

序

タイリングアレイ，Chip解析，質量分析装置，次世代型シークエンサー等々，いわゆるオミックス解析のための新技術の開発とその急速な普及により，現在，私たちは新たな「ゲノム時代」を迎えている。サイエンスのやり方として，これら新しい技術を用い膨大なデータを生み出し，コンピュータプログラムを稼働し重要なメッセージを抽出し，「何が起こっているのか」を理解するというアプローチが流行っている。このやり方で，哺乳類のゲノムはそのほぼ全体が転写されていることが明らかになった。さらに，多様な選択的スプライシング産物，mRNA前駆体にコードされた小分子RNA，転移因子や偽遺伝子に由来する小分子RNA，そしてDNA両鎖からの転写産物等が次々に発見された。ゲノムにはきわめて複雑に「遺伝学的活性」が書き込まれていることが見えてきた。このように複雑にゲノムに書き込まれている個々の遺伝学的活性が，どのように相互に連携し，そして協調して働くことで，全体としてきわめて複雑な，しかし常に一定の発生過程をたどる生命体を作り上げているのだろうか？つまり，複雑さを生み出し，しかも（少々の）ゲノムの変化や外的擾乱に対して発生過程を一定に保つ強さを支えるメカニズムとはどのようなものなのであろうか？この問い合わせに答えるための研究をここでは「生命活動を支えるRNAプログラムの理解」と呼ぶこととする。

このような現状から，生命活動を支えるRNAプログラムを理解するために分野を超えた統合的アプローチが緊急に必要な時期に来ていることは明白である。mRNA情報発現系の基本的な分子メカニズムの解明という従来の研究に加え，その基本的な分子経路を修飾し，複雑な表現型の発現を可能している（と期待を込めて宣伝されている）noncoding RNAの機能解析を並行して進めていくことが必須である。またこのためには，上に述べた新しいアプローチだけでなく，従来の泥臭い生化学や遺伝学が不可欠である。本書では，*in vitro*システムを用いた研究からモデル生物を用いた個体レベルの研究まで，RNA研究のさまざまな分野の専門家を結集し，できる限り多くの問題点と新しい手法を紹介し解説することで，「生命活動を支えるRNAプログラムの理解」に魅力を感じ，挑戦する若者が増えることを期待して企画された。

2010年5月

編者を代表して
塩見春彦