいfigureと思いますが、さらに見た目にこだわるには、重要な箇所をハイライトすると良いと思います。

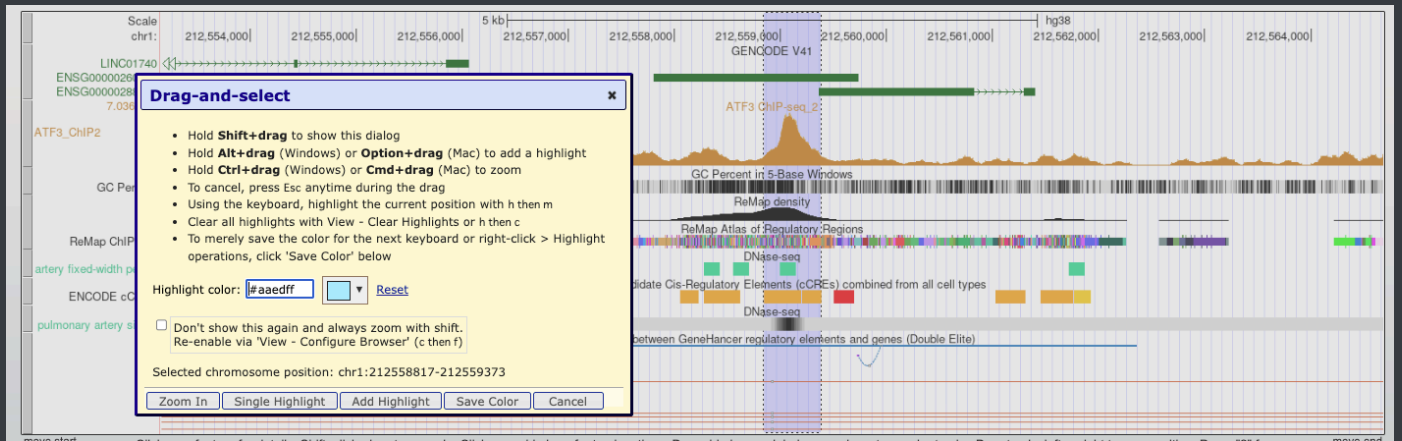
まず、**Shift key**を押しながら上流シスを左クリックで囲います。



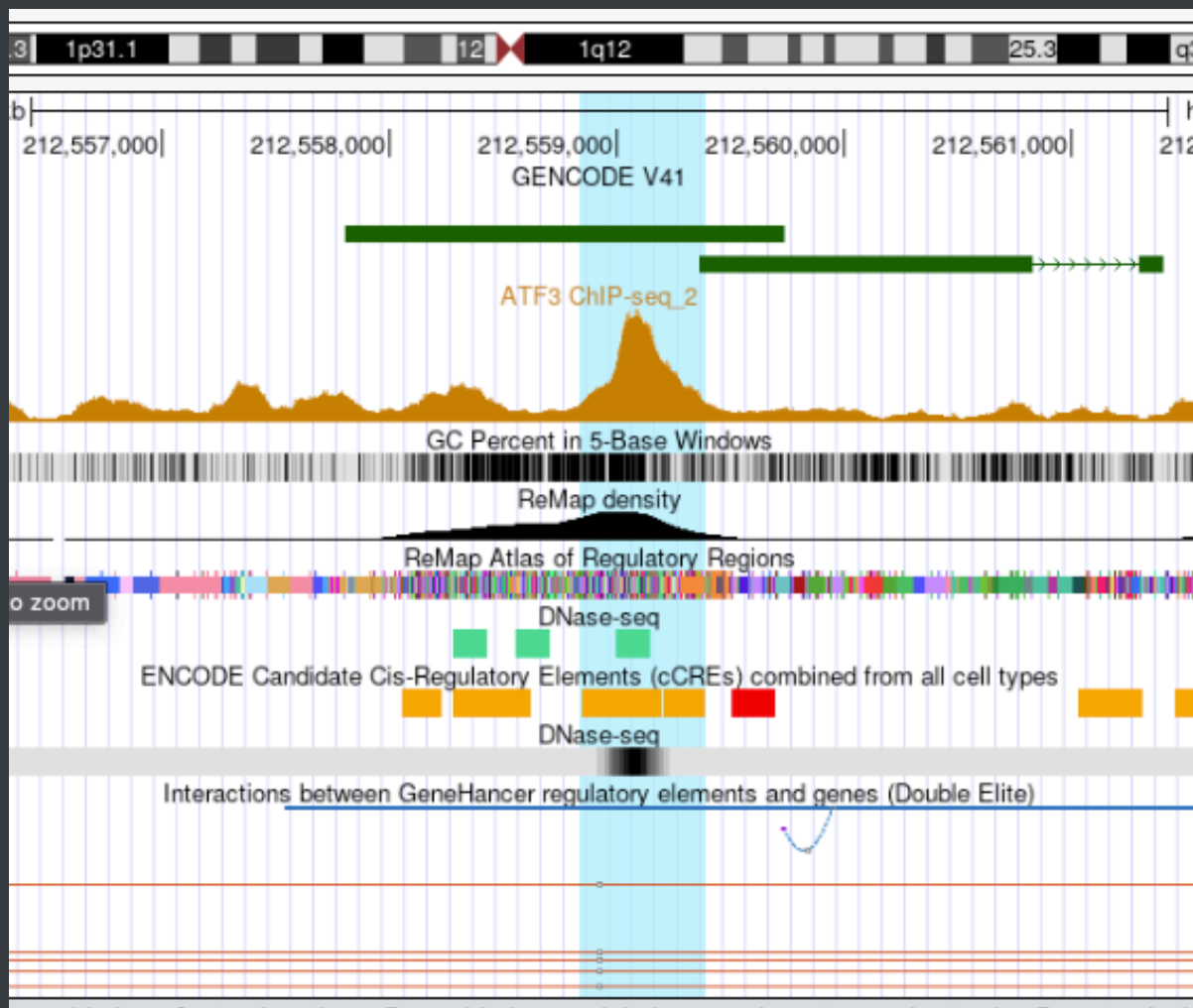
すると薄青い枠でかこまれた後、オプションのwindowがあらわれますので、zoom inしてください。

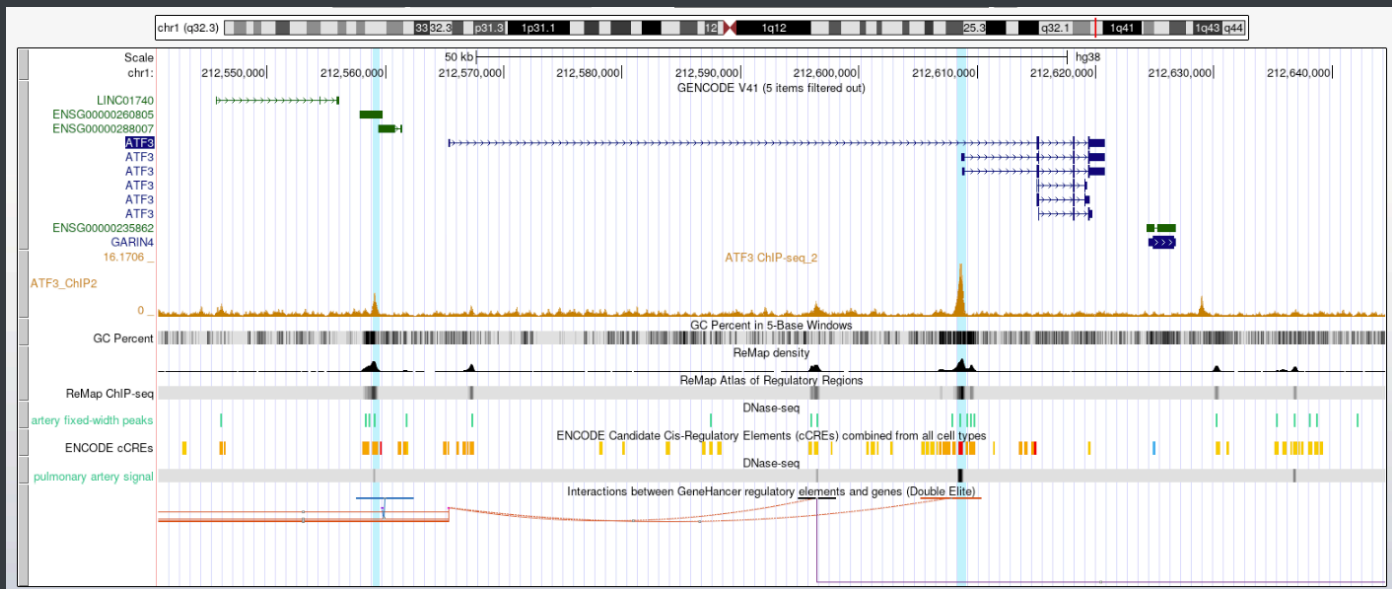


ChIP-seqのpeakを拡大することができました。この領域を綺麗に囲ってハイライト（もしくはGenHancerのエリアを囲ってでもいいかもしれません）したいので拡大しました。先ほどと同様に**Shift**を押しながら左クリックで囲ってください。



この領域にハイライトを加えます。色はデフォルトの水色にして、**Add Highlight**してください（Single Highlightを選択した場合、1つのエリアをハイライトしたら他のハイライトしていたエリアが消えてしまいます）。同様の操作を下流のプロモータ領域でも行いましょう。

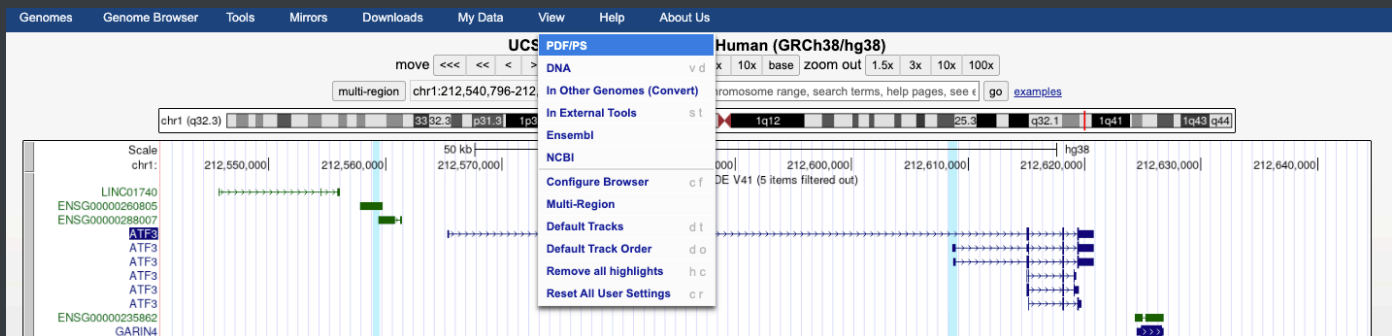




これで図の完成です。

完成した図はPDF or EPSで保管

作成した図をillustratorなどで編集可能な**PDF, EPS**で保管する方法になります。ViewからPDF/PSを選択してください。



PDF Output

PDF images can be printed with Acrobat Reader and edited by many drawing programs such as Adobe Illustrator or Inkscape.

- Download [the current browser graphic in PDF](#)
- Download [the current chromosome ideogram in PDF](#)

EPS (Postscript) images are a variant of PDF and easier to import into some drawing programs.

- Download [the current browser graphic in EPS](#)
- Download [the current chromosome ideogram in EPS](#)

Tips for producing quality images for publication:

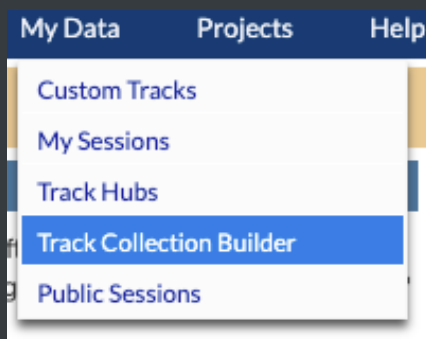
- Add assembly name and chromosome range to the image on the [configuration page of the base position track](#).
- If using the UCSC Genes track, consider showing only one transcript per gene by turning off splice variants on the track configuration page.
- Increase the font size and remove the light blue vertical guidelines in the [image configuration menu](#).
- In the image configuration menu, change the size of the image, to make it look more square.

[Return to Browser](#)

PDFやEPSとしてダウンロードすることができます。フォントや線の太さ、いらぬ空白などの削除など細かい設定は描画ソフトで調整の方がよいでしょう。また、保存したファイルはトラックが縦に長くてもしっかり保存されますので、必要な情報を全て載せておいて保存することもできます。

おまけ: Track Collection Builderはトラックを統合する

UCSC genome browserで複数のオリジナルファイルを一つのトラックで表示したり、ファイルを結合したい場合に**Track Collection Builder**を利用します。MyDataからTrack Collection Builderを選択してください。



まず、利用するデータをコレクションするフォルダ（兼トラック）を右の**Add Collection**から作成します。この時の名前がトラックに表示されるので、中に入れるファイルや、そのファイルから作成するファイルを意識した名前にしたほうがいいです。

Create New Collection

Enter the name and description of the collection.

Name:

ATF3ChIP-seq_pooled

Description:

test_track_collection

Color:

#d27f7f

Save

by target) ARHGAP35

saveを押した後、そのフォルダにファイルを加えていきます。

Visible Tracks

- ATF3_ChIP2 (ATF3 ChIP-seq_2)
- GC Percent (GC Percent in 5-Base Windows)
- ReMap density (ReMap density)
- fibroblast of pulmonary artery signal (DNase-seq in fibroblast of pulmonary artery (ENCSR000EOH/ENCFF184UHW) signal)

Custom Tracks

ENCODE DNA Trackhub

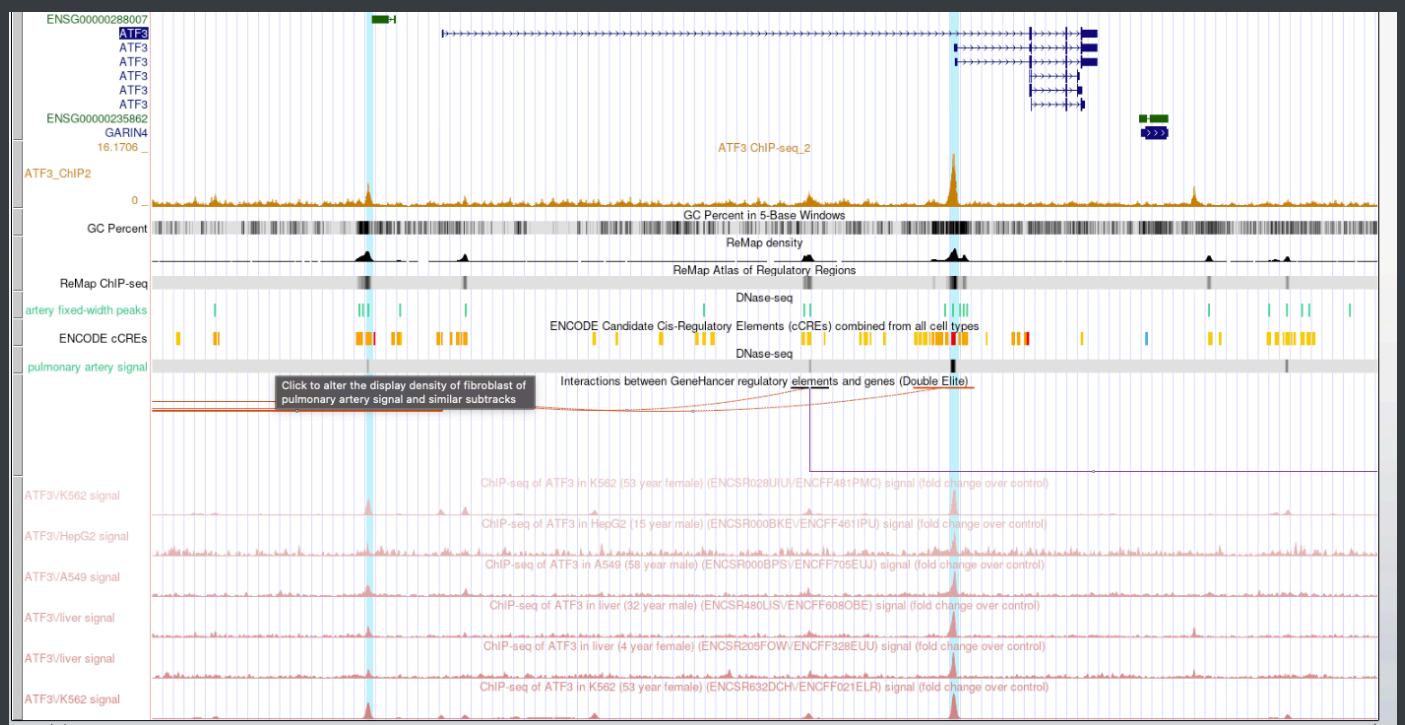
- Experiments by Ontology (Experiments by Ontology)
- ATAC-seq (ATAC-seq)
- DNase-seq (DNase-seq)
- Histone ChIP-seq (by biosample) (Histone ChIP-seq (by biosample))
- Histone ChIP-seq (by target) (Histone ChIP-seq (by target))
- TF ChIP-seq (by biosample) (TF ChIP-seq (by biosample))
- TF ChIP-seq (by target) (TF ChIP-seq (by target))
 - ADNP (TF ChIP-seq (by target) ADNP)
 - AEBP2 (TF ChIP-seq (by target) AEBP2)
 - AFF1 (TF ChIP-seq (by target) AFF1)
 - AHR (TF ChIP-seq (by target) AHR)
 - ARHGAP35 (TF ChIP-seq (by target) ARHGAP35)
 - ARID3A (TF ChIP-seq (by target) ARID3A)
 - ARID4B (TF ChIP-seq (by target) ARID4B)
 - ARNT (TF ChIP-seq (by target) ARNT)
 - ATF1 (TF ChIP-seq (by target) ATF1)
 - ATF2 (TF ChIP-seq (by target) ATF2)
 - ATF3 (TF ChIP-seq (by target) ATF3)
 - ATF3/K562 signal (ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIU/ENCFF481PMC) signal (fold change over control))
 - ATF3/HepG2 signal (ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (15 year male) (ENCSR000BKE/ENCFF461IPU) signal (fold change over control))
 - ATF3/A549 signal (ChIP-seq of ATF3 in A549 (58 year male) (ENCSR000BPS/ENCFF705EUJ) signal (fold change over control))
 - ATF3/liver signal (ChIP-seq of ATF3 in liver (32 year male) (ENCSR480LIS/ENCFF608OBE) signal (fold change over control))
 - ATF3/liver signal (ChIP-seq of ATF3 in liver (4 year female) (ENCSR205FOW/ENCFF328EUJ) signal (fold change over control))
 - ATF3/K562 signal (ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR632DCH/ENCFF021ELR) signal (fold change over control))
 - ATF3/K562 signal (ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR000BNU/ENCFF619WYU) signal (fold change over control))

Note: You must save your session to preserve collections long-term.

ATF3ChIP-seq_pooled (test_track_collection)

- ATF3/K562 signal (ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIU/ENCFF481PMC) signal (fold change over control))
- ATF3/HepG2 signal (ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (15 year male) (ENCSR000BKE/ENCFF461IPU) signal (fold change over control))
- ATF3/A549 signal (ChIP-seq of ATF3 in A549 (58 year male) (ENCSR000BPS/ENCFF705EUJ) signal (fold change over control))
- ATF3/liver signal (ChIP-seq of ATF3 in liver (32 year male) (ENCSR480LIS/ENCFF608OBE) signal (fold change over control))
- ATF3/liver signal (ChIP-seq of ATF3 in liver (4 year female) (ENCSR205FOW/ENCFF328EUJ) signal (fold change over control))
- ATF3/K562 signal (ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR632DCH/ENCFF021ELR) signal (fold change over control))

右のファイルリストから加えたいファイルのplusボタンを押すと、右に追加されていきます。その後、右上にあるGO!ボタンを押しましょう。



先ほどの図に6つのATF3 ChIP-seqのトラックが追加されました。このように**グループにまとめて1つのトラック**にしていると編集にも便利だと思います。色が薄いですが、これは私の色の選択ミスです（後で修正しています）。つぎにこれはあまり需要があるかわかりませんが、この6つのファイルのシグナルを一つのファイルに統合してみたいと思います。トラック上で右クリックを押して、**configure**を選択します。

ATF3ChIP-seq_pooled Track Settings

test_track_collection

Display mode: [Reset to defaults](#) [Go to Track Collection Builder](#)

Merge method: **add** ← **ここがこれまでのセッティング画面と違う**

Missing data treatment: ☒ missing is zero ☐ math with missing values is missing

Type of graph: **bar** ← **ウィンドに合わせてオートスケールで値が表示されるので、用途に合わせて変更してください**

Track height: **30** pixels (range: 11 to 10000)

Data view scaling: **auto-scale to data view** Always include zero: ☐ OFF

Vertical viewing range: min: max:

Transform function: Transform data points by: **NONE**

Windowing function: **mean+whiskers** Smoothing window: ☐ OFF pixels

Negate values: ☐

Draw y indicator lines: at y = 0.0: ☐ OFF at y = ☐ OFF

[Graph configuration help](#)

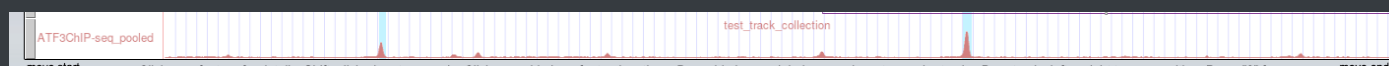
List subtracks: ☐ only selected/visible ☒ all (6 of 6 selected)

Subtrack	Configure	Description	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> full ATF3VK562 signal	Configure	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR028UIUVENCFF481PMC) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> full ATF3VHepG2 signal	Configure	ChIP-seq of ATF3 in HepG2 (15 year male) (ENCSR000BKEVENCFF461IPU) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> full ATF3VA549 signal	Configure	ChIP-seq of ATF3 in A549 (58 year male) (ENCSR000BPSVENCFF705EUJ) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> full ATF3Vliver signal	Configure	ChIP-seq of ATF3 in liver (32 year male) (ENCSR480LISVENCFF608OBE) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> full ATF3VK562 signal	Configure	ChIP-seq of ATF3 in liver (4 year female) (ENCSR205FOWVENCFF328EUU) signal (fold change over control)	Schema
<input checked="" type="checkbox"/> full ATF3VK562 signal	Configure	ChIP-seq of ATF3 in K562 (53 year female) (ENCSR632DCHVENCFF021ELR) signal (fold change over control)	Schema

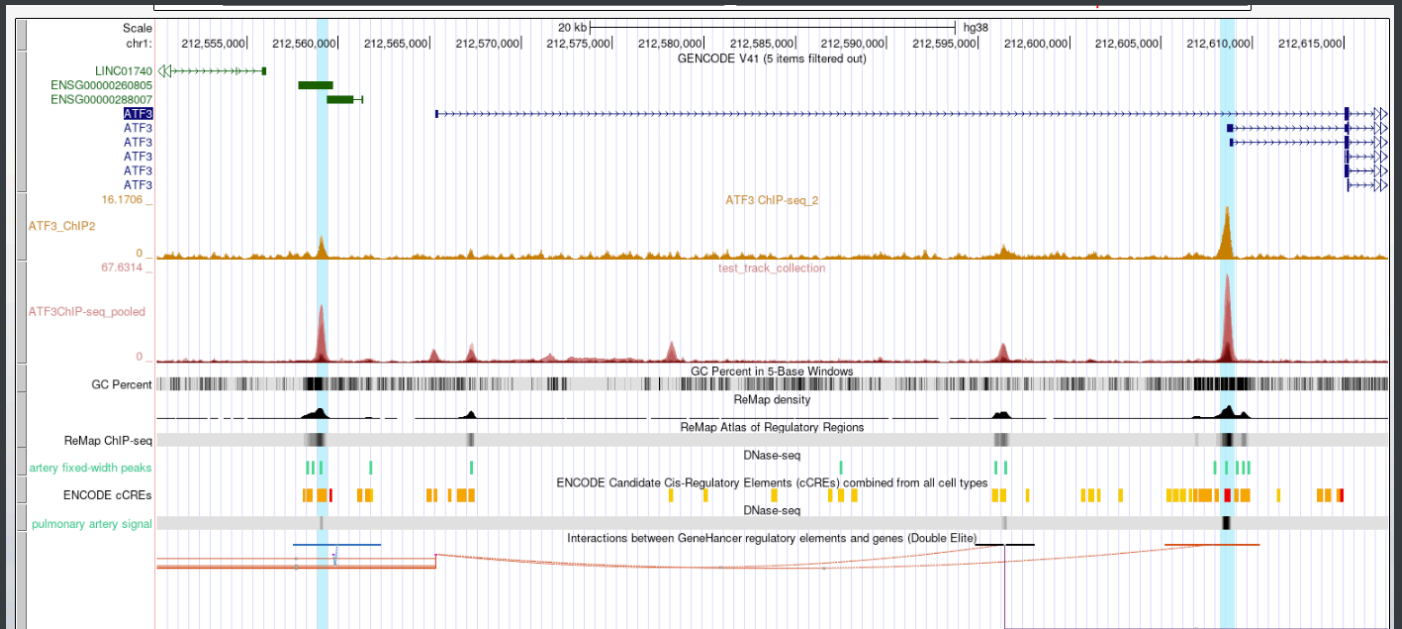
6 of 6 selected

このsetting画面では今までとは異なり、**Merge method**が加わっています。**add**を選択することで6つのシグナルをマージしたデータをブラウザ上で表示してくれます。他に**transparent, solid, stacked, subtract**があります。一番需要がありそうなのは、たとえばtransparentで正規化後のシグナルを比較表示するのは使えるのではないかと思います。

まず試しにaddを行い、smoothing windowを5で可視化してみたものを表示します。



auto scaleのため、あんまり変わらなく見えるかもしれませんが、データが足されたものが表示されています。次に**transparent**を試してみましょう。



Peakの変化が見えてなかなかエレガントな図が作れそうですね。時系列データなどでこの描画を行うと美しい変化を描画できるかもしれません。

このコレクションの情報はMySessionで保存しなければ残りませんので、必要な場合はかならず保存するようにしてください。また、コレクションの名前や色はTrack Collection Builderの画面に戻って、ダブルクリックすれば後からでも変更することができます。