

## 遺伝子の機能解析基盤技術 -改良型アデノウイルスベクターから RNAi まで-

## Fundamental research techniques for the study of gene analysis

○水口 裕之<sup>1</sup>(<sup>1</sup>国立衛研 大阪支所)

ポストゲノムは、21 世紀前半の最もホットな科学研究分野の一つであり、中でも新規遺伝子・タンパク質の機能解明はその中核的研究課題である。これらを支える基盤技術としては、ゲノミクス・トランスクリプトミクス・プロテオミクス、バイオインフォマティクス、構造ゲノミクスなどの「包括的・網羅的絞り込み型技術」と、目的遺伝子・タンパク質と生体内での機能との関連を直接評価する「個別遺伝子の実証的解析技術」に大別される。即ち、前者は DNA レベル、RNA レベル、タンパク質レベルの研究で得られる大量のデータを基に、目的の表現型に見合った遺伝子・タンパク質の絞り込み、同定を目的とする技術であり、後者は候補遺伝子・タンパク質を細胞や動物に発現・作用させ（あるいは候補遺伝子産物の発現を抑制させ）その機能を直接評価する技術である。これらの解析技術に関しては多くの研究が進展しているが、近年の「包括的・網羅的絞り込み型技術」の開発研究の爆発的な発展に比べ、「個別遺伝子の実証的解析技術」に関する研究は遅れているのが現状である。本講演では、「個別遺伝子の実証的解析技術」としての各種遺伝子導入技術の特徴について、1) ウイルスベクター、特に改良型アデノウイルスベクターや、2) 目的遺伝子の効果的なノックダウンが可能な RNA 干渉 (RNAi) などの利用法や特徴、留意すべき点などについてまとめてみたい。