

# ポスターディスカッション(Poster-Discussion)

Day 1(大会2日目):6月7日13:00-14:10

[oVice会場はこちらから](#) 

## P1-1 酵母 Sae2 と DNA リガーゼ IV の相互作用は不正確な非相同末端結合を抑制し DSB 修復の正確性を保証する

[【要旨】](#) 

○篠原 美紀<sup>1,2)</sup>, 松崎 健一郎<sup>1)</sup>, 森田 一世<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>近畿大学 農学研究科 バイオサイエンス, <sup>2)</sup>近畿大学 アグリ革新技術研究所

**Interaction of Sae2 with DNA ligase IV to suppress imprecise NHEJ in budding yeast**

○Miki Shinohara<sup>1,2)</sup>, Kenichiro Matsuzaki<sup>1)</sup>, Issei Morita<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Department of Advanced Bioscience, Graduate school of Agriculture, Kindai University,

<sup>2)</sup>Agricultural Technology and Innovation Research Institute, Kindai University

## P1-2 CRISPR-Cas9 による相同組換え修復(HDR)を亢進する因子の探索

[【要旨】](#) 

○加藤 朋子<sup>1)</sup>, 宮岡 佑一郎<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>都医学研 再生医療プロジェクト

**Screening for factors that enhance HDR by CRISPR-Cas9**

○Tomoko Kato-Inui<sup>1)</sup>, Yuichiro Miyaoka<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>TMIMS, Regenerative Medicine Project

## P1-3 ゲノム編集技術による細胞分化の蛍光可視化法

[【要旨】](#) 

○中出 浩司<sup>1)</sup>, 中島 健一<sup>1)</sup>, 三輪 佳宏<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>理化学研究所 バイオリソース研究センター 遺伝子材料開発室

**Fluorescent visualization of cell differentiation stage using genome editing technology**

○Koji Nakade<sup>1)</sup>, Kenichi Nakashima<sup>1)</sup>, Yoshihiro Miwa<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>RIKEN BioResource research center Gene Engineering Division

## P1-4 DNA barcode を介した勾配蛍光誘導による次世代型二重標識 Lineage tracing 技術の開発

[【要旨】](#) 

○川又 理樹<sup>1)</sup>, 鈴木 洋<sup>2)</sup>, 鈴木 淳史<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>九大・生医研, <sup>2)</sup>名大・院医

**Next-Generation Dual-Labeling Lineage Tracing System with DNA Barcode-based Gradient Fluorescence**

○Masaki Kawamata<sup>1)</sup>, Hiroshi Suzuki<sup>2)</sup>, Atsushi Suzuki<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Kyushu Univ. MIB, <sup>2)</sup>Nagoya Univ. Grad. Sch. Med.

## P1-5 CRISPR を用いた多能性幹細胞における遺伝子発現ネットワークの解析

[【要旨】](#) 

○樽本 雄介<sup>1)</sup>, 杉野 成一<sup>1)</sup>, 遊佐 宏介<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>京大・医研

**Analysis of transcriptional network in pluripotent stem cells using CRISPR-mediated regulation**

○Yusuke Tarumoto<sup>1)</sup>, Seiichi Sugino<sup>1)</sup>, Kosuke Yusa<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Inst. Life Med Sci (LiMe), Kyoto Univ.

## P1-6 ゲノム編集ターゲット遺伝子のデータベースの構築とその解析

### 【要旨】

○鈴木 貴之<sup>1)</sup>, 坊農 秀雅<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広島大学大学院 統合生命科学研究科

### Database of genome editing target genes

○Takayuki Suzuki<sup>1)</sup>, Hidemasa Bono<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Graduate School of Integrated Sciences for Life in Hiroshima University

## P1-7 マイクロRNA 応答性 AcrIIA4 による細胞種特異的ゲノム編集

### 【要旨】

○弘澤 萌<sup>1)</sup>, 藤田 祥彦<sup>1)</sup>, 齊藤 博英<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>京都大学 iPS 細胞研究所

### Cell-type-specific genome-editing with miRNA-responsive AcrIIA4 switch

○Moe Hirosawa<sup>1)</sup>, Yoshihiko Fujita<sup>1)</sup>, Hirohide Saito<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Center for iPS Cell Research and Application, Kyoto University

## P1-8 DAJIN:ロングリードシーケンサーと機械学習を組み合わせたゲノム編集動物の新規遺伝型解析技術の開発

### 【要旨】

○久野 朗広<sup>1)</sup>, 池田 祥久<sup>1)</sup>, 綾部 信哉<sup>2)</sup>, 水野 聖哉<sup>1)</sup>, 高橋 智<sup>1)</sup>, 杉山 文博<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>筑波大学 医学医療系トランスボーダー医学研究センター 生命科学動物資源センター,

<sup>2)</sup>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

### DAJIN: Validate multiallelic genome editing outcomes using AI-assisted long-read sequencing

○Akihiro Kuno<sup>1)</sup>, Yoshihisa Ikeda<sup>1)</sup>, Shinya Ayabe<sup>2)</sup>, Seiya Mizuno<sup>1)</sup>, Satoru Takahashi<sup>1)</sup>, Fumihiro Sugiyama<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Laboratory Animal Resource Center, Transborder Medical Research Center, Faculty of Medicine, University of Tsukuba, <sup>2)</sup>Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Research Center

## P1-9 Cas11d を用いた新規ゲノム編集ツール TiD の改良

### 【要旨】

○和田 直樹<sup>1)</sup>, 村上 愛美<sup>1)</sup>, 丸井 和也<sup>1)</sup>, 刑部 祐里子<sup>2)</sup>, 刑部 敬史<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>徳島大・院 社会産業理工学, <sup>2)</sup>東工大・生命理工

### Application of a Cas11 toward improvements of a novel genome editing tool, TiD

○Naoki Wada<sup>1)</sup>, Emi Murakami<sup>1)</sup>, Kazuya Marui<sup>1)</sup>, Yuriko Osakabe<sup>2)</sup>, Keishi Osakabe<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Tech., Ind. and Soc. Sci., Tokushima Uni., <sup>2)</sup>Sch. Life Sci. and Tech., Tokyo Tech.

## P1-10 ヌクレオソームによる Cas9 の DNA 切断阻害機構の解明

### 【要旨】

○長村 怜奈<sup>1)</sup>, 鯨井 智也<sup>2)</sup>, 中川 綾哉<sup>1)</sup>, 草木迫 司<sup>1)</sup>, 胡桃坂 仁志<sup>2)</sup>, 濡木 理<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>東京大学・大学院・理学系研究科 生物科学専攻,

<sup>2)</sup>東京大学・大学院 理学系研究科 生物科学専攻・定量生命科学研究科

### Structural and biochemical analysis of how nucleosomes impede DNA cleavage by CRISPR-Cas9

○Reina Nagamura<sup>1)</sup>, Tomoya Kujirai<sup>2)</sup>, Ryoya Nakagawa<sup>1)</sup>, Tukasa Kusakizako<sup>1)</sup>, Hitoshi Kurumizaka<sup>2)</sup>, Osamu Nureki<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, The University of Tokyo

<sup>2)</sup>Institute for Quantitative Biosciences, Department of Biological Sciences, Graduate School of Science, The University of Tokyo

## P1-11 CRISPR-Cas9 用の *in silico* オフターゲット切断部位予測ツールの評価

**【要旨】** 

○直江 洋一<sup>1)</sup>, 堀田 秋津<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>京大 iPS 細胞研究所・T-CiRA 堀田プロジェクト

### Benchmarking of *In silico* off-target analysis tools for the CRISPR-Cas9 system

○Youichi Naoe<sup>1)</sup>, Akitsu Hotta<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>CiRA, Univ. Kyoto, T-CiRA Hotta PJ

## P1-12 CRISPR ライブラリスクリーニングによる原始内胚葉分化制御因子の同定

**【要旨】** 

○大和田 一志<sup>1)</sup>, 落合 博<sup>1)</sup>, 山本 卓<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広島大・院統合生命

### Identification of regulators of primitive endoderm differentiation through CRISPR library screening

○Hitoshi Owada<sup>1)</sup>, Hiroshi Ochiai<sup>1)</sup>, Takashi Yamamoto<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Integrated Sciences for Life, Hiroshima Univ.

## P1-13 細胞クローニングの落とし穴 –あなたのノックアウト細胞は大丈夫？–

**【要旨】** 

○濱田 大治<sup>1)</sup>, 横山 勢也<sup>1)</sup>, 松尾 恵<sup>1)</sup>, 赤羽 俊章<sup>1)</sup>, 谷本 昭英<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>鹿児島大・院医歯学

### Pitfalls of Cell Cloning

○Taiji Hamada<sup>1)</sup>, Seiya Yokoyama<sup>1)</sup>, Kei Matsuo<sup>1)</sup>, Toshiaki Akahane<sup>1)</sup>, Akihide Tanimoto<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Med. Dent. Sci., Univ. Kagoshima

## P1-14 DMD ゲノム編集治療に向けた Dual CRISPR-Cas3 システムによるマルチエクソンスキッピング誘導

**【要旨】** 

○北 悠人<sup>1)</sup>, 奥寄 雄也<sup>2)</sup>, 直江 洋一<sup>1)</sup>, 大川 夏実<sup>1)</sup>, 市来 明音<sup>1)</sup>, 真下 知士<sup>3)</sup>, 櫻井 英俊<sup>1)</sup>,

小島 佑介<sup>1)</sup>, 堀田 秋津<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>京都大学, <sup>2)</sup>名古屋大学, <sup>3)</sup>東京大学

### Induction of multi-exon skipping by Dual-CRISPR-Cas3 system towards DMD genome editing therapy

○Yuto Kita<sup>1)</sup>, Yuya Okuzaki<sup>2)</sup>, Youichi Naoe<sup>1)</sup>, Natsumi Okawa<sup>1)</sup>, Akane Ichiki<sup>1)</sup>, Tomoji Mashimo<sup>3)</sup>, Hidetoshi Sakurai<sup>1)</sup>, Yusuke Kojima<sup>1)</sup>, Akitsu Hotta<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Kyoto University, <sup>2)</sup>Nagoya University, <sup>3)</sup>The University of Tokyo

## P1-15 造血幹細胞の遺伝子編集前培養は RNP の核内輸送を増強する

**【要旨】** 

○城下 郊平<sup>1)</sup>, 小林 央<sup>1)</sup>, 田久保 圭誉<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>国立国際医療研究センター研究所 生体恒常性プロジェクト

### Nuclear delivery of RNP is enhanced by preculture before gene editing of hematopoietic stem cells

○Kohei Shiroshita<sup>1)</sup>, Hiroshi Kobayashi<sup>1)</sup>, Keiyo Takubo<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Department of Stem Cell Biology, National Center for Global Health and Medicine Research Institute

## P1-16 新規 RNP 導入法 NanoMEDIC による Cas9/gRNA 送達の有用性に関する研究

### 【要旨】

○富田 智称<sup>1)</sup>, 中村 友寿<sup>1)</sup>, 栗田 芳樹<sup>1)</sup>, 濱 みなみ<sup>1)</sup>, 八木 真裕子<sup>2)</sup>, Gee Peter<sup>3)</sup>, 堀田 秋津<sup>3)</sup>, 駒野 淳<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>大阪医科薬科大・薬学, <sup>2)</sup>大阪医科薬科大・院薬学, <sup>3)</sup>京都大・医学研究科 iPS 細胞研究所 堀田研究室

### Study on Cas9/gRNA delivery by a novel RNP transduction system NanoMEDIC

○China Tomita<sup>1)</sup>, Yuzu Nakamura<sup>1)</sup>, Yoshiki Kurita<sup>1)</sup>, Minami Hama<sup>1)</sup>, Mayuko Yagi<sup>2)</sup>, Peter Gee<sup>3)</sup>, Akitsu Hotta<sup>3)</sup>, Jun Komano<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Pharm. Sci., Osaka Medical and Pharmaceutical Univ., <sup>2)</sup>Grad. Sch. of Pharm. Sci., Osaka Medical and Pharmaceutical Univ., <sup>3)</sup>Hotta Laboratory, CiRA, Graduate school of medicine and faculty of medicine Kyoto Univ.

## P1-17 マウス受精卵における複雑な染色体再編成 (Complex Chromosome Rearrangements: CCRs)

### 誘導法の開発

### 【要旨】

○岩田 悟<sup>1, 2, 3, 4)</sup>, 長原 美樹<sup>1)</sup>, 岩本 隆司<sup>1, 2)</sup>

<sup>1)</sup>中部大・実験動物教育研究センター, <sup>2)</sup>中部大・生命健康科学・生命医科, <sup>3)</sup>中部大・生命健康科学・応用生物, <sup>4)</sup>中部大・AI 数理データサイエンスセンター

### Engineering complex chromosomal rearrangements in mouse zygotes

○Satoru Iwata<sup>1, 2, 3, 4)</sup>, Miki Nagahara<sup>1)</sup>, Takashi Iwamoto<sup>1, 2)</sup>

<sup>1)</sup>Center for Educ. in Lab. Animal Res., Chubu Univ., <sup>2)</sup>Dept. of Biomed. Sci., Col. of Life and Health Sci., Chubu Univ., <sup>3)</sup>Col. of Biosci. and Biotech., Chubu Univ., <sup>4)</sup>Center for Math. Sci. and Artif. Intell., Chubu Univ.

## P1-18 受精卵における CIRSPR/Cas9 を用いたノックインラットの樹立

### 【要旨】

○阿部 高也<sup>1)</sup>, 井上 健一<sup>1)</sup>, 清成 寛<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>理研・神戸

### Establishment of Knock-in Rats with CRISPR/Cas9 system in zygotes

○Takaya Abe<sup>1)</sup>, Ken-ichi Inoue<sup>1)</sup>, Hiroshi Kiyonari<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Kobe BDR, RIKEN

## P1-19 Base-editor システムによる Presenilin1 遺伝子改変 AD モデルマーモセットの作出

### 【要旨】

○汲田 和歌子<sup>1)</sup>, 笹栗 弘貴<sup>2)</sup>, 佐藤 賢哉<sup>1)</sup>, 大浦 奈津希<sup>1)</sup>, 西道 隆臣<sup>2)</sup>, 佐々木 えりか<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>実験動物中央研究所, <sup>2)</sup>理化学研究所

### Generation of Presenilin 1 gene-modified AD model marmoset by Base-editor system

○Wakako Kumita<sup>1)</sup>, Hiroki Sasaguri<sup>2)</sup>, Kenya Sato<sup>1)</sup>, Natsuki Oura<sup>1)</sup>, Takaomi Saido<sup>2)</sup>, Erika Sasaki<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>CIEA, <sup>2)</sup>RIKEN

## P1-20 ゲノム編集技術を用いたアルツハイマー病モデルマーモセットの作出

### 【要旨】

○佐藤 賢哉<sup>1)</sup>, 笹栗 弘貴<sup>2)</sup>, 汲田 和歌子<sup>1)</sup>, 佐久間 哲史<sup>3)</sup>, 山本 卓<sup>3)</sup>, 西道 隆臣<sup>2)</sup>, 佐々木 えりか<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>実験動物中央研究所, <sup>2)</sup>理化学研究所, <sup>3)</sup>広島大学

### Generation of Alzheimer's disease model marmosets using genome editing technology

○Kenya Sato<sup>1)</sup>, Hiroki Sasaguri<sup>2)</sup>, Wakako Kumita<sup>1)</sup>, Tetsushi Sakuma<sup>3)</sup>, Takashi Yamamoto<sup>3)</sup>, Takaomi Saido<sup>2)</sup>, Erika Sasaki<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Central Institute for Experimental Animals, <sup>2)</sup>RIKEN, <sup>3)</sup>Hiroshima University

## P1-21 ニワトリ細胞におけるゲノム編集

[【要旨】](#) 

○渡邊 天海<sup>1)</sup>, 越智 勇太<sup>1)</sup>, 江崎 僚<sup>1)</sup>, 松崎 芽衣<sup>1)</sup>, 堀内 浩幸<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広島大・統合生命科学研究科

### Knock-in strategy by genome editing in chicken cells

○Tenkai Watanabe<sup>1)</sup>, Yuta Ochi<sup>1)</sup>, Ryo Ezaki<sup>1)</sup>, Mei Matsuzaki<sup>1)</sup>, Hiroyuki Horiuchi<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Graduate School of Integrated Science for Life, Hiroshima University

## P1-22 成虫インジェクションによる昆虫ゲノム編集技術の高度化

[【要旨】](#) 

○白井 雄<sup>1)</sup>, Piulachs Maria-Dolors<sup>2)</sup>, Belles Xavier<sup>2)</sup>, 大門 高明<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>京大・院農, <sup>2)</sup>Inst. of Evolutionary Biology, Spain

### Insect gene editing made easy: a simple adult injection approach

○Yu Shirai<sup>1)</sup>, Maria-Dolors Piulachs<sup>2)</sup>, Xavier Belles<sup>2)</sup>, Takaaki Daimon<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Agr., Univ. Kyoto., <sup>2)</sup>Inst. of Evolutionary Biology, Spain

## P1-23 ニワトリ培養細胞を用いた鶏卵バイオリクター評価系の構築

[【要旨】](#) 

○梶原 亮太<sup>1)</sup>, 江崎 僚<sup>1)</sup>, 松崎 芽衣<sup>1)</sup>, 堀内 浩幸<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広大・院統合生命

### Construction of an evaluation system for chicken egg bioreactor using cultured chicken cells

○Ryota Kajihara<sup>1)</sup>, Ryo Ezaki<sup>1)</sup>, Mei Matsuzaki<sup>1)</sup>, Hiroyuki Horiuchi<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Integr. Sci. for Life. Univ. Hiroshima

## P1-24 CRISPRi screening identify exocyst complex component 2 as an essential host factor for SARS-CoV-2

[【要旨】](#) 

○易 人行<sup>1)</sup>, 橋本 里菜<sup>1)</sup>, 坂本 綾香<sup>1)</sup>, 高橋 和利<sup>1)</sup>, 高山 和雄<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>京都大学 iPS 細胞研究所, <sup>2)</sup>日本医療研究開発機構

### CRISPRi screening identify exocyst complex component 2 as an essential host factor for SARS-CoV-2

○Renxing Yi<sup>1)</sup>, Rina Hashimoto<sup>1)</sup>, Ayaka Sakamoto<sup>1)</sup>, Kazutoshi Takahashi<sup>1)</sup>, Kazuo Takayama<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>Center for iPS research and application., Kyoto University,

<sup>2)</sup>AMED-CREST, Japan Agency for Medical Research and Development

## P1-25 APP のプロモーター領域を標的としたアルツハイマー病治療のためのゲノム/エピゲノム編集

[【要旨】](#) 

○齊藤 史明<sup>1)</sup>, 田中 園子<sup>1)</sup>, 池田 美樹<sup>1)</sup>, 園生 雅弘<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>帝京大・神経内科

### Therapeutic genome/epigenome editing for Alzheimer's disease targeting the promoter region of APP

○Fumiaki Saito<sup>1)</sup>, Sonoko Tanaka<sup>1)</sup>, Miki Ikeda<sup>1)</sup>, Masahiro Sonoo<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Teikyo Univ. Neurology

## P1-26 微細藻類におけるキャリア DNA フリーの電気穿孔法を用いた脱落可能 TALEN による 外来遺伝子フリーゲノム編集

**【要旨】** 

○栗田 朋和<sup>1)</sup>, 諸井 桂之<sup>1)</sup>, 岩井 雅子<sup>2)</sup>, 岡崎 久美子<sup>1)</sup>, 野村 誠治<sup>3)</sup>, 前田 真一郎<sup>3)</sup>, 高見 明秀<sup>3)</sup>,  
坂本 敦<sup>1)</sup>, 太田 啓之<sup>2)</sup>, 佐久間 哲史<sup>1)</sup>, 山本 卓<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広島大・院統合生命, <sup>2)</sup>東京工業大・生命理工, <sup>3)</sup>マツダ株式会社

### Transgene-free genome editing with removable TALEN and carrier DNA-free electroporation in microalga

○Tomokazu Kurita<sup>1)</sup>, Keishi Moroi<sup>1)</sup>, Masako Iwai<sup>2)</sup>, Kumiko Okazaki<sup>1)</sup>, Seiji Nomura<sup>3)</sup>,  
Shinichiro Maeda<sup>3)</sup>, Akihide Takami<sup>3)</sup>, Atsushi Sakamoto<sup>1)</sup>, Hiroyuki Ohta<sup>2)</sup>, Tetsushi Sakuma<sup>1)</sup>,  
Takashi Yamamoto<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Hiroshima University, Graduate School of Integrated Sciences for Life, <sup>2)</sup>Tokyo Institute of  
Technology, School of Life Science and Technology, <sup>3)</sup>Mazda Motor Corporation

## P1-27 *in planta*-regeneration (iPR) 法のゲノム編集技術への応用と植物体再生の効率化

**【要旨】** 

○刑部 祐里子<sup>1)</sup>, 人見 祥太<sup>2)</sup>, 上田 梨紗<sup>2)</sup>, 山田 勝久<sup>2)</sup>, 長楽 佳奈<sup>2)</sup>, 中嶋 英子<sup>2)</sup>, 刑部 敬史<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>東工大・生命理工学院, <sup>2)</sup>徳島大・大学院 社会産業理工学研究部

### Optimization of *in planta*-regeneration (iPR) methods for plant genome editing

○Yuriko Osakabe<sup>1)</sup>, Shota Hitomi<sup>2)</sup>, Risa Ueta<sup>2)</sup>, Katsuhisa Yamada<sup>2)</sup>, Kanna Chouraku<sup>2)</sup>,  
Eiko Nakashima<sup>2)</sup>, Keishi Osakabe<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>School of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology, <sup>2)</sup>Graduate School of Technology,  
Industrial and Social Sciences, Tokushima University



# ポスターディスカッション(Poster-Discussion)

Day 2(大会3日目):6月8日 13:00-14:10

[oVice 会場はこちらから](#) 

## P2-1 タイプ I-E CRISPR-Cas3 による標的二本鎖 DNA 切断機構の解明

[【要旨】](#) 

○吉見 一人<sup>1)</sup>, 竹下 浩平<sup>2)</sup>, 古寺 哲幸<sup>3)</sup>, 渋村 里美<sup>4)</sup>, 山内 祐子<sup>1)</sup>, 山本 雅貴<sup>2)</sup>, 真下 知士<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>東大・医科研, <sup>2)</sup>理研・播磨, <sup>3)</sup>金大・ナノ生命, <sup>4)</sup>C4U (株)

### Dynamic mechanisms of Type I-E CRISPR-Cas3 mediated double-strand DNA breaks

○Kazuto Yoshimi<sup>1)</sup>, Kohei Takeshita<sup>2)</sup>, Noriyuki Kodera<sup>3)</sup>, Satomi Shibumura<sup>4)</sup>, Yuko Yamauchi<sup>1)</sup>, Masaki Yamamoto<sup>2)</sup>, Tomoji Mashimo<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>IMSUT, Univ. Tokyo, <sup>2)</sup>Harima Inst., Riken, <sup>3)</sup>NanoLSI, Univ. Kanazawa, <sup>4)</sup>C4U Co., Ltd.

## P2-2 STREAMING-tag による遺伝子の転写活性と転写制御関連因子の時空間的な関連解明

[【要旨】](#) 

○大石 裕晃<sup>1)</sup>, 島田 聖瑠<sup>1)</sup>, 内野 哲志<sup>2)</sup>, Li Jieru<sup>3)</sup>, 佐藤 優子<sup>2,4)</sup>, 新谷 学<sup>1)</sup>, 大和田 一志<sup>1)</sup>,

大川 恭行<sup>5)</sup>, Pertsinidis Alexandros<sup>3)</sup>, 山本 卓<sup>1)</sup>, 木村 宏<sup>2,4)</sup>, 落合 博<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広大院・統合生命, <sup>2)</sup>東工大・生命理工, <sup>3)</sup>スローンケタリング記念がんセンター・構造生物学プログラム,

<sup>4)</sup>東工大・科創研, <sup>5)</sup>九大・生医研

### STREAMING-tag reveals spatiotemporal relationships between gene transcription and regulatory factors

○Hiroaki Ohishi<sup>1)</sup>, Seiru Shimada<sup>1)</sup>, Satoshi Uchino<sup>2)</sup>, Jieru Li<sup>3)</sup>, Yuko Sato<sup>2,4)</sup>, Manabu Shintani<sup>1)</sup>, Hitoshi Owada<sup>1)</sup>, Yasuyuki Ohkawa<sup>5)</sup>, Alexandros Pertsinidis<sup>3)</sup>, Takashi Yamamoto<sup>1)</sup>, Hiroshi Kimura<sup>2,4)</sup>, Hiroshi Ochiai<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima Univ., <sup>2)</sup>School of Life Science and Technology, Tokyo Tech, <sup>3)</sup>Structural Biology Program, MSKCC, <sup>4)</sup>Institute of Innovative Research, Tokyo Tech, <sup>5)</sup>MIB, Kyushu Univ.

## P2-3 Cell cycle synchronization improves DSB-triggered mitotic interhomolog recombination in hiPSCs

[【要旨】](#) 

○李 壽智<sup>1,2)</sup>, ウォルツェン クヌート<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>京都大学 iPS 細胞研究所 未来生命科学開拓部門, <sup>2)</sup>京都大学 医学研究科

### Cell cycle synchronization improves DSB-triggered mitotic interhomolog recombination in hiPSCs

○SUJI LEE<sup>1,2)</sup>, Knut Woltjen<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>Department of Life Science Frontiers, Center for iPS Cell Research and Application, Kyoto University, <sup>2)</sup>Graduate School of Medicine, Kyoto University

## P2-4 演題取り下げ

## P2-5 Cas9 と TALE の協働による C→T および A→G の特異的で高効率な塩基編集

[【要旨】](#) 

○佐久間 哲史<sup>1)</sup>, 西堀 奈穂子<sup>2)</sup>, 吉間 忠彦<sup>3)</sup>, 山本 卓<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>広島大学 大学院統合生命科学研究科, <sup>2)</sup>広島大学 ゲノム編集イノベーションセンター,

<sup>3)</sup>住友化学株式会社 バイオサイエンス研究所

### Highly specific and efficient C-to-T and A-to-G base editing by Cas9 and TALE cooperation

○Tetsushi Sakuma<sup>1)</sup>, Nahoko Nishibori<sup>2)</sup>, Tadahiko Yoshima<sup>3)</sup>, Takashi Yamamoto<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, <sup>2)</sup>Genome Editing Innovation Center, Hiroshima University, <sup>3)</sup>Bioscience Research Laboratory, Sumitomo Chemical Co., Ltd

## P2-6 シロイヌナズナのミトコンドリアゲノムの標的一塩基置換

### [【要旨】](#)

○中里 一星<sup>1)</sup>, 奥野 未来<sup>2,3)</sup>, 周 暢<sup>1)</sup>, 田村 美子<sup>1)</sup>, 増田 麗子<sup>1)</sup>, 伊藤 武彦<sup>2)</sup>, 堤 伸浩<sup>1)</sup>, 有村 慎一<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>東大院・農生, <sup>2)</sup>東工大・生命理工, <sup>3)</sup>久留米大・医

### Targeted base editing in the mitochondrial genome of *Arabidopsis thaliana*

○Issei Nakazato<sup>1)</sup>, Miki Okuno<sup>2,3)</sup>, Chang Zhou<sup>1)</sup>, Yoshiko Tamura<sup>1)</sup>, Reiko Masuda<sup>1)</sup>, Takehiko Itoh<sup>2)</sup>, Nobuhiro Tsutsumi<sup>1)</sup>, Shin-ichi Arimura<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. of Agr. and Life Sci., Univ. of Tokyo, <sup>2)</sup>Sch. of Life Sci. and Tech., Tokyo Institute of Technology, <sup>3)</sup>Sch. of Med., Kurume Univ.

## P2-7 ゲノム編集による遺伝子改変有袋類の誕生

### [【要旨】](#)

○清成 寛<sup>1)</sup>, 金子 麻里<sup>1)</sup>, 阿部 高也<sup>1)</sup>, 白石 亜紀<sup>1)</sup>, 吉見 理子<sup>1)</sup>, 井上 健一<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>理研・神戸

### Generation of first genetically engineered marsupials, *Monodelphis domestica*

○Hiroshi Kiyonari<sup>1)</sup>, Mari Kaneko<sup>1)</sup>, Takaya Abe<sup>1)</sup>, Aki Shiraiishi<sup>1)</sup>, Riko Yoshimi<sup>1)</sup>, Ken-ichi Inoue<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>RIKEN Kobe

## P2-8 ナノポアシーケンサーを用いたゲノム編集パターンの解析手法の最適化

### [【要旨】](#)

○佐藤 良介<sup>1)</sup>, 七里 吉彦<sup>1)</sup>, 永野 聡一郎<sup>2)</sup>, 武津 英太郎<sup>2)</sup>, 高田 直樹<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>森林総研バイオ, <sup>2)</sup>森林総研林育セ

### Determination of mutation patterns in gene-edited plants using Oxford Nanopore Technologies

○Ryosuke SATO<sup>1)</sup>, Yoshihiko NANASATO<sup>1)</sup>, Soichiro NAGANO<sup>2)</sup>, Eitaro FUKATSU<sup>2)</sup>, Naoki TAKATA<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Forest Bio-Research Center, <sup>2)</sup>Forest Tree Breeding Center

## P2-9 Structure and engineering of the minimal type VI CRISPR-Cas13bt3

### [【要旨】](#)

○中川 綾哉<sup>1)</sup>, Kannan Soumya<sup>2,3,4,5)</sup>, Altae-Tran Han<sup>2,3,4,5)</sup>, 武田 聖<sup>1)</sup>, 富田 篤弘<sup>1)</sup>, 平野 央人<sup>1)</sup>,

草木 迫 司<sup>1)</sup>, 西澤 知宏<sup>6)</sup>, 山下 恵太郎<sup>7)</sup>, Zhang Feng<sup>2,3,4,5)</sup>, 西増 弘志<sup>1,8,9)</sup>, 濡木 理<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>東大・生物科学, <sup>2)</sup>Broad Inst. MIT and Harvard, <sup>3)</sup>McGovern Inst. Brain Res., MIT, <sup>4)</sup>Dep. Biol. Eng.,

MIT, <sup>5)</sup>Dep. Brain and Cognitive Sci., MIT, <sup>6)</sup>横浜市大・生命医科学, <sup>7)</sup>MRC lab. Mol. Biol., <sup>8)</sup>東大・先端研,

<sup>9)</sup>稲盛財団

### Structure and engineering of the minimal type VI CRISPR-Cas13bt3

○Ryoya Nakagawa<sup>1)</sup>, Soumya Kannan<sup>2,3,4,5)</sup>, Han Altae-Tran<sup>2,3,4,5)</sup>, Satoru Takeda<sup>1)</sup>, Atsuhiko Tomita<sup>1)</sup>, Hisato Hirano<sup>1)</sup>, Tsukasa Kusakizako<sup>1)</sup>, Tomohiro Nishizawa<sup>6)</sup>, Keitaro Yamashita<sup>7)</sup>, Feng Zhang<sup>2,3,4,5)</sup>, Hiroshi Nishimasu<sup>1,8,9)</sup>, Osamu Nureki<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo, <sup>2)</sup>Broad Inst. MIT and Harvard, <sup>3)</sup>McGovern Inst. Brain Res., MIT, <sup>4)</sup>Dep. Biol. Eng., MIT, <sup>5)</sup>Dep. Brain and Cognitive Sci., MIT, <sup>6)</sup>Grad. Sch. Med. Life Sci., Univ. Yokohama City, <sup>7)</sup>MRC lab. Mol. Biol., <sup>8)</sup>Res. Ctr. Adv. Sci. and Tech., Univ. Tokyo, <sup>9)</sup>Inamori Res. Inst. Sci.

## P2-10 特異性の低いガイド RNA を利用した SaCas9 によるオフターゲット編集配列の解析

### [【要旨】](#)

○山下 拓真<sup>1)</sup>, 内藤 雄樹<sup>2)</sup>, 山本 武範<sup>1)</sup>, 吉田 徳幸<sup>1)</sup>, 内田 恵理子<sup>1)</sup>, 井上 貴雄<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>国立医薬品食品衛生研究所, <sup>2)</sup>ライフサイエンス統合データベースセンター

### Analysis of off-target editing sequences by SaCas9 using low specificity guide RNAs

○Takuma Yamashita<sup>1)</sup>, Yuki Naito<sup>2)</sup>, Takenori Yamamoto<sup>1)</sup>, Tokuyuki Yoshida<sup>1)</sup>, Eriko Uchida<sup>1)</sup>, Takao Inoue<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>National Institute of Health Sciences, <sup>2)</sup>Database Center for Life Science



## P2-11 CRISPRdirect&GGGenome アップデート:ガイド RNA 設計およびオフターゲット予測を支援するウェブツール

**【要旨】** 

○内藤 雄樹<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS)

### CRISPRdirect & GGGenome update: web tools for CRISPR guide RNA design and off-target prediction

○Yuki Naito<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Database Center for Life Science (DBCLS)

## P2-12 Cas12a タンパク質の核局在による安定性に関する検討

**【要旨】** 

○塚本 智仁<sup>1)</sup>, 水田 陽菜<sup>2)</sup>, 酒井 英子<sup>1)</sup>, 櫻井 文教<sup>1, 2)</sup>, 水口 裕之<sup>1, 2, 3, 4, 5)</sup>

<sup>1)</sup>阪大・院薬学, <sup>2)</sup>阪大・薬学, <sup>3)</sup>医薬健栄研, <sup>4)</sup>阪大 EMI セ, <sup>5)</sup>阪大先導

### Studies on the nuclear-localized stability of Cas12a proteins

○Tomohito Tsukamoto<sup>1)</sup>, Haruna Mizuta<sup>2)</sup>, Eiko Sakai<sup>1)</sup>, Fuminori Sakurai<sup>1, 2)</sup>,

Hiroyuki Mizuguchi<sup>1, 2, 3, 4, 5)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Pharm. Sci., Osaka Univ., <sup>2)</sup>Undergrad. Sch. Pharm. Sci., Osaka Univ.,

<sup>3)</sup>Nat. Inst. Biomed. Innov. Health Nutr., <sup>4)</sup>Ctr. Adv. Med. Engin. Inform., Osaka Univ.,

<sup>5)</sup>OTRI, Osaka Univ.

## P2-13 ヒト1細胞中でゲノム編集は同時多発的に誘導される

**【要旨】** 

○高橋 剛<sup>1)</sup>, 近藤 大輝<sup>1, 2)</sup>, 前田 湊<sup>1, 2)</sup>, 森下 祐至<sup>3)</sup>, 宮岡 佑一郎<sup>1, 2, 4)</sup>

<sup>1)</sup>都医学研・再生医療, <sup>2)</sup>東京医歯大院・医歯学総合, <sup>3)</sup>株式会社オンチップ・バイオテクノロジーズ,

<sup>4)</sup>お茶の水女子大院 人間文化創成科学

### Genome Editing Is Induced in a Binary Manner in Single Human Cells

○Gou Takahashi<sup>1)</sup>, Daiki Kondo<sup>1, 2)</sup>, Minato Maeda<sup>1, 2)</sup>, Yuji Morishita<sup>3)</sup>, Yuichiro Miyaoka<sup>1, 2, 4)</sup>

<sup>1)</sup>Regenerative Medicine Project, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science, <sup>2)</sup>Graduate School of Medical and Dental Sciences, Tokyo Medical and Dental University,

<sup>3)</sup>On-chip Biotechnologies Co., Ltd., <sup>4)</sup>Graduate School of Humanities and Sciences, Ochanomizu University

## P2-14 dCas9 を用いた筋ジストロフィー原因遺伝子 DUX4 の hit-and-run silencing

**【要旨】** 

○本田 充<sup>1)</sup>, 櫻井 英俊<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>京都大学 iPS 細胞研究所

### dCas9-mediated hit-and-run silencing of endogenous *DUX4* in facioscapulohumeral muscular dystrophy

○Mitsuru Honda<sup>1)</sup>, Hidetoshi Sakurai<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Center for iPS Cell Research and Application, Kyoto University

## P2-15 CRISPR/Cas9 RNP 搭載脂質ナノ粒子による肝臓での遺伝子ノックアウトの誘導

**【要旨】** 

○佐藤 悠介<sup>1)</sup>, 小沼 はるの<sup>1)</sup>, 原島 秀吉<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>北大・院薬

### Induction of hepatic gene knockout using CRISPR/Cas9 RNP-loaded lipid nanoparticles

○Yusuke Sato<sup>1)</sup>, Haruno Onuma<sup>1)</sup>, Hideyoshi Harashima<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Pharm., Univ. Hokkaido

## P2-16 マイクロインジェクション法、電気穿孔法、トランスフェクション法を用いた複数遺伝子欠損ブタ胚の作製

### 【要旨】

○LIN QINGYI<sup>1)</sup>, LE ANH QUYNH<sup>1)</sup>, WITTAYARAT MANITA<sup>2)</sup>, NAMULA ZHAO<sup>3)</sup>,  
TAKEBAYASHI KOKI<sup>1)</sup>, HIRATA MAKI<sup>1)</sup>, TANIHARA FUMINORI<sup>1, 4)</sup>, DO LANH THI KIM<sup>5)</sup>,  
OTOI TAKESHIGE<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>徳島大学大学院 創成科学研究科, <sup>2)</sup>プリンス・オブ・ソンクラ大学獣医学部,

<sup>3)</sup>中国広東海洋大学 農学部, <sup>4)</sup>自治医科大学 先端医療技術開発センター, <sup>5)</sup>ベトナム国家農業大学獣医学部

### Triple gene editing in pig embryo using microinjection, electroporation, and transfection methods

○QINGYI LIN<sup>1)</sup>, ANH QUYNH LE<sup>1)</sup>, MANITA WITTAYARAT<sup>2)</sup>, ZHAO NAMULA<sup>3)</sup>,  
KOKI TAKEBAYASHI<sup>1)</sup>, MAKI HIRATA<sup>1)</sup>, FUMINORI TANIHARA<sup>1, 4)</sup>, LANH THI KIM DO<sup>5)</sup>,  
TAKESHIGE OTOI<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Tokushima University,

<sup>2)</sup>Faculty of Veterinary Science, Prince of Songkla University, <sup>3)</sup>College of Coastal Agricultural Sciences, Guangdong Ocean University, <sup>4)</sup>Center for Development of Advanced Medical Technology, Jichi Medical University, <sup>5)</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Vietnam National University of Agriculture

## P2-17 独自の *in vivo* ゲノム編集評価系レポーターマウスの汎用性の拡張を目指した研究

### 【要旨】

○三浦 浩美<sup>1)</sup>, 今福 樹来<sup>1)</sup>, 黒崎 亜希<sup>1)</sup>, 大塚 正人<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>東海大学 医学部 基礎医学系

### Expanding the versatility of the reporter mouse for evaluation of *in vivo* genome editing

○Hiromi Miura<sup>1)</sup>, Jyurai Imahuku<sup>1)</sup>, Aki Kurosaki<sup>1)</sup>, Masato Ohtsuka<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Division of Basic Medical Science and Molecular Medicine, Tokai University School of Medicine,

## P2-18 ムラサキウニにおける CRISPR/Cas9 システムを用いたゲノム編集

### 【要旨】

○坂本 尚昭<sup>1)</sup>, 渡辺 開智<sup>1)</sup>, 粟津 暁紀<sup>1)</sup>, 山本 卓<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広島大・院統合生命

### CRISPR/Cas9-mediated genome editing in a sea urchin, *Anthocardia crassispina*.

○Naoaki Sakamoto<sup>1)</sup>, Kaichi Watanabe<sup>1)</sup>, Akinori Awazu<sup>1)</sup>, Takashi Yamamoto<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Integr. Sci. Life, Hiroshima Univ.

## P2-19 免疫不全および Cre ラットリソースの提供および疾患モデル動物作製支援事業の紹介

### 【要旨】

○星 美穂<sup>1)</sup>, 石田 紗恵子<sup>1)</sup>, 服部 晃佑<sup>1)</sup>, 吉見 一人<sup>1, 2)</sup>, 真下 知士<sup>1, 2)</sup>

<sup>1)</sup>東京大学医科学研究所 先進動物ゲノム研究分野, <sup>2)</sup>東京大学医科学研究所 ゲノム編集研究分野

### Supports for Rat research and resource by NBRP and AdAMS

○Miho Hoshi<sup>1)</sup>, Saeko Ishida<sup>1)</sup>, Kosuke Hattori<sup>1)</sup>, Kazuto Yoshimi<sup>1, 2)</sup>, Tomoji Mashimo<sup>1, 2)</sup>

<sup>1)</sup>Division of Animal Genetics, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo, <sup>2)</sup>Division of Genome Engineering, The Institute of Medical Science, The University of Tokyo

## P2-20 *fad* 遺伝子ノックインマダイ作出に向けた長鎖遺伝子ノックイン効率の比較

### 【要旨】

○山中 朔人<sup>1)</sup>, 鷺尾 洋平<sup>2)</sup>, 金 東仁<sup>2)</sup>, 荒井 孝友<sup>1)</sup>, 村上 悠<sup>3)</sup>, 家戸 敬太郎<sup>2)</sup>, 木下 政人<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>京大・院農, <sup>2)</sup>近大・水産研, <sup>3)</sup>近大・院農

### Comparison of large gene knock-in efficiencies for the production of *fad* knock-in red sea breams

○Sakuto Yamanaka<sup>1)</sup>, Youhei Washio<sup>2)</sup>, Dong-in Kim<sup>2)</sup>, Takatomo Arai<sup>1)</sup>, Yu Murakami<sup>3)</sup>,  
Keitaro Kato<sup>2)</sup>, Masato Kinoshita<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad. Sch. Agri., Univ. Kyoto, <sup>2)</sup>Aquac. Res. Ins., Kindai Univ., <sup>3)</sup>Grad. Sch. Agri., Univ. Kindai

## P2-21 ゲノム、エピゲノム編集による疾患モデル動物の作出支援(AMED-BINDS)

### 【要旨】

○堀居 拓郎<sup>1)</sup>, 金子 武人<sup>2)</sup>, 小林 良祐<sup>1)</sup>, 森田 純代<sup>1)</sup>, 畑田 出穂<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>群馬大・生調研, <sup>2)</sup>岩手大・理工学部

### Support for the Creation of Disease Model Animals by Genome and Epigenome Editing (AMED-BINDS)

○Takuro Horii<sup>1)</sup>, Takehito Kaneko<sup>2)</sup>, Ryosuke Kobayashi<sup>1)</sup>, Sumiyo Morita<sup>1)</sup>, Izuho Hatada<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>IMCR, Gunma Univ., <sup>2)</sup>Fac. Sci. & Eng., Iwate Univ.

## P2-22 MECP2 変異マーモセットの作製と解析

### 【要旨】

○岸 憲幸<sup>1,2)</sup>, 佐藤 賢哉<sup>3)</sup>, 畑 純一<sup>1,4)</sup>, 奥野 弥佐子<sup>1)</sup>, 伊東 多恵子<sup>1)</sup>, 岡原 純子<sup>1,3)</sup>, 岡野 洋尚<sup>1,4)</sup>, 佐々木 えりか<sup>1,3)</sup>, 岡野 栄之<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>理研 CBS, <sup>2)</sup>慶大・医, <sup>3)</sup>実中研, <sup>4)</sup>慈恵大・医

### Generation and analysis of MECP2 mutant marmosets

○Noriyuki KISHI<sup>1,2)</sup>, Kenya Sato<sup>3)</sup>, Junichi HATA<sup>1,4)</sup>, Misako OKUNO<sup>1)</sup>, Taeko ITOU<sup>1)</sup>, Junko OKAHARA<sup>1,3)</sup>, Hiroataka OKANO<sup>1,4)</sup>, Erika SASAKI<sup>1,3)</sup>, Hideyuki OKANO<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>RIKEN CBS, <sup>2)</sup>Keio Univ. Sch. Med., <sup>3)</sup>CIEA, <sup>4)</sup>Jiken Univ. Sch. Med.

## P2-23 アデノウイルスベクターを用いたII型くる病モデルラットのゲノム編集治療

### 【要旨】

○木瀬 智子<sup>1)</sup>, 安田 佳織<sup>1)</sup>, 岡田 只士<sup>2)</sup>, 西川 美宇<sup>1)</sup>, 生城 真一<sup>1)</sup>, 金本 義明<sup>3)</sup>, 加藤 茂明<sup>2,3)</sup>, 中西 友子<sup>4)</sup>, 斉藤 泉<sup>4)</sup>, 榊 利之<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>富山県大・院生物医薬, <sup>2)</sup>医療創生大・地連セ, <sup>3)</sup>ときわ会・先端医研セ, <sup>4)</sup>順天堂大・医

### Genome editing therapy for type II rickets model rats using adenoviral vector

○Satoko Kise<sup>1)</sup>, Kaori Yasuda<sup>1)</sup>, Tadashi Okada<sup>2)</sup>, Miyu Nishikawa<sup>1)</sup>, Shinichi Ikushiro<sup>1)</sup>, Yoshiaki Kanemoto<sup>3)</sup>, Shigeaki Kato<sup>2,3)</sup>, Tomoko Nakanishi<sup>4)</sup>, Izumu Saito<sup>4)</sup>, Toshiyuki Sakaki<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad.Sch.Bio Pharm, Univ.TPU, <sup>2)</sup>Univ.Iryo Sosei, <sup>3)</sup>Tokiwakai.RIIM, <sup>4)</sup>Med., Univ.Juntendo

## P2-24 ACE2 knockout hinders SARS-CoV-2 propagation in iPSC-derived airway and alveolar epithelial cells

### 【要旨】

○Ryo Niwa<sup>1,2)</sup>, Kouji Sakai<sup>3)</sup>, Mandy Lung<sup>1)</sup>, Tomoko Matsumoto<sup>1)</sup>, Ryuta Mikawa<sup>2)</sup>, Senye Takahashi<sup>2)</sup>, Yuki Yamamoto<sup>2,4)</sup>, Jun Kanamune<sup>2,4)</sup>, Yurika Moteki<sup>5)</sup>, Jose-Fabian Ocegüera-Yanez<sup>1)</sup>, Thomas Maurissen<sup>1,2)</sup>, Shotaro Maehana<sup>5)</sup>, Kazuaki Takehara<sup>6)</sup>, Shimpei Gotoh<sup>2)</sup>, Knut Woltjen<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>CiRA, Kyoto Univ., <sup>2)</sup>Grad. Sch. Med., Kyoto Univ., <sup>3)</sup>Dept. Vet. Sci., NIID, <sup>4)</sup>HiLung Inc.,

<sup>5)</sup>Grad. Sch. Med. Sci., Kitasato Univ., <sup>6)</sup>Dept. Vet. Sci., Grad. Sch. Agric. and Life sci., TUAT

## P2-25 ゲノム編集技術を用いた免疫原性制御によるがん免疫療法の開発

### 【要旨】

○山根 慶大<sup>1)</sup>, 保田 朋波流<sup>1)</sup>, 河野 洋平<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>広大・院医系科学

### Development of cancer immunotherapy by regulating immunogenicity based on genome editing technology

○Keita Yamane<sup>1)</sup>, Tomoharu Yasuda<sup>1)</sup>, Yohei Kawano<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Grad.Sch.Biomed.Univ.Hiroshima

## P2-26 *OsSh1*のゲノム編集による脱粒性を改良したイネの作出

### 【要旨】

○小松 晃<sup>1)</sup>, 大武 美樹<sup>1)</sup>, 清水 明美<sup>2)</sup>, 加藤 浩<sup>3)</sup>, 李 鋒<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>農研機構・生物機能利用部門, <sup>2)</sup>農研機構・作物研究部門, <sup>3)</sup>農研機構・遺伝資源研究センター

### Development of rice lines with improved shedding habit by genome editing of *OsSH1*

○Akira Komatsu<sup>1)</sup>, Miki Ohtake<sup>1)</sup>, Akemi Shimizu<sup>2)</sup>, Hiroshi Kato<sup>3)</sup>, Feng Li<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>Institute of Agrobiological Sciences, NARO, <sup>2)</sup>Institute of Crop Science, NARO, <sup>3)</sup>Research Center of Genetic Resources, NARO