

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 6 月 12 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(S)

研究期間：2010～2014

課題番号：22227006

研究課題名(和文) RNA修飾が支配する遺伝子発現調節機構の探究と高次生命現象

研究課題名(英文) Post-transcriptional regulation associated with RNA modifications responsible for higher order biological processes

研究代表者

鈴木 勉 (Suzuki, Tsutomu)

東京大学・工学(系)研究科(研究院)・教授

研究者番号：20292782

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 140,700,000円

研究成果の概要(和文)：本プロジェクトは、RNAの転写後修飾による遺伝子発現調節機構の探究と様々な生命現象との関係について理解を深めることを目的とした。私たちはイノシン化部位を生化学的に検出するため、1特異的な化学修飾と逆転写反応を組み合わせたICE法を開発し、次世代シーケンサーを組み合わせる(ICE-seq)ことにより、ヒト成人脳において約2万箇所の新規I修飾部位を同定した。またイノシン修飾がAlu配列のエキソン化を防ぐ役割があることを明らかにした。また、tRNAから新規RNA修飾である2-アグマチニルシチジン(agm2C)およびサイクリックt6A(ct6A)を発見し、その機能及び生合成を明らかにした。

研究成果の概要(英文)：This project aims to study regulatory gene expression associated with various biological processes mediated by post-transcriptional modifications. We established a biochemical method called "inosine chemical erasing (ICE)" to directly identify inosines on RNA strands with high reliability, and applied the ICE method combined with deep sequencing (ICE-seq) to successfully map about 20,000 novel A-to-I RNA editing sites in human brain transcriptome. As novel RNA modifications, we identified 2-agmatinylcytidine (agm2C) and cyclic t6A (ct6A) from tRNAs, and studies their function and biogenesis.

研究分野：RNA生化学

キーワード：RNA修飾 RNAエディティング mRNA tRNA

1. 研究開始当初の背景

様々な生命現象を解明するためには、遺伝子発現の調節機構を深く理解する必要がある。転写制御に加え、転写後における調節機構が、様々な生命現象と密接な関係にあることが明らかになりつつある。RNA は転写後に様々な修飾を受けて成熟し、はじめてその本来の機能を発揮する。これまでに知られている RNA 修飾は 100 種類を超えている。RNA 修飾は mRNA やあらゆる ncRNA に普遍的に存在し、RNA が機能する上でこれらの修飾は見過ごすことのできない重要な質的情報である。RNA 修飾の果たす役割としては、細胞内局在の決定、立体構造の安定化、RNA 結合タンパク質との相互作用、遺伝情報の修飾と解読などが知られているが、その機能と生合成過程には未解明な部分が多く残されている。また化学構造が決定されていない RNA 修飾も数多く存在する。

2. 研究の目的

本研究は転写後の遺伝子発現調節機構に着目し、ncRNA や mRNA が有する質的な側面、特に RNA の転写後修飾に着目し、RNA が関与する遺伝子発現調節機構の探究と高次生命現象との関係について理解を深めることを目的とする。具体的には以下の 3 つのサブテーマから構成される。(1) RNA 修飾の網羅的探索と機能解析、(2) 低分子 RNA の末端修飾の解析と選択的安定化機構の解明、(3) RNA 修飾遺伝子の解析と修飾異常に起因する疾患の探究

3. 研究の方法

本研究を効果的に推進するためには、個々の RNA 分子における化学修飾を詳細に解析する必要がある。私たちは、微量 RNA を単離精製し、解析するための 2 つの基盤的な技術を開発し、本研究に積極的に活用している。微量 RNA の単離法に関しては、往復循環クロマトグラフィー(RCC)法を用いている。私たちはこの手法を搭載した RNA 精製装置 (RCC 装置) を開発し、目的の RNA 分子を全自動で単離精製することができる。また微量な RNA の解析に関しては、RNA の高感度質量分析法(RNA-MS)を活用している。これらの技術を駆使することで新規 RNA 修飾の構造決定や、修飾部位の同定を行う。また、修飾酵素の探索や RNA 修飾の試験管内再構成を行い、修飾形成の分子機構について理解を深める。さらに、生化学、分子遺伝学、構造生物学的な手法を用いることで RNA 修飾が関与する遺伝子発現調節機構を探究する。

4. 研究成果

イノシン修飾部位の生化学的な同定

mRNA にはイノシン(I)修飾が多く含まれており、A-to-I RNA エディティングと呼ばれている。I 修飾部位を同定する従来型の手法は精度が低く、より高精度な手法が求められて

いた。私たちは I 修飾部位を生化学的に検出するため、I 特異的な化学修飾と逆転写反応を組み合わせた Inosine chemical erasing (ICE) 法を開発した。さらに、ICE 法と次世代シーケンサーを組み合わせた ICE-seq 法を用い、ヒト成人脳由来 RNA における I 修飾の網羅的な探索を行った。その結果、約 2 万箇所の新規 I 修飾部位の同定に成功した。ヒトの I 修飾の多くは非翻訳領域において、正方向及び逆方向に配座した Alu 反復配列により形成される長い二本鎖 RNA 領域に含まれることが知られている。私たちの解析で、Alu 配列以外に様々なリピート配列や短いヘアピン上にも I 修飾が見つかった。またイントロン中の Alu 配列に I 修飾が大量に見つかったが、これらの修飾は、スプライシングの際にアンチセンス方向 Alu 配列の一部がエクソンとして取り込まれるの防ぐ役割があることを見出した。

サイクリック t⁶A (ct⁶A) の発見と生合成

tRNA に含まれる修飾塩基はタンパク質の生合成において重要な役割を担っている。N⁶-スレオニルカルバモイルアデノシン(t⁶A)は、40 年以上前に発見された最も有名な修飾塩基の 1 つで、ANN コドンを読解する tRNA の 37 位に存在する。t⁶A は、ほぼすべての生物に保存され、多くの生物の生育に必須であることが知られていた。t⁶A はいくつかの tRNA のアミノアシル化に不可欠である他、コドン認識の正確さやタンパク質合成の効率を維持するために必要であるなど、翻訳反応において重要な役割を担っている。ところが私たちは、t⁶A が大腸菌や出芽酵母において、さらに脱水環化したサイクリック t⁶A (ct⁶A) を形成していることを発見した。この新規の修飾塩基は加水分解を受けやすいため、これまでの解析手法では検出できなかったが、試料の調製法を最適化することにより、はじめてその検出が可能になった。とくに大腸菌には t⁶A はほとんど存在しないことが判明した。ct⁶A は細菌、酵母、菌類、植物、原生生物などさまざまな生物種に広く分布していたが、アーキアと哺乳動物には ct⁶A が存在せず、t⁶A が使われていることも明らかとなった。これまでの t⁶A に関する研究は、主に大腸菌や出芽酵母を用いて研究されてきたが、これらの研究は ct⁶A が加水分解されたアーティファクトを研究してきたことになり、私たちの研究は、これまでのまちがった化学構造を前提とした 40 年来の研究の見直しをせまるものである。さらに、ct⁶A の生合成に必須な修飾酵素 TcdA を発見し、ct⁶A の試験管内修飾再構成に成功した。ct⁶A は tRNA のコドン認識能を補助し、タンパク質合成の効率を向上させる役割があることが判明した。

アグマチニルシチジンの発見と生合成

DNA に書き込まれた遺伝暗号を正確に読み取ることは、すべての生命に課せられたもっ

とも根本的で重要なタスクである。私たちは、アーキア由来 tRNA^{Ile} のアンチコドンから新規の修飾シチジンである 2-アグマチニルシチジン(agm²C)を発見した。また、agm²C 修飾により AUA コドンをイソロイシンへと正確に解釈する機構を明らかとした。さらに agm²C 修飾酵素 TiaS を同定し、アグマチンと ATP を用いて試験管内での agm²C 修飾の再構成に成功した。詳細な反応機構の解析および tRNA^{Ile}-TiaS 複合体の結晶構造解析から、TiaS が触媒するユニークな修飾形成機構が明らかとなった。さらに、TiaS は自身の活性サイトにある Thr 残基をリン酸化する活性があることが判明し、RNA とタンパク質の両方を基質にする新規のキナーゼであることも明らかとなった。

出芽酵母 tRNA 前駆体の細胞質から核への逆行性の輸送が塩基修飾の形成に関わる

tRNA は転写後に末端のプロセッシング、イントロンのスプライシング、そして RNA 修飾を経て成熟する。出芽酵母では多くの tRNA 修飾酵素が核内に局在しているが、いくつかの酵素は細胞質に局在していることが知られている。また、tRNA のスプライシングは細胞質で起こることが示されており、tRNA はダイナミックに細胞内を移動しながら成熟化する、と考えられる。私たちは出芽酵母において、tRNA 前駆体が細胞質から核へと逆行性の輸送で移動することにより、RNA 修飾の合成に関わることを明らかにした。tRNA^{Phe} の 37 位に存在する嵩高い修飾塩基である Wybutosine (yW) は正確な読み枠の維持に関与することが知られている。その生合成は、核に局在する Trm5p による 1-methylguanosine (m¹G) の形成でスタートする。その後、私たちが同定した 4 つの TYW タンパク群による連続的な反応により、細胞質において yW が形成される。しかし、tRNA^{Phe} 前駆体はアンチコドンループにイントロンを持つため、tRNA^{Phe} 前駆体が細胞質でスプライシングされるまで、yW 形成は進行しない。遺伝学的かつ生化学的な解析から、tRNA^{Phe} 前駆体はスプライシング後に、再び核に戻り、Trm5p による m¹G37 形成が生じ、細胞質へ再輸送後に TYW タンパク群により yW が形成されることが判明した。

ヒト tRNA 修飾遺伝子の同定

ヒトの tRNA 修飾遺伝子を同定することは、RNA 修飾異常に起因する疾患の探索や、発症メカニズムの研究、治療法の開発において、非常に有用である。私たちは、ミトコンドリア脳筋症の代表病型である MELAS や MERRF が、tRNA の修飾欠損で生じることを明らかにし、RNA 修飾病(RNA modopathy)という疾患の新しい概念を提唱した。そこで、私たちはミトコンドリア tRNA の修飾欠損が一般に広く、様々な疾患の原因になると考えた。そこで、ヒトと配列や修飾構造の類似性

が高いウシミトコンドリア tRNA を全セット、22 種類をすべて単離精製し、RNA-MS によって全修飾部位の決定に成功した。その結果、15 種類の修飾塩基が 118 か所に見つかった。また、これらの修飾を司るヒトの修飾遺伝子の候補をリストアップした。さらに、以下に示すように、細胞質 tRNA の修飾遺伝子を 5 つを同定した(共同研究を含む)。Hydroxywybutosine (OHyW) の生合成酵素 hTYW2 と hTYW5、3-methylcytidine(m³C)のメチル化酵素 Trm140、1-methyladenosine (m¹A) のメチル化酵素 Trmt61B、ms²t⁶A の 2 メチルチオ化酵素 Cdkal1。

5 . 主な発表論文等

[雑誌論文](全て査読有)

Suzuki, T. and Suzuki, T.* A complete landscape of post-transcriptional modifications in mammalian mitochondrial tRNAs
Nucleic Acids Res., 42, 7346-7357 (2014)

Bhaskaran, H., Taniguchi, T., Suzuki, T., Suzuki, T. and Perona, J. J.
Structural dynamics of a mitochondrial tRNA possessing weak thermodynamic stability
Biochemistry, 53, 1456-1465 (2014)

Sakurai, M., Ueda, H., Yano, T., Okada, S., Terajima, H., Mitsuyama, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kawabata, H. and Suzuki, T.* A biochemical landscape of A-to-I RNA editing in the human brain transcriptome
Genome Res, 24, 522-534 (2014)

Suzuki, T., Miyauchi, K., Sakaguchi, Y. and Suzuki, T.*
Biochemical and mass spectrometric analysis of 3'-end methylation of piRNAs
Methods in Mol Biol, 1093, 59-72 (2014)

Yoda, M., Cifuentes, D., Izumi, N., Sakaguchi, Y., Suzuki, T., Giraldez, A.J. and Tomari, Y.
PARN mediates 3'-end trimming of Argonaute2-cleaved precursor microRNAs
Cell Reports, 14, 715-726 (2013)

Tomikawa, C., Ohira, T., Inoue, Y., Kawamura, T., Yamagishi, A., Suzuki, T. and Hori, H.
Distinct tRNA modifications in the thermo-acidophilic archaeon, *Thermoplasma acidophilum*
FEBS Lett. 587, 3575-3580 (2013)

Xie, P., Wei, F.-Y., Hirata, S., Kaitsuka, T., Suzuki, T., Suzuki, T. and Tomizawa, K.
Measurement of tRNA 2-methylthio modification by quantitative PCR for assessing type 2 diabetes risk
Clinical Chemistry, 59, 1604-1612 (2013)

Kita, S., Tanaka, Y., Hirano, N., Kimura, S., Suzuki, T., Suzuki, T., Yao, M. and Tanaka, I. Crystal structure of a putative methyltransferase SAV1081 from *Staphylococcus aureus*
Protein & Peptide Letters, 20, 530-537 (2013)

Ohira, T., Suzuki, T., Miyauchi, K., Suzuki, T.*, Yokobori, S., Yamagishi, A. and Watanabe, K.* Decoding mechanism of non-universal genetic codes in *Loligo bleekeri* mitochondria
J. Biol. Chem., 288, 7645-7652 (2013)

Taniguchi, T., Miyauchi, K., Nakane, D., Miyata, M., Muto, A., Nishimura, S. and Suzuki, T.* Decoding system for the AUA codon by tRNA^{Ala} with the UAU anticodon in *Mycoplasma mobile*
Nucleic Acids Res., 41, 2621-2631 (2013)

Miyauchi, K., Kimura, S. and Suzuki, T.* A cyclic form of N⁶-threonylcarbamoyladenine as a widely distributed tRNA hypermodification
Nature Chem Biol., 9, 105-111 (2013)

Chujo, T. and Suzuki, T.* Trmt61B is a methyltransferase responsible for 1-methyladenosine at position 58 of human mitochondrial tRNAs
RNA, 22, 2269-2276 (2012)

Rodriguez, V., Vasudevan, S., Noma, A., Carlson, B.A., Green, J.E., Suzuki, T. and Chandrasekharappa, S.C. Structure-function analysis of human TYW2 enzyme required for the biosynthesis of a highly modified wybutosine (yW) base in phenylalanine-tRNA
PLoS ONE, 7(6):e39297 (2012)

Chujo, T., Ohira, T., Sakaguchi, Y., Goshima, N., Nomura, N., Nagao, A. and Suzuki, T.* LRPPRC/SLIRP suppresses PNPase-mediated mRNA decay and promotes polyadenylation in human mitochondria.
Nucleic Acids Res., 40, 8033-8047 (2012)

Kimura, S., Ikeuchi, Y., Kitahara, K., Sakaguchi, Y., Suzuki, T. and Suzuki, T.* Base methylations in the double-stranded RNA by a fused methyltransferase bearing unwinding activity
Nucleic Acids Res., 40, 4071-4085 (2012)

Higa-Nakamine, S., Suzuki, T., Uechi, T., Chakraborty, A., Nakajima, Y., Nakamura, M., Hirano, N., Suzuki, T. and Kenmochi, N. Loss of snoRNA impairs ribosomal RNA modification and causes developmental defects in zebrafish
Nucleic Acids Res., 40, 391-398 (2012)

Yu, F., Tanaka, Y., Yamashita, K., Suzuki, T., Nakamura, A., Hirano, N., Suzuki, T., Yao, M. and Tanaka, I. Molecular basis of dihydrouridine formation on tRNA
Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 108, 19593-19598 (2011)

Suzuki, T., Miyauchi, K., Suzuki, T.*, Yokobori, S., Shigi, N., Kondow, A., Takeuchi, N., Yamagishi, A. and Watanabe, K.* Taurine-containing uridine modifications in tRNA anticodons are required to decipher non-universal genetic codes in ascidian mitochondria
J. Biol. Chem., 286, 35494-35498 (2011)

Osawa, T., Inanaga, H., Kimura, S., Terasaka, N., Suzuki, T. and Numata, T. Crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of an archaeal tRNA modification enzyme TiaS complexed with tRNA^{Ile2} and ATP
Acta Crystallograph Sect F Struct Biol Cryst Commun. 67, 1414-1416 (2011)

Suzuki, T.*, Nagao, A. and Suzuki, T. Human mitochondrial tRNAs: biogenesis, function, structural aspects and diseases
Annu Rev Genet., 45, 299-329 (2011)

②Osawa, T., Kimura, S., Terasaka, N., Inanaga, H., Suzuki, T. and Numata, T. Structural basis of tRNA agmatinylation essential for AUA codon decoding
Nature Struct Mol Biol., 18, 1275-1280 (2011)

②Terasaka, N., Kimura, S., Osawa, T., Numata, T. and Suzuki, T.* Biogenesis of 2-agmatinylylcytidine catalyzed by the dual protein and RNA kinase TiaS
Nature Struct Mol Biol., 18, 1268-1274 (2011)

③Wei, F., Suzuki, T., Watanabe, S., Kimura, S., Kaistuka, T., Fujimura, A., Matsui, H., Atta, M., Fontecave, M., Yamagata, K., Suzuki, T. and Tomizawa, K. Deficit of Lys-tRNA Modification by Cdkal1 Causes the Development of Type 2 Diabetes in Mice
J. Clin. Invest., 121, 3598-608 (2011)

④Ohira, T. and Suzuki, T.* Retrograde nuclear import of tRNA precursors is required for modified base biogenesis in yeast
Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 108, 10502-10507 (2011)

⑤Noma, A., Yi, S., Katoh, T., Takai, Y., Suzuki, T. and Suzuki, T.* Actin-binding protein ABP140 is a methyltransferase responsible for 3-methylcytidine at position 32 of tRNAs in

Saccharomyces cerevisiae
RNA, 17, 1111-1119 (2011)

②⑥ Suzuki, T.*, Nagao, A. and Suzuki, T. Human mitochondrial diseases caused by lack of taurine-modification in mitochondrial tRNAs *WIREs RNA*, 2, 376-386 (2011)

②⑦ Bonnefond, L., Arai, T., Sakaguchi, Y., Suzuki, T., Ishitani, R. and Nureki, O. Structural basis for nonribosomal peptide synthesis by an aminoacyl-tRNA synthetase paralog. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 108, 3912-3917 (2011)

②⑧ Kato, M., Arais, Y., Noma, A., Nagao, A., Suzuki, T., Ishitani, R. and Nureki, O. Crystal structure of a novel jmjC-domain-containing protein, TYW5, involved in tRNA modification *Nucleic Acids Res.*, 39, 1576-1585 (2011)

②⑨ Sakurai, M. and Suzuki, T.*
A biochemical identification of A-to-I RNA editing sites by the Inosine Chemical Erasing (ICE) method
Methods in Mol Biol, 718, 89-99 (2011)

③⑩ Zhou, X., Zuo, Z., Zhou, F., Zhao, W., Sakaguchi, Y., Suzuki, T., Suzuki, T., Cheng, H. and Zhou, R.
Profiling sex-specific piRNAs in Zebrafish
Genetics, 186, 1175-1185 (2010)

③⑪ Noma, A., Ishitani, R., Kato, M., Nagao, A., Nureki, O. and Suzuki, T.* Expanding role of the Jumonji C domain as an RNA hydroxylase
J. Biol. Chem., 285, 34503-34507 (2010)

③⑫ Mimaki, M., Hatakeyama, H., Komaki, H., Yokoyama, M., Arai, H., Kirino, Y., Suzuki, T., Nishino, I., Nonaka, I. and Goto, Y. Reversible infantile respiratory chain deficiency: a clinical and molecular study
Ann Neurol, 68, 845-854 (2010)

③⑬ Iwasaki, S., Kobayashi, M., Yoda, M., Sakaguchi, Y., Suzuki, T. and Tomari, Y. Hsc70/Hsp90 chaperone machinery mediates RISC-loading of small RNA duplexes
Mol Cell, 39, 292-299 (2010)

③⑭ Sakurai, M., Yano, T., Kawabata, H., Ueda, H. and Suzuki, T.* Inosine cyanoethylation identifies A-to-I RNA editing sites in the human transcriptome
Nature Chem Biol., 6, 733-740 (2010)

〔学会発表〕(招待講演のみ)

第16回生命化学研究会(熱海)RNAエピソード

エネティクスと生命現象 鈴木 勉
(2014/1/10)

RIKEN symposium RNA Sciences in Cell and Developmental Biology III (神戸) RNA modifications as naturally-selected chemical diversity involved in various biological processes Tsutomu Suzuki (2013/12/7)

Peking Unvi School of Life Sciences Lecture (Beijing) RNA modifications as naturally-selected chemical diversity involved in various biological processes Tsutomu Suzuki (2013/11/15)

Riboclub2013 (Quebec) RNA modifications as naturally-selected chemical diversity involved in various biological processes Tsutomu Suzuki (2013/9/25)

Symposium on Frontier Science and Technology (高知) RNA エピソードと生命現象鈴木 勉 (2013/7/19)

The 18th annual meeting of the RNA society (Davos) Biogenesis and function of cyclic N⁶-threonylcarbamoyladenine as a widely distributed tRNA hypermodification Tsutomu Suzuki (2013/6/12)

日本化学会第93春季年会(滋賀)RNA エピソードと生命現象 鈴木 勉 (2013/3/22)

第35回日本分子生物学会年会(福岡) Molecular pathogenesis of human diseases associated with RNA modification disorder Tsutomu Suzuki (2012/12/13)

XXIV tRNA Conference (Olmue, Chile) A cyclic form of N⁶-threonylcarbamoyladenine as a widely distributed tRNA hypermodification Tsutomu Suzuki (2012/12/4)

Invited Seminar in Beijing Institute of Genetics (Beijing, China) Discovery and functional analysis of novel RNA modifications Tsutomu Suzuki (2012/10/15)

Cold Spring Harbor Asia Conference RNA biology (Suzhou, China) The cyclic form of N⁶-threonylcarbamoyladenine (ct⁶A) as a bona fide hyper-modification of tRNAs in bacteria, lower eukaryotes and plants Tsutomu Suzuki (2012/10/10)

酵素工学会第68回講演会(東京)RNAとタンパク質をリン酸化する酵素の発見—RNA修飾の生合成と遺伝暗号の解読機構—鈴木 勉 (2012/10/5)

FEBS International Workshop: New Developments in RNA Biology (Tavira, Portugal) The cyclic form of *N*⁶-threonylcarbamoyl-adenosine (ct⁶A) as a bona fide hyper-modification of tRNAs in bacteria, lower eukaryotes and plants Tsutomu Suzuki (2012/9/2)

第 34 回日本分子生物学会年会(横浜)RNA modifications as naturally-selected chemical diversity involved in various biological processes Tsutomu Suzuki (2011/12/13)

第 223 回川崎医学会講演会 (倉敷)ミトコンドリア脳筋症と tRNA のタウリン修飾欠損鈴木 勉 (2011/11/29)

ISNAC2011 第 38 回国際核酸化学シンポジウム (札幌) Biogenesis and function of 2-*agmatinyl*cytidine found at the wobble position of archaeal tRNA^{Ile} Tsutomu Suzuki (2011/11/11)

生体機能関連化学部会「若手フォーラム」(つくば)RNA 修飾の生合成から細胞内の化学反応を学ぶ 鈴木 勉 (2011/9/11)

バイオリジカルマスペクトロメトリー 2011 (箱根) マイクロ RNA と核酸医薬のマスペクトロメトリー 鈴木 勉 (2011/7/11)

第 67 回今堀フォーラム (東京) RNA 修飾が関与する生命現象へのアプローチ 鈴木 勉(2011/2/7)

Gordon Research Conference (RNA editing) (Galveston, Texas) A landscape of A-to-I RNA editing in human transcriptome Tsutomu Suzuki (2011/1/9)

① さきがけ公開シンポジウム 第 2 回「RNA と生体機能」(東京) RNA 修飾が関与する生命現象へのアプローチ 鈴木 勉 (2010/12/14)

② 神奈川科学技術アカデミー (KAST) 教育講座「機能性 RNA」(川崎) 世界標準を志向した miRNA と核酸医薬のマスペクトロメトリー 鈴木 勉 (2010/10/20)

③ 2010 INTERNATIONAL POLYAMINE CONFERENCE (御殿場) *Agmatidine*, an *agmatine*-conjugated cytidine found at the anticodon wobble position of archaeal tRNA^{Ile} essential for AUA decoding Tsutomu Suzuki (2010/6/15)

{ その他 }
ホームページ

<http://rna.chem.t.u-tokyo.ac.jp/>

受賞

第 9 回 日本学術振興会賞受賞 (2012 年 12 月)
「高感度質量分析による RNA の直接解析と生命現象へのアプローチ」

6 . 研究組織

(1) 研究代表者

鈴木 勉 (SUZUKI, Tsutomu)

東京大学・大学院工学系研究科・教授

研究者番号 : 20292782