

Moderní metody analýzy genomu

Úvod

CRISPR technológia – princípy a využitie

Veronika Mančíková

24.9.2018



Moderní metody analýzy genomu - syllabus

- 24.9. Úvod, CRISPR technológia – princípy a využitie (Mančíková)
- 1.10. Sekvenování nové generace (NGS) – technologické aspekty různých NGS platforem (Tichý)
- 15.10. Příprava knihoven pro sekvenování nové generace (Tichý)
- 29.10. Analýza dat I (Bystrý)
- 12.11. Metody pro analýzu nekódujících RNA – miRNA, lncRNA (Mráz)
- 26.11. Analýza dat II (Pál)
- 10.12. Aplikace - Využití moderních technologií, design experimentů (Trbušek)

Ukončení

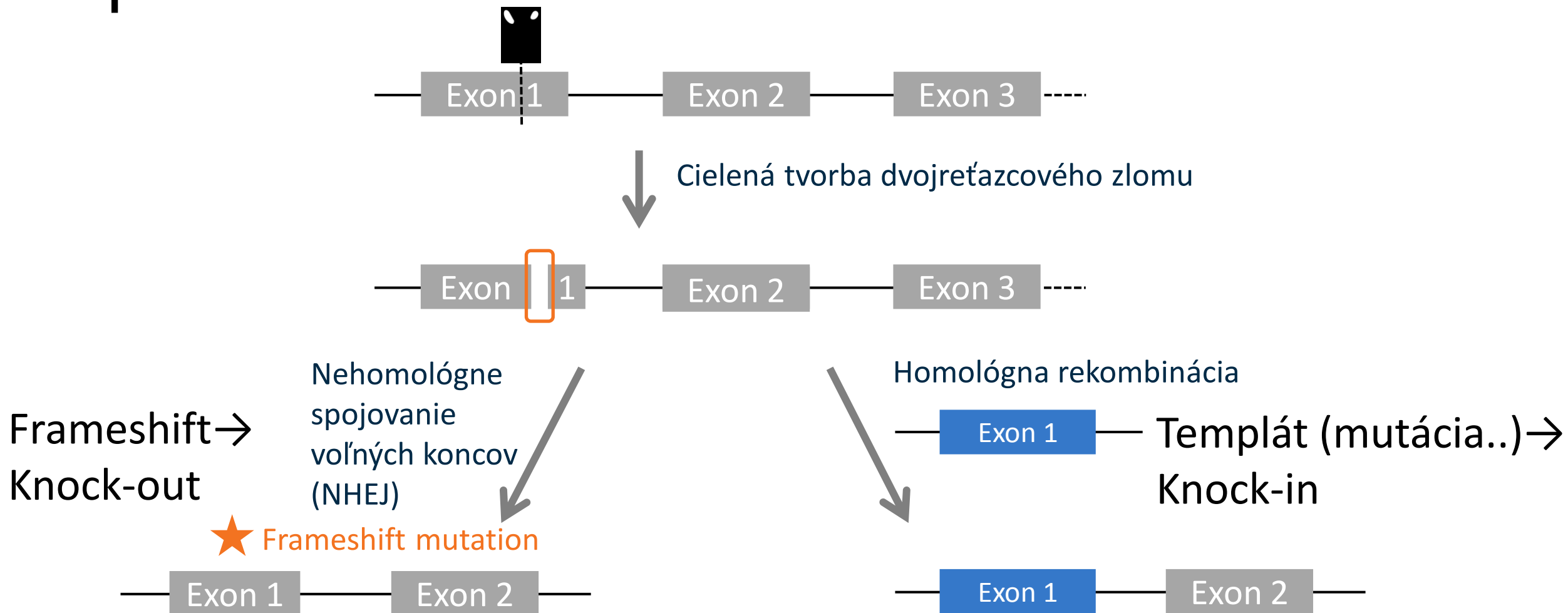
- Test na internete
- Aspoň polovica správnych odpovedí

CRISPR/Cas



Klíč k úspěchu genomového inženýrstva: metoda na tvorbu dvojřetězcových zlomov.

Reparačný systém buniek – endogénny proces



Ako špecificky naštiepiť genóm?

Hybrid Meganuclease



Protein-based
nucleases

RNA-guided
nuclease

ZFN



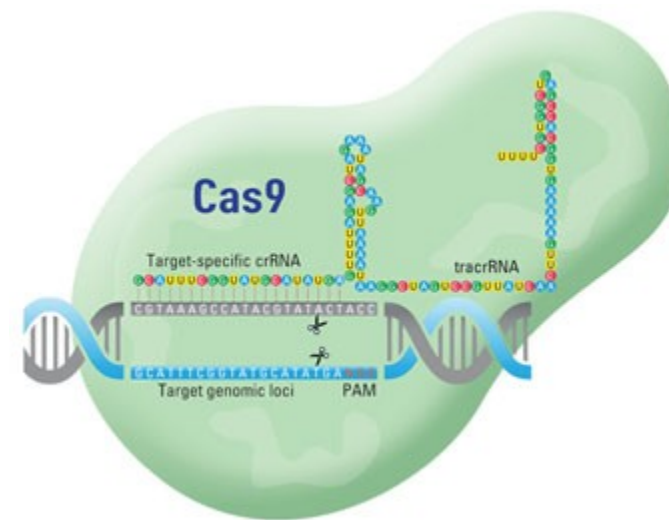
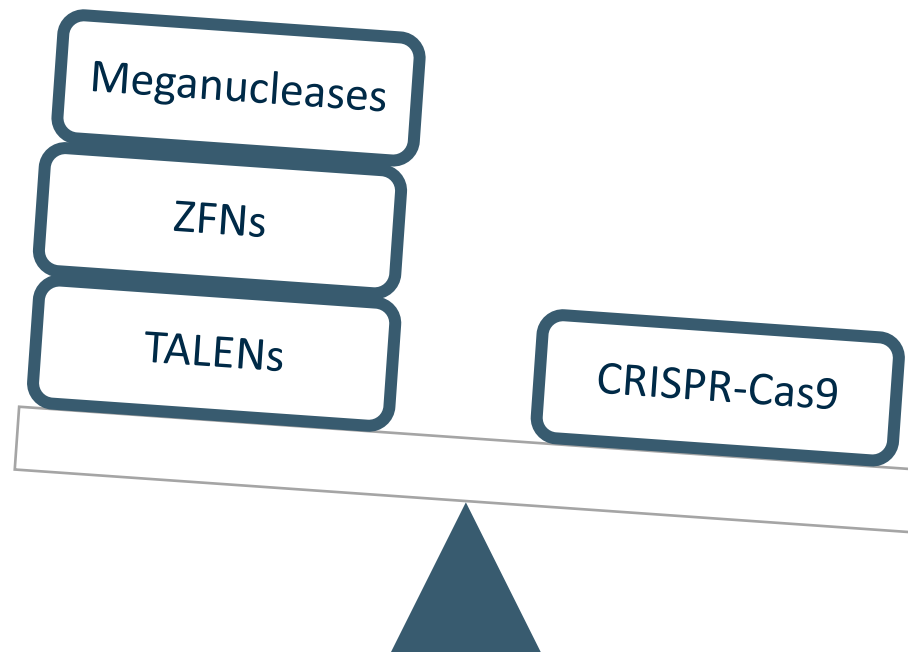
Zinc finger domains

TALEN



TALE subunits

active FokI catalytic subunit heterodimer



Meganukleázy

- Najšpecifickejšie restričné endonukleázy rozpoznávajúce veľmi dlhé sekvencie (16-40nt), prirodzene sa vyskytujú málo
- Sekvencia 18 bp rozpoznaná meganukleázou I-SceI sa náhodne bude nachádzať v genóme 20x dlhšom ako ten ľudský
- Umelé vytváranie variant je náročné, nakoľko DNA väzobná a štiepiaca funkcia sú súčasťou jednej domény

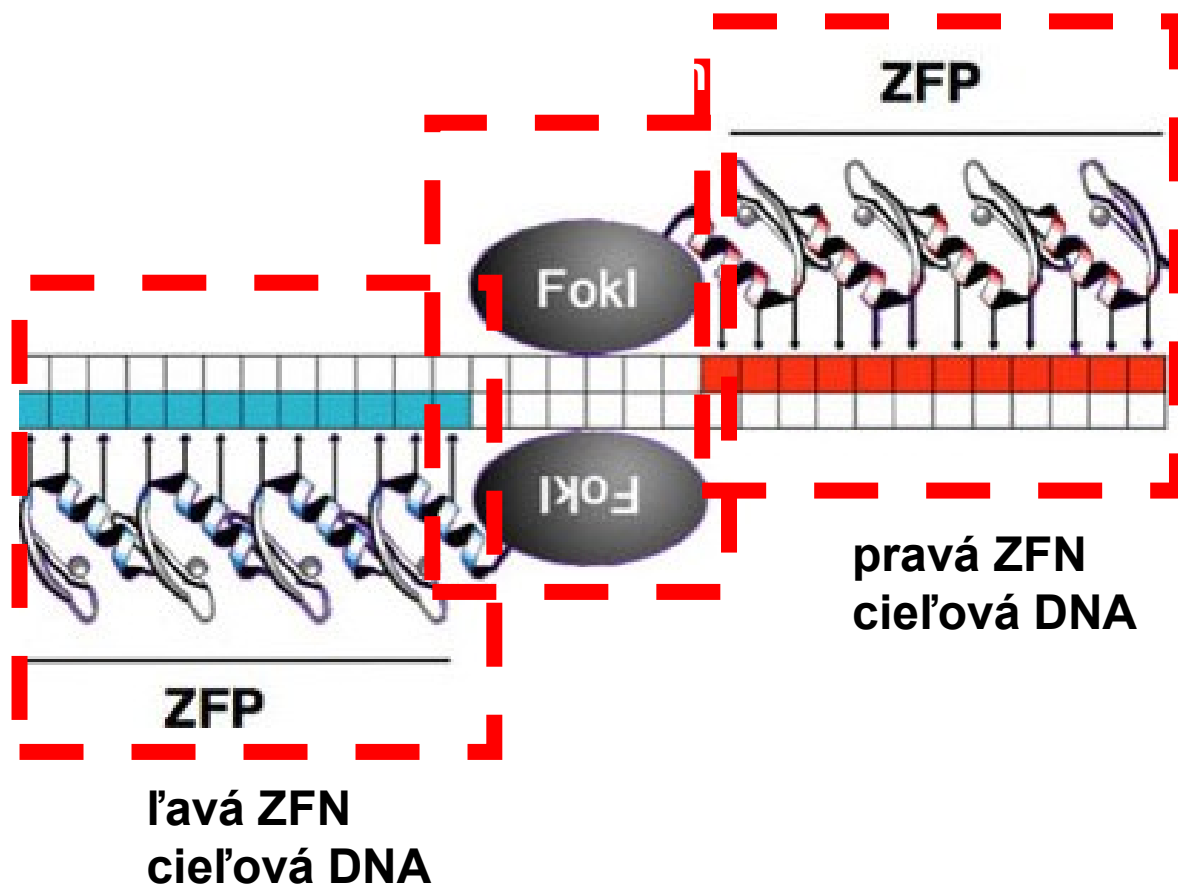
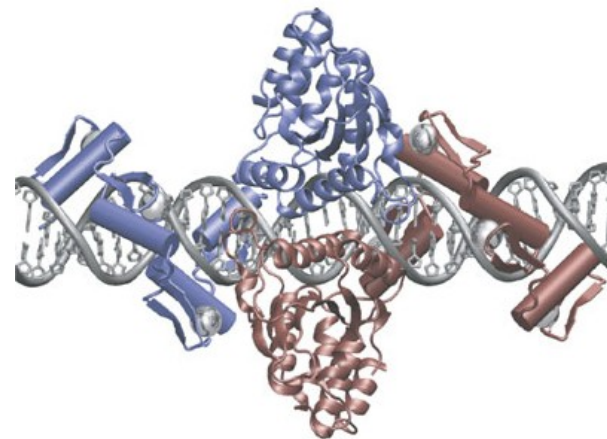


ZFNs & TALENs

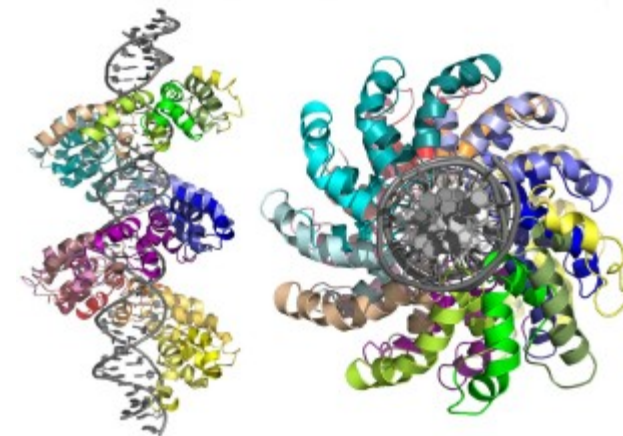
- Artificiálne restriktčné enzýmy (2 domény):
 - DNA väzba (Zinc Finger a TALE)
 - štiepenie (Fok I Nukleáza)
- Proteínové moduly rozpoznávajú DNA sekvenciu a **dimerizácia Fok I** indukuje štiepenie cieľovej DNA
- Rozpoznávajú dlhé úseky báz vhodné na štiepenie na úrovni genómu

ZFNs (1985)

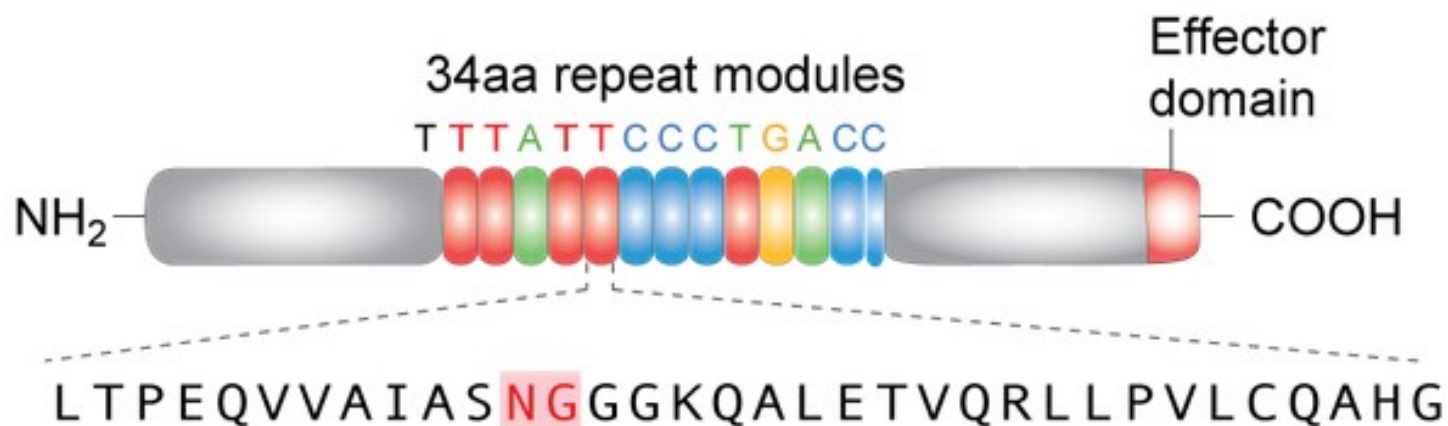
- Nová cieľová sekvencia (3-4 nt) = nová doména
- Design časovo náročný
- Miera neúspechu je veľmi vysoká (medzidoménové interakcie)
- Off-target veľmi časté



TALENs (2009)



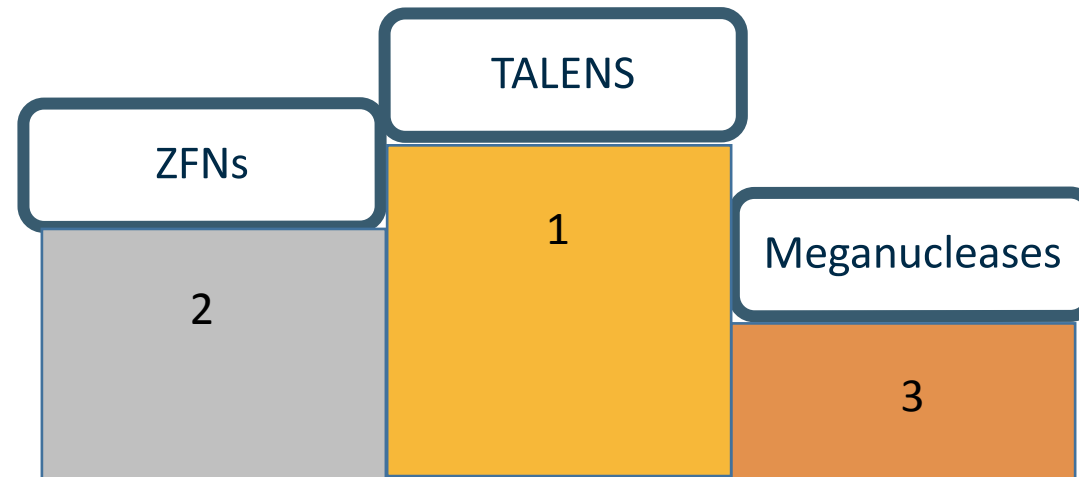
- Transcription **a**ctivator-like **e**ffector **n**uclease
- Opakujúce sa vysoko konzervované „moduly“ 33-34 aminokyselín
- Jednoduchší design ako u ZNFs (každý nukleotid má vlastný modul)



| | | |
|----|---|--------|
| NG | = | T |
| HD | = | C |
| NI | = | A |
| NN | = | G or A |

Proteínové systémy

- sekvenčná špecifita je **daná interakciou DNA-protein**
- editácia prebieha s presnosťou **až 1 nt**
- Používajú se umelo pripravené nukleázy
- Nový cieľ=nový proteín → príprava často zložitá, výsledok nie vždy uspokojivý



CRISPR/Cas: história

- Skromný začiatok ako exotické opakujúce sa sekvencie v bakteriálnom genóme
- 1987: Ishino *et al.*: "exotic junk DNA" s neznámou funkciou u *E.coli*

```
TCGAAATGGGAGGAGTTCACCCGAGAGCCGGGGAACTCFAAGTGATATCCATCATCCGATCCAGTCCGCC (1,451)
(1,452) CGGTTTATCCCCGCTGATCCGGGGAACACCAAGCCAGCCCGTGAATCTCACCGTCGTTGC (1,512)
(1,513) CGGTTTATCCCTGCTGGCGGGGAACTCTCGGTTTCAGCCGTTGCAACCTGGCTACCGGG (1,573)
(1,574) CGGTTTATCCCCGCTAACGGGGGAACTCCTAGTCCATCATCCACCTATGTCTGAACTCC (1,634)
(1,635) CGGTTTATCCCCGCTGGCGGGGAACTC (1,664)
consensus: CGGTTTATCCCCGCTGGAACGGGGAACTC
```

- 2002: Jansen *et al.*: v genóme väčšiny baktérií a Archae – CRISPR

Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeat

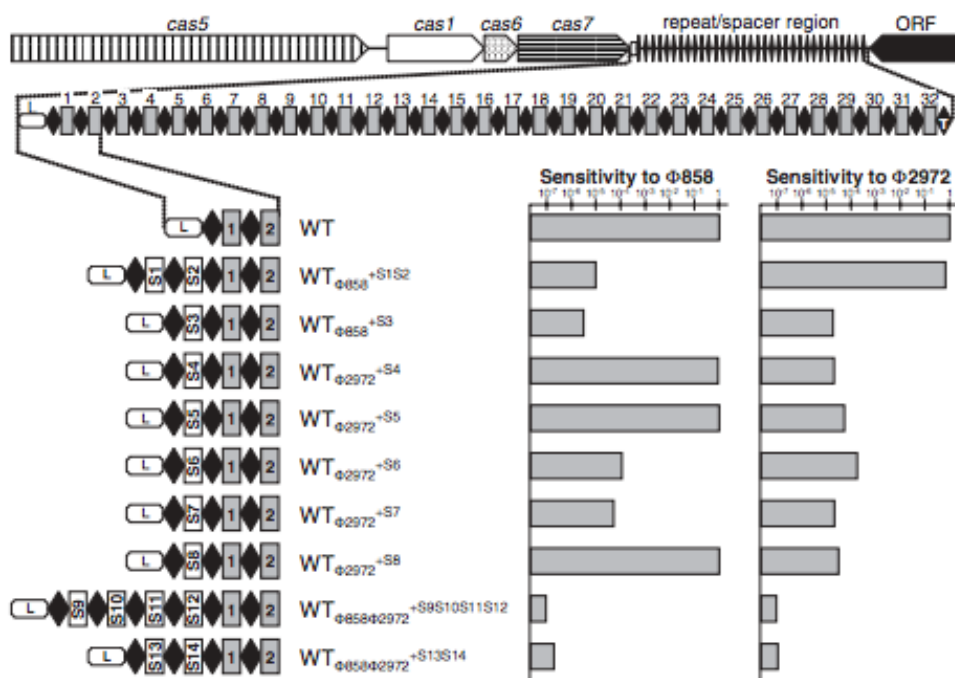
= priame opakovania (21 do 37 bp) rozdelené rovnako dlhými neopakujúcimi sa sekvenciami (medzerníky=spacery)

- CRISPR associated (*cas*) genes – vždy prítomné pri CRISPR lokuse

- 2005: Mojica *et al.*: sekvencia spacerov homológna k bakt. fágom

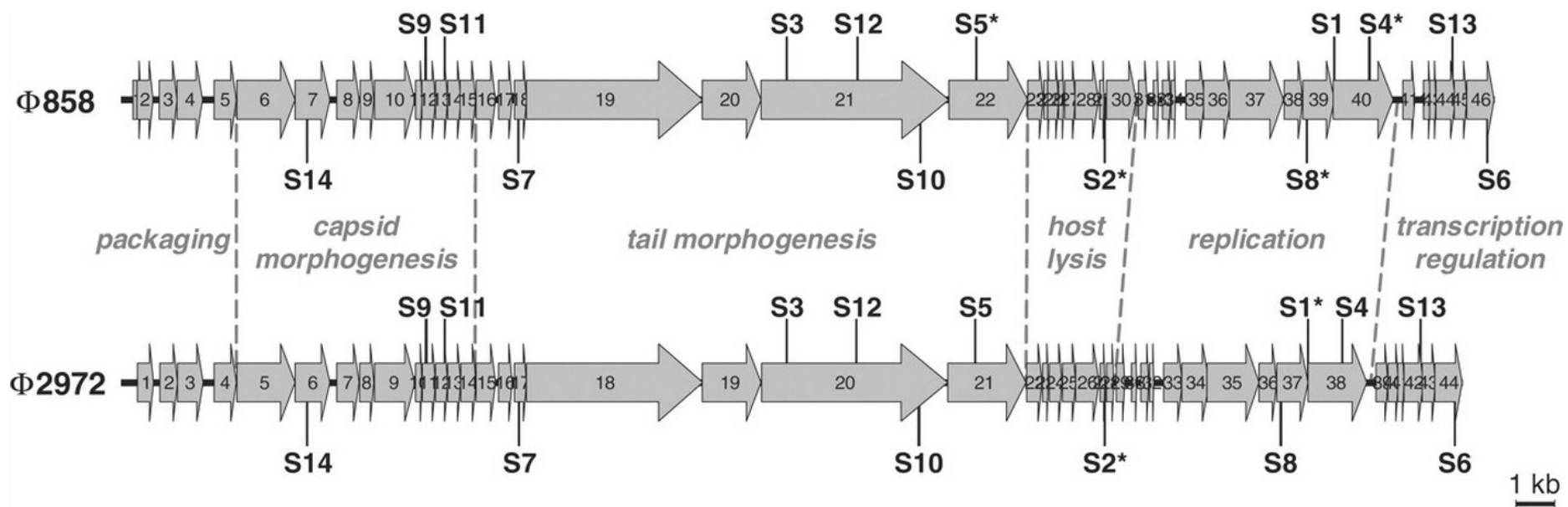
CRISPR: bakteriálna imunitná pamäť

- Infekčné experimenty s *Streptococcus thermophilus* a lytickými fágmi
- Rezistentné bakt. kmene sa objavujú po fágovej pandémii → hypotéza: „Bakteriálna získaná imunita proti infekcii fágmi?“



- Čím viac spacerov, tým vyššia odolnosť voči infekcii
- Cudzorodá DNA rozpoznaná a začlenená do CRISPR lokusu ako nový medzerník (spacer)
- Cas gény-helikázové a nukleázové motívy → aktívna účasť na prestavbe CRISPR lokusu

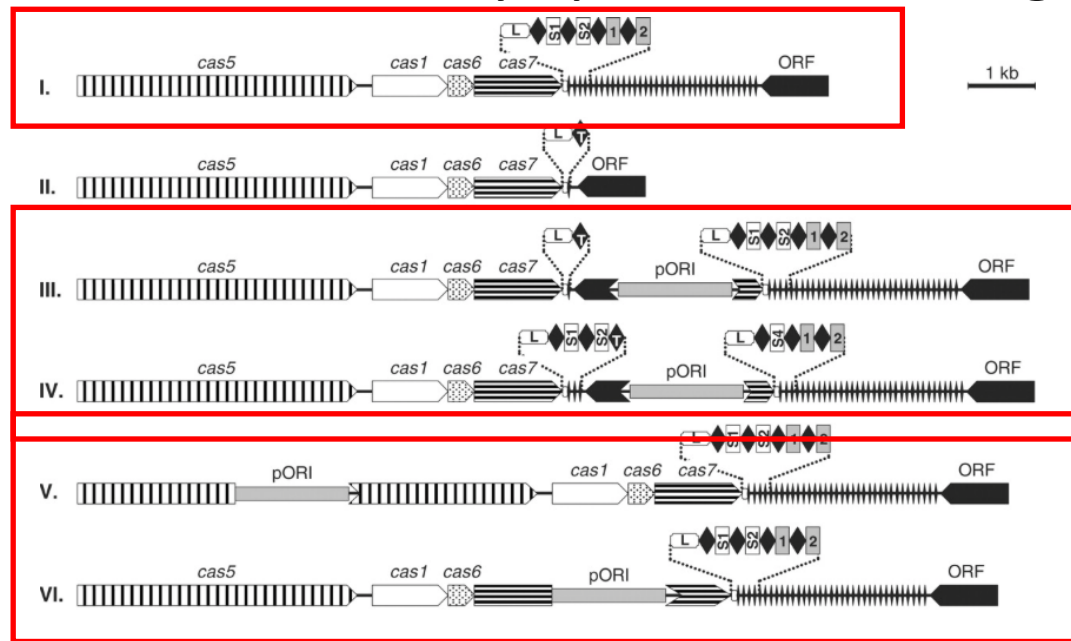
CRISPR: bakteriálna imunitná pamäť



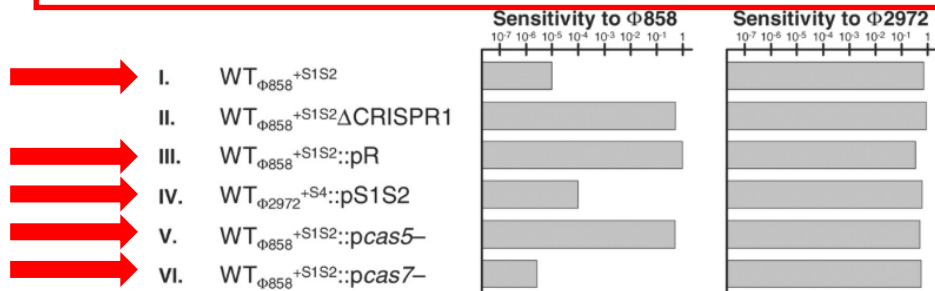
Nové spacery sú homológne ku genómu fágov.

CRISPR: bakteriálna imunitná pamäť

Ak vložíme nový spacer do bakt. genómu, bude táto rezistentná?



- spacery majú schopnosť poskytnúť fágová rezistencia *de novo*
- samotné spacery nie sú dostačujúce, musia byť v konkrétnom genetickom kontexte
- niektoré *cas* gény sú nevyhnutné k poskytnutiu rezistencie (*cas9*)



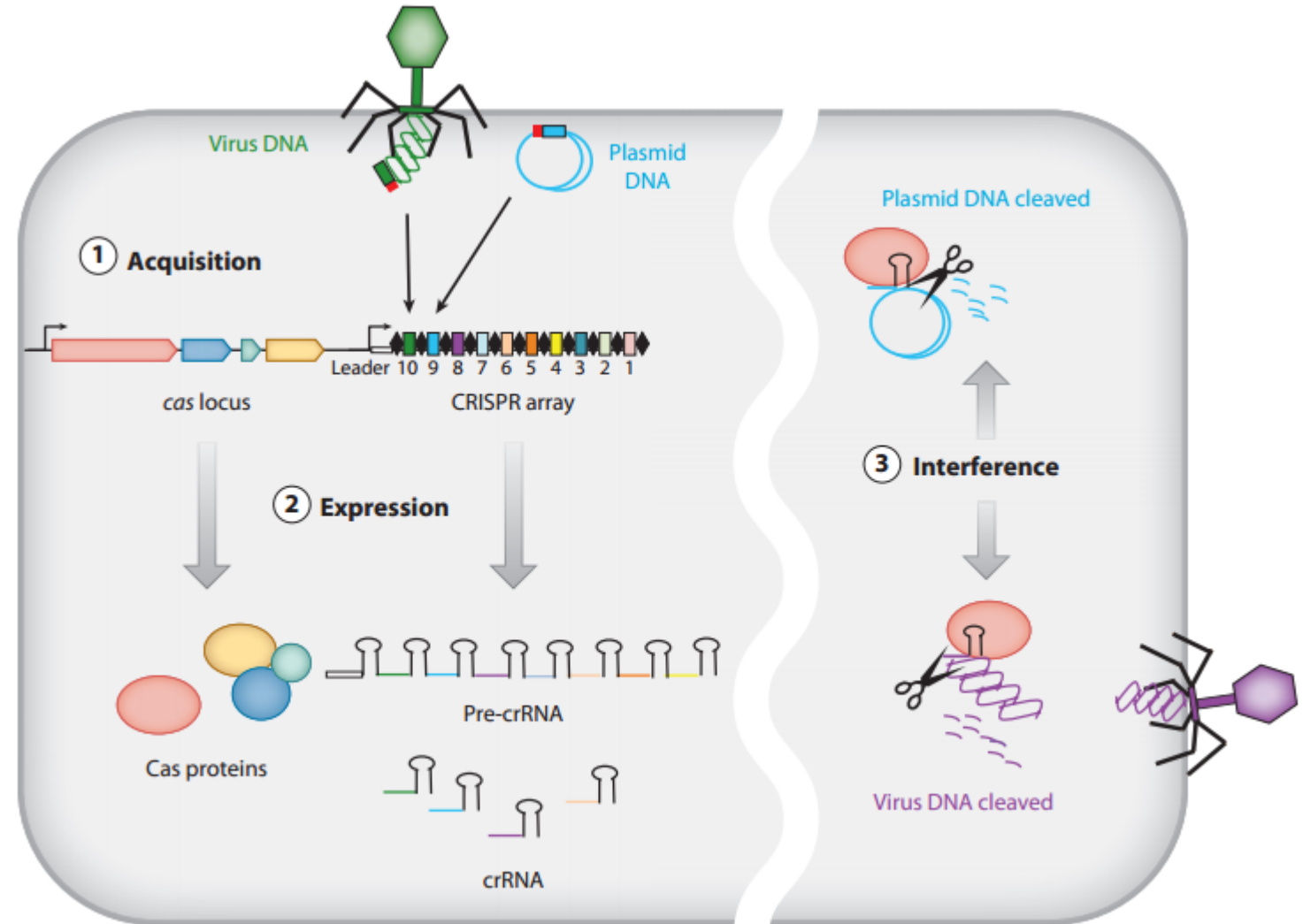
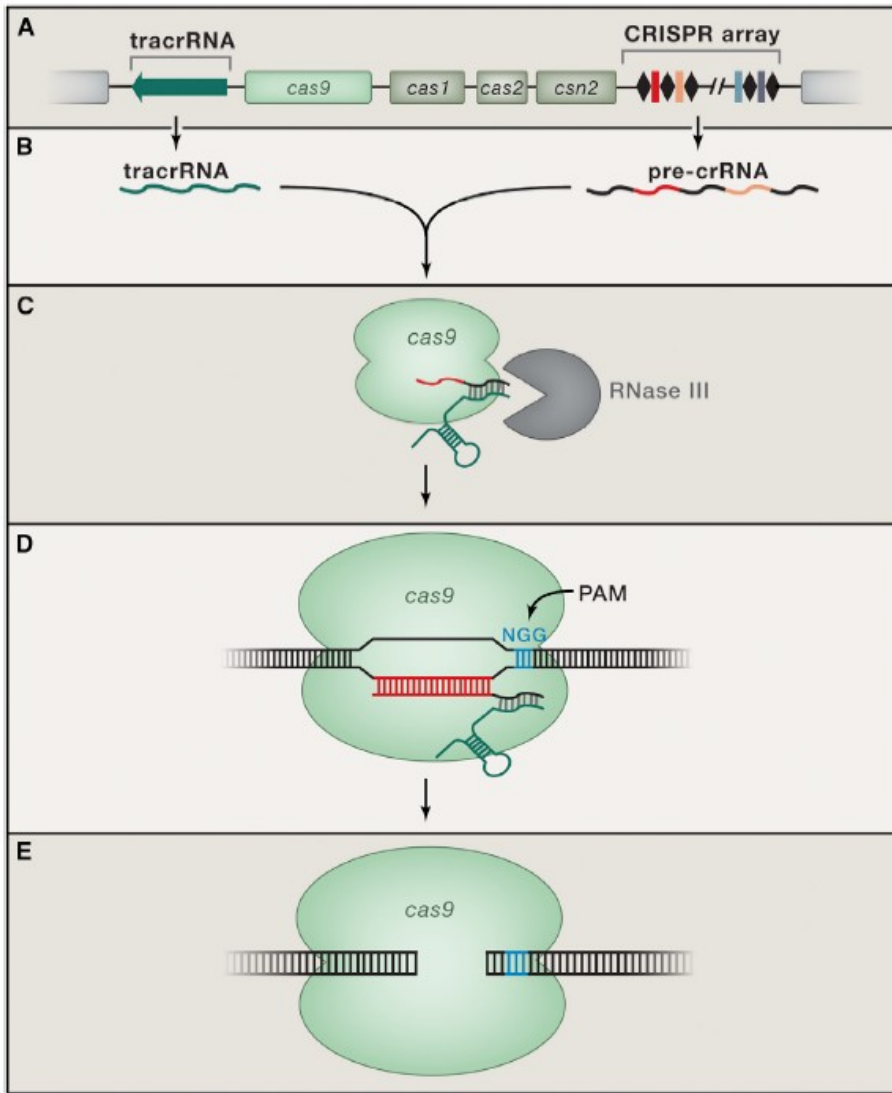
CRISPR: bakteriálna imunitná pamäť

- relatívne malá populácia bakteriofága si zachovala schopnosť infikovať mutanty → tieto fágy zmutovali sekvenciu korešpondujúcu spaceru → imunita závisí na zhode v sekvencii

```
S1          CAACACATTCAACAGATTAATGAAGAATAC
Φ858       .....
Φ858-A     .....A.....
Φ858-B     .....C.....
```

Fig. S3. Alignment of CRISPR spacer S1 with the corresponding genomic region of phage 858 and the two mutant phages that have circumvented the CRISPR resistance of strain $WT_{\Phi 858}^{+S1S2}$.

CRISPR: bakteriálna imunitná pamäť



CRISPR/Cas systémy

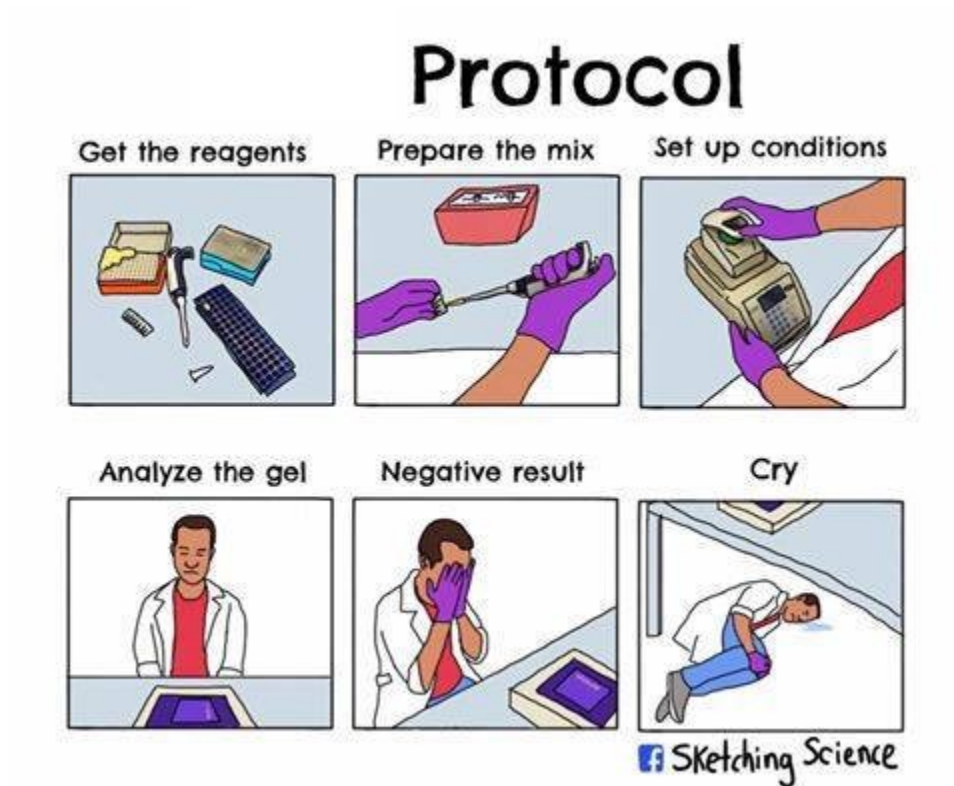
- 90% archae a 1/2 baktérií má nejakú formu CRISPR/Cas imunity.

Table 1. Classification and Examples of CRISPR Systems

| Class | Type | Subtype | Hallmarks | Example effector | Example organism | Studies Cited |
|---------|----------|---------|---|------------------|--|---|
| Class 1 | Type I | | multisubunit effector complex; Cas3 | Cascade | <i>E. coli</i> | Brouns et al., 2008 |
| | Type III | III-A | multisubunit effector complex; Csm effector module; DNA targeting | Cas10-Csm | <i>S. epidermidis</i> | Marraffini and Sontheimer, 2008 |
| | | III-B | multisubunit effector complex; Cmr effector module; RNA targeting | Cmr | <i>P. furiosus</i> | Hale et al., 2009 |
| Class 2 | Type II | | single protein effector; tracrRNA | Cas9 | <i>S. thermophilus</i> <i>S. pyogenes</i> | Bolotin et al., 2005; Barrangou et al., 2007; Sapranaukas et al., 2011; Gasiunas et al., 2012 Deltcheva et al., 2011; Jinek et al., 2012; Cong et al., 2013; Mali et al., 2013 |
| | Type V | | single protein effector; single-RNA guided | Cpf1 | <i>F. novicida</i> | Zetsche et al., 2015 |

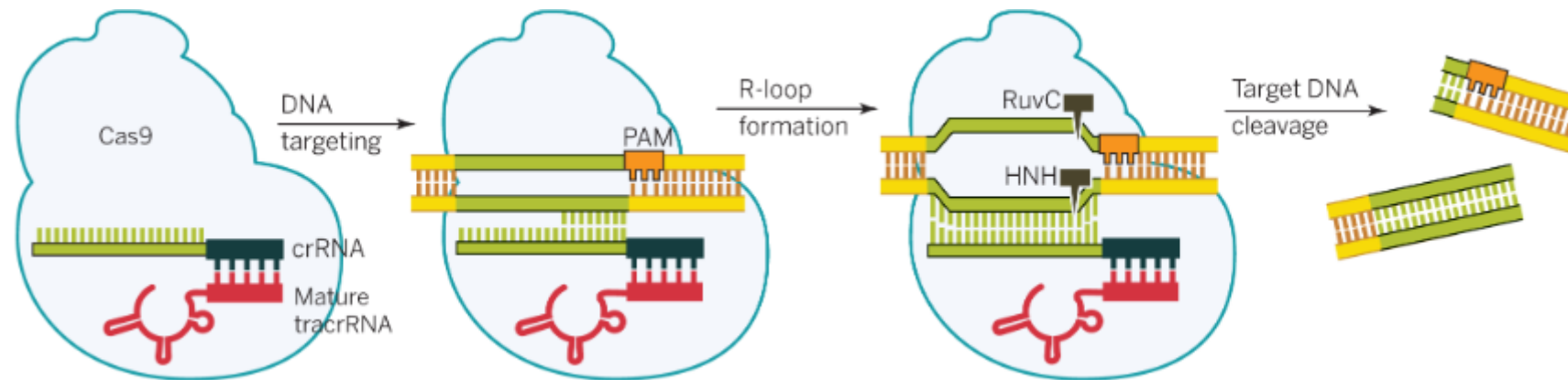
CRISPR systems are currently organized into two overarching classes: Class 1, which contain multi-subunit effectors, and Class 2, which contain single protein effectors. These classes are subdivided into five types (Makarova et al., 2015), with type IV remaining a putative type within Class 1. Although only Class 2 systems have been adapted for genome engineering, the results described in this review emerged from studying a diversity of CRISPR-Cas systems. (Type III-B systems are not discussed but represent an unusual system that targets RNA rather than DNA [Hale et al., 2009].)

„Praktická příručka“



Cas9

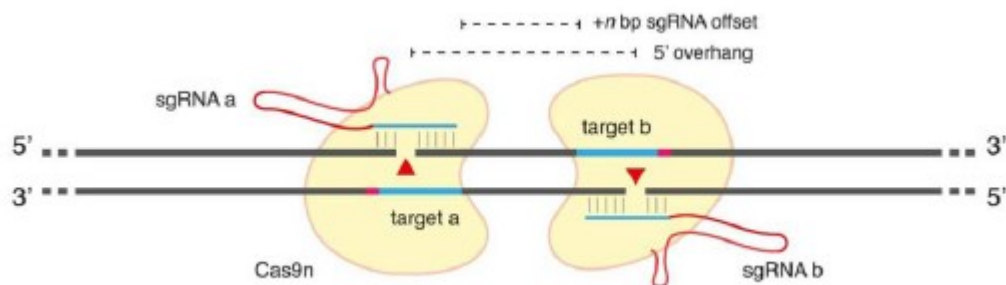
- Rôzne ortológy (podľa bakt.kmeňa pôvodu, najpoužívanejšia *Streptococcus pyogenes* Cas9)
- Multifunkčný proteín
 - 2x nukleázová doména (HNH, RuvC-like)-každá štiepi iný DNA reťazec
 - helikázová doména



- **Off-target** = tolerancia Cas9 k nesprávnemu párovaniu s cieľovou sekvenciou
 - Počet nespárovaných bází
 - Ich umiestnenie vrámci sekvencie
 - Ich distribúcia vrámci sekvencie
 - Množstvo Cas9 v bunke (\uparrow Cas9 = \uparrow off-target)

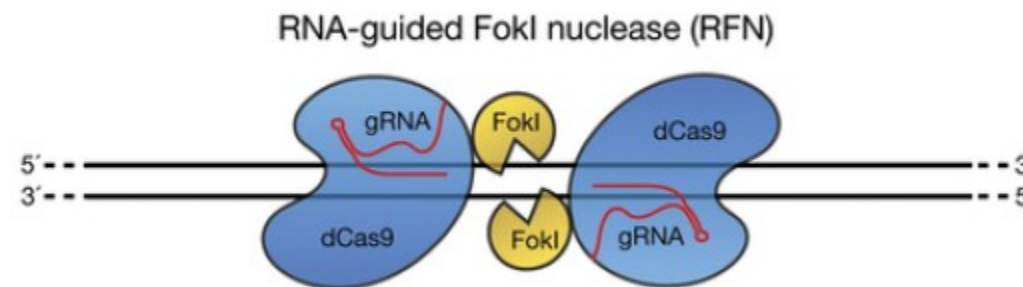
Modifikácie Cas9

- nCas9
 - Mutant pre jednu z dvoch nukleázových domén (Cas9 nickase)
 - 50 - 1500x vyššia špecificita



| Cas9 Wild type | Cas9 Nickase |
|--|----------------------------------|
| Dvojreťazcové zlomy | Štiepi iba jeden reťazec |
| Vyžaduje single gRNA | Vyžaduje 2 gRNAs |
| Off-target | Menej off-targetov |
| Vysoká efektivita Špeciálne výkonná pre indely (= KO) | Efektivita určená „slabšou“ gRNA |

- dCas9
 - katalyticky neaktívny mutant (Cas9 dead)
 - RNA riadený DNA väzobný proteín
 - slúži ako výborná platforma na nábor proteínov k cieľovej DNA



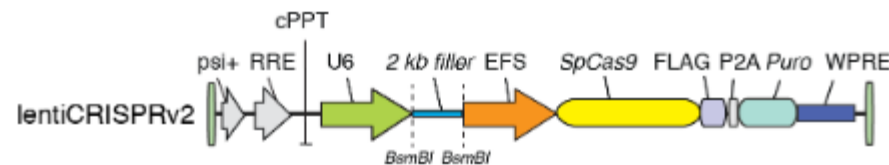
| Tool | Website | Type of CRISPR/Cas system | Species support | CRISPR/Cas designs | | Off-target analysis | Batch mode | Comments |
|----------------------|---|---------------------------|-----------------|--------------------|---------|---------------------|------------|--|
| | | | | Nucleases | Nickase | | | |
| ZiFIT | http://zifit.partners.org/ZiFIT | Type II only | 9 | Yes | Yes | Yes | No | Analysis DNA sequence up to 1 kb; one of the earliest tools for searching potential target sites; this software also be applied in ZFNs design and TALENs design |
| CRISPR design | http://crispr.mit.edu | Type II only | 16 | Yes | Yes | Yes | Yes | Analysis DNA sequence up to 500 bp; display the off-target scores in an unambiguous manner; limited exclusively to 'NGG' PAM sequences |
| CRISPR direct | http://crispr.dbcls.jp | Type II only | 18 | Yes | No | Yes | No | Identify various PAM sequences; display main sequence features of the candidate sites |
| CRISPR RGEN tools | http://www.rgenome.net | Different Type II | 16 | Yes | No | Yes | No | Analysis DNA sequence up to 1 kb; standalone version available; random mismatches can be searched |
| CHOPCHOP | https://chopchop.rc.fas.harvard.edu | Different Type II | 25 | Yes | No | Yes | No | Display in dynamic graphical interface; design sgRNAs for orthogonal Cas9 with different PAM sequences; this software also be applied in TALEN design |
| E-CRISPR | http://www.e-crisp.org/E-CRISP | Different Type II | 33 | Yes | Yes | Yes | No | Start application and design purpose can be set for specific experimental goals (e.g. knockout, N-terminal tagging, C-terminal tagging, CRISPRi/a); enable gene annotation filtering |
| sgRNA Designer | http://broadinstitute.org/rnai/public/analysis-tools/sgma-design | Type II only | 2 | Yes | No | No | Yes | Analysis DNA sequences up to 10 kb; standalone version available; for human and mouse genes or interest gene only; use experimentally defined scoring scheme |
| CRISPR MultiTargeter | http://www.multicrispr.net | Multiple types | 12 | Yes | Yes | No | Yes | Enable multiple CRISPR systems sgRNA design; scan off-target sites with the aid of GT-scan or Cas OFFinder; basic sgRNA target sites search in a set of similar genes or transcripts |
| CRISPR-ERA | http://crispr-era.stanford.edu/InitAction.action | Type II only | 9 | Yes | Yes | Yes | No | Design sgRNAs for gene regulation; use E-score to reveal the sequence features and S-score to display off-target effects |
| sgRNA Scorer | https://crispr.med.harvard.edu/sgRNAScorer | Different Type II | 12 | Yes | No | No | No | Analysis DNA sequences up to 10 kb; scan off-target sites with the aid of Cas OFFinder; use a new <i>in vivo</i> and multiplex library-on-library methodology to assess sgRNA activity across ~ 1400 genes |
| CRISPRscan | http://crisprscan.org | Type II only | 7 | Yes | No | Yes | No | Provide a valuable resource for predicting the most efficient sgRNA for <i>in vivo</i> targeting, especially zebrafish; commonly criteria to design sgRNAs are outclassed |

Rekonštitúcia dvojkomponentového CRISPR/Cas9

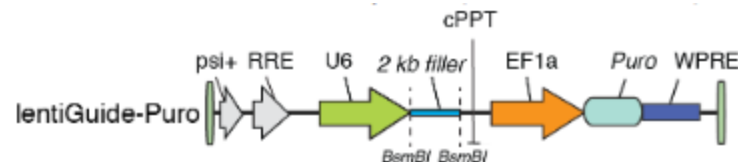
- CRISPR/Cas9 systém vyžaduje ko-expressiou 2 komponentov: sgRNA špecifickej pre cieľový gén a endonukleázu Cas9 (na jednom/dvoch vektoroch)

- **Jednovektorový systém** (napr. lentiCRISPRv2) – plasmid s 2 expresnými kazetami (Cas9 a chimérna gRNA). Plasmid môže byť naštiepený restriktčným enzýmom v lokuse gRNA, a do miesta štiepenia vložená cieľiaca oligosekvencia (20nt).

- vhodný napr. pre primárne bunky (iba jedna transdukcia)



- **Dvojvektorový systém** (napr. lentiGuide-Puro a lentiCas9-Blast) – 1 plasmid exprimuje len gRNA, druhý Cas9 (najprv sa zavedie Cas9). Plasmid môže byť naštiepený restriktčným enzýmom v lokuse gRNA, a do miesta štiepenia vložená cieľiaca oligosekvencia (20nt).

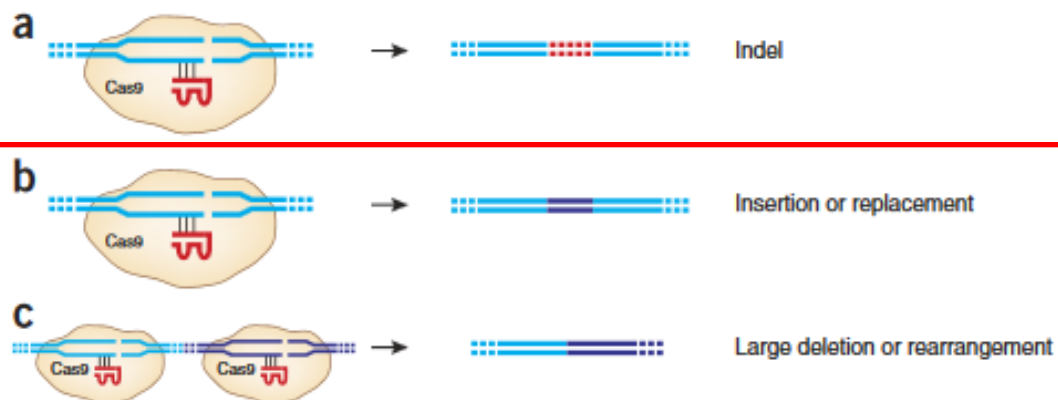


CRISPR/Cas9 editovanie: potrebné komponenty

ko-expressia sgRNA a Cas9 → špecifický expresný systém závisí od konkrétnej aplikácie

| Expresný systém | komponenty systému | aplikácia |
|----------------------------------|--|---|
| Savčie expresné vektory | <ul style="list-style-type: none"> Promótor Cas9 konštitutívny (CMV, EF1alfa) alebo indukovateľný (Tet-ON); Promótor gRNA typicky U6 Reportér. gén (GFP), selekčný marker (antibiotikum) | Ľahko transfekovateľné bunky (Hek293), dočasná alebo stabilná expresia |
| Lentivirálna transdukcia | <ul style="list-style-type: none"> Cas9 a sgRNA na 1/2 vektorech Reportér. gén (GFP), selekčný marker (antibiotikum) Obalové plazmidy na tvorbu víru | <ul style="list-style-type: none"> Stabilná, laditeľná expresia Cas9 a/alebo gRNA v širokej škále savčích línií Užitočné pre ťažko transfekované bunky/<i>in vivo</i> Celogenómové screeniny |
| Cas9 mRNA a gRNA | Plazmidy s gRNA a Cas9 sa použijú na transkripciu <i>in vitro</i> na vytvorenie maturovej Cas9 mRNA a gRNA, potom sa dodajú do cieľových buniek (napr. mikroinjekcia alebo elektroporácia) | <ul style="list-style-type: none"> Dočasná expresia systému Expresia klesá s časom (degraduje sa RNA) Generovanie transgénnych embryí |
| Cas9-gRNA riboproteínový komplex | Purifikovaný Cas9 proteín a <i>in vitro</i> transkribovaná gRNA sa kombinujú za vzniku komplexu Cas9-gRNA a dodávajú sa do buniek použitím kationových lipidov | <ul style="list-style-type: none"> Dočasná expresia systému Expresia klesá s časom (degradácia komplexu) |

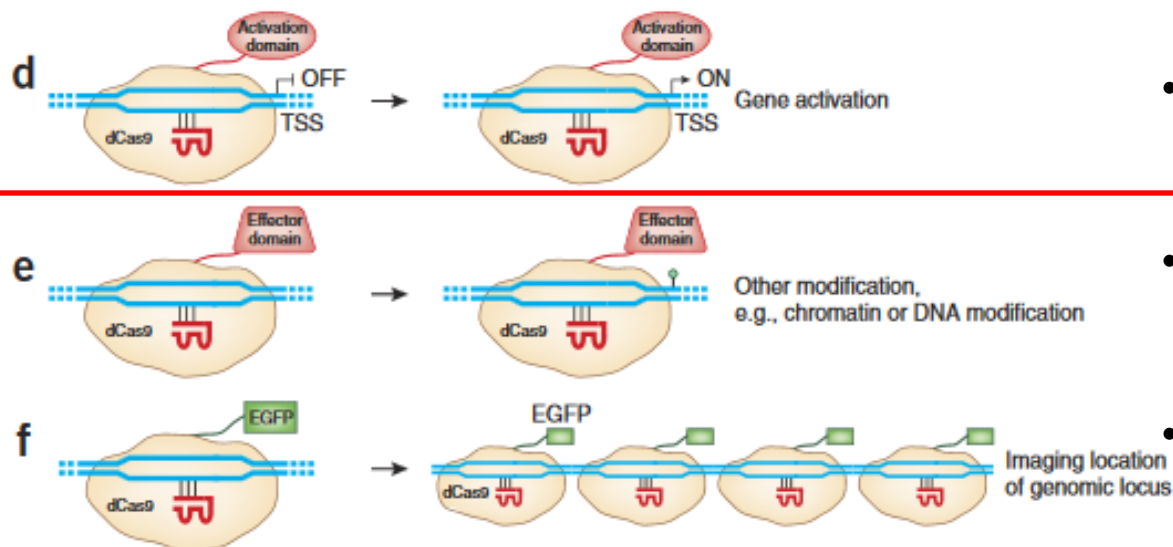
Prehľad rôznych aplikácií



- Indel (knock-out) pomocou NHEJ

- Špecifická zmena (mutácia/insercia) pomocou HR

- Dvojica gRNA môžu stimulovať veľké delécie, a chrom. prestavby



- dCas9 fúzovaný s transkripčným regulátorom → zmena expresie cieľového génu

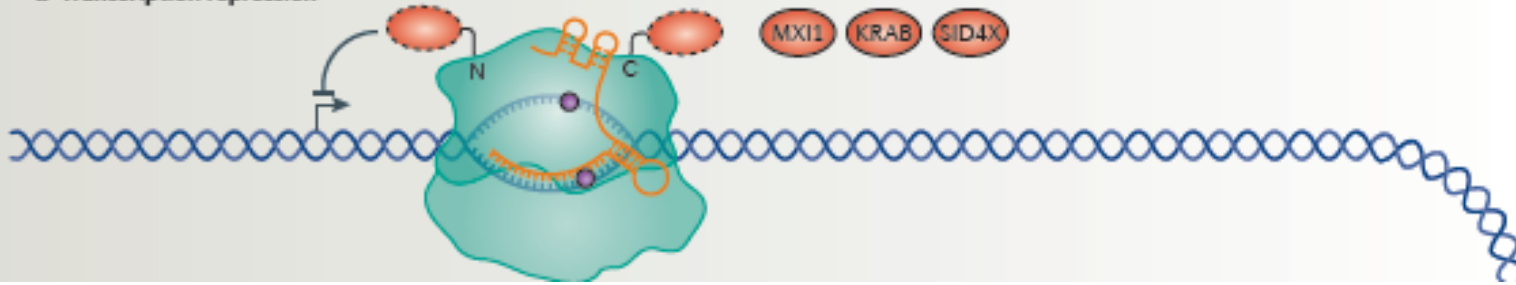
- dCas9 fúzovaný s rôznymi efektormi → zmeny v epigenetických značkách

- dCas9 fúzovaný s florescenčným proteínom → florescenčná mikroskopia

dCas9 = kataliticky neaktívny proteín

CRISPR interference & activation (CRISPRi&a)

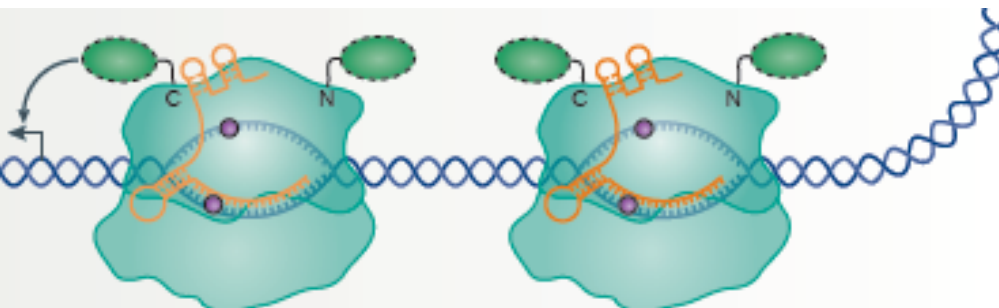
a Transcription repression



- dCas9-sgRNA môže blokovať RNA polymerázu
- zabrániť iniciácii transkripcie narušením viazania transkripčného faktora
- ↑ represia s KRAB, SID4X doménami
- KRAB-dCas9 silná represia -50 až +300bp od TSS

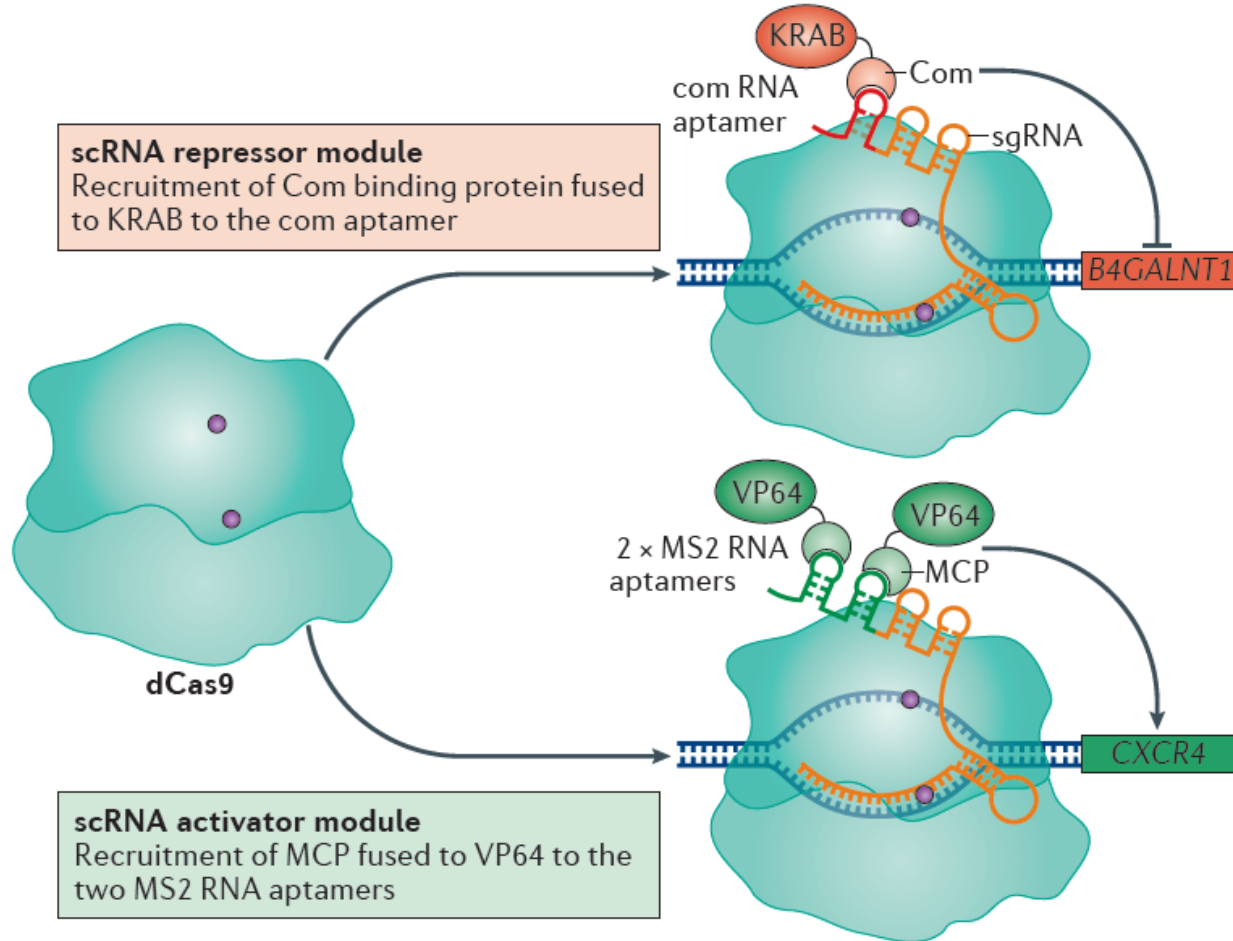
b Basic transcription activation

VP64 p65AD



- CRISPRa používa dCas9 fúzne proteíny na nábor transkripčných aktivátorov
- často potrebné viaceré sgRNA
- Aktivácia -50 až -400bp od TSS

Simultánna transkripčná aktivácia a repressia

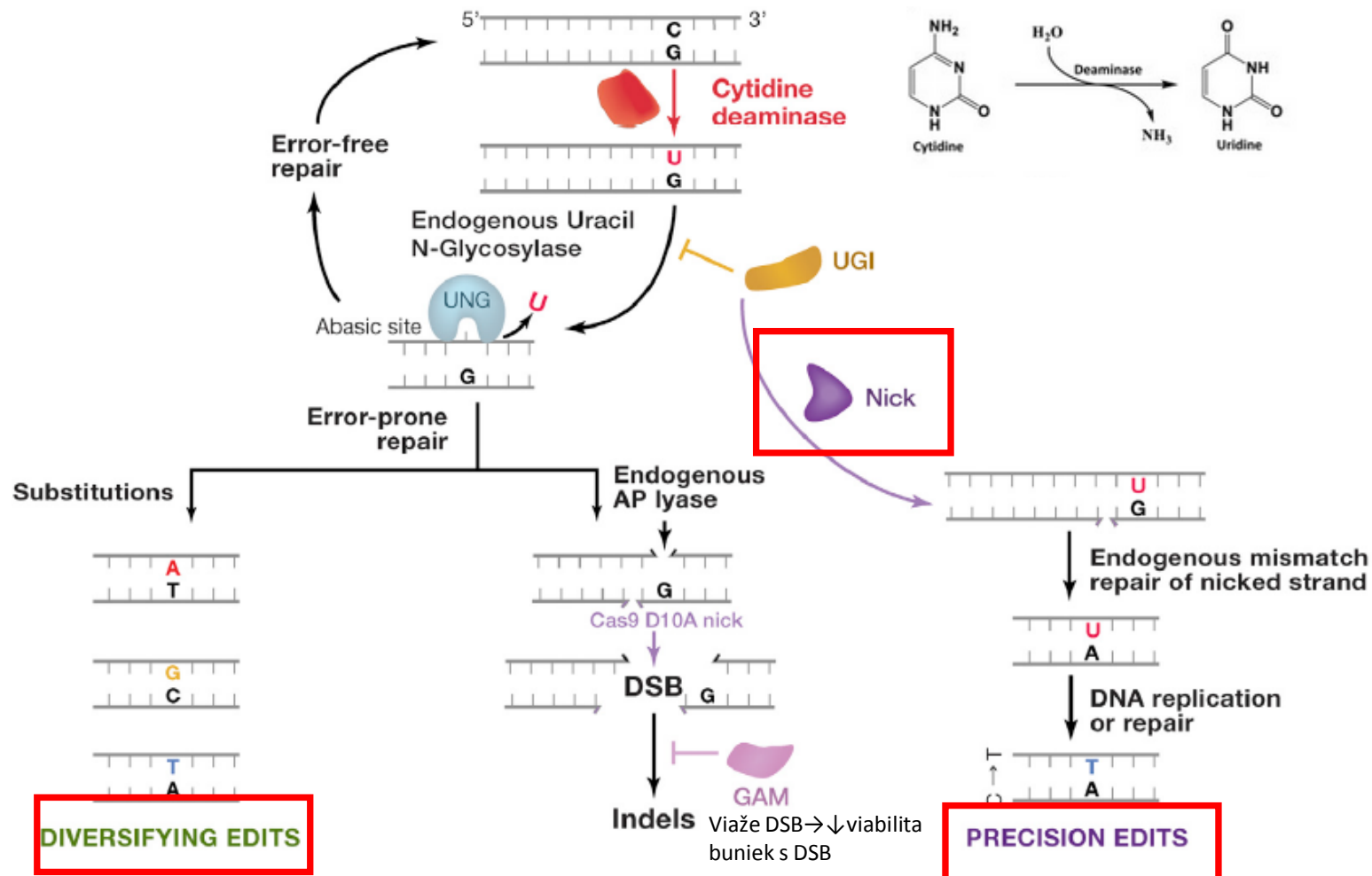


- Viaceré sgRNA → viac génov
- scRNA (scaffold)-predĺženia sgRNA o proteíny-viažúce RNA adaptéry → info o cieľovom gène a akcii (ON/OFF)

Manipulácia komplexných signálnych dráh (bez zmien v sekvencii DNA).

CRISPR editácie báz (bez DSB): CRISPRx a iné

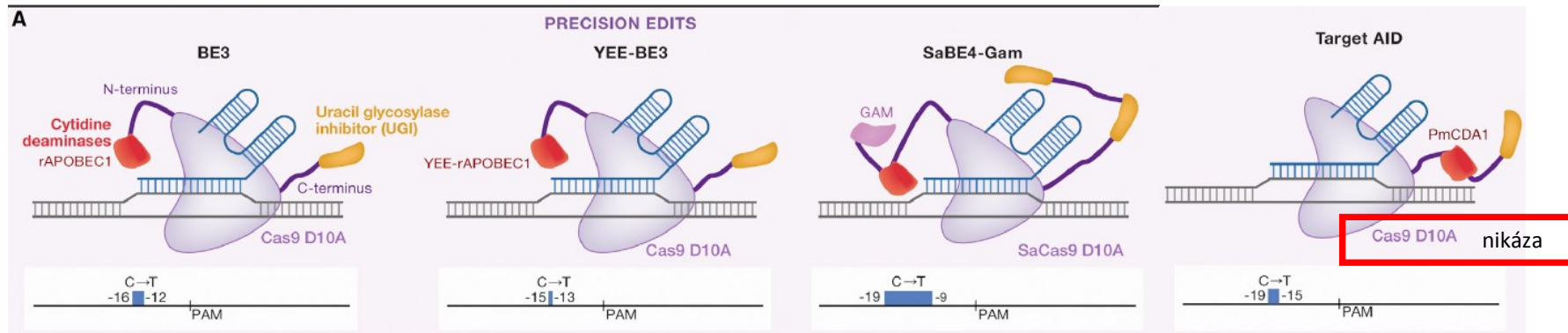
- Cas9 varianty / cytidín deaminázy / manipulácia DNA reparačného systému buniek → špecifická editácia bez DSB



CRISPR editácie báz (bez DSB): CRISPRx a iné

- Cas9 varianty / cytidín deaminázy / manipulácia DNA reparačného systému buniek → špecifická editácia bez DSB

→precízne jednonukleotidové zmeny





3000 genetických variant v ClinVar by bolo opravitelných C>T substitúciou

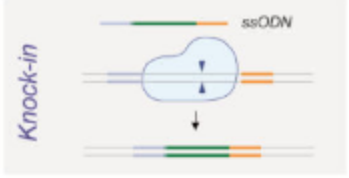




→miestna diverzifikácia sekvencie



Schopnosť generovať bodové mutácie na cytosínových a guanínových nukleotidoch s nízkou frekvenciou indelov.

Aplikácie: výhody a nevýhody CRISPR/Cas

| | | Advantages | Disadvantages | Examples | Summary |
|------|---|--|--|---|---------|
| Cut |  | <ul style="list-style-type: none"> • Fast and simple • Efficient NHEJ-mediated mutagenesis | <ul style="list-style-type: none"> • Random mutagenesis • Off-target cutting | <p>[21] Production of single and multiplex mutant mice via direct zygote injections of Cas9/sgRNAs</p> <p>[77] Production of mutant mice and rats via direct zygote injections of Cas9/sgRNAs</p> <p>[44] Cre-dependent (LSL) Cas9 transgene, enabling CRISPR editing following delivery of an exogenous sgRNA</p> <p>[34] Somatic gene editing in the lung via lentiviral delivery of Cas9 and sgRNAs</p> <p>[38] Somatic gene editing in the liver using hydrodynamic transfection of plasmid-based Cas9 and sgRNAs</p> <p>[43] Inducible genome editing in mice carrying a dox-responsive Cas9 and single or multiple sgRNAs in one transgene</p> <p>[24] Efficient knock-in alleles using Cas9-sgRNA (protein-RNA) complexes, delivered by zygote injection</p> | |
| Nick |  | <ul style="list-style-type: none"> • Fast and simple • Efficient NHEJ-mediated mutagenesis • Limited off-target effects | <ul style="list-style-type: none"> • Random mutagenesis • Requires 2 sgRNAs/target | <p>[35] Adenoviral-mediated delivery of Cas9 and sgRNAs to the mouse liver</p> <p>[25] Generation of knock-in and mutant mice by direct zygote injection of Cas9n/sgRNA/donor template</p> <p>[43] Inducible genome editing using a dox-responsive Cas9n transgene and multiple sgRNAs in one transgene</p> | |

| | | Advantages | Disadvantages | Examples | Summary |
|-----------|---|---|---|---|--|
| Knock-in |  | <ul style="list-style-type: none"> • Specific mutations • Endogenous protein tags & fluorescent reporters | <ul style="list-style-type: none"> • Low efficiency • Frequent mutations in non-targeted allele • Requires HDR machinery | <p>[26]</p> <p>[25]</p> <p>[38]</p> <p>[39]</p> | <p>Production of LoxP, epitope and fluorescent reporter mice via zygote injection of Cas9/sgRNAs/donor template</p> <p>Generation of knock-in and mutant mice by direct zygote injection of Cas9/sgRNA/donor template</p> <p>Somatic Ctnnb1 gene substitution using hydrodynamic transfection of plasmid-based Cas9/sgRNA/donor</p> <p>Somatic Fah gene substitution using hydrodynamic transfection of plasmid-based Cas9/sgRNA/donor</p> |
| Rearrange |  | <ul style="list-style-type: none"> • Deletions, inversions & translocations • Endogenous rearrangements (regulation maintained) | <ul style="list-style-type: none"> • Low efficiency • No way to specify type of rearrangement desired | <p>[50]</p> <p>[48]</p> <p>[52]</p> | <p>Somatic chromosomal rearrangement of EML4-Alk locus in the lung via adenoviral delivery of Cas9 and sgRNAs</p> <p>Somatic chromosomal rearrangement of EML4-Alk locus in the lung via lentiviral delivery of Cas9 and sgRNAs</p> <p>Disruption of chromatin topology domains by inversion and deletion of chromosome regions in ESCs</p> |
| Activate |  | <ul style="list-style-type: none"> • Reversible enforced expression • Potential for multiplexed activation • Endogenous transcript regulation maintained | <ul style="list-style-type: none"> • May require multiple sgRNAs or accessory proteins • Thorough testing required to identify appropriate sgRNA combinations | N/D | |
| Repress |  | <ul style="list-style-type: none"> • Inhibition of RNA production • Reversible gene silencing • Multiplexed gene suppression | <ul style="list-style-type: none"> • Potential for irreversible repression | N/D | |
| Remodel |  | <ul style="list-style-type: none"> • Epigenome remodeling • Activation or suppression of promoters & enhancers | <ul style="list-style-type: none"> • Potential for irreversible repression • Off-target effects not well characterized | N/D | |

Kľúčové aspekty pri úprave génu

CRISPR/Cas

Bunečný typ/línia

✓ *Je vhodná?*

Cieľový gén

✓ *Je esenciálny/exprimovaný/amplifikovaný?*

Modifikácia

✓ *Knock-in vs knock-out/represia vs aktivácia*

Výber sgRNA

✓ *Efektívnosť vs špecifickosť*

Expresný systém

✓ *Maximalizácia efektivity*

Screening

✓ *Koľko klonov potrebujem na nájdenie pozitívneho?*

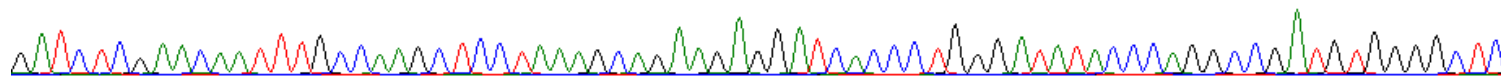
Validácia

✓ *Je výsledok podľa očakávaní?*

Validácia

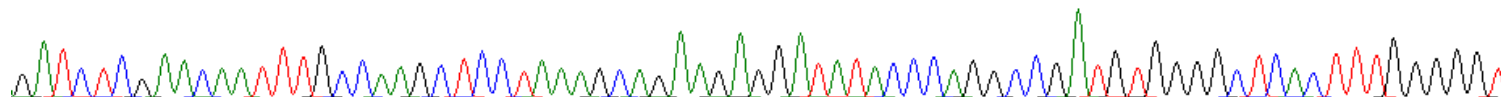
WT

230 240 250 260 270 280 290
G A T C T C G A A C A A T T T G C C A A G C T C C T A A A G C A G A A G A G G A T [redacted] A T A T A C C C A G G C C G A T G T G G G G C T C



Cas9/sgRNA

220 230 240 250 260 270 280 290
G A T C T C G A A C A A T T T G C C A A G C T C C T A A A G C A G A A G A G G A T A T A C C C A G G C C G A T G T G G G G C T C A C T T T G G G G T

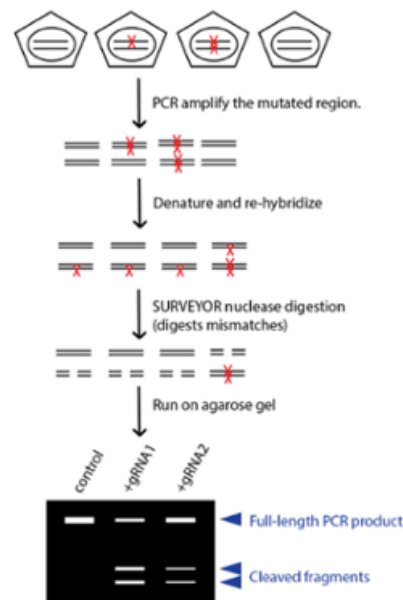


- DNA

- priame sekvenovanie
- T7 endonukleázová assay
- Restrikčná assay
- Mutácia homozygotná?, indel násobky 3?

- mRNA

- proteín

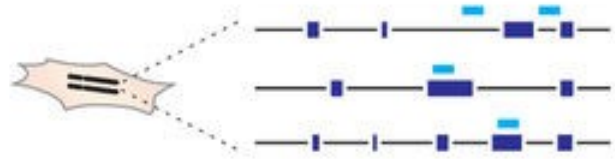


Optimálne je potrebné vylúčiť off-target (NGS).

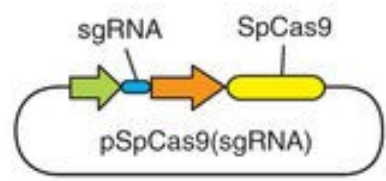
Experimentálne stratégie na vylúčenie off-target

- Vylúčenie potenciálnych co-founder efektov off-target mutácií
 - spätné vloženie wild-type alely by malo zvrátiť fenotyp
- Použitie viacerých sgRNA
 - každá sgRNA má iné potenciálne off-targety, ak je fenotyp rovnaký u viacerých sgRNA, zrejme sa nejedná o off-target efekt

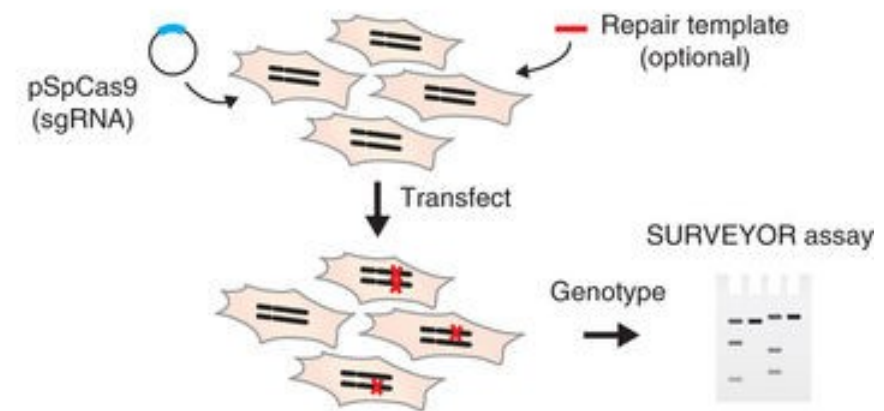
Day 1
Steps 1-4
In silico design



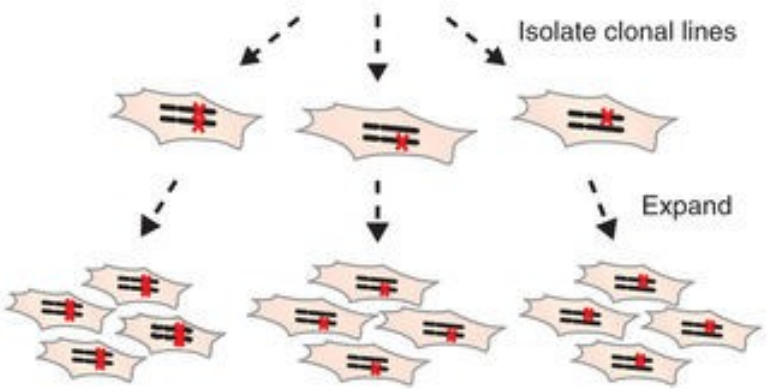
Days 2-5
Step 5
Reagent construction



Days 5-8
Steps 6-126
Functional validation



Days 9-28
Steps 54-70
Clonal expansion



- *In silico* návrh gRNA
- Objednanie oligonukleotidov

- Molekulárne klonovanie
- Transformácia baktérií
- (tvorba víru)

- Vloženie systému
- Selekcia (antibiotikum, GFP)
- Validácia editácie

- Tvorba izogénnych línií z jednobunečných klonov

„CRISPR goes viral“


December 2013

Silkworm
Zel
Drosophila 23, 141
2013.146


Simple and
Mutagene

Takuya Nakayama
Gerald M. Thomas

Pig
Jan
Yueqiang Wang, Zhiqiang
Yazhou Chen, Yongpin
September 2013



nt
g You,



rapic
resea

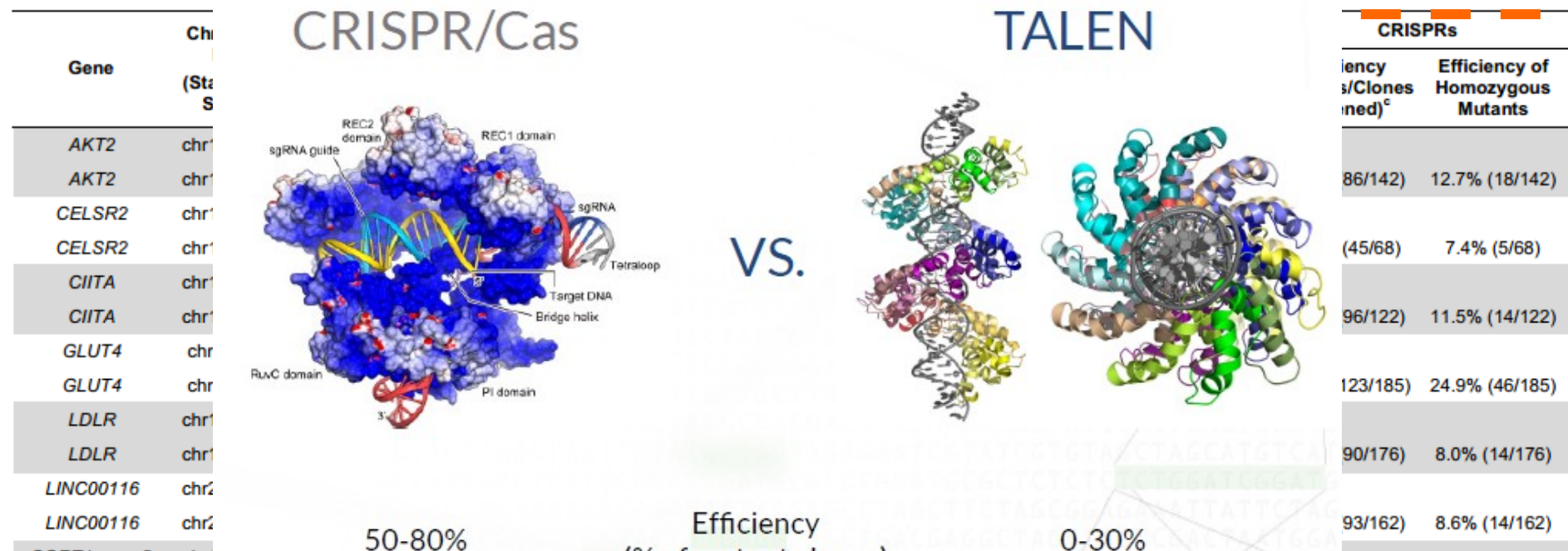
GENETICS

„Technika, ktorá dokáže presne meniť genómy všetkého od pšenice až po slony.“

Cen Rese
and
+ AUTHOR AFF

CRISPR... proste funguje (lepšie).

Table S1. Targeting Efficiency of CRISPRs Versus TALENs in Human Pluripotent Stem Cells

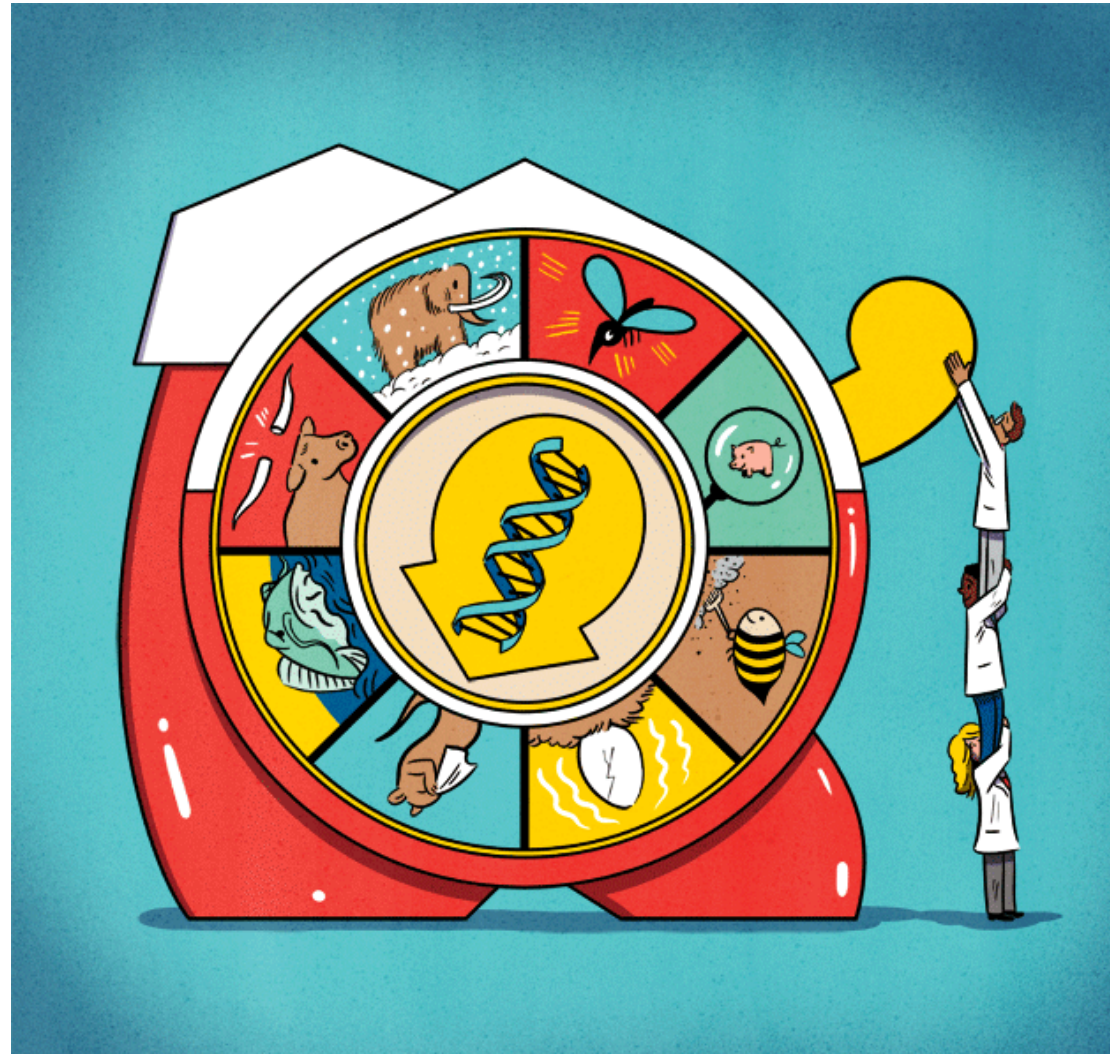


U TALENu každá nová target sekvencia vyžaduje značnú zmenu v proteínovej štruktúre TALENu, CRISPR/Cas vyžaduje len zmenu 20nt v sgRNA.

CRISPR

- sekvenčná špecifita je **daná interakciou DNA-RNA**
- editácia prebieha s presnosťou **až 1 nt**
- veľmi efektívna editácia (hlavne na indel)
- možnosť multiplexného cielenia
- nový cieľ=nová gRNA → príprava **menej ako týždeň**
- 20-40\$/gén (4000\$ za TALEN)

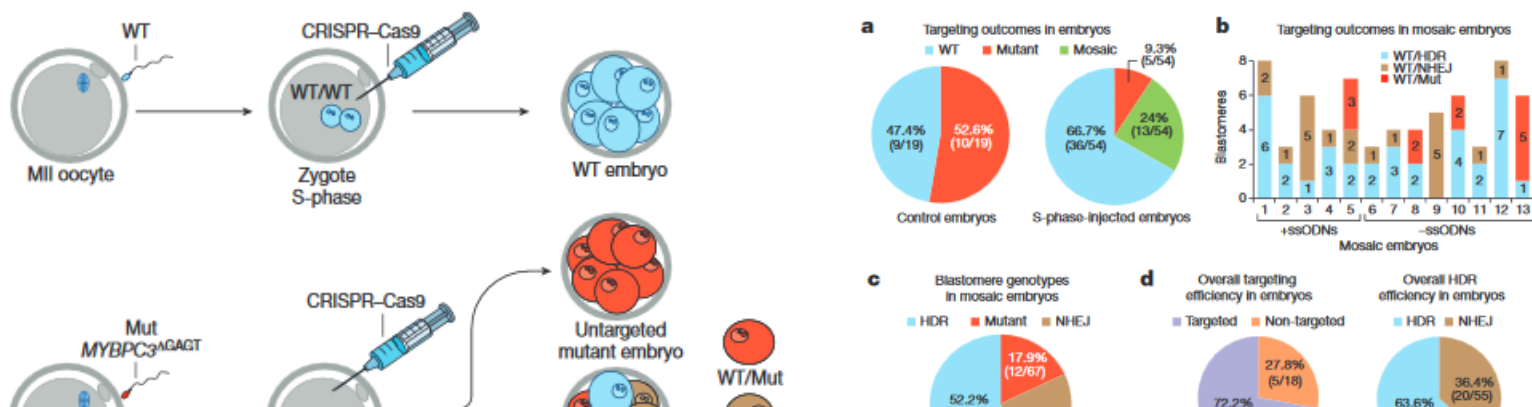
Aplikácie



Aplikácie: (1) terapia genetických chorôb

- Tisíce monogénnych chorôb (napr. hypertrofická kardiomyopatia - gén *MYBPC3*, incidencia 1:5000)

- 24/8/2017, Nature: **Correction of a pathogenic gene mutation in human embryos**



- Etické aspekty
- Off-target efekt (latentné problémy)
 - „Designer babies“
- Do budúcnosti zníženie genofondu (?)

Aplikácie: (1) terapia genetických chorôb

The screenshot shows the Editas Medicine website. At the top left is the logo "editas MEDICINE". A navigation bar includes "About Us", "Our Technology", "Publications", "News", "Careers", and "Contact". The main header features a smiling woman and the text "Unlocking the Promise of Genome Editing to Deliver Life-Changing Medicines". Below this, a "SPOTLIGHT" section highlights a news item: "EDITAS NEWS APRIL 15, 2014 Editas Medicine Co-Founder is awarded First Patent for Engineered CRISPR-Cas9 System". To the right, a "PUBLICATIONS" section lists two articles from February 2014: "Cell: Crystal structure of Cas9 in complex with guide RNA and target DNA" and "Science: Structures of Cas9".

The screenshot shows the CRISPR Therapeutics website. The logo "CRISPR THERAPEUTICS" is in the top left. The navigation bar includes "ABOUT US", "OUR PROGRAMS", "OUR PARTNERSHIPS", "INVESTORS & MEDIA", "CAREERS", and "CONTACT". The main content area features a background image of a smiling child being held by an adult. The text reads "Transformative Gene-based Medicines" and "For Patients with Serious Diseases".

The screenshot shows the Intellia Therapeutics website. The logo "Intellia THERAPEUTICS" is in the top left. The navigation bar includes "ABOUT US", "CRISPR/CAS9", "STRATEGY", "NEWSROOM", "INVESTOR RELATIONS", and "CAREERS". The main content area features a background image of laboratory equipment. The text reads "OUR MISSION" and "Developing potentially curative genome editing treatments that can positively transform the lives of people living with severe and life-threatening diseases." Below the text is a "LEARN MORE" button. At the bottom, there are four small images: a laboratory setting, a person at a computer, a person in a lab coat, and a microscopic view of cells.

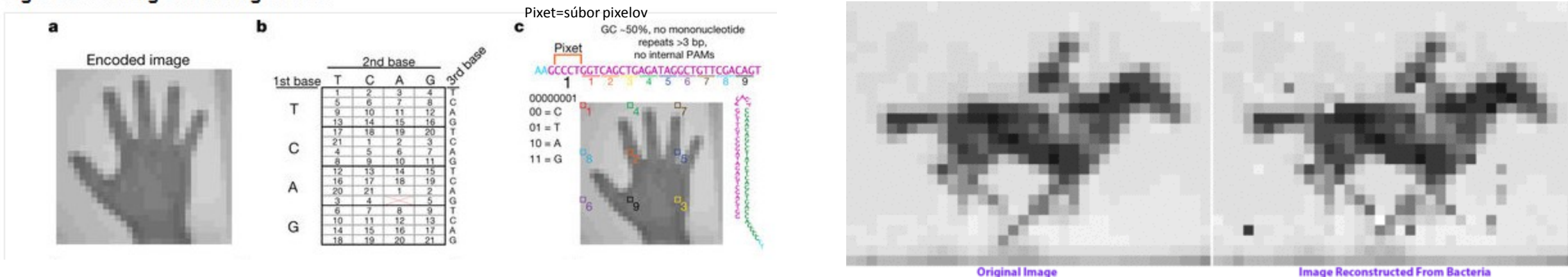
The infographic displays funding information for three companies. It features three circular callouts on a dark background, connected by a vertical line on the right. The first callout is for Editas Medicine, the second for CRISPR Therapeutics, and the third for Intellia Therapeutics. Each callout includes the date of the funding round, the company name, location, focus, and the amount raised.

| Company | Date | Location | Focus | Amount Raised |
|-----------------------|---------------|--------------------------|--------------|---------------|
| Editas Medicine | November 2013 | Cambridge, Massachusetts | Therapeutics | \$43 MILLION |
| CRISPR Therapeutics | November 2013 | Basel, Switzerland | Therapeutics | \$89 MILLION |
| Intellia Therapeutics | November 2014 | Cambridge, MA | Therapeutics | \$15 MILLION |

Aplikácie: (2) úschovňa dát

- V CRISPR lokuse sa ukladá informácia od napadajúcich vírusov (až niekoľko 100 spacerov) → potenciál ukladať aj akúkoľvek inú informáciu
- Možnosť zakódovať informáciu do oligonukleotidovej sekvencie (protospacera), a zapísať ju do genómu baktérií a vytvoriť tak „živú úschovňu“

Figure 1: An image into the genome.



Tento systém bude schopný zaznamenávať viacrozmerné biologické informácie.

Aplikácie: (3) kontrola infekčných chorôb

- Malária, dengue – kontrola nosičov týchto chorôb (komáre)
 - kmeň komárov, ktorý je vďaka CRISPR/Cas editácii rezistentný na maláriu, a táto rezistencia sa prenáša na potomstvo
 - Cas9 je exprimovaná iba v zárodočnej línii, kde kopíruje gén rezistencie z jedného chromozómu na druhý s $\geq 98\%$ účinnosťou, pričom zachováva transkripčnú aktivitu génov
 - transgén je takto veľmi rýchlo rozšírený do potomstva

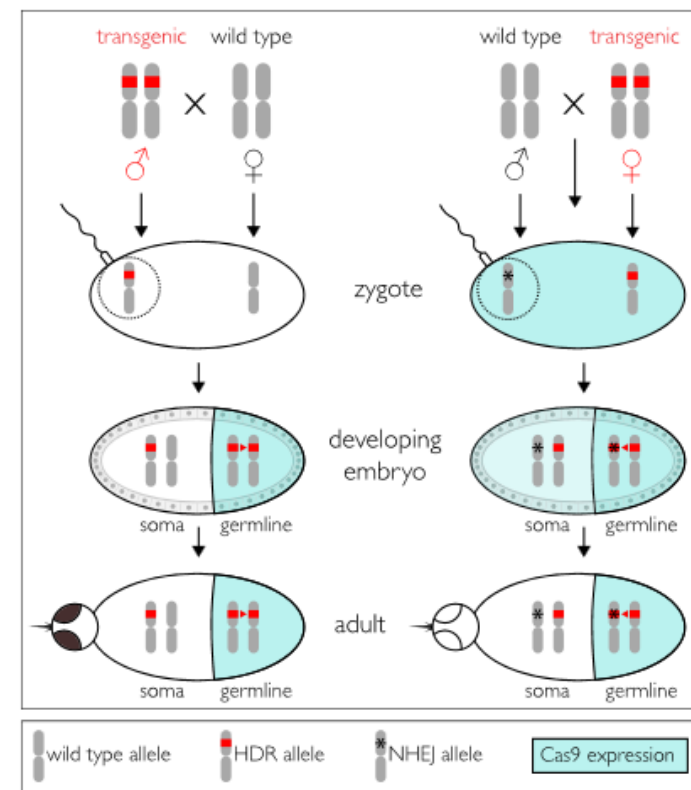
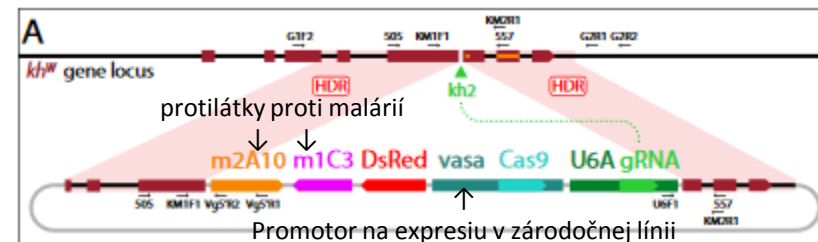
- HIV – využitie CRISPR/Cas9 na štiepenie vírového genómu v infikovaných bunkách

Molecular Therapy
Original Article



In Vivo Excision of HIV-1 Provirus by saCas9 and Multiplex Single-Guide RNAs in Animal Models

Chaoran Yin,^{1,6} Ting Zhang,^{1,6} Xiyang Qu,^{2,6} Yonggang Zhang,¹ Raj Putatunda,¹ Xiao Xiao,¹ Fang Li,¹ Weidong Xiao,³ Huaqing Zhao,⁴ Shen Dai,¹ Xuebin Qin,¹ Xianming Mo,⁵ Won-Bin Young,² Kamel Khalili,¹ and Wenhui Hu¹



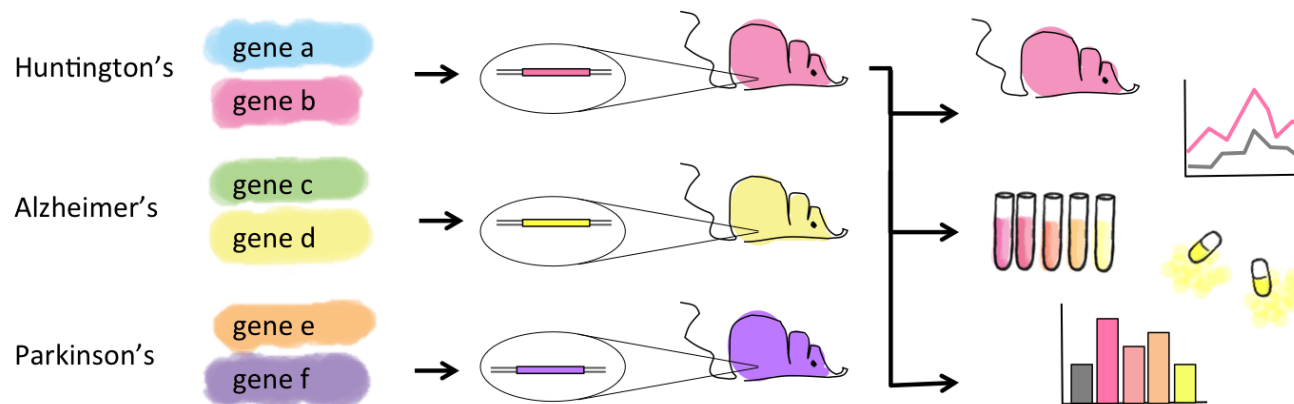
Aplikácie: (4) príprava modelov (línií, organizmov)

- Oproti klasickým technikám, kedy príprava Knock-out / knock-in myši trvá najmenej 6 ~ 12 mesiacov, CRISPR/Cas9 je bleskurýchly = už za 2 mesiace (navyše odpadá nutnosť ESC)
- Prekvapujúco vysokú účinnosť pri produkcii jednoduchých (95%) a dvojitých mutantov (70-80%) myši priamou injekciou mRNA Cas9 a sgRNA do oplodnených zygot
- U bunecných línií otázka týždňov – možnosť pripraviť izogénne línie
- Možnosť študovať vo veľkom merítku kauzálne mutácie, či varianty objavené v GWAS

Genetic studies identify human gene mutations linked to neurologic diseases.

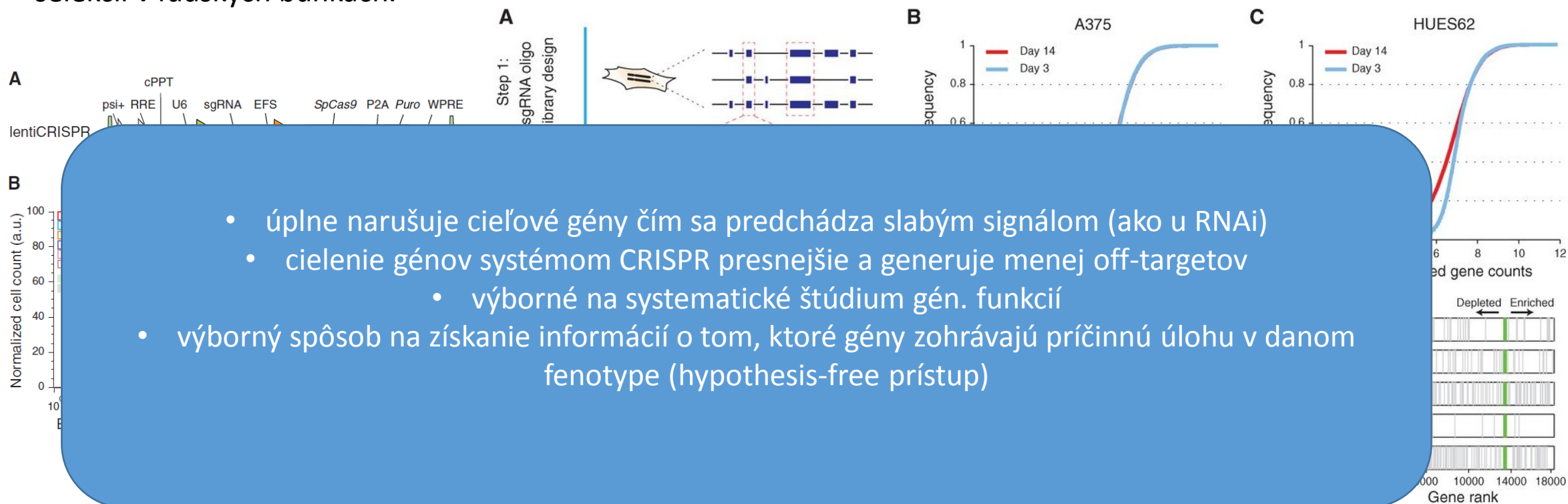
CRISPR is used to disrupt or introduce targeted mutations in the disease-linked genes in mice.

These mice are studied to learn how each gene and mutation affects disease, and used to test new drugs.



Aplikácie: (5) celogenómový screening

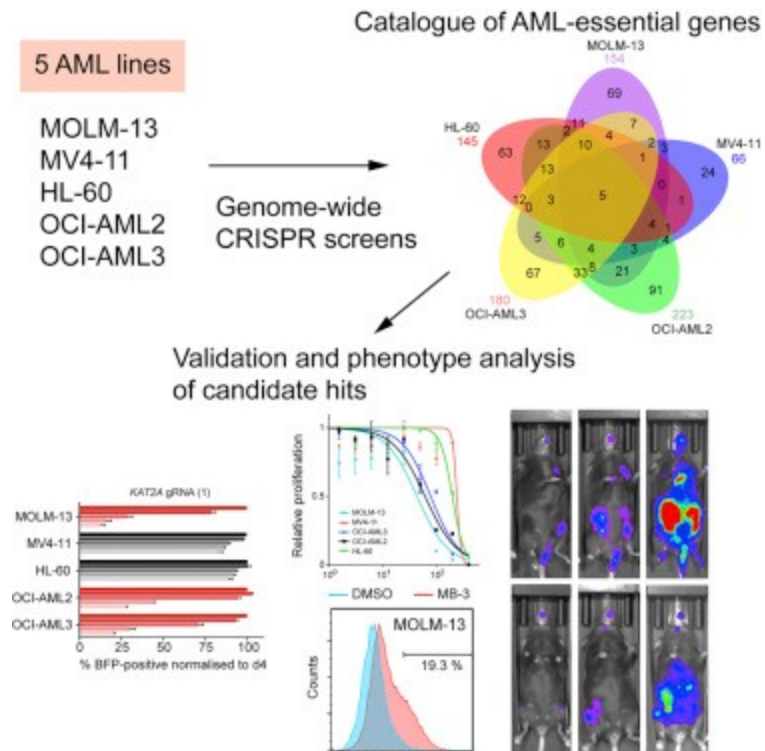
- študovať funkciu génov na celogenómovej úrovni
- napr. GeCKO knižnica = lentivírusová knižnica CRISPR-Cas9 proti 18 080 génom s 64 751 jedinečnými sgRNA (3 - 4 sgRNAs na gén, sústredené v 5' konštitutívnych exónoch) umožňuje skrining negatívnych aj pozitívnych selekcií v ľudských bunkách.



- úplne narušuje cieľové gény čím sa predchádza slabým signálom (ako u RNAi)
- cielenie génov systémom CRISPR presnejšie a generuje menej off-targetov
 - výborné na systematické štúdium gén. funkcií
- výborný spôsob na získanie informácií o tom, ktoré gény zohrávajú príčinnú úlohu v danom fenotype (hypothesis-free prístup)

Aplikácie: (5) celogenómový screening

- **Drop-out screening** na odhalenie genetickej zraniteľnosti



- Odhaliť esenciálne gény pre široké spektrum ľudských ochorení.
- Mnohé z nich by mohli byť úspešne použité na terapiu.

Aplikácie: (6) agrikultúra – potlačenie chorobnosti, a iné modifikácie

- Napr. ošípané, ktoré sú odolné voči vírusovým ochoreniam, ale aj rastliny (napr. ryža, kukurica...)

SCIENTIFIC REPORTS

OPEN **Mammalian interspecies substitution of immune modulatory alleles by genome editing**

Received: 20 October 2015
Accepted: 27 January 2016
Published: 22 February 2016

Simon G. Lillico¹, Chris Proudfoot¹, Tim J. King¹, Wenfang Tan¹, Lei Zhang², Rachel Mardjuki², David E. Paschon³, Edward J. Rebar², Fyodor D. Urnov², Alan J. Mileham¹, David G. McLaren¹ & C. Bruce A. Whitelaw¹

We describe a fundamentally novel feat of animal genetic engineering: the precise and efficient substitution of an agronomic haplotype into a domesticated species. Zinc finger nuclease in-embryo editing of the RELA locus generated live born domestic pigs with the warthog RELA orthologue, associated with resilience to African Swine Fever. The ability to efficiently achieve interspecies allele introgression in one generation opens unprecedented opportunities for agriculture and basic research.

Gene-edited pigs are protected from porcine reproductive and respiratory syndrome virus

RNA-Guided Genome Editing in Plants Using a CRISPR–Cas System

Kabin Xie and Yinong Yang¹

Department of Plant Pathology and Environmental Microbiology, The Huck Institute of the Life Sciences, Pennsylvania State University, University Park, PA 16802, USA

ABSTRACT Precise and straightforward methods to edit the plant genome are much needed for functional genomics and crop improvement. Recently, RNA-guided genome editing using bacterial Type II cluster regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)-associated nuclease (Cas) is emerging as an efficient tool for genome editing in microbial and animal systems. Here, we report the genome editing and targeted gene mutation in plants via the CRISPR–Cas9 system. Three guide RNAs (gRNAs) with a 20–22-nt seed region were designed to pair with distinct rice genomic sites which are followed by the protospacer-adjacent motif (PAM). The engineered gRNAs were shown to direct the Cas9 nuclease for precise cleavage at the desired sites and introduce mutation (insertion or deletion) by error-prone non-homologous end joining DNA repairing. By analyzing the RNA-guided genome-editing events, the mutation efficiency at these target sites was estimated to be 3–8%. In addition, the off-target effect of an engineered gRNA–Cas9 was found on an imperfectly paired genomic site, but it had lower genome-editing efficiency than the perfectly matched site. Further analysis suggests that mismatch position between gRNA seed and target DNA is an important determinant of the gRNA–Cas9 targeting specificity, and specific gRNAs could be designed to target more than 90% of rice genes. Our results demonstrate that the CRISPR–Cas system can be exploited as a powerful tool for gene targeting and precise genome editing in plants.

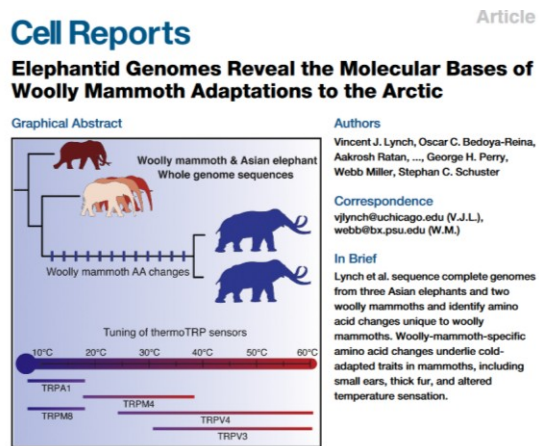
- Sterilita
- Viac svalovej hmoty
- Zvieratá bez rohov

Regulácia ohľadom zvierat a rastlín modifikovaných CRISPR... mali by byť regulované rovnakým spôsobom ako iné geneticky modifikované organizmy, aj keď neobsahujú DNA z iných druhov?

Aplikácie: (7) „de-extinction“

Porovnať genóm vyhynutého druhu a jeho najbližšieho príbuzného druhu → multiplexný CRISPR/Cas systém

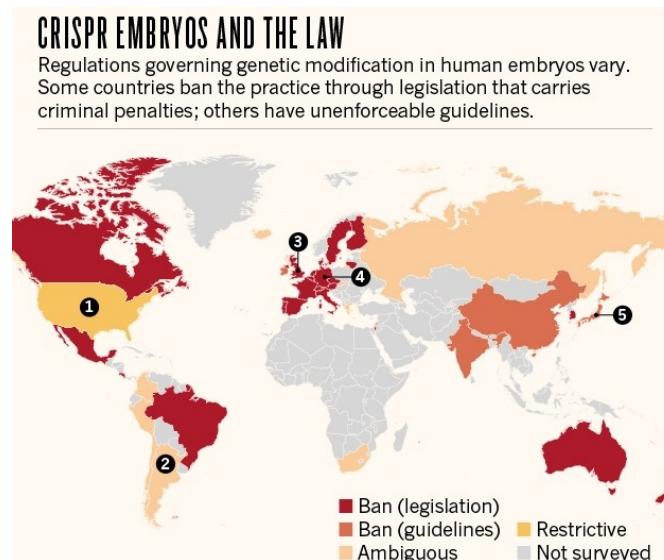
- Pomocou CRISPR transformovať slony na mamuty (neetické implantovať editované embryá do ohrozených slonov ako súčasť experimentu)



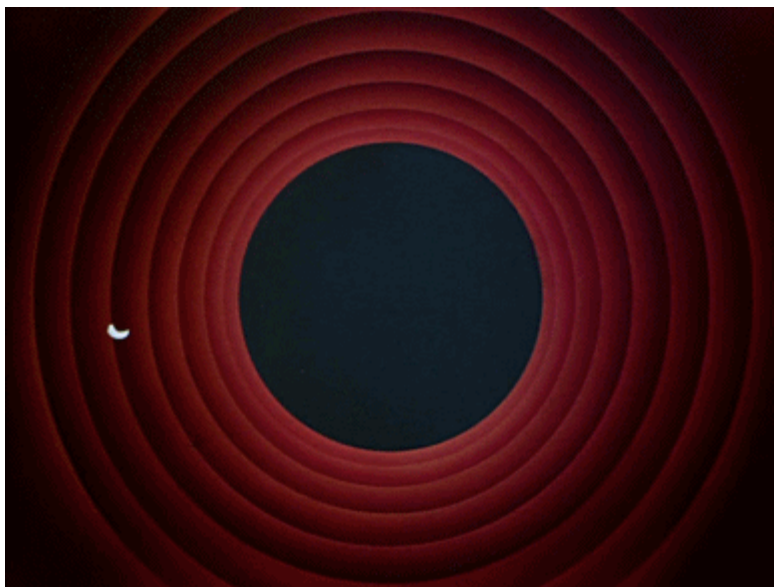
- Holub sťahovavý (*Ectopistes migratorius*) z moderných holubov

Limitácie & Budúcnosť

- Nedoriešené otázky regulácie a etiky



- Minimalizácia off-target (napr. dvojica gRNA-dCas9 + Fok I), a stratégie na ich odhalenie
- Zlepšenie expresných systémov (expresia len v istých tkanách, vývojových štádiách...)
- Zvýšenie efektivity HDR oproti NHEJ



Ďakujem za pozornosť.
Otázky?