

国産ゲノム編集技術UCAYの編集効率を向上 - ガイドRNAのデザインツールを作成 -

国産ゲノム編集技術UCAY*は、既存技術では困難な遺伝子領域に対しても編集できる特徴があります。しかし、UCAYには編集箇所を特定するためのRNA(ガイドRNA)配列のデザインツールが存在しませんでした。従来、そのデザインは経験豊富な研究者の職人技に頼っていました。

そこで地方独立行政法人東京都立産業技術研究センター(都産技研)は、株式会社ベックスと 共同研究を行い、バイオインフォマティクス技術を活用して、編集効率のよいガイドRNA候補 を定量的に予測できる**ガイドRNAデザインツールを開発**しました。本成果は、第48回日本分子 生物学会にてポスター発表を行います。

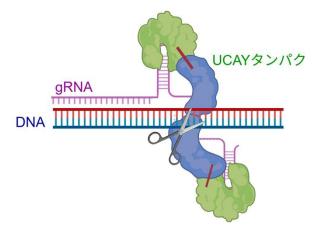
※Universal CRNA-guided GE AssemblY、特許第7125727号

UCAYとは

既存のゲノム編集技術は海外のものを含む複雑なライセンス体系のため、産業利用が困難な状況にありました。UCAYは国産のゲノム編集技術であり、**ライセンシングが容易**です。さらに、リピート領域など既存ゲノム編集技術では編集が困難な領域もターゲットにできます。こうした理由から**育種などへの産業応用が期待**されます。

ガイドRNAデザインツールのポイント

二次構造を考慮して編集効率の高いガイドRNA候補を提示することで、ゲノム編集実験の低コスト化を実現できます。



UCAYの概要

第48回日本分子生物学会にて開発技術を紹介

第48回日本分子生物学会にて、以下の通り本研究成果のポスター発表を行うほか、株式会社ベックスのブースでUCAYの紹介を予定しています。

・会期:2025年12月3日(水)~5日(金)・会場:パシフィコ横浜

・ポスター番号: 1P-031 (12/3のみ) ・企業ブース: 展示会場中央入口の左手

【お問い合わせ】

地方独立行政法人東京都立産業技術研究センター

IoT技術グループ 島田 TEL 03-5530-2286

企画部経営企画室 大原 TEL 03-5530-2521 MAIL koho@iri-tokyo.jp

【UCAYに関するお問い合わせ】

株式会社ベックス 森泉 TEL 03-5375-1071 MAIL <u>yizumi@bexnet.co.jp</u>

https://www.iri-tokyo.jp/

研究開発の概要

国産ゲノム編集技術UCAY※は既存ゲノム編集技術では編集が困難な遺伝子領域に対しても編集を行うことができる技術です。都産技研は株式会社ベックスと共同研究を行い、 gRNAデザインツールを開発しました。これにより、ゲノム編集実験が低コスト化し、UCAYの産業利用がより容易になります。 ※Universal CRNA-quided GE Assembly、特許第7125727号

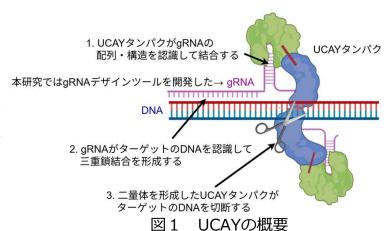
◆ゲノム編集技術「UCAY」◆

ゲノム編集技術UCAY(図1)はCRISPR/Cas9と比較して、①シンプルなライセンス体系、② gRNAの塩基長が可変、③PAM配列不要、④小さいタンパク、という特徴があります。ライセンシングが容易であり、商用利用の際の手間・コストを抑えることができます。さらに、リピート領域など既存ゲノム編集技術では編集が困難な領域もターゲットにできます。そのため、育種などへの産業応用が期待されます。

◆研究開発のポイント◆

UCAYは新しいゲノム編集技術であるため、gRNAデザインツールが存在しませんでした。ターゲット領域を効率よく編集するためには、膨大なgRNA配列候補から適切なgRNA配列を選ぶgRNAデザインツールが重要です。そこで、本研究では、gRNAの配列・二次構造(図2)をスコアリングすることで、編集効率のよいgRNA候補を提示するツールを開発しました。

ターゲット領域を効率よく編集するためには、 gRNAのターゲット認識部位がDNAと三重鎖を形成 しやすいこと、 UCAYタンパク認識部位がUCAYタ ンパク(DNA切断活性をもつ)に認識されやすい こと、が必要です。本研究では、配列に関するルー ルと二次構造に関するルールを踏まえて、候補配列 をスコアリングすることで、編集効率の良いgRNA 候補を提示できるように実装しました。



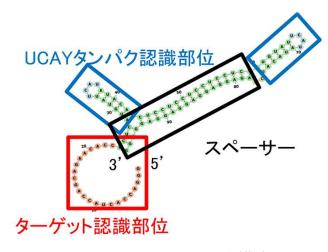


図2 gRNAの二次構造

◆今後の展望◆

本研究成果を**育種プラットフォームの開発等**に活用いただける大学・企業との**共同研究を募集**しています。

用語の説明

CRISPR/Cas9: RNA-guidedなゲノム編集技術。基本特許に紛争がある。

gRNA:ゲノム編集技術「CRISPR/Cas9」などで使われるRNA分子で、酵素をゲノム上の特定のDNA配列へ 誘導する。

PAM配列:「CRISPR/Cas9」システムにおいて酵素が特定のDNAを認識し切断するために必要な塩基配列。 切断したい領域の近くにこの配列が存在している必要がある。

RNAの二次構造:RNA分子が自己で折りたたまれてできる、塩基対(A-U、G-C)の形成パターンのこと。