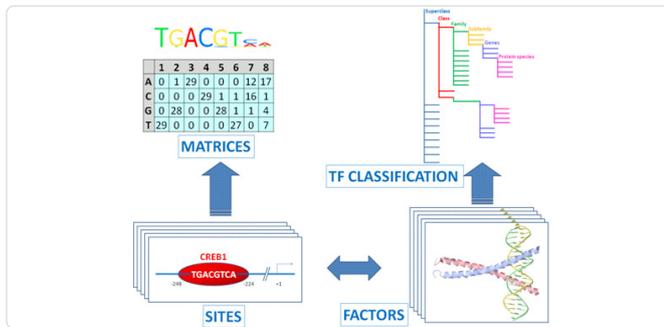


## BENEFIT

- Quickly access detailed reports
- Predict transcription factor binding sites
- Build custom transcription regulatory networks
- Use TRANSFAC's positional weight matrices
- Perform automatized analysis of the MATCH

## Predict eukaryotic transcription factor binding sites

Transcription factor는 특정 자극에 대한 반응, 질병에 대한 약물 반응과 같은 각종 세포 내 과정을 분석하고 확인하는 데 중요한 요소로 생물학 관련 연구 진행을 위한 필수적인 정보입니다. TRANSFAC은 진핵생물의 Transcription factors (TF), miRNAs, binding sites, regulated genes과 같은 유전자 전사 조절에 관련된 다양한 정보를 포함하고 있는 데이터베이스로 human, mouse, rat 등 9종에 대한 정보를 제공합니다.



## Key features

### Enhancer reports

Promoter 가 Enhancer와 상호작용하는 유전자, Enhancer 가 활성인 조직 및 세포 유형/주 및 Enhancer와 겹치는 histone 변형 서열, DNase I 과민증 부위 및 TF 결합 부위와 같은 유전체 영역을 표시합니다.

### Site reports

Human, mouse, rat, yeast 및 plants 중점의 300종 이상의 문헌 정보 70,000개 이상 보유합니다.

### Transcription factor reports

48,000개 이상 TF & 1,700개 이상 miRNA 정보 및 GO functional assignments, 질병 연관성 및 발현 패턴 associations 제공합니다.

### Transcription factor-site interactions

68,000개 이상 manually annotated 74,000개 이상 miRNA-표적 부위 상호 작용 정보를 공유합니다.

## TFBS ChIP-seq reports

실험적으로 특성화된 결합 부위 및 조절 유전자를 연결하고 매핑된 주석이 달린 TF 결합 부위 및 high-throughput data (ChIP-seq 등) 이 포함됩니다.

## Enhancer reports

91M TF 결합 단편/간격을 포함하는 2,000개 이상의 High-throughput experiments, 15M 단편 및 1M histone modification fragments을 포함하는 161개의 DNase hypersensitivity / ChIP-Seq experiments를 포함합니다.

## Positional weight matrices (PWMs)

10,000개 이상, MatchTM, FMatch, CMsearch 및 다수의 geneXplain bricks에 사용하여 TF 결합 부위를 예측합니다.

## Promoter reports

360,000개 이상의 인간 및 9개의 Organisms 에 대한 전사 시작 부위, CpG islands, Single nucleotide polymorphisms (SNPs) 및 기타 다양한 annotations를 포함합니다.

## Transcription factor binding sites

새로운 motif 식별, matrix 비교 및 miRNA regulator 식별을 위한 도구를 포함합니다.

## Pathway visualization tool

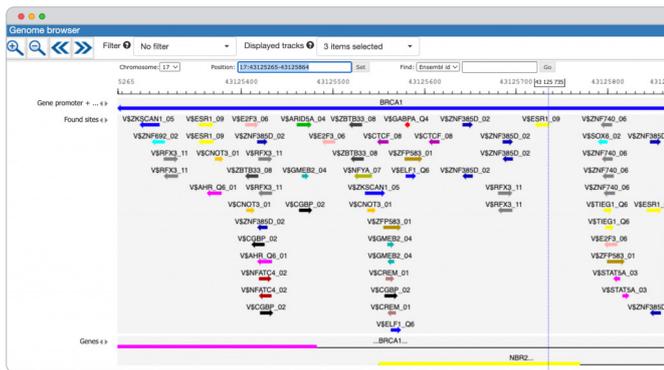
Experimentally demonstrated factor-DNA & Factor-Factor 상호작용에서 네트워크 구축 및 공통속성을 식별하기 위한 기능 분석 도구를 포함합니다.

## Match suite

MATCH Suite는 유전자 조절과 관련하여 포괄적으로 다루고 관심 유전자를 조절하는 전사 인자를 식별할 수 있는 TRANSFAC에 포함된 도구입니다. MATCH Suite를 통해 유전자 세트의 기능적 강화를 확인하고, 특정 tissue에서 발현된 Transcription factors (TFs)를 찾고, 유전체의 보존영역과 교차하는 것으로 예측된 TF를 필터링하는 등의 작업을 수행할 수 있습니다. 또한 MATCH Suite는 input 유전자를 조절하는 필터링 된 TF에 대한 포괄적인 보고서를 자동으로 생성합니다.

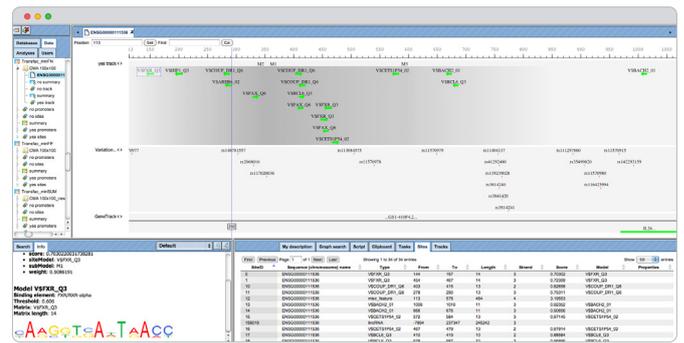
## Gene set analysis / single gene analysis

MATCH Suite의 interactive results visualization section은 최종적으로 식별된 TF 및 Matrices (binding models)의 동적으로 필터링할 수 있는 테이블을 제공합니다. Input 유전자 (promoters and enhancers/silencers)의 조절을 보여주는 동적으로 업데이트되는 테이블로 컴파일됩니다. Input 유전자의 Promoter에서 식별된 site의 Interactive genome browser visualization는 결과와 적용된 다양한 맞춤형 필터에 대한 직관적인 개요를 제공합니다.



## Advanced promoter analysis

geneXplain 플랫폼은 Co-regulating promoters set을 characterizes 부위의 특정 조합을 식별하는 방법을 제공합니다. "Promoter model"이라고도 하는 이러한 특정 조합은 유전체 서열 또는 Promoter database를 Screening 하는 데 추가로 사용할 수 있습니다. 포유류 Promoter의 포괄적인 컬렉션은 TRANSPRO 부분의 TRANSFAC과 함께 제공됩니다. Model matches는 음영을 통하여 visualization 됩니다.



## Site analysis

Potential Transcription Factor Binding Sites (TFBS)를 식별하기 위해 가장 많이 사용되는 방법의 하나는 position-specific scoring 또는 positional weight matrices (PSSM / PWM)를 사용하는 것입니다. TRANSFAC database는 가장 방대한 PWM 컬렉션을 보유하고 있으며 TRANSFAC의 포함된 MATCH Suite 또는 GeneXplain에 포함된 여러 프로그램에서 TFBS를 예측하는 데 사용됩니다.

