

2023年度「生化学」

生化学研究のための
データベース・ソフトウェア

2023年 5月10日

東京医科歯科大学 大学院医歯学総合研究科

システム発生・再生医学分野

内藤雄樹

自己紹介

● 内藤 雄樹 (ないとう ゆうき)

東京医科歯科大学 (2023/4～)



ライフサイエンス統合データベースセンター (~2023/3)

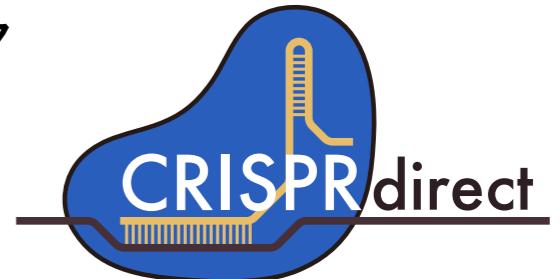
(もともと東大理・生化のウェットラボ出身)

siDirect : siRNA設計ソフトウェア



siDirect version 2.0

CRISPRdirect : CRISPR設計ソフトウェア



GGGenome : 塩基配列検索ソフトウェア

など、生命科学研究の現場で役立つデータベースや
ウェブツールを開発・公開。

- DNAやアミノ酸の配列
 - GenBank/ENA/DDBJ, RefSeq, …
 - タンパク質の立体構造 – PDB
 - 遺伝子発現 – GEO, ArrayExpress
 - パスウェイ – KEGG, Reactome
 - 遺伝病 – OMIM
 - 文献 – PubMed
- ……など多岐にわたる

科学において、データは共有されるべきもの

- **再現性** → 現象が真理か？
- **透明性** → データそのものが間違っていないか？
- **再利用** → 異なる視点からの解析
- **技術開発** → 例) 機械学習, AI等の技術の開発
- **公的研究費によるデータの公開**

データベースを探すためのデータベース

4

- 生命科学系データベースを一覧から探す -

English



Integbioデータベースカタログ

全条件をリセット

データベースのレコード一覧 (件数: 50)

並べ替え: レコード公開順 ▾

メニュー

- ホーム
- 本カタログについて
- 更新履歴
- データベース関係マップ
- ダウンロード
- ご利用にあたって
- 類似サイトリンク集

新着情報

- 2022/11/18: 1件のレコードを追加しました。
2022/10/27: 1件のレコードを追加しました。
2022/09/14: 2件のレコードを追加しました。
2022/05/11: 2020 NAR database issueを基に1件のレコードを追加しました。
2022/04/28: 3件のレコードを追加しました。

本カタログの使い方



統合TVにて解説動画が公開

一覧内を検索する

一覧を絞り込む

生物種

+ 動物 (9)

+ 植物 (2)

+ 原生生物 (1)

+ 菌類 (2)

+ 真正細菌 (9)

古細菌 (4)

ウイルス (33)

タグ<対象>

ゲノム/遺伝子 (29)

cDNA/EST (4)

遺伝的多様性 (3)

+ 続きを見る

タグ<データの種類>

表現型 (2)

バイオリソース (4)

手法 (4)

+ 続きを見る

稼動状況

稼動中

休止



VISDB: Viral Integration Site DataBase

運用機関: University of Texas Health Science Center at Houston (UTHealth)

生物種: Hepatitis B virus | Human papillomavirus | Human gammaherpesvirus 4 | Adeno-associated virus - 2 | Human immunodeficiency virus | ...

説明: ヒトゲノムに組み込まれたウイルスの統合位置と関連情報のデータベースです。5つのDNA腫瘍ウイルス(HBV、HPV、EBV、MCV、AAV2)と4つのRNAレトロウイルス(HIV、MLV、HTLV、XMRV) ... [詳細へ](#)

一括ダウンロード可



SEAwеб: Small RNA Expression Atlas

運用機関: ZMNH Institute of Medical Systems Biology

生物種: Homo sapiens | Bos taurus | Mus musculus | Rattus norvegicus | Caenorhabditis elegans | ...

説明: 低分子RNA(miRNA、piRNA、snoRNA、snRNA、siRNA)に関するデータベースです。多くの疾患データセットや高品質の予測miRNAを含む公開されたデータをOasis2で再分析したsRNA発現情報を収録... [詳細へ](#)



PADS Arsenal: Prokaryotic Antiviral Defense System Arsenal

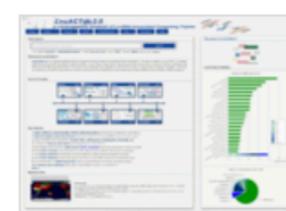
運用機関: National Genomics Data Center, Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences

生物種: Bacteria | Archaea

説明: 原核生物の18種類の抗ウイルス防御機構に関する遺伝子のデータベースです。

30000種以上の原核生物の系統ごとに、Assembly accession、各防御機構に関する遺伝子の数、それらのGene symbol... [詳細へ](#)

一括ダウンロード可



LncACTdb 3.0

運用機関: College of Bioinformatics Science and Technology, Harbin Medical University

生物種: all

説明: ceRNAs (competing endogenous RNAs) の相互作用のデータベースです。手動でキュレート、もしくは予測されたceRNAsについて、ceRNAとなるRNAと、これらと結合するmiRNAの情報、由来生物種や... [詳細へ](#)

一括ダウンロード可



pEVE: predicted endogenous viral elements in eukaryotic genomes

運用機関: 東海大学 医学部

一括ダウンロード可

データベースやツールの紹介動画 (統合TV)

5



生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル

[はじめての方へ](#)[再生数ランキング](#)[お問い合わせ・番組をリクエスト](#)

『統合TV』は、生命科学分野の有用なデータベースやツールの使い方を動画で紹介するウェブサイトです。

目的別に検索

[講習会 実習資料 \(AJACS\)](#)[ゲノム・核酸 配列解析](#)[タンパク質 配列・構造解析](#)[発現制御解析・可視化](#)[文献・辞書・プログラミング](#)[著名データベース](#)[その他講演・講習会](#)[自由に使える画像を探す](#)

関連するタグから検索

[ゲノム \(363\)](#)[遺伝子 \(539\)](#)[タンパク質 \(251\)](#)[配列解析 \(287\)](#)[発現解析 \(416\)](#)[NGS \(302\)](#)

Q 全番組のリストから、調べたいDBやウェブツールに関するキーワードで検索！ (全 20 件)

番組のタイトルや画像をクリックすると番組の再生ページへ移動します。[番組リクエストやお問い合わせはこちらからどうぞ！](#)

[表示件数を選ぶ](#)

SNP



jMorpを使って代謝物の血中濃度とSNPの関係や変異部位の立体構造を調べる

jMorp: Japanese Multi Omics Reference Panel (日本人多層オミックス参照パネル) は、ToMMo (東北メディカル・メガバンク機構)が作成、運用しているデータベースで、大規模な人数の血漿中の代謝物を調べるメタボローム解析や、タンパク質を調べるプロテオーム解析を行った結果を総合し、各代謝物やタンパク質の分布や頻度情報などがまとめられています。 (原著論文: jMorp: Japanese Multi Omics Reference Panel) また、数千人分の全ゲノム解析によって得られたSNVの位置とアレル頻度情報をまとめたデータベース (全ゲノムリファレンスパネル) も利用することができます。

TOGO TV

jMorpを使って
代謝物の血中濃度とSNPの関係や
変異部位の立体構造を調べる

200414版

DBCLS

NCBI dbSNPとPubMed・OMIMを連携させて遺伝子の多型情報を調べる

NCBI dbSNPは、NCBIが管理・運営しているヒトの一塩基多型 (single nucleotide polymorphism: SNP)に関するデータベースです。今回は、基本的な検索例と

TOGO TV

- 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

● NCBI トップページ

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 Variation

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 Protein Clusters PubChem BioAssay PubChem Compound

Welcome to NCBI

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

NCBI | Mission | Organization | NCBI News | Blog

Submit Download Learn

Transfer NCBI data to your computer

Find help documents, attend a class or watch a tutorial

Analyze Research

Identify an NCBI tool for your data analysis task

Explore NCBI research and collaborative projects

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

As originally announced on June 10, NCBI will be moving all web services to

Search

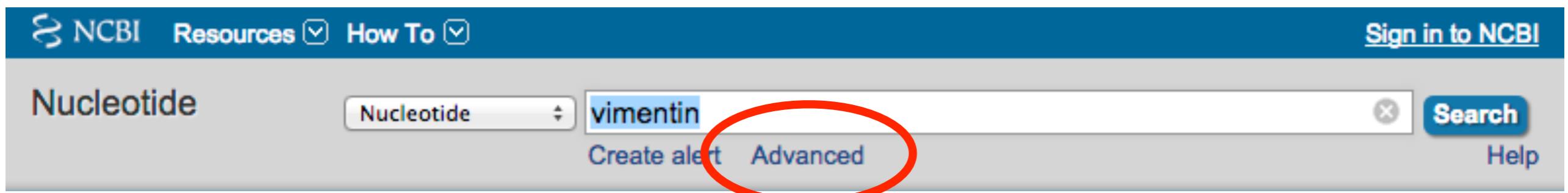
- 検索窓にキーワードを追加していく

... AND “*Bombyx mori*”[Organism]

... AND AGO1 [Gene Name]

... AND patent[Title]

- または、Advanced searchに行く



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

- GenBank/ENA/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
俗にGenBankのAccession番号と呼ばれることがあるが、正確でない。
- A12345 や AB123456 の形をしている
参考：アルファベットの割り当て
→ DDBJ の Prefix Letter List
- 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。

- 国際塩基配列データベースに登録された配列をもとに 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 の形式をしている
実用上はAccession番号の一種として扱うことができる。

- 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 Argonaute 1	AGO1	26523
ショウジョウバエ Argonaute 1	AGO1	36544
カイコ Argonaute 1	Ago1	100124421
シロイヌナズナ Argonaute 1	AGO1	841262

- Symbolは慣用名と一致しないこともある（ヒトp53→TP53）
- 別の生物種で同一のSymbolがついていることもある
- Gene IDは生物種と遺伝子を特定できる

ヒト Chr22 (q11)

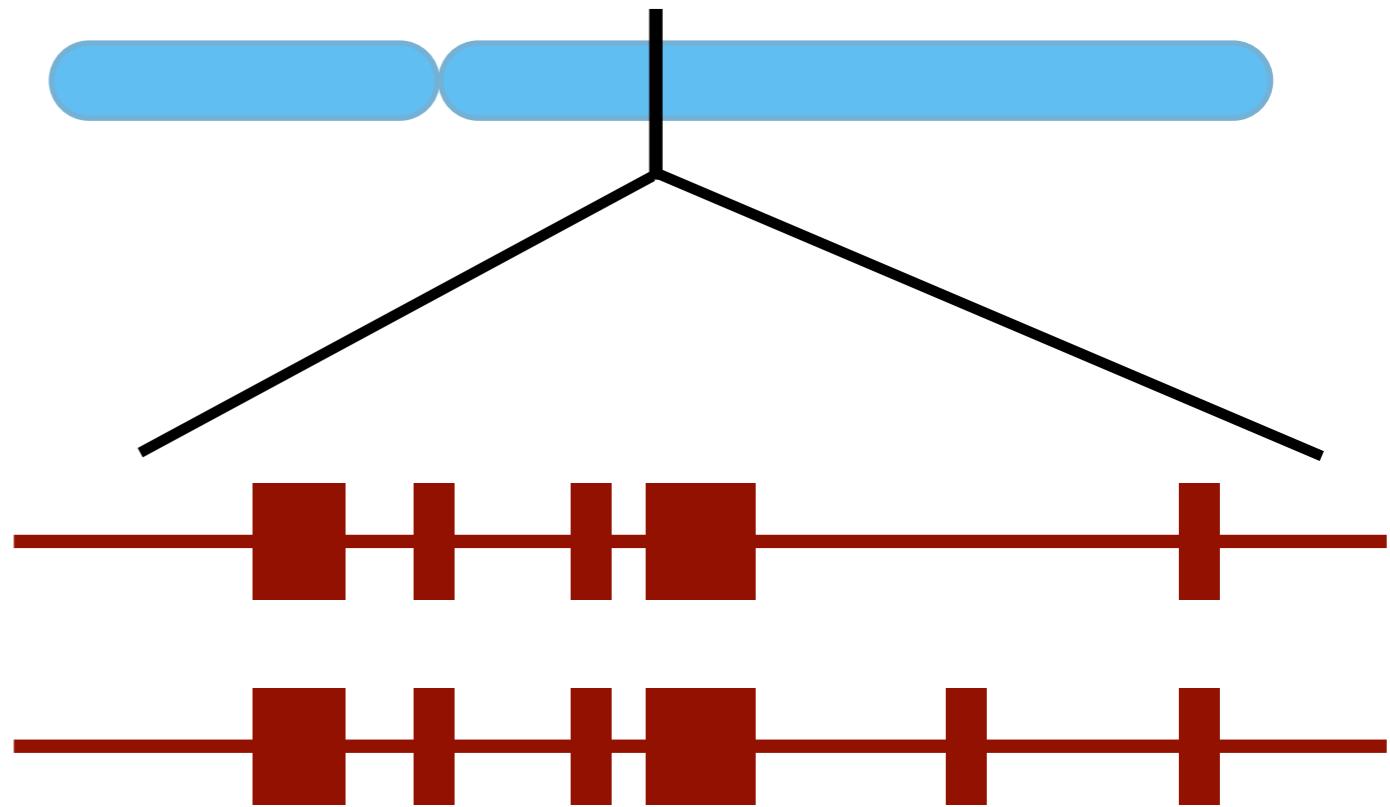
RefSeq ID:

NM_001190326

NM_022720

transcriptごと

(塩基配列ごと)



Symbol: DGCR8

Gene ID: 54487

遺伝子 (locus) ごと

- **BLAST** (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>)
最も有名な塩基配列検索ツール
- **BLAT** (<https://genome.ucsc.edu/> → Tools / Blat へ)
完全一致に近い配列をBLASTよりも高速に検索
ゲノムを検索（インtronが抜けた配列でもうまく検索）

- 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

遺伝子をGoogleのように探せれば....

16

Google 検索結果

月が綺麗ですね

すべて 画像 ショッピング 動画 ニュース もっと見る 設定 ツール

約 12,800,000 件 (0.30 秒)

月が綺麗ですねの意味や返しとは?死んでもいいわ以外の返事や断る時は?
<https://ikedanaoya.com> › 恋愛 ▾
月が綺麗ですね』という一見、何の変哲もない短い表現は、. ここ最近ドラマなどでよく取り上げられたこともあり、. 裏に隠された意味をご存知の方も少なくないかもしれませんね。ロマンチックな雰囲気が漂う静かな夜に、ちょっと気になる相手と一緒に夜空に ...

「月が綺麗ですね(夏目漱石)」、「死んでもいいわ(二葉亭四迷)」について
<https://www.rikaboo.com> › 雑記 ▾
2017/08/16 - 暫にいる彼が、満月を見上げて「月が綺麗ですね」なんて言い出したらドキッとする?キュンとしたら「死んでもいいわ」って答えちゃう? こんにちは。りかです。今日は、都市伝説のように広がる、二つのことを調べてみました。「愛している」 ...

「月が綺麗ですね」に隠された意味とは? うまい返し方も | 恋学[Koi-Ga...]
<https://koigaku.machicon.jp> › 恋愛, 片思い, 告白 ▾
2017/12/14 - 男性と二人っきりで夜の町を歩いていて、「月が綺麗ですね」と言わされたら、どうしますか? 「ああ、たしかに綺麗ですよね」と普通に返す、「えっ、突然何言っちゃってんですかw」とちょっと引き気味に返す.....。 実はこの「月が綺麗ですね」には ...

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】
<https://dic.pixiv.net> › ... › 経済, 働く, 職業, 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。夏目漱石による訳と言われる(俗説で信憑性は低い)。通説 小説家・夏目漱石が英語教師をしていたとき、生徒が "I love you" の一文を「我君を愛す>愛する」と訳したのを聞き、「日本人は ...

こちらの検索結果です
月が綺麗ですね (漫画)
『月が綺麗ですね』は、伊藤ハチによる日本の漫画作品。『...

ググる

統合遺伝子検索 GGRNA (ぐぐるな)

17

統合遺伝子検索
GGRNA ver.2

Help | Advanced search | English | 旧バージョン

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
- 「caagaagagattg」 塩基配列を検索
- 「comp:caagaagagattg」 相補鎖を検索
- 「iub:aggcannrtgacct」 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  **GGGenome** 《ゲゲゲノム》へ
 - ヒトゲノムの検索例: <https://GGGenome.dbcls.jp/TTCATTGACAACATT>

新着情報

- 2023-03-30 GGRNAの新しいロゴを公開。
- 2023-03-30 データベースをRefSeq rel. 216 (Jan, 2023) 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。
- 2012-05-29 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



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

[旧バージョン](#)

nanog

検索

Homo sapiens (human)

2023-04-21 17:54:06, GGRNA : RefSeq release 216 (Jan, 2023)

Summary:

- [nanog_\(89\)](#)
- **INTERSECTION (89)**

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 homeobox retrogene P8 \(NANOGP8\), mRNA.](#) (1886 bp)

LOCUS NM_001355281 1886 bp mRNA linear PRI 27-DEC-2022 DEFINITION Homo sapiens **Nanog** homeobox retrogene P8 (**NANOGP8**), mRNA. ACCESSION NM_001355281 VERSION NM_001355281.2 KEYWORDS RefSeq; MANE Select. SOURCE Homo sapiens (human) ORGANISM Homo sapiens Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo. REFERENCE COMMENT VALIDATED REFSEQ: This record has undergone validation or preliminary review. The reference sequence was derived from AC021231.8. On Dec 2, 2019 this sequence version replaced...

Synonym: **NANOGP1**; PN8

[NM_001355281.2 - Homo sapiens \(human\)](#) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

[Homo sapiens Nanog homeobox \(NANOG\), transcript variant 1, mRNA.](#) (5182 bp)

LOCUS NM_024865 5182 bp mRNA linear PRI 01-JAN-2023 DEFINITION Homo sapiens **Nanog** homeobox (**NANOG**), transcript variant 1, mRNA. ACCESSION NM_024865 VERSION NM_024865.4 KEYWORDS RefSeq; MANE Select. 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, AK290896.1, AC006517.46 and AI656990.1. On Nov 22, 2018 this...

[NM_024865.4 - Homo sapiens \(human\)](#) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

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

LOCUS NM_001145465 907 bp mRNA linear PRI 16-DEC-2022 DEFINITION Homo sapiens **NANOG** neighbor homeobox (**NANOGNB**), mRNA. ACCESSION NM_001145465 XR_040558 XR_040559 XR_040560 VERSION NM_001145465.1 KEYWORDS RefSeq; MANE Select. SOURCE Homo sapiens (human) ORGANISM Homo sapiens Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo. REFERENCE COMMENT VALIDATED REFSEQ: This record has undergone validation or preliminary review. The reference sequence was derived from AY151139.1. On or before Mar...

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

遺伝子名を検索



[Home](#) | [Help](#) | [Advanced search](#) [Previous release \(v1\)](#)

2023-04-21 17:54:12, GGRNA.v2 : RefSeq release 216 (Jan, 2023)

LOCUS NM_001355281 1886 bp mRNA linear PRI 27-DEC-2022
DEFINITION Homo sapiens **Nanog** homeobox retrogene P8 (**NANOGP8**), mRNA.
ACCESSION NM_001355281
VERSION NM_001355281.2
KEYWORDS RefSeq; MANE Select.
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 1886)
AUTHORS Thakur H and Mattoo AR.
TITLE A Restriction Endonuclease-Based Assay to Distinguish **NANOGP8**
 Retrogene from Parental **NANOG** 
JOURNAL Methods Mol Biol 2324, 255-262 (2021)
PUBMED 34165720
REMARK GeneRIF: A Restriction Endonuclease-Based Assay to Distinguish
NANOGP8 Retrogene from Parental **NANOG**.
REFERENCE 2 (bases 1 to 1886)
AUTHORS Ma X, Wang B, Wang X, Luo Y and Fan W.
TITLE **NANOGP8** is the key regulator of stemness, EMT, Wnt pathway,
 chemoresistance, and other malignant phenotypes in gastric cancer
 cells
JOURNAL PLoS One 13 (4), e0192436 (2018)
PUBMED 29689047
REMARK GeneRIF: **NANOGP8** is the main regulator of gastric cancer stem
 cells. **NANOGP8** is correlated with cell proliferation, migration,
 invasion, clonogenic capacity, beta-catenin accumulation in
 nucleus, and chemoresistance in gastric cancer.
 Publication Status: Online-Only
REFERENCE 3 (bases 1 to 1886)
AUTHORS Wang R, Bhattacharya R, Ye X, Fan F, Boulbes DR, Xia L and Ellis
 LM.
TITLE Endothelial cells activate the cancer stem cell-associated **NANOGP8**
 pathway in colorectal cancer cells in a paracrine fashion

Accession番号を検索

統合遺伝子検索
GGRNA ver.2

Help | Advanced search | English | 旧バージョン

NM_003380

Homo sapiens (human)

2023-04-21 18:13:36, GGRNA : RefSeq release 216 (Jan, 2023)

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. (2154 bp)

LOCUS **NM_003380** 2154 bp mRNA linear PRI 25-DEC-2022 DEFINITION Homo sapiens vimentin (VIM), mRNA. ACCESSION **NM_003380** VERSION **NM_003380**.5 KEYWORDS RefSeq; MANE Select. 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 DA980400.1, BQ050765.1 and BC000163.2. This sequence is a reference standard in the RefSeqGene project. On...

NM_003380.5 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx\(expression\)](#)

« « | ページ / 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](#)

Debug Info:

塩基配列を検索

統合遺伝子検索
GGRNA ver.2

Help | Advanced search | English | 旧バージョン

caagaagagattgcc 検索 Homo sapiens (human)

2023-04-21 18:13:52, GGRNA : RefSeq release 216 (Jan, 2023)

Summary:

- [seq:caagaagagattgcc \(2\)](#)
- **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 vimentin (VIM), mRNA. (2154 bp)

tcctgctggccgagctcgagcagctcaaggccaaggcaagtgcgcctggggacctctacgaggaggatgcggagctgcgcggcaggtggaccagctaaccacgacaagccgcgtcgagggtggagcgc
gacaacctggccgaggacatcatgcgcctccggagaaattgcaggaggatgcttcagagagaggaagccaaaacaccctgcaatttcagacaggatgttacaatgcgtctggcacgttgcacccgc
aaagtggaatcttg**caagaagagattgcc**ttttgaagaaactccacgaagagaaaaatccaggagctgcaggctcagattcaggaacacgatgtccaaatcgatgtggatttccaagcctgacctcaggctgc
cgtgacgtacgtcagcaatataatgatgtggctgccaagaacctgcaggaggcagaagaatgttacaatccaagttgtgacctctgtgaggctgccaaccgaaacaatgacgcctgcgcaggcaa
cactgagtaccggagacaggtgcagtccctcacctgtgaag...

position 1113

[NM_003380.5 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

Homo sapiens dedicator of cytokinesis 5 (DOCK5), transcript variant 1, mRNA. (10246 bp)

aaggctcggaaagtctggcatccctacttccgagcctggatcccagtaaggatcttgcctccctgcaacaccgagtcgccttagacagactgcgtgcctgagaactggcctccagccgtgtcctcattccatggggctccctgctga
ctgcatttcgtatctggatgttaccagccaaaaccagtcatgttccaaaagcttctttgatagaatttgaggccatgccacccctccatgtccacatggaaattccagaatcagtacagcctctgattttc**ca**
agaagagattgccttcaccattgttaatgtcagcctgtacggcagagacatgtggctgcacaagcctggacaagttccatattgtatggtagcaaccctgtaatctactccttggaaaggattttgcttgatgtatcccttgaggaa
aaaagctgtgcttgagacttaggtactttctcacgtggacacactgtcccatccatattgtcatttggaaagagatggatcaagttgttagctgaaataatcatatcttctgtatgttatcccttgaggaa
aagaacacac...

position 6079

[NM_024940.8 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

 統合遺伝子検索
GGRNA ver.2

TOME PICTURE GALLERY

Help | Advanced search | English | 旧バージョン

caagaagagatt

Homo sapiens (human)

Summary:

- seq:caagaagagatt (162)
 - **INTERSECTION (162)**

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 long intergenic non-protein coding RNA 2136 (LINC02136), long non-coding RNA. (529 bp)

gcagccccttgcactcgcgaggatctacgcaagggtcgggcttcgcaggcagcgttgcgcacacccgggatgtgggaagggtcgcttgcgccactgagcggcctggcctcagg
gaacgagccccgcgcggaaagaaagactgcctgcggagcgcagcattgggacccggagccaccgcggctaccaagaggcggtgggcctgcgtgcgtggacgcggcaggcagactctg
agcacggccaggagg**caagaagagatt**gaagggaaatctcaaggggctccagagactactacgtggtgcacagaaggcctggaaaagcaggtagaatggagttccatgacattgagcctcacctagat
gccagttccagatattggcagactgctggcctcgtggagcacaggaaggggcctggcagactggatcctggatggagatgaagaggggctgatta
position 309

NP 146574

NR_146574.1 - Homo sapiens (human) - NCBI - UCSC - ReTeX(expression).

PREDICTED: Homo sapiens uncharacterized LOC1053/4007 (LOC1053/4007), transcript variant X3, ncRNA. (874 bp)
g" />replace -"t" /db_xref -"dbSNP:E40224371" variation_871 /gene -"LOC1053/4007" />replace -"c" />replace -"t" /db_xref -"dbSNP:E40224371" variation_871 /gene -"LOC1053/4007"

g" /replace="t" /db_xref="dbSNP:5402243/1" variation 8/1 /gene="LOC10534007" /replace="c" /replace="t" /db_xref="dbSNP:1933033362" ORIGIN
//

gaggcgtgtggAACAGCAAATTGAGAACAGAAAATCTGCTGCCTGATCCTCCTGGAAACTCGTCCTAGAGTGGCACCCACCATGAGGAAGCCAGAATGGACTGAATGTCACAGCCTTATAACCCACACTGTG
GCCG**caagaagagatt**caaAGAAAAGAAGATCCTCCCTGCATTCTCAGTGGCTGAAGTGCCTGGCCAGTCATCATTGCTGAGCCCTACTAGTAAGATACTGAGAATCCGACAGGTTAAATTACTTCAAAATCAAACAA
AAAAAATCGTAGAACTGGGATTAAACCCCTCAAAGCGTCAATTGAGTTAACCCAGGGCTTAAGACACAGGAACTAGCATCAGAAATGTCTAAAAACATGATGCTATTGGTTCTACGTGCTTAACTCAGCC
CACATCAGCAGCCTCTGTTCTGGAGCAG...

position 148

XR_001740463.2 - Homo sapiens (human) - NCBI - UCSC - RefEx(expression)

PREDICTED: Homo sapiens uncharacterized LOC105377874 (LOC105377874), ncRNA. (902 bp)

塩基配列を検索

統合遺伝子検索
GGRNA ver.2

Help | Advanced search | English | 旧バージョン

caagaagag 検索 Homo sapiens (human) ▾

2023-04-21 18:14:16, GGRNA : RefSeq release 216 (Jan, 2023)

Summary:

- [seq:caagaagag_\(11903\)](#)
- **INTERSECTION (11903)**

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 long non-coding RNA uc.134 \(UC.134\), long non-coding RNA.](#) (1867 bp)

Online-Only REFERENCE 2 (bases 1 to 1867) AUTHORS Bejerano G, Pheasant M, Makunin I, Stephen S, Kent WJ, Mattick JS and Haussler D. TITLE Ultraconserved elements in the human genome JOURNAL Science 304 (5675), 1321-1325 (2004) PUBMED 15131266
gccatagactatttctctaagttatgagccgaaacataatgttca **caagaagag** acattagaactcataacttatactgactaatgttcaaataattatgttaggtatccatttgctctgacatcacaaaagaacaga tcacaaaagacttggacttaagctgtctgcatttccttgcataataagtccctggttcaggaaatccagtcatatagaatttagcctaactgcttcaatccatgttaggacattaaagatgaaaactagtaagaattaaccatg agagggaaataaaagattaattcaagtcatcaccgttatcttaagaagttaatgt...

position 50

[NR_148407.1 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

[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
gcttttccactggcgattttggaactcaatggcagaaatgt**caagaagag** ttttatccttgccgaaagagaaaa

position 42

Synonym: hsa-mir-8053

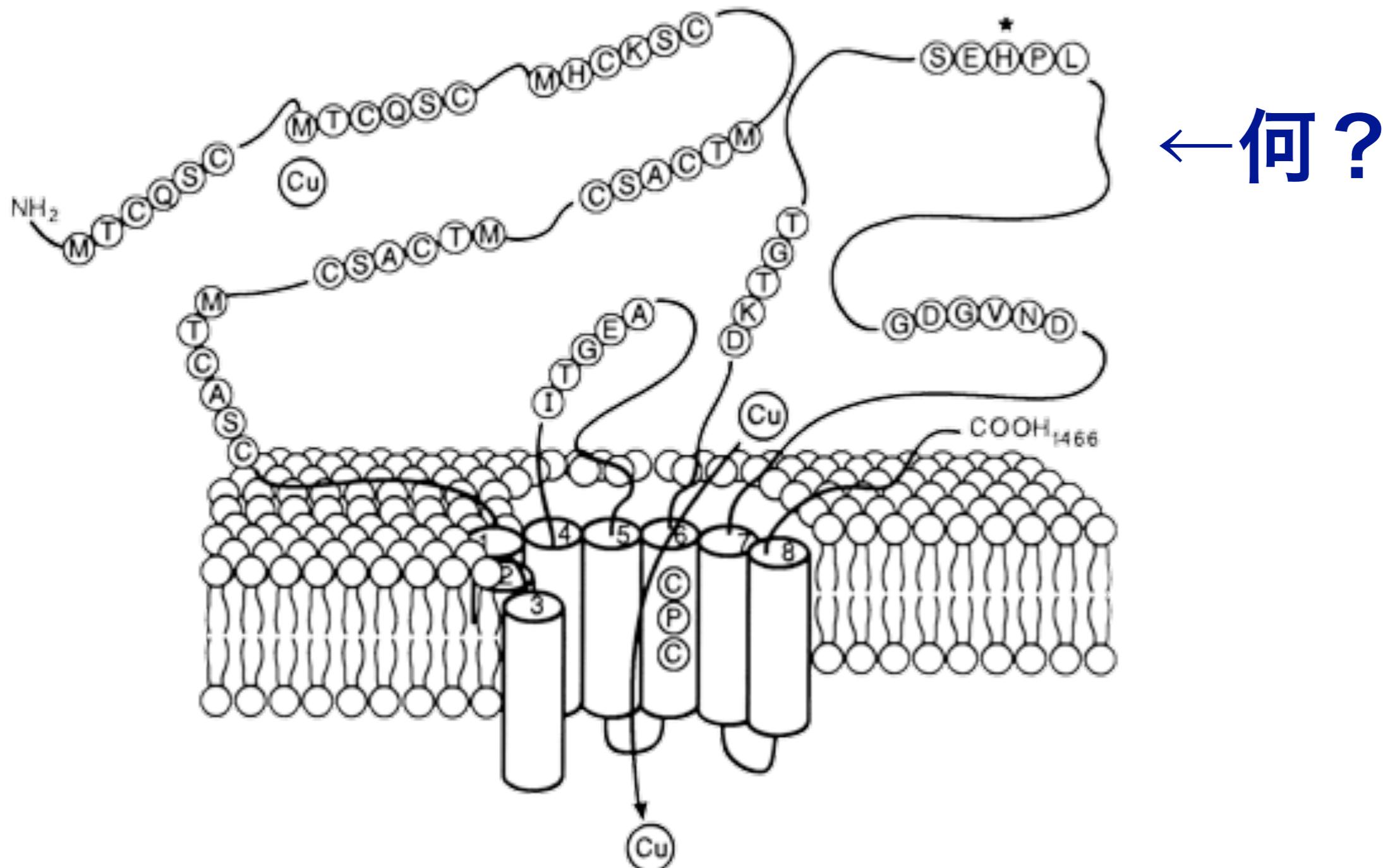
[NR_107020.1 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

[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
tatgggattccacagacaatgagttatcaatggcacaactcatttgaaggccagtt**caagaagag** actgagtcattcgaatgctctaaatgtcacccatgt

position 63

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



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



ver.2

IMAGE
PICTURE
GALLERY
[Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#)
[旧バージョン](#)

CPC SEHPL

検索

Homo sapiens (human)



2023-04-21 18:29:21, GGRNA : RefSeq release 216 (Jan, 2023)

Summary:

- [CPC \(2144\)](#)
- [SEHPL \(141\)](#)
- **INTERSECTION (44)**

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 ATPase copper transporting beta \(ATP7B\), transcript variant 41, mRNA.](#) (5308 bp)

AQVKYDPSCTSPVALQRAIEALPPGNFKVSLPDGAEGSGTDHRSSSSHSPGSPPRNQVQGTCSTTLIAIAGMTASCVHSIEGMISQLEGVQQISVSLAEGTATVLYNPSVISPEEL
RAAIEDMGFEASVVSGEAMPVTKPGSTVIAGSINAHSVLIKATHVGNDTTLAQIVKLVEEAQMSKAPIQQLADRFSGYFVPFIIMSTLTLLVVWIVIGFIDFGVVQRYFPNPNKHI
SQTEVIIRFAFQTTSITVLICIA**CPC**SLGLATPTAVMVGTVAAQNGILIKGGKPLEMAHKIKTVMDKTGTITHGVPRVMRLLLGDVATLPLRKVLAVVGTAEAS**SEHPL**GVAVTKY
CKEELGTETLGYCTDFQAVPGCGIGCKVSNEGILAHSERPLSAPASHLNEAGSLPAEKDAVPQTFSVLIGNREWLRNGLTISSDVSDAMTDHEMKGQTAILVAIDGVLCGMIAI
ADAVKQEAALAVHTLQSMGVDDVVLITGDNRKTARAIATQVGINKVFAEVLPShKVAKVQELQNKGKKVAMVGDGVDSPALAQADMGAIGTGTDVAIEAADVVLIRNDLLDVV
ASIHL SKRTVRRIRINLV...

[AA_position](#) 553 637

Synonym: PWD; WC1; WD; WND

[NM_001406548.1 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

[Homo sapiens ATPase copper transporting beta \(ATP7B\), transcript variant 37, mRNA.](#) (6016 bp)

NIELTITGMTASCVHNIESKLTRNGITYASVALATSALKFDPEIIGPRDIKIIIESKTSEALAKLMSLQATEATVVTLDGEDNLIIREEQVPMELVQRGDIVKVVPGGKFPVDGKVL
EGNTMADESLITGEAMPVTKPGSTVIAGSINAHSVLIKATHVGNDTTLAQIVKLVEEAQMSKAPIQQLADRFSGYFVPFIIMSTLTLLVVWIVIGFIDFGVVQRYFPNPNKHISQT
EVIIRFAFQTTSITVLICIA**CPC**SLGLATPTAVMVGTVAAQNGILIKGGKPLEMAHKIKTVMDKTGTITHGVPRVMRLLLGDVATLPLRKVLAVVGTAEAS**SEHPL**GVAVTKYCKEE
LGTETLGYCTDFQAVPGCGIGCKVSNEGILAHSERPLSAPASHLNEAGSLPAEKDAVPQTFSVLIGNREWLRNGLTISSDVSDAMTDHEMKGQTAILVAIDGVLCGMIAIADAV
KQEAALAVHTLQSMGVDDVVLITGDNRKTARAIATQVGINKVFAEVLPShKVAKVQELQNKGKKVAMVGDGVDSPALAQADMGAIGTGTDVAIEAADVVLIRNDLLDVVASHL
SKRTVRRIRINLV...

[AA_position](#) 789 873

Synonym: PWD; WC1; WD; WND

[NM_001406544.1 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

[Homo sapiens ATPase copper transporting beta \(ATP7B\), transcript variant 32, mRNA.](#) (6298 bp)

ANMDVITVLLATGIAVYVGLVTHVYVAYAEKAERGCPVTEEDTPRMVLEFTALCRWLELUAKGKTSEALAKLMGLATEATVATLGEDNLIIREFQVPMELVQRGDIVKVVPGGKFPVDGK

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・・・

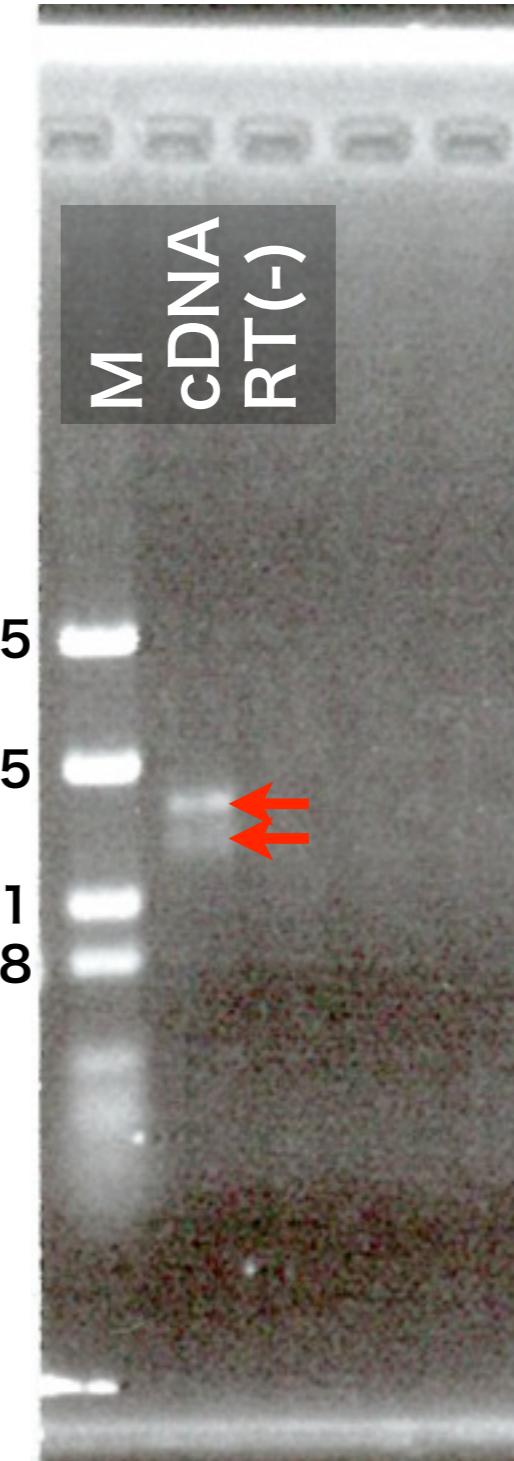
primer-F:

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？



- seq: aqtcattactttatcaqtqca (2)
 - comp: tqacqtattcactttctqggtt (2)
 - **INTERSECTION (2)**

Results:

トップ50件を表示。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 DGCR8 microprocessor complex subunit (DGCR8), transcript variant 2, mRNA. (4437 bp)

tggaaaaattcaggacttggctgagcggcgcaattcaatcgaaaatgaagcgaaagcaggcggagtccgagagggccatcttgcgcggccatcaga**agtcattacttatcagtgc**aagatgcacccacaag
aaagagttgttattaaccccaacggaaatccgaggctgcacccatgcacgactatgcacgtgtcccaaggtccgcctgtctataattttaaccatcagcatcgaggactcgcgggtctacgagctgaccagcaaggctggctgtgtccatcatcagatcctccacagtgcc
aacagacctctgaagagaagccccaaagacagtgaagaactcgagttttaaccatcagcatcgaggactcgcgggtctacgagctgaccagcaaggctggctgtgtccatcatcagatcctccacagtgcc
aaccagaagagtgaatacgtcatggcgtgtggcaagcacacagtgcgcgggtggtaagaacaagagagttggaaagc
agttacqctcacagaqaqatdttcactatqaaaaaaatq... **1688 888**

position 1892 2272

$$2272 - 1892 = 380$$

Synonym: C22orf12; DGCRK6; Gyl; pashaa

NM_001190326.1 - Homo sapiens (human) - NCBI - UCSC - RefEx(expression)

[Homo sapiens DGCR8 microprocessor complex subunit \(DGCR8\), transcript variant 1, mRNA. \(4536 bp\)](#)

position 1892 2371

$$2371 - 1892 = 479$$

Syntonym: C22orf12, DGCRK6, Gyr; pasha

NM_022720.6 - Homo sapiens (human) - NCBI - UCSC - RerEx(expression)

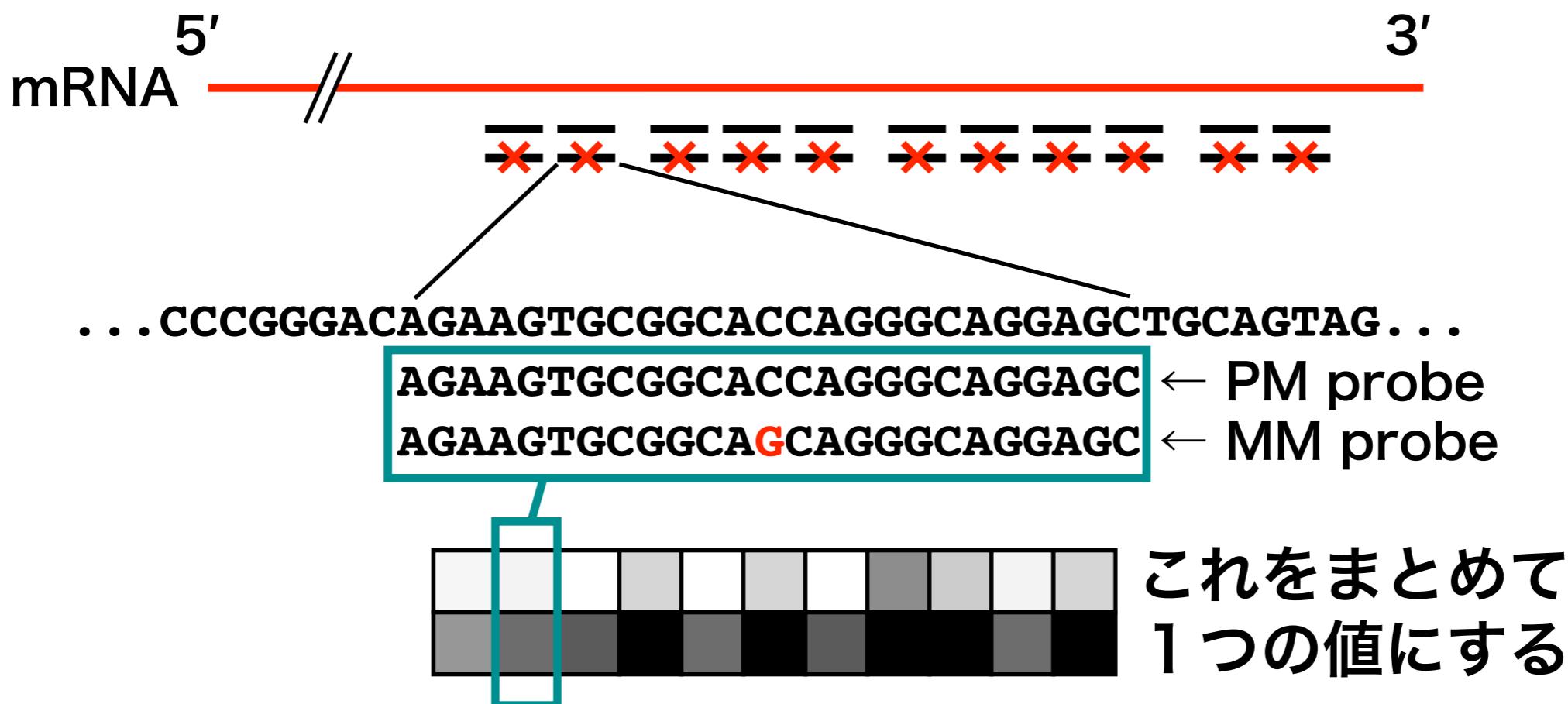
Data Export:

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](#)

Debug Info:

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
GGRNA ver.2  [TOP PICTURE GALLERY](#) [Help](#) | [Advanced search](#) | [English](#) | [日本語](#)

2013-12-05 21:34:57, GGRNA : RefSeq release 62 (Nov, 2013)

Summary:

- [seq:TCTCCACAAACGTTTTAAAATGTG \(2\)](#)
- [seq:GGGACACGGCAGTAAGCACAAGAAA \(2\)](#)
- [seq:GGCAGGAGCTGCAGTAGCTACCCCTC \(2\)](#)
- [seq:GCATGGATGGGACAGTCTGGGCCA \(2\)](#)
- [seq:ATGTGCCGGTGTACTGGTGCACAC \(2\)](#)
- [seq:AGGTCACCCCATCTCTAGGCGGCAC \(2\)](#)
- [seq:AGATCACTCCCAGATCACCAAGGTCA \(2\)](#)
- [seq:AGAAGTGGGCACCAGGGCAGGAGC \(2\)](#)
- [seq:ACGGCAGTAAGCACAAGAAAGATT \(2\)](#)
- [seq:AATGTCACCGCACACCAGGCAGTGG \(2\)](#)
- [seq:AAAATGTGCCGGTGTACTGGTGCA \(2\)](#)
- **INTERSECTION (2)**

Results:

トップ50件を表示。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 \(RAX2\), mRNA.](#) (2190 bp)

cagccgcacggccaaaggactctgagcaaggaggctgcggggccgagaaccgcgtggactggcaagcacggctggccagtgcagcaggagggggccctgaggcatggatggacagtctggccacgc
 ccacctcccgggacagaagtgcggcaccaggcaggagctgcagtagctaccctccccgtctccagcctggctccccagatcactcccagatcaccaggtcacccatctctaggcgacccctcacaca
 ccagtccgtggccaacgccccccatcaccaaatgtcaccgcacaccaggcagtgggacacggcagtaagcacaagaagattttttttaaagctaaaccaggccaggtgcggctcatgcctgta
 atcccagtgtttggaggctgaggtggaggattgtgagaccagcctgggtgacacagcaagacccatctccacaaaacgttttaaaatgtgccgggtgtactggtgacacactgtcatccagctaccaag
 aagctgaggcaagaggatcacttgagccagaaggctcgaggctgcaggagctgtgatcacactg...

position 1592 1634 1650 1698 1717 1783 1807 1812 1955 1972 1975

Synonym: ARMD6; CORD11; QRX; RAXL1

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

<https://GGRNA.dbcls.jp/>

- 遺伝子をGoogleのように検索
- 検索対象はRefSeqの転写産物
 - RefSeq ID : NM_*, XM_* = mRNA
 - RefSeq ID : NR_*, XR_* = 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
- 無償で自由に利用可能
 - 商用利用であっても無償。
 - 利用記録は当センターにおいて機密扱い。

高速塩基配列検索
GGGenome

Help | English

https://GGGenome.dbcls.jp/

データベース：
Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

検索

○ ミスマッチ/ギャップを許容 ○ ミスマッチのみ許容 : 塩基まで (検索する配列長の25%まで)

○ 双方向を検索 ○ +方向のみ検索 ○ -方向のみ検索

検索例

- [TTCATTGACAACATT] 塩基配列を検索
- 詳細な使い方
- 遺伝子や転写産物のキーワード検索は  **GGRNA** 《ぐぐるな》へ
 - 例) ヒトの「nanog」を検索： <https://GGRNA.dbcls.jp/hs/nanog>

検索結果へのリンク

- `http[s]://GGGenome.dbcls.jp/db/[strand]/[nogap]/sequence[.format][.download]`
 - **db** → hg19, mm10, dm3, ce10, TAIR10, pombe, refseq, etc. 省略時は hg19
検索可能なデータベース一覧
 - **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
 - **strand** → '+' ('plus') または '-' ('minus') で特定の方向のみ検索。省略時は両方向を検索
 - **nogap** → ギャップを許容せず **k** 塩基以内のミスマッチのみ許容して検索する
 - **sequence** → 塩基配列。大文字・小文字は区別しない
 - **format** → html, txt, csv, bed, gff, 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：<https://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：<https://GGGenome.dbcls.jp/mm10/21/ncrna/TTCATTGACAACATTGGCT> など


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

TTCACTGACA

検索

データベース：

Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)



- ミスマッチ/ギャップを許容 ミスマッチのみ許容 : 塩基まで (検索する配列長の25%まで)
 双方向を検索 +方向のみ検索 -方向のみ検索

2023-04-21 18:43:39, GGGenome : Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

Summary:

- TTCACTGACA (4957)
- TGTCAGTGAA (5068)
- **TOTAL (10025)**

Results:

検索語に色がつきます（ミスマッチ・挿入欠失）。

[chr1:620618-620627](#) ▼620618
ATACTAGAATTAAAAGCAAATGTCTTTATTCACTGACAACATAATCATCTATAAAGAAAATCCTACAT

[chr1:728363-728372](#) ▼728363
CCCTCAGGCCACACAGCTGACGCTGTAGAGATTCACTGACATCCAGTCTGATGGACACTGTTCTCCAGCC

[chr1:1336263-1336272](#) ▼1336263
CCGCAGGGCTCTGCCACATCCCTGTCTTCCTTCACTGACATGAAACGCAGAAAAGGCAGCTTGCCACAA

[chr1:3274566-3274575](#) ▼3274566
AGAGGCCCACTCGTGAGCCTTGCTGTGCCTTCACTGACATGCTGCCCATGAGCTGAGTCTGCCCTGAC

[chr1:3783925-3783934](#) ▼3783925
CTCCGCTGCGTAGATACCACACTGTCTATTCACTGACATTTGGGTTGCTCCACCTTGGCCTGGCC


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

TTCACTGACAACATTGAGTA

検索

データベース：

Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)



- ミスマッチ/ギャップを許容 ミスマッチのみ許容 : 塩基まで (検索する配列長の25%まで)
 双方向を検索 +方向のみ検索 -方向のみ検索

2023-04-21 18:43:54, GGGenome : Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

Summary:

- TTCACTGACAACATTGAGTA (36)
- TACTCAATGTTGTCAGTGAA (33)
- **TOTAL (69)**

Results:

検索語に色がつきます (ミスマッチ・挿入欠失)。

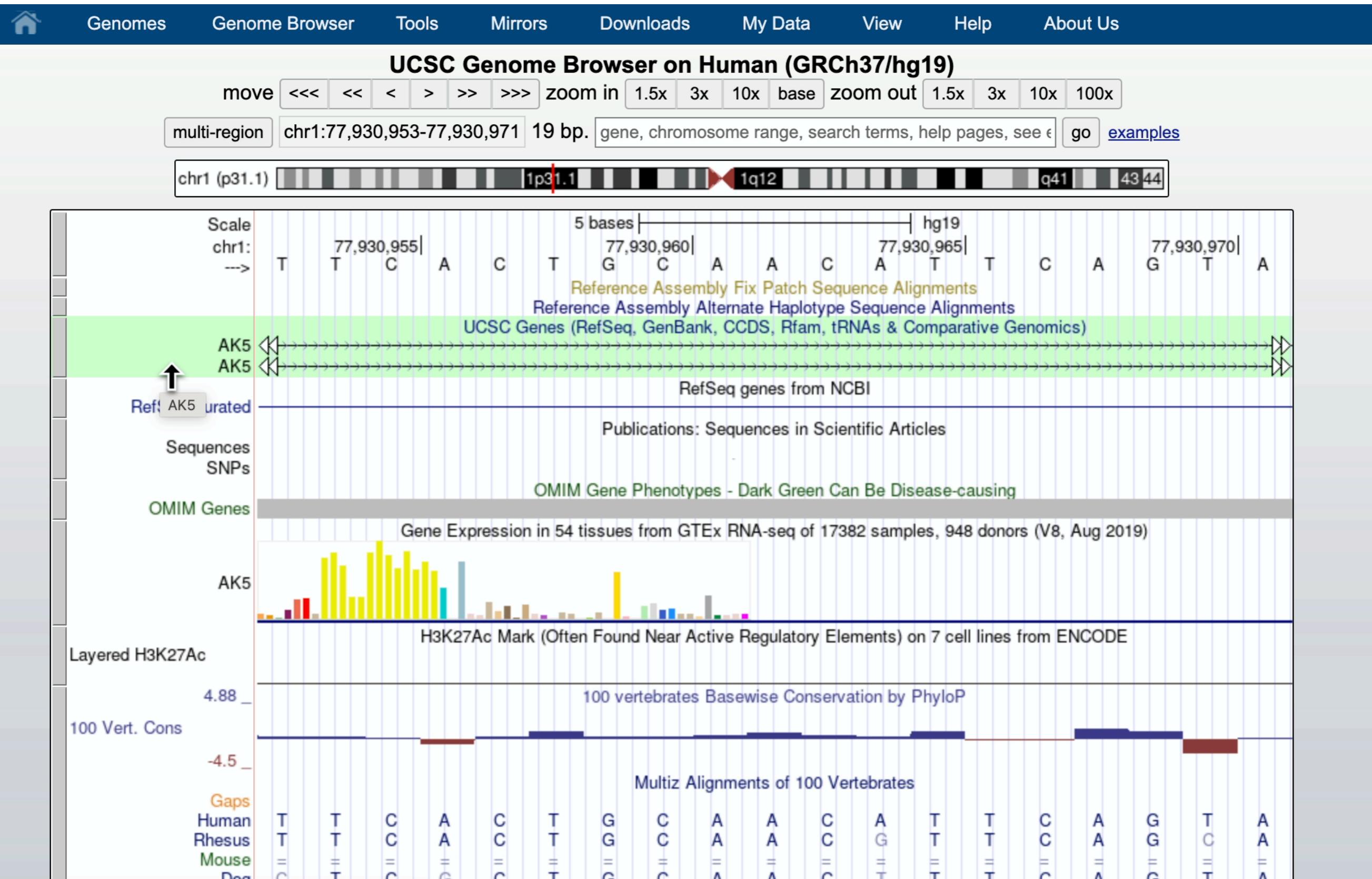
chr1:77930953-77930971 ▼77930953
AGCAGTACTCAAGATCACCTTTTTAAAGTTCACTG-CAACATT**CAGTA**GATGAAAAATGTGTAGCTGTAATTATTGA

chr1:106947513-106947532 ▼106947513
TAGAAAACATACCAACATAAAGAACATCTTTCACTG**CACAA-ATTGAGTA**TAAAATTAAACCGTTGAAAGGGTCATTA

chr2:30898313-30898332 ▼30898313
GCCCCAGCCACTTATATGTATTTTTAATTCACTGACAACATT**GAGTA**GAAAAGATAATTTTTTTGAGACAG

chr2:141517099-141517117 ▼141517099
TTTATTTCTTAACACAGCCTTGATAAATTCACTGAC-ACATT**GAGTT**AGCCATAGTGTGAATGGGAGACTGCCAG

chr2:163535086-163535106 ▼163535086
TGAGAAAGAGGACACCCTAAGAATTATGGCTTCACTGACAACATT**GAGAA**CATATCAAACGAATATTCTGGGTT



- アドレス = 検索クエリ になっている
- 結果をさまざまな形式で出力できる

検索例：

http[s]://GGGenome.dbcls.jp/hg38/2/ATAGGACCATA[.txt]

暗号化通信
に対応

①ヒトゲノム
hg38に対し

②最大ミスマッチ・
挿入欠失 = 2 で

③この配列を検索

④結果はテキスト
(txt) 形式で。

GGGenome を他のツールから呼び出す

38

← → ⌂ ⓘ ggggenome.dbcls.jp/2/TTCACTGACAACATTGAGTA.txt

[GGGenome | 2018-07-08 04:33:37]
database: Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)
query: TTCACTGACAACATTGAGTA
count: 36
query: TACTCAATGTTCTAGTGAA
count: 33
name strand start end snippet snippet_pos snippe
chr1 + 77930953 77930971
TCATGAAATGGAAGTGCTGCCACTTCAGGGCCTGTAAAGAGATAATGCTGATGCCAGGCCA
AGTCTGTTCTGAGTTACCATGGCAACTGCTCAATTAAAGTAAAAAAAATGAAAAAAATA
||||| -----I-----X--- 18 1 0 1
chr1 + 106947513 106947532
TCATCTGGCTATATGTCCTATGTTATAAAGTTGATAACATCAAACACGGAAAGTAGGAAATAACATAGAAAACATACCACATAAGAAGCAATCTTCACTGCACAAATTGAGTATAAAATTAAACCGTTGAAAGGGTCATTATAT
ATGAGGAGCAGAAAGACAAGTGGAGTATAAGAAAATGGCTTAAAGTCAAACTGCCT 106947413 106947632
||||||||| -----D---I---- 19 0 1 1
chr2 + 30898513 30898532
TTGATCTCCTGACCTCGT GATCCACCTGCCTGCCCTCCAAAGTGGGGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCCCAGCCACTTATGTATTTAAATTCACTGACAACATTGAGTAGAAAAGATAATTGAGACAGAGT
TGGTGCCTAGGGGGACTGCAGTGGCACAATCTTGGCTCACTGCAACCTCCACCTCCGTG 30898213 30898432
||||||||||||| -----D---I---- 20 0 0 0

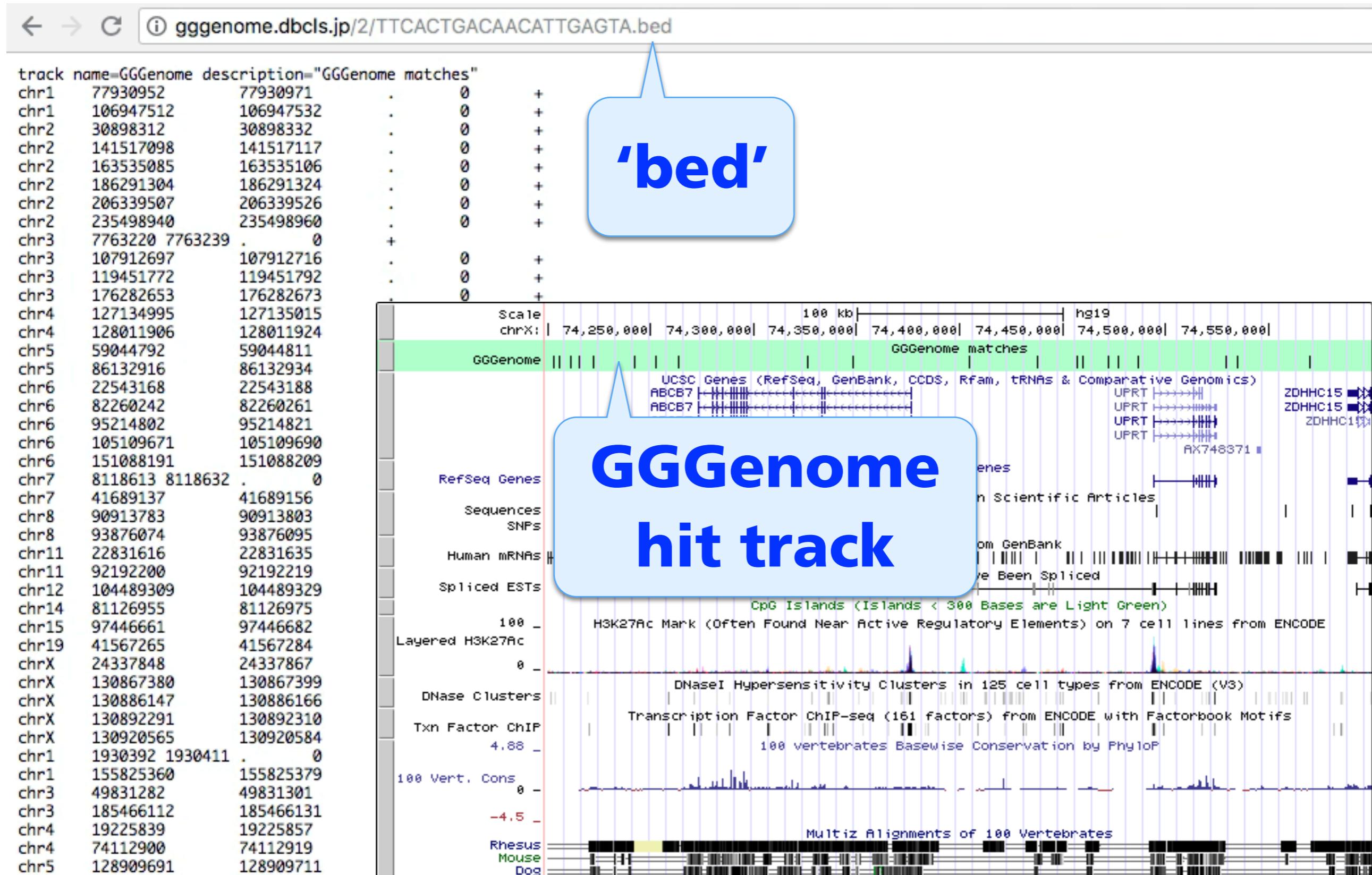
chr2 + 141517099 14
AATTTCACTAAATTAAATAATAAAAGGAA
CTGATTTGTTCTTGTGAGCACCAATTGCA
||||||||| -----I----
chr2 + 163535086 16
CTCATGGTGA CACATATTGGACAGAGGG
TGTGGATTTGCTTAGAGTCATGAGAGTAAGA
||| | -----D---X= 19
chr2 + 186291305 18
CCCACATCACCAATATCATTATCTCATCTTCCA
TTTTTTGAGCAGGCTCTATAATAACAAAAGTA
||||||||| -----D----
chr2 + 206339508 20
ATGAATCAAAGGCTTGAACATATTGCCAACAT
GAAAAAATAGTACTGTATCATTACATTGAACTT
||||||||| -----I-----X--- 18
chr2 + 235498941 23
CTTGAAGGGGCCAGGTGGCAGACAGATAGTTCA
GGACCTATTAGAGCCTGGCTCATGTTAGGTAATGCAGGGAGGGTCAAAGAACCGG
||||| -----I-----D--- 19 0 1 1
chr3 + 7763221 7763239
CAGAGATGTGCA TGGATAGCTTGGTTGAGTCAGCTGGTAGTTCTCCAGTCTTCACTGATCAGTCAGACATAGATCAATTCTCACTGCAAAATTGAGTAGTGAATAAAACTTACTTCAGCTAACCTAAC
TTCTAGCACTAATCACTAGATATCCAATTAAACCAAAATGAATAAAATATAAA 7763121 7763339
-----I---X----- 18 1 0 1
chr3 + 107912698 107912716

'txt'

TTCA-ACAG	"query"	7	"match"
	"align"	1	"mis"
TTCACACGG	"sbjct"	1	"del"
=====D==X=	"edit"	0	"ins"

GGGenome を他のツールから呼び出す

39



GGGenome を他のツールから呼び出す

40

← → ⌂ ⓘ ggggenome.dbcls.jp/2/TTCACTGACAACATTGAGTA.json

{ ...

- database: "Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)",
- error: "none",
- results:
 - [...
 - { ...
 - align: "||||||| ||||| |||||",
 - del: 0,
 - edit: "-----I-----X----",
 - ins: 1,
 - match: 18,
 - mis: 1,
 - name: "chr1",
 - position: 77930953,
 - position_end: 77930971,
 - query: "TTCACTGACAACATTGAGTA",
 - sbjct: "TTCACTG-CAACATTGAGTA",
 - snippet: "TCATGAAATGGAAGTGCTGCCACTTCAGGGCCTGTAAAGAGATAATGCTGATGCCAGGCCAGGGAAAAAGCAGTACTCAAGATCACCTTTTAAAGTTCACTGCAAC",
 - snippet_end: 77931071,
 - snippet_pos: 77930853,
 - strand: "+"
 - },
 - { ...
 - align: "||||||| ||||| |||||",
 - del: 1,
 - edit: "-----D-----I-----",
 - ins: 1,
 - match: 19,
 - mis: 0,
 - name: "chr1",
 - position: 106947513,
 - position_end: 106947532,
 - query: "TTCACTG-ACAACATTGAGTA",
 - sbjct: "TTCACTGCACAA-ATTGAGTA",

'json'

```
19:46:08 meso@mesobook:% curl -s 'https://GGGenome.dbcls.jp/hg38/GTCGTATGCTAG.bed'  
track name=GGGenome description="GGGenome matches"  
chr1 194830236 194830248 . 0 +  
chr2 78670750  
chr2 218571531  
chr12 55980766  
chr12 116320454  
chr15 91363640  
chrX 151249981  
chrX 151250002  
chr1 158411570 158411582 . 0 -  
chr2 14459609 14459621 . 0 -  
chr4 27155130 27155142 . 0 -  
chr7 145345362 145345374 . 0 -  
chr8 4213930 4213942 . 0 -  
chr8 91253328 91253340 . 0 -  
chr8 128369312 128369324 . 0 -  
chr10 10395010 10395022 . 0 -  
chr10 127341893 127341905 . 0 -  
chr15 52581403 52581415 . 0 -
```

curl コマンド：
webから情報を取得

wc コマンド：
行数をカウント

```
19:46:25 meso@mesobook:% curl -s 'https://GGGenome.dbcls.jp/hg38/GTCGTATGCTAG.bed' | wc -l  
19  
19:46:31 meso@mesobook:% curl -s 'https://GGGenome.dbcls.jp/hg38/GTCGTATGCTAG.bed' | grep chr8
```

grep コマンド：
キーワード抽出

表計算ソフトから GGGenome 検索

42

GGGenome primer search ☆ meso cacase

ファイル 編集 表示挿入 表示形式 データ ツール ヘルプ 変更内容をすべてドライブに保存しました コメント 共有

fx =ImportData(D2)

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	Primer name	(1) Sequence	(2) GGGenome URL	(3) ImportDATA function	name	strand	start	end	
2	YN001-F	caatcaccctcacccttttatatgc	http://GGGenome.dbcls.jp/rice/caatcaccctcacccttttatatgc.txt	=ImportData(D2)	chr01	+	27707	27	
3	YN001-R	ccgctgtgaac		chr01 - 28071 28092 ATATTGTTGGTACGAGTA	chr01	-	28071	28	
4	YN002-F	tgatccaata		27971 28192					
5	YN002-R	catgcaaggta							
6	YN003-F	acgtactgtgg							
7	YN003-R	acccaaccta							
8	YN004-F	atcagattccggccggccg							
9	YN004-R	ggagagatctgggtgggag							
10									
11									
12									
13									
14									
15									
16									
17									
18									
19									
20									
21									
22									
23									
24									

= ImportData(D2)

PCRプライマー配列

表計算ソフトから GGGenome 検索

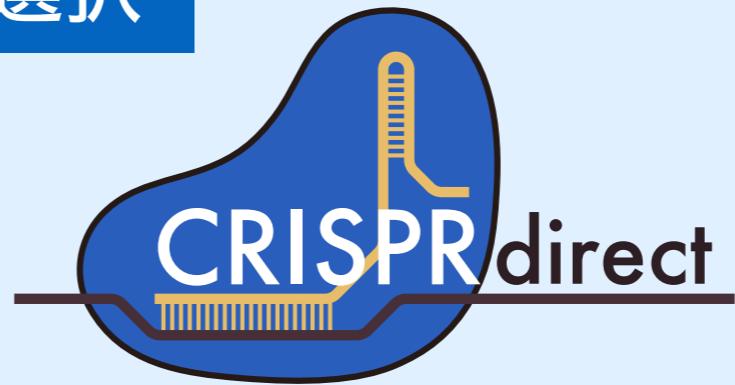
43

<http://GGGenome.dbcls.jp/>

- ゲノムを高速に検索可能
350種の生物種（うち植物は80種）に対応
- 短い塩基配列の検索に強い
ミスマッチや挿入欠失が多くても見落としのない検索
- 他のツールから呼び出すことができる（REST API）
Googleスプレッドシートの ImportData() 関数
Excel 2013以降の WEBSERVICE() 関数
R、Ruby、Galaxy、ゲノムブラウザ・・・
- 無償で自由に利用可能
商用利用であっても無償。
利用記録は当センターにおいて機密扱い。

PAMに隣接する配列の選択

ガイドRNA
設計支援ツール



オフターゲット配列検索

GGGenome

高速で正確な塩基配列検索ツール

GAAGGCAGTCCAGTGAAATG
| | | | | | | | | | | | | |
GAAGCAGTACAGAGAAATG



wordが完全一致せず
BLASTで検索できない



<http://crispr.dbcls.jp/>

Enter an accession number (e.g. NM_006299) or genome location (e.g. hg19:chr7:1)

retrieve sequence

or Paste a nucleotide sequence: ?

```
agtgcaccccccgttcgcctcgctcgagctcgcttactttacaccggccggccgagctctccagactccggaggaggaaagcg  
atcggttacacgtacgcctcgtaaggcagaaggcagaacatctgaagaatggctgacgaggatttcaacctatttgtgtgcgacaatcg  
gcactggaatggtaaggcagggtttgtgtatgtgcaccaaggccgtcttcccttagcattgttagggagaccacgtcacacc  
ggtgtcatggttggatggccaaaaggatgcctatgtgggtatgaagctcaggccaaaagggtatcctgactctaaagtaccc  
aattgaacatggaaattgtcaataactgggatgacatggagaaaaatatggcaccacaccttacaatgagcttcgtgtgcacctg  
aagatcacccctgtattactaactgaagccccctctcaatcccaaagccaacagagagaagatgacacagatcatgtttgagaccc  
aattgcccaatgtatgtcgcaatccaggctgttatccctgt
```

Accession番号

または
塩基配列 を入力

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

What's new:

- 2017-06-19 Added 8 species - List

CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

47

- Target sequences with TTTTs are also shown in gray. Avoid TTTTs in gRNA vectors with pol III promoter.

show **highly specific** target only

Show 20 entries Search:

position		target sequence	sequence information				number of target sites		
start - end	+/-	20mer+PAM (total 23mer)	GC% of 20mer	Tm of 20mer	TTTT in 20mer	restriction sites	20mer +PAM	12mer +PAM	8mer +PAM
7 - 29	-	cctcccgttcgcctcgctcgcg [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	5 [detail]	370 [detail]
10 - 32	-	cccggttcgcctcgctcgcgagct [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	1 [detail]	276 [detail]
11 - 33	-	ccgttgcgcctcgctcgcgagctc [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	4 [detail]	911 [detail]
18 - 40	-	cctcgctcgcgagctcgctttac [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	4 [detail]	1072 [detail]
47 - 69	-	ccggccggccgagctctccaga [gRNA]	75.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	305 [detail]	79033 [detail]
50 - 72	-	ccggccggagctctccagactc [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	37 [detail]	3555 [detail]
53 - 75	+	ccggccggagctctccagactcgg [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	3 [detail]	175 [detail]
53 - 75	-	ccggccggagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	SacI	1 [detail]	15 [detail]	2679 [detail]
56 - 78	+	ccgagctctccagactccggagg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	BspEI SacI	1 [detail]	4 [detail]	793 [detail]
56 - 78	-	ccggagctctccagactccggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI SacI	1 [detail]	1 [detail]	1295 [detail]
59 - 81	+	agctctccagactccggaggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI	1 [detail]	2 [detail]	608 [detail]
65 - 87	-	ccaaactccggaggaggaaagcga [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [detail]	6 [detail]	375 [detail]
72 - 94	-	ccggaggaggaaagcgatcgttac [gRNA]	55.00 %	73.00 °C	-	BsiEI PvuI	1 [detail]	14 [detail]	3180 [detail]
102 - 124	-	cctcgtaaggcagaaggcagaaca [gRNA]	50.00 %	71.33 °C	-		0 [detail]	3 [detail]	588 [detail]
114 - 136	+	gaagcagaacatctgaagaaatgg [gRNA]	40.00 %	65.99 °C	-		0 [detail]	7 [detail]	1117 [detail]
123 - 145	+	catctgaagaatggctgacgtgg [gRNA]	50.00 %	69.80 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	1388 [detail]
151 - 173	+	caaccttattgtgtgcgacaaatgg [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]
154 - 176	-	cctattgtgtgcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	attgtgtgcgacaaatggcacatgg [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	499 [detail]
162 - 184	+	gtgcgacaaatggcactggaaatgg [gRNA]	55.00 %	74.69 °C	-		1 [detail]	6 [detail]	677 [detail]

Showing 1 to 20 of 71 entries

First Previous 1 2 3 4 Next Last

標的サイトの
位置と塩基配列

Graphical View:

CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

48

- Target sequences with TTTTs are also shown in gray. Avoid TTTTs in gRNA vectors with pol III promoter.

show **highly specific** target only

Show 20 entries		sequence information				number of target sites <small>?</small>		
position start - end	target sequence	GC% of 20mer	Tm of 20mer	TTTT in 20mer	restriction sites	20mer +PAM	12mer +PAM	8mer +PAM
7 - 29	cctcccggttcgcctcgctcgcg [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	5 [detail]	370 [detail]
10 - 32	cccgtttcgccctcgctcgcgagct [gRNA]	70.00 %	81.73 °C	-	NruI	1 [detail]	1 [detail]	276 [detail]
11 - 33	ccgttccgcctcgctcgcgagctc [gRNA]	70.00 %	81.09 °C	-	NruI SacI	1 [detail]	4 [detail]	911 [detail]
18 - 40	cctcgctcgcgagctcgcttac [gRNA]	70.00 %	80.24 °C	-	NruI SacI	1 [det]		
47 - 69	ccggccggccgagctctccaga [gRNA]	75.00 %	84.25 °C	-	SacI	1 [det]		
50 - 72	ccggccggagctctccagactc [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [det]		
53 - 75	ccggccgagctctccagactcgg [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [det]		
53 - 75	ccggccgagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	SacI	1 [det]		
56 - 78	ccggagctctccagactccggagg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	BspEI SacI	1 [det]	4 [detail]	793 [detail]
56 - 78	ccggagctctccagactccggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI SacI	1 [det]	1 [det]	1295 [detail]
59 - 81	agctctccagactccggaggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI	1 [det]	2 [det]	608 [detail]
65 - 87	ccaaactccggaggaggaaagcga [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [det]	6 [det]	375 [detail]
72 - 94	ccggaggaggaaagcgatcgttac [gRNA]	55.00 %	73.00 °C	-	BsiEI PvuI	1 [det]	14 [det]	3180 [detail]
102 - 124	cctcggtcaaggcagaaggcagaaca [gRNA]	50.00 %	71.33 °C	-		0 [det]	3 [det]	588 [detail]
114 - 136	gaaggcagaacatctgaagaaatgg [gRNA]	40.00 %	65.99 °C	-		0 [det]	7 [det]	1117 [detail]
123 - 145	catctgaagaatggctgacgtgg [gRNA]	50.00 %	69.80 °C	-		1 [det]	2 [det]	1388 [detail]
151 - 173	caaccttattgtgtcgacaaatggc [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [det]	3 [det]	303 [detail]
154 - 176	cctattgtgtcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [det]	1 [det]	667 [detail]
157 - 179	attgtgtcgacaaatggcacatgg [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [det]	2 [det]	499 [detail]
162 - 184	gtgcgacaaatggcactggaaatgg [gRNA]	55.00 %	74.69 °C	-		1 [det]	6 [det]	677 [detail]

Showing 1 to 20 of 71 entries

First Previous 1 2 3 4 Next Last

配列に関する情報
制限酵素サイト も

CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

49

- Target sequences with TTTTs are also shown in gray. Avoid TTTTs in gRNA vectors with pol III promoter.

show **highly specific** target only

Show 20 entries

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	restriction sites	20mer +PAM	12mer +PAM	8mer +PAM
7 - 29	-	cctcccggttcgcctcgctcgca [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	5 [detail]	370 [detail]
10 - 32						NruI	1 [detail]	1 [detail]	276 [detail]
11 - 32						SacI	1 [detail]	4 [detail]	911 [detail]
18 - 40						NruI	1 [detail]	4 [detail]	1072 [detail]
47 - 69						SacI	1 [detail]	305 [detail]	79033 [detail]
50 - 72						SacI	1 [detail]	37 [detail]	3555 [detail]
53 - 75						SacI	1 [detail]	3 [detail]	175 [detail]
53 - 75						SacI	1 [detail]	15 [detail]	2679 [detail]
56 - 78						BspEI	1 [detail]	4 [detail]	793 [detail]
56 - 78						SacI	1 [detail]	1 [detail]	1295 [detail]
59 - 81						BspEI	1 [detail]	2 [detail]	608 [detail]
65 - 87						BspEI	1 [detail]	6 [detail]	375 [detail]
72 - 94	-	ccggaggagaagcgatcgttac [gRNA]	55.00 %	73.00 °C	-	BsiEI	1 [detail]	14 [detail]	3180 [detail]
102 - 124	-	cctcggtcaaggcagaaggcagaaca [gRNA]	50.00 %	71.33 °C	-	PvuI	0 [detail]	3 [detail]	588 [detail]
114 - 136	+	gaagcagaacatctgaagaa[tgg] [gRNA]	40.00 %	65.99 °C	-		0 [detail]	7 [detail]	1117 [detail]
123 - 145	+	catctgaagaatggctgacg[agg] [gRNA]	50.00 %	69.80 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	1388 [detail]
151 - 173	+	caaccttattgtgtgcgacaa[tgg] [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]
154 - 176	-	cctattgtgtgcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	attgtgtgcgacaaatggcac[tgg] [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	499 [detail]
162 - 184	+	gtgcgacaaatggcactggaa[tgg] [gRNA]	55.00 %	74.69 °C	-		1 [detail]	6 [detail]	677 [detail]

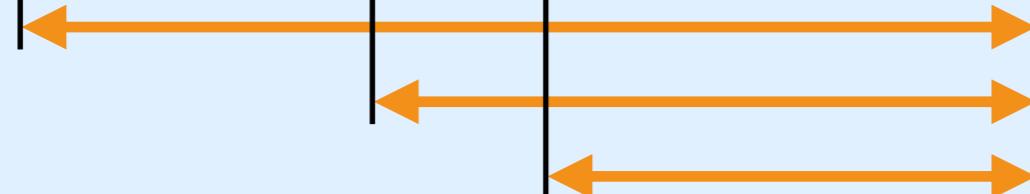
Showing 1 to 20 of 71 entries

First Previous 1 2 3 4 Next Last

ゲノムに何箇所あるか？

20mer PAM

NNNNNNNNNNNNNNNNNN NGG



CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

50

- Target sequences with TTTTs are also shown in gray. Avoid TTTTs in gRNA

show highly specific target only

Site		Sequence	sequence information			sites	+PAM		sites	+PAM	
Start	End		20mer	GC% of 20mer	Tm of 20mer		+PAM	+PAM		8mer +PAM	
-	-	cctcccggttcgcgcgtcgcgca [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	5 [detail]	370 [detail]		
7 - 29	-	cccgttgcgcgtcgctcgagct [gRNA]	70.00 %	81.73 °C	-	NruI	1 [detail]	1 [detail]	276 [detail]		
10 - 32	-	ccgttcgcctcgctcgcgagct [gRNA]	70.00 %	81.09 °C	-	NruI SacI	1 [detail]	4 [detail]	911 [detail]		
11 - 33	-	ccgttcgcctcgctcgcgagctc [gRNA]	70.00 %	80.24 °C	-	NruI SacI	1 [detail]	4 [detail]	1072 [detail]		
18 - 40	-	cctcgctcgcgagctcgcttac [gRNA]	70.00 %	80.24 °C	-	SacI	1 [detail]	305 [detail]	79033 [detail]		
47 - 69	-	ccggccggccgagctctccaga [gRNA]	75.00 %	84.25 °C	-	SacI	1 [detail]	37 [detail]	3555 [detail]		
50 - 72	-	ccggccggagctctccagactc [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	3 [detail]	175 [detail]		
53 - 75	+	ccggccggagctctccagactc [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	3 [detail]	2679 [detail]		
53 - 75	-	ccggccggagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	SacI	1 [detail]	14 [detail]	3180 [detail]		
56 - 78	+	ccggccggagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	BspEI SacI	0 [detail]	3 [detail]	588 [detail]		
56 - 78	-	ccggccggagctctccagactccggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI SacI	0 [detail]	7 [detail]	1117 [detail]		
59 - 81	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI	1 [detail]	2 [detail]	1388 [detail]		
65 - 87	-	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]		
72 - 94	-	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	55.00 %	73.00 °C	-	BsiEI PvuI	1 [detail]	14 [detail]	667 [detail]		
102 - 124	-	ccgtcaaggcagaaggcagaaca [gRNA]	50.00 %	71.33 °C	-		0 [detail]	3 [detail]	499 [detail]		
114 - 136	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	40.00 %	65.99 °C	-		0 [detail]	7 [detail]	677 [detail]		
123 - 145	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	50.00 %	69.80 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	1117 [detail]		
151 - 173	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]		
154 - 176	-	ccgttcgtgtcgacatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]		
157 - 179	+	ccgttcgtgtcgacatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	499 [detail]		
162 - 184	+	ccgttcgtgtcgacatggcac [gRNA]	55.00 %	74.69 °C	-		1 [detail]	6 [detail]	677 [detail]		

Showing 1 to 20 of 71 entries

オフターゲット
サイトが少ない

オフターゲット
サイトが多い

CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

51

- Target sequences with TTTTs are also shown in gray. Avoid TTTTs in gRNA vectors with pol III promoter.

show **highly specific** target only

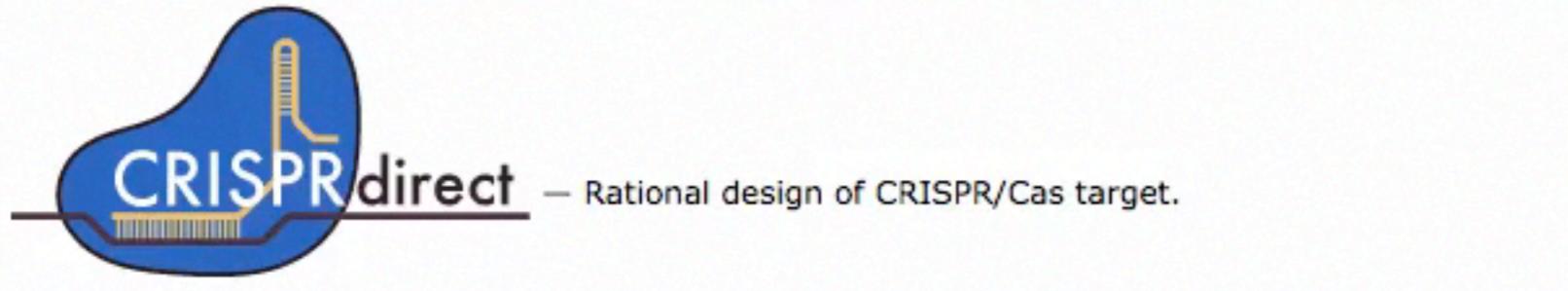
Show 20 entries

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	restriction sites	20mer +PAM	2mer +PAM	8mer +PAM
7 - 29	-	cctcccggttcgcctcgctcgcgaa [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	[detail]	370 [detail]
10 - 32	-	cccgtttcgccctcgctcgcgagct [gRNA]	70.00 %	81.73 °C	-	NruI	1 [detail]	1 [detail]	276 [detail]
11 - 33	-	ccgttccgcctcgctcgcgagctc [gRNA]	70.00 %	81.09 °C	-	NruI SacI	1 [detail]	4 [detail]	911 [detail]
18 - 40	-	cctcgctcgcgagctcgcttac [gRNA]	70.00 %	80.24 °C	-	NruI SacI	1 [detail]	4 [detail]	1072 [detail]
47 - 69	-	ccggccggccgagctctccaga [gRNA]	75.00 %	84.25 °C	-	SacI	1 [detail]	305 [detail]	79033 [detail]
50 - 72	-	ccggccggagctctccagactc [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	37 [detail]	3555 [detail]
53 - 75	+	ccggccgagctctccagactcgg [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [detail]	3 [detail]	175 [detail]
53 - 75	-	ccggccgagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	SacI	1 [detail]	15 [detail]	2679 [detail]
56 - 78	+	ccggccgagctctccagactccggagg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	BspEI SacI	1 [detail]	4 [detail]	793 [detail]
56 - 78	-	ccggccgagctctccagactccggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI SacI	1 [detail]	1 [detail]	1295 [detail]
59 - 81	+	agctctccagactccggaggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI	1 [detail]	2 [detail]	608 [detail]
65 - 87	-	ccggccggaggaggaggacgaa [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [detail]	6 [detail]	375 [detail]
72 - 94	-	ccggccgaggaggaggacgatcgttac [gRNA]	55.00 %	73.00 °C	-	BsiEI PvuI	1 [detail]	14 [detail]	3180 [detail]
102 - 124	-	cctcggtcaaggcagaaggcagaaca [gRNA]	50.00 %	71.33 °C	-		0 [detail]	3 [detail]	588 [detail]
114 - 136	+	gaaggcagaacatctgaagaaatgg [gRNA]	40.00 %	65.99 °C	-		0 [detail]	7 [detail]	1117 [detail]
123 - 145	+	catctgaagaatggctgacggagg [gRNA]	50.00 %	69.80 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	1388 [detail]
151 - 173	+	caacccatttgtgtcgacaaatggc [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]
154 - 176	-	cctatttgtgtcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	atttgtgtcgacaaatggcacatgg [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	499 [detail]
162 - 184	+	gtgcgacaaatggcactggaaatgg [gRNA]	55.00 %	74.69 °C	-		1 [detail]	6 [detail]	677 [detail]

Showing 1 to 20 of 71 entries

First Previous 1 2 3 4 Next Last

Graphical View:



0 mismatch/gap | ≤1 mismatch/gap | ≤2 mismatches/gaps | more: 0 show

Search for: both strand plus strand minus strand

2017-06-28 07:16:48, GGGenome : Rice genome, Os-Nipponbare-Reference-IRGSP-1.0 (Oct, 2011)

Summary:

- CCNcccattcgccctcgactcgaa (0)
- tcacqaacgaaaaacaaacgggNGG (1)
- **TOTAL (1)**

Results:

Showing first 200 results for each strand of the query sequence.

Matches are highlighted with blue background. **Mismatches** and **indels** are marked in red.

[chr05:21504153-21504175](#) ▼21504153
TCGGCGGGCGGGGTGTAAAGTAACGCGAGCTCGCGAGCGAGGGGAACGGGAGGTGCACTGCTGGTGGACGGACGAAGA

Data Export:

Maximum 100000 results can be retrieved in various formats shown below:

- Tab-delimited text: [Open in new window](#) | [Download](#)
You can copy-paste the result into spreadsheet softwares (e.g. Excel) or text editors.
- CSV format: [Open in new window](#) | [Download](#)
You can open CSV files using spreadsheet softwares (e.g. Excel) or text editors.
- BED format: [Link](#) | [Download](#)
- GFF format: [Link](#) | [Download](#)



0 mismatch/gap | ≤1 mismatch/gap | ≤2 mismatches/gaps | more: 2 show

Search for: both strand plus strand minus strand

2017-06-28 07:17:02, GGGenome : Rice genome, Os-Nipponbare-Reference-IRGSP-1.0 (Oct, 2011)

Summary:

- CCNcccattcgcctcgactcgaa (1)
- tgcgcqaaqcaagacgaaacgggNGG (4)
- **TOTAL (5)**

Results:

Showing first 200 results for each strand of the query sequence.

Matches are highlighted with blue background. **Mismatches** and **indels** are marked in red.

chr12:23545769-23545793 ▼23545769
CCAACGAGGCCAGGTGAGCTCTCCCCCTCCCCCGATTGCCTCGCTTCGCGACCGAGTTCACTTGAGCTGGGTTGACTGAC

chr05:21504153-21504175 ▼21504153
TCGGCGGCCGGCGGTGTAAAGTAACGCGAGCTCGCGAGCGAGGCCAACGGGAGGTGCACTGCTGGTGGACGGACGAAGA

chr05:21504153-21504175 ▼21504153
TCGGCGGCCGGCGGTGTAAAGTAACGCGAGCTCGCGAGCGAGGCCAACGGGAGGTGCACTGCTGGTGGACGGACGAAGA

chr05:21504153-21504175 ▼21504153
TCGGCGGCCGGCGGTGTAAAGTAACGCGAGCTCGCGAGCGAGGCCAACGGGAGGTGCACTGCTGGTGGACGGACGAAGA

chr05:21504153-21504175 ▼21504153
TCGGCGGCCGGCGGTGTAAAGTAACGCGAGCTCGCGAGCGAGGCCAACGGGAGGAGTGCACTGCTGGTGGACGGACGAAGA

CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

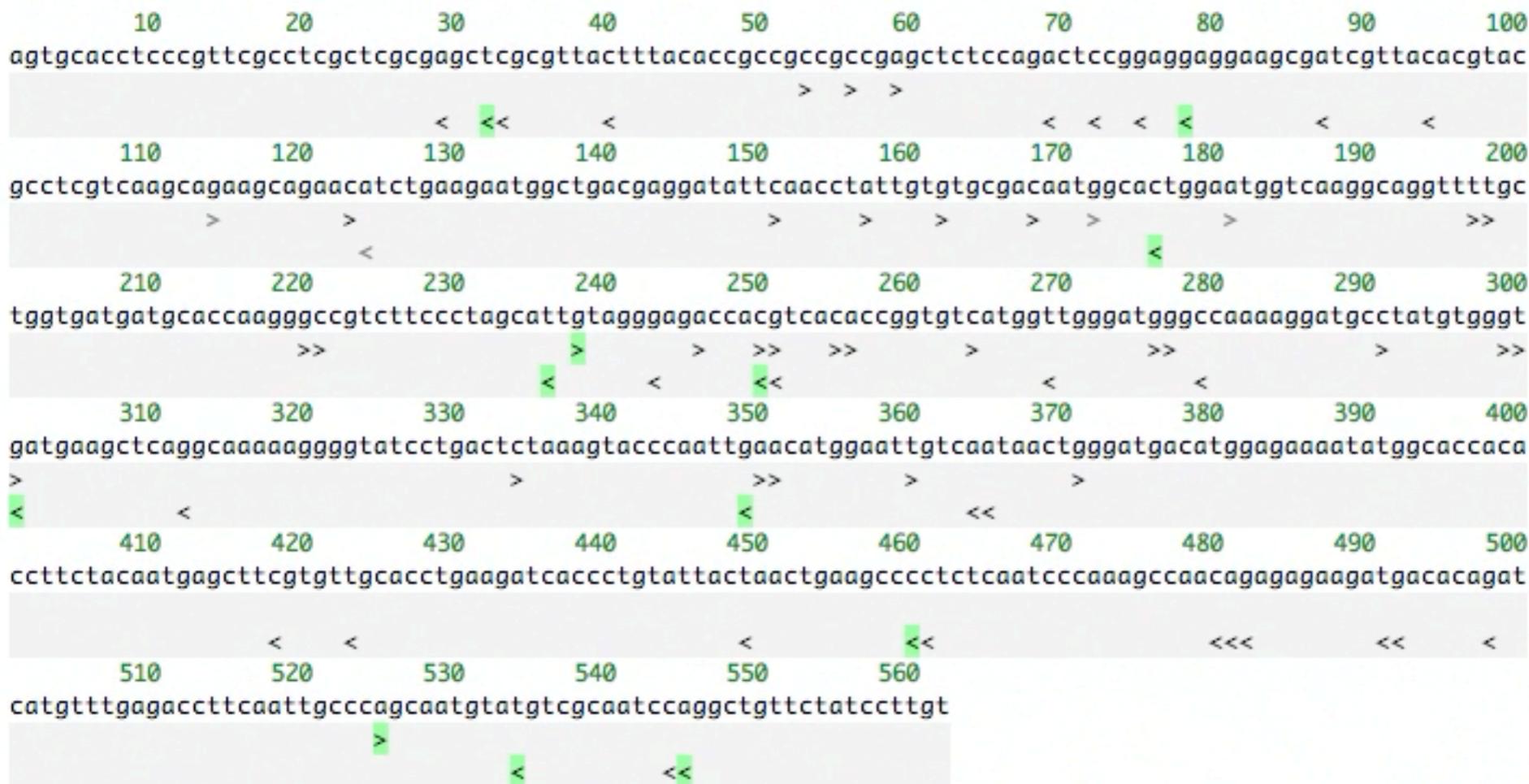
54

151 - 173	+	caacctattgtgtcgacaa[tgg] [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]
154 - 176	-	cctattgtgtcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	attgtgtcgacaaatggcac[tgg] [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	499 [detail]
162 - 184	+	gtgcgacaaatggcactggaa[tgg] [gRNA]	55.00 %	74.69 °C	-		1 [detail]	6 [detail]	677 [detail]

Showing 1 to 20 of 71 entries

First Previous 1 2 3 4 Next Last

Graphical View:



Data Export:

- Tab-delimited text: [Open in new window](#) | [Download](#)
- JSON format: [Open in new window](#) | [Download](#)

Tab-delimited text can be copy-pasted into spreadsheet softwares (e.g. Excel) or text editors.

CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

55

< < < << << <
510 520 530 540 550 560
catgtttgagacaccttcaattgcccccagcaatgttatgtcgcaatccaggctgttctatccttgt
>
< <<

Data Export:

- Tab-delimited text: [Open in new window](#) | [Download](#)
 - JSON format: [Open in new window](#) | [Download](#)

Tab-delimited text can be copy-pasted into spreadsheet softwares (e.g. Excel) or text editors.

CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

◆	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	# [CRISPRdirect 2017-06-28 12:37:35]														
2	# sequence_name:														
3	# pam_sequence: NGG														
4	# specificity_(Rice (Oryza sativa ssp. japonica) genome, Os-Nipponbare-Reference-IRGSP-1.0 (Oct, 2011)														
5	# start	end	strand	sequence	GC	Tm	TTTT	RE_sites	hit_20mer	hit_12mer	hit_8mer				
6	#														
7	7	29	-	cctcccggttcgcctcgctcgca	75	83.48	0	Nrul	1	5	370				
8	10	32	-	cccggtcgccctcgctcgagct	70	81.73	0	Nrul	1	1	276				
9	11	33	-	ccggtcgccctcgctcgagctc	70	81.09	0	Nrul,Sacl	1	4	911				
10	18	40	-	cctcgctcgcgagctcgcttac	70	80.24	0	Nrul,Sacl	1	4	1072				
11	47	69	-	ccggccggcccgagctctccaga	75	84.25	0	Sacl	1	305	79033				
12	50	72	-	ccggccggcgagctctccagactc	70	80.41	0	Sacl	1	37	3555				
13	53	75	+	ccggccgagctctccagactccgg	70	80.41	0	Sacl	1	3	175				
14	53	75	-	ccggccgagctctccagactccgg	70	80.27	0	Sacl	1	15	2679				
15	56	78	+	ccgagctctccagactccggagg	70	80.27	0	BspEI,Sacl	1	4	793				
16	56	78	-	ccgagctctccagactccggagg	65	79.68	0	BspEI,Sacl	1	1	1295				
17	59	81	+	agctctccagactccggaggagg	65	79.68	0	BspEI	1	2	608				
18	65	87	-	ccagactccggaggaggaaagcg	65	78.93	0	BspEI	1	6	375				
19	72	94	-	ccggaggaggaagcgatcgttac	55	73	0	BsiEI,Pvul	1	14	3180				
20	102	124	-	cctcgtaaggcagaaggcagaaca	50	71.33	0		0	3	588				
21	114	136	+	gaagcagaacatctgaagaatgg	40	65.99	0		0	7	1117				
22	123	145	+	catctgaagaatggctgacgagg	50	69.8	0		1	2	1388				
23	151	173	+	caacctattgtgtcgacaatgg	45	69.15	0		1	3	303				
24	154	176	-	cctattgtgtcgacaatggcac	50	72.27	0		1	1	667				
25	157	179	+	attgtgtcgacaatggcactgg	50	72.27	0		1	2	499				
26	162	184	+	gtgcgacaatggcactggaatgg	55	74.69	0		1	6	677				
27	168	190	+	caatggcactggaatggtaagg	50	72.31	0		5	8	545				
28	172	194	+	ggcactggaatggtaaggcagg	60	77.26	0		0	2	447				
29	181	203	+	atggtaaggcagggtttgtgg	50	73.64	1		0	1	1511				
30	197	219	+	ttgctggtgatgtatgcaccaagg	50	73.43	0		1	4	553				
31	198	220	+	tgctggtgatgtatgcaccaagg	50	73.43	0		1	9	616				
32	214	236	-	ccaaggcccgtttcccttagcat	60	80.62	0		1	1	121				
33	220	242	+	gccgtttccctagcattgtagg	55	76.01	0		1	2	796				
34	221	243	+	ccgtttccctagcattgtagg	50	72.87	0		1	3	538				
35	221	243	-	ccgtttccctagcattgtagg	50	73.65	0		1	6	1777				

<http://crispr.dbcls.jp/>

- PAMに隣接し、特異性の高い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。特にPAM近傍のseed(12塩基または8塩基) の特異性を重視。

- 大量設計にも対応

ヘルプページにてスクリプトを公開

- 多くの生物種に対応

350種の生物種に対応 (GGGenomeと同じ)

- 無償で自由に利用可能

商用利用であっても無償。

利用記録は当センターにおいて機密扱い。

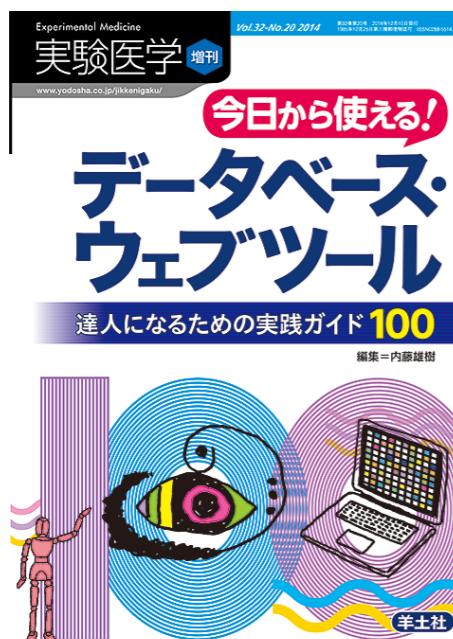
ゲノムが公開されていれば対応します。
ゲノム配列の所在、生物種に関する情報
をご連絡ください（項目はヘルプページ
の一覧を参照）

検索可能なデータベース一覧(ゲノム)

Show 25 entries

Search: plant

Database	Source	Group	Species	生物種	Latin name	Assembly information
ASM34733v1	EnsemblPlants	Plant	Tausch's goatgrass	タルホコムギ	Aegilops tauschii	ASM34733v1 (Dec, 2013)
AMTR1.0	EnsemblPlants	Plant	A. trichopoda	アムボレラ・トリコポダ	Amborella trichopoda	AMTR1.0 (Jan, 2014)
Araly_v.1.0	EnsemblPlants	Plant	Lyre-leaved rock-cress	シロイヌナズナ属	Arabidopsis lyrata	v.1.0 (Dec, 2008)
TAIR10_en	EnsemblPlants	Plant	Thale cress	シロイヌナズナ	Arabidopsis thaliana	TAIR10 (Sep, 2010)
Bradi_v1.0	EnsemblPlants	Plant	Purple false brome	セイヨウヤマカモジ, ミナトカモジグサ	Brachypodium distachyon	v1.0 (Jan, 2009)
Braol_v2.1	EnsemblPlants	Plant	Wild cabbage	ヤセイカンラン, ワイルドキャベツ	Brassica oleracea	v2.1
IVFCAASv1	EnsemblPlants	Plant	Chinese cabbage	ハクサイ, サントウサイ	Brassica rapa ssp. pekinensis	IVFCAASv1 (Aug, 2009)
Chlre_v3.1	EnsemblPlants	Plant	Green algae	クラミドモナス	Chlamydomonas reinhardtii	v3.1 (Nov, 2007)
ASM9120v1	EnsemblPlants	Plant	Red alga	シアニディオシゾン	Cyanidioschyzon merolae	ASM9120v1 (Nov, 2008)
Soybn_V1.0	EnsemblPlants	Plant	Soybean	ダイズ	Glycine max	V1.0 (Jan, 2010)



生命科学研究を支える
便利なデータベースやツール
を簡潔に紹介

最新版

小野浩雅／編 実験医学増刊号（羊土社）
バイオDBとウェブツール ラボで使える
最新70選（2022）

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
(2014)

本日はありがとうございました