

ポスター発表プログラム

ポスターディスカッション (Poster-Discussion)

☆=ポスター賞受賞演題

奇数 (Odd) 日時 6月18日(火) 16:30-18:00 会場 3F 中集会室

偶数 (Even) 日時 6月19日(水) 11:15-12:45 会場 3F 中集会室

P-1

構造モデリングに基づく Zinc Finger Nuclease の改変はゲノム編集効率を向上させる

○片山 翔太¹, 渡邊 真宏², 加藤 義雄², 野村 渉³, 山本 卓¹ (¹広島大学ゲノム編集イノベーションセンター, ²産業技術総合研究所, ³広島大学医系科学研究科)

Engineering of Zinc Finger Nucleases through Structural Modeling Improves Genome Editing Efficiency

○Shota Katayama¹, Masahiro Watanabe², Yoshio Kato², Wataru Nomura³, Takashi Yamamoto¹
(¹Genome Editing Innovation Center, Hiroshima University, ²AIST, ³Graduate School of Biomedical and Health Sciences, Hiroshima University)

P-2 ☆

細胞内小器官移行型 RNA 編集ツールの開発及び RNA 編集効率の評価

○中谷 勇輝¹, 岩井 成憲¹, 鈴木 啓一郎^{1,2,3} (¹大阪大学大学院基礎工学研究科, ²大阪大学高等共創研究院, ³大阪大学大学院生命機能研究科)

Development and evaluation of organelle-targeted RNA editing tools

○Yuki Nakatani¹, Shigenori Iwai¹, Keiichiro Suzuki^{1,2,3} (¹Graduate School of Engineering Science, Osaka University, ²Institute for Advanced Co-Creation Studies, Osaka University, ³Graduate School of Frontier Bioscience, Osaka University)

P-3

細胞質における LbCas12a の分解を利用した新たなゲノム編集ツールの開発

○塚本 智仁^{1,2}, 水田 陽菜², 小阪田 悠生¹, 好光 恵梨子², 酒井 英子¹, 櫻井 文教^{1,2,4}, 中川 晋作^{1,2,4}, 水口 裕之^{1,2,3,4,5,6} (¹阪大・院薬, ²阪大・薬学部, ³医薬健康研, ⁴阪大 MEI セ, ⁵阪大先導, ⁶阪大 CiDER)

Generation of New Genome Editing Tool based on Degradation of LbCas12a in Cytoplasm

○Tomohito Tsukamoto^{1,2}, Haruna Mizuta², Yuki Osakada¹, Yoshimitsu Eriko², Eiko Sakai¹, Fuminori Sakurai^{1,2}, Shinsaku Nakagawa^{1,2,4}, Hiroyuki Mizuguchi^{1,2,3,4,5,6} (¹Grad. Sch. Pharm. Sci., Osaka Univ., ²Sch. Pharm. Sci., Osaka Univ., ³Nat. Inst. Biomed. Innov. Health Nutr., ⁴Ctr. Adv. Med. Engin. Inform., Osaka Univ., ⁵OTRI, Osaka Univ., ⁶CiDER, Osaka Univ.)

P-4

Type I-D CRISPR-Cas (TiD) を用いた転写制御ツールの開発

○渡邊 龍弥¹, 城所 聡¹, 和田 直樹², 刑部 敬史², 刑部 祐里子¹ (¹東工大・院生命理工, ²徳島大・院生物資源)

Development of transcriptional control tools using type I-D CRISPR-Cas system

○Ryuya Watanabe¹, Satoshi Kidokoro¹, Naoki Wada², Keishi Osakabe², Yuriko Osakabe¹ (¹Grad. Sch. Life sci and Tech., Tokyo Tech., ²Grad. Sch. Tech., Ind. and Soc. Sci., Tokushima Uni.)

P-5

マウス初期胚への新規遺伝子導入法の開発

○江森 千紘¹, 田中 浩揮², 秋田 英万², 伊川 正人^{1,3} (¹大阪大学 微生物病研究所, ²東北大学 薬学研究科, ³東京大学 医科学研究所)

A novel method of gene transduction in the early embryos

○Chihiro Emori¹, Hiroki Tanaka², Hidetaka Akita², Masahito Ikawa^{1,3} (¹Research Institute for Microbial Diseases, Osaka University, ²Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Tohoku University, ³The Institute of Medical Science, The University of Tokyo)

- P-6** **環状 crRNA を用いた高効率 CRISPR-Cas3 ゲノム編集**
○三嶋 晃矢^{1,2}, 吉見 一人¹, 阿部 奈保子³, 山内 祐子¹, 谷口 ひろみ¹, 石田 紗恵子¹, 阿部 洋³, 真下 知士¹ (¹東大・医科研, ²東大・院新領域創成科学研究科, ³名大・院理学研究科)
- Enhancement of CRISPR-Cas3-mediated genome editing with circularized crRNAs**
○Kouya Mikamo^{1,2}, Kazuto Yoshimi¹, Naoko Abe³, Yuko Yamauchi¹, Hiromi Taniguchi¹, Saeko Ishida¹, Hiroshi Abe³, Tomoji Mashimo¹ (¹IMSUT, Univ. Tokyo, ²Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo, ³Grad. Sch. Sci., Nagoya Univ.)
-
- P-7** **遺伝子制御ネットワークの動態の操作による細胞の運命制御**
○樽本 雄介¹, 杉野 成一¹, 山内 悠平¹, 石川 雅人¹, 和穎 文¹, 永樂 元次¹, 望月 敦史¹, 遊佐 宏介¹ (¹京大・医研)
- Regulation of cell fate by manipulation of dynamics of gene regulatory network**
○Yusuke Tarumoto¹, Seiichi Sugino¹, Yuhei Yamauchi¹, Masato Ishikawa¹, Fumi Wagai¹, Mototsugu Eiraku¹, Atsushi Mochizuki¹, Kosuke Yusa¹ (¹LiMe, Kyoto Univ.)
-
- P-8** **FirmCut TALE ニッカーゼを用いた遺伝子ノックイン技術の開発**
○赤瀬 まりな¹, 吉間 忠彦², 佐久間 哲史³ (¹広島大学 大学院統合生命科学研究科, ²住友化学株式会社 バイオサイエンス研究所, ³京都大学 大学院農学研究科)
- Development of gene knock-in technology using FirmCut TALE nickases**
○Marina Akase¹, Tadahiko Yoshima², Tetsushi Sakuma³ (¹Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, ²Bioscience Research Laboratory, Sumitomo Chemical Co., Ltd, ³Graduate School of Agriculture, Kyoto University)
-
- P-9** **ドナー DNA の損傷及び転写活性化による高効率な相同組換え技術の開発**
○山本 翔吾¹, 高島 聖真¹, 相澤 絵美¹, 山元 淳平¹, 岩井 成憲¹, 鈴木 啓一郎^{1,2,3} (¹阪大・基礎工, ²阪大・高等共創, ³阪大・生命機能)
- Development of highly efficient HDR technology by damaged and transcriptionally activated donor DNA**
○Shogo Yamamoto¹, Masato Takashima¹, Emi Aizawa¹, Junpei Yamamoto¹, Shigenori Iwai¹, Keiichiro Suzuki^{1,2,3} (¹Grad. Sch. Eng. Sci., Univ. Osaka, ²Inst. Adv. Co-C. Stu., Univ. Osaka, ³Grad. Sch. Fro. Bio., Univ. Osaka)
-
- P-10** **TiD-X を用いたヒト 2 倍体細胞での遺伝子ノックアウト**
○和田 直樹¹, 村上 愛美¹, 丸井 和也¹, 刑部 祐里子², 刑部 敬史¹ (¹徳島大学大学院社会産業理工学研究部, ²東京工業大学生命理学院生命理工系)
- Gene knockout in human diploid cells using TiD-X**
○Naoki Wada¹, Emi Murakami¹, Kazuya Marui¹, Yuriko Osakabe², Keishi Osakabe¹ (¹Graduate School of Technology, Industrial and Social Sciences, Tokushima University, ²School of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology)
-
- P-11** **CRISPR-Cas を用いたゲノム編集によって生じる複雑な遺伝型を解き明かす DAJIN2 の開発**
○久野 朗広¹, 池田 祥久¹, 森本 健斗¹, 綾部 信哉², 水野 聖哉¹ (¹筑波大学 生命科学動物資源センター, ²理化学研究所 バイオリソース研究センター 実験動物開発室)
- Development of DAJIN2 for deciphering complex genotypes arising from CRISPR-Cas genome-editing**
○Akihiro Kuno¹, Yoshihisa Ikeda¹, Kento Morimoto¹, Shinya Ayabe², Seiya Mizuno¹ (¹Laboratory Animal Resource Center, University of Tsukuba, ²Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Research Center)
-

- P-12** 双子葉植物における CRISPR-Cas を用いた転写制御ツールの開発
○後藤 空吾¹, 城所 聡¹, 刑部 敬史², 刑部 祐里子¹ (¹東工大・生命理工, ²徳島大院・社会産業理工)
- Development of transcriptional regulation tools for dicotyledonous plants using CRISPR-Cas**
○Kugo Goto¹, Satoshi Kidokoro¹, Keishi Osakabe², Yuriko Osakabe¹ (¹Sch. of Life Sci. & Tech., Tokyo Tech., ²Sch. of Tech., Ind. & Soc. Sci., Tokushima Univ.)
-
- P-13** 改良型 Type I-D CRISPR-Cas (TiD-X) を用いたイネ遺伝子改変技術の確立
○室本 翔太¹, 阿江 祐迪², 丸井 和也², 和田 直樹², 刑部 敬史², 刑部 祐里子¹ (¹東工大・生命理工, ²徳島大・大学院社会産業理工)
- Genome editing in rice genes using a modified Type I-D CRISPR-Cas (TiD-X)**
○Shota Muromoto¹, Hiromichi Ae², Kazuya Marui², Naoki Wada², Keishi Osakabe², Yuriko Osakabe¹ (¹Sch. of Life Sci. & Tech., Tokyo Tech., ²Grad. Sch. of Tech., Ind. & Soc. Sci., Tokushima Univ.)
-
- P-14** in planta-regeneration (iPR) 法における植物再生の制御
○多々見 理緒¹, 上田 梨紗², 城所 聡¹, 刑部 敬史², 刑部 祐里子¹ (¹東工大・生命理工, ²徳島大院・社会産業理工)
- Control of regeneration efficiency in the in-planta-regeneration (iPR) system**
○Rio Tatami¹, Risa Ueda², Satoshi Kidokoro¹, Keishi Osakabe², Yuriko Osakabe¹ (¹School of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology, ²Graduate School of Technology, Industrial and Social Sciences, Tokushima University)
-
- P-15** Tailed duplex による遺伝子編集効率を上昇させる第 3 のオリゴ核酸 A' (A prime) 鎖
○紙谷 浩之¹, 平賀 史恵¹, 上坪 諒太郎¹, 河合 秀彦¹ (¹広島大・院・医系科学)
- Increased gene editing efficiency with tailed duplex plus A' (A prime) strand**
○Hiroyuki Kamiya¹, Fumie Hiraga¹, Ryotaro Kamitsubo¹, Hidehiko Kawai¹ (¹Grad. Sch. Biomed. Hlth. Sci., Hiroshima Univ.)
-
- P-16 ☆** “OMNI テクノロジープラットフォーム” あらゆる遺伝子をターゲット可能なゲノム編集技術
○原田 武志¹ (¹アンジェス株式会社)
- “OMNI Technology Platform” Genome editing solution to make any gene targetable**
○Takeshi Harada¹ (¹AnGes, inc.)
-
- P-17** Cas9 ニッケース誘導型反復配列伸長に有効な sgRNA 探索法と HEK293T 細胞での実践
○武居 宏明¹, 岡田 悟¹, 楠元 恵美子¹, 伊藤 隆司¹ (¹九大・院医)
- Effective sgRNA search method for Cas9 nickase-based tandem gene array expansion**
○Hiroaki Takesue¹, Satoshi Okada¹, Emiko Kusumoto¹, Takashi Ito¹ (¹Grad. Sch. Med. Sci., Kyushu Univ.)
-
- P-18** デジタル計測を利用した CRISPR-Cas3 核酸検出法の改良
○平野 里佳¹, 浅野 宏治¹, 皆川 慶嘉², 野地 博行², 吉見 一人¹, 真下 知士¹ (¹東大・医科研, ²東大・院工)
- Improvement of CRISPR-Cas3-operated nucleic acid detection performance with digital bioassays**
○Rika Hirano¹, Koji Asano¹, Yoshihiro Minagawa², Hiroyuki Noji², Kazuto Yoshimi¹, Tomoji Mashimo¹ (¹IMSUT, Univ. Tokyo, ²Grad. Sch. Eng., Univ. Tokyo)

P-19 ☆

Cleavage protection: dCas9 achieves precision gene editing at repetitive regions

○Xiaoyan Ren^{1,2}, Gabriel Martínez-Gálvez¹, Tomoko Matsumoto¹, Megumu K. Saito¹, Knut Woltjen¹ (1京都大学 iPS 細胞研究所, 2京都大学医学部)

○Xiaoyan Ren^{1,2}, Gabriel Martínez-Gálvez¹, Tomoko Matsumoto¹, Megumu K. Saito¹, Knut Woltjen¹ (1Center for iPS cell research and application, Kyoto University, 2Graduate School of Medicine, Kyoto University)

P-20

演題取り下げ

P-21

PtWAVE: ゲノム編集で生じるラージデリションを検出するための高感度なシーケンス波形分解ソフトウェア

中前 和恭^{1,2}, ○伊出 佐耶^{1,2}, 大貫 永輝^{1,2}, 中川 佳子^{2,3}, 坊農 秀雅^{1,4} (1広島大学 ゲノム編集イノベーションセンター, 2プラチナバイオ株式会社 研究開発部, 3熊本大学 生命資源研究・支援センター 資源開発分野, 4広島大学 大学院統合生命科学研究科)

PtWAVE: A Deconvolution Software of Sequencing Trace for the Detection of Large Indels

Kazuki Nakamae^{1,2}, ○Saya Ide^{1,2}, Nagaki Ohnuki^{1,2}, Yoshiko Nakagawa^{2,3}, Hidemasa Bono^{1,4} (1Genome Editing Innovation Center, Hiroshima University, 2Research and Development Department, PtBio Inc., 3Division of Reproductive Engineering, Center for Animal Resources and Development (CARD), Kumamoto University, 4Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University)

P-22 ☆

新規 Cas12m3 の機能構造解析

○森永 隼¹, 大村 紗登士¹, 濡木 理¹ (1東大院理)

Functional and structural analysis of novel Cas12m3

○Hayato Morinaga¹, Satoshi Omura¹, Osamu Nureki¹ (1Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

P-23 (S2-5) ☆

Prime editor による pegRNA 依存性逆転写の構造基盤

○主藤 裕太郎¹, 中川 綾哉¹, Shiyong Zhu², 保木 瑞季¹, 大村 紗登士¹, 平野 央人¹, 伊藤 弓弦¹, Feng Zheng², 濡木 理¹ (1東京大・院生命理学, 2Broad Inst., MIT and Harvard)

Structural basis for pegRNA-guided reverse transcription by the Prime Editor

○Yutaro Shuto¹, Ryoya Nakagawa¹, Shiyong Zhu², Mizuki Hoki¹, Satoshi N. Omura¹, Hisato Hirano¹, Yuzuru Itoh¹, Feng Zheng², Osamu Nureki¹ (1Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo, 2Broad Inst., MIT and Harvard)

P-24

Construction of high-precision Cas9 mutant with HDR and off-target screening system

○Shahram Ahmadi¹, Komari Kubota², Daisuke Matsumoto^{1,2}, Kiyomi Nigorikawa^{1,2}, Wataru Nomura^{1,2} (1広島大学大学院医系科学研究科, 2広島大学薬学部)

○Shahram Ahmadi¹, Komari Kubota², Daisuke Matsumoto^{1,2}, Kiyomi Nigorikawa^{1,2}, Wataru Nomura^{1,2} (1Grad. Sch. of Biomed. and Health Sci., Hiroshima Univ, 2Sch. of Pharm Sci., Hiroshima Univ)

P-25

複合微生物のゲノム編集を目指したデータ駆動型メタトランスクリプトーム解析手法の開発

○大豆田 亮¹, 坊農 秀雅¹ (1広島大・院統合生命科学)

Data driven metatranscriptome analysis of complex microbiome for genome editing

○Ryo Mameda¹, Hidemasa Bono¹ (1Grad. Sch. Int. Sci. of Life, Univ. Hiroshima)

P-26

新規単分子ニッカーゼとデアミナーゼの協働による Cas9 非依存型核ゲノム塩基編集

○佐久間 哲史¹, 西堀 奈穂子², 久保田 日菜³, 吉間 忠彦³ (¹京都大学 大学院農学研究科, ²広島大学 ゲノム編集イノベーションセンター, ³住友化学株式会社 バイオサイエンス研究所)

Cas9-independent nuclear base editing by cooperation of novel single-molecule nickase and deaminase

○Tetsushi Sakuma¹, Nahoko Nishibori², Hina Kubota³, Tadahiko Yoshima³ (¹Graduate School of Agriculture, Kyoto University, ²Genome Editing Innovation Center, Hiroshima University, ³Bioscience Research Laboratory, Sumitomo Chemical Co., Ltd)

P-27 ☆

Prime editing の特異性向上に資する逆転写酵素の改良

○杉山 健¹, 吉間 忠彦², 佐久間 哲史¹ (¹京都大学 大学院農学研究科, ²住友化学株式会社 バイオサイエンス研究所)

Improvement of reverse transcriptase to increase the specificity of Prime editing

○Ken Sugiyama¹, Tadahiko Yoshima², Tetsushi Sakuma¹ (¹Graduate School of Agriculture, Kyoto University, ²Bioscience Research Laboratory, Sumitomo Chemical Co., Ltd)

P-28 ☆

Screening of pegRNA design in human iPS cells using laboratory automation and predictions

○丹羽 諒^{1,2}, Martínez-Gálvez Gabriel¹, Jacquet Kevin³, Quach Angela³, Gold Nicholas³, Bagley James³, Martin Vincent³, Woltjen Knut¹ (¹京大・iPS 研, ²京大・院医, ³CASB, Concordia Univ.)

○Ryo Niwa^{1,2}, Martínez-Gálvez Gabriel¹, Jacquet Kevin³, Quach Angela³, Gold Nicholas³, Bagley James³, Martin Vincent³, Woltjen Knut¹ (¹CiRA, Univ. Kyoto, ²Grad. Sch. Med., Univ. Kyoto, ³CASB, Concordia Univ.)

P-29

Target-AID による多重 KO マウス作製デザインを自動化する KOnezumi-AID の開発

○滝 大斗¹, 久野 朗広², 森本 健斗¹, 水野 聖哉^{1,3} (¹筑波大学実験動物学研究室, ²筑波大学医学医療系解剖学発生学研究室, ³筑波大学トランスボーダー医学研究センター)

KOnezumi-AID: a Software to Automate the Design of Multiplex KO Mouse Using Target-AID

○Taito Taki¹, Akihiro Kuno², Kento Morimoto¹, Seiya Mizuno^{1,3} (¹Laboratory of Experimental Animal Science, University of Tsukuba, ²Department of Anatomy and Embryology, Faculty of Medicine, University of Tsukuba, ³Laboratory Animal Resource Center and Transborder Medical Research Center, University of Tsukuba)

P-30 ☆

ScKiP 法を用いた心機能を制御する新規 RNA 結合タンパクの *in vivo* スクリーニング

○三上 夏輝¹, 小山 準², 村田 知弥³, 杉山 文博³, 水野 聖哉³ (¹筑波大・ヒューマンバイオロジー学位プログラム, ²筑波大・フロンティア学位プログラム, ³筑波大・医学医療系・生命科学動物資源センター)

***in vivo* screening to identify novel RNA binding protein regulating cardiac function by ScKiP system**

○Natsuki Mikami¹, Jun Koyama², Kazuya Murata³, Fumihiko Sugiyama³, Seiya Mizuno³ (¹Ph.D Program in Human Biology, Univ. Tsukuba, ²Master's Program in Medical Sciences, Univ. Tsukuba, ³Laboratory Animal Resource Center in Transborder Medical Research Center, Institute of Medicine, Univ. Tsukuba)

P-31 **個々のヒト iPS 細胞および培養細胞に生じるゲノム編集結果のプロファイリング**
 ○宮岡 佑一郎^{1,2,3}, 高橋 剛¹, 前田 湊^{1,2}, 近藤 大輝^{1,2}, 篠崎 佳代子^{1,2}, 伊藤 三郎⁴, 森下 祐至⁵
 (1医学研 再生医療, 2医科歯科大・院医歯学総合, 3お茶の水女子大・院人間文化創成, 4ヤマハ発動機, 5オンチップバイオ)

Profiling Genome Editing Outcomes in Individual Human iPS Cells and Cultured Cells

○Yuichiro Miyaoka^{1,2,3}, Gou Takahashi¹, Minato Maeda^{1,2}, Daiki Kondo^{1,2}, Kayoko Shinozaki^{1,2}, Saburo Ito⁴, Yuji Morishita⁵ (1Regenerative Medicine Project, TMIMS, 2Grad. Sch. Med and Dent Sci., TMDU, 3Grad. Sch. Hum Sci., Ochanomizu Univ., 4Yamaha Motor, 5On-chip Biotech)

P-32 **ニワトリにおけるウイルスに対する宿主免疫応答に関する研究**
 ○鄭 詩莞¹, 小林 智子¹, 市川 健之助¹, 渡邊 天海¹, 寺田 拓実¹, 江崎 僚¹, 松崎 芽衣¹, 堀内 浩幸¹ (1広島大・統合生命科学研究科)

Study on host immune response to virus in chicken

○Shihyuan Cheng¹, Satoko Kobayashi¹, Kennosuke Ichikawa¹, Tenkai Watanabe¹, Takumi Terada¹, Ryo Ezaki¹, Mei Matsuzaki¹, Hiroyuki Horiuchi¹ (1Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University)

P-33 **ヒト白血病細胞株 TP53 遺伝子への変異導入における base editing および prime editing の有用性**
 ○犬飼 岳史¹, Thao Nguyen¹, 玉井 望雅¹, 飯島 友加², 眞田 昌², 小松 千亜紀¹, 加賀美 恵子¹, 赤羽 弘資¹, 相田 知海³ (1山梨大学医学部白血病研究資源センター, 2名古屋医療センター, 3McGovern Institute for Brain Research)

Utility of base and prime editing systems to introduce TP53 mutations into human leukemia cell line

○Takeshi Inukai¹, Thao Nguyen¹, Minoru Tamai¹, Yuka Iijima², Masashi Sanada², Chiaki Komatsu¹, Keiko Kagami¹, Koshi Akahane¹, Tomomi Aida³ (1University of Yamanashi, Global Leukemia Cell-line Assembly Network, 2NHO Nagoya Medical Center, 3McGovern Institute for Brain Research)

P-34 **CRISPR スクリーニングによるヒト iPS 細胞の胚性内胚葉分化制御遺伝子の同定**
 ○平野 友章¹, 杉野 成一¹, 樽本 雄介¹, 遊佐 宏介¹ (1京大・医研)

CRISPR-KO screen identifies genes that regulate human iPSC differentiation into definitive endoderm

○Tomoaki Hirano¹, Seiichi Sugino¹, Yusuke Tarumoto¹, Kosuke Yusa¹ (1Inst. Life Med. Sci. (LiMe), Kyoto Univ.)

P-35 **演題取り下げ**

P-36 **Type I-E CRISPR-Cas3 によるマウス・ラット大規模ゲノム改変法の開発**
 ○吉見 一人¹, 久野 朗広², 山内 祐子¹, 服部 晃佑¹, 谷口 ひろみ¹, 真下 知士¹ (1東京大学 医科学研究所 先進動物ゲノム, 2筑波大学 医学医療系 解剖学発生学)

A novel approach using type I-E CRISPR-Cas3 for large-scale genome editing in mice and rats

○Kazuto Yoshimi¹, Akihiro Kuno², Yuko Yamauchi¹, Kosuke Hattori¹, Hiromi Taniguchi¹, Tomoji Mashimo¹ (1IMSUT, Univ. Tokyo, 2Faculty of Med., Univ. Tsukuba)

P-37

ゲノム編集効率可視化マウスの作製

○堀居 拓郎¹, 木村 美香¹, 小林 良祐¹, 森田 純代¹, 畑田 出穂¹ (¹群馬大・生調研)

Generation of mice to visualize genome editing efficiency

○Takuro Horii¹, Mika Kimura¹, Ryosuke Kobayashi¹, Sumiyo Morita¹, Izuho Hatada¹ (IMCR, Gunma Univ.)

P-38

CRISPR-Cas3 を用いた新たな NOG c-kit 変異マウス系統の樹立

○江崎 陽子¹, 吉見 一人², 伊藤 亮治¹, 後藤 元人¹, 伊藤 守¹, 真下 知士², 高橋 利一¹ (¹公益財団法人実中研, ²東京大学医科学研究所)

Establishment of a novel NOG c-kit mutant mouse strain using CRISPR-Cas3

○Yoko Esaki¹, Kazuto Yoshimi², Ryoji Ito¹, Motohito Goto¹, Mamoru Ito¹, Tomoji Mashimo², Riichi Takahashi¹ (¹Central Institute for Experimental Medicine and Life Science, ²Institute of Medical Science, The University Tokyo)

P-39

脳内タンパク質の標識に最適なノックインタグはどれか?高感度なオキシトシン受容体可視化マウスの作出

○井上 (上野) 由紀子¹, 小池 絵里子¹, 井上 高良¹ (¹国立精神・神経医療研究センター 神経研究所 疾病研究第6部)

Which knock-in tag is the best for protein labeling in mouse brains?

○Yukiko U. Inoue¹, Eriko Koike¹, Takayoshi Inoue¹ (¹Dep. of Biochem and Cellular Biol., Nat. Inst. of Neurosci., Nat. Center of Neurology and Psychiatry)

P-40

胎盤内送達経路を介した子宮内ゲノム編集の実現可能性と可能性の調査

○Gogoleva Natalia^{1,2}, Zeynab Javan^{1,2}, 高橋 智², 濱田 理人² (¹筑波大学 人間総合科学学術院人間総合科学研究群 ヒューマンバイオロジー学位プログラム, ²筑波大学 医学医療系 解剖学・発生学研究室)

Investigating the feasibility of gene delivery and editing via the intraplacental route of delivery

○Gogoleva Natalia^{1,2}, Zeynab Javan^{1,2}, Satoru Takahashi², Michito Hamada² (¹University of Tsukuba Graduate School of Comprehensive Human Sciences Doctoral Program in Human Biology, ²University of Tsukuba, Faculty of Medicine, Department of Anatomy and Embryology)

P-41

ウズラへのゲノム編集における胚性幹細胞 (ESC) の利用

梶原 亮太¹, 松崎 芽衣¹, 渡邊 天海¹, 寺田 拓実¹, 江崎 僚¹, 堀内 浩幸^{1,2} (¹広島大・院統合生命科学, ²広島大・イノベーションセンター)

Utilizing embryonic stem cells (ESCs) for genome editing in Japanese quail

Ryota Kajihara¹, Mei Matsuzaki¹, Tenkai Watanabe¹, Takumi Terada¹, Ryo Ezaki¹, Hiroyuki Horiuchi^{1,2} (¹Grad. Sch. Int. Sci. Life, Univ. Hiroshima, ²Genome Edit. Innov. Ctr., Univ. Hiroshima)

P-42

キジ目特異的レトロトランスポゾン様遺伝子 *ENS-1/ERNI* はニワトリ始原生殖細胞の性質を制御する

○奥寄 雄也¹, 西島 謙一¹ (¹名大・農・鳥類バイオ)

Galliformes specific retrotransposon like gene *ENS-1/ERNI* regulated characteristics of chicken PGCs

○Yuya Okuzaki¹, Ken-ichi Nishijima¹ (¹ABRC, Grad.Sch.Agr., Nagoya Univ.)

P-43

病態解明に向けた *in vivo* および *in vitro* での常染色体優性多発性嚢胞腎モデル化

○森田 知佳^{1,2}, 板橋 岳志^{1,2}, 細羽 康介^{3,4}, 弘澤 萌^{1,2}, 小林 大悟¹, 木村 相泰⁵, 伊藤 浩史⁵, 岸 博子⁶, 川上 秀史⁷, 山岡 賢治⁸, 橋本 浩一⁸, 山本 卓^{3,4}, 宮本 達雄^{1,2} (¹山口大・院医・分子細胞生理学, ²山口大・細胞デザイン医科研・先進ゲノム編集治療, ³廣大・院統合生命・生命医科, ⁴廣大・院統合生命・数理生命, ⁵山口大・院医・分子病理, ⁶島大・医・環境生理, ⁷廣大・原医研・分子疫学, ⁸廣大・院医菌薬保健・神経生理)

Modeling of autosomal dominant polycystic kidney *in vitro* and *in vivo*

○Tomoka Morita^{1,2}, Takeshi Itabashi^{1,2}, Kosuke Hosoba^{3,4}, Moe Hirosawa^{1,2}, Daigo Kobayashi¹, Sotai Kimura⁵, Hiroshi Itoh⁵, Hiroko Kishi⁶, Hideshi Kawakami⁷, Kenji Yamaoka⁸, Kouichi Hashimoto⁸, Takashi Yamamoto^{3,4}, Tatsuo Miyamoto^{1,2} (¹Grad. Sch. Med., Univ. Yamaguchi, ²RICeD, Univ. Yamaguchi, ³Grad. Sch. Int. Sci., Univ. Hiroshima, ⁴Grad. Sch. Int. Sci., Univ. Hiroshima, ⁵Grad. Sch. Med., Univ. Yamaguchi, ⁶Med., Univ. Shimane, ⁷Res. Inst. Rad. Biol. Med., Univ. Hiroshima, ⁸Grad. Sch. Biomed. Health Sci., Univ. Hiroshima)

P-44 (S3-5) ☆

***ROSA26* 遺伝子座を標的とした AAV ベクターによるノックインブタの作出**

○野口 光央¹, 谷原 史倫¹, 稲毛 由佳², 井上 誠³, 花園 豊¹, 横尾 隆², 本多 新¹ (¹自治医大・先端医療, ²東京慈恵医大・腎臓 / 高血圧内科, ³住友ファーマ (株))

Generation of Knock-In Pigs at the *ROSA26* Locus Using AAV Vectors

○Mitsuhiro Noguchi¹, Fuminori Tanihara¹, Yuka Inage², Makoto Inoue³, Yutaka Hanazono¹, Takashi Yokoo², Arata Honda¹ (¹CDAMTec, Jichi Med. Univ., ²Div. of Nephrol. and Hypertension, Jikei Univ. Sch. of Med., ³Sumitomo Phama Co., Ltd)

P-45

ゲノム編集により作出した *Klotho* ノックアウトブタの初代および F1 世代における表現型解析

○谷原 史倫^{1,2}, 野口 光央^{1,2}, 岩津 好隆², 花園 豊^{1,2}, 黒尾 誠², 本多 新^{1,2} (¹自治医大・先端医療技術開発センター, ²自治医大・分子病態治療研究センター)

Phenotypic analysis of *Klotho*-knockout pigs generated using CRISPR-Cas9-mediated gene editing

○Fuminori Tanihara^{1,2}, Mitsuhiro Noguchi^{1,2}, Yoshitaka Iwazu², Yutaka Hanazono^{1,2}, Makoto Kuro-o², Arata Honda^{1,2} (¹Ctr. Dev. Adv. Med. Tech., Jichi Med. Univ., ²Ctr. Mol. Med., Jichi Med. Univ.)

P-46

マウス前立腺 / 子宮の効率的な染色体編集

○岩田 悟^{1,2,3,4}, 井戸 理沙子², 岩本 隆司^{1,2} (¹中部大・実験動物教育研究センター, ²中部大・生命健康科学・生命医科, ³中部大・応用生物, ⁴中部大・AI 数理データサイエンスセンター)

Efficient chromosomal editing in mouse prostate/uterus

○Satoru Iwata^{1,2,3,4}, Risako Ido², Takashi Iwamoto^{1,2} (¹Center for Educ. in Lab. Animal Res., Chubu Univ., ²Dept. of Biomed. Sci., Col. of Life and Health Sci., Chubu Univ., ³Col. of Biosci. and Biotech., Chubu Univ., ⁴Center for Math. Sci. and Artif. Intell., Chubu Univ.)

P-47

Improvement of the genome editing technologies in the silkworm, a lepidopteran model insect

○坪田 拓也¹, 高須 陽子¹ (¹農業・食品産業技術総合研究機構)

○Takuya Tsubota¹, Yoko Takasu¹ (¹National Agriculture and Food Research Organization)

P-48

オボムコイド発現細胞の作製とその利用

○渡邊 天海¹, 梶原 亮太¹, 池谷 亮¹, 寺田 拓実¹, 松崎 芽衣¹, 堀内 浩幸^{1,2} (¹廣大・院統合生命科学, ²廣大・ゲノム編集イノベーションセンター)

Creating ovomucoid expressing chicken cell lines by genome editing and the application

○Tenkai Watanabe¹, Ryota Kajihara¹, Ryo Ikegaya¹, Takumi Terada¹, Mei Matsuzaki¹, Hiroyuki Horiuchi^{1,2} (¹Grad. Sch. of Int. Sci., Hiroshima Univ., ²Genome Editing Inv. Center, Hiroshima Univ.)

P-49 (S3-6) ☆

自然免疫の強化は高病原性鳥インフルエンザウイルスに対抗できるか

○小林 智子¹, 鄭 詩莞¹, 渡邊 天海^{1,2}, 寺田 拓実¹, 江崎 僚¹, 松崎 芽衣¹, 内田 裕子³, 堀内 浩幸^{1,2}
(¹広島大学 統合生命科学研究科, ²広島大学ゲノム編集イノベーションセンター, ³農研機構 動物衛生研究部門)

Can strengthening innate immunity be effective against highly pathogenic avian influenza viruses?

○Satoko Kobayashi¹, Siyon Tei¹, Tenkai Watanabe^{1,2}, Takumi Terada¹, Ryo Ezaki¹, Mei Matuzaki¹, Yuko Utida³, Hiroyuki Horiuchi^{1,2} (¹Hiroshima University Graduate school of integrated Life Sciences, ²Hiroshima University Genome Editing Innovation Center, ³National Agriculture and Food Research Organization National Institute of Animal Health)

P-50

i-GONAD 法を用いた遺伝子改変ハムスターの作出

○山内 祐子¹, 吉見 一人¹, 廣瀬 美智子², 小倉 淳郎², 真下 知士¹ (¹東大・医科研, ²理研 BRC)

Creation of gene knockout hamsters using the i-GONAD

○Yuko Yamauchi¹, Kazuto Yoshimi¹, Michiko Hirose², Atsuo Ogura², Tomoji Mashimo¹ (¹IMSUT, Univ. Tokyo, ²RIKEN BRC)

P-51

家畜育種におけるゲノム編集ターゲット遺伝子選定のためのトランスクリプトームデータのメタ解析

○鳥野 素生¹, 坊農 秀雅¹ (¹広島大・院統合生命)

Meta-analysis of transcriptomes for Selecting Genome Editing Target Genes in Livestock Breeding

○Motoki Uno¹, Hidemasa Bono¹ (¹Grad. Sch. Integ. Sci. Life, Hiroshima Univ.)

P-52

バフンウニにおける標的遺伝子座のライブイメージング解析

○井口 大雅¹, 栗津 暁紀¹, 山本 卓¹, 坂本 尚昭¹ (¹広島大学大学院統合生命科学研究科)

CRISPR/Cas9-mediated live-cell imaging analysis of genomic loci in sea urchin embryo

○Taiga Iguchi¹, Akinori Awazu¹, Takashi Yamamoto¹, Naoaki Sakamoto¹ (¹Graduate School of Integrated Science for Life, Hiroshima University)

P-53

塩基編集技術によりアセト乳酸合成酵素遺伝子を改変したスギ (*Cryptomeria japonica*) の除草剤耐性能

○七里 吉彦¹, 川邊 陽文^{1,2}, 小長谷 賢一¹, 上野 真義³, 永野 聡一郎⁴, 遠藤 真咲⁵, 谷口 亨¹ (¹森林総研森林バイオ, ²現 日本たばこ産業葉たばこ研究所, ³森林総研, ⁴森林総研林育セ, ⁵農研機構・生物機能部門)

Herbicide resistance in sugi (*Cryptomeria japonica*) containing mutated ALS gene by base editor

○Yoshihiko Nanasato¹, Harunori Kawabe^{1,2}, Ken-ichi Konagaya¹, Saneyoshi Ueno³, Soichiro Nagano⁴, Masaki Endo⁵, Toru Taniguchi¹ (¹Forest Bio-Research Center, FFPRI, FRMO, ²Present address: Leaf Tobacco Research Center, Japan Tobacco, Inc., ³FFPRI, FRMO, ⁴Forest Tree Breeding Center, FFPRI, FRMO, ⁵Institute of Agrobiological Sciences, NARO)

P-54

CRISPR-dCas9 を用いた遺伝子発現制御による高効率植物再生系の構築

○西村 稜¹, 坂口 潤¹, 竹原 美樹¹, 城所 聡¹, 刑部 敬史², 刑部 祐里子¹ (¹東工大・生命理工, ²徳島大院・社会産業理工)

Generation of high-efficient plant regeneration system by gene expression control using CRISPR-dCas9

○Jo Nishimura¹, Jun Sakaguchi¹, Miki Takehara¹, Satoshi Kidokoro¹, Keishi Osakabe², Yuriko Osakabe¹ (¹Sch. of Life Sci. & Tech., Tokyo Tech., ²Grad. Sch. of Tech., Ind. & Soc. Sci., Tokushima Univ.)

P-55 塩・干ばつストレス耐性・感受性イネ品種の公共 RNA-Seq データのメタ解析によるゲノム編集ターゲットの選定

○新谷 光雄¹, 坊農 秀雅¹ (¹広島大・院統合生命)

Meta-analysis of public RNA-Seq for selection of genome editing targets for stress tolerance in rice

○Mitsuo Shintani¹, Hidemasa Bono¹ (¹Grad. Sch. Int. Sci., Univ. Hiroshima)

P-56 (S4-4) エピゲノム編集を用いたがんの治療法開発

○田中 美和^{1,2}, 角南 義孝², 中村 卓郎², 丸山 玲緒¹ (¹がん研・がんエピゲノム, ²東医大・医総研)

Application of epigenome editing technology for targeted cancer therapy

○Miwa Tanaka^{1,2}, Yoshitaka Sunami², Takuro Nakamura², Reo Maruyama¹ (¹Cancer Inst., JFCR, ²IMS, Tokyo Medical Univ)

P-57 ☆ Prime Editor を活用した免疫疾患原因バリエーションの同定

○人見 祐基¹, 河野 通大², 植野 和子¹, 相葉 佳洋³, 長崎 正朗⁴, 徳永 勝士¹, 石垣 和慶², 中村 稔^{3,4,5} (¹国際医療研セ., ²理研・横浜, ³長崎医療セ., ⁴九大・生医研, ⁵長崎大・院医歯薬学)

Identification of causal variants for immunological disorders using Prime Editor

○Yuki Hitomi¹, Michihiro Kono², Kazuko Ueno¹, Yoshihiro Aiba³, Masao Nagasaki⁴, Katsushi Tokunaga¹, Kazuyoshi Ishigaki², Minoru Nakamura^{3,4,5} (¹Natl. Ctr. Global Hlth. Med., ²Yokohama Inst. Riken, ³Nagasaki Med. Ctr., ⁴Med. Inst. Bioreg., Kyushu Univ., ⁵Grad. Sch. Biomed. Sci., Nagasaki Univ.)

P-58 ゲノム編集による、非げっ歯類哺乳動物の遺伝性網膜疾患研究モデルの作出

○大西 暁士^{1,2,3}, 清成 寛^{2,3}, 堀 清次³, 阿部 高也^{2,3}, 金子 麻里^{2,3}, 吉見 理子^{2,3}, 白石 亜紀^{2,3}, 庄 隼生³, 石丸 藍子³, 大東 揚子³ (¹立命館大学総合科学技術研究機構, ²理化学研究所 生命機能科学研究センター 生体モデル開発チーム, ³理化学研究所 バトンゾーン研究推進プログラム 眼科領域遺伝子細胞治療研究チーム)

Non-rodent genome-editing mammalian models to study the pathoethiology of inherited retinal disease

○Akishi Onishi^{1,2,3}, Hiroshi Kiyonari^{2,3}, Seiji Hori³, Takaya Abe^{2,3}, Mari Kaneko^{2,3}, Riko Yoshimi^{2,3}, Aki Shiraiishi^{2,3}, Junki Sho³, Aiko Ishimaru³, Yoko Ohigashi³ (¹Research Organization of Science and Technology, Ritsumeikan University, ²Laboratory for Animal Resources and Genetic Engineering, RIKEN BDR, ³Cell and Gene Therapy in Ophthalmology Laboratory, RIKEN BZP)

P-59 側鎖構造が異なるボロン酸導入高分子とタンニン酸で構築した RNP 送達システムの遺伝子ノックアウト効率評価

○千野 利純^{1,2}, 松尾 拓海^{1,2}, 本田 雄士^{1,2,3}, 刑部 祐里子¹, 三浦 裕^{1,2}, 西山 伸宏^{1,2,3} (¹東工大 院生命理工, ²東工大 化生研, ³ナノ医療イノベーションセンター)

RNP delivery systems comprising tannic acid and fine-tuned boronic acid-conjugated polymers

○Toshizumi Chino^{1,2}, Takumi Matsuo^{1,2}, Yuto Honda^{1,2,3}, Yuriko Osakabe¹, Yutaka Miura^{1,2}, Nobuhiro Nishiyama^{1,2,3} (¹Dept. of Life Sci. and Tech., Tokyo Tech., ²Lab. for Chem. and Life Sci., Tokyo Tech., ³iCONM)

P-60

酵素ライゲーションを用いた長鎖 RNA 生産

○佐野坂 真人¹, 斎藤 恵美^{1,2}, 櫻井 葉玲¹, 南海 浩一¹ (¹味の素バイオフーマサービス 株式会社ジーンデザイン プロセス開発研究部, ²味の素バイオフーマサービス 株式会社ジーンデザイン 核酸製造部)

Long RNA Manufacturing by Enzymatic Ligation

○Masasto Sanosaka¹, Emi Saito^{1,2}, Harei Sakurai¹, Hirokazu Nankai¹ (¹Department of Research and Process Development, Ajinomoto Bio-Pharma Services, Genedesign, Inc, ²Department of Oligonucleotide Manufacturing, Ajinomoto Bio-Pharma Services, Genedesign, Inc)

P-61

新規ゲノム編集ターゲット遺伝子選定のためのイネの熱ストレス関連トランスクリプトームのメタ解析

○米澤 奏良¹, 坊農 秀雅¹ (¹広島大・院統合生命)

Meta-analysis of heat stressed transcriptomes in rice for novel genome editing target genes

○Sora Yonezawa¹, Hidemasa Bono¹ (¹Grad. Sch. Integ. Sci. Life, Hiroshima Univ.)

P-62

公共データベースのメタ解析による飢餓耐性獲得のためのゲノム編集ターゲット遺伝子の選定

○光成 仁¹, 坊農 秀雅¹ (¹広島大・理)

Selection of starvation-related genome editing target genes by meta-analysis of public databases

○Jin Mitsunari¹, Hidemasa Bono¹ (¹Fac. Sci. Hiroshima Univ.)

P-63 (S4-3)

ゲノム編集治療に係るオフターゲット変異を予測・評価する手法に関する考察

○井上 貴雄¹, 山下 拓真¹, 山本 武範¹, 内田 恵理子¹ (¹国立医薬品食品衛生研究所)

Considerations on methods to predict and evaluate off-target mutations of genome editing therapies

○Takao Inoue¹, Takuma Yamashita¹, Takenori Yamamoto¹, Eriko Uchida¹ (¹National Inst. of Health Sci.)

P-64

オフターゲット変異部位の Cell-free 予測を正確に行うための解析手法の開発

○山下 拓真¹, 内藤 雄樹^{2,3}, 山本 武範¹, 吉田 徳幸¹, 内田 安則¹, 内田 恵理子¹, 井上 貴雄¹ (¹国立衛研, ²東医歯大・院医歯, ³ライフサイエンス統合データベースセンター)

Development of analytical methods for accurate cell-free prediction of off-target mutation sites

○Takuma Yamashita¹, Yuki Naito^{2,3}, Takenori Yamamoto¹, Tokuyuki Yoshida¹, Yasunori Uchida¹, Eriko Uchida¹, Takao Inoue¹ (¹National Inst. of Health Sci., ²Grad. Sch. Med. Dent. Sci., Tokyo Med. Dent. Univ., ³Database Center for Life Sci.)