序

複雑な構造や機能をもつ生物では，構造や機能因子の発現，つまり多くの場合，タンパク質の配置と集合を時空間的に指定することでより高次のネットワークを形成する必要があり，しかもその上にこれらネットワークの機能を操縦するプログラムが必要となる．これらのプログラムが相互に連携することによって，生命活動を支える多様性と複雑さを生み出している．ヒトのタンパク質をコードする遺伝子のうち99％がマウスに相同遺伝子が存在し，ヒトまたはマウスのみに存在する遺伝子はきわめて少ない．したがって，種の違いや表現型の変動はタンパク質をコードする配列内にあるのではなく，やはり遺伝子発現の制御プログラムの中にあることも確かである．

多くの生物種のゲノム配列解読が完了した結果明らかになってきたことは，生物の複雑さは遺伝子数とは明瞭な相関がなく，むしろ，全ゲノムDNAに対するタンパク質をコードしない（non-coding）領域の割合の増大と相関を示すことである．さらに，トランスクリプトーム解析の結果，ヒトゲノムの大半が転写されており，膨大な数のnon-coding RNAが発現していることが見えてきた．長い間RNAはDNAに蓄えられた遺伝情報を機能分子であるタンパク質に翻訳するためだけの「情報を仲介する分子」であると考えられてきた．ところが，最近のリボザイム，RNAi，miRNA，リボスイッチ，リボセンサー，そしてその他多種多様な機能性non-coding RNAの発見は，RNAがタンパク質にも匹敵する「機能分子」であり，これらRNAとそれらが担うプロセスが遺伝子発現を修飾する制御経路のレパートリーを大きく広げていること，つまり，制御プログラムの拡張，を示している．したがって，多様性や複雑さを生み出す基盤は，RNAがRNA-RNA，RNA-DNA，そしてRNA-タンパク質相互作用を通して直接的かつ特異的な遺伝子間の連携を可能にし，その結果，多様なレベルで遺伝子活性を制御し調和させるプログラムに依存していることが見えてきた．つまり，RNAは，限られた数のコンピュータ末端を複雑にリンクさせ高度な演算を遂行させるSoft-wiringに匹敵する．

一方，non-coding RNA機能の理解には，mRNA情報発現系の基本的なメカニズムとそこにかかわる鍵となる因子の機能解析を進め，各々の分子経路の時空間的制御とそれら経路のカップリングや交差性を解明していくことが不可欠である．mRNA情報発現系の基本的な分子メカニズムと，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にするnon-coding RNAの機能解析を平行して，しかも相補しながら進めていくことで，はじめて「生命活動を支えるRNAプログラムの理解」にアプローチすることができる．

本「RNA実験ノート」では，このようなRNA研究の現状をふまえ企画されたものであり，最新のRNA解析技術の極めて具体的なプロトコール（「やり方」）の執筆を，実際，ベンチに立って実験している研究者に依頼した．下巻では，特に，最近のRNAi／RNAサイレンシング分野の目覚ましい発展をふまえ，「小さなRNA」を扱う具体的な手法の解説を依頼した．

2008年新春

編者を代表して
塩見春彦