

ゲノム編集支援オープン プラットフォームの開発

凸版印刷（株）
広島大学
プラチナバイオ（株）
熊本大学

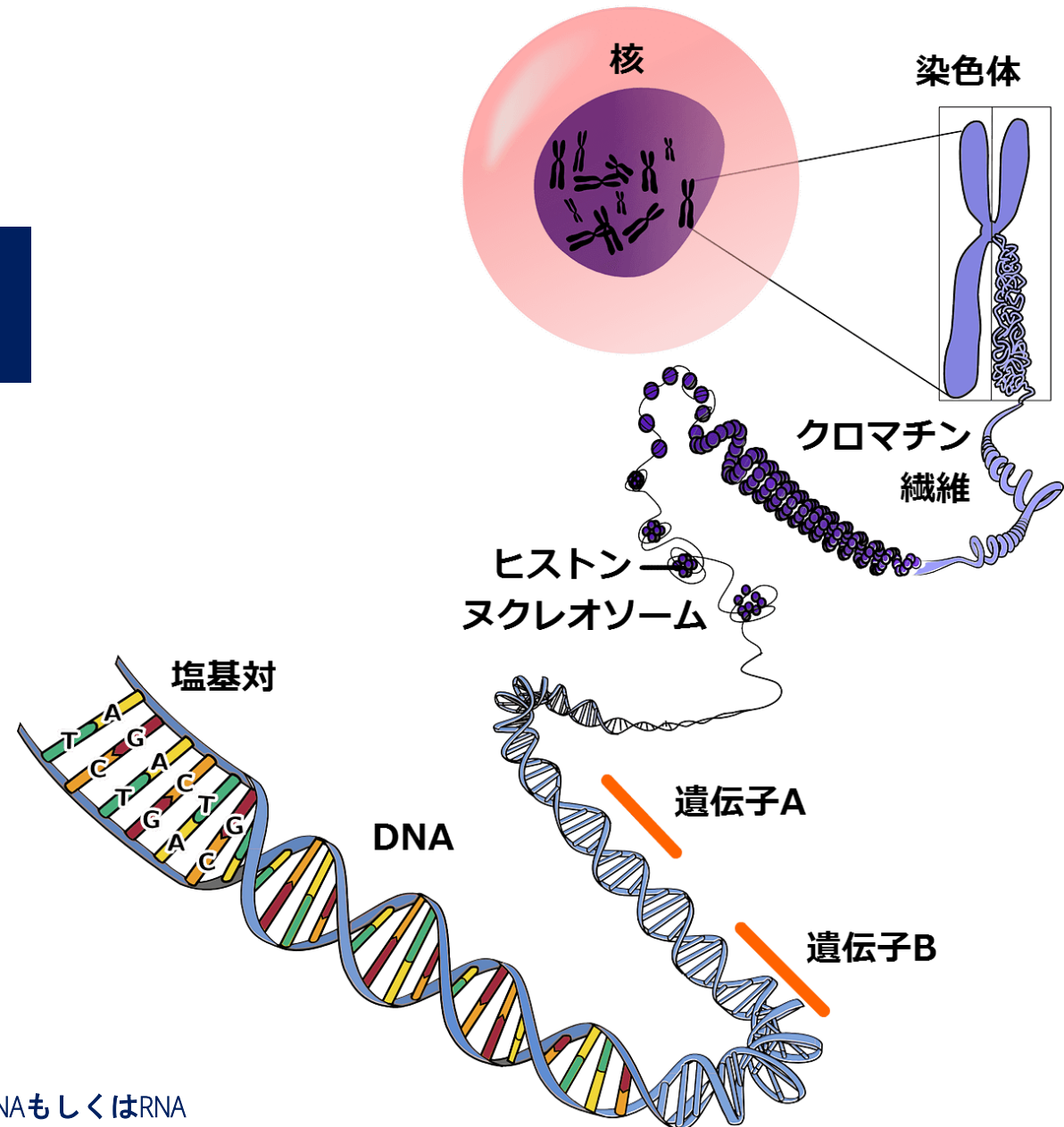


ゲノムとは

生物のもつ全ての遺伝情報
(4文字のコード: AGCT)

ゲノム = 遺伝子 + 染色体の末尾
Genome = Gene + Chromosome

ゲノムの実体は「DNA」*

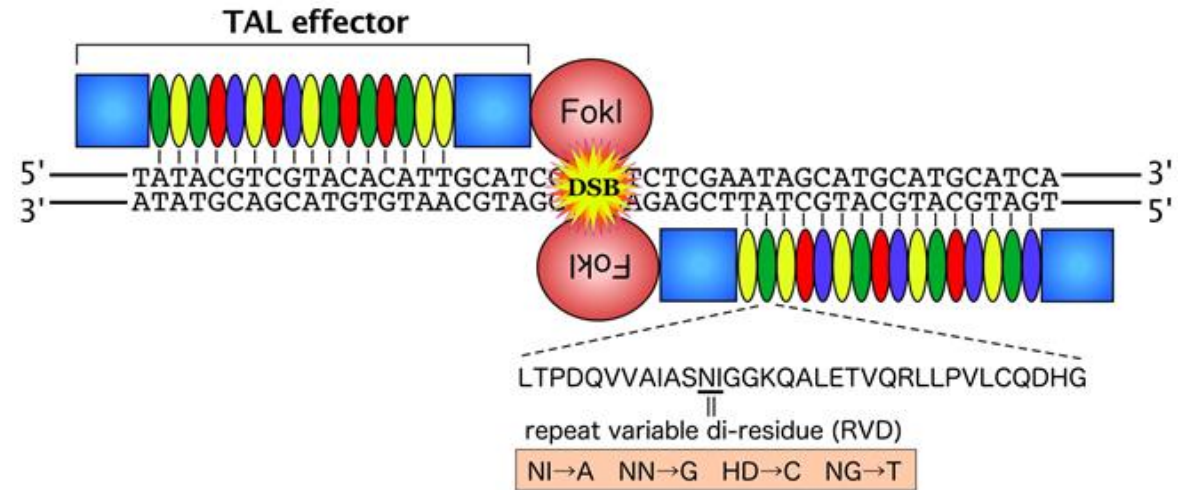


ゲノム編集とは

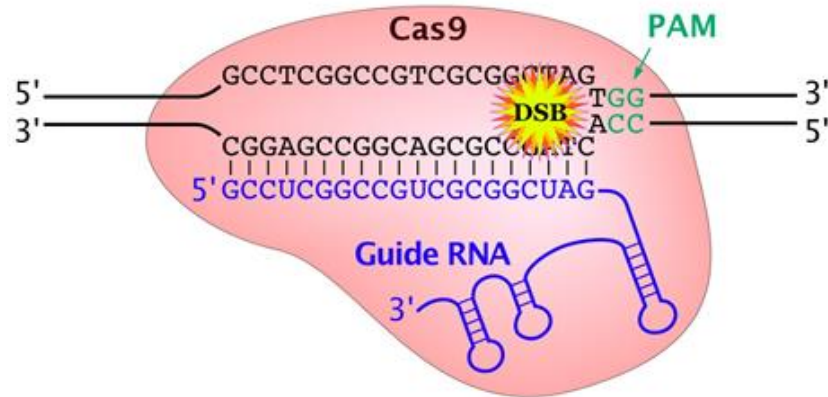
①ZFN 1996~



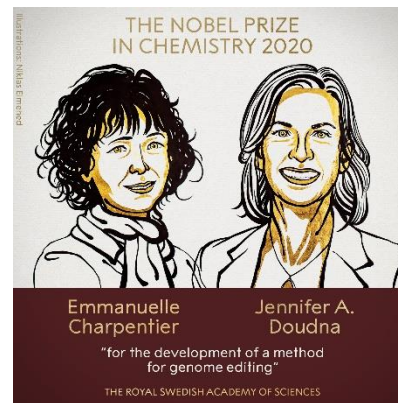
②TALEN 2010~



③CRISPR-Cas9 2012~



2020年ノーベル化学賞



生物が持つゲノムの中の、特定のDNA配列を「狙って変化させる」技術

ゲノム編集の応用例



ゲノム編集で理想のトマトを作る
(機能性成分GABAを高蓄積するトマト)



「肉厚マダイ」
(筋肉量を増強したマダイ)



「毒のないジャガイモ」
(芽から食中毒の原因物質をなくす)



“健康”のための大豆油
(高オレイン酸大豆)
【米国】



スーパーピッグ
(PRRSウイルスに耐性を持つ豚)
【米国】



ゲノム編集が白血病の少女の命を救う
(免疫系T細胞を骨髄移植)
【イギリス】

ゲノム編集実験フローにおける本プラットフォームの位置付け

【ゲノム編集実験フロー】

ゲノム配列解読

ガイドRNA
設計

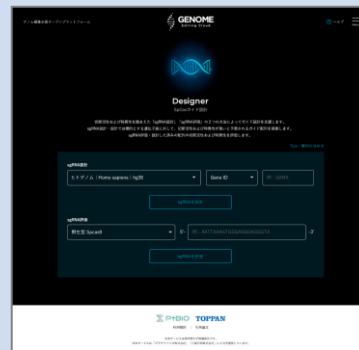
ゲノム編集

スクリーニング
クローニング

シーケンス

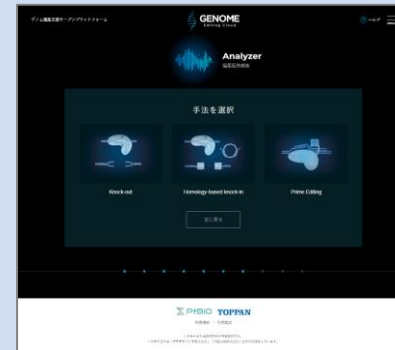
データ解析

(1)Designer



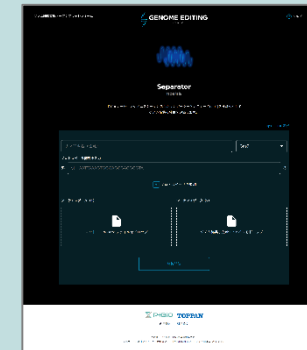
CRISPR-Cas9ガイド設計

(2)Analyzer



編集配列解析

(3)TIDE



ゲノム編集を行った細胞集団の挿入欠失
の種類と頻度を推定

DB基盤

(4)オープンデータベース
との連携

GENOME EDITING
Cloud

Designer
CRISPR-Cas9ガイド設計
切断活性および特異性を踏まえた「sgRNA設計」「sgRNA評価」の2つのサービスによってガイド設計を支援します。

Analyzer
編集配列解析
「CRISPR-Cas9・Prime Editor」で導入したターゲットアンプリコンシーケンスデータの解析を行います。

Separator
TIDE解析

初めてゲノムを編集する方へ

PtBio TOPPAN
利用規約 | 引用論文

(開発画面)

Genome Editing Cloud

- ✓ ゲノム編集のデータ分析をWeb上で実現
- ✓ 安全性の高いクラウドによるデータの保護
- ✓ AIの活性予測による効率的な実験支援
- ✓ 深いIT知識を必要とせずに操作が可能
- ✓ 大容量のデータの保存と解析が可能

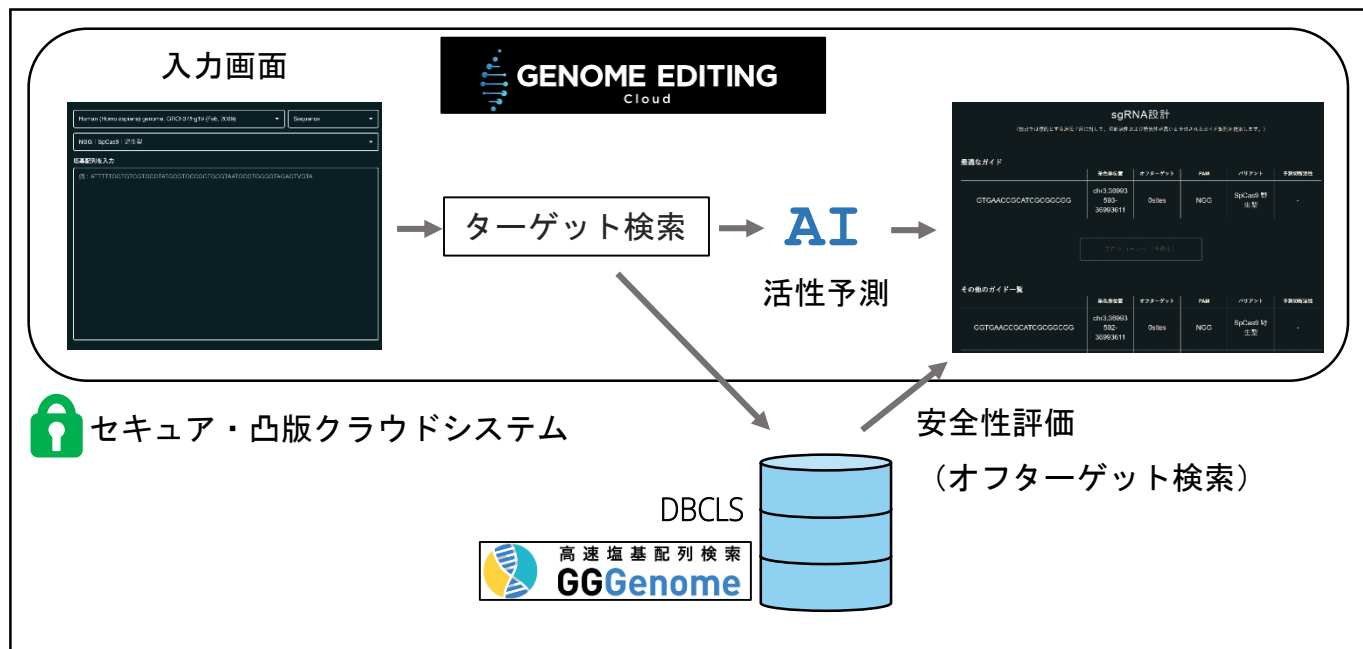
Designer機能

入力ゲノム配列に対して網羅的にターゲットを検索

1,000件以上のデータを学習したAIがCRISPRの活性を予測

ライフサイエンス統合データベースセンターが提供する塩基

配列検索システム「GGGenome」との連携による安全性予測



ゲノム編集支援オープンプラットフォーム

GENOME EDITING Cloud

Designer CRISPR-Cas9ガイド設計

ヘルプ Menu

sgRNA設計

(設計では標準とする遺伝子庫に対して、切断活性および特異性が高いと予測されるガイド配列を提案します。)

プロトコールへ (外部)

その他のガイド一覧

最適なガイド	染色体位置	オフターゲット	PAM	バリエーション	予測切断活性
GTGAACCGCATCGCGCGG	chr3:36993-36993611	0sites	NGG	SpCas9 野生型	-
GGTGAACCGCATCGCGCGG	chr3:36993-36993611	0sites	NGG	SpCas9 野生型	-
TCGGCGGCTGGACGAGACAG	chr3:36993-36993590	0sites	NGG	SpCas9 野生型	-
CGGCGGGGAAGTTATCCAG	chr3:36993-36993625	0sites	NGG	SpCas9 野生型	-
GGTGAACCGCATCGCGCGG	chr3:36993-36993610	0sites	NGG	SpCas9 野生型	-
TGGTGAACCGCATCGCGCGG	chr3:36993-36993610	0sites	NGG	SpCas9 野生型	-

(開発画面。表示内容はより充実させることを予定)

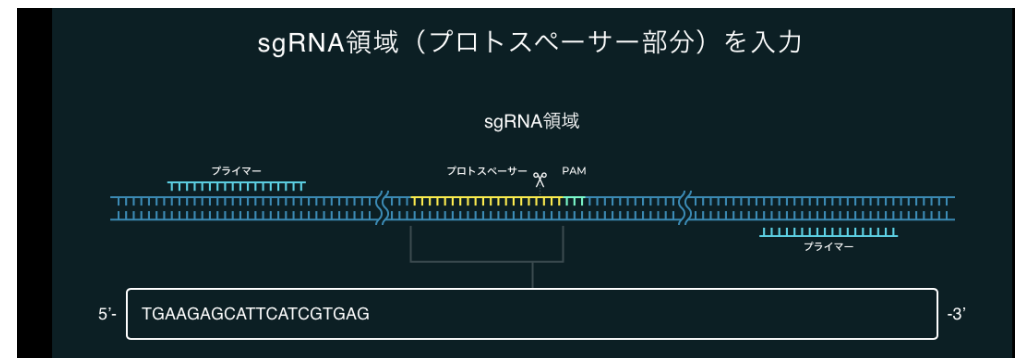
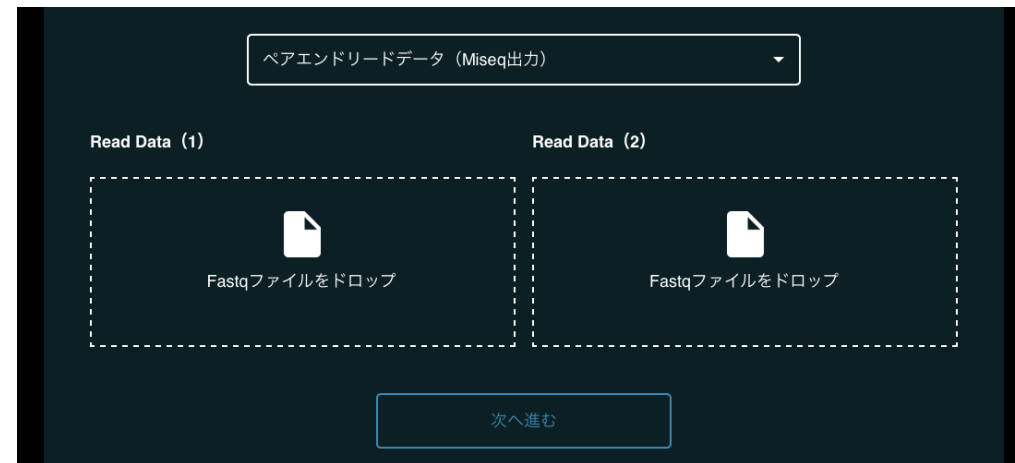
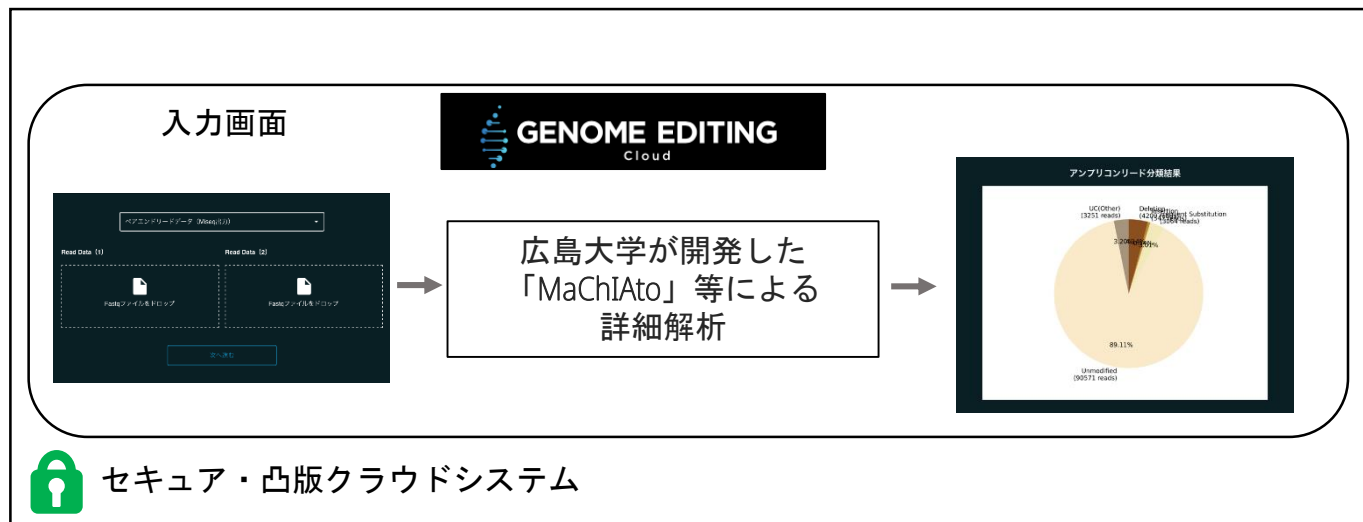
Analyzer機能

NGSでシーケンスしたゲノム編集配列を分析

ゲノム編集された配列とされていない配列を分類

詳細なアライメントで高解像な編集結果を提供

データは安全かつ大容量のクラウド内で長期保存が可能



(開発画面。解析機能はより充実させることを予定)

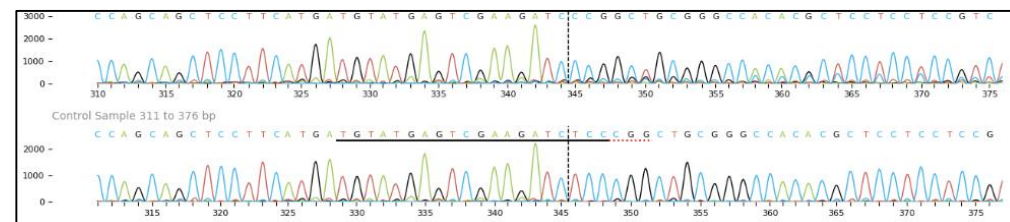
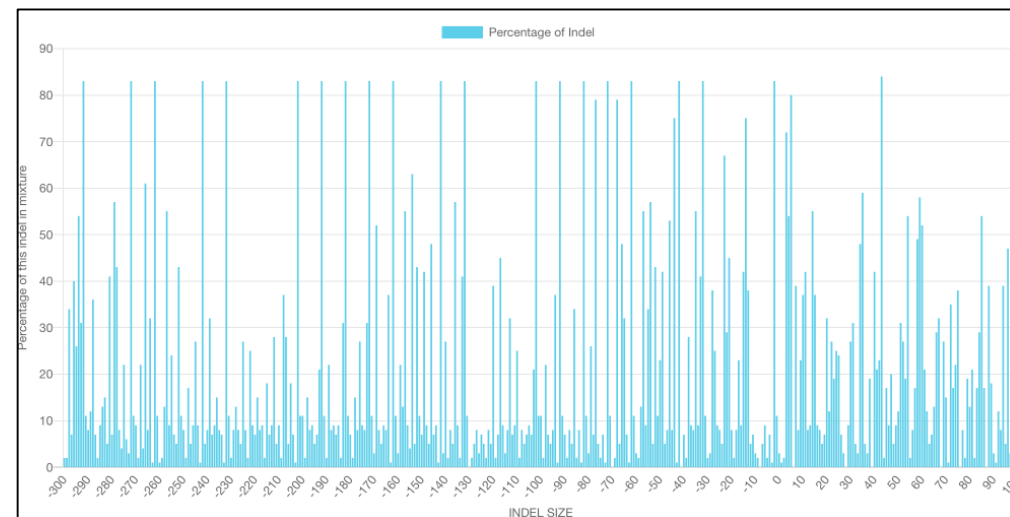
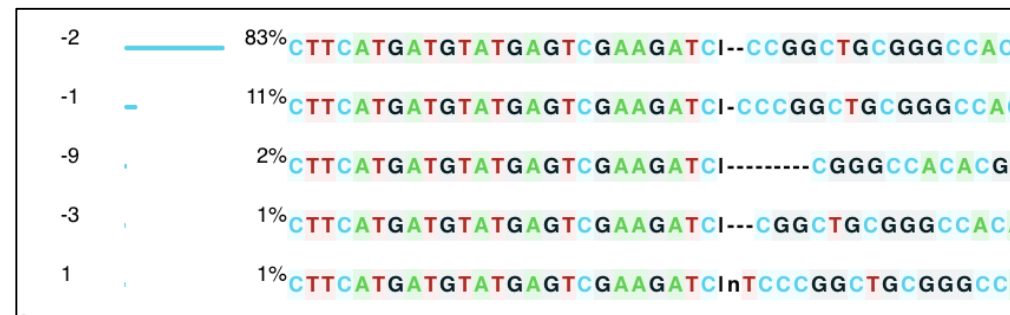
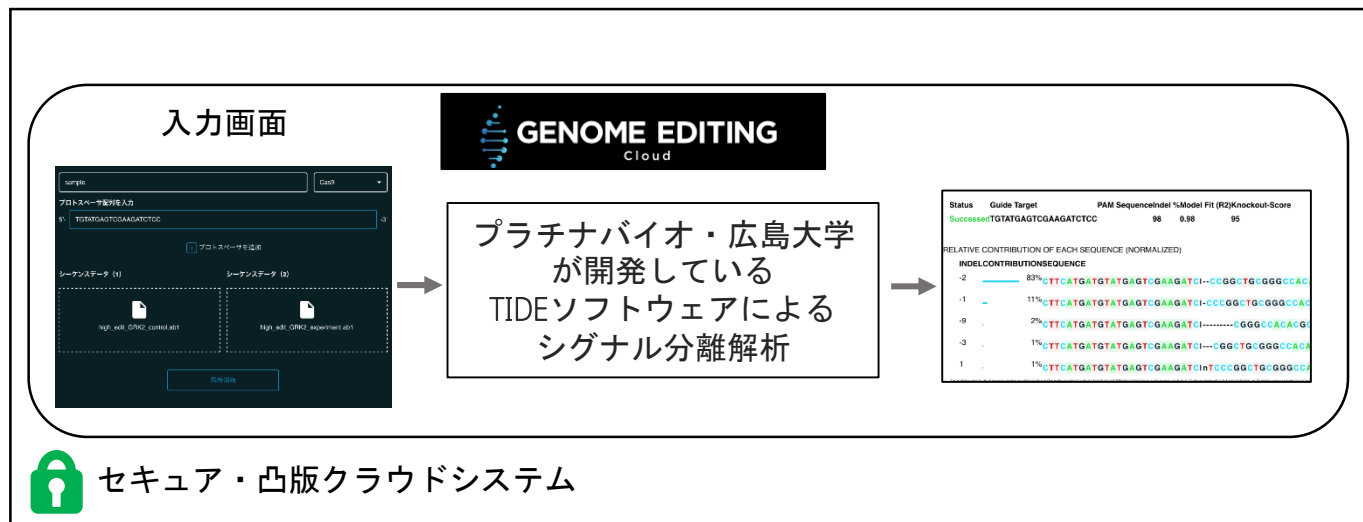
TIDE機能 (※開発中)

安価なサンガーシーケンスを用いた変異解析システム

たった2回のシーケンスで数十種の編集パターンを特定

熊本大学の協力のもとマウス胚でも運用可能な精度目標

効率的でリーズナブルなゲノム編集研究を支援



(開発画面。表示機能はより充実させることを予定)