



遺伝子制御技術を最適化する数理シミュレーションの構築

Optimization of RNAi and CRISPR technologies via mathematical simulations

【背景】 Background

次世代シーケンサーを中心としたゲノムワイド解析技術とRNA干渉やCRISPR/Cas9システムなどの分子ツールの発展は、現代の医学・生命科学において網羅的な生命情報の解析に必須です。本研究では、分子生物学・生化学のアプローチと数理シミュレーションを融合することにより、RNA干渉（マイクロRNA）とCRISPR/Cas9システムという遺伝子制御技術の2大分子ツールを最適化することに成功してきました。

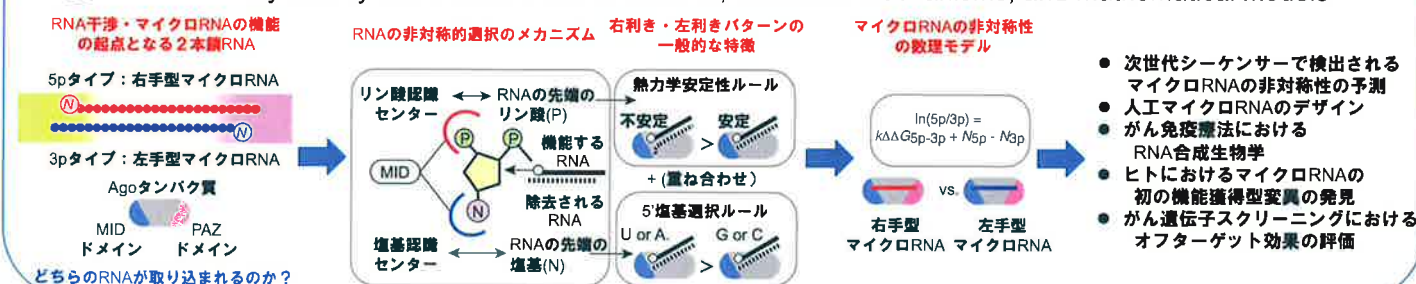
The development of genome-wide analysis technologies centered on next-generation sequencing and molecular tools such as RNA interference (RNAi) and CRISPR/Cas9 systems is essential for comprehensive analysis of biological system in modern medicine and life sciences. In this study, we have successfully optimized two major molecular tools of gene regulation technology, RNAi (microRNA) and CRISPR/Cas9 system, by combining molecular biology and biochemistry approaches with mathematical simulations.

【結果】 Results

RNA干渉（マイクロRNA）の最適化 Optimization of RNAi (microRNA function)

miRNAの非対称性の一般的な特徴, 分子機構, 数理モデル

Asymmetry of miRNAs: General features, molecular mechanisms, and mathematical models



CRISPR/Cas9の最適化 Optimization of CRISPR/Cas9

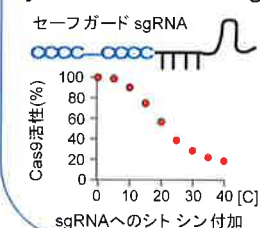
(九州大学 川又理樹先生との共同研究)

多様なゲノム編集における

最適なCas9活性のモデル化

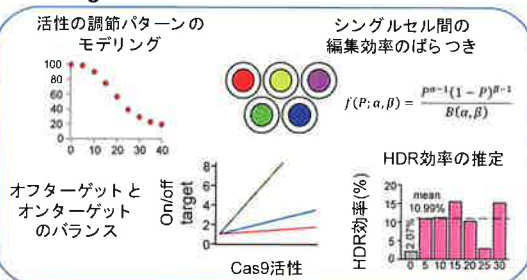
セーフガードsgRNAの開発

Cas9 fine-tuning via cytosine-extended sgRNA

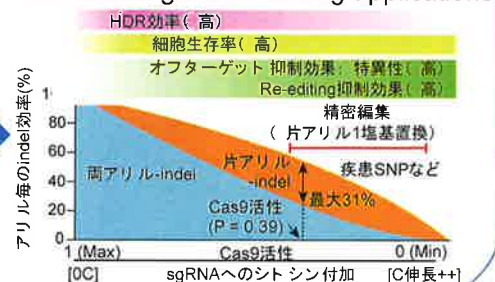


統合的数理シミュレーション

Integrative mathematical simulations



Optimal windows of Cas9 activity for various genome-editing applications



【今後の課題・展開】Future Work

ゲノム・遺伝子・RNAの作動原理を数式やコンピュータを駆使して解読し、
医学（がん研究）へ役立てることを目指しています。

研究室
HP



- スーパーエンハンサーと相分離
 - あきらめないがん治療へ：染色体外環状DNAを標的に
 - RNA干渉やCRISPR/Cas9に続く新たな遺伝子制御ツール

URL : <https://www.suzukilab.info/index.html> Email : hisuzuki@med.nagoya-u.ac.jp