



かずさDNA研究所ニュースレター 第85号
発行日 令和5年10月15日（年4回発行）
企画・編集／公益財団法人かずさDNA研究所 広報・教育支援グループ
ニュースレターは以下のサイトからもご覧いただけます。
<https://www.kazusa.or.jp/newsletter/>
[配信登録：ニュースレターの発行をメールでお知らせします。]

公益財団法人 かずさDNA研究所
〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2-6-7
TEL：0438-52-3900 FAX：0438-52-3901
<https://www.kazusa.or.jp/>
E-mail：nl-admin@kazusa.or.jp

かずさDNA研究所

特集：Plant GARDEN

世界最大の植物ゲノムデータベース



研究紹介

栽培柿の全ゲノムを高精度に解読
発熱植物ザゼンソウの生存戦略
ソバのゲノム解読
自己免疫疾患の治療につながる新たな脂質の発見

活動報告

かずさの森のDNAキャンプ開催
夢チャレンジ体験スクール参加
現代産業科学館イベント出展

どんなゲノム こんなゲノム

ヒト バンゲノムドラフト参照配列

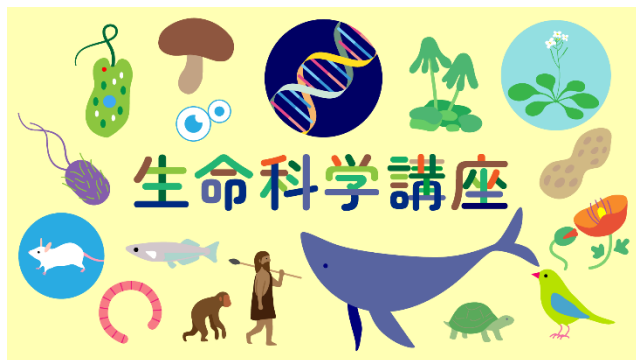
おもしろライフサイエンス

古代のペンダントからDNAが！

85

2023 OCT





かずさDNA研究所は、生命科学の楽しさや社会における重要性を広く一般の皆様にお伝えするため、今秋新たに「オンライン生命科学講座」を開講します！

第1シリーズ

わくわく遺伝学

第1シリーズは「わくわく遺伝学」と題し、植物遺伝学、微生物遺伝学、動物遺伝学の専門家を講師としてお招きします。これまでのご研究のトピックスを中心にわかりやすくご紹介いただき、遺伝学の魅力をお伝えします。

第1回「遺伝子による花の形づくり」

配信：11月18日(土)午後1時～11月26日(日)午後12時



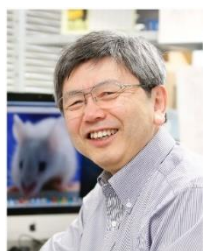
講師：平野博之（東京大学名誉教授）
花は、ガク・花びら・おしべ・めしべから作られています。本講演では、遺伝子のはたらきによる花の形づくりの仕組みと、それを解明してきた遺伝学的・分子生物学的な研究についてご紹介いただきます。

第2回「ポケモンの進化と生物の進：共通点もあるけどメカニズムは別物」



（2023年1月配信予定）
講師：真木寿治（奈良先端科学技術大学院大学名誉教授・特任教授）
現在、地球上には100万種以上の多様な生物が存在していますが、これは30億年以上の長い期間をかけて進化し続けた結果です。本講演では、ポケモンと生物の進化のメカニズムの違いを考えます。

第3回「太陽と月と色素細胞の進化」



（2023年3月配信予定）
講師：講師：山本博章（長浜バイオ大学名誉教授・客員教授）
私たち哺乳動物の体色や紫外線防御にはメラニン色素細胞が重要な役割を果たしています。本講演では、メラニン色素細胞の働きやそれに関わる遺伝子について、わかりやすくお話しさせていただきます。

お申し込みいただいた皆様のどなたも無料で配信期間中いつでもご聴講いただけます。
申し込み：<https://www.kazusa.or.jp/course>



遺伝子で自分自身を知る。

かずさの森のDNAキャンプ

～高校生を対象としたハイレベル生命科学講座～

かずさの森のDNAキャンプに全国から10名の高校生が参加

かずさDNA 研究所は、主要事業に「DNA研究に関する人材の育成および普及啓発」を掲げ、理科教育や研究活動の推進に注力しています。高校生の皆さんにDNA研究のより深い学習を通して科学的な思考力・判断力・表現力を養う機会を提供するため、8月7日から二泊三日の宿泊型研究体験実習「かずさの森のDNAキャンプ」を開催しました。今年は、61件の応募があり、北海道/青森/秋田/東京/千葉/神奈川/愛知/岐阜/鹿児島から計10名の高校生が参加しました。

DNAキャンプの全体像

本実習では、1990年代半ばから急激に進んできたさまざまな生物のゲノム配列解析による「生物情報の蓄積」、それをもたらした「DNA塩基配列解析技術の進歩」、また蓄積する膨大な情報データを扱うための「コンピュータ解析技術の急激な発展」を背景に築き上げられた、生命科学の新たな領域である「ゲノム科学」を体験することができます。

初日には、参加者自身の口腔粘膜細胞を採取し、ゲノムDNAを抽出しました。ゲノムは「生命の設計図」と呼ばれ、DNAに書き込まれた遺伝子領域からさまざまなタンパク質が合成され、生命を維持するために機能しています。今回はムスクやスミレの臭いを感知する嗅覚受容体遺伝子をPCRで増幅し、遺伝子組換え実験によりそれらの遺伝子を単離しました。

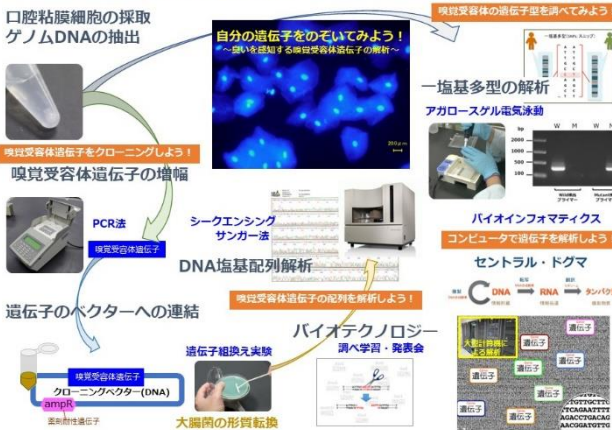
二日目には、単離した嗅覚受容体遺伝子を処理して、「シークエンサー」と呼ばれるDNA塩基配列解析装置で読み取り、自分自身の遺伝子の配列を解読しました。また、これらの遺伝子の中にある一塩基の変異の有無を解析し、自分のムスクやスミレの臭いに対する感じ方を調べました。

DNAキャンプの様子

三日目には、班ごとに行ったバイオテクノロジーに関する調べ学習の結果を報告する発表会がありました。

バイオインフォマティクスやゲノム科学に関する幅広い実習を体験することにより、DNA研究の成果が現代社会でどのように役立っているのか、また将来どのようなことに利用できるのかを、参加者の皆さん自身で考える機会になりました。

かずさの森のDNAキャンプ2023の概要



①開講式では初めて会う仲間に固い表情でしたが、2人一組の他者紹介、互いの1分間の情報収集で緊張がほぐれてきました。



②まずは、微量な液体を正確に出し入れできるマイクロピペット、分子生物学実験に必須の精密機械、基本操作の練習です。



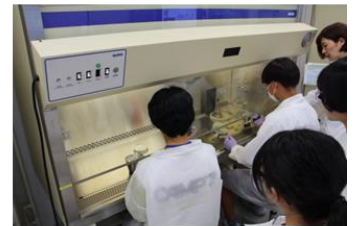
③口腔粘膜細胞を綿棒で取り出し、DNA抽出試薬で自身のDNAを調製、臭いを感じる遺伝子部分をPCR法で増幅しました。



④PCRの間に、教科書には載っていない最新のDNA研究とバイオテクノロジーの話の話を聞きました。3日目の発表会に関連します。



⑤実験の合間に所内を散策、窓越しに最先端の解析機器や、研究員・技術員など研究所で働く人々をみることができました。

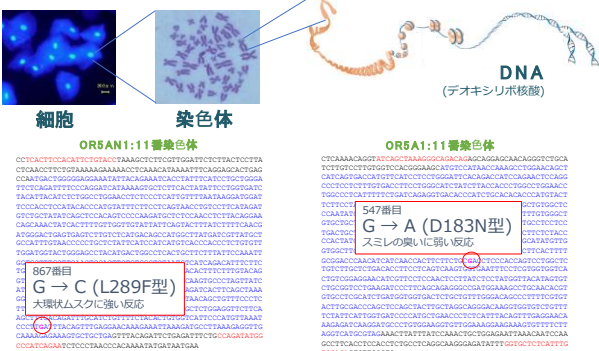


⑥初めての遺伝子組換え実験、PCRで増幅した自分の嗅覚受容体遺伝子を単離するために、大腸菌にDNAを取り込ませました。

参加者の感想

- ・ 遺伝子解析の仕組みを知ることができてよかった。研究職への憧れが出ました。
- ・ キャンプに参加できたことを誇りに思います。これを活かしてSSHも勉強も頑張ります。
- ・ 全国各地から集まった仲間と一緒に多くのことが学べてよかった。仲間から良い刺激を受けました。
- ・ 人に教えてもらって理解しようと努力し、学ぶことの楽しさを思い出しました。
- ・ 将来に対してぼんやり考えていた「研究」について、将来のビジョンがはっきりしました。
- ・ 学校や部活での探究活動で遺伝子を扱うことができるかも知れないという希望が生まれました。
- ・ 研究のモチベーションは明らかに上がりました。

嗅覚受容体遺伝子 (OR5A11、OR5A1)



タンパク質コード領域は青字で、遺伝子を増幅するためのPCR用のプライマー配列を赤字で、一塩基多型を示します。

今回の実験プログラムは、東京大学の東原和成教授の研究グループが2023年1月に発表した研究成果「ムスクの香りの感性に影響を与える嗅覚受容体の遺伝子多型の発見」を参考にしました。
https://www.a.u-tokyo.ac.jp/topics/topics_20230113-1.html



⑦2日目には、一晚37℃で培養した大腸菌を観望し、嗅覚受容体遺伝子を取り込んだ大腸菌を単離して、塩基配列の解析に進めました。



⑧今回はムスクやスミレの臭いを感じる遺伝子の解析です。官能試験でサンプルの臭いを嗅ぎ、遺伝子型との関係を考察しました。



⑨研究者との交流では、小原収副所長の講義のあと、ケーキを食べながら懇談を行いました。研究職を目指す方も増えたのでは。



⑩嗅覚受容体遺伝子の解析です。シーケンサーというDNA塩基配列解析装置にサンプルをセットするところを教わりました。



⑪2日目の夜ゼミ、ゲノム科学のあゆみの講義の後には、ゲノム博士認定試験、眠いながらも、4択クイズに全力でチャレンジ。



⑫DNA塩基配列解析装置のデータをパソコンに取り込み解析しました。初めて見る自分の遺伝子の塩基配列にどんな想いかな？



⑬3日目には大会議室で発表会、バイオテクノロジーに関する考えをまとめ、研究者からの質問にも物怖じせず答えていました。



⑭3日間のハードスケジュールをこなし、開講式では田畑哲之所長からの修了証。皆さん、良い経験になりましたか？

夢チャレンジ体験スクール参加

夏休みに夢チャレンジ体験スクールが開催されました。このイベントは千葉県教育庁の主催で、県内の企業、大学、研究機関と連携し、県内の児童・生徒たちが将来の職業に向けた夢を育むために、先端的な科学・技術体験や就業体験を提供するものです。

7月25日(火)、26日(水)のスクールには、60組の小学生親子が参加しました。身近な食べ物からDNAを取り出す実験やマイクロピペットの操作体験を通して、DNA実験の面白さに触れられたのではないのでしょうか。

7月28日(金)は18名の中高生が参加し、PCR法などの分子生物学的な手法を用いて食肉のDNA鑑定を行いました。DNA実験を直接経験することで、



DNAをより身近に感じたことでしょう。この体験が、DNAの重要性を正しく理解するのに役立つことを願っています。



現代産業科学館イベント出典

8月26日(土)に現代産業科学館に出展し、DNA抽出実験を行いました。

午前は計58名のご家族が参加され、子供たちにブロッコリーを切ってもらい、DNAを取り出す演示実験を行いました。

午後は抽選で計21名のご家族が参加され、チューブや遠心機を用いて身近な食べ物からDNAを取り出す実験を一人一人に体験してもらいました。実験を通してDNAを身近に感じる貴重な体験になったようです。



特集:Plant GARDEN

世界最大の植物ゲノムデータベース

食糧問題や地球規模の気候変動、生物多様性維持など様々な観点から、植物研究への期待が世界的に高まっています。植物を理解するための基礎研究や育種を進めるうえで重要な基盤となるのが、多様な植物のゲノムの情報です。

かずさ DNA 研究所は、たくさんの植物のゲノム関連情報をまとめて、使いやすく提供するためのデータベース Plant GARDEN を開発し、今年の8月に論文を発表しました。本特集ではシーズ開拓研究室生物情報解析システム開発チームの磯部祥子チーム長と市原寿子特任研究員に Plant GARDEN についてお話を伺いました。



生物情報解析システム開発チーム

磯部 祥子 チーム長 (左)

市原 寿子 特任研究員 (右)



取り扱いや解析が難しい印象のゲノム情報だけど、はじめての人にも、わかりやすいインターフェイスを目指して開発されたんだ👉
スマホからも簡単にアクセスできるよ！



Plant GARDENのトップページ <https://plantgarden.jp>

なぜ Plant GARDEN をつくろう
と思ったのですか？



DNAの塩基配列を調べるシーケンシング技術が急速に進歩したことで、世界中で様々な植物のゲノム情報が明らかにされ、これまでに1,000種以上のゲノム情報が公開されています。しかし、これらの情報は複数のデータベースに散在しており、使いにくい状況でした。この問題を解決するために、多くの植物情報を一元化し、使いやすいウェブサイトが必要だと考えました。



Plant GARDEN には何種類のゲノム情報がはいつていますか？

現在、600種類以上の植物のゲノム関連情報がおさめられています（2023年9月時点）。この数は世界最多種となります。かずさDNA研究所では地球上に棲息する150万にもものぼる全真核生物種のゲノム情報を10年間で明らかにしようとする国際プロジェクト「地球バイオゲノムプロジェクト」にも参加しています。そこから得られた植物のゲノム情報や世界中で明らかにされた情報を、順次登録していく予定です。現在も9名のキュレーターと共に登録数を増やしています。

「地球バイオゲノムプロジェクト」
<https://www.kazusa.or.jp/news/pr20220118/>



データベースにはどのような情報が
ありますか？



ゲノム、遺伝子、DNAマーカー、QTLやSNPなどのゲノム関連データが収められています。データの様式を揃えた形で情報を整理しているので、研究対象の遺伝子やその配列を異なる植物の間で比較することも可能になりました。



Plant GARDEN の主なコンテンツ

*数は論文掲載情報

①ゲノム：304種類

ある生物を構成するために必要な最小限の遺伝情報。または遺伝情報の全体。

②遺伝子：11,331,614個

DNA上の「一つのタンパク質の設計図」に相当する部分。

③DNAマーカー：419,132個

品種や個体間における DNA 配列の違いを識別することで、ゲノム上の目印としたもの。

④QTL：8,225個

葉や実の大きさなど、複数の遺伝子の効果の総和によって決定される性質（量的形質）を支配する遺伝子の位置のこと。

⑤SNP：5,934個

集団のゲノム 中にみられる一塩基レベルの違い。品種・系統の目印となる特有の DNA配列の違いは、DNA マーカーとして用いられることもある。

論文情報ははこちらから →

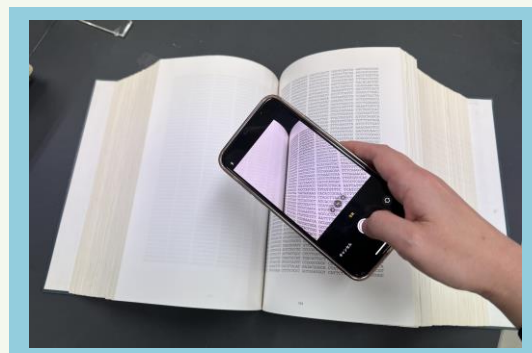
<https://www.kazusa.or.jp/news/230816/>



Plant GARDENは、どのように
つかうことができますか？



学生であれば研究対象の植物の学名検索からはじまり、ゲノム情報やマーカー情報、関連する論文情報が役立つのではないかと思います。また塩基配列を、携帯で撮ると何の生き物の設計図かを調べる相同性検索機能もあるので、ゲーム感覚でDNAについて学ぶこともできます。



大学や企業、研究所などで働く研究者は、新しい品種を改良する際、DNAマーカーやQTL、SNPの情報が役立つのではないのでしょうか。また、上記5種類以外の情報も掲載されていますので、目的によって様々な使い方ができます。

Plant GARDEN の使い方

例えば、トマトのゲノム情報が知りたい場合は、「植物種からさがす」のボタンから、「和名から」トマトを探してクリックするとトマトの情報に辿り着くことができます。「形質からさがす」をクリックすると、トマトの収量や形態、品質などに関わる遺伝子や領域がどこにあるのか、またその領域を特定した論文に辿りつく事もできます。興味のある植物の研究がどこまで進んでいるのかを知ることできるので、是非一度覗いてみてください。

詳しい使い方は磯部チーム長の動画をみてね！

<https://plantgarden.jp/ja/help>



皆さんが使いやすいポータルサイトを目指して、現在もチーム一丸となって改良を進めています。お気づきのことがありましたら、Plant GARDENのウェブサイトからご連絡ください。広く皆様に使っていただくことで、植物のDNA研究が進み、環境変動に強い作物がつくられ、食糧問題の解決につながることを願っています。



Plant GARDEN の打ち合わせの様子

ヒトのからだも体温が1℃上がるとだるくて動けなくなるように、温暖化によって植物も成長が遅くなったり、実をつけないことがあるんじゃないか。
Plant GARDENを使うことで、植物の研究が加速すると良いの。



研究成果紹介



栽培柿の全ゲノムを高精度に解読

岡山大学、農研機構との共同研究

秋の味覚である柿（栽培柿）は、遺伝子の最小セットであるゲノムを6セット持つ「六倍体」で、果実の形や味が多種多様です。一方、ゲノムがより単純な「二倍体」の野生の柿はこのような多様性を持たないことから、栽培柿の様々な性質はゲノムの倍数化や野生種からの栽培化によって獲得されたと考えられています。しかし、「六倍体」の栽培柿はゲノムが複雑であるため、ゲノム解析は容易ではありません。

今回、最新のDNA解析技術を用いることで、栽培柿の主要品種である「太秋（たいしゅう）」の全ゲノムを高精度に解読することに成功しました。近縁種のゲノムと比較したところ、六倍体の栽培種は150～200万年前に生まれたことや、複数の近縁種との進化上の関係がわかりました。さらに、約170の栽培柿品種の遺伝解析を行ったところ、甘柿・渋柿の違いや多様な果実の形など栽培柿が獲得した性質を決める重要な遺伝子群のゲノム上の位置を特定することができました。

栽培柿が持つ有用な性質に関する遺伝子の研究が進めば、今以上にいろいろな特徴を持つ美味しい柿が食べられるようになるかもしれませんね。

2023年6月16日 DNA Research

2023年7月7日 Molecular Biology and Evolution



発熱植物ザゼンソウの生存戦略

宮崎大学との共同研究

発熱する植物をご存じですか。花の温度が外気温よりも0.5℃以上上昇する植物を「発熱植物」と呼び、100種近くあることが知られています。花を温かくすることで、より匂いを拡散することができ、昆虫を誘引して花粉を運ばせると考えられています。ザゼンソウは発熱植物の一種で、唯一北東アジアの寒冷地に生息し、花が咲く1週間程度の間、体温を20℃近くに維持しています。一方、近縁のヒメザゼンソウは発熱しません。また、なぜザゼンソウが他の発熱植物と異なり寒冷地で発熱するのかはわかっていませんでした。

今回、国内のザゼンソウとヒメザゼンソウの分布情報と環境データにより、ザゼンソウの方がヒメザゼンソウより雪深い地域に生育すること、2万年前にはザゼンソウはすでに現在に近い分布を示していたことを明らかにしました。また両種の葉緑体や核のDNAを比較すると、ザゼンソウの方が遺伝的な多様性が高いことがわかりました。

本研究から、ザゼンソウは同じ地域に留まり遺伝子の多様性を蓄積していったのに対して、ヒメザゼンソウは分布域を現在の地域へと移動したことが示唆されました。今回の研究成果は、発熱植物の生存戦略を解き明かすための重要な手がかりになります。



ソバのゲノム解読

京都大学、理化学研究所、農研機構、千葉大学
京都府立大学、総合研究大学院大学、雲南農業大学
ケンブリッジ大学との共同研究

蕎麦は、寿司、天ぷらと並ぶ代表的な日本食の一つですが、近代的な育種の対象とされず、生産技術の改良が進んでいません。2016年に、近代育種の基礎となる栽培ソバのゲノムの解読が行われましたが、当時の解析技術には精度に限界がありました。

今回、かずさDNA研究所を含む国際共同研究グループは、DNAの塩基配列を一度に長く読み取ることができるロングリード技術を駆使し、栽培ソバのゲノムを染色体レベルまで高精度に解読しました。

その結果、栽培ソバの起原には、チベット南東部に生息する集団が関与していることを解き明かしました。

さらに、今回解読したゲノム情報と従来の育種法を組み合わせることによって、これまでになかったモチ性ソバの開発に成功しました。モチ性ソバとは、モチモチとした食感を持つ新たなソバです。イネなどの多くの穀類にはモチ性形質が存在しますが、ソバにはこれまで存在しなかったものです。

今後、本研究で使われた解析方法や育種方法が、多様な栽培作物の改良に活かされることが期待されます。





自己免疫疾患の治療につながる新たな脂質の発見

東京大学、千葉大学との共同研究

自己免疫疾患は、本来異物を排除する役割の免疫システムが、自分自身の正常な細胞や組織に対して過剰に反応し、悪い症状を起こす疾患です。近年、この免疫システムが脂質の代謝と密接に関係していることがわかってきました。

例えば、肥満になるとTh17細胞という白血球の一種が増加し、関節リウマチや炎症性腸疾患などの自己免疫疾患が引き起こされます。しかし、どのような脂質がどのような仕組みでTh17細胞を増加させるかは明らかではありませんでした。

今回、最先端の物質検出技術を活用して、Th17細胞の脂質代謝を詳細に解析しました。その結果、5つの脂質代謝酵素がTh17細胞を増加させること、脂質の一種であるLPE [1-18:1] がTh17細胞を増加させること、さらにLPE [1-18:1]はTh17細胞で遺伝子の発現を制御する主要なタンパク質と複合体を作ることによってTh17細胞の増加に関わっている可能性があることを明らかにしました。

本研究の結果、Th17細胞を利用した自己免疫性炎症疾患の診断マーカーや治療法の開発、さらに脂質代謝経路を創薬のターゲットとすることでメタボリックシンドロームの克服にも貢献することが期待されます。

ヒト パンゲノムドラフト 参照配列

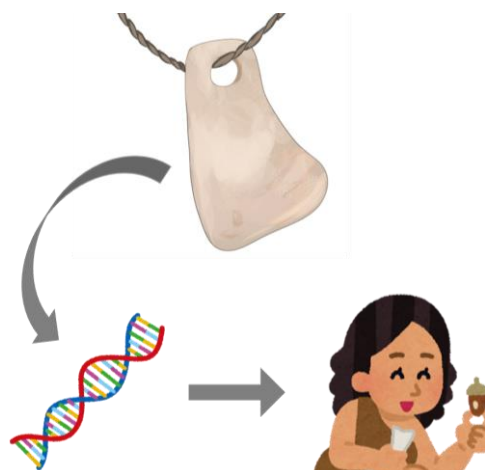
ヒトゲノムが解読されたのは、今から20年前の2003年でした。国際プロジェクトに費やした期間は13年、ドラフト（低精度）配列としてゲノムの92%が解読されましたが、当時の技術では、反復配列など解析が困難な場所が多数ありました。

その後のDNA解析技術の進歩により、一度に長い塩基配列を読み取ることで反復配列の解読が可能となり、2022年には米国のT2Tコンソーシアムにより、ゲノムの端から端まで、完全なヒトゲノム配列の解読が完了しました。しかしながら、個々人のゲノム配列は予想以上に多様であり、これまでのヒトゲノム参照配列は少人数由来の偏りのある配列であると考えられるようになりました。

個体間の遺伝的多様性も考慮して、複数個体のゲノム配列を単一のデータとしてまとめたものを「パンゲノム」と呼びます。ヒトゲノム配列をより深く理解するために、米国主導の国際ヒトパンゲノム参照コンソーシアムが、多民族からなる47人由来の94のゲノム配列を高精度に解読し、パンゲノム参照配列を発表しました。データを解析した結果、新たに個人間の遺伝情報の違いが多く見つかりました。これらの情報を利用することによって、病気の原因究明や治療法の開発が加速すると考えられます。

今現在、世界の誰がヒトの正しいゲノム配列を持っているのでしょうか？

古代のペンダントからDNAが！



古代から人々を魅了するペンダント、そこに残された手掛かりからヒトの文化、生活、そして遺伝情報が明らかになります。

ドイツのマックスプランク研究所はシベリアのデニソワ洞窟で見つかった約2万年前の鹿の骨のペンダントから、鹿とペンダントの持ち主と思われる女性のDNAを取り出すことに成功しました。その鍵となったのは、遺品を傷つけることなく、なるべくそれが使われていた時代のみのDNAを取り出す革新的な技術です。

古代の道具やアクセサリーなどに使われた動物の骨を水で洗った後、骨を傷つけずにDNAを取り出すことのできるリン酸ナトリウムバッファーという液に浸します。この時に、21℃、37℃、60℃、90℃に温度を段階的に引き上げた4種類のリン酸ナトリウムバッファーに浸けていくことで、深くに浸透した古いDNAと時間経過により付着した新しいDNAを区別することができます。

遺品に付着したDNAの持ち主が明らかになることで、古代人がどのように生活していたかがより詳細にわかるようになります。また、この技術はDNAを取り出すときに遺品を傷つけないため、DNA解析後も様々な調査を行うことができます。

考古学研究と遺伝子研究はますます離れがたいものになるでしょう。



CSK Himachal Pradesh農業大学 (インド)

Jyoti Kumari さん (左)
Akriti Sharma さん (右)

2023年9月より、CSK Himachal Pradesh農業大学Palampur校博士課程のJyoti Kumariさん、Akriti Sharmaさんが当研究所のシーズ開拓研究室に滞在しています。

大学では、それぞれ大豆の病害抵抗性に関わる遺伝子と小麦の成熟期間等に影響を与える遺伝子配列に関する研究を行っており、DNAに関連するあらゆる研究の基盤となる最新のシークエンシング（DNA塩基配列の解読）技術を学ぶため、当研究所に赴任しました。

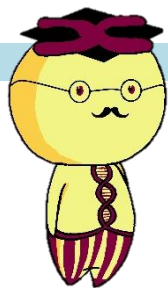
二人は日本人の仕事に対する姿勢を高く評価しており、かずさDNA研究所で働く人は、時間を無駄にすることなく自分の仕事に没頭し、仕事の質が高いと話していました。当研究所で得た最新の知識を、インドの農民の経済向上に活かしていきたいそうです。

Jyotiさんは、読書、手芸が趣味で、廃材で作った壁飾り（下記写真左）やブレスレット（下記写真右）を作っています。

Akritiさんは、読書、スポーツが好きで、バドミントンをしているそうです。

当研究所での生活が二人にとって充実したものになることを願っています。





挑戦！あなたもゲノム博士

このコーナーではゲノムに関するクイズを出題します。答はかずさDNA研究所のHPに掲載。

(<https://www.kazusa.or.jp/newsletter/>)



問題 1

同じ大腸菌でも非病原性のK-12と病原性のO157ではゲノム配列が違います。K-12特異的遺伝子は567個、O157特異的遺伝子は1,632個ですが、共通なものはいくつあるでしょうか？



A: 232 B: 1,743 C: 3,729 D: 8,456

問題 2

ゲノム配列において、個体間の違いも含めた同一生物種内の構造や多型の多様性を網羅した全遺伝情報を何というのでしょうか？



A: パンゲノム B: メタゲノム
C: エピゲノム D: パーソナルゲノム

問題 3

ヒトの遺伝的多様性のカタログをつくるため、世界の様々な民族・集団から1000人以上のゲノムを解読する2008年に開始されたプロジェクトは何でしょうか？



A: 1000ドルゲノム B: 1000人ゲノム
C: パンゲノム D: ヒトゲノム

表紙のイラスト

Plant GARDEN のウェブサイトに出てくるアイコンの一部。だれでもわかりやすいように、シンプルなデザインになっています。描かれている植物の多くは研究所でゲノム解読を行いました。Plant GARDEN のロゴマークは、DNAの二重らせんをモチーフにしています。



Plant GARDEN

イベント等の報告

◇DNA出前講座

7月21日(金)：千葉市打瀬公民館
8月2日(水)：千葉英和高等学校
8月25日(金)：山武市成東中央公民館
9月1日(金)：千葉市立松ケ丘中学校
9月11/12/14日(月/火/木)：千葉県立木更津高等学校
9月16日(土)：船橋市松が丘公民館
9月26日(火)：千葉県立柏南高等学校
10月6日(金)：千葉県立木更津高等学校
10月10日(火)：木更津市立鎌足中学校

◇リモート実験（オンライン）

7月19日(水)：麗澤高等学校（通信制課程）
7月24日(月)：八千代松陰中学校
8月21日(月)：千葉県立東葛飾高等学校
9月17日(日)：山梨県立甲府南高等学校
9月29日(金)：秋田県立大館鳳鳴高等学校

◇所内実習

8月7-9日(月-金)：かずさの森のDNAキャンプ
8月18日(金)：千葉県総合教育センター 生物先端技術研修
8月30日(水)：志学館中部部
9月9日(土)：翔凛中学校・高等学校
10月3日(火)：千葉県立佐原高等学校
10月12日(木)：島根県立益田高等学校

◇科学イベント

7月25/26日(火/水)：千葉県夢チャレンジ体験スクール
科学・先端技術体験スクール（1日コース）
7月28日(金)：千葉県夢チャレンジ体験スクール
科学・先端技術体験スクール（2日コース）
8月17日(木)：夏休み親子でDNA研究所見学！
8月26日(土)：現代産業科学館・サイエンスショー
現代産業科学館・実験教室

10月7日(土)：千葉市科学フェスタ2023

◇実験教材貸出

千葉県立千葉北高等学校 7月/東京都立上野高等学校、千葉県立木更津高等学校 8月/兵庫県立宝塚北高等学校 9月/東京工業大学附属科学技術高等学校、順天高等学校 10月

◇研究所見学（一般団体を除く）

8月22日(火)：市原市千種コミュニティセンター（親子）
8月23日(水)：渋谷教育学園幕張中学校・高等学校

◇その他

10月10-20日(火-金)：千葉県庁パネル展示
8月5-20日(土-日)：現代産業科学館・展示会