

【別添資料 I】

- I -1 研究等助成事業 (成果報告書) (p 1～ P 15)
- I -2 講演・講習会等開催事業 (p 16～ P 23)
- I -3 遺伝学に関する知識の普及と
向上をはかるための事業 (p 24～ P 25)
- I -4 その他前条の目的を達成するた
めに必要な事業 (桜事業) (p 26～ P 28)

公益財団法人遺伝学普及会
令和4年度研究助成(海外渡航費)応募要項

1. 助成の目的

優秀な若手研究者の研究を奨励するため、海外交流の支援を行うことを目的としています。海外交流とは、海外で開かれる国際学会への出席及び研究発表を行うことを言います。

なお、当面の間、オンライン開催される国際会議で研究発表を行うための参加費も援助します。

2. 助成対象研究分野

生命科学関連分野における遺伝学に関する基礎的、学際的研究及び関連する諸技術などの研究。

3. 助成対象者

次に該当し、日本から海外の国際会議、シンポジウム等に出席し研究発表(ポスター発表を含む。)を予定している方。但し、すでに本助成を受けられた方は応募をご遠慮ください。

- (1) 大学院後期(博士)課程在籍者
- (2) 若手研究者(原則として40才未満)

4. 助成費

1件あたり原則として10万円以内

※公益財団法人遺伝学普及会旅費支給規程により算定します。

※オンライン開催される国際会議で研究発表を行うための参加費も援助対象とします。

5. 申請書類

- (1) 研究助成申請書・推薦書(様式1)(本財団の理事・評議員・監事の推薦を必要とします。)
- (2) 出席学会等の発表予定論文の要旨
- (3) 研究発表を証明する書類
- (4) 履歴書
- (5) 研究業績(発表論文等一覧)
- (6) 旅費見積書、支援経費の使途(予定)

(注) 書類に不備があると審査出来ない場合がありますので、ご注意ください。

6. 報告義務

研究発表終了後2カ月以内に、研究成果報告書(様式2)を当財団に提出していただきます。

7. 締切日

随時(当分の間、渡航日の2カ月前までとします。)

8. 募集人員

年間5名程度

9. 選考及び決定

選考委員会で審査し、理事会の同意を経て、代表理事が決定します。

申請者及び推薦者には文書で結果をお知らせします。

10. 申請書の提出先及び連絡先

公益財団法人 遺伝学普及会 事務局

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111 国立遺伝学研究所

TEL・055-981-6857

FAX・055-981-6877

e-mail:genetics@nig.ac.jp

<http://www.idengaku-fukyukai.info/>

令和4年度 海外渡航費助成申請者一覧

NO	申請者氏名	所属	目的	開催国	参加期間	採択可否
1	(ピウ バネルジー) Piu Banerjee	国立遺伝学研究所 神経回路研究室 学生 (D5)	SPONT 2022 ポスター発表	スペイン	2022. 6. 4~ 6. 12	採択
2	(ほそき たくや) 細木 拓也	国立遺伝学研究所 生態遺伝学研究室 特任研究員	Congress of the European Society for Evolutionary Biology 学 会発表	チェコ共和 国	2022. 8. 13 ~8. 22	採択
3	(シャーリン メイ ブエ ンディア チュア) Sharlyn Mae Buendia Chua	国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室 学生 (D4)	ASHG 2022 Annual Meeting ポスター発表	アメリカ	2022. 10. 24 ~10. 30	採択
4	(にしむら るか) 西村 瑠佳	国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室 学生 (D4)	ASHG 2022 Annual Meeting ポスター発表と情報収集	アメリカ	2022. 10. 24 ~10. 30	採択
5	(すぎもと りょうた) 杉本 竜太	国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室 特任研究員	ASHG 2022 Annual Meeting ポスター発表	アメリカ	2022. 10. 24 ~10. 30	採択
6	(いいだ しおり) 飯田 史織	国立遺伝学研究所 ゲノムダイナミクス研究室 学生 (D3)	UK Japan Genome Stability Meeting 参加・発表、及びクリッ ク研究所・ケンブリッジ 大学訪問	イギリス	2023. 1. 16 ~1. 25	採択

令和4年度 オンライン参加 助成申請者一覧

NO	申請者氏名	所属	目的	開催国	参加期間	採択可否
1	(ダウエイ カイザル) DAUYEY KAISAR	国立遺伝学研究所 大量遺伝情報研究室 学生 (D3)	The Lancet Summit:Sex and gender in rheumatology ポスター発表	Virtual	2022. 9. 22 ~9. 23	採択

海外渡航費助成実績 (参 考)

年度	助成数 (女子)
~~~~~	~~~~~
28	3 (1)
29	3 (0)
30	1 (0)
R1	0
R2	0
R3	2 (1)
R4	7 (4)
合 計	120 (35)

(様式2)

令和 4 年度研究助成 (海外渡航費) 研究成果報告書

令和 2022 年 08 月 12 日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏 Piu Banerjee



出席学会等名称 SPONT 2022

開催場所 Spain(Altea,Alicante)

開催期間 令和 4 年 6 月 ~~4~~⁶ 日 ~ 令和 4 年 6 月 ~~6~~⁸ 日

渡航期間 令和 4 年 6 月 4 日 ~ 令和 4 年 6 月 12 日

研究成果の概要

The Spont2022 conference was the 2nd meeting on spontaneous activity in brain development. It gave a great opportunity to meet with the most eminent scientists in the field of spontaneous activity.

The conference was held in the luxurious SH Villa Gadea hotel situated in the quaint town of Altea. All the talks were extremely good and very relevant to my field of work. It made me learn about the latest developments and research in this field. Since it was a smaller meeting, it gave me a chance to interact well with many students and scientists coming from all over the world. We all bonded over our research, general lab structure, working scenario, career in academia, all while over-indulging in sumptuous Spanish cuisine and sangrias!

Since I presented a poster in this meeting, I was able to discuss my research work with many big scientists and other students. I had fruitful discussions and got valuable feedback that helped me improve my current project. I also learnt about the work of other students and gave my feedback on that. Moreover, I was also able to shortlist prospective labs for future collaborations or career opportunities. Overall, this meeting really helped widen my scope and turned out to be very useful for me.

Lastly, the meeting took place in Altea, a small and quaint town, which is also known to be the most beautiful city in Costa Blanca, and it rightly lived up to that tag. The city has white-walled houses, pretty streets, beautiful beaches, serene views, and European style churches. It had a lovely vibe and was indeed a treat for the eyes!

I am very grateful for getting the opportunity to attend this meeting, and this will be an experience I wish cherish forever.

(様式2)

令和4年度研究助成(海外渡航費)研究成果報告書

2022年 11月 11日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏名 細木 拓也



出席学会等名称 Congress of European Society for Evolutionary Biology (ESEB) 2022

開催場所 プラハ (チェコ)

開催期間 2022年 8月 15日 ~ 2022年 8月 20日

渡航期間 2022年 8月 13日 ~ 2022年 8月 23日

研究成果の概要

日本遺伝学普及会 令和4年度研究助成(海外渡航費)制度のご支援に感謝申し上げますと共に、本渡航について、得られた成果を以下に報告する。

本渡航における目的は、私が中心となって進めている研究課題について、進化学分野における最大級の学会ともいえる、Congress of European Society for Evolutionary Biology (ESEB) 2022で発表し、参加されている方々と議論するとともに、フィードバックを得て、課題を発展させることにあった。本渡航によって、この目的は達成できた。我々は、2011年の東日本大震災によって形成されたトゲウオ科魚類イトヨ生息地において、震災直後に海型のニホンイトヨと淡水型のイトヨの間で種間交雑が生じたこと、さらに引き続く10年以内に、雑種集団から一方の種のゲノムが排除された結果、もう一方の種が再出現している段階にあること、を見出した。集団遺伝学的解析の結果、一方の種のゲノムの排除は、遺伝的浮動によって生じうるパターンからは逸脱しており、偶然起こったことではないことが示唆された。我々は、この迅速な排除に関わる生態的・内因的要因を、集団遺伝学的解析や、独自に設計した実験システムによって追及したところ、津波によって形成された生態環境によってもたらされる選択圧、両種に存在する性的隔離や雑種不妊や生息地隔離が、この急速な排除に関与している可能性が見出された。本成果をまとめ、論文投稿のためのさらなる議論や、批判的なコメント、フィードバックを得る場として、今回、ESEB2022を選定した。査読を経て、ESEB2022内のシンポジウムS05 "A combinatorial view on rapid speciation - the role of ancient genetic variants and hybridisation"に発表受理された。本シンポジウムは、我々の成果を共有し、そして議論する場として最適な課題であった。発表は現地会場で行われ、8/14の発表時間や、学会期間中に成果を発表し、議論することができた。議論の結果、本分野の若手からシニアまでの参加者より、必要な解析や、提案、結果に対する新たな解釈について、建設的なコメントを得ることができた。加えて、聴衆の興味や驚きがどの点にあるのかを確認できたため、論文の売りとなる点を再確認できた。また、本シンポジウムに参加することで、ヨーロッパ圏における本分野の動向を知ることができ、自身の研究の方向性を考える上で、重要な場となった。以上から、当初の目的は達成できたと考えている。

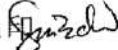
(様式2)

令和 4 年度研究助成 (海外渡航費) 研究成果報告書

令和 4 年 11 月 15 日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏名 Sharlyn Mae Buendia Chua 

出席学会等名称 American Society of Human Genetics 2022 Annual Meeting

開催場所 Los Angeles Convention Center

開催期間 令和 4 年 10 月 25 日 ~ 令和 4 年 10 月 29 日

渡航期間 令和 4 年 10 月 24 日 ~ 令和 4 年 10 月 31 日

研究成果の概要

Through the funding of 遺伝学普及会 研究助成, I was able to attend the American Society of Human Genetics 2022 Annual Meeting in Los Angeles. The conference was attended by many clinicians and researchers from all over the world with over 7,000 registrants. It was jam-packed with many different topics on human genetics, and it was a platform to showcase what is new in the genomics community.

I was fortunate that the meeting was face-to-face and that I could watch numerous plenary talks, discuss ideas and questions with other scientists, and present my very own poster. In my poster, I showed how a ciliary transcription factor could affect the regulation of ciliary genes and the prognosis of patients with glioma. There were certain talks and discussion which I find interesting in the way they approached their research. I learned their methods and I intend to try them on my study too.

This conference also gave me a chance to attend meetings with clinical geneticists. In research, we are often focused on one idea and how we can discover something from it. But, attending the said meeting gave me an overview of how the collection of knowledge in research impacts patients in real life. I also became aware of the logistics, security, political, and societal issues that hinders patient access to healthcare. This meeting bridges researchers, physicians, and officials on how to deal with these issues and improve medical management.

All this experience and learning is made possible with the 遺伝学普及会 研究助成 hence, I would like to give my appreciation.

Title

RFX transcription factors regulate genes involved with primary cilium in glioma

Abstract

The brain and spinal tumors derived from the neuron-supporting glial cells called glioma are classified as astrocytoma, oligodendroglioma, and the highest-grade glioblastoma. Glioblastoma cell lines and patient tumors have abnormal primary cilium or lack it entirely. The primary cilium is crucial for glioma proliferation and drug sensitivity as it houses the sensors for extracellular signals and regulates signaling pathways. We hypothesize a gene is causing the defect to the primary cilium, and identifying this gene may have the potential to restore ciliary function. To investigate, we used publicly available ATAC-sequencing, RNA-sequencing, and clinical data of glioma.

We found a ciliary transcription factor Regulatory factor X (RFX) Xbox motif enriched in the active chromatin regions of patients. We also found that *RFX1*, *RFX2*, and *RFX3* are differentially expressed in patients compared to normal brain samples. The abundance of the Xbox motif indicates that the irregularity of *RFX1-3* expression may affect numerous regulated genes, which our gene ontology analysis showed are essential for ciliogenesis. Furthermore, we show that *RFX1* expression can be a prognostic marker for low-grade glioma patients and can be used to determine high- and low-risk groups. This study provides target genes for manipulating primary cilium formation or length and opens the potential of ciliotherapy as a therapeutic strategy in glioma.

令和4年度研究助成(海外渡航費)研究成果報告書

2022 年 11 月 2 日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏名 西村 瑠佳



出席学会等名称 アメリカ人類遺伝学会(ASHG) Annual meeting 2022

開催場所 アメリカ合衆国

開催期間 2022 年 10 月 25 日 ~ 2022 年 10 月 29 日

渡航期間 2022 年 10 月 24 日 ~ 2022 年 10 月 31 日

研究成果の概要

私はアメリカ人類遺伝学会(ASHG)が開催する2022年度の年会に参加し、ポスター発表での研究報告と研究に関連した情報収集を行った。今回は新型コロナウイルス感染症によるパンデミック以後初めて対面形式での開催となり、ロサンゼルス国際会議に7000人程度の参加者が世界各国から集まった。人類遺伝学に関係する研究をおこなっている研究者やスポンサー企業の人々が一堂に会し、5日間に渡って47の招待講演や39の口頭発表、2543のポスター発表など多岐にわたるイベントが行われた。

筆者は古代人由来のDNAのゲノム解析から明らかになった古代のウイルスについてポスター発表で報告した。報告内容を以下に簡単に記す。これまで特に日本では古代人の体内に存在したと推定される古代ウイルスについてほとんど知られていなかった。そこで筆者は縄文人など日本列島に生存していた古代人の歯から抽出されたDNAを全ゲノムシーケンシングで配列解析を行い、そこに含まれる古代ウイルスの遺伝情報を明らかにした。相同性検索により、現代の既知のウイルスと類似の古代ウイルスを見つけただけでなく、相同性検索によらない方法も用いることによって、数百を超える古代ウイルスを網羅的に探索した。これまでの古代ウイルス研究は特定のヒトや植物の病原ウイルスに注目したものが多かったが、本研究によって古代ウイルス群集の一端が明らかとなった。また、得られた古代ウイルスゲノムの中でも完全長を復元することにも成功し、そのゲノムの構造や数千年にわたる進化過程を明らかにした。このように古代ウイルス探索を行うことはウイルス進化の解明にも役立つことが示唆された。

今回のポスター発表では古代DNAやヒトのウイルスに関連した研究を行う研究者をはじめ多くの研究者に来ていただき、様々な視点からのアドバイスを得ることができた。特に、古代DNA研究者からは、古代DNA研究で脅威となる現代のDNA配列のコンタミネーションへの対応策や解析手法などに関連する点について建設的な意見をいただいた。得られたアドバイスは今後の研究に反映する予定である。

学会全体として人類遺伝学会という学会の特性上、ヒトの疾患と関連したゲノム解析についての発表が多かったが、どの発表も非常にレベルが高く大変感銘を受けた。それらの発表を通じてゲノム関連解析や機械学習を取り入れた大規模データ解析など、最先端の研究や様々な解析手法などについて学ぶことができた。また、国内の学会だけでは知り得ないような英語圏での発表や議論の進め方などについても直に知ることができた。

新型コロナウイルス感染症拡大に伴いこれまで多くの学会がオンラインで開催されていたため、筆者にとって今回が初めての対面形式での国際学会参加となった。オンラインでは経験できないような密なコミュニケーションやディスカッションを通じ、大変有意義な時間を過ごすことができた。昨今の物価上昇と急激な円安の影響により、飛行機代やホテル代が高騰しているという状況下にて上記で述べたような貴重な経験を積むことは、遺伝学普及会による援助無しでは不可能であったと考えられる。この場を借りて感謝申し上げる。



## **PB2764 - Ancient virome analyses of ancient individuals who lived in the Japanese archipelago**

[View session detail](#)

**Author Block:** L. Nishimura^{1,2}, R. Sugimoto³, H. Kanzawa-Kiriyama⁴, K. Shinoda⁴, I. Inoue^{3,2}; ¹Natl. Inst. of Genetics, Mishima, Japan, ²The Graduate Univ. for Advanced Studies (SOKENDAI), Mishima, Japan, ³Natl. Inst. of Genetics, Mishima, Japan, ⁴Natl. Museum of Nature and Sci., Tsukuba, Japan

Ancient viral sequences have been discovered in historical samples such as bones, teeth, and mummified tissues. Various ancient human pathogenic viruses have been discovered since the RNA of ancient influenza viral was analyzed in 1997. Those ancient viruses help elucidate past pandemic events and long-term viral evolution. However, the number of discovered ancient viruses has been limited. Here, we analyzed whole genomic sequencing (WGS) data derived from ancient individuals who lived in the Japanese archipelago for more than thousands of years to discover ancient viruses. We conducted several bioinformatic analyses to detect the ancient viruses from WGS data: de novo assembly to obtain longer sequences, contigs and reads alignment to known viral reference sequences, metagenomic profiling, and non-homologous viral detection using CRISPR immunological memories of host bacteria. Firstly, we recovered an almost complete sequence of Siphovirus contig89 (CT89) by assembling and characterized its genomic features. Based on its genomic characteristic, we compared the ancient CT89 genomes and modern ones to comprehend the long-term evolution of the CT89 virus. The result indicated that the most recent common ancestor of CT89 was around 7,900 years ago. We also detected five ancient viral sequences that did not show homology with modern viral sequences. It might reflect highly diverged or extinct ancient viral genomes. Then, we characterized ancient viromes of each ancient individual based on the reads alignment results and metagenomic profiling. It revealed the differences between ancient and modern Japanese viromes, and it might reflect the different dietary behavior of ancient people. Overall, our results suggested that the ancient viral analyses might be useful for understanding the existence of viruses in the past and long-term viral evolution.

令和4年度研究助成(海外渡航費)研究成果報告書

2023年1月6日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏名 杉本竜太

出席学会等名称

開催場所 アメリカ合衆国 カリフォルニア州 ロサンジェルス

開催期間 2022年10月25日～2022年10月29日

渡航期間 2022年10月24日～2022年10月30日

研究成果の概要

2022年度アメリカ人類遺伝学会年会に参加し、CRISPR免疫記憶を利用したファージゲノム検出法の研究成果をポスター発表した。人類遺伝学及び微生物学の専門家と研究内容と結果についての詳細な議論を行った。議論を通して発表者はRNAウイルスの発掘や、新規ファージの同定法について新しい知見を得た。またアメリカ合衆国における人類遺伝学の最先端の研究発表を聴講し、多くの新規知見を得た。



(様式2)

令和4年度研究助成(海外渡航費)研究成果報告書

2023年 2月 24日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏名 飯田 史織 印

出席学会等名称 UK-Japan Genome Stability Meeting および Crick Institute, Cambridge University への訪問

開催場所 University of Sussex, Crick Institute, Cambridge University, イギリス

開催期間 2023年1月17日～ 2023年1月23日

渡航期間 2023年1月16日～ 2023年1月25日

研究成果の概要

今回の海外出張では、イギリス・Brightonにある University of Sussex にて開催された UK-Japan Genome Stability Meeting に参加し、発表した。この学会は、University of Sussex の Genome Damage and Stability Centre と遺伝研の Joint meeting であり、日本学術振興会の支援の下、2日間開催された。また、学会参加の前後で London にある Crick Institute の Frank Uhlmann 博士、Cambridge University の Rosana Colleparado-Guevara 教授を訪問した。今回の目的は、UK-Japan Genome Stability Meeting において昨年発表した論文 (Iida et al., Sci Adv, 2022) についての Short talk, Poster presentation をおこない、論文の内容を宣伝すること、参加者の方々と意見交換をすることであった。また、学位取得後のポスドク先候補として、Crick Institute や Cambridge University のいくつかの生命科学のラボを訪問した。まず、学会の様子から紹介したい(図1)。学会は比較的小規模であり、日本からは遺伝研、京都大、がん研、東京薬科大から11人が参加した。イギリス国内からは、University of Sussex, University of Manchester, University of Dundee, および University of Aberdeen から18人が参加した。そのほかに、主に University of Dundee の大学院生によるポスターセッションがあり、朝から晩まで激論が続いた。Genome Damage and Stability Centre は主に DNA repair を専門としている研究者で構成されており、Talk の



図1: (左上) 学会が行われた会場。(右下) University of Sussex の看板。



図2: Crick Institute の前で。左は筆者、右は指導教員の前島教授。

内容も DNA damage や repair, recombination に関連するものが多かった。特定の分野の研究者をまとめて雇用するのは、日本とは大きく異なるシステムだと感じた。私は Short talk と Poster presentation を両方おこなったため、多くの人と意見を交わすことができた。特に、私が示した、DNA damage によるクロマチンの動きの上昇について、どのようなメカニズムによって上昇が起きると考えられるか、専門家の視点からのアドバイスを多く得ることができた。次に、学会開催前に訪問した、Crick Institute (図 2) について紹介する。Crick Institute は London の中心の駅 St. Pancras International の目前に位置し、2016 年に建てられた新しい建物である。中は巨大なショッピングモールのようにあり、中央に吹き抜けが二つあった (図 3)。ラボ同士の交流がしやすいよう、ラボ間には垣根がなく、PI の部屋もすべてガラス張りで丸見えである。そこかしこに Discussion 用のソファや椅子が並んでいて、とてもオープンな雰囲気を感じた。最後に、Cambridge University について紹介する。Cambridge University では、学生も教員も Department (日本で言う学部学科)のほかに、College に所属を持つ。今回、R. Collepardo 教授に Trinity College での宿泊を手配してもらった。Trinity College は、かのアイザック・ニュートンがかつて在籍したという、歴史ある College である。建物は煉瓦造りで古めかしく、18 世紀の人間がいまにも飛び出してきそうである (図 4 上)。映画ハリーポッターで出てきそうな長机の食堂で朝食を食べた (図 4 下)。Crick Institute においても、Cambridge University においても、いくつかの生命科学のラボを訪問し、最先端の研究の話を知ることができ、学位取得後の進路を検討する上で有用な情報を得ることができた。また、自らの研究テーマについても、さまざまな人と議論を交わすことができた。直接ラボを見学し、PI やラボメンバーと直接話すことで、ラボの雰囲気や実験設備などを知る機会となった。Crick Institute、Cambridge University の大学院生たちはとても優秀で積極性が高く、私も研鑽を積む必要があると感じた。このような機会を与えてくださった遺伝学専攻の旅費支援制度、遺伝学普及会の海外渡航費助成制度に感謝申し上げる。

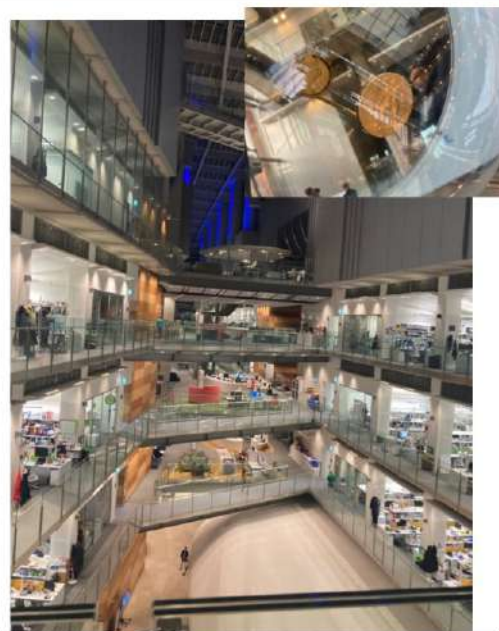


図 3: (右上) Francis Crick が受賞したノーベル賞のメダルが入口に飾ってあった。

(下) Crick Institute 内部の写真。左右にそれぞれのラボのデスクが見える。

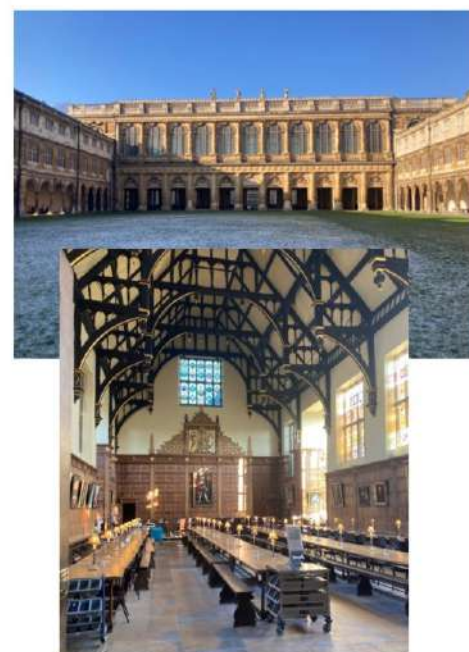


図 4: (上) Trinity College の中庭。広すぎて入り口を見つけるのに苦労した。遺伝研の倍近い広さらしい。

(下) Trinity College の朝食会場。

## **Single nucleosome imaging reveals steady-state motion of interphase chromatin in living human cells**

Shiori Iida

National Institute of Genetics & SOKENDAI

Dynamic chromatin behavior plays a critical role in various genome functions. However, it remains unclear how chromatin behavior changes during interphase, where the nucleus enlarges and genomic DNA doubles. While the previously reported chromatin movements varied during interphase when measured using a minute or longer time-scale, we unveil that local chromatin motion captured by single-nucleosome imaging/tracking on a second time-scale remained steady throughout G1, S and G2 phases in live human cells. This motion mode appeared to change beyond this time-scale. A defined genomic region also behaved similarly. Combined with Brownian dynamics modeling, our results suggest that this steady-state chromatin motion was mainly driven by thermal fluctuations. Steady-state motion temporarily increased following a DNA damage response (DDR). This rise in chromatin motion was transient and returned to the original level after the DDR diminished. We propose that the observed steady-state chromatin motion allows cells to conduct housekeeping functions, such as transcription and DNA replication, under similar environments during interphase, and that cells can transiently change the chromatin motion (DNA accessibility) to perform their ad hoc jobs like DNA repair.

(様式2)

令和4年度研究助成(参加費助成)研究成果報告書

2022年10月17日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

Dauyey Kaisar 氏名

印

出席学会等名称

開催場所 The Lancet Summit: Sex and gender in rheumatology

開催期間 2022年9月22日～2022年9月23日

研究成果の概要

The title of my poster presentation was “Polygenic prediction of rheumatic conditions using ancient DNA”. The conference was dedicated to recent discoveries in the field of rheumatology covering multidisciplinary approaches to complex diseases. Polygenic predictions form the basis of understanding genetic component of many rheumatic diseases. My presentation was among the few addressing such diseases as systemic lupus erythematosus (SLE), ankylosing spondylitis (AS) as well as Bechet’s disease.

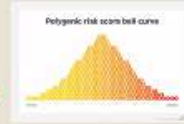
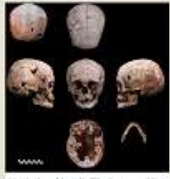
I used genetic markers of rheumatic and bone diseases obtained from large-scale meta-analysis of genome-wide association studies to infer polygenic risks. The DNA sequence used for analysis belonged to an Funadomari Jomon individual (discovered in Hokkaido, Japan) having extremely high-quality genome sequence available (estimated age about 3,700 years BP with read peak depth 48X) as well as reference open-source dataset of 1000 Genomes Project.

Funadomari Jomon SLE polygenic score fell 2.5 SD below population mean of 1000 Genomes Project, while AS polygenic risk score significantly above the mean suggesting low risk for developing SLE and high risk for AS. Archeological evidence confirmed that this ancient female individual was likely overweight and of short stature with some bone deformities. These results demonstrate that ancient DNA can be used for polygenic predictions and highlight the gender differences in developing rheumatic conditions in 3,700 years old individual. More detailed studies of Funadomari skeleton including high-resolution bone scanning as well as morphological examination are needed to confirm findings obtained from polygenic predictions.

I attached the certificate of my presentation to this report.

# Polygenic prediction of rheumatic conditions using ancient DNA

National Institute of Genetics, JAPAN  
Kaisar Dauyey MD



$$Score_{person} = SNP(1) * Effect(1) + \dots + SNP(n) * Effect(n)$$

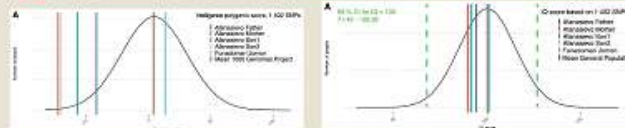
Studies used for PGS derivation:

Systemic lupus erythematosus (PMID 28714469)  
Zscore -2.485

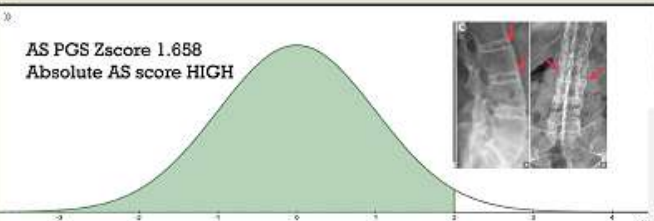
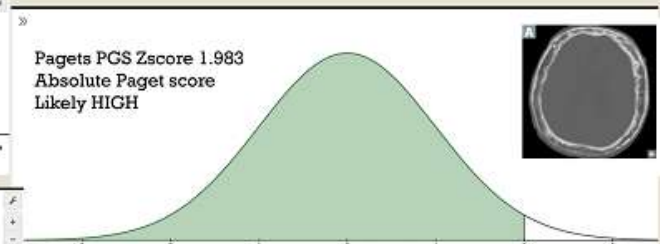
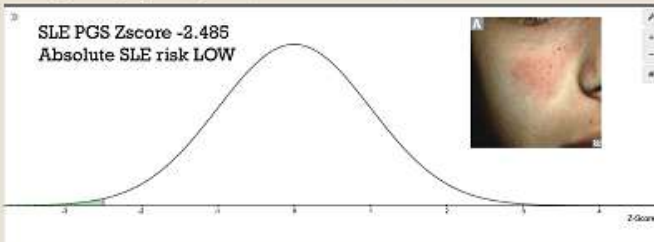
Paget's disease (PMID 21623375) Z-score 1.983

Ankylosing spondylitis (PMID 23749187) Z-score 1.658

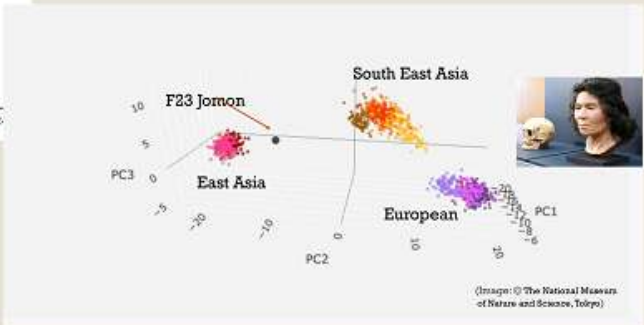
I utilized GWAS results to predict risks for developing rheumatic/bone conditions in an ancient human. Her scores were compared to same scores from 1000 Genomes subjects.



Dauyey & Saitou 2022

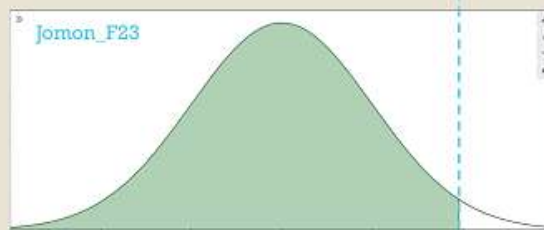
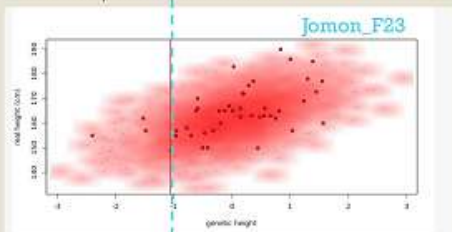


- Funadomari Jomon Female
- Excavated in Northern Japan
- Estimated age ~ 3 700 years BP
- SNPs extracted across 22 chromosomes
- Total SNPs 1447035
- Biallelic, whole genome based
- 90% genotype call rat
- Submitted to IMPUTE.ME
- Absolute Risks converted from PGS



Polygenic score for height - 5000 SNPs Chung et al. 2019  
(Z-score = -0.98) - short stature

Polygenic score for BMI - 751 SNPs Yengo et al. 2019  
(Z-score = 1.96) - overweight



Reference:

1. Dauyey K & Saitou N. 2022 Inferring intelligence of ancient people based on modern genomic studies. Journal of Human Genetics; <https://doi.org/10.1038/s10038-022-01039-8>
2. Kanzawa-Kiriyama, Hideaki, et al. "Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan." *Anthropological Science* (2019): 190415.
3. Pain, O., Gillett, A. C., Austin, J. C., Folkersen, L. and Lewis, C. M., 2022. A tool for translating polygenic scores onto the absolute scale using summary statistics. *European Journal of Human Genetics*, 30(3)
4. Folkersen, Lasse, et al. "Impuete.me: an open-source, non-profit tool for using data from direct-to-consumer genetic testing to calculate and interpret polygenic risk scores." *Frontiers in Genetics* 11 (2020).





身近にいるふしぎな生き物たち

# 進化する昆虫 進化しない昆虫

こうえきざいだんほうじんいでんがくふきゆうかい  
 公益財団法人遺伝学普及会 × 三島市 共催事業(生涯学習課・環境政策課)

## 夏休み子ども遺伝学講座

とき 令和4年7月29日(金) 9時30分~12時

ところ 三島市民生涯学習センター 3階 講義室

対象 市内に住む小学4年生から6年生

定員 30名(応募多数の場合は抽選)

講師 中島 一豪 先生(中央大学教育技術員)

内容 昆虫や標本を使った観察や学習

持ち物 ルーペ(持っている人)

申込 応募しめきり 令和4年7月14日(木) 必着

【申込用紙またははがき】

申込用紙またははがき(1人1枚)に①氏名②フリガナ③通学する小学校④学年⑤郵便番号⑥住所⑦電話番号、「夏休み子ども遺伝学講座」と記入し、生涯学習センター4階生涯学習課(〒411-0035 三島市大宮町1-8-38)へ

【電子申請】

市ホームページから電子申請可

めずらしい昆虫の標本も見られるよ!




問い合わせ先 三島市教育委員会 生涯学習課 ☎ 055-983-0881

別添資料 I-2 (講演・講習会等開催事業)

受講の様子



前半：「昆虫という生き物について」昆虫とは何者か、進化する昆虫、進化とは何か？をテーマに講義を行いました。標本（サンベリオオヤガ等）と生体（ヘラクレスレイディ、ヘラクレス・ヘラクレス、ユウレイヒレアシナナフシ、コノハムシ等）を実際に触れ、ルーペを用いて観察しました。

後半：「人の生活と昆虫の進化」人の生活の進化に追いついた昆虫、追いつけなかった昆虫について講義がされました。昆虫が消えないために何ができるのか？私たちの大きなテーマです。

後半も生体観察をしながら、講義のまとめとしてクイズも出され、大いに盛り上がりました。普段身近に見ることができない珍しい生体や標本に触れ合うことができ、子ども達は大喜びでした。

(公財) 遺伝学普及会・三島市連携事業

# 遺伝学講座・みしま

2023.1.28 (土)

要申込

入場  
無料

先着350名

13:30~16:00 (13:00開場)

## 【講演1】



### 魚のDNAから知る 5億年前の私たちの祖先

講師 工樂 樹洋  
国立遺伝学研究所  
分子生命史研究室 教授

## 【講演2】



### 海洋メタゲノムと駿河湾の スマートオーシャン化構想

講師 五條堀 孝  
MaOI機構研究所長、KAUST特別荣誉教授  
国立遺伝学研究所 名誉教授  
(公財)遺伝学普及会 共同代表理事

場所

三島市民文化会館 小ホール  
(三島市一番町20-5)

駐車場のご用意がありませんので公共交通機関をご利用ください。

## お申込・お問い合わせ先

三島市教育委員会生涯学習課  
住所 三島市大宮町1-8-38  
三島市民生涯学習センター4階  
電話 055-983-0881



直接生涯学習課または電子申請にて  
①氏名(フリガナ)②電話番号③メールアドレス  
を、1月24日(火)までにお申込ください。



別添資料 I-2 (講演・講習会等開催事業)

「遺伝学講座・みしま」報告写真 2023年1月28日(土)



市川副市長 豊岡市長挨拶代読



(公財) 遺伝学普及会 共同代表理事 小林武彦教授挨拶



工樂樹洋教授



五條堀孝名誉教授



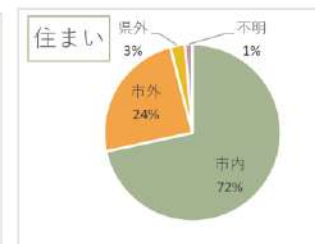
聴講者の様子

2023/1/28「遺伝学講座・みしま」アンケート結果

回収(74名) 回収率86%

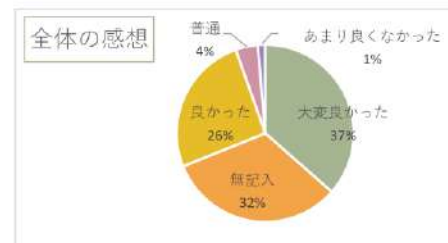
年代・住まい

年齢	10代以下	20代	30代	40代	50代	60代	70代以上	不明	計
市内			5	7	5	14	21	1	53
市外	1			3	3	4	7		18
県外					1		1		2
不明					1				1
計	1	0	5	10	10	18	29	1	74



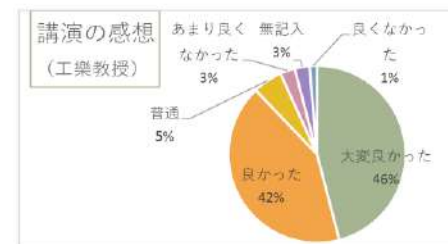
Q1.講演に参加された感想

	10代以下	20代	30代	40代	50代	60代	70代以上	不明	計
大変良かった	1		3	6	4	5	8		27
良かった			1	2	1	5	10		19
普通				1		1	1		3
あまり良くなかった							1		1
良くなかった									0
無記入			1	1	5	7	9	1	24
計	1	0	5	10	10	18	29	1	74



Q2(1) 「魚のDNAから知る5億年前の私たちの祖先」工樂教授 について

	10代以下	20代	30代	40代	50代	60代	70代以上	不明	計
大変良かった	1		3	5	7	8	10		34
良かった			2	4	3	9	12	1	31
普通				1			3		4
あまり良くなかった							2		2
良くなかった							1		1
無記入						1	1		2
計	1	0	5	10	10	18	29	1	74



【感想】 DNAから進化のナゾに迫ることができるということを知ることができ興味深かったです。  
 ゲノム解析から生物の系統樹へそして進化の流れまで推定できることがわかりました。今後の関心としては同じホルモン物質でも生物種の生息環境によって異なる反応を生物がするのか興味がありました。  
 5億年前の私たちの祖先が主要なホルモンに関する遺伝子を既に持っていたという事実が興味深かったです。  
 レプチンを含め、人間にとって主要なホルモンが、他の生物ではどんな役割を果たしているのか、今後の研究に期待です。  
 すぐわかりやすくご説明いただき、ちょっとだけ遺伝学の目的が理解できました。  
 化石研究者とDNA研究者は全く逆の方向から人類の祖先を探求しているとのことで、大変興味深い言葉に納得して感激しました。  
 この研究のゴールとかが、成果をどういったところに活かせるのか、についてもっと知りたいと思いました。

SCIENCE CAFE

# 寺 de サイエンス

【第1部】 静岡がんセンター  
～20年の歩みと未来に向けて～

総合司会：斎藤成也  
(遺伝学普及会理事、  
国立遺伝学研究所特任教授)



講演：山口建

(静岡がんセンター 総長)



【第2部】最新のがんゲノム医療が開く未来

山口建 × 小林武彦

(遺伝学普及会共同代表理事、  
東京大学教授)



× 五條堀孝

(遺伝学普及会共同代表理事、  
KAUST特別荣誉教授)



2022.11.24 (木) 18:30～20:30

場 所：君澤山 蓮馨寺 (三島市広小路町1-39)

定 員：500人 (Zoomライブ配信)、40人 (現地参加)

先着順。遺伝学普及会維持会員は優先します。

参加費：無料 (Zoom参加)、1000円 (現地参加)

Zoomライブ配信  
&  
現地

要申込 (〆切11月23日正午)

お申込・お問い合わせ先

公益財団法人遺伝学普及会

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111

TEL:055(981)6857

FAX:055(981)6877

mail:genetics@nig.ac.jp

お申込はフォームから⇒



主催：公益財団法人遺伝学普及会／後援：三島市、三島信用金庫、静岡新聞社・静岡放送

別添資料 I-2 (講演・講習会等開催事業)

記録写真 (2022/11/24)

会場 (蓮馨寺) 外観



受付



会場 (蓮馨寺) 挨拶



講演の様子



鼎談の様子



集合写真



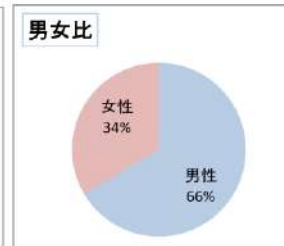
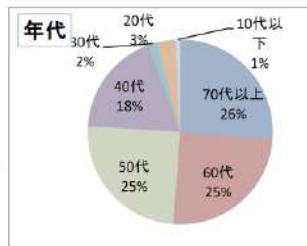
別添資料 I -2 (講演・講習会等開催事業)

第5回「寺deサイエンス」アンケート結果

Zoom参加申込総数:125名

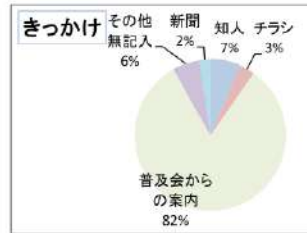
Q1年代

年齢	10代以下	20代	30代	40代	50代	60代	70代以上	計
男性	1	1	2	13	17	22	27	83
女性		3		10	14	9	6	42
計	1	4	2	23	31	31	33	125



Q2募集を知ったきっかけ

	10代以下	20代	30代	40代	50代	60代	70代以上	計
チラシ				3	3	2		8
HP等				1	1	2		4
メール案内	1	4	2	18	25	24	29	103
新聞・広報				1	1	2	3	7
友人・知人から					1	1	1	3
その他無記入						1		1
計	1	4	2	23	31	32	33	125



Zoom当日実際の参加者

人数	97人
平均接続時間	103分

講演の感想(回答率42%)

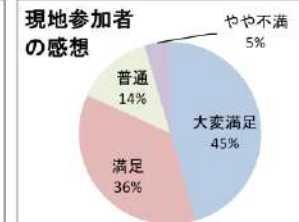
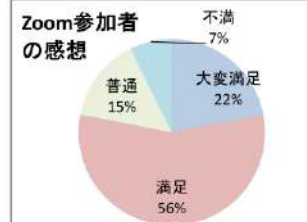
大変満足	満足	普通	やや不満	不満
9	23	6		3

現地当日の参加者

人数	40人
----	-----

講演の感想(回答率55%)

大変満足	満足	普通	やや不満	不満
10	8	3	1	



第5回「寺deサイエンス」アンケート結果

感想・意見

- (1) 静岡がんセンターが日本の3大がんセンターの1つだと理解しました。山口先生の魅力と志に触れることができ大変有意義でした。
- (2) 良いお話を伺え、前向きになれたような気がします。
- (3) 個人のゲノム解析のスピードアップを期待したい。
- (4) 講演は評価4であったが、ハイブリッドではやむを得ないかもしれないが、マイクの音声が少し聞こえにくかった。
- (5) がんは、Taylor Madeの薬で治療する時代になったのだと初めて知りました。一方で、どんなに医療や治療薬が進んでも人間110歳までが寿命なので、看取りの医療も大事なことを改めて痛感。
- (6) 聞き取りにくいところが多かった。誰が誰かわからなかった。
- (7) スライドで配信可能なものは配信してほしい。チャットで質問が幾つかあったが、一つしか取り上げられず、会場の質問が優先された。
- (8) 一般向けの講演内容ということで分かりやすく勉強になりました。生物分野の研究者として知っている内容が多かったため、より先端的な研究状況や将来の展望などについても興味あります。
- (9) 山口先生のお話、興味深くお聞きしました。お寺の雰囲気もよかったです。
- (10) 今回も興味深い内容でした！ありがとうございました。
- (11) がんの医療詳細は理解不足ですが対談内容が良かった。
- (12) 最新の技術の話もどう生きるかという哲学的な話も大変面白かったです。ありがとうございました。
- (13) 会場の様子が見えない。質問もできない。Zoomがうまく活用されていない。
- (14) 家族でzoomにて拝聴しました。貴重な講演、お話をありがとうございます。研究の最前線から、ざっくりぼんぼんほっこりする雑談まで、楽しく勉強させていただきました。
- 前半、山口先生の講演が若干聞きにくかったところが残念でした。(スピーカーの影響でしょうか)
- (15) 癌の遺伝子解析が創薬にどのように結びついていくのかもっと詳しく次回以降教えてください
- (16) とても興味深いく、拝聴させていただきました。人の興味・関心などから生まれた基礎研究「メンデルの遺伝の法則」、「DNA二重らせん構造」、「ヒトゲノム解読」などを基として、人々の実益(ニーズ:長く幸せに生きる、儲ける)に回や企業の研究視点がシフトしていくような背景があるなど感じました。また、がん原遺伝子の全容が分かりつつあるものの、すべてのがん原遺伝子(弱い因子)に対応できる標的薬等の開発にはまだ時間がかかりそう、ゲノム診断の目的はがん細胞の特徴を知って、その特徴のがん細胞によく効きそうな治療法を選択するツール使われていることも理解できました。ありがとうございました。
- (17) 寺deサイエンスを始めて受講させて頂きました。今後も機会があれば受講を継続したいと思います。今回は学習機会のご提供頂き有難うございました。
- (18) 地域に根ざした良い企画に思えます。
- (19) 静岡がんセンターが医療とあわせて人を看ているのが分かって感動的であった。宗教的視点も入っていた。
- (20) 会場で声が聞き取りにくい。マイクを使ってほしい
- (21) 毎年楽しみにしています。山口先生の「ありのままの幸せに気づかない」「最期に居場所と役割を作る」というお話がとても印象的でした。



## 別添資料 I-3 (遺伝学に関する知識の普及と向上をはかるための事業)

## サイエンスNOW 内容確認表 (2022年4月～)

2022年 9月現在

放送日	ご担当(敬称略)	トークテーマ	ミュージック
4/10	小林武彦	春の海、ナマコなどについて	田山雅充 / 春うらら
4/17	小林武彦	遺伝学の研究について	オフコース / 眠れぬ夜
4/24	小林武彦	深海魚発見	松崎しげる / 愛のメモリー
5/1	小出剛	家畜化や養殖が世界を救う	山下達郎 / 踊ろよフィッシュ
5/8	小出剛	マウスの遺伝子改変の歴史	緑黄色社会 / 始まりの歌
5/15	小出剛	ゲノム編集は何がすごい？	斉藤和義 / 遺伝
5/22	小出剛	野生系統でゲノム採集	スピッツ / 野生のポルカ
5/29	川本祥子	ゲストをお迎えして	なにわ男子 / 初心LOVE
6/5	川本祥子	ゲストをお迎えして	Ado / 踊
6/12	野々村賢一	ミャンマーの野生イネについて	スピッツ / 稲穂
6/19	野々村賢一	カンボジアの野生イネについて	米米CLUB / 愛を米て
6/26	斉藤成也	偶然が大切	大瀧詠一 / 君は天然色
7/3	斉藤成也	遺伝研の先生を紹介	大瀧詠一 / 恋するふたり
7/10	斉藤成也	組み換えについて	大瀧詠一 / A面で恋をして
7/17	斉藤成也	遺伝研の歴代の先生のご紹介	大瀧詠一 / カナリア諸島にて
7/24	小林武彦	蕪山高校3年生をお迎えして①	-
7/31	小林武彦	蕪山高校3年生をお迎えして②	-
8/7	小林武彦	女性の研究者について	サザンオールスターズ / 真夏の果実
8/14	小林武彦	変異について	松任谷由実 / 入り江の午後3時
8/21	小出剛	動物は遊ぶのか	YOASOBI / 夜に駆ける
8/28	小出剛	家畜は遊び好き	エイジアエンジニア / 犬のうた～ありがとう～
9/4	小出剛	動物の遊びとは何か	ウルフルズ / あそぼう
9/11	小出剛	ネズミも遊ぶ	ウルフルズ / ゾウはネズミ色
9/18	川本祥子	ゲストをお迎えして	Def Tech / My Way
9/25	川本祥子	ゲストをお迎えして	押尾コータロー / カノン

別添資料 I-3 (遺伝学に関する知識の普及と向上をはかるための事業)

サイエンスNOW 内容確認表 (2022年10月～)

2023年 3月現在

放送日	ご担当(敬称略)	トークテーマ	ミュージック
10/2	佐藤豊	学会について	葉加瀬太郎/another sky
10/9	佐藤豊	対面学会 VS オンライン学会	Naomi Scott/Speechless
10/16	斉藤成也	国立遺伝学研究所 井ノ上逸郎先生をお迎えしてpart1	レキシ/きらきら武士
10/23	斉藤成也	国立遺伝学研究所 井ノ上逸郎先生をお迎えしてpart2	吉田拓郎/流星
10/30	斉藤成也	国立遺伝学研究所 井ノ上逸郎先生をお迎えしてpart3	LOVE PHYCHEDELICO/Swingin'
11/6	斉藤成也	国立遺伝学研究所 井ノ上逸郎先生をお迎えしてpart4	椎名林檎/茜さす帰路照らされど
11/13	小林武彦	カーボンニュートラルについて	あいみょん/3636
11/20	小林武彦	気候変動などについて	布施明/シクラメンのかほり
11/27	小林武彦	細胞を作る研究会の話	さだまさし/HAPPY BIRTHDAY
12/4	小林武彦	富士山箱根伊豆国際学会分科会について	サザンオールスターズ/希望の轍
12/11	小出剛	家畜化は誰がしたの? Part.1	エイジアエンジニア/犬のうた～ありがとう～
12/18	小出剛	家畜化は誰がしたの? Part.2	スピッツ/猫になりたい
12/25	小出剛	家畜化は誰がしたの? Part.3	スピッツ/シロクマ
1/1	小出剛	家畜化は誰がしたの? Part.4	馬場俊英/オオカミの歌
1/8	川本祥子	ゲストをお迎えして	ナオト・インティライミ/The World Is Ours!
1/15	川本祥子	ゲストをお迎えして	AI/ハピネス
1/22	野々村賢一	食料価格高騰について	中島みゆき/麦の唄
1/29	野々村賢一	食料価格高騰 Part.2	さだまさし/ひと粒の麦～Moment～
2/5	斉藤成也	ノーベル賞について	スチャダラパー/ノーベルやんちゃde賞
2/12	斉藤成也	ヤポネシアの成果について	Mega Shinnosuke/JAPAN
2/19	斉藤成也	刊行予定の本について	レキシ/狩りから稲作へ
2/26	斉藤成也	季刊誌ヤポネシアの紹介	打首獄門同好会/島国DNA
3/5	小林武彦	読売新聞の空想書店2月担当は小林先生	竹内まりや/元気を出して
3/12	小林武彦	4年ぶりに開催	大瀧詠一/君は天然色
3/19	小林武彦	目で識別 匂いで識別	山下達郎/RIDE ON TIME
3/26	小林武彦	片利共生と相利共生	松田聖子/赤いスイートピー

別添資料 I-4 (その他前条の目的を達成するために必要な事業) 桜関係

桜樹木維持管理及び接木事業

2022年度遺伝学普及会桜管理関連業務実施内容報告書

業務	内訳	内容	
桜樹管理および 生育環境整備等	○巡回業務	所内(外)通路の樹木・雑草の通行障害の調査、対応検討	
		周辺雑草・雑木の桜樹生育障害有無程度観察、対応検討	
		桜樹健全性(葉色、病虫害等)の観察診断、対応検討	
		桜樹幼木の生育観察	
	○桜樹生育環境整備および 桜樹整姿剪定	桜樹周辺雑草除去整備、周辺他樹種の生育抑制剪定除伐	
		成木桜樹の枯損枝処理・折損枝の切除、風害倒木処理	
		成木桜樹の整姿剪定(胴ぶき、ヒコバエ、下枝の除去等)	
		桜樹幼木の整姿剪定、生育誘導支柱の設置・調整	
	○施設関連樹木環境整備業務	所外周垣根の剪定(桜樹生育障害樹木の除去)	
		通行障害木の処理、境界越境樹木抑制剪定	
保存品種維持修復 業務	○生育栽培ライン数の維持 2樹以上/栽培ライン	本館北側樹木剪定業務(処理設計・指導監督)	
		防火用水池周囲等の雑草・雑木除去等整備業務(処理設計・指導監督)	
	○消滅栽培ラインの復活	消失可能栽培ラインの確認・決定および特別養生処置	
		1樹/栽培ラインの後継木補充候補選定	
	○補充品種の調達	枯損消滅品種のヒコバエの活用、開花時品種検定	
		所外からの再導入(遺伝研からの譲与の保証のある個体「品種」)	
	○帰還苗の受け入れ・植栽	所内補充候補栽培ラインの接木依頼	
		所外品種譲与依頼	
	管理資料作成保存 業務	○桜樹木管理資料作成	帰還苗の荷受け・内容確認・仮植・識別附番等
			植栽位置(場所)の確保・選定、植栽準備(除草・地拵え等整備)
帰還苗植栽(個体識別杭の設置)、調整移植			
「遺伝研のさくら」のデータベース化資料(生育成木一覧表)			
桜樹生育記録表(樹木No.順、帰還苗植栽記入)			
○桜樹木管理資料の保管		桜樹生育地点所内分布図	
		桜樹生育記録表(名称順、栽培ライン別)	
		帰還・導入苗戸籍簿表 (個体識別杭No.、帰還年度、植栽年度、植栽位置表記)	
		年度末(毎年3月31日付け)の内容確認	
		遺伝学普及会内保管確認	
その他の桜に関する 業務	○開花調査	資料の利用・活用の事務局管理確認	
		巡回桜樹個体別観察、開花日の決定、記録	
		開花調査記録表(年度別開花月日)作成	
	○桜樹個体識別 ・説明掲示資材の管理	後継樹品種確認(開花時品種検定)	
		桜樹掲示板および桜樹木No.カートの設置状態の確認・調整	
		桜樹幼木個体識別杭の設置状況の確認・調整	
	○桜鑑賞資源活用業務	掲示板の有無・破損状況の調査、要補充掲示板のリストアップ・補修・作成補充	
		所内開花情報リリース	
	○桜苗の譲与等	所内桜鑑賞巡回通路の整備	
		品種保存協働提携3機関への譲与	
地方自治体等からの分与要請対応			
○展示植栽2樹の特別管理	研究材料等提供・移動の許可申請、同意書の作成・相互保管		
	半兵衛白紅桜の展示植栽除草等整備状況		
○「遺伝研のさくら」 第6版作成	クマガクらの展示植栽除草等整備状況		
	編者、印刷会社等の意思連絡の中核機能		
	全桜樹生育調査および生育地点の地図等提出		
	後継木の種確定調査援助		
	栽培ライン別開花写真の提出サポート		

令和4年度帰還苗受け入れリスト(日本花の会依頼分)

母樹	名称	出来高
正門展示	クマノザクラ424	2
070	天城吉野	1
072	汐風桜	1
086	河津桜	1
123	キンキマメザクラ	1
132	関山	1
200	兼六園NOⅡ	1
218	兼六園四季桜	2
218の西1m	冬桜422	1
229の南西7m	美しい山桜1371	1
306南10m	東京桜144	1
苗畑	八柱の狩衣1506	1
183	牡丹桜	1
257	白山桜	1
221	筑紫桜	1
根尾の薄墨桜(農場白井)	エドヒガン	2

種類	16
本数	19

帰還・導入苗 新植杭No. (R5.3.30)

