

# 「RNA研究とRNA工学, そして立体構造解析」

坂本泰一 准教授(千葉工業大学工学部 生命環境科学科)

平成21年 1月23日(金曜日)15:00-16:00 8号館303室

## 要旨

近年, ヒトゲノムが解読され, タンパク質をコードしていないRNA (non-coding RNA)が多くあるという, 驚くべき事実が明らかとなった. 現在, 多くの研究者がこのnon-coding RNAの生体内での働きの解明に取り組んでいる. また, RNAが注目されているのは学術分野だけではなく, 新たなテクノロジーを開拓し新産業を創成する可能性を有する機能分子としてRNAが期待を集めている. 現在, RNA干渉(RNAi)という現象を利用した医薬品の開発に期待が寄せられている. RNA干渉を起こすRNAはsiRNAと呼ばれ, 塩基配列特異的に遺伝子発現制御できることから, ターゲットとして病気に関わる遺伝子を選択することによって医薬品としての応用が期待されている. 一方, SELEX (Systematic Evolution of Ligands by EXponential enrichment) 法と呼ばれる分子進化法を利用して, あるターゲットに特異的に結合する人工進化RNAを利用した医薬品開発も進んでいる. このような人工進化RNAはRNAアプタマーと呼ばれ, 立体構造特異的に働く点でsiRNAと大きく異なる. 実際に, 血管内皮細胞増殖因子(vascular endothelial growth factor, VEGF)に高い親和性で特異的に結合するアプタマーは2004年にアメリカで医薬品として認可されている.

今回, RNAアプタマーの構造解析例を中心に, RNAの立体構造解析法の概要からRNA工学の可能性について話をしたいと考えている.