

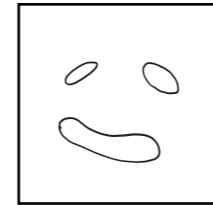
統合データベース講習会 AJACSa4 つくば

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

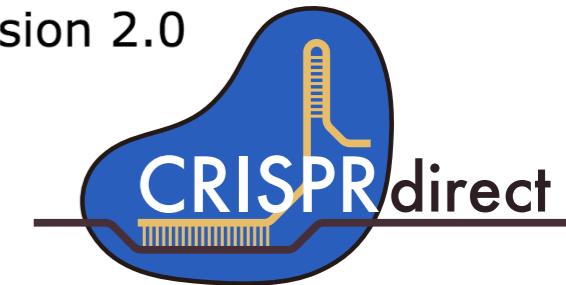
2017年8月10日  
ライフサイエンス統合データベースセンター  
**内藤雄樹**

## ● 内藤 雄樹 (ないとう ゆうき)

Twitter: @meso\_cacase



siDirect version 2.0



## ● ライフサイエンス統合データベースセンター

Database Center for Life Science =

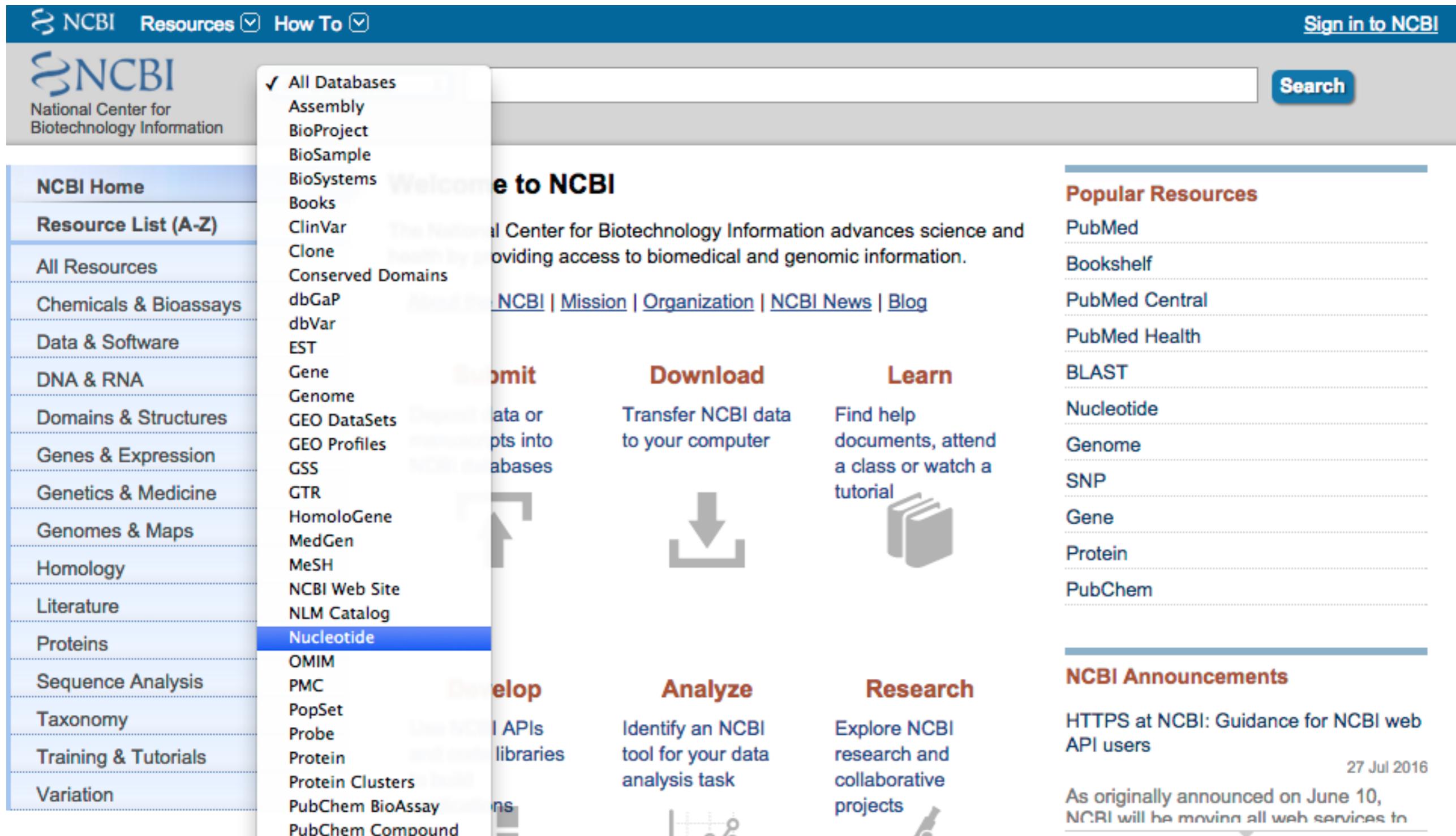


DBCLS  
Database Center  
for Life Science

生命科学データベース研究開発のための機関  
東大(柏)と三島の国立遺伝学研究所に間借り

- 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



The screenshot shows the NCBI homepage with a sidebar on the left containing links for 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, and Variation. A dropdown menu under 'All Databases' lists: 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, and PubChem Compound. The main content area features sections for Welcome, About NCBI, Mission, Organization, NCBI News, Blog, Submit, Download, Learn, Analyze, and Research. A search bar at the top right includes a 'Search' button and a link to 'Sign in to NCBI'. A 'Popular Resources' sidebar on the right lists: PubMed, Bookshelf, PubMed Central, PubMed Health, BLAST, Nucleotide, Genome, SNP, Gene, Protein, and PubChem. A 'NCBI Announcements' section at the bottom right discusses HTTPS at NCBI and a move to a new location.

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

Transfer NCBI data to your computer

Learn

Find help documents, attend a class or watch a tutorial

Analyze

Identify an NCBI tool for your data analysis task

Research

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

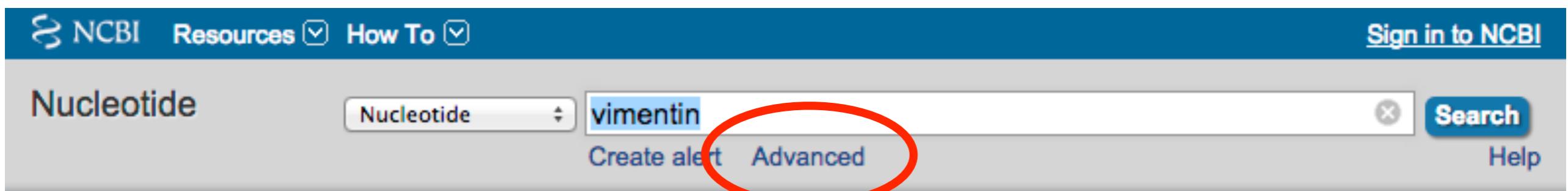
As originally announced on June 10, NCBI will be moving all web services to

27 Jul 2016

## ● 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。

- 國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)

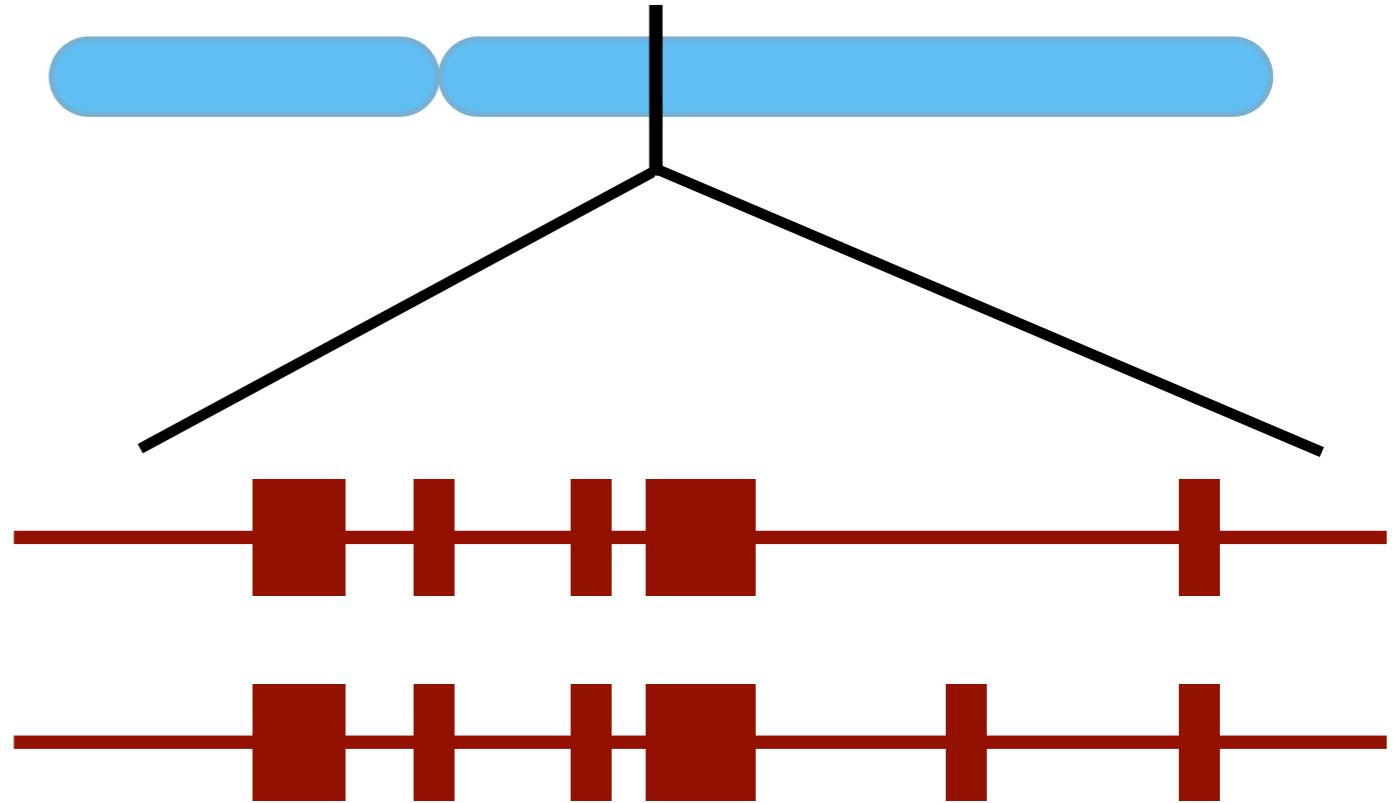
RefSeq ID:

NM\_001190326

NM\_022720

transcriptごと

(塩基配列ごと)



Symbol: DGCR8

Gene ID: 54487

遺伝子 (locus) ごと

## ● NCBI BLAST

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/>

(または BLAST をググる)

## ● UCSC BLAT

<http://genome.ucsc.edu/> → Tools / Blat へ

(または BLAT をググる)

- 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....



月が綺麗ですね

検索

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](#) ▾

ググる

# 統合遺伝子検索 GGRNA (ぐぐるな)



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** 《ググゲノム》へ
  - ヒトゲノムの検索例：<http://GGRNA.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。[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。[GGRNAの論文がNucleic Acids Researchに掲載されました。](#)
- [過去の新着情報](#)

## 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 (**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 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 AV151139.1

# 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 | ▶▶ | 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



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

[旧バージョン](#)

caagaagagat

Homo sapiens (human)

2016-08-05 17:37:37, GGRNA : RefSeq release 77 (Jul, 2016)

## Summary:

- [seq:caaaqaqaqat \(494\)](#)
- [INTERSECTION \(494\)](#)

## 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 family with sequence similarity 90 member A27, pseudogene \(FAM90A27P\), non-coding RNA. \(496 bp\)](#)

TITLE The DNA sequence and biology of human chromosome 19 JOURNAL Nature 428 (6982), 529-535 (2004) PUBMED 15057824

ttacgacgaatgacagagaaaaggaggcgaagtccaaagtccccagcagcagcagcgaagctccgacgcagacattcccaagaaaaatgcaggaaggccagcagaagatt  
gtttgttctgaggcatctaccatgccactgcctgtccacaccac **caagaagagat** ctgtcctggccctgtgtccacaggccaccgcctgtcaacaaacccgagatgagattactctgcccctcggtcacaacgat  
ttcacctcaactgagcacctgtggacccaccaaaggacatggcaggacgttactgcctccctgtccctgttaagagactcccaccagaccccccacttcagtgccaggctgccaacagggcctgacatgtcc  
tccatgggtctccagcctgccatgcaggcgcttgcctgggtcctggcttaatcccaggcagaaatcaa...

position 178

[NR\\_046365.1 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

### [Homo sapiens SUZ RNA binding domain containing 1 pseudogene \(LOC100130075\), non-coding RNA. \(1058 bp\)](#)

caccaggcaacggtgtggcagcagccccaaagtccgcttagcaggcccccccttcagtcaagtccctggcacagtggaaagccgagttacaccgaggccaggaagccgatcctggcagcgccaacccgaggagaa  
gcaggagaaaacccatctcgataggcttcctctgtatcttcccttcaggccaaccaggatctctaaccgcgaagacagcagacagccaaataatgtgtatcagacagcctctgggtcctgtatgggtcacacggcttc  
aaacagcgcagataaatgcagg **caagaagagat** ggccgcactgccgcgtcaacgcgtcctgggtcgtccccaagggttgcactaccgtggcagacagactggacttgagcagcgggaacttgacttactgcct  
ggtagatccccgttgcctcccccactgtgaccttgaatcccattgcactgtgacctcccccttccttcactgtgattggactttgacaaggactgtccaagtcaatggaaaggaaaaagggtgagggtag  
gagaagggtggggaaacccaccaattactcagagtagagtcagacaggc...

position 498

[NR\\_073494.1 - Homo sapiens \(human\) - NCBI - UCSC - RefEx\(expression\)](#)

### [Homo sapiens ZNF649 antisense RNA 1 \(ZNF649-AS1\), long non-coding RNA. \(580 bp\)](#)

of human genes JOURNAL Genome Res. 16 (1), 55-65 (2006) PUBMED 16344560

datccaaatataatctaccccccaaaaaacactttactaaaaacccatttcaaccctactcccttagaaacccaaatggccctttccaccccttaaaacaaaaacaaaaatgtccctgacaaatgtatggaa...

# 塩基配列を検索

統合遺伝子検索

**GGRNA**

ver.2



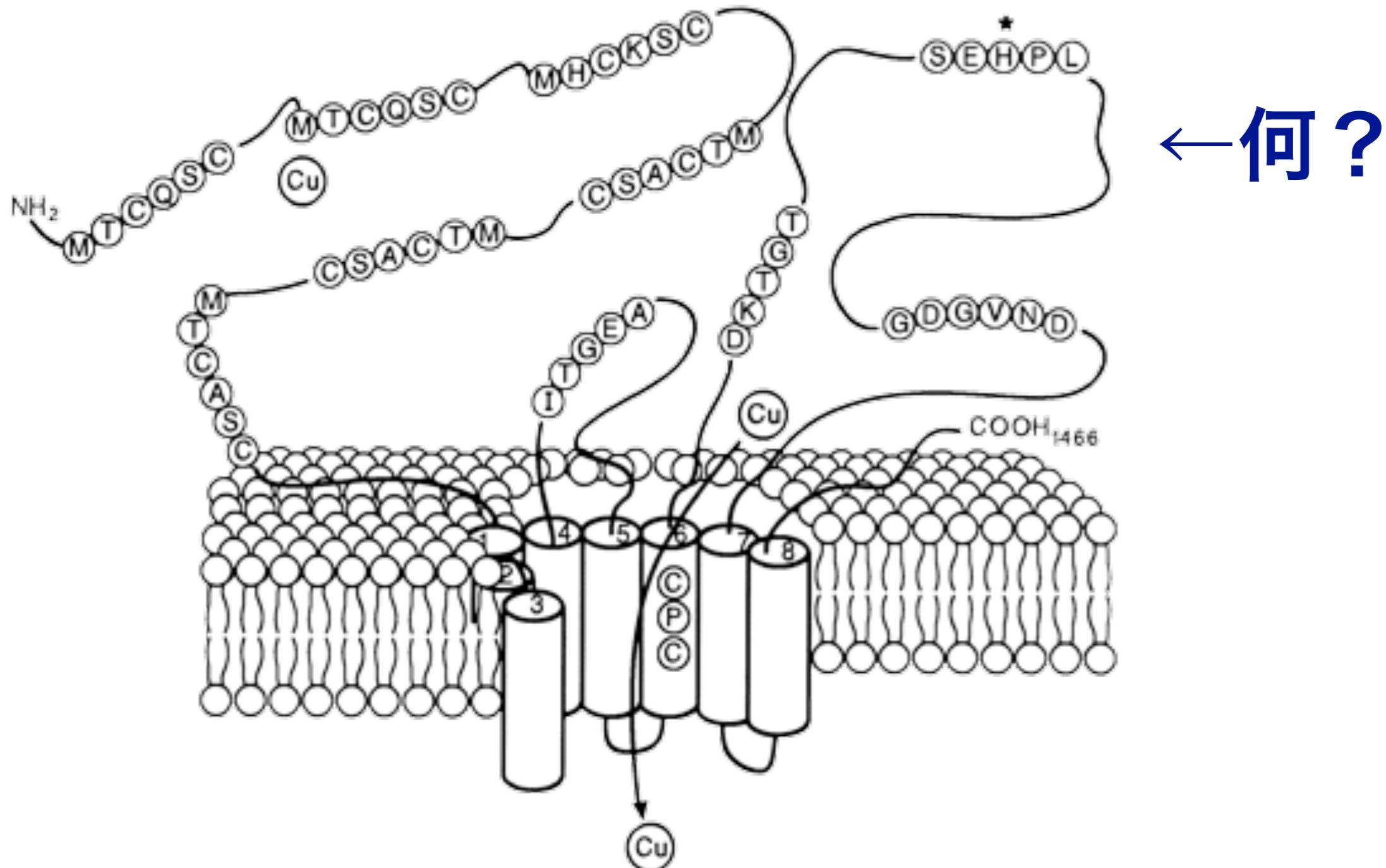
TODD

PICTURES

GALLERY

PICTURES

# 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

**GGRNA** ver.2

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

[旧バージョン](#)

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)

MERKLDNKMKRELSYLATLNDRNISLVAIRKQQAACDVPELLIIGEKSKTASPVKARRSLQKEEKLLQSYSMGKTEVNTVERQALSNIIDSPPDCELKPTMKHNFAFDNMGYE  
 ESSETVPSPPSQEHTVVVNIVG**MTCQSC**VQSIEGQISKVKGILRIKVSLEQNNAVIKYLQSEINPEQICQEILGMGFDASVAEEKSTAATVNPLSLKEAVVKLVEG**MTCQSC**  
**CVTNIEGKIRKMHGVAKIKVSLDNQEAIAYHPYIIQPDDLKRHISDMGYDCTIKSKSAPLKGALDLQRLQNAKS...KFSGYFVPFIIIISTVTLIVWITIGFVNFDIKKYFPN  
 QSKNISKAEIILRFAFQTTSITVLSIACPCSLGLATPTAVMVGTVAAQNGILIKGGKPLEMAHQIKTVMFDTGTITYGVPKVMRVLLMGDTAVLPLKKVLAVVGTAEAS**SEH**  
**PL**GMAVTKYCKEELGTESLGYCTDFQAIPCGGISCKVGGVEAVLGTAEEGPNQDANRSAALGDKAAITPLESQGPSASQKYSVLIIGNREWMRNRNGLNITNDVNDAMTN  
 HEMKGQTAILVAIDGVLCGMIAIADETVKQEAALAVHTLQS...**

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="MPEQERQITAREGASRKILSKLSPTRAWEPAMKKSFAFDNVGYEGGLDGLGPSSQVATSTVRILG**MTCQSC**VKSIEDRISNLKGIVSMKVSLEQGSATV  
 KYVPSVVCLQQVCHQIGDMGFEASIAEGKAASWPSRSLPAQEAVVCLRVEG**MTCQSC**VSSIESTVRKLQGVVRVKVSLSNQEAVITYQPYLIQPEDLRDHVNDMGFEAAI  
 KNKVAPLSLG...GEDNLIIREEQVPMELVQRGDIVKVVPGGKFPVDGKVLEGNTMADESPLITGEAMPVTKPGSTVIAGSINAHSVLIKATHVGNDTTLAQIVKLVEEAQM  
 SKIKTVMFDKTGTITHGVPRVMRVLGGDVATLPLRKVLAVVGTAEAS**SEHPL**GVAVTKYCKEELGTETLGYCTDFQAIPCGIGCKVSNVEGILAHSERPLRALASHLNEA  
 GSLPAEKDAAPQTFSVLIGNREWLRNGLTISSDVSDAMTDHEMKGQTAILVAIDGVLCGMIAIADEAVKQEAALAVHTLQSMGVDVVL..."

AA\_position 66 956

XM\_016925314.1 - Pan troglodytes (chimpanzee) - [NCBI](#)

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・・・

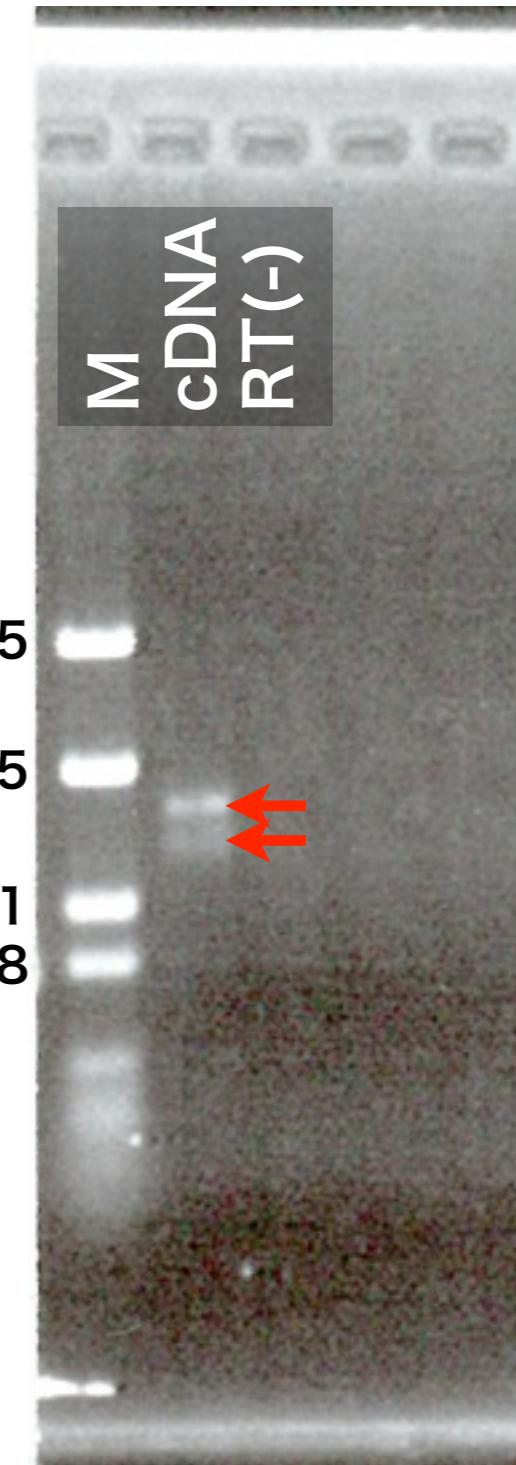
primer-F:

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

# PCRのプライマー

- seq:aqctcattactttatcaqtqca (2)
  - comp:tqacgtattcactcttctqggt (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)  
tgaaaaaaattcaggacttgggctgagcgccggcaattcaatcgaaaatgaagcggaagcaggcgagtcgcggccatcttgcagccaatcaga**agtcattactttatcagtgc**aagatgcacccacaaag  
aaagagttgttattaaccccaacggaaatccgaggctgcacccatctgcacgactatgcacgtgtcccaaggccctgtctataatttcttgaatgtgcccgagctacactggaaatccatccctgactttgtta  
aacagacctctgaagagaagccccaaagacagtgaagaactcgagtatttaaccacatcagcatcgaggactcgccggctacgagctgaccagcaaggctggcttgtctccatatcagatcctccacgagtgccta  
**aaccagaagagtgaatacgtcat**ggcgtgtggcaagcacacagtgcgcgggtggtaagaacaagagagtggaaagc  
agtttagcctcacagaagatdttcactgtgtggccatg...  
position 1892 2272      **2272 - 1892 = 380**  
Synonym: C22orf12; DGCR8; Gyr; pasma  
NM\_001190326.1 - Homo sapiens (human) - NCBI - UCSC - RefEx(expression)

[Homo sapiens DGCR8 microprocessor complex subunit \(DGCR8\), transcript variant 1, mRNA. \(4536 bp\)](#)  
gaagcggaaggcggaggccatcttgcgcaga **agtcattactttatcagtgca** agatgcacccacaagaaagatgttattaaccccaacggaaatccgaggtctgcacccgc  
cgagtacatgcacgtgtcctaaggccgcgtctataatttcttgaatgtgagaacccaagtgagcccccgcctcggtgaccattgtatgggtgacttacggatctggaaactgcaagcagaaaaacttgcga  
agaataaaagctgcccggactacactggaaatcctcatccctgactttgttaaacagacctctgaagagaagccccaaagacagtgaagaactcgagtatttaaccacatcagcatcgaggactcgccggctacgagctg  
ggcaaggcacacagtgcgcgtgtgtataaaaacccatggatgggtgacacgttatcaagttgaagtggccctggaaa **aaccagaagagtgaatacgtca** tggcggt  
position 1892 2371 **2371 - 1892 = 479**  
Synonym: C22orf12; DGCR8; Gy1; pasha  
NM\_022720.3 - Homo sapiens (human) - NCBI - UCSC - RefEx(expression)

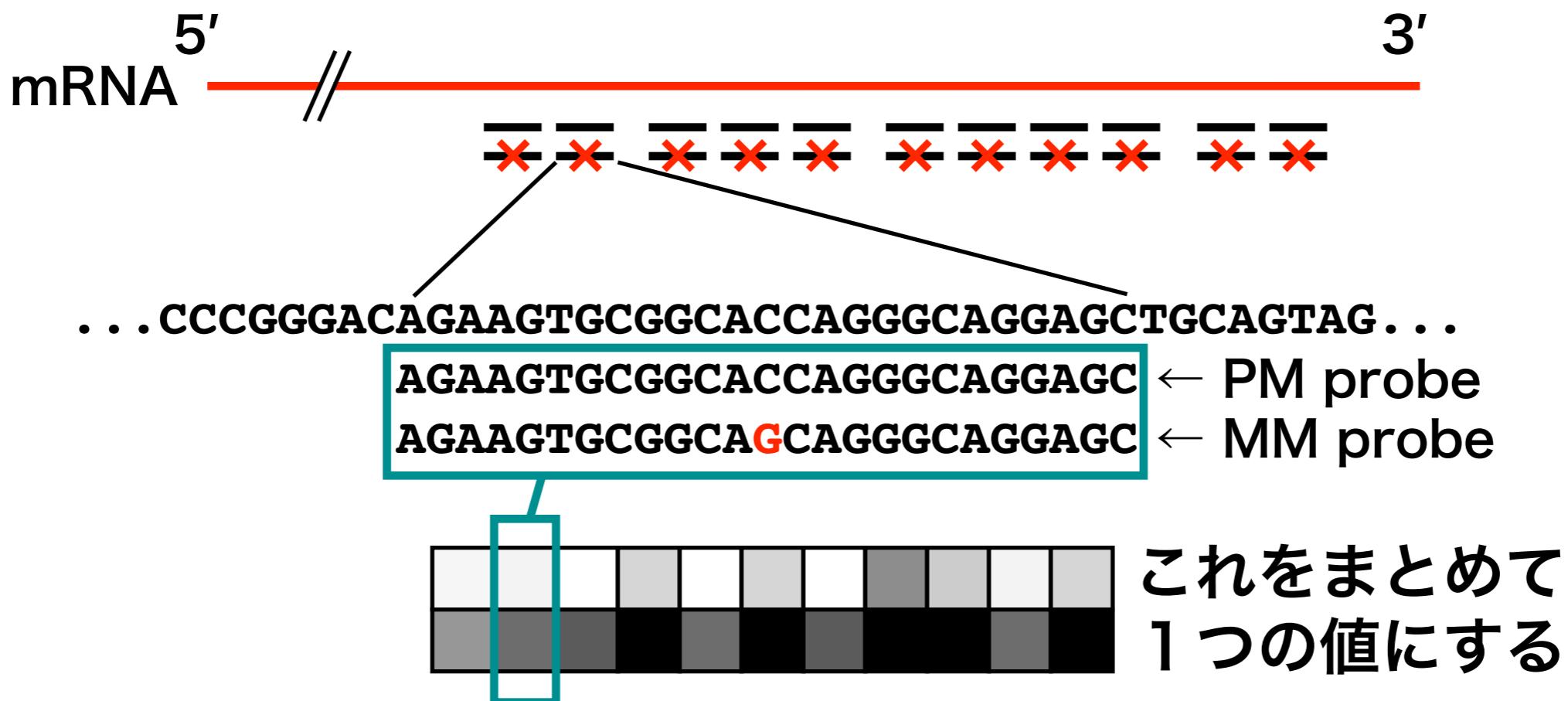
## Data Export:

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



TOE PICTURE  
GALLERY

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

1552311\_a\_at

検索

Homo sapiens (human)



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)

cagccgcacggccaaaggactctgagcaaggaggctgtcgccggggccgagaaccgcgtggactggcaagcacggctggccagtgcagcaggagggggccctgaggcatggatggacagtctggccacgc  
 ccacctccgggacagaagtgcggcaccaggcaggagctgcagtagctaccctccccgtctccagcctggctccccagatcactcccagatcaccaggtcacccatctctaggcggcacccacaca  
 ccagtccgtggccaacgccccccatcaccaaatgtcaccgcacaccaggcagtgggacacggcagtaagcacaagaagattttttttaaagctaaaccaggccaggtgcggctcatgcctgta  
 atcccagtgcggaggctgaggtggaggattgtgagaccagcctgggtgacacagcaagacccatctccacaaaacgttttaaaatgtgccgggtgtactggtgacacactgtcatccagctaccaag  
 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\(expression\)](#)

# マイクロアレイのプローブID

```
variation      complement(1972)
/gene="RAX2"
/gene_synonym="ARMD6; CORD11; QRX; RAXL1"
/replace="a"
/replace="t"
/db_xref="dbSNP:8103165"

variation      complement(1989)
/gene="RAX2"
/gene_synonym="ARMD6; CORD11; QRX; RAXL1"
/replace="c"
/replace="g"
/db_xref="dbSNP:6510769"

polyA_signal   2131..2136
/gene="RAX2"
/gene_synonym="ARMD6; CORD11; QRX; RAXL1"

polyA_site     2155
/gene="RAX2"
/gene_synonym="ARMD6; CORD11; QRX; RAXL1"

ORIGIN
gccccaggccgtggggcaggtgtcccgtaaaatcgacggggctgcgtggcggtggagccatgttcctgagcccggcgagggggccggcaaccgagggt
gggggtctggggccggcgaggaggcccccaagaagaaggcaccggaggaaccgcaccacccatcaccacccatccagctgcaccagctggagcggcggtcgaggcctc
tcactaccggatgttacagccgtgaggagctggcagccaagggtgcacctacccatgggtgcgcgtgcagggtgtggttccagaaccggccggccaagtggcgccgccc
aggagcggctggagtcaggctgggtgccgtggcagtcggactcccgaggccccccagcgcgtgcgtgcggccggccatgtcgctgcccctggagcccc
tggttgggccccggaccgcggccgtgccaggccctccccgcctcctggccggccggccggctgcaagcgtccttcggccatgcctttgtccacccatgc
agatggcttcgcgcctggaggaggcggtccctgcggctgtggccaaggaaacatgcacaggctctggacagggctggccgcagccctgagcctgcgcgcctccggc
ccctcctcgcccaacccgagaaccggggacgtgcgcctggtagccaccacgcgcctggccatggccagggtcatggagcaaccgtggcaggccaccac
caactggggagcgggaccagagagacaggctgtgggtccctgcgcctccatccgtctccacccatgcgcaccgcgtctgtggcagcggactggccggactgtc
aggcaggaggtgacccaagtatttcaggccagggtgcggggacccctccctccctgggcctcagtctcctgtctgttaattggcgtggggctccgaggttcg
aggcgtgcaggctgtgggtggcgggaccgcgtactctgttaagatgagtgtaaatctctctgttctctaattcccatcagcagagctgcactctccaggctcc
cagtccctggaaaataacaaatagcagcagctccgcgagcgtggctctcaccgtgtgcgcctgtgagcactccctctccgtgtgccttgacactcg
gcacagctgtcagccatttatagagagggaaaccgggcttaggcaggaagccagggtcccaaagtgcacggccaggagtggtggactgccttcagaccca
tcaccggcttaccgtccggggcacagcgacagggtctggagagaggggtgggtcccgccagggtgcgtggggctccagggtggaggccggctgatgtgggtgt
tcgtcatcgtcagaccgttccctacgtccccacagaccccgaggccctgtgcattgtcccaactggaggcatggccaggcatctgtctgtccaaaccagccgcacgc
caagagctctgagcaaggaggctgtcgccggccgagaacccgtggactggcaagcacggctggccagggtgcaggcaggggggccctgaggcatggatggac
agtctggccaggcgccacccatcccgacagaaggatgcggcaccaggcaggagctgcagtagctaccctccctgtccaggctggctcccaatccatcactccca
caccaggtaaaaaatctttaggcggcacccatccacacaccaggctgtccaaacgcggccatcaccatgtcaccgcacaccaggcaggatggggacacggcagg
aaggcacaagaaaatttttttaaagctaaaccaggccagggtgcgggtggctcatgcctgttaatcccaatgtgcgtttggggagggtgagggtggaggattgtt
ccaggctgggtgacacagcaagacccatctccacaaacgttttaaaatgtgcgggtgtactggtgcacacactgtcatcccagctacccaaagaagctgaggcaag
aggatcacttgagcccagaagggtcgaggctgcaggagctgtgatcacactgtgcactccagcctgtcaacagagccagaccctgactcaataaaaaaac
aaatctaaaacaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa
```

<http://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。

超絶高速ゲノム配列検索  
**GGGenome**

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

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

検索窓 |  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25%まで)

双方向を検索  +方向のみ検索  -方向のみ検索

検索例 :

- [ [TTCATTGACAAACATT](#) ] ..... 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 : <http://GGRNA.dbcls.jp/hs/nanog>

検索結果へのリンク :

- [http\[s\]://GGGenome.dbcls.jp/db/k/\[strand\]/sequence\[.format\]\[.download\]](http://GGGenome.dbcls.jp/db/k/[strand]/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。あまり大きいとしほうする。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
  - 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 : <http://GGGenome.dbcls.jp/TTCATTGACAAACATT>
  - 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)
  - [TTCATTGACAAACATT](#) を検索し
  - html 形式 (省略可) で結果を返す
- 例2 : <http://GGGenome.dbcls.jp/mm10/2/+//TTCATTGACAAACATTGCGT.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

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25%まで)

双方向を検索  +方向のみ検索  -方向のみ検索

2017-06-28 06:20:32, GGGenome : Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

#### Summary:

- [TTCACTGACAACATTGAGTA \(1\)](#)
- [TACTCAATGTTGTCAGTGAA \(0\)](#)
- **TOTAL (1)**

#### Results:

検索語に色がつきます (ミスマッチ・挿入欠失)。

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

◀◀ | ページ  / 1 | ▶▶ | C

1件中

#### Data Export:

下記のフォーマットで最大100000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。
- CSV形式 → [表示](#) | [ダウンロード](#)  
エクセル等の表計算ソフトにて開くことができます

ゲ ゲ ゲ  
**GGGenome** による塩基配列検索



超絶高速ゲノム配列検索

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

**GGGenome**

TTCACTGACAACATT

検索

Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)



許容するミスマッチ/ギャップの数: 0 (検索する塩基配列の長さの25%まで)

双方向を検索  +方向のみ検索  -方向のみ検索

2017-06-28 06:20:47, GGGenome : Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

#### Summary:

- [TTCACTGACAACATT \(10\)](#)
- [AATGTTGTCAGTGAA \(7\)](#)
- **TOTAL (17)**

#### Results:

検索語に色がつきます (ミスマッチ・挿入欠失)。

[chr1:173400829-173400843](#) ▼173400829  
TTTCACATGCACTACCTGCCTGCTGTCCTTCACTGACAACATTTCAGGGTCTCGCAAGGCATGGAATACAATG

[chr1:197463616-197463630](#) ▼197463616  
AATGATCTTACTGTTAACACTGCACTTATTCACTGACAACATTACTTAAAGAAAAGAGATTATGATTGGATAAA

[chr2:30898313-30898327](#) ▼30898313  
GCCCCCAGCCACTTATATGTATTTTAAATTCACTGACAACATTGAGTAGAAAAGATAATTTTTTTTTGA

[chr2:163535086-163535100](#) ▼163535086  
TGAGAAAGAGGACACCCTAACGAAATTATGGCTTCACTGACAACATTAGAGAACATATCAAACGAATATTCA

[chr3:117135824-117135838](#) ▼117135824  
TCCCCCTAGCAAATCAATTCAACTTCTGTTATTCACTGACAACATTGTTTTTCACTGGCTGCAGCTTTCACAA

chr1:128011007-128011021

▼128011007

ゲ ゲ ゲ  
**GGGenome** による塩基配列検索



超絶高速ゲノム配列検索

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

**GGGenome**

TTCACTGACA

検索

Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)



許容するミスマッチ/ギャップの数 : 0 (検索する塩基配列の長さの25%まで)

双方向を検索  +方向のみ検索  -方向のみ検索

2017-06-28 06:21:00, 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  
CCGCAGGGCTCTGCCACATCCCTGTCTTCCTTCAGTCACTGACATGAAACGCAGAAAAGGCAGCTTGCCACAA

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

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

chr1:6720805-6720804

ゲ ゲ ゲ  
**GGGenome** による塩基配列検索



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25%まで)

双方向を検索  +方向のみ検索  -方向のみ検索

2017-06-28 06:21:13, 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~~CAGT~~AGATGAAAAATGTGTAGCTGTAATTCAATTGA

[chr1:106947513-106947532](#) ▼106947513  
TAGAAAACATACCAACATAAAGAAGCAATCTTTCACTG~~CACAA~~-ATTGAGTA~~T~~AAAATTAAACCGTTGAAAGGGTCATTA

[chr2:30898313-30898332](#) ▼30898313  
GCCCCCAGCCACTTATATGTATTTTAAATTCACTGACAACATTGAGTA~~G~~AAAAGATAATTTTTTTGAGACAG

[chr2:141517099-141517116](#) ▼141517099  
TTTATTTCTTAACACAGCCTTGATAAAATTCACTGAC-ACATTGAGT-TAGCCATAGTGTGAATGGGAGACTGCCA

[chr2:163535086-163535103](#) ▼163535086  
TGAGAAAGAGGACACCCTAAGAATTATGGTTCACTGACAACATT-AG-AGAACATATCAAACCAAACGAATATTCTGG

[chr2:186201205-186201224](#) ▼186201205

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

# 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

chr1:77,930,953-77,930,971 19 bp. enter position, gene symbol, HGVS or search terms go

chr1 (p31.1) 1p31.1 1q12 1q41 1q43.44

Scale chr1: 77,930,955 77,930,960 77,930,965 77,930,970 hg19  
---> T T C A C T G A A C A T C A G T A  
UCSC Genes (RefSeq, GenBank, CCDS, Rfam, tRNAs & Comparative Genomics)

AK5 AK5 RefSeq Genes

RefSeq Genes Publications: Sequences in Scientific Articles

Sequences SNPs Gene Expression in 53 tissues from GTEx RNA-seq of 8555 samples (570 donors)

AK5 H3K27Ac Mark (Often Found Near Active Regulatory Elements) on 7 cell lines from ENCODE

100 Layered H3K27Ac

DNase Clusters DNaseI Hypersensitivity Clusters in 125 cell types from ENCODE (V3)

Txn Factor ChIP Transcription Factor ChIP-seq (161 factors) from ENCODE with Factorbook Motifs

4.88 100 vertebrates Basewise Conservation by PhyloP

100 Vert. Cons -4.5

Gaps Multiz Alignments of 100 Vertebrates

Human T T C A C T G C A A C T T C A G T A  
Rhesus T T C A C T G C A A C T T C A G T A  
Mouse = = C = G = C = T = G = C = A = C = G = T = C = A = G = T = C = A =  
Dog = T C = G = C = T = G = C = A = C = T = T = T = T = C = A = G = T = C = A =  
Elephant T T C A C T G C A A C T T C A G T A  
Chicken X\_tropicalis Zebrafish Lamprey

Common SNPs(147) Simple Nucleotide Polymorphisms (dbSNP 147) Found in >= 1% of Samples

Database of Genomic Variants: Structural Variation (CNV, Inversion, Indel)

- 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/**AGPv3/2/ATAGGACCATA[.txt]**

暗号化通信  
に対応

①トウモロコシ  
**AGPv3** 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

← → C [gggenome.dbcls.jp/hg19/2/TTCACTGACAACATTGAGTA.html](http://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25%まで)

双方向を検索  +方向のみ検索  -方向のみ検索

2017-06-28 06:33:35, 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  
AGCAGTACTCAAGATCACCTTTTAAAG**TTCACTG-CAACATT**CAGTAGATGAAAAATGTGTAGCTGTAATTCAATTGA

[chr1:106947513-106947532](#) ▼106947513  
TAGAAAACATACCAACATAAAGAACAT**TTCACTG**CACAA-ATTGAGTAATAAAATTAAACCGTTGAAAGGGTCATTA

[chr2:30898313-30898332](#) ▼30898313  
GCCCCCAGCCACTTATATGTATTTTAA**TTCACTGACAACATT**GAGTAGAAAAGATAATTCCCCCTTGGAGACAG

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

[chr2:163535086-163535103](#) ▼163535086  
TGAGAAAGAGGGACACCCTAAGAATTATGG**TTCACTGACAACATT**-AG-AGAACATATCAAACCAAACGAATATTCTGG

# GGGenome を他のツールから呼び出す



← → C gggenome.dbcls.jp/hg19/2/TTCACTGACAACATTGAGTA.txt

# GGGenome を他のツールから呼び出す

← → C ggenome.dbcls.jp/hg19/2/TTCACTGACAACATTGAGTA.json

```
{  
  database: "Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)",  
  error: "none",  
  - results: [  
    - {  
      name: "chr1",  
      position: 77930953,  
      position_end: 77930971,  
      snippet:  
        "TCATGAAATGGAAGTGCTGCCACTTCAGGGCCTGTAAAGAGATAATGCTGATGCCAGGCCAGGGAAAAAGCAGTACTCAAGATCACCTTTAAAGTTCA",  
      snippet_end: 77931071,  
      snippet_pos: 77930853,  
      strand: "+"  
    },  
    - {  
      name: "chr1",  
      position: 106947513,  
      position_end: 106947532,  
      snippet:  
        "TCATCTGGTCTATATGTCATGTTGATAACATCAAAACACGGAAAGTATAGGAAATAACATAGAAAACATACCACATAAAGAAGCAATCTTC",  
      snippet_end: 106947632,  
      snippet_pos: 106947413,  
      strand: "+"  
    },  
    - {  
      name: "chr2",  
      position: 30898313,  
      position_end: 30898332,  
      snippet:  
        "TTGATCTCCTGACCTCGTATCCACCTGCCTGCCCTCCCAAAGTGGTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCCCAGCCACTTATGTATTTAAATTCAC",  
      snippet_end: 30898332,  
      snippet_pos: 30898313,  
      strand: "+"  
    }  
  ]  
}
```

# 表計算ソフトから GGGenome 検索

# 表計算ソフトから GGGenome 検索

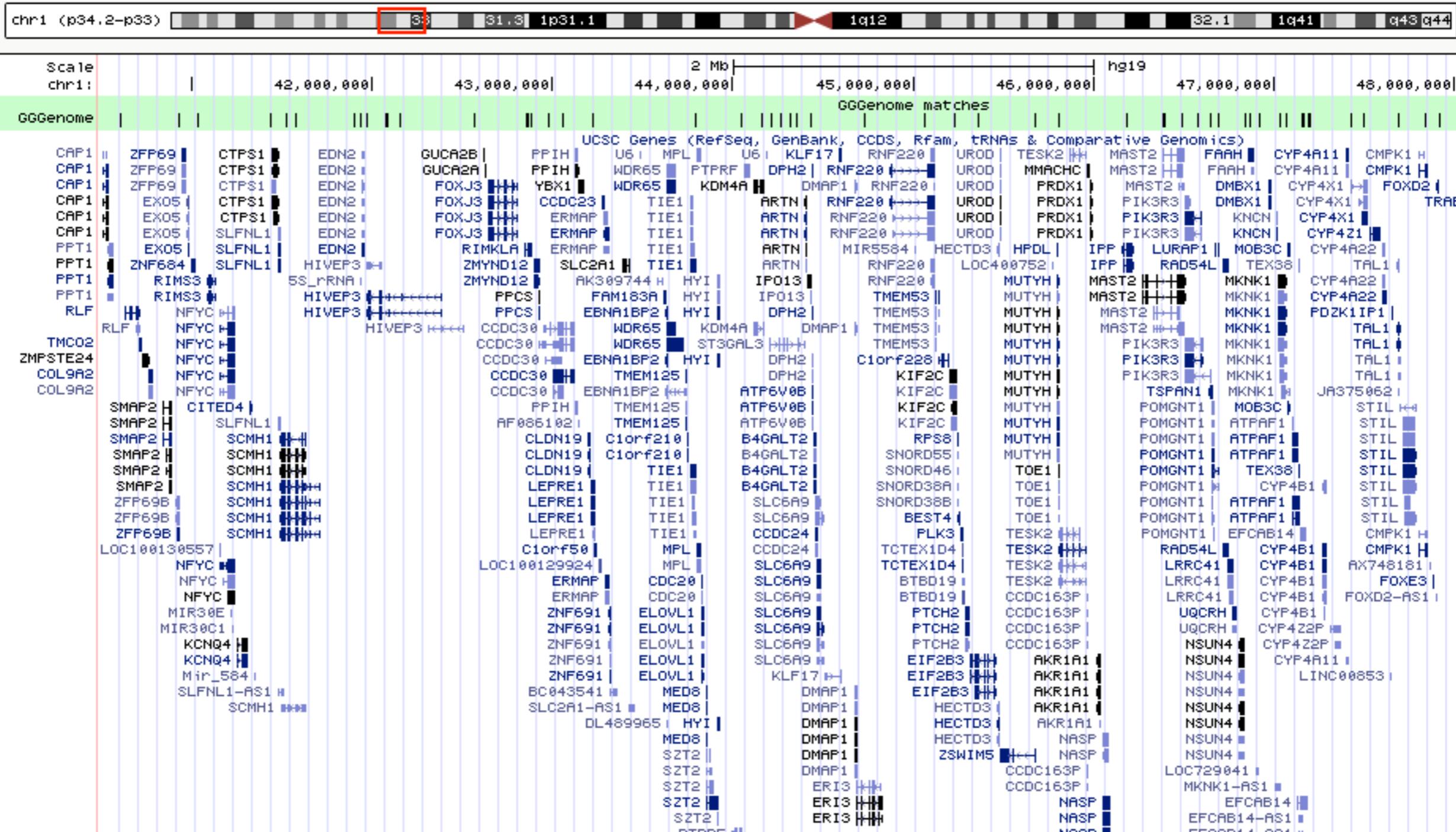
# ヒットをゲノムブラウザ上に表示

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

enter position, gene symbol or search terms  go

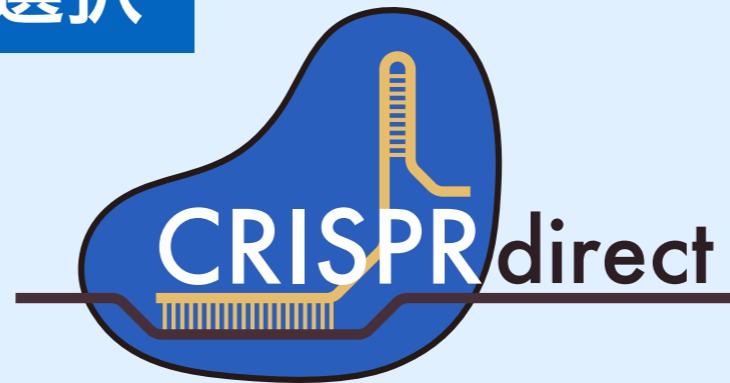


<http://GGGenome.dbcls.jp/>

- **ゲノムを高速に検索可能**  
260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

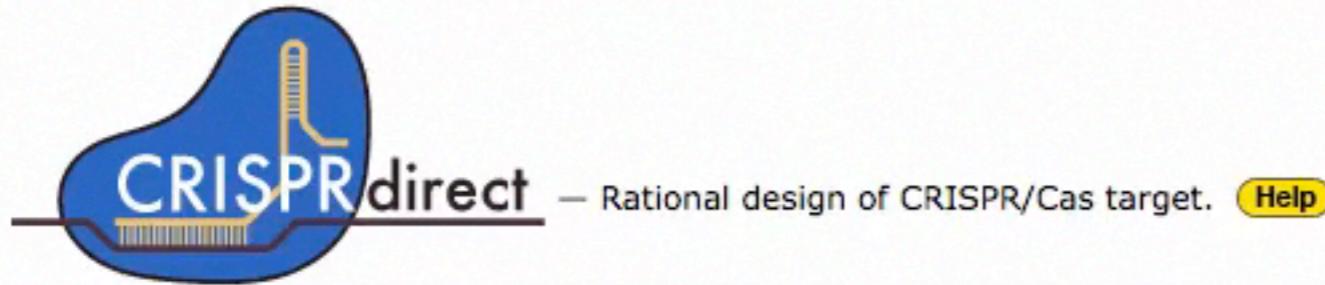
高速で正確な塩基配列検索ツール

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



wordが完全一致せず  
BLASTで検索できない

# CRISPRdirect によるガイド RNA 設計



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

Accession番号

または  
塩基配列 を入力

PAM

オフターゲット検索のための  
生物種 を選択

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

PAM sequence requirement:  (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

retrieve sequence

or Paste a nucleotide sequence: ?

```
agtgcaccccccgttcgcctcgctcgagctcgcgttactttacaccgcccggccgagctctccagactccggaggaggaaagcg  
atcggttacacgtacgcctcgtaaggcagaaggcagaacatctgaagaatggctgacgaggatattcaacctatttgtgtgcgacaatg  
gcactggaatggtaaaggcagggtttgctggatgtatgcaccaaggccgtttcccttagcattgttagggagaccacgtcacacc  
ggtgtcatggttgggatgggccaaggatgcctatgtgggtatgtgaagctcaggcaaaaagggtatcctgactctaaagtaccc  
aattgaacatggaaattgtcaataactgggatgacatggagaaaatatggcaccacacccatcataatgagcttcgtgtgcaccc  
aagatcaccctgtattactaactgaagccccctctaattcccaaagccaaacagagagaagatgacacagatcatgtttgagaccc  
aattgcccagcaatgtatgtcgcaatccaggctgttatccttgt
```

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: rice



?

design

What's new:

- 2017-06-19 African wild rice (*Oryza brachyantha*) genome, *Oryza\_brachyantha.v1.4b* (May, 2011)
- 2017-06-05 African wild rice (*Oryza glaberrima*) genome, AGI1.1 (May, 2011)
- 2017-02-17 Brazilian wild rice (*Oryza glumaepatula*) genome, ALNU02000000 (Aug, 2013)
- 2017-01-23 Longstamen rice (*Oryza longistaminata*) genome, v0117-2013Aug (Aug, 2013)
- 2016-12-14 Australian wild rice (*Oryza meridionalis*) genome, *Oryza\_meridionalis\_v1.3* (Oct, 2014)
- 2016-09-05 Indian wild rice (*Oryza nivara*) genome, AWHD00000000 (Aug, 2013)
- 2016-08-30 Red rice (*Oryza punctata*) genome, AVCL00000000 (Aug, 2013)
- 2015-10-05 Brownbeard rice (*Oryza rufipogon*) genome, PRJEB4137 (Aug, 2013)
- 2015-01-13 Rice (*Oryza sativa ssp. indica*) genome, ASM465v1 (Jan, 2005)
- 2014-11-21 Rice (*Oryza sativa ssp. japonica*) genome, Os-Nipponbare-Reference-IRGSP-1.0 (Oct, 2011)

# CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

- 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	-	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 [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	-	ccaaactccggaggaggaaagcga [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [detail]	6 [detail]	375 [detail]
72 - 94	-	ccggccgagctctccagactccgg [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	+	catctgaagaatggctgacgtgg [gRNA]	50.00 %	69.80 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	1388 [detail]
151 - 173	+	caacccatttgtgtgcgacaaatgg [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]
154 - 176	-	cctatttgtgtgcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	atttgtgtgcgacaaatggcacatgg [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:

# CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

- 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	-	cctcccggttcgcctcgctcgcg [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	5 [detail]	370 [detail]
10 - 32	-	cccgtttcgccctcgctcgcgagct [gRNA]	70.00 %	83.41 °C	-	SacI	1 [detail]	1 [detail]	276 [detail]
11 - 33	-	ccgttccgcctcgctcgcgagctc [gRNA]	70.00 %	83.41 °C	-	SacI	1 [detail]	4 [detail]	911 [detail]
18 - 40	-	cctcgctcgcgagctcgcttac [gRNA]	70.00 %	83.41 °C	-	SacI	1 [detail]	4 [detail]	1072 [detail]
47 - 69	-	ccggccggccgagctctccaga [gRNA]	75.00 %	83.41 °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	+	ccggccggagctctccagactc [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	+	ccggccggagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	BspEI SacI	1 [detail]	4 [detail]	793 [detail]
56 - 78	-	ccggccggagctctccagactccggagg [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	-	ccaaactccggaggaggaggacg [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [detail]	6 [detail]	375 [detail]
72 - 94	-	ccggaggaggaggacgatcgttac [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	+	gaaggcagaacatctgaagaaatgg [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

# CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

- 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	-	cctcccggttcgcgcctcgctcgcg [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	-	cctcgctcgcgagctcggttac [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	+	ccggccggagctctccagactcgg [gRNA]	70.00 %	80.41 °C	-	SacI	1 [det]		
53 - 75	-	ccggccggagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	SacI	1 [det]		
56 - 78	+	ccggccggagctctccagactccggagg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	BspEI SacI	1 [det]	4 [detail]	793 [detail]
56 - 78	-	ccggccggagctctccagactccggagg [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	-	ccggccggagctctccagactccgg [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	+	caacccatttgtgtgcgacaaatgg [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [det]	3 [det]	303 [detail]
154 - 176	-	cctatttgtgtgcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [det]	1 [det]	667 [detail]
157 - 179	+	atttgtgtgcgacaaatggcacatgg [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

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

- 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						NruI SacI	1 [detail]	4 [detail]	911 [detail]
18 - 40						NruI SacI	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 SacI	1 [detail]	4 [detail]	793 [detail]
56 - 78						BspEI 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 PvuI	1 [detail]	14 [detail]	3180 [detail]
102 - 124	-	cctcggtcaaggcagaaggcagaaca [gRNA]	50.00 %	71.33 °C	-		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	-	cctatttgtgtgcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	atttgtgtgcgacaaatggcac[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]

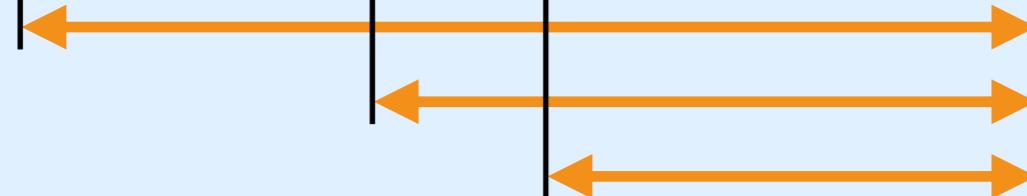
Showing 1 to 20 of 71 entries

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

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

show highly specific target only

Site		sequence information				off-target sites			
		GC% of 20mer	Tm of 20mer	TTTT in 20mer	SITES	+PAM	+PAM	8mer +PAM	
-	-	cctcccggttcgcgcgtcgcgca [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	5 [detail]	370 [detail]
<b>10 - 32</b>	-	cccgtttcgccctcgctcgcgagct [gRNA]	70.00 %	81.73 °C	-	NruI	1 [detail]	1 [detail]	276 [detail]
11 - 33	-	ccgttgcgcctcgctcgcgagctc [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	+	ccggccggagctctccagactc [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]	1 [detail]	2679 [detail]
56 - 78	+	ccggccggagctctccagactccgg [gRNA]	70.00 %	80.27 °C	-	BspEI SacI	1 [detail]	1 [detail]	1 [detail]
<b>56 - 78</b>	-	ccggccggagctctccagactccggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI SacI	1 [detail]	1 [detail]	1 [detail]
59 - 81	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	65.00 %	79.68 °C	-	BspEI	1 [detail]	1 [detail]	1 [detail]
65 - 87	-	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [detail]	1 [detail]	1 [detail]
72 - 94	-	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	55.00 %	73.00 °C	-	BsiEI PvuI	1 [detail]	14 [detail]	3180 [detail]
102 - 124	-	ccgtcaaggcagaaggcagaaca [gRNA]	50.00 %	71.33 °C	-		0 [detail]	3 [detail]	588 [detail]
114 - 136	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	40.00 %	65.99 °C	-		0 [detail]	7 [detail]	1117 [detail]
123 - 145	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	50.00 %	69.80 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	1388 [detail]
151 - 173	+	ccggccggagctctccggaggagg [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]
<b>154 - 176</b>	-	ccgttgtgtgcgacaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	ccgttgtgtgcgacaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	2 [detail]	499 [detail]
162 - 184	+	ccgttgtgtgcgacaatggcac [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:

緑：おすすめ

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

- 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	-	cctcccggttcgcctcgctcgcg [gRNA]	75.00 %	83.48 °C	-	NruI	1 [detail]	[detail]	370 [detail]
<b>10 - 32</b>	-	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]
<b>56 - 78</b>	-	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	-	ccaaactccggaggaggaggacg [gRNA]	65.00 %	78.93 °C	-	BspEI	1 [detail]	6 [detail]	375 [detail]
72 - 94	-	ccggccgagctctccagactccggagg [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	+	caacccatttgtgtgcgacaaatggc [gRNA]	45.00 %	69.15 °C	-		1 [detail]	3 [detail]	303 [detail]
<b>154 - 176</b>	-	cctatttgtgtgcgacaaatggcac [gRNA]	50.00 %	72.27 °C	-		1 [detail]	1 [detail]	667 [detail]
157 - 179	+	atttgtgtgcgacaaatggcacatgg [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:

# CRISPRdirect によるガイド RNA 設計



|  |  | more: 0  

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)
- tcagcqaacgaaaaacaaacgggNGG (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  
TCGGCGGGCGGGGTGTAAAGTAACGCGAGCTCGCGAGCGAGGGGAACGGGAGGTGCACTGCTGGTCTGGACGGACGAAGA

## 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](#)

# CRISPRdirect によるガイド RNA 設計



— Rational design of CRISPR/Cas target.

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

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)
- tcaccqaaqcggggacgggNGG (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  
CCAACGAGGCCAGGTGAGCTCTCCCCCTCCCCCCGATTGCCCTCGCTTCGCGACCAGGTTCACTTGAGCTGGGTTGCACTGAC

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

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

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

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

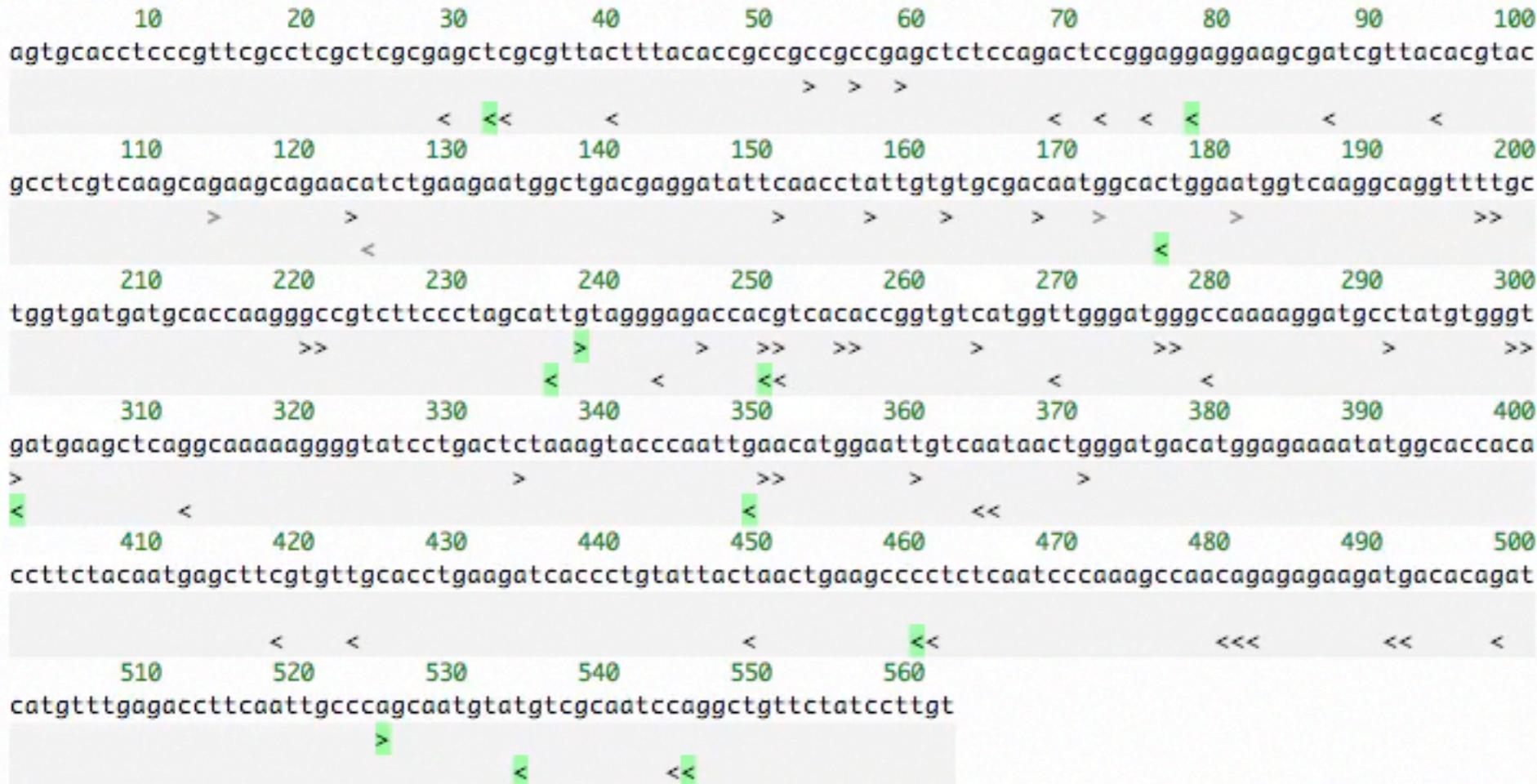
# CRISPRdirect によるガイド RNA 設計

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

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

### **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 | 2017-06-28 07:12:12 ]
# sequence_name:
# pam_sequence: NGG
# specificity_check: Rice (Oryza sativa ssp. japonica) genome, Os-Nipponbare-Reference-IRGSP-1.0 (Oct, 2011)
# start end strand sequence GC Tm TTTT RE_sites hit_20mer
hit_12mer hit_8mer

# 370
7 29 - cctcccgattcgcctcgactcacgaa 75.00 83.48 0 NruI 1 5
370
10 32 - cccattcgcctcgactcgcgaaat 70.00 81.73 0 NruI 1 1
276
11 33 - ccgttcgcctcgctcgcaatctc 70.00 81.09 0 NruI,SacI 1
4 911
18 40 - cctcgactcgcgaaatcgatcc 70.00 80.24 0 NruI,SacI 1
4 1072
47 69 - ccggccgcgcggaaatctccaggaa 75.00 84.25 0 SacI 1 305
79033
50 72 - ccggccgcgcggaaatctccaggaa 70.00 80.41 0 SacI 1 37
3555
53 75 + ccggccgcgcggaaatctccaggaa 70.00 80.41 0 SacI 1 3
175
53 75 - ccggccgcgcggaaatctccaggaa 70.00 80.27 0 SacI 1 15
2679
56 78 + ccggccgcgcggaaatctccaggaa 70.00 80.27 0 BspEI,SacI 1
4 793
56 78 - ccggccgcgcggaaatctccaggaa 65.00 79.68 0 BspEI,SacI 1
1 1295
59 81 + agctctccaggaaatctccaggaa 65.00 79.68 0 BspEI 1 2
59

```

# 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_db	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	-	cctcccggttcgcctcgctcgcgaa	75	83.48	0	Nrul	1	5	370				
8	10	32	-	cccggttcgcctcgctcgcgagct	70	81.73	0	Nrul	1	1	276				
9	11	33	-	ccggttcgcctcgctcgcgagctc	70	81.09	0	Nrul,Sacl	1	4	911				
10	18	40	-	cctcgctcgcgagctcgcgttac	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	-	ccagactccggaggaggagaagc	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	+	atggtcaaggcagggtttgtgg	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

260種 (うち植物は80種 ; SIPの作物等)

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

## テキスト比較ツール **diffff** 《デュフフ》 ver.6.1

“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”

### ● 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

### ● **diffff** 《デュフフ》 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 ュフフ》 ver.6.1

“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 ュフフ》 のしくみ

- UNIXの**diff**コマンド（行ごとに比較）を利用



Is this a pen?!?!!

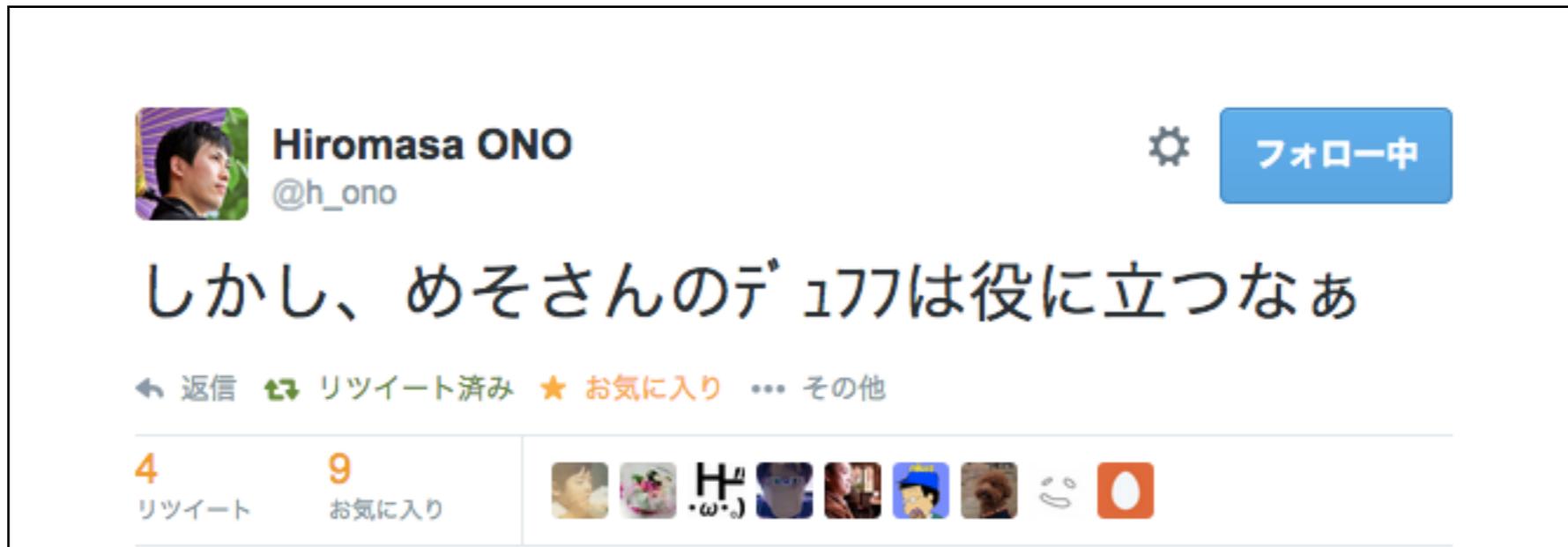
- 赤線のところに改行を挿入 → **diff**コマンド
- 一時ファイルは作成せず、ログも取らないようにしている

## テキスト比較ツール diffff 《デュフフ》 ver.6.1

“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《デュフフ》と読むの？

- diff file → diffff (ディフ・エフ) → デュフフw



A screenshot of a Twitter post from user Hiromasa ONO (@h\_ono). The post contains the text: "しかし、めそさんのデュフフは役に立つなあ". The interface shows standard Twitter controls like reply, retweet, favorite, and more options. Below the tweet, there are engagement metrics: 4 retweets and 9 likes.

## テキスト比較ツール **diff** 《デ ュフフ》 ver.6.1

“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）

## ● Wolfram Alpha

超高機能オンライン関数電卓

数値計算、数式の処理、グラフ描画などあらゆる機能を提供

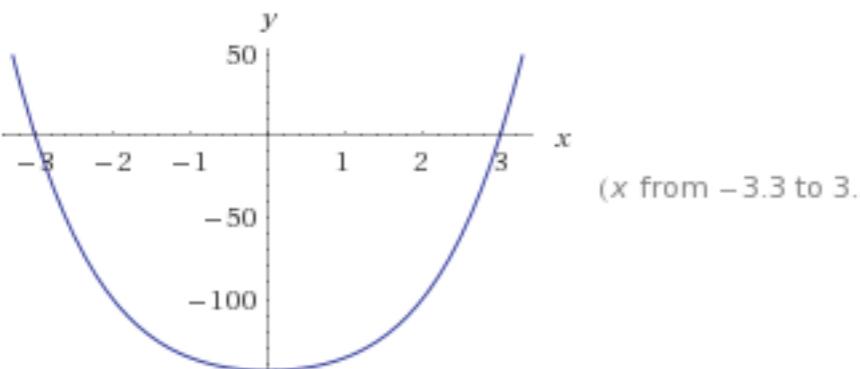


x^4+7x^2-144

Web Apps Examples

Input:  
 $x^4 + 7 x^2 - 144$

Plots:



(x from -3.3 to 3.3)

Alternate forms:

$$(x^2 + 16)(x - 3)(x + 3)$$

$$x^2(x^2 + 7) - 144$$

$$\left(x^2 + \frac{7}{2}\right)^2 - \frac{625}{4}$$

Real roots:

$$x = -3$$

$$x = 3$$

Complex roots:

$$x = -4i$$

$$x = 4i$$

## ● TogoDB

Excelの表を用意するだけで  
自分の手でデータベースを簡単に構築し公開

### Ajacs test

ajacs_test				
Entry	Accession	Gene ID	Symbol	Definition
Show	NM_000014	2	A2M	Homo sapiens alpha-2-macroglobulin (A2M), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000015	10	NAT2	Homo sapiens N-acetyltransferase 2 (NAT2), mRNA.
Show	NM_000016	34	ACADM	Homo sapiens acyl-CoA dehydrogenase, C-4 to C-12 straight chain (ACADM), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000017	35	ACADS	Homo sapiens acyl-CoA dehydrogenase, C-2 to C-3 short chain (ACADS), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000018	37	ACADVL	Homo sapiens acyl-CoA dehydrogenase, very long chain (ACADVL), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000019	38	ACAT1	Homo sapiens acetyl-CoA acetyltransferase 1 (ACAT1), mRNA.
Show	NM_000020	94	ACVRL1	Homo sapiens activin A receptor like type 1 (ACVRL1), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000021	5663	PSEN1	Homo sapiens presenilin 1 (PSEN1), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000022	100	ADA	Homo sapiens adenosine deaminase (ADA), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000023	6442	SGCA	Homo sapiens sarcoglycan alpha (SGCA), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000024	154	ADRB2	Homo sapiens adrenoceptor beta 2 (ADRB2), mRNA.
Show	NM_000025	155	ADRB3	Homo sapiens adrenoceptor beta 3 (ADRB3), mRNA.
Show	NM_000026	158	ADSL	Homo sapiens adenylosuccinate lyase (ADSL), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000027	175	AGA	Homo sapiens aspartylglucosaminidase (AGA), transcript variant 1, mRNA.
Show	NM_000028	176	AGL	Homo sapiens alpha-1, 6-glucosidase, 4-alpha-glucanotransferase (AGL), transcript variant 4, mRNA.
Show	NM_000029			transferrin (AGT), mRNA.
Show	NM_000030			-glyoxylate aminotransferase (AGXT), mRNA.
Show	NM_000031			liverulinate dehydratase (ALAD), transcript variant 2, mRNA.

検索自在

Find  All    Download:



100



Page 1 of 473



Displaying 1 to 100 of 47275 items

## 研究者情報を調べるためのデータベース

- **研究成果から調べる** (PubMed以外)

日本の博士論文を網羅 CiNii Dissertations

特許情報プラットフォーム J-PlatPat

- **研究資金から調べる**

科研費採択課題 KAKEN

日本の研究.com (JST, AMED, 厚労科研費なども収録)

- **本人が発信する情報から調べる**

researchmap (名刺や履歴書のように活用している人も)

Facebook, Twitter (研究者に限らず広く利用されているSNS)



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

ご清聴ありがとうございました