

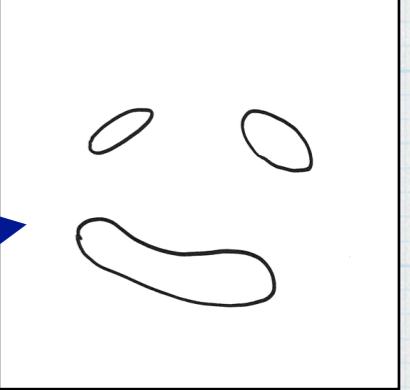


統合データベース講習会
AJACSこまち

塩基配列解析のための データベース・ウェブツールと CRISPRガイドRNA設計

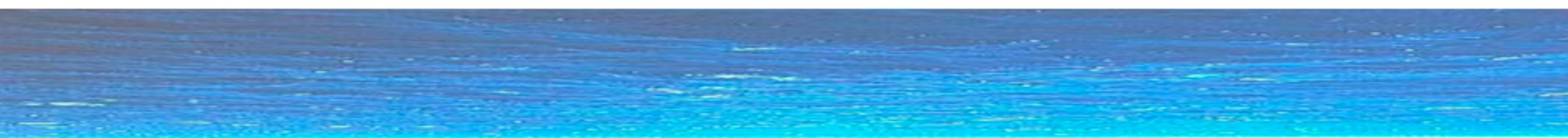
ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS)
内藤 雄樹

自己紹介

- 内藤 雄樹 (ないとう ゆうき)
 @meso_cacase → 
- ライフサイエンス統合データベース
センター (DBCLS) 特任助教
- 過去に RNAi メカニズム等の研究
siRNA設計サイト: siDirect 公開

活性が高く、オフターゲット
効果の少ないsiRNAを設計

siRNA設計 : siDirect → 檢索



siDirect version 2.0 highly effective, target specific siRNA online design site. [Help](#)

Enter an accession number and retrieve sequence:

 [retrieve sequence](#)

or Paste in a nucleotide sequence:

```
>sample sequence
ggctgccaag aacctgcagg aggcagaaga atggtacaaa tccaaatggc ctgacccttc
tgaggctgcc aaccggaca atgacgcctt ggcggcaggca aagcaggagt ccactgagta
ccggagacag gtgcagtccc tcacctgtga agtggatgcc cttaaaggaa ccaatgagtc
cctggAACgc cagatgcgtg aaatggaaaga gaacttgcc gttgaagctg ctaactacca
agacactatt ggccgcctgc aggatgagat tcagaatatg aaggaggaaa tggctcgta
ccttcgtgaa taccaagacc tgctcaatgt taagatggcc cttgacattt agattggccac
ctacaggaag ctgcttggaaag gcgaggagag caggattct ctgccttc caaaactttc
ctccctgaac ctgagggaaa ctaatcttggaa ttcaactccct ctgggttata cccactcaa
aaggacactt ctgattaaga cggttggaaac tagatgttgc caggttatca acgaaacttc
tcagcatcac gatgaccttgc aataaaaatt gcacacactc agtgcagcaa tatattacca
```

[design siRNA](#)

Options: [click here](#)

Effective siRNA candidates

target position	target sequence 21nt target + 2nt overhang	RNA oligo sequences 21nt guide (5'→3') 21nt passenger (5'→3')	functional siRNA selection: Ui-Tei	seed-duplex stability (Tm);		specificity check: minimum number of mismatches against any off-targets;	
				guide	passenger	guide	passenger
24-46	cagaagaatggtacaaatccaag	UGGAUUUGUACCAUUCUUCUG GAAGAAUGGUACAAAUCCAAG	U	20.1 °C	12.0 °C	2 [detail]	2 [detail]
159-181	cccttaaggAACCAatgagtcc	ACUCAUUGGUUCCUUUAAGGG CUUAAAGGAACCAAUGAGUCC	U	18.1 °C	11.0 °C	2 [detail]	2 [detail]
261-283	aggatgagattcagaatatgaag	UCAUAAUCUGAAUCUCAUCU GAUGAGAUUCAGAAUAUGAAG	U	8.7 °C	20.4 °C	2 [detail]	3 [detail]
461-483	ctggttatacccactcaaaaag	UUUUGAGUGGGUAUCAACCG GGUUGAUACCCACUCAAAAAG	U	19.2 °C	16.1 °C	3 [detail]	2 [detail]
462-484	tgggtgatacccactcaaaaagg	UUUUGAGUGGGUAUCAACCA GUUGAUACCCACUCAAAAAGG	U	12.2 °C	16.1 °C	3 [detail]	2 [detail]
491-513	ctgattaagacggttgaardtag	AGUUUCAACCGUCUUAUCAG GAUUUAGACGGUUGAAACUAG	U	14.9 °C	6.9 °C	3 [detail]	3 [detail]
519-541	gacaggttatcaacgaaacttct	AAGUUUCGUUGAUACCUGUC CAGGUUAUCAACGAAACUUCU	U	19.7 °C	18.5 °C	3 [detail]	3 [detail]
521-543	caggttatcaacgaaacttctca	AGAAGUUUCGUUGAUACCUG GGUUAUCAACGAAACUUCUCA	U	13.3 °C	16.1 °C	2 [detail]	3 [detail]

Graphical view of effective siRNA candidates



遺伝子に関するデータベース

- 遺伝子名などキーワードで探す
- 遺伝子のさまざまなIDとは？
- 塩基配列から遺伝子を探す

遺伝子をさがす 基礎

■ NCBI Entrez <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
(または NCBI を検索)

NCBI Resources How To

Sign in to NCBI

NCBI National Center for Biotechnology Information

NCBI Home

Resource List (A-Z)

All Resources

Chemicals & Bioassays

Data & Software

DNA & RNA

Domains & Structures

Genes & Expression

Genetics & Medicine

Genomes & Maps

Homology

Literature

Proteins

Sequence Analysis

Taxonomy

Training & Tutorials

All Databases

- Assembly
- BioProject
- BioSample
- BioSystems
- Books
- ClinVar
- Clone
- Conserved Domains
- dbGaP
- dbVar
- EST
- Gene
- Genome
- GEO DataSets
- GEO Profiles
- GSS
- GTR
- HomoloGene
- MedGen
- MeSH
- NCBI Web Site
- NLM Catalog
- Nucleotide
- OMIM
- PMC
- PopSet
- Probe
- Protein

Welcome to NCBI

NCBI advances science and providing access to biomedical and genomic information.

[NCBI](#) | [Mission](#) | [Organization](#) | [NCBI News](#) | [Blog](#)

Submit

Transfer NCBI data to your computer

Download

Find help documents, attend a class or watch a tutorial

Learn

Analyze

Identify an NCBI tool for your data

Research

Explore NCBI research and publications

Popular Resources

PubMed

Bookshelf

PubMed Central

PubMed Health

BLAST

Nucleotide

Genome

SNP

Gene

Protein

PubChem

NCBI Announcements

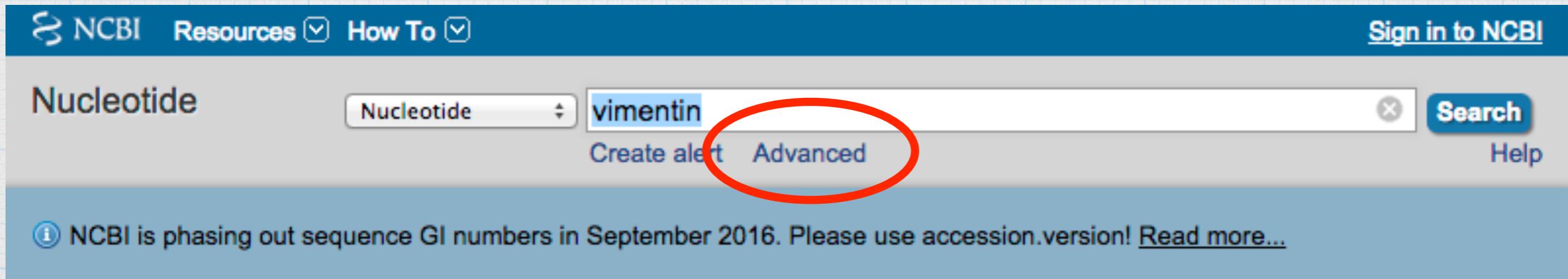
HTTPS at NCBI: Guidance for NCBI web API users

27 Jul 2016

絞り込み

- 検索窓にキーワードを追加していく
 - ... **AND** “Homo sapiens”[Organism]
 - ... **AND** Vimentin[Gene Name]
 - ... **AND** patent[Title]

- または、Advanced searchに行く



遺伝子の ID とは？

- Accession Number
- RefSeq ID
- Gene ID
- Symbol (遺伝子名)

Accession Number

- GenBank/EMBL/DDBJ 国際塩基配列データベースに登録された塩基配列のID
- A12345 や AB123456 の形をしている
- A12345.1 のようにバージョンを表示。
UTRが延長されたりエラーが修正されて
A12345.2 のようにアップデートされる
- GenBankのAccessionと呼ばれることも
×

RefSeq ID

- 三大データバンクの配列を元にtranscriptごとに1個登録 → **RefSeq** データベース
(遺伝子の百科事典のようなもの)
- 選択的スプライシングで生じるvariantには別々のIDが付与されている
- NM_012345.6 の形をしている。
実用上はAccession番号の一種

Symbol, Gene ID

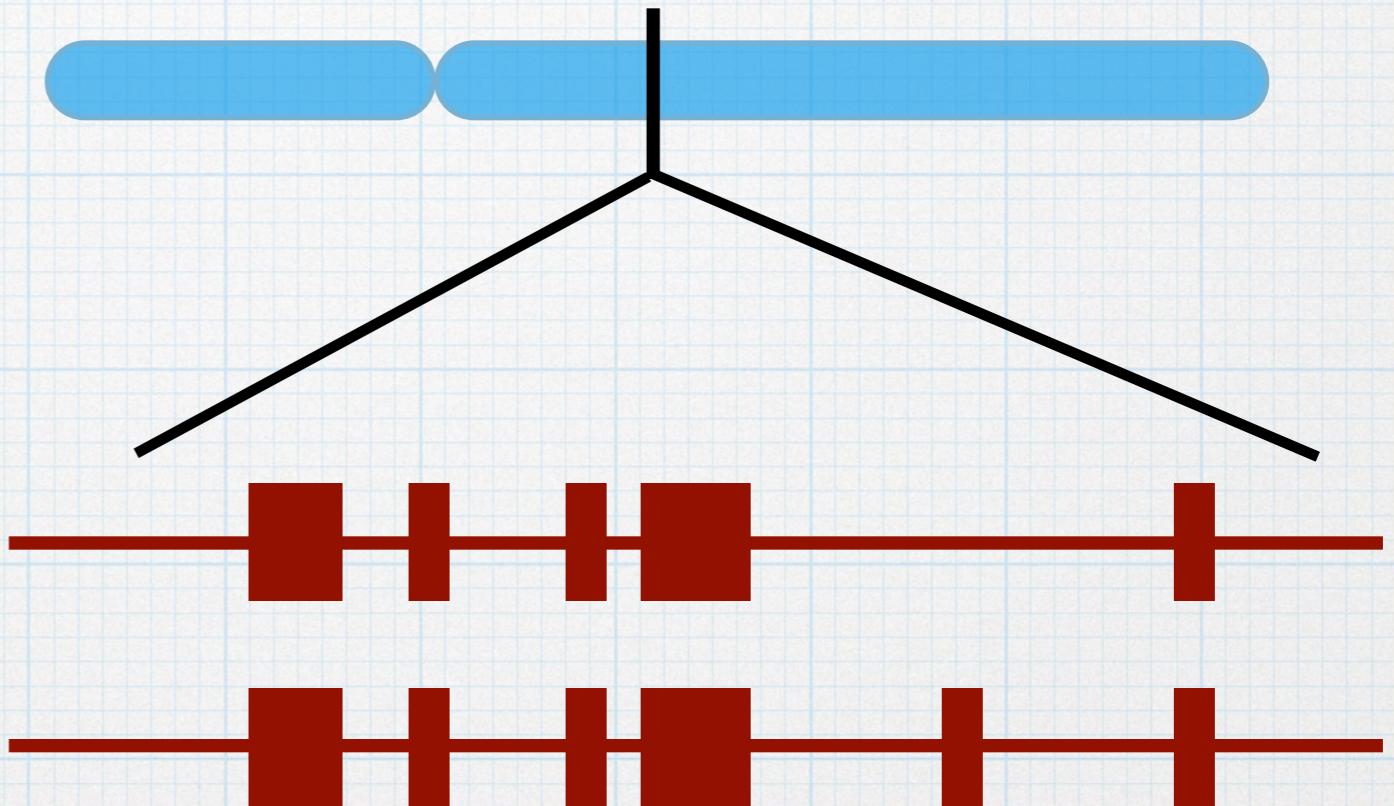
■ 遺伝子ごとに付与される遺伝子名と番号

慣用名	Symbol	Gene ID
ヒトcadherin	CDH1	999
マウスcadherin	Cdh1	12550
ラットcadherin	Cdh1	83502

- Symbolは慣用名と一致しないこともあります
(ヒトp53 → TP53) 種でダブる可能性も
- Gene ID は生物種と遺伝子を特定できる

それぞれの関係

ヒト Chr22 (q11)



RefSeq ID:

NM_001190326

NM_022720

transcriptごと
(塩基配列ごと)

Symbol: DGCR8

Gene ID: 54487

遺伝子 (locus) ごと

配列から遺伝子をさがす

■ NCBI BLAST

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/>
(または BLAST を検索)

■ UCSC BLAT

<http://genome.ucsc.edu/>

→ Tools / Blat へ

(または BLAT を検索)

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance.

[Learn more](#)

NEWS

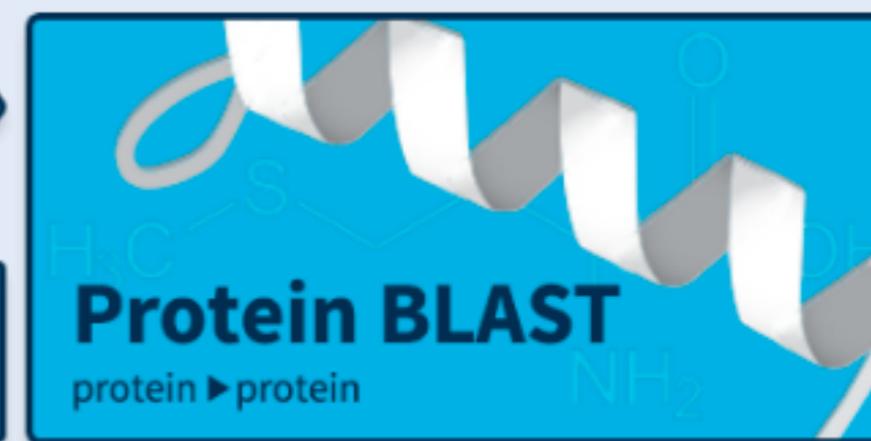
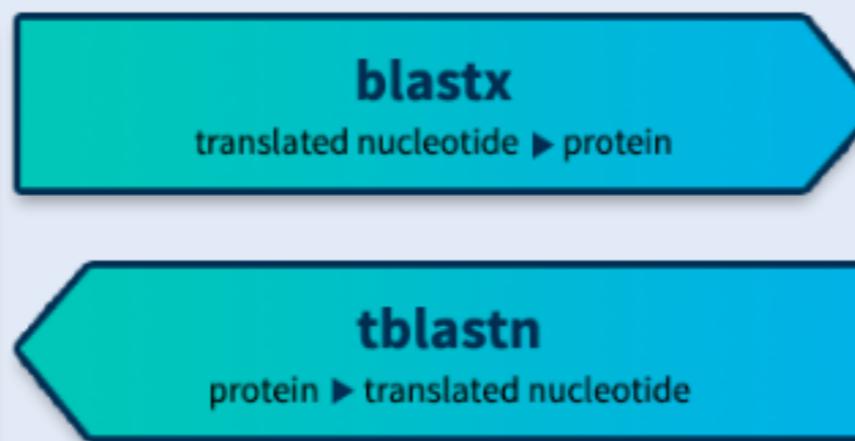
BLAST and HTTPS

The BLAST URL API is moving to HTTPS.

Thu, 28 Jul 2016 12:00:00 EST

[More BLAST news...](#)

Web BLAST



BLAST Genomes

[Search](#)[Human](#)[Mouse](#)[Rat](#)[Microbes](#)

BLAST® > blastn suite

[Home](#) [Recent Results](#) [Saved Strategies](#) [Help](#)

Standard Nucleotide BLAST

[blastn](#) [blastp](#) [blastx](#) [tblastn](#) [tblastx](#)BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. [more...](#)[Reset page](#) [Bookmark](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#)[Clear](#)Query subrange [?](#)Or, upload file [ファイルを選択](#) 選択されていません [?](#)

Job Title

 選択されていません [?](#)Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#) Align two or more sequences [?](#)

Choose Search Set

Database

 Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):

◆ Reference RNA sequences (refseq_rna)

Organism
Optional

Enter organism name or id—completions will be suggested

 Exclude[+](#)Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown [?](#)Exclude
Optional Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequencesLimit to
Optional
Entrez Query
Optional Sequences from type material[YouTube](#) [Create custom database](#)Enter an Entrez query to limit search [?](#)

Program Selection

Optimize for

- Highly similar sequences (megablast)
- More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
- Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm [?](#)Reference RNA
sequences
(refseq_rna)

BLAST

Search database Reference RNA sequences (refseq_rna) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

 Show results in a new window[Algorithm parameters](#)

Note: Parameter values that differ from the default are highlighted in yellow and marked with ◆ sign

C. elegans BLAT Search

BLAT Search Genome

生物種を選択

Genome: Assembly: Query type: Sort output: Output type:


```
tgaatgaagacgatcgactcaaattcacagctccacaggatggaattttttaacaaagctcgacaattcgga
```


Paste in a query sequence to find its location in the genome. Multiple sequences may be searched if separated by lines starting with '>' followed by the sequence name.

File Upload: Rather than pasting a sequence, you can choose to upload a text file containing the sequence.

Upload sequence: 選択されていません

Only DNA sequences of 25,000 or fewer bases and protein or translated sequence of 10000 or fewer letters will be processed. Up to 25 sequences can be submitted at the same time. The total limit for multiple sequence submission is 50,000 bases or 25,000 letters.

遺伝子データベースの検索

- 検索ワードが多様（遺伝子名, ID, 遺伝子機能, タンパクのドメイン名, 疾患, 塩基配列, アミノ酸配列,）
 - 入口が異なる。知らないと探せない
- BLAST 等による塩基配列の検索
 - 検索が遅い

Googleのように探せれば...



月が綺麗ですね

[検索オプション](#)
[表示設定](#)

ウェブ全体から検索 日本語のページを検索

約 1,380,000 件 (0.11 秒)

他のキーワード: [夏目漱石](#) [月が綺麗ですね](#) [月が綺麗ですね出典](#)

[月が綺麗ですね \(つきがきれいですね\)とは【ピクシブ百科事典】](#)

[dic.pixiv.net](#) › ... › クリエイター, 作家, 小説家, 文豪, 夏目漱石 ▾

月が綺麗ですねがイラスト付きでわかる！ "I love you" の日本の意訳。

[月が綺麗ですねとは \(ツキガキレイデスネとは\) \[単語記事\] - ニコニコ...](#)

[dic.nicovideo.jp/a/月が綺麗ですね](#) ▾

... 商品; 関連項目; 揭示板. 月が綺麗ですねとは、I love youの慣用表現である。 ... てい
ればマシだが「月が綺麗ですね」は富嶽百景の「みなさん、けふは富士がよく見えます
ね」と一緒だなみんないまさらのごとくやあ、とか、まあ、とか間抜けた嘆声を発する
のが

[異性に「月が綺麗ですね」ってメールしてみろwww.ふえー速](#)

[fesoku.net/archives/6862734.html](#) ▾

2013/10/13 - 異性に「月が綺麗ですね」ってメールしてみろwww. October ...
あなたと見る月は、いつも綺麗です。 35: 以下、 ... 優しい弟だね. 58: 以下、名無しに
かわりましてVIP がお釣りします 2013/10/12 22:36:25 ID:r1jaBvXOi. 妹に送ったら

[【文系集合】「月が綺麗ですね」に対して一番お洒落な返しをした...](#)

[blog.livedoor.jp/schoolunderground/archives/33205964.html](#) ▾

統合遺伝子検索 GGRNA → 検索

統合遺伝子検索

[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)

[旧バージョン](#)

GGRNA ver.2

検索

Zoo (All organisms in RefSeq)

遺伝子をGoogleのように検索できるサイトです。 [NCBI RefSeq](#) の transcript を全文検索します。

検索例：

- ・ 「[homeobox](#)」 「[claudin](#)」 フリーワード検索
- ・ 「"RNA interference"」 ダブルクオートで囲ってフレーズ検索
- ・ 「[Argonaute "PAZ domain"](#)」 Argonaute かつ "PAZ domain" のAND検索
- ・ 「[NM_001518](#)」 「[10579](#)」 RefSeq IDやGene IDなど各種IDから検索
- ・ 「[symbol:VIM](#)」 遺伝子名(symbolまたはsynonym)から検索
- ・ 「[ref:Naito](#)」 文献情報のなかからフリーワード検索
- ・ 「[1552311_a_at](#)」 マイクロアレイのプローブIDから塩基配列を検索
- ・ 「[aa:KDEL](#)」 アミノ酸配列を検索
- ・ 「[caagaqaqaqattq](#)」 塩基配列を検索
- ・ 「[comp:caagaagagattq](#)」 相補鎖を検索
- ・ 「[iub:aqqtcanrtgacct](#)」 N, R, Y 等のあいまいな塩基を含む塩基配列を検索
- ・ [詳細な使い方](#)
- ・ ゲノム配列を検索したいときは **GGRNA** 《ゲゲゲノム》へ
 - ヒトゲノムの検索例：<http://GGGenome.dbcls.jp/TTCATTGACAACATT>

新着情報：

- 2016-07-14 データベースをRefSeq rel. 77 (Jul, 2016)に更新。
- 2015-01-13 HTTPSによる暗号化通信に対応 - <https://GGRNA.dbcls.jp/>
- 2013-07-24 ソースを公開 - [GitHub](#)
- 2013-07-08 GGRNA ver.2公開。全生物種のRefSeqを検索できます。
- 2012-05-29 下記論文の日本語による解説を「DBCLSからの成果発信」に掲載。[GGRNAの論文がNucleic Acids Researchに掲載されました。](#)
- [過去の新着情報](#)

遺伝子名を検索

統合遺伝子検索

GGRNA
ver.2



[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)

[旧バージョン](#)

nanog

検索

Homo sapiens (human)

2016-08-04 13:58:01, GGRNA : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

Summary:

- [nanog \(42\)](#)
- [INTERSECTION \(42\)](#)

Results:

検索語に色がつきます。重なると色が濃く表示されます。

RefSeqの転写産物

- mRNA (NM_, XM_)
- ncRNA (NR_, XR_)

[Homo sapiens NANOG neighbor homeobox \(NANOGNB\), mRNA.](#) (907 bp)

LOCUS NM_001145465 907 bp mRNA linear PRI 02-FEB-2014 DEFINITION Homo sapiens **NANOG** neighbor homeobox (**NANOG** NB), mRNA. ACCESSION NM_001145465 XR_040558 XR_040559 XR_040560 VERSION NM_001145465.1 GI:224451052 KEYWORDS RefSeq. SOURCE Homo sapiens (human) ORGANISM Homo sapiens Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo. REFERENCE COMMENT PROVISIONAL REFSEQ: This record has not yet been subject to final NCBI review. The reference sequence was derived from AY151139.1. On or before Mar...

NM_001145465.1 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

[Homo sapiens Nanog homeobox \(NANOG\), transcript variant 2, mRNA.](#) (2055 bp)

LOCUS NM_001297698 2055 bp mRNA linear PRI 10-SEP-2015 DEFINITION Homo sapiens **Nanog** homeobox (**NANOG**), transcript variant 2, mRNA. ACCESSION NM_001297698 XM_005253484 VERSION NM_001297698.1 GI:663071049 KEYWORDS RefSeq. SOURCE Homo sapiens (human) ORGANISM Homo sapiens Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo. REFERENCE COMMENT REVIEWED REFSEQ: This record has been curated by NCBI staff. The reference sequence was derived from DC425336.1, AY578089.1, AC006517.46 and AI656990.1. On...

NM_001297698.1 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

[Homo sapiens Nanog homeobox \(NANOG\), transcript variant 1, mRNA.](#) (2103 bp)

LOCUS NM_024865 2103 bp mRNA linear PRI 10-SEP-2015 DEFINITION Homo sapiens **Nanog** homeobox (**NANOG**), transcript variant 1, mRNA. ACCESSION NM_024865 VERSION NM_024865.3 GI:663071048 KEYWORDS RefSeq. SOURCE Homo sapiens (human) ORGANISM Homo sapiens Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo. REFERENCE COMMENT REVIEWED REFSEQ: This record has been curated by NCBI staff. The reference sequence was derived

遺伝子名を検索

Gene & transcript search

[Home](#) | [Help](#) | [Advanced search](#)

[Previous release \(v1\)](#)

GGRNA
ver.2

2016-08-04 13:44:01, GGRNA.v2 : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

LOCUS NM_001145465 907 bp mRNA linear PRI 02-FEB-2014
DEFINITION Homo sapiens **NANOG** neighbor homeobox (**NANOGNB**), mRNA.
ACCESSION NM_001145465 XR_040558 XR_040559 XR_040560
VERSION NM_001145465.1 GI:224451052
KEYWORDS RefSeq.
SOURCE Homo sapiens (human)
ORGANISM Homo sapiens
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini;
Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE 1 (bases 1 to 907)
AUTHORS Strausberg RL, Feingold EA, Grouse LH, Derge JG, Klausner RD,
Collins FS, Wagner L, Shenmen CM, Schuler GD, Altschul SF, Zeeberg
B, Buetow KH, Schaefer CF, Bhat NK, Hopkins RF, Jordan H, Moore T,
Max SI, Wang J, Hsieh F, Diatchenko L, Marusina K, Farmer AA, Rubin
GM, Hong L, Stapleton M, Soares MB, Bonaldo MF, Casavant TL,
Scheetz TE, Brownstein MJ, Usdin TB, Toshiyuki S, Carninci P,
Prange C, Raha SS, Loquellano NA, Peters GJ, Abramson RD, Mullahy
SJ, Bosak SA, McEwan PJ, McKernan KJ, Malek JA, Gunaratne PH,
Richards S, Worley KC, Hale S, Garcia AM, Gay LJ, Hulyk SW,
Villalon DK, Muzny DM, Sodergren EJ, Lu X, Gibbs RA, Fahey J,
Helton E, Ketteman M, Madan A, Rodrigues S, Sanchez A, Whiting M,
Madan A, Young AC, Shevchenko Y, Bouffard GG, Blakesley RW,
Touchman JW, Green ED, Dickson MC, Rodriguez AC, Grimwood J,
Schmutz J, Myers RM, Butterfield YS, Krzywinski MI, Skalska U,
Smailus DE, Schnurch A, Schein JE, Jones SJ and Marra MA.
CONSRTM Mammalian Gene Collection Program Team
TITLE Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length
human and mouse cDNA sequences
JOURNAL Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99 (26), 16899-16903 (2002)
PUBMED 12477932
COMMENT PROVISIONAL REFSEQ: This record has not yet been subject to final
NCBI review. The reference sequence was derived from AFY151139.1

Accession番号を検索

統合遺伝子検索

GGRNA
ver.2



IMAGE GALLERY

[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)

[旧バージョン](#)

NM_003380

検索

Homo sapiens (human)



2016-08-04 13:59:10, GGRNA : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

Summary:

- [refid:NM_003380 \(1\)](#)
- [INTERSECTION \(1\)](#)

Results:

検索語に色がつきます。重なると色が濃く表示されます。

[Homo sapiens vimentin \(VIM\), mRNA.](#) (2151 bp)

LOCUS NM_003380 2151 bp mRNA linear PRI 15-MAR-2015 DEFINITION Homo sapiens vimentin (VIM), mRNA. ACCESSION NM_003380 VERSION NM_003380.3 GI:240849334 KEYWORDS RefSeq. SOURCE Homo sapiens (human) ORGANISM Homo sapiens Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo. REFERENCE COMMENT REVIEWED REFSEQ: This record has been curated by NCBI staff. The reference sequence was derived from BQ050765.1 and BC000163.2. This sequence is a reference standard in the RefSeqGene project. On Jun...

Synonym: CTRCT30; HEL113

NM_003380.3 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

◀◀ | ページ 1 / 1 | ▶▶ | C

1 件中 1 - 1 を表示

Data Export:

下記より最大10000件まで検索結果を取得できます。

- タブ区切りテキスト → [表示](#) | [ダウンロード](#)
エクセル等の表計算ソフトに直接コピペできます。
- JSON形式 → [リンク](#) | [ダウンロード](#)

塩基配列を検索

統合遺伝子検索

GGRNA
ver.2



TOKO PICTURE
GALLERY

[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)

[旧バージョン](#)

caagaagagattgc

検索

Homo sapiens (human)



2016-08-04 13:59:51, GGRNA : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

Summary:

- [seq:caagaagagattgc \(9\)](#)
- [INTERSECTION \(9\)](#)

Results:

検索語に色がつきます。重なると色が濃く表示されます。

[Homo sapiens vimentin \(VIM\), mRNA.](#) (2151 bp)

tcctgctggccgagctcgagcagctcaaggccaaggcaagtgcgcctggggacacctctacgaggaggatgcgggagctgcgcggcaggtggaccagctaaccacgacaaagccgcgtcgagggtga
gcgcgacaacctggccgaggacatcatgcgcctccggagaaaattcagggaggatgcctcagagagagaaaccccctgcaatcttcagacaggatgttgcataatgcgtctggcacgtcttgac
cttgaacgcaaagtggaatctttgcggggatctttgcggggatccaggagctgcaggctcagattcaggaacacgttgcataatgcgtctggcacgtcttgac
tcacggctgccctgcgtgacgtacgtcagaatatgaaatgtggctgccaagaacctgcaggaggcagaagaatggtacaaatccaagttgctgaccctctgaggctgccaaccggaaacaatgcgc
caggcaaaaggcaggactgactgatccggagacagggtgcagtcacatgtgaag...

position 1094

Synonym: CTRCT30; HEL113

NM_003380.3 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

[PREDICTED: Homo sapiens vimentin \(VIM\), transcript variant X1, mRNA.](#) (3211 bp)

tcctgctggccgagctcgagcagctcaaggccaaggcaagtgcgcctggggacacctctacgaggaggatgcgggagctgcgcggcaggtggaccagctaaccacgacaaagccgcgtcgagggtga
gcgcgacaacctggccgaggacatcatgcgcctccggagaaaattcagggaggatgcctcagagagagaaaccccctgcaatcttcagacaggatgttgcataatgcgtctggcacgtcttgac
cttgaacgcaaagtggaatctttgcggggatctttgcggggatccaggagctgcaggctcagattcaggaacacgttgcataatgcgtctggcacgtcttgac
tcacggctgccctgcgtgacgtacgtcagaatatgaaatgtggctgccaagaacctgcaggaggcagaagaatggtacaaatccaagttgctgaccctctgaggctgccaaccggaaacaatgcgc
caggcaaaaggcaggactgactgatccggagacagggtgcagtcacatgtgaag...

position 2169

Synonym: CTRCT30; HEL113

XM_006717500.1 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

[Homo sapiens dedicator of cytokinesis 5 \(DOCK5\), transcript variant 1, mRNA.](#) (10223 bp)

塩基配列を検索

統合遺伝子検索

GGRNA
ver.2



TOME PICTURES
GALLERY

[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)

[旧バージョン](#)

caagaaga Homo sapiens (human)

2016-08-04 14:00:23, GGRNA : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

Summary:

- [seq:caaaqaqa \(32835\)](#)
- [INTERSECTION \(32835\)](#)

Results:

検索語に色がつきます。重なると色が濃く表示されます。

[Homo sapiens microRNA 8053 \(MIR8053\), microRNA.](#) (75 bp)

REFERENCE 2 (bases 1 to 75) AUTHORS Griffiths-Jones S, Grocock RJ, van Dongen S, Bateman A and Enright AJ. TITLE miRBase: microRNA sequences, targets and gene nomenclature JOURNAL Nucleic Acids Res. 34 (DATABASE ISSUE), D140-D144 (2006) PUBMED 16381832
gctttccactggcgattttggaactcaatggcagaaatgt**caagaaga**gttttatccttgcgaaagagaaaa

position 41

Synonym: hsa-mir-8053

NR_107020.1 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

[Homo sapiens microRNA 4793 \(MIR4793\), microRNA.](#) (87 bp)

AUTHORS Griffiths-Jones S, Grocock RJ, van Dongen S, Bateman A and Enright AJ. TITLE miRBase: microRNA sequences, targets and gene nomenclature JOURNAL Nucleic Acids Res. 34 (DATABASE ISSUE), D140-D144 (2006) PUBMED 16381832
tttcctcgctgcccccacatccgtccacaggcagaggagg**caagaaga**cctctgcactgtgagttggctggaggaa

position 47

NR_039956.1 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

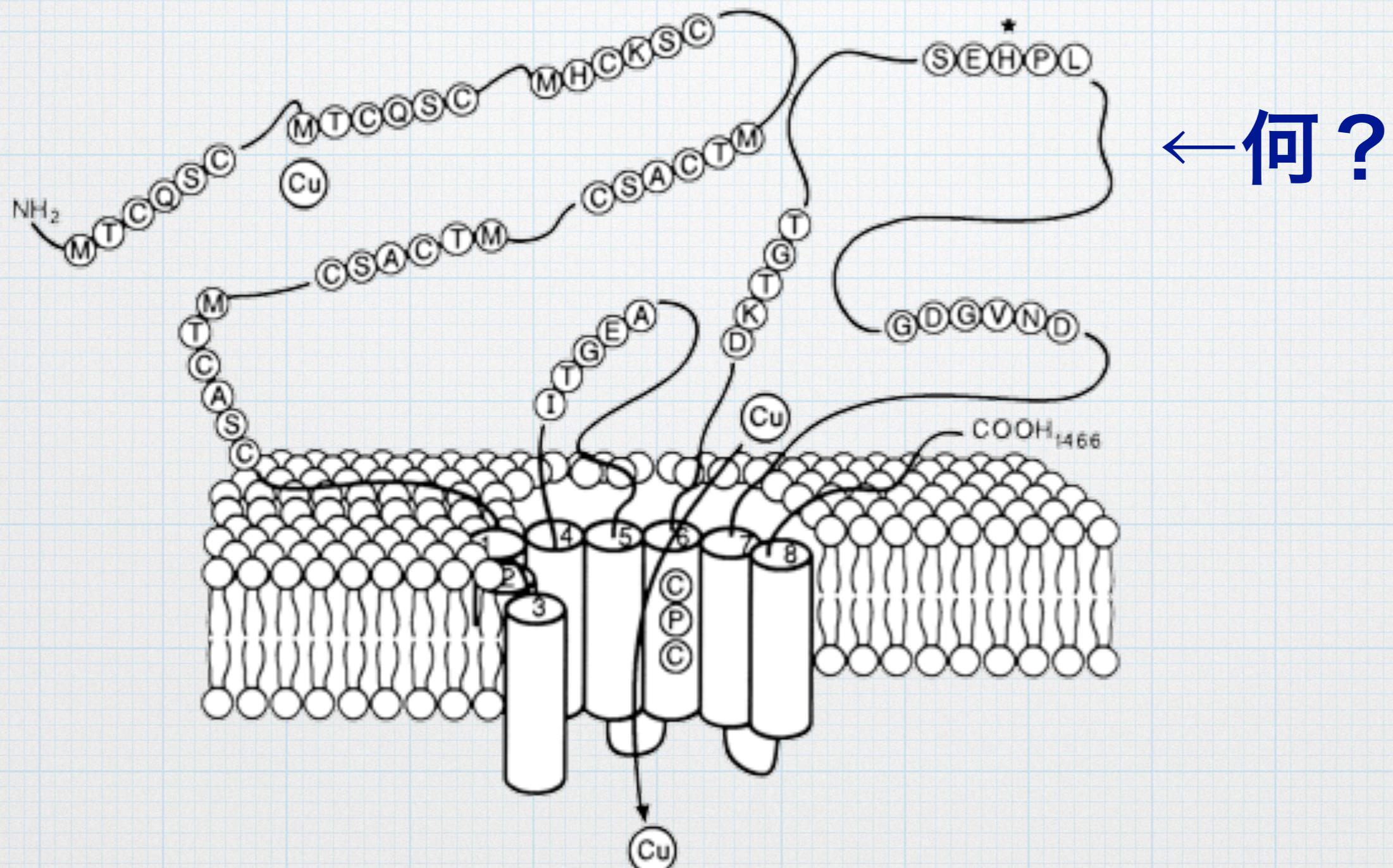
[Homo sapiens microRNA 5197 \(MIR5197\), microRNA.](#) (112 bp)

AUTHORS Griffiths-Jones S, Grocock RJ, van Dongen S, Bateman A and Enright AJ. TITLE miRBase: microRNA sequences, targets and gene nomenclature JOURNAL Nucleic Acids Res. 34 (DATABASE ISSUE), D140-D144 (2006) PUBMED 16381832
tatgggattccacagacaatgagtatcaatggcacaaactcattctgaagccagtt**caagaaga**gactgagtcatacgatgtctaaatgtcacccatgt

position 62

NR_049829.1 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

アミノ酸配列を検索



Schaefer et al. (1999) IV. Wilson's disease and Menkes disease.
Am. J. Physiol. Gastrointest. Liver Physiol. 276, G311-G314

アミノ酸配列を検索

統合遺伝子検索

[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)

[旧バージョン](#)

GGRNA
ver.2

SEHPL MTCQSC

検索

Zoo (All organisms in RefSeq)

▼

2016-08-04 14:01:09, GGRNA : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

Summary:

- [SEHPL \(6153\)](#)
- [MTCQSC \(746\)](#)
- [INTERSECTION \(441\)](#)

Results:

検索語に色がつきます。重なると色が濃く表示されます。

PREDICTED: Ficedula albicollis ATPase copper transporting beta (ATP7B), mRNA. (6199 bp)

MERKLDNKMKRELSY LATLNDRNISLVAIRKQQAACDVPELLIIGEKSKTASPVKARRSLQKEEKLLQSYSMGKTEVNTVERQALSNI DSPPDCELKPTMKHNFAFDNMGYE
ESSETVPSPPSQEHTVVVNIVG**MTCQSC**VQSIEGQISKVKGILRIKVSL EQNNAVIKYLQSEINPEQICQEILGMGFDASVAEEKSTAATVN LPSLKEAVV KLRVEG**MTCQSC**
CVTNIEGKIRKMHGVAKIKVSLDNQEAIAYHPYIIQPDDLKRHISDMGYDCTIKSKSAPLKLGA DLQRLQNAKS...KFSGYFVP IIIISTVTLIVWITIGFVNFDIKKYFPN
QSKNISKAEIILRFAFQTTSITVLSIACPCSLGLATPTAVMVGTVAAQNGILIKGGKPLEMAHQIKTVMF DKTGTITYGVPKVMRVLLMGDTAVLPLKKVLAVVGTAEAS**SEH**
PLGM AVTKYCKEELGTESLGYCTDFQAIPCGISCKVGGVEAVLGTAEEGPNKQDANRSAALGDKA ITPLESQGPSASQKYSV LIGNREW MRRNGLNITNDVNDAMTN
HEMKGQTAILVAIDGVLCGMIAIADTVKQEAALAVHTLQS...

AA_position 134 1121

XM_016300582.1 - Ficedula albicollis (collared flycatcher) - [NCBI](#)

PREDICTED: Pan troglodytes ATPase copper transporting beta (ATP7B), transcript variant X13, mRNA. (6917 bp)

XP_016780803.1" /db_xref="GI:1034101792" /db_xref="GeneID:452734"

/translation="MPEQERQITAREGASRKILSKLSLPTRAWEPAMKKSFAFDNVGYEGGLDGLGPSSQVATSTVRILG**MTCQSC**VKSIEDRISNLKGIVSMKVSLEQGSATV
KYVPSVVCQQVCHQIGDMGFEASIAEGKAASWPSRSLPAQEAVVCLRVEG**MTCQSC**VSSIESKVRKLQGVVRVKVSLSNQEAVITYQPYLIQPEDLRDHVNDMGFEAAI
KNKVAPLSLG...GEDNLIREEQVPMELVQRGDIVKVPGGKFPVDGKVLEGNTMADES LITGEAMPVTKPGSTVIAGSINAHSVLIKATHVGNDTTLAQIVKLVEEAQM
SKI KTVMF DKTGTITHGVPRVMR VLLGDVATLPLRKVLAVVGTAEAS**SEHPL**GVAVTKYCKEELGTETLGYCTDFQAVPGCGIGCKVSNVEGILAHSERPLRALASHLNEA
GSLPAEKDAAPQTFSVLIGNREW LRRNGLTISSDVSDAMTDHEMKGQTAILVAIDGVLCGMIAIADAVKQEAALAVHTLQSMGV DVVL..."

AA_position 66 956

XM_016925314.1 - Pan troglodytes (chimpanzee) - [NCBI](#)

PCRのプライマー

ヒトのある遺伝子に対して
RT-PCRをかけようとしたら
なぜかバンドが2本・・・

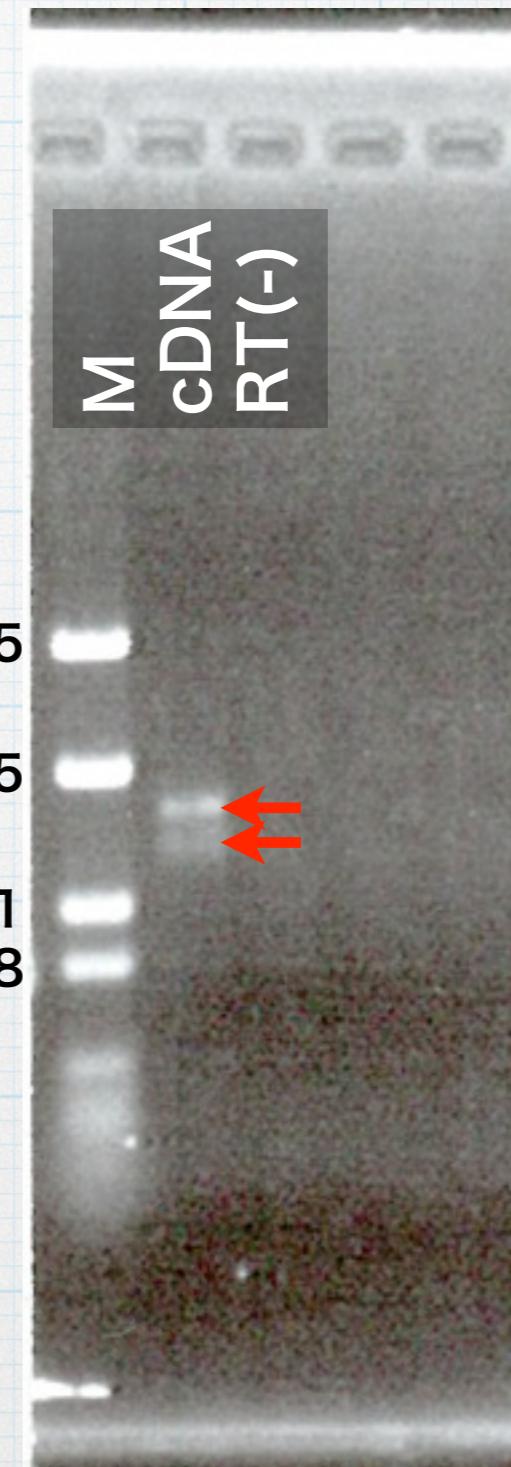
primer-F:

agctcattactttatcagtgcA

primer-R:

tgacgtattcaactcttctggtt

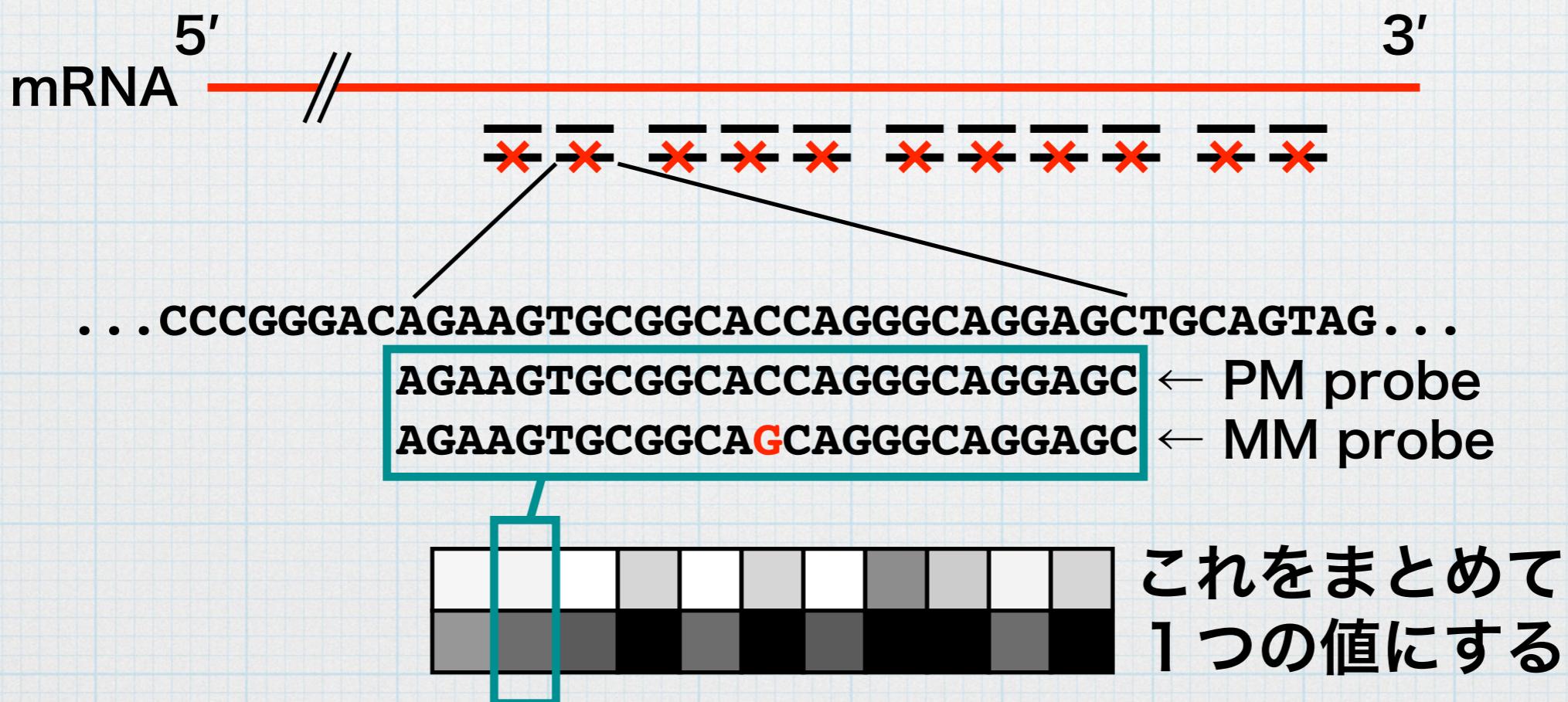
増幅遺伝子は何か？
予想されるバンドのサイズは？



※架空のデータです

マイクロアレイのプローブID

Affymetrix社GeneChipマイクロアレイ
1遺伝子につき25塩基 × 11箇所のプローブ
→ 「プローブセット」 例) 1552311_a_at



マイクロアレイのプローブID

統合遺伝子検索

[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)

[旧バージョン](#)

GGRNA

ver.2

1552311_a_at

検索

Zoo (All organisms in RefSeq)

▼

2016-08-04 14:02:09, GGRNA : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

Summary:

- [seq:TCTCCACAAACGTTTAAAATGTG \(3\)](#)
- [seq:GGGACACGGCAGTAAGCACAAGAAA \(16\)](#)
- [seq:GGCAGGAGCTGCAGTAGCTACCCTC \(21\)](#)
- [seq:CCATGGGATGGGACAGTCTGGCCA \(2\)](#)
- [seq:ATGTGCCGGTGTACTGGCACAC \(2\)](#)
- [seq:AGGTCACCCCATCTCTAGGCCAC \(2\)](#)
- [seq:AGATCACTCCCAGATCACCAAGGTCA \(2\)](#)
- [seq:AGAAGTGCAGCACAGGGCAGGAGC \(19\)](#)
- [seq:ACGGCAGTAAGCACAAGAAAGATT \(14\)](#)
- [seq:AATGTCACCGCACACCAGGCAGTGG \(3\)](#)
- [seq:AAAATGTGCCGGGTGTACTGGTGCA \(2\)](#)
- **INTERSECTION (2)**

Results:

検索語に色がつきます。重なると色が濃く表示されます。

[Homo sapiens retina and anterior neural fold homeobox 2 \(RAX2\), transcript variant 2, mRNA.](#) (2190 bp)

cagccgcatgcccagagactctgagcaaggaggctgcggggccgagaaccgcgtggactggcaagcacggctggcccagtgcagcaggagggggccctgagg**gcatggatggacagtctggc**
cagccacacctccggacagaagtgcggcaccaggcaggagctgcagtagtacccctccccgtctccagcctggctccccagatcactcccagatcaccaggtcacccatctctaggcggca
cctcacacaccagtccgtggtccaacgcggccatcaccaatgtcaccgcacaccaggcagtgggacacggcagtaagcacaagaaagatttttttaagctaaaccaggccaggtgcgggtgg
ctcatgcctgtaatcccagtgcggaggctgaggattgcttgagaccagcctgggtgacacagcaagacccat**ctccacaaaacgttttaaatgtgccgggtgtactggtgacacactgtc**
atcccaagactaccaagaagactgaggcaagaggatcacttgagcccagaaggtcgaggctcgaggagctgtgatcacactg...

position 1591 1633 1649 1697 1716 1782 1806 1811 1954 1971 1974

Synonym: ARMD6; CORD11; QRX; RAXL1

NM_032753.3 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

Homo sapiens retina and anterior neural fold homeobox 2 (RAX2), transcript variant 1, mRNA. (2429 bp)

統合遺伝子検索 GGRNA

- 遺伝子をGoogleのように検索
- 検索対象はRefSeqの転写産物
(mRNA, ncRNA)
- さまざまなキーワードに対応
- 塩基配列、アミノ酸配列も素早く検索
(とくに短い配列の検索が得意)

Naito & Bono, GGRNA: an ultrafast, transcript-oriented search engine for genes and transcripts.
Nucleic Acids Res. **40**, W592-6 (2012)

高速配列検索

げ げ げ
GGGenome → 検索

超絶高速ゲノム配列検索

[Help](#) | [English](#)

GGGenome



検索

Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)



許容するミスマッチ/ギャップの数 : (検索する塩基配列の長さの20%まで)

検索例 :

- [[TTCATTGACAACATT](#)] 塩基配列を検索
- [詳細な使い方](#)

検索結果へのリンク :

- [http://GGGenome.dbcls.jp/db/k/sequence\[.format\]\[.download\]](http://GGGenome.dbcls.jp/db/k/sequence[.format][.download])
 - db → hg19, mm10, rn5, galGal4, xenTro3, danRer7, ci2, dm3, ce10, TAIR10, rice, bmor1, refseq, ddbj。省略時は hg19
 - k → 許容するミスマッチ/ギャップの数。あまり大きいとしぼうする。省略時は 0
 - sequence → 塩基配列。大文字・小文字は区別しない
 - format → html, txt, json。省略時は html
 - download → URLの最後に付加すると検索結果をファイルとしてダウンロードできる
- 例1 : <http://GGGenome.dbcls.jp/TTCATTGACAACATT>
 - ヒトゲノム hg19 (省略可) で
 - ミスマッチ/ギャップを許容せず (省略可)
 - [TTCATTGACAACATT](#) を検索し
 - html 形式 (省略可) で結果を返す
- 例2 : <http://GGGenome.dbcls.jp/mm10/2/TTCATTGACAACATTGCGT.txt>
 - マウスゲノム mm10 で
 - 2 ミスマッチ/ギャップまで許容して
 - [TTCATTGACAACATTGCGT](#) を検索し
 - txt 形式 (タブ区切りテキスト) で結果を返す

新着情報 :

- 2013-10-02 TogoGenome from RefSeq 60 (Jul, 2013) に更新。

• 2013-09-20 RefSeq rel. 61 (Sep, 2013) に更新。

高速配列検索 GGGenome

超絶高速ゲノム配列検索

[Help](#) | [English](#)

GGGenome

TTCACTGACAACATTGAGTA

検索

Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

許容するミスマッチ/ギャップの数 : (検索する塩基配列の長さの20%まで)

2013-12-06 06:20:53, GGGenome : Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

Summary:

- [TTCACTGACAACATTGAGTA \(36\)](#)
- [TACTCAATGTTGTCAGTGAA \(33\)](#)

Results:

+鎖および-鎖それぞれ50件まで表示。検索語に色がつきます（ミスマッチ・挿入欠失）。

[chr1:77930953-77930971](#) ▼77930953
AGCAGTACTCAAGATCACCTTTTAAAGTTCACTG-CAACATT~~CAGTA~~GATGAAAAATGTGTAGCTGTAATTCAATTGA

[chr1:106947513-106947532](#) ▼106947513
TAGAAAACATACCAACATAAAGAACATCTTTCACTG~~CACAA~~-ATTGAGTATAAAATTAAACCCGTTGAAAGGGTCATTA

[chr2:30898313-30898332](#) ▼30898313
GCCCCCAGCCACTTATATGTATTTTAAATTTCACTGACAACATTGAGTAAGAAAGATAATTTTTTTTGAGACAG

[chr2:141517099-141517116](#) ▼141517099
TTTATTTCTTAAACACAGCCTTGATAAAATTCACTGAC-ACATTGAGT-TAGCCATAGTGTGTAATGGGAGACTGCCA

[chr2:163535086-163535103](#) ▼163535086
TGAGAAAGAGGACACCCTAAGAATTATGGCTTCACTGACAACATT-AG-A~~GA~~AACATATCAAACGAATATTCTGG

[chr2:186291305-186291324](#) ▼186291305
ATTATGAACAGAAAAAGCAAAGGTTACTTTCACTGAG~~CA~~ACATTGAG-ATAGAGTTGGACACTTAATTGTA

REST APIとは？(URLに注目)

- 検索結果とURLとが1対1対応
- テキスト形式やJSON形式でも出力

GGRNA REST API

`http://GGRNA.dbcls.jp/spe/query+string[.format][.download]`

GGGenome REST API

`http://GGGenome.dbcls.jp/db/k/sequence[.format][.download]`

GGGenome REST API

← → C gggenome.dbcls.jp/hg19/2/TTCACTGACAACATTGAGTA.html ⭐ 🌐 📧 🗃 🎯 🏷

超絶高速ゲノム配列検索 [Help](#) | [English](#)

GGGenome

TTCACTGACAACATTGAGTA Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

許容するミスマッチ/ギャップの数 : (検索する塩基配列の長さの20%まで)

2013-12-06 07:36:41, GGGenome : Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

Summary:

- [TTCACTGACAACATTGAGTA \(36\)](#)
- [TACTCAATGTTGTCAGTGAA \(33\)](#)

Results:

+鎖および-鎖それぞれ50件まで表示。検索語に色がつきます（ミスマッチ・挿入欠失）。

[chr1:77930953-77930971](#) ▼77930953
AGCAGTACTCAAGATCACCTTTTTAAAG **TTCACTG-CAACATT****CAGTA**GATGAAAAATGTGTAGCTGTAATTCAATTGA

[chr1:106947513-106947532](#) ▼106947513
TAGAAAACATACCAACATAAAGAAGCAATCT **TTCACTG****CACAA-ATTGAGT**AATAAAATTAAACCCGTTGAAAGGGTCATTA

[chr2:30898313-30898332](#) ▼30898313
GCCCCCAGCCACTTATATGTATTTTAAAT **TTCACTGACAACATT****GAGTA**GAAAAGATAATTTTTTTTGAGACAG

[chr2:141517099-141517116](#) ▼141517099
TTTATTTCTTAACACAGCCTTGATAAA **TTCACTGAC-ACATT****GAGT-TAGCC**ATAGTGTGTAATGGGAGACTGCCA

[chr2:163535086-163535103](#) ▼163535086
TGAGAAAGAGGACACCCTAACGATTGGC **TTCACTGACAACATT-AG-AGAAC**CATATCAAACGAATATTCTGG

表計算ソフトでGGGenome

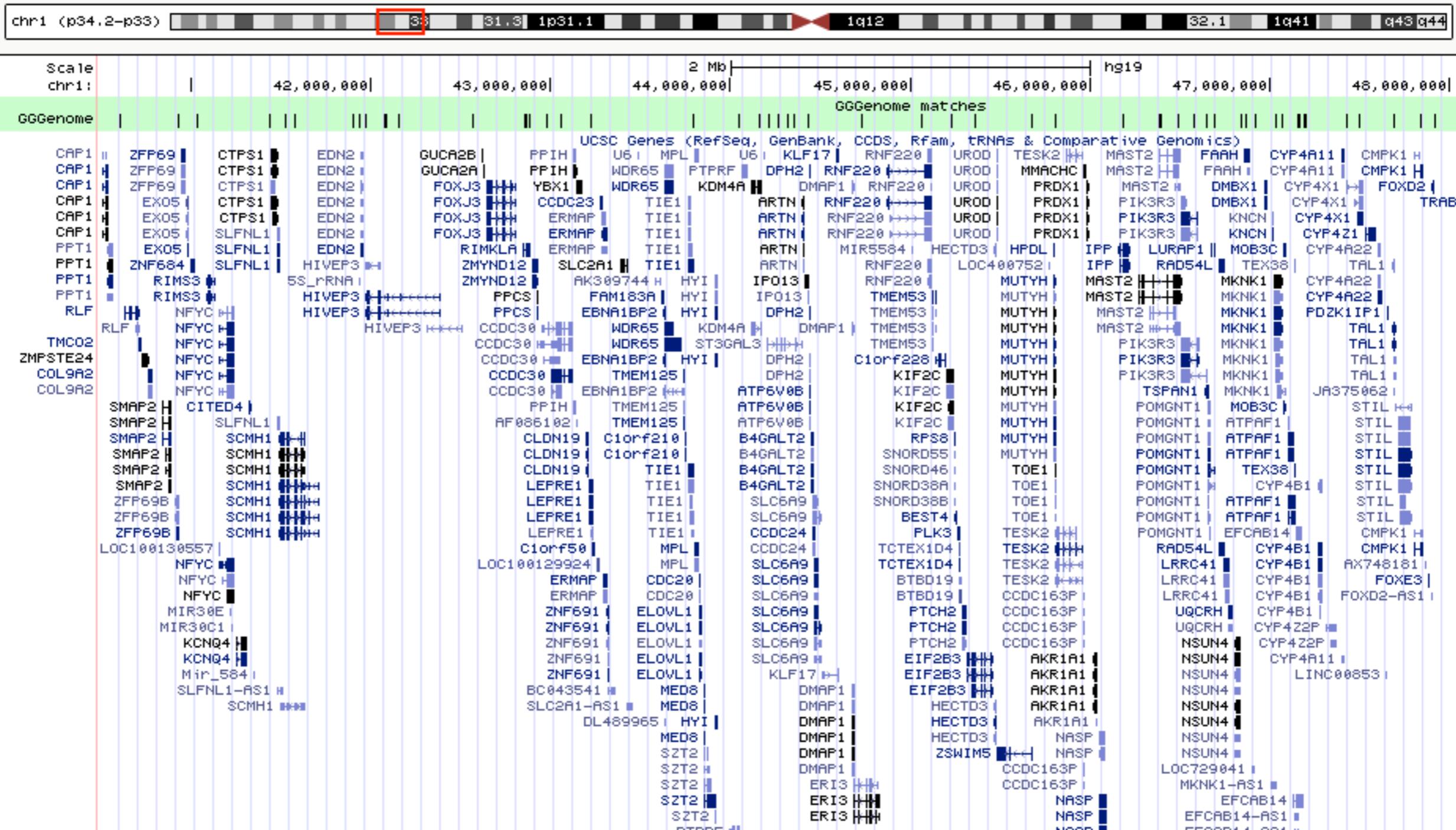
ヒットをゲノムブラウザ上に表示

UCSC Genome Browser on Human Feb. 2009 (GRCh37/hg19) Assembly

move <<< << < > >> >>> zoom in 1.5x 3x 10x base zoom out 1.5x 3x 10x 100x

chr1:40,500,001-49,500,000 9,000,000 bp. enter position, gene symbol or search terms

go

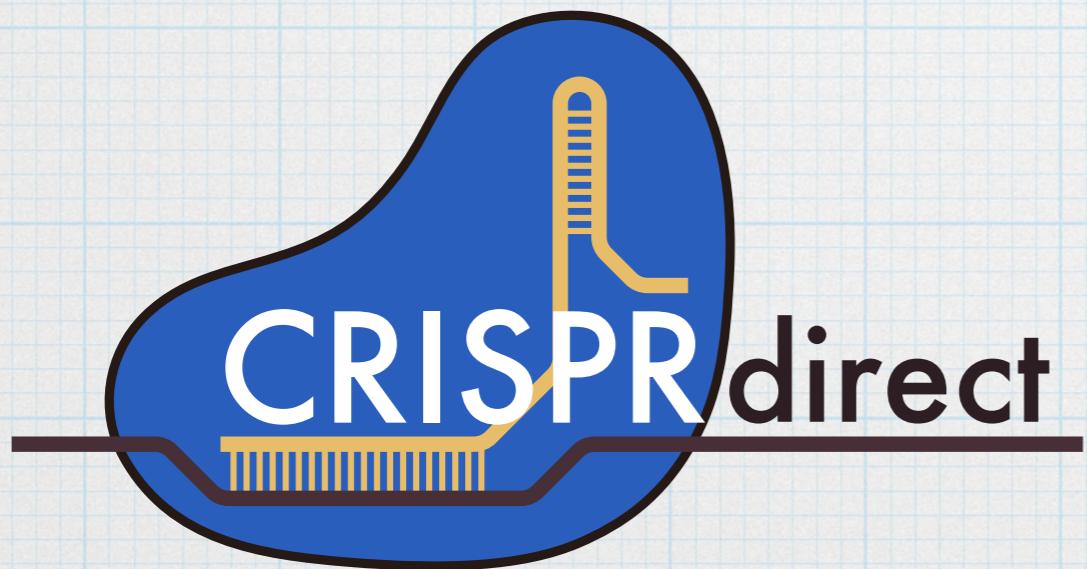


高速配列検索 ^{げ げ げ} GGGenome

- 塩基配列の検索に特化
(1kb 以下、短い配列が得意)
- 約200種のゲノムおよび転写産物
- ミスマッチ・ギャップに対応
- REST API が便利
R, Ruby, Galaxy でゲノム検索

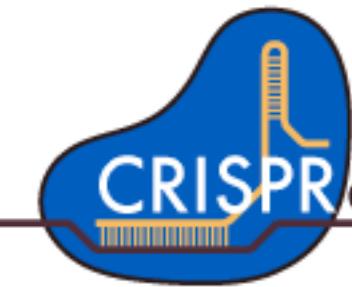
CRISPRターゲット配列設計

- NGGに隣接する20塩基を選択
 - オフターゲットの少ない配列を選択
- CRISPRdirect を公開



Naito, Hino, Bono & Ui-Tei,
CRISPRdirect: software for designing CRISPR/
Cas guide RNA with reduced off-target sites.
Bioinformatics, 31, 1120-1123 (2015)

CRISPRdirect



— Rational design of CRISPR/Cas target. [Help](#)

Enter an accession number (e.g. NM_006299) or genome location (e.g.

[retrieve sequence](#)

or Paste a nucleotide sequence: [?](#)

```
>sample sequence  
atgccgcgcgtcgccgaccagagaaggcaagtgcgagaacgaggagtttttaggaag  
ctgagccgcgagtgtgagattaagtacacgggcttcagggaccggccccacgaggaacgc  
caggcacgcttccagaacgcctgcccgcacggccgctcgaaatcgcttttgccaca  
ggaaccatctgtctccatgttttccggccagctggcagggagaacagcgacaaaaca  
cctagccgagagtatgtcgacttagaaagagaaggcaggcaaggatatttgaaggctccc  
atgattctgaatggagtctgtgttatctggaaaggctggattgtctccaaagactggat  
ggtatggctgtggagttgtatggaggcggcccgaggatgcattgcacaa  
caggcctttaaaggaggctcgagaaaggacacgcgaatttgaagatagagacaggctcat  
cgggaggaaatggaggcaagaagacaacaagaccctagtccgtttccaattttaggttgt  
ggtagatgacctaacttcgttaa
```

or upload sequence file: [?](#) [ファイルを選択](#) 選択されていません

PAM sequence requirement: [NGG](#) (e.g. NGG, NRG) [?](#)

Specificity check: [Human \(Homo sapiens\) genome, GRCh37/hg19 \(Feb, 2009\)](#) [?](#)

[design](#)

ヒト (hs)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	マウス (mm)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	ラット (rn)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	ニワトリ (gg)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>
ツメガエル (xt)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	ゼブラフィッシュ (dr)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	ホヤ (ci)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	ショウジョウバエ (dm)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>
線虫 (ce)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	シロイヌナズナ (at)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	イネ (os)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	
出芽酵母 (sc)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>	分裂酵母 (sp)  <small>TOAD PICTURE GALLERY</small>		

200種以上に対応

CRISPRdirect

show **highly specific** target only

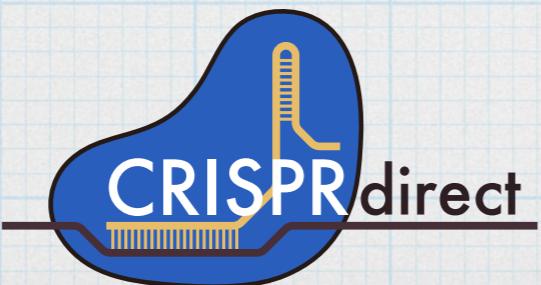
Show 50 entries

Search:

position		target sequence	sequence information			number of target sites <small>?</small>		
start - end	▲ + - ▼	20mer+PAM (total 23mer)	GC% of 20mer	Tm of 20mer	TTTT in 20mer	20mer +PAM	12mer +PAM	8mer +PAM
4 - 26	-	ccg cgcgtcggtccccgaccagag [gRNA]	75.00 %	82.34 °C	-	1 [detail]	3 [detail]	103 [detail]
16 - 38	-	ccc gaccagagaaggcaagttcga [gRNA]	50.00 %	71.17 °C	-	1 [detail]	26 [detail]	4354 [detail]
17 - 39	-	ccg accagagaaggcaagttcgag [gRNA]	50.00 %	71.53 °C	-	1 [detail]	32 [detail]	5910 [detail]
21 - 43	-	cca gagaaggcaagttcgagaacg [gRNA]	50.00 %	69.25 °C	-	1 [detail]	24 [detail]	8744 [detail]
24 - 46	+	gagaaggcaagttcgagaacg agg [gRNA]	50.00 %	69.25 °C	-	1 [detail]	2 [detail]	306 [detail]
35 - 57	+	tcgagaacgaggagttttt agg [gRNA]	40.00 %	66.49 °C	+	1 [detail]	25 [detail]	9901 [detail]
66 - 88	-	ccg cgagtgtgagattaagtaca [gRNA]	40.00 %	65.70 °C	-	0 [detail]	3 [detail]	1097 [detail]
69 - 91	+	cgagtgtgagattaagtaca cgg [gRNA]	40.00 %	65.70 °C	-	0 [detail]	26 [detail]	3790 [detail]
70 - 92	+	gagtgtgagattaagtacac ggg [gRNA]	40.00 %	65.27 °C	-	0 [detail]	3 [detail]	3604 [detail]
77 - 99	+	agattaagtacacgggcttc agg [gRNA]	45.00 %	70.40 °C	-	1 [detail]	6 [detail]	1306 [detail]
78 - 100	+	gattaagtacacgggcttca ggg [gRNA]	45.00 %	70.01 °C	-	1 [detail]	9 [detail]	6616 [detail]
83 - 105	+	agtacacgggcttcagggac cgg [gRNA]	60.00 %	78.32 °C	-	1 [detail]	63 [detail]	6397 [detail]
93 - 115	+	cttcagggaccggccccacg agg [gRNA]	75.00 %	84.21 °C	-	1 [detail]	7 [detail]	2568 [detail]
102 - 124	+	ccggccccacgaggaacgcc agg [gRNA]	80.00 %	86.67 °C	-	1 [detail]	1 [detail]	1244 [detail]
102 - 124	-	ccg gccccacgaggaacgccagg [gRNA]	75.00 %	84.31 °C	-	1 [detail]	19 [detail]	3777 [detail]
106 - 128	-	ccc cacgaggaacgccaggcacg [gRNA]	70.00 %	80.55 °C	-	1 [detail]	1 [detail]	1098 [detail]
107 - 129	-	ccc acgaggaacgccaggcacgc [gRNA]	70.00 %	82.51 °C	-	1 [detail]	2 [detail]	1116 [detail]
108 - 130	-	cca cgaggaacgccaggcacgc [gRNA]	70.00 %	82.52 °C	-	1 [detail]	2 [detail]	1011 [detail]
120 - 142	-	cca ggcacgcctccagaacgcct [gRNA]	65.00 %	80.61 °C	-	1 [detail]	6 [detail]	1510 [detail]
130 - 152	+	tccagaacgcctgccgcga cgg [gRNA]	65.00 %	80.58 °C	-	1 [detail]	4 [detail]	289 [detail]
132 - 154	-	cca gaacgcctgccgcacggcc [gRNA]	80.00 %	86.25 °C	-	1 [detail]	2 [detail]	937 [detail]
138 - 160	+	cgcctgccgcacggccgct cgg [gRNA]	85.00 %	90.21 °C	-	1 [detail]	5 [detail]	815 [detail]
140 - 162	-	cct gccgcacggccgctcgaa [gRNA]	80.00 %	86.71 °C	-	1 [detail]	1 [detail]	1044 [detail]
144 - 166	-	ccg cgacggccgctcgaaaatcg [gRNA]	70.00 %	79.76 °C	-	1 [detail]	16 [detail]	628 [detail]
153 - 175	+	ccgctcgaaaatcgcttttg tgg [gRNA]	55.00 %	72.84 °C	+	0 [detail]	7 [detail]	801 [detail]
153 - 175	-	ccg ctcgaaaatcgctttgtgg [gRNA]	50.00 %	70.06 °C	-	0 [detail]	1 [detail]	805 [detail]
160 - 182	+	aaaaatcaactttataaccac agg [gRNA]	50.00 %	71.37 °C	+	0 [detail]	37 [detail]	7499 [detail]

CRISPRdirect

- NGGに隣接する20塩基を選択
- ゲノムのほかの領域とは塩基配列が一致せず、標的とする部位とだけ完全一致する配列を選択
- とくにPAM近傍の12merまたは8merの特異性を重視



Naito, Hino, Bono & Ui-Tei,
CRISPRdirect: software for designing CRISPR/
Cas guide RNA with reduced off-target sites.
Bioinformatics, 31, 1120-1123 (2015)

One more thing ...

テキスト比較ツール diff《デュフ》ver.6

“下の枠に比較したい文章を入れてください。差分 (diff) を表示します”

■ diff《デュフ》とは? → DEMO

■ 開発の経緯

- ・論文執筆（推敲）を効率化したい
- ・とくに共著者の修正をすばやく確認したい
- ・（はじめての）ウェブツールを書いてみたい

■ diff《デュフ》のしくみ

- ・UNIXのdiffコマンドを利用

テキスト比較ツール **diff** 《デ ュフ》 ver.6

“下の枠に比較したい文章を入れてください。差分 (diff) を表示します”

■ **diff** 《デ ュフ》 のしくみ

- UNIXの**diff**コマンド（行ごとに比較）を利用

I|S| this| |a| pen?|!|?|?|!

- 改行を挿入 → **diff**コマンド
- ただし一時ファイルは作成しない
- クエリのログも取らない

テキスト比較ツール diff《デュフ》ver.6

“下の枠に比較したい文章を入れてください。差分(diff)を表示します”

■ なんで《デュフ》と読むの？

- diff file → diff (ディフ・エフ) → デュフw

Hiromasa ONO
@h_ono

しかし、めそさんのデュフは役に立つなあ

返信 リツイート済み ★ お気に入り ... その他

4 リツイート 9 お気に入り

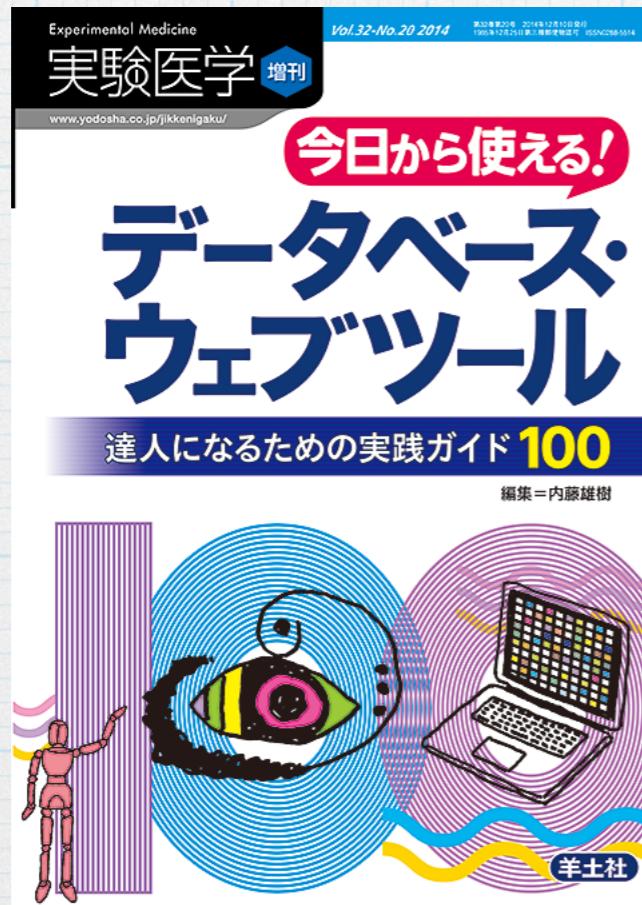
17:39 - 2012年4月10日

テキスト比較ツール diff《デュフ》ver.6

“下の枠に比較したい文章を入れてください。差分 (diff) を表示します”

■ diff《デュフ》の便利機能

- ・文字数・単語数のカウント
- ・モノクロ印刷モード
- ・ひとつのHTMLに保存。再開も可能
- ・結果を公開（3日間限定）



おまけ：

生命科学研究を支える
便利なデータベースやツール
約100個を簡潔に紹介

内藤雄樹／編 実験医学増刊号（羊土社）
今日から使える！ データベース・ウェブ
ツール 達人になるための実践ガイド100

ありがとうございました