



The 4th annual meeting of the eDNA Society
環境DNA学会第4回大会

2021 November 20・21 (Sat) (Sun) [JST: UTC+9]  ONLINE Hokkaido University Sapporo Campus

生物分布、
そしてその先へ
Species Distributions, and Beyond

プログラム集
Program



● 11月20日 (土) 1日目

- 9:00 - 9:10 開会挨拶 (Zoom, 使用言語: 日本語・英語)
- 9:10 - 10:10 基調講演 (Zoom, 使用言語: 英語)
Toward eDNA analysis as a globally accepted approach for fish management and conservation: what works and what to improve
Prof. Louis Bernatchez (Université Laval, Canada)
- 10:20 - 11:20 ライトニングトーク A (PP001-042, Zoom, 使用言語: 日本語・英語)
- 11:30 - 13:30 ポスター発表コアタイム A (PP001-042, コアサイト & oVice, 使用言語: 日本語・英語)
- 13:30 - 14:30 ライトニングトーク B (SP001-012 & PP043-074, Zoom, 使用言語: 日本語・英語)
- 14:40 - 16:40 ポスター発表コアタイム B (SP001-012 & PP043-074, コアサイト & oVice, 使用言語: 日本語・英語)
- 18:00 - 19:20 **夜のトークセッション I** (Zoom webinar, 使用言語: 英語)
"The Science of Monster Hunting" Neil Gemmell (University of Otago, New Zealand)
- 19:30 - 20:50 **夜のトークセッション II** (Zoom webinar, 使用言語: 英語)
"Connecting the dots in the web of life with eDNA and Networks" Jordana Meyer (Stanford University, U.S.A)
- 21:00 - 22:30 **夜のトークセッション III** (Zoom meeting, 使用言語: 日本語)
" みんなで語ろう! 環境 DNA の展望とキャリアパス "

● 11月21日 (日) 2日目

- 9:30 - 11:00 自由集会 (I-III, Zoom, 使用言語: 日本語・英語)
I メタ解析・データシミュレーションのススメ
企画者: 徐 寿明 (龍谷大学)
- II 多様な分類群における環境 DNA 分析の現状と展望**
企画者: 坂田 雅之 (神戸大学)
- III 環境 DNA 技術の社会実装: 効果的な生物多様性モニタリングに向けて**
企画者: 土居 秀幸 (兵庫県立大学), 荒木 仁志 (北海道大学), 内井 喜美子 (大阪大谷大学), 山中 裕樹 (龍谷大学)
- 11:05 - 11:45 企業活動紹介 (イルミナ株式会社・株式会社ゴーフォトン, Zoom, 使用言語: 日本語)
- 13:00 - 15:30 一般公開シンポジウム (札幌・南三陸・福岡会場 & Zoom, 使用言語: 日本語)
環境 DNA 市民科学 - 参加型調査で地域の生態系を見つめる
- 15:45 - 16:45 技術セミナー (学会員限定企画、Zoom, 使用言語: 日本語・英語)
「環境 DNA メタバーコーディング解析 Q & A」
- 16:45 - 17:15 ポスター賞授賞式・閉会式 (oVice, 使用言語: 日本語・英語)

Meeting schedule (UTC+9)

●Day-1 November 20th (Sat)

- 9:00 - 9:10 Opening remarks (Zoom, Jp/En)
- 9:10 - 10:10 Plenary Talk session (Zoom, En):
"Toward eDNA analysis as a globally accepted approach for fish management and conservation: what works and what to improve"
Prof. Louis Bernatchez (Université Laval, Canada)
- 10:20 - 11:20 Lightning Talks-A(PP001-042, Zoom, Jp/En)
- 11:30 - 13:30 Poster session-A(PP001-042, Meeting Core Site & oVice, Jp/En)
- 13:30 - 14:30 Lightning Talks-B(SP001-012 & PP043-074, Zoom, Jp/En)
- 14:40 - 16:40 Poster session-B(SP001-012 & PP043-074, Meeting Core Site & oVice, Jp/En)
- 18:00 - 19:20 **Night talk session - I** (Zoom webinar, En)
"The Science of Monster Hunting"
Prof. Neil Gemmell (University of Otago, New Zealand)
- 19:30 - 20:50 **Night talk session - II** (Zoom webinar, En)
"Connecting the dots in the web of life with eDNA and Networks"
Jordana Meyer, Ph.D. (Stanford University, U.S.A.)
- 21:00 - 22:30 **Night talk session - III** (Zoom meeting, Jp)
" みんなで語ろう！環境 DNA の展望とキャリアパス "

●Day-2 November 21st (Sun)

- 9:30 - 11:00 Self-organized symposia (I-III, Zoom, Jp/En)
I Encouraging meta-analysis and data simulation for eDNA analysis
Organizer: Toshiaki Jo (Faculty of Advanced Science and Technology, Ryukoku University)
II Current status and prospects of environmental DNA analysis in various taxonomic groups
Organizer: Masayuki K. Sakata (Graduate School of Human Development and Environment, Kobe University)
III Social implementation of eDNA: toward efficient biodiversity monitoring
Organizer: Hideyuki Doi (University of Hyogo),
Hitoshi Araki (Hokkaido University), Kimiko Uchii (Osaka Ohtani University),
Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)
- 11:05 - 11:45 Company presentations (by Illumina, Inc. & Go!Foton Inc., Zoom, Jp)
- 13:00 - 15:30 Public symposium (Local events [Sapporo / Minami-Sanriku / Fukuoka & Zoom], Jp)
"Environmental DNA Citizen Sciences –Keeping our Eyes on Our Local Ecosystems"
- 15:45 - 16:45 Technical seminar (Zoom, Jp/En, Society members only)
"Environmental DNA Metabarcoding Analysis in Practice (Q&A)"
Lecturer: Masayuki Ushio, Ph.D. (Kyoto University)
- 16:45 - 17:15 Poster award ceremony & Closing remarks (oVice, Jp/En)

本大会について

環境媒体に含まれる周辺生物のDNAを扱う環境DNA学は現在、基礎研究としての学問分野から実学としての社会実装に至るまで、急速な発展を遂げつつあります。第4回となる本大会では「生物分布、そしてその先へ」をメインテーマに、生物分布や生物相の推定技術としての最新の事例はもとより、その先に見えてきた様々な課題や応用可能性について、広く情報共有と議論の場となることを目指し開催されます。

新型コロナウイルスの世界的パンデミックを受け、今回は前回に引き続きオンライン主体での大会開催となります。札幌大会を目指して準備をしていた実行委員会としては多くの参加者に札幌にお越しいただけないのは誠に残念ではありますが、裏を返せば海外からの参加者を含め、例年にも増す盛会が期待されます。本大会は国内外の研究者のみならず、高校生や大学生、大学院生や一般市民も参加できるプログラム構成となっており、2021年11月20日、21日の2日間にわたり国際招待講演、企画シンポジウム、ポスター発表や夜のトークセッションなど、多様な企画を予定しております。大会実行委員会一同、科学・行政・産業・教育をはじめとする様々な立場から環境DNA学の基礎学問としての面白さや奥深さ、応用分野としての発展性を議論していただく場となることを期待してやみません。

大会実行委員長 荒木 仁志

Broadening the eDNA networks worldwide

The environmental DNA (eDNA) technologies have been developing very rapidly. Now, eDNA applications include not only ones for species distributions in the wild, but also their spatio-temporal variations, environment-dependencies, species interactions etc. Here, we set this annual meetings' main theme as "Species distributions, and beyond" in order to further improve the network of eDNA researchers and technologies for multiple purposes.

Although it is unfortunate that the pandemic of COVID-19 prevents us from inviting you directly to Sapporo, Japan, we will organize the two-day online meeting to create and maintain our connections in interactive manners. We hope you enjoy it and learn a lot through the programs. Enjoy!

The chair of the meeting committee of eDNA2021

Hitoshi Araki, Ph.D., Prof.

ー オンライン開催に関わる諸注意 ー

- 本大会は原則オンラインでの開催となります。シンポジウム等はウェビナー形式でライブ配信されるほか、ポスターセッションは専用ウェブサイトでの掲示・テキストメッセージによる討議が中心となります。方法の詳細や参加マニュアルは確定次第、大会サイト内にてご案内いたします。
- オンライン大会参加に要するパソコンやインターネット設備は各自でご用意ください。
- 本大会での発表は著作権法上の「公衆送信」（自動公衆送信による再送信）に相当すると考えられます。発表資料に含まれるコンテンツは、著作権上の問題がないようご注意ください。
- オンラインでの発表や参加に関してトラブルが生じても、当学会はその解消の責任を負いかねます。ご自身で解決くださいますようお願いいたします。

ー オンライン参加の手引き ー

利用ツールやその使用方法などは変更の可能性がありますことをあらかじめご容赦ください。

A. 必要機材・ツール等

必要機材：インターネット接続環境、ビデオ視聴ができるコンピュータ端末

必要ツール等：インターネットブラウザ（oVice は Chrome ブラウザ推奨）、zoom（最新版要インストール）

* 大会公式プログラムは主に zoom を使用して行われますが、その他通信ツールへのリンク先については個人の裁量の範囲でダウンロード・使用してください。参加者が独自に設定するリンク先への接続に関しては、学会・大会運営は一切責任を負いません。

B. ウェブ大会概要

1. 重要な利用予定ツール一覧

大会コアサイト：大会メイン会場となるウェブサイト。登録Eメールアドレスごとに設定されたパスワードによって入場できます。（URL は後日連絡）

zoom（ズーム）：テレビ会議と同様に、映像と音声を使ったコミュニケーションを可能にするウェブ会議ツール。本大会では基調講演やシンポジウム、夜のトークセッション等の口頭発表・対談企画で使用します。大会コアサイトで提供される URL へのリンクをクリックすることで入室できます。

oVice（オヴィス）：ヴァーチャル空間で近くの参加者とのローカルコミュニケーションを可能にするオンラインツール。本大会では1階談話室をポスター発表コアタイム時の訪問者との会話で使用するほか、2日目のポスター賞授与式・閉会式会場（2階）としても使用します。1、2階とも大会期間中は常時入室できます。（Chrome ブラウザ推奨。アプリダウンロードは必要ありません。）

2. 大会メイン会場となる大会コアサイトでは、大会に関わる重要な告知や案内、ポスターセッションが行われるほか、オンライン会場（zoom、oVice 等）へのリンクが提供されます。

3. 口頭発表（基調講演、シンポジウム、技術セミナー、夜のトークセッション等）は zoom を利用したライブ配信によって行います。

4. ポスターセッションは、「大会コアサイト」のバーチャルポスター会場（フォーラム）で行います。発表者は、ポスター（JPEG・PNG ファイル）を掲示したり、必要に応じて動画共有サイト等へのリンクを表示したりできます。質疑応答はテキストベースで常時行えるほか、oVice 談話室への質問者の誘導や、ポスター演者が個別に設定した zoom 等を利用したオンラインセッション（任意）へのリンクも表示できます。

5. 企業展示は、大会二日目（11/21）に zoom 配信されるほか、「大会コアサイト」のバーチャルポスター会場を通じて参加者と交流できます。

C. 事前作業

1. ポスターおよび企業展示資料の登録

- ポスター発表や企業展示の代表者は大会コアサイトに掲載されている案内に従って、指定されたサイトに資料をアップロードしてください。
- ポスターについては日本語・英語併記を推奨します。

2. 参加環境の準備

- 大会で利用するコンピュータには、事前に zoom の最新版をインストールしておくスムーズに進められます。
- 大会参加者には事前に大会コアサイトへの登録通知メールが送付されます。その案内に従ってパスワードの設定と Profile 用写真の準備をしてください。

D. 当日の参加方法

1. 大会コアサイトへの入場

- 大会コアサイトに入場するには、アカウント名と設定したパスワードの入力が必要です。
- 企業展示のみを申し込んだ参加者は企業展示以外のサイトの閲覧ができませんのでご注意ください。

2. 口頭発表（基調講演、シンポジウム等）

- 口頭発表は zoom を利用して実施されます。会場へのリンクは大会コアサイトにてアナウンスされます。
- 発表者はセッション開始の 15 分前には指定された会場（zoom）に入室してください。事前準備とテストを行います。
- 口頭発表は可能な範囲で日本語・英語のバイリンガル対応を推奨しています。

3. ポスターセッション

- ポスターセッションは「大会コアサイト」を利用して実施されます。
- ポスターは、大会コアサイトに用意された専用のフォーラムにおいて掲示されます。フォーラムではテキストベースでの討議が行えるほか、発表者が任意に時間設定したウェブ会議情報（zoom の URL 等）を掲載することも出来ます。
- 発表者は必要に応じて、oVice 談話室への誘導（日時・Meeting room 指定）や外部へのリンク（youtube や vimeo 等の動画共有サイトに保存した動画へのリンク等）を提供することもできます。

4. 技術セミナー「環境 DNA メタバーコーディング解析 Q & A」

- 技術セミナーは学会員・大会参加者に限り事前登録制となっております。申込受付は締め切りました。
- 技術セミナーは zoom にて提供されます。会場へのリンクは大会コアサイトにてアナウンスされます。

5. 夜のトークセッション

- 夜のトークセッションは zoom にて提供されます。会場へのリンクは大会コアサイトにてアナウンスされます。

E. 会期後の交流サポート

大会後もしばらくの間（11 月中を想定）、大会コアサイトをオープンしておく予定です。希望者は、ポスター掲示・資料提供やフォーラム機能を利用した討議・質疑応答が可能ですのでご活用ください。

Notes

- The meeting will be held online. Symposia will be streamed live via webinar, and poster sessions will be posted on the website and discussed online. Detailed instructions and the participation manual will be posted on the website after finalizing the program.
- Please prepare your own computer and internet facilities to participate in the online meeting.
- Presentations at the meeting are considered to be "public transmission" (retransmission through automatic public transmission) under the Copyright Act. Please take care to ensure that the contents of your presentation materials do not pose any copyright problems.
- The society and meeting committee will NOT be responsible for resolving any problems that may arise in connection with online presentations or participation. Please try to resolve these issues on your own.

A. Equipment and tools

- A computer with video output and internet connection required.
- Internet browser (Chrome is recommended for oVice) and Zoom (installation of the newest version) will be required.

B. Overview

1.Tools to be used:

Meeting Core Site: The main website. You can enter the site by using the password that is set for each registered e-mail address. (URL will be provided at a later date).

Zoom: an online meeting tool that allows for video and audio communication, similar to video conferencing. It will be used for Plenary Talk session, Symposia, Technical seminar and other oral sessions. You can enter the room by clicking on the link to the URL provided on the Core Site.

oVice: oVice is a virtual space in which the meeting attendees can log-in anytime during the meeting. You can use it anytime in the meeting. For example, you may want to use a Meeting Room in the conversation lounge (1F) for a closed discussion on your poster presentation. The conference hall (2F) will be used for Poster award ceremony and Closing remarks on Day-2.

2.Meeting Core Site, the main venue of the meeting, will give you important announcements and information, support poster sessions and exhibitions, as well as gives links to the oral presentation (**Zoom**).

3.Oral sessions (Plenary Talk, Symposia, Technical seminar, etc.) will be streamed live via **zoom**.

4.The poster session will be held in the virtual poster room (forum) of the **Core Site**. Presenters display their posters (JPEG or PNG files) and, if needed, links to video sharing sites and other resources. Participants can have text-based discussion at all times.

5.Core Site will be available for **exhibitions**. You can post posters, videos and other materials and to communicate with participants via text-based communication at the **Core Site (at your own risks)**.

C. Preparations

1. Registration of posters and corporate exhibit materials

- Representatives of poster presentations and corporate exhibits should upload their materials to the designated site. The procedures for uploading will be communicated in due course.
- For poster presentations, English version of your poster title and abstract is required. Japanese speakers are encouraged to present both in Japanese and English in the posters.

2. Other preparations

- It is recommended that you install the newest version of **Zoom** in advance on the computer to be used at the meeting.
- You will receive a welcome E-mail before the meeting. According to this E-mail, please configure password for logging in the meeting core site, and prepare your profile photo.

D. How to participate

1. Entry to the Core Site

- To enter the Core Site, please enter the user name and password.
- Please note that participants who have applied for the exhibition only will not be able to access the other sessions.

2. Oral Presentations (Plenary Talk Session, Symposia, etc.)

- The oral presentations will be conducted using **Zoom**. A link to the venue will be announced on the **Core Site**.
- Presenters are required to enter the designated room (zoom) 15 minutes before the session starts.
- Bilingual (English and Japanese) talks are encouraged. You can make on-demand movies in other languages available on the **Core Site**.

3. Poster Session

- The poster session will be conducted using the **Core Site**.
- Posters will be posted on the dedicated forum at the Core Site. Presenters may post their own Zoom URL if time for online discussion with audience is set by presenters' own choice.
- Presenters may also provide links to external sites (e.g., youtube, vimeo and other video sharing sites) as needed. The forum allows for text-based discussions.

4. Technical Seminar "Environmental DNA Metabarcoding Analysis in Practice" (Society members only)

- You have to pre-register (already closed) to join TS.
- TS will be offered on **Zoom**. A link to the venue will be announced on the **Core Site**.

5. Night Talk Sessions

- Night talk sessions will be offered on zoom. A link to the venue will be announced on the **Core Site**.

E. Post-conference exchange support

We plan to keep the **Core Site** open for a while after the conference (up to the end of November 2021). If you wish, you can keep your posters and other materials posted and use the forum function to discuss with participants.

11月20日(土) 9:10-10:10 / November 20th (Sat) 9:10 - 10:10

Toward eDNA analysis as a globally accepted approach for fish management and conservation: what works and what to improve

Louis Bernatchez, Ph.D., Prof. (Université Laval, Canada)

The emergence of environmental DNA (eDNA)-based methods for species detection and identification have revolutionised our ability to assess and monitor fish biodiversity in both freshwater and marine ecosystems. Despite the constantly expanding enthusiasm and interest for the various applications of eDNA analyses, there are still concerns and issues that need to be addressed to get the best benefits from applying these methods and have them accepted globally as part of the toolbox toward improving fish management and conservation. In this presentation, I will highlight several success fish stories demonstrating the power of eDNA analyses in complementing and sometimes replacing conventional approaches not only for detecting the occurrence of species, but also to extract quantitative information as well as providing crucial information on the spatio-temporal dynamics of fish communities, both in freshwater and marine environments. Then, I will present a summary of what eDNA experts around the world consider as the most pressing issues to be addressed toward improving the various applications of eDNA analyses, particularly regarding the need for globally accepted standardised protocols, issues pertaining to the use of different “markers”, which among other things hampers the development of concerted international effort toward building common and standardised reference database as well as common data repository. Toward this goal, I will argue that eDNA practitioners would benefit in seeking inspiration from the international Barcode of Life initiative (iBOL).



【演者紹介】

Louis Bernatchez 氏はカナダ・ラヴァル大学生物学科の教授で、ゲノミクス・保全生物学・魚類進化学を専門とされています。450 を超える論文を発表しつつ、同大・統合生物・体系学研究所所長や学術論文誌「Environmental DNA」「Evolutionary Applications」の設立・運営者として長年にわたり幅広い研究活動をリードしておられます。

共催：日本学術振興会研究拠点形成事業（JPJSCCB20200007）

ポスター発表 / Poster presentation

(# ポスター賞対象 / # indicates the poster nominated for the Poster Award)
(* 主発表者 / * indicates the main presenter)

〈一般 / General〉

PP001# 両生類を対象とした環境 DNA メタバーコーディング検出系の開発と評価

Development and evaluation of PCR primers for environmental DNA metabarcoding of Amphibia

* 坂田 雅之、河田 萌音 (神戸大・院・発達)、倉林 敦 (長浜バイオ大、広島大)、栗田 隆気 (千葉中央博)、中村 匡聡、白子 智康 (いであ株式会社)、掛橋 竜祐 (長浜バイオ大)、西川 完途 (京都大・院・地環)、モハマド=ヤジッド=ホスマン (サラワク森林局)、西島 太加志、樺元 淳一 (農林水産省)、宮 正樹 (千葉中央博)、源 利文 (神戸大・院・発達)

* Masayuki K. SAKATA, Mone U. KAWATA (Kobe Univ.), Atsushi KURABAYASHI (Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, Hiroshima Univ.), Takaki KURITA (Natural History Museum and Institute Chiba), Masatoshi NAKAMURA, Tomoyasu SHIRAKO (IDEA Consultants Inc.), Ryosuke KAKEHASHI (Nagahama Institute of Bio-Science and Technology), Kanto NISHIKAWA (Kyoto Univ.), Mohamad Yazid Hossman (Forest Department Sarawak), Takashi NISHIJIMA, Junichi KABAMOTO (Ministry of Agriculture Forestry and Fisheries), Masaki MIYA (Natural History Museum and Institute Chiba), Toshifumi MINAMOTO (Kobe Univ.)

PP002# 宮崎県延岡市沖合海域における魚類を対象とした海水及び底質の環境 DNA 分析

Fish eDNA analysis of seawater and sediment at offshore Nobeoka City, Miyazaki Prefecture

* 立松 俊和、片山 悦治郎、小濱 智之、真木 伸隆 (パシフィックコンサルタンツ株式会社)、神柱 武志、鳥集 一郎 (宮崎県)、源 利文 (神戸大学)

* Toshikazu TATEMATSU, Etsujiro KATAYAMA, Tomoyuki KOHAMA, Nobutaka MAKI (Pacific Consultants Co.LTD.), Takeshi KANBASHIRA, Ichiro TORIDAMARI (Miyazaki Prefecture), Toshifumi MINAMOTO (Kobe Univ.)

PP003# 産卵期に特有な環境 DNA 濃度と粒径サイズ分布の時間的変化

Temporal changes in concentration and particle size distribution of eDNA specific to the spawning season

* 芝田 直樹 ((株)環境総合リサーチ)、辻 冴月 (京大院・理)

* Naoki SHIBATA (ER&S.), Satsuki TSUJI (Grad. Sch. Sci. Kyoto Univ.)

PP004# アオコの発生した湖における環境 DNA メタバーコーディングの試み

Attempt of fish eDNA metabarcoding in a lake with algal blooms

* 郭 倩倩、坂田 雅之 (神戸大・院・発達)、吳 德意 (交通大・理工)、山中 裕樹 (龍谷大・先端理工)、源 利文 (神戸大・院・発達)

* Qianqian WU, Masayuki K. SAKATA (Kobe Univ.), Deyi Wu (Jiao Tong Univ.), Hiroki YAMANAKA (Ryukoku Univ.), Toshifumi MINAMOTO (Kobe Univ.)

PP005# 無酸素水中での環境 DNA の分解：亜硫酸ナトリウム添加による実験から

Degradation of environmental DNA in anoxic freshwater

* 齊藤 達也 (兵庫県立大院・シミュ)、土居 秀幸 (兵庫県立大院・情報科学)

* Tatsuya SAITO (Grad. Sch. Sim Stu. Univ. Hyogo.), Hideyuki DOI (Grad. Sch. Inf Sci. Univ. Hyogo.)

PP006# 魚類の環境 RNA による誤検出の極めて少ない河川生態調査の実現

Fish environmental RNA enables precise ecological surveys in rivers with negligible false positives

* 宮田 楓、本田 大士、井上 泰彰、天野 雄斗、西岡 亨、山根 雅之 (花王株式会社)、川口 貴光 (株式会社 環境指標生物)、森田 修 (花王株式会社)

* Kaede MIYATA, Hiroshi HONDA, Yasuaki INOUE, Yuto AMANO, Tohru NISHIOKA, Masayuki YAMANE (Kao Corp.), Takamitsu KAWAGUCHI (Bioindicator Co., Ltd.), Osamu MORITA (Kao Corp.)

PP007# 九州北部豪雨直後の筑後川の魚類相 ～回復過程のモニタリングに向けて～

Fish fauna of the Chikugo River: Clarifying the recovery process of fish communities after heavy rains

赤松 良久、中尾 遼平 (山口大学院創成)、横山 良太、太田 宗宏 (建設環境研究所)、* 乾 隆帝 (福工大社環)

Yoshihisa AKAMATSU, Ryohei NAKAO (Yamaguchi University), Ryota YOKOYAMA, Munehiro OOTA (Civil Engineering & Eco-Technology Consultants Co.Ltd.), * Ryutei INUI (Fukuoka Institute of Technology)

PP008# 環境 DNA 定量メタバーコーディングを用いた流域網羅的な魚類多様性評価

Use of quantitative environmental DNA metabarcoding for basin-wide fish diversity evaluation

* 今村 史子 (日本工営株式会社)、赤松 良久、宮園 誠二、中尾 遼平 (山口大学院創成)、平川 敬也 (山口大社会建設工学)、加藤 靖広 (日本工営株式会社)

* Fumiko IMAMURA (NIPPON KOEI CO., LTD), Yoshihisa AKAMATSU, Seiji MIYAZONO, Ryohei NAKAO, Takaya HIRAKAWA (Yamaguchi University), Yasuhiro KATO (NIPPON KOEI CO., LTD)

PP009# 環境 DNA 濃度で読み解く京都府 由良川のズズキ *Lateolabrax japonicus* の分布と季節回遊

Distribution and seasonal migration of Japanese temperate bass *Lateolabrax japonicus* in Yura River detected by environmental DNA

* 村上 弘章 (京大国際融合研)、笹野 祥愛 (京大院農)、益田 玲爾 (京大フィールド研)、笠井 亮秀 (北大院水産)、山下 洋 (京大国際融合研)

* Hiroaki MURAKAMI, Sachia SASANO, Reiji MASUDA (Kyoto Univ.), Akihide KASAI (Hokkaido Univ.), Yoh YAMASHITA (Kyoto Univ.)

- PP010# 環境 DNA ガラス濾紙サンプルの常温長期保存方法の検討
Investigation of long-term storage method of environmental DNA glass filter samples at low and room temperature
* 橋爪 裕宜 (長崎大院・熱帯)、源 利文 (神戸大院・人間発達)、大庭 伸也 (長崎大・教育)、門司 和彦 (長崎大・多文化)、星 友矩 (長崎大・熱研)
* Hiroki HASHIZUME (Sch. Trop. Med. Glo. Hea. Nagasaki Univ), Toshifumi MINAMOTO (Sch. Hum. Dev. Env. Kobe Univ), Shin-ya OHBA (Fac. Edu. Nagasaki Univ), Kazuhiko MOJI (Sch. Glo. Hum. Soc. Sci. Nagasaki Univ), Tomonori HOSHI (Inst. Trop. Med. Nagasaki Univ)
- PP011# Biodiversity of the surrounding habitats identified by eDNA from the excrement of benthic invertebrates
* Kang-Hui KIM (Department of Integrated Biological Science, Pusan National University), Hyunbin JO (Institute for Environment and Energy, Pusan National University)
- PP012# 既知コピー数 DNA から得た閾値を用いた環境 DNA メタバーコーディング解析の精度向上
Improved accuracy of environmental DNA metabarcoding analysis using thresholds obtained from the defined copy number of DNA
* 大崎 優介、渡邊 和紀、米川 侑希、中澤 聡、海野 洋敬 (株式会社リコー)、西山 依里、村上 博昭、松平 崇弘 (株式会社ファスマック)、坂田 雅之、源 利文 (神戸大学大学院)
* Yusuke OSAKI, Kazuki WATANABE, Yuki YONEKAWA, Satoshi NAKAZAWA, Hirotaka UNNO (RICOH Company Ltd.), Eri NISHIYAMA, Hiroaki MURAKAMI, Takahiro MATSUDAIRA (Fasmac Co. Ltd.), Masayuki K. SAKATA, Toshifumi MINAMOTO (Kobe University)
- PP013# 環境 DNA 技術による鯨類の検出と目視調査による発見情報との予備的な比較
Preliminary comparison between detection of cetaceans by environmental DNA technology and visual cetacean vessel survey
* 勝俣 太貴、後藤 睦夫、松岡 耕二 ((一財) 日本鯨類研究所)
* Taiki KATSUMATA, Mutsuo GOTO, Koji MATSUOKA (Institute of Cetacean Research)
- PP014# 外洋域における魚類環境 DNA 検出のための最適な採集努力量の推定
Optimization of sampling effort for detecting fish eDNA in the open ocean
* 川上 達也、山崎 彩 (北大院・水)、朝見 麻希、後藤 祐子 (龍谷大・生物多様性セ)、山中 裕樹 (龍谷大・先端理工)、兵藤 晋 (東大・大海研)、上野 洋路、笠井 亮秀 (北大院・水)
* Tatsuya KAWAKAMI, Aya YAMAZAKI (Fac. Fish. Hokkaido Univ.), Maki ASAMI, Yuko GOTOH (Center Biodiv. Sci. Ryukoku Univ.), Hiroki YAMANAKA (Fac. Sci. Tec. Ryukoku Univ.), Susumu HYODO (Atmos. Ocean Res. Inst. Univ. Tokyo), Hiromichi UENO, Akihide KASAI (Fac. Fish. Hokkaido Univ.)
- PP015# 環境 DNA の簡易な抽出・検出法の提案
Proposal for a simple extraction and detection method for environmental DNA
* 鈴木 良地、河村 邦生、水上 優子 (愛知農総試)
* Ryoji SUZUKI, Kunio KAWAMURA, Yuuko MIZUKAMI (Aichi Agric. Res. Cent.)
- PP016# 魚類繁殖活動による環境 DNA 濃度の時間と距離に伴う変化
Spatio-temporal changes of environmental DNA concentration due to fish spawning activity
* 呉 盧漢 (神戸大・院・発達)、山本 義彦 (神戸大・院・発達; 大阪環農水研・生物多様性センター)、山口 翔吾 (大阪環農水研・生物多様性センター)、源 利文 (神戸大・院・発達)
* Luhan WU (Grad Sc Human Dev Env Kobe U), Yoshihiko YAMAMOTO (Grad Sc Human Dev Env Kobe U; Osaka Biodiv. Res C RIEAFO), Shogo YAMAGUCHI (Osaka Biodiv. Res C RIEAFO), Toshifumi MINAMOTO (Grad Sc Human Dev Env Kobe U)
- PP017# 環境 DNA を用いた宍道湖・中海の流入河川 8 本における回遊魚 4 種の生息実態の推定
Estimation of habitat use of 4 migratory fish in 8 inflow/outflow rivers around Lakes Shinji and Nakaumi using eDNA analysis
* 山岸 聖 (島根大院・自然科学)、土居 秀幸 (兵庫県立大・情報科学)、高原 輝彦 (島根大・生物資源)
* Satoshi YAMAGISHI (Shimane Univ.), Hideyuki DOI (University of Hyogo), Teruhiko TAKAHARA (Shimane Univ.)
- PP018# 花から送粉者の環境 DNA は検出できるか？
Testing detectability of pollinators' eDNA from flowers
* 池本 美都 (筑波大)、平岩 将良 (農研機構)、中村 祥子、滝 久智 (森林総研)、潮 雅之 (京大)
* Mito IKEMOTO (Univ. of Tsukuba), Masayoshi HIRAIWA (NARO), Shoko NAKAMURA, Hisatomo TAKI (FFPRI), Masayuki USHIO (Kyoto Univ.)
- PP019# 環境 DNA 分析による大規模出水前後の河川支流における放流アユの生息密度および生息場利用の把握
Use of eDNA analysis for grasping the abundance and habitat use of hatchery-raised fish in river tributaries before and after a massive flood event
* 宮園 誠二、児玉 貴央、赤松 良久、中尾 遼平、花岡 拓身 (山大院・創成科学)、宮平 秀明 (山大・社会建設)
* Seiji MIYAZONO, Takao KODAMA, Yoshihisa AKAMATSU, Ryohei NAKAO, Takumi HANAOKA (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.), Hideaki MIYAHARA (Dept. Civil. Envi. Eng. Fac. Eng. Yamaguchi Univ.)
- PP020# 環境 DNA 分析によるホンモロコ地域個体群の遺伝的多様性評価
Evaluation of genetic diversity of an endangered fish *Gnathopogon caeruleus* using environmental DNA
* 脇村 圭、内井 喜美子 (大阪大谷大)、亀甲 武志 (近畿大)
* Kei WAKIMURA, Kimiko UCHII (Osaka Ohtani Univ.), Takeshi KIKKO (Kindai Univ.)

- PP021# 環境 DNA を用いた山梨県内の小河川における魚類生物多様性の調査
The investigation of fish fauna in urban and agricultural floodplain streams and channels in Kofu basin
* 小池 一正 (YRCE・新事業)、八重樫 咲子、大槻 順朗 (山梨大院・総合研究)、外丸 広大 (山梨大院・総合教育)、伊藤 正比呂 (YRCE・新事業)
* Kazumasa KOIKE (YRCE), Sakiko YAEGASHI, Kazuaki OTSUKI, Kouta TOMARU (Univ Yamanashi), Masahiro ITOU (YRCE)
- PP022# 環境 DNA を用いたアユの産卵行動の検出—核 DNA とミトコンドリア DNA を用いた比較検討—
Identification of Ayu spawning events using environmental DNA-examinations using nuclear and mitochondrial DNA-
* 齋藤 稔 (山口大院・創成)、辻 牙月 (京大院・理)、宮園 誠二、中尾 遼平、児玉 貴央、赤松 良久 (山口大院・創成)
* Minoru SAITO (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.), Satsuki TSUJI (Grad. Sch. Sci. Kyoto Univ.), Seiji MIYAZONO, Ryohei NAKAO, Takao KODAMA, Yoshihisa AKAMATSU (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.)
- PP023# Environmental DNA approach complements citizen science to detect an endangered freshwater stingray species in the wild
* Kean Chong LIM (Institute of Ocean and Earth Studies Universiti Malaya; Institute for Advanced Studies Universiti Malaya), Amy Yee Hui THEN (Institute of Biological Sciences Universiti Malaya; Institute of Ocean and Earth Sciences Universiti Malaya)
- PP024# 空気中の環境 DNA 分析に適したエアースAMPLING法の検討
Study on air sampling method suitable for environmental DNA analysis in the air
* 大中 臨、稲葉 愛美、中尾 遼平、赤松 良久 (山口大院創成科学)
* Nozomu ONAKA, Manami INABA, Ryohei NAKAO, Yoshihisa AKAMATSU (Grad. Sch. Sci. Tech. Inno. Ymaguchi Univ)
- PP025 ANEMONE：日本における環境 DNA 観測ネットワーク
ANEMONE: environmental DNA monitoring network in Japan
近藤 倫生 (東北大院・生命)
Michio KONDOH (Grad. Sch. Life Sci. Tohoku Univ.)
- PP026 シアノバクテリアを対象としたメタバーコーディングとリアルタイム PCR
Metabarcoding and real-time PCR for cyanobacteria
* 大井 和之、吉川 さやか (九州環境管理協会)、高橋 威一郎 (大分市上下水道局)
* Kazuyuki OOI, Sayaka YOSHIKAWA (Kyushu Env. Eval. Assoc.), Takeichiro TAKAHASHI (Oita City Waterworks and Sewerage Bureau)
- PP027 イルミナシーケンサーにおけるインデックスホッピングの検出と除去
Detection and removal of index-hopping in Illumina sequencers
田辺 晶史 (東北大)
Akifumi S. TANABE (Tohoku University)
- PP028 外来魚検出のための環境 DNA チップの開発とダム湖における野外適用
Development of the environmental DNA chip for the detection of non-native fishes and its application in dam reservoirs
* 中尾 遼平 (山口大院・創成)、今村 史子 (日本工営 (株) 中央研究所)、岡村 浩、宮田 亮、村松 万里江、中村 憲章 (東洋鋼鈑 (株))、赤松 良久 (山口大院・創成)
* Ryohei NAKAO (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.), Fumiko IMAMURA (Res. Dev. Center Nippon Koei Co. Ltd), Hiroshi OKAMURA, Ryo MIYATA, Marie MURAMATSU (Toyo Kohan Co. Ltd.), Yoshihisa AKAMATSU (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.)
- PP029 河川水辺の国勢調査への環境 DNA 導入に向けた取り組み
How introduce environmental DNA into riverside census?
信田 智、大角 一浩、天羽 淳 (国土交通省)、中村 圭吾、* 村岡 敬子、篠原 隆佑、菅野 一輝 (国研 土木研究所)
Satoshi SHINODA, Kazuhiro OHSUMI, Jun AMOU (Ministry of Land Infrastructure Transport and Tourism), Keigo NAKAMURA, * Keiko MURAOKA, Ryusuke SHINOHARA, Kazuki KANNO (Public Works Research Institute)
- PP030 環境基準の指標となる魚種の生息状況調査における環境 DNA 分析の可能性
Feasibility of environmental DNA analysis in habitat surveys of fish species as indicators of environmental quality standards
* 平川 周作、中島 淳、松本 昌也、古賀 敬興、秦 弘一郎、柏原 学、古閑 豊和、石間 妙子、金子 洋平 (福岡県保環研)、宮脇 崇 (北九州市立大)、志水 信弘、松本 源生、石橋 融子 (福岡県保環研)
* Shusaku HIRAKAWA, Jun NAKAJIMA, Masaya MATSUKI, Takaoki KOGA, Koichiro HATA, Manabu KASHIWABARA, Toyokazu KOGA, Taeko ISHIMA, Yohei KANEKO (Fukuoka Institute of Health and Environmental Sciences (FIHES)), Takashi MIYAWAKI (The University of Kitakyushu), Nobuhiro SHIMIZU, Gensei MATSUMOTO, Yuko ISHIBASHI (FIHES)
- PP031 MiDeca as an effective tool to study Crustacean diversity in Mangrove Ecosystem
* Tadashi KAJITA, Maria Daniela ARTIGAS RAMIREZ, Shinnosuke KAGIYA (TBRC Univ. Ryukyus), Yukuto SATO (Faculty of Medicine Univ. Ryukyus), Hiroto NAGAI (Faculty of Science Univ. Ryukyus), Ayano MUKAI (Harvard Univ.), Tomoyuki KOMAI (Natural History Museum and Institute Chiba), Hideyuki IMAI (Faculty of Science Univ. Ryukyus)
- PP032 環境 DNA 分析を用いた猪苗代湖におけるウチダザリガニの検出
Detection of signal crayfish in Lake Inawashiro by environmental DNA analysis
* 中道 友規、岡村 嵩彦、廣原 嵩也、池上 拓志、林 正敏、西川 崇範、小野 真宏 (株式会社 KANSO テクノス)
* Tomoki NAKAMICHI, Takahiko OKAMURA, Takaya HIROHARA, Takuji Ikegami, Masatoshi HAYASHI, Takanori NISHIKAWA, Masahiro ONO (KANSO TECHNOS CO. LTD.)

- PP033 高速定量 PCR を用いた水道水源におけるジェオスミン産生ラン藻類の簡易検出手法
A simplified method for the detection of geosmin-producing cyanobacteria in reservoirs using ultrarapid qPCR
*渡部 健、池田 幸資、真木 伸隆（パシフィックコンサルタンツ株式会社）、大森 淳平（神戸市水道局水質試験所）、戎 紫穂（神戸市建設局下水道部計画課）、清水 武俊、小田 琢也（神戸市水道局水質試験所）、久保 貴大（兵庫県立大学大学院シミュレーション学研究科）、土居 秀幸（兵庫県立大学大学院情報科学研究科）
* Takeshi WATANABE, Kosuke IKEDA, Nobutaka MAKI (Pacific Consultants Co.LTD.), Junpei OMORI (Water Quality Lab. of Kobe Waterworks Bur.), Shihō EBISU (Plan. Div. Sewage Works Dept. Public Construction Projects Bur. City of Kobe), Taketoshi SHIMIZU, Takuya ODA (Water Quality Lab. of Kobe Waterworks Bur.), Takahiro KUBO (Grad. Sch. Simul. Stud. Univ. of Hyogo), Hideyuki DOI (Grad. Sch. Inf. Sci. University of Hyogo)
- PP034 環境水に内標を添加することによる DNA 収量の補正
Compensation of water quality influence to e-DNA analysis
*白倉 裕美、福澤 隆、大橋 俊則、永田 久雄、西澤 尚文（(株) ゴーフォトン）
* Hiromi SHIRAKURA, Takashi FUKUZAWA, Toshinori OHASHI, Hisao NAGATA, Naofumi NISHIZAWA (GO!FOTON INC.)
- PP035 環境 DNA メタバーコーディングにおける種検出誤差を考慮した階層モデリングとその実践
Accounting for species detection errors in environmental DNA metabarcoding: hierarchical modeling and its practice
* 深谷 肇一、今藤 夏子、松崎 慎一郎、角谷 拓（国環研）
* Keiichi FUKAYA, Natsuko KONDO, Shin-ichiro MATSUZAKI, Taku KADOYA (NIES)
- PP036 捕獲調査の代替は可能？ - プライマーの選定と DNA データベース整備が大型無脊椎動物の検出に与える影響 -
Is it possible to replace capture surveys? -Impact of primers and DNA databases on macroinvertebrate detection-
* 長谷部 勇太（神奈川県環境科学センター）、源 利文（神戸大）、竹中 將起（筑波大）、半田 佳宏（(株) 生物技研）、関 将史（(株) プラントビオ）、白子 智康（いであ（株））
* Yuta HASEBE (Kanagawa Environmental Research Center), Toshifumi MINAMOTO (Kobe Univ), Masaki TAKENAKA (Tsukuba Univ), Yoshihiro HANDA (Bioengineering Lab. Co. Ltd.), Masafumi SEKI (Plant Bio. Co. Ltd.), Tomoyasu SIRAKO (IDEA Consultants Inc.)
- PP037 環境 DNA 分析の際のコンタミネーションにおける静電気の影響について
The Effect of Static Electricity on Contamination in Environmental DNA Analysis
* 白子 智康、中村 匡聡（いであ（株））
* Tomoyasu SHIRAKO, Masatoshi NAKAMURA (IDEA Consultants Inc.)
- PP038 Environmental DNA Meta-barcoding Analysis by Long Reads using the PacBio Sequel II system
* Yoshihiro HANDA, Keiko TSUCHIKANE, Satsuki TSURUTA, Nobuyuki MOROHASHI, Koichiro NAKANO (Bioengineering Lab. Co. Ltd.)
- PP039 水質常時監視における環境 DNA メタバーコーディングによる海域魚類調査
Marine fish survey using environmental DNA metabarcoding during water quality monitoring
横田 雅弘、世良 篤弘、阿部 由克、前田 傑、*飯塚 徹谷、金谷 智、日野 淳郎、牧野 健一（(公財) ひょうご環境創造協会）、中村 淑樹、岡田 篤、武田 敦之（神戸市環境局）
Masahiro YOKOTA, Atsuhiko SERA, Yoshikatsu ABE, Takashi MAEDA, *Tetsuya IIDUKA, Satoshi KANATANI, Atsuro HINO, Kenichi MAKINO (Hyogo Environmental Advancement Association), Toshiki NAKAMURA, Atsushi OKADA, Atsuyuki TAKEDA (Kobe City Environment Bureau)
- PP040 諫早湾干拓調整池内の水鳥を対象とした水質・底質・ネット濾過物の環境 DNA 分析による出現状況把握
Detection of water birds using environmental DNA of sediment and water and water residue in Isahaya Flood Regulation Pond.
* 小濱 智之、片山 悦治郎、恒岡 徹、松田 賢、溝下 博志、渡部 健（パシフィックコンサルタンツ株式会社）
* Tomoyuki KOHAMA, Etsujiro KATAYAMA, Toru TSUNEOKA, Satoshi MATSUDA, Hiroshi MIZOSHITA, Takeshi WATANABE (Pacific Consultants Co.LTD.)
- PP041 山口県周防大島沿岸海域における潮汐条件、採水量、採水深別の環境 DNA による魚類検出結果比較
Comparison of fish detection results by environmental DNA according to tidal conditions, water sampling volume, and water sampling depth in the coastal waters of Suooshima, Yamaguchi Prefecture
* 片山 悦治郎、小濱 智之、立松 俊和、渡部 健、桑井 孝一、金子 幸司（パシフィックコンサルタンツ株式会社）、源利文（神戸大学）
* Etsujiro KATAYAMA, Tomoyuki KOHAMA, Toshikazu TATEMATSU, Takeshi WATANABE, Koichi KUMEI, Koji KANEKO (Pacific Consultants Co.,LTD.), Toshifumi MINAMOTO (Kobe Univ.)
- PP042 環境 DNA 調査のためのパッシブサンプリング法に関する基礎的検討
Fundamental study for the development of a passive sampling method on the environmental DNA surveys
* 赤松 良久、中尾 遼平、稲葉 愛美（山口大院創成）、今村 史子（日本工営株式会社中央研究所）
* Yoshihisa AKAMATSU, Ryohei NAKAO, Manami INABA (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.), Fumiko IMAMURA (Research and Development Center Nippon Koei Co. Ltd.)

- PP043# Development of eDNA detection system for evaluating abundance and reproduction of freshwater mussels in the Ishikari River Floodplain
* Junyi WU (Graduate School of Env.Science Hokkaido Univ.), Takashi KANBE (Research Faculty of Agriculture Hokkaido Univ.), Hiroki MIZUMOTO (Japan Fisheries Research and Education Agency), Hokuto IZUMI (Graduate School of Env.Science Hokkaido Univ.), Itsuro KOIZUMI (Faculty of Env.Earth Science Hokkaido Univ.), Hitoshi ARAKI (Research Faculty of Agriculture Hokkaido Univ.), Junjiro NEGISHI (Faculty of Env.Earth Science Hokkaido Univ.)
- PP044# 環境 DNA 分析を用いた土師ダム下流区間の支流におけるオオカナダモ繁茂状況の検討
Examination of the *Egeria densa* abundances in the tributaries in the downstream segment of the Haji Dam using environmental DNA analysis
* 児玉 貴央、宮園 誠二、赤松 良久（山大院・創成科学）
* Takao KODAMA, Seiji MIYAZONO, Yoshihisa AKAMATSU (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.)
- PP045# 魚類の核環境 DNA メタバーコーディング手法の開発
Development of eDNA metabarcoding assay targeting nuclear DNA as a marker for fish
* 佐々木 大介（神戸大院・発達）、山中 裕樹（龍谷大・先端理工）、坂田 雅之、源 利文（神戸大院・発達）
* Daisuke SASAKI (Kobe Univ.), Hiroki YAMANAKA (Ryukoku Univ.), Masayuki K. SAKATA, Toshifumi MINAMOTO (Kobe Univ.)
- PP046# 環境 DNA 分析による北海道における国内外来種ヌマエビの分布に関する研究
eDNA survey on distribution of domestic alien freshwater shrimp, *Paratya compressa*, in Hokkaido
* 加藤 優樹、神戸 崇、荒木 仁志（北海道大学）
* Yuki KATO, Takashi KANBE, Hitoshi ARAKI (Hokkaido Univ.)
- PP047# シロヒレタビラ特異的環境 DNA 検出系の構築と琵琶湖における分布調査
Establishment of *Acheilognathus tabira tabira* specific environmental DNA detection system, and habitat survey in Lake Biwa
安井 憲臣（長浜バイオ大院・バイオサイエンス研究科）
Kenshin YASUI (Grad. Sch. Biosci. Nagahama Institute of Bio-Science and Technology.)
- PP048# ヘビからのウイルス由来核酸の抽出とメタゲノム解析
Establishment of extraction method of virus nucleotides from snakes and metagenomic analysis of snake viruses
吉積 宙（長浜バイオ大学大学院・バイオサイエンス）
Sora YOSHIDUMI (bioscience. nagahamabio inst.)
- PP049# 環境 DNA 分析を用いた複数水系のオオカナダモ繁茂状況の把握
Use of environmental DNA analysis for grasping the abundance patterns of *Egeria densa* in multiple river basins
* 宮平 秀明（山大・社会建設）、宮園 誠二、児玉 貴央、赤松 良久、中尾 遼平（山大院・創成科学）
* Hideaki MIYAHIRA (Dept. Civil. Envi. Eng. Fac. Eng. Yamaguchi Univ.), Seiji MIYAZONO, Takao KODAMA, Yoshihisa AKAMATSU, Ryohei NAKAO (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.)
- PP050# ダム湖の魚類調査における環境 DNA メタバーコーディング分析の実装に向けて
Towards the implementation of environmental DNA metabarcoding for fish surveys in dam reservoirs
* 松本 岳大（神戸大・院・発達）、深谷 肇一（国立環境研究所）、坂田 雅之（神戸大・院・発達）、沖津 二郎、稲川 崇史、平岡 康介（応用地質（株））、一柳 英隆（水源環境センター）、源 利文（神戸大・院・発達）
* Takehiro MATSUMOTO (Grad Sc Human Dev Env Kobe U), Keiichi FUKAYA (NIES), Masayuki K. SAKATA (Grad Sc Human Dev Env Kobe U), Jiro OKITSU, Takashi INAGAWA, Kosuke HIRAOKA (OYO Corporation), Hidetaka ICHIYANAGI (WEC), Toshifumi MINAMOTO (Grad Sc Human Dev Env Kobe U)
- PP051# 花虫綱を対象とした環境 DNA メタバーコーディング系の開発
Development of eDNA metabarcoding assays for Anthozoa
* 西澤 峻平、鵜 倩倩（神戸大・院・人間発達）、中野 智之（京大・フィールド研）、駒井 智幸（千葉中央博）、源 利文（神戸大・院・人間発達）
* Ryohei NISHIZAWA, Qianqian WU (Kobe Univ.), Tomoyuki NAKANO (Kyoto Univ.), Tomoyuki KOMAI (Natural History Museum and Institute Chiba), Toshifumi MINAMOTO (Kobe Univ.)
- PP052# 堆積物 DNA により復元された動物プランクトンの過去 100 年にわたる産卵量の変動
Reconstruction of 100-year dynamics in zooplankton spawning activity revealed by sedimentary DNA
* 中根 快（愛媛大・沿岸環境）、土居 秀幸（兵庫県立大・情報）、越智 梨月、加 三千宣（愛媛大・沿岸環境）、槻木 玲美（松山大・法）
* Kai NAKANE (CMES. Ehime Univ.), Hideyuki DOI (Grad. Sch. Info. Sci. Univ. Hyogo), Natsuki OCHI, Michinobu KUWAE (CMES. Ehime Univ.), Narumi TSUGEKI (Fac. Law. Matsuyama Univ.)
- PP053# 環境 DNA から河川の魚類分布を推定する：DNA の流下と減衰を考慮したモデリング
Estimating fish distributions in rivers using eDNA: a hierarchical Bayesian modeling approach that takes the eDNA dynamics into account
* 伊藤 青葉（東北大学）、香川 裕之、成田 勝（東北緑化環境 保全株式会社）、長田 稯（水産機構・水資研）、近藤 倫生（東北大学）
* Aoba ITO (Tohoku Univ.), Hiroyuki KAGAWA, Masaru NARITA (Tohoku Ryokka Kankyohozen Co. Ltd.), Yutaka OSADA (FRA), Michio KONDOH (Tohoku Univ.)

- PP054# 北海道におけるワカサギ 2 種の季節性異所的分布
Seasonally differentiated distributions of the two smelt species in Hokkaido
* 池田 崇人、神戸 崇、荒木 仁志（北大）
* Takahito IKEDA, Takashi KANBE, Hitoshi ARAKI (Hokkaido Univ.)
- PP055 環境 DNA 分析×系統地理学：水を汲んで複数種の系統地理情報を同時に得る
eDNA x Phylogeography: Revealing phylogeographic information of multiple species from water samples
* 辻 冴月（京大院・理）、芝田 直樹（（株）環境総合リサーチ）、中尾 遼平（山口大院・創成）、乾 隆帝（福工大・社環）、赤松 良久（山口大院・創成）、渡辺 勝敏（京大院・理）
* Satsuki TSUJI (Grad. Sch. Sci. Kyoto Univ.), Naoki SHIBATA (Env. Res. Sol. CO. LTD.), Ryohei NAKAO (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.), Ryutei INUI (Fac. Socio-Env. Studies. FIT), Yoshihisa AKAMATSU (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.), Katsutoshi WATANABE (Grad. Sch. Sci. Kyoto Univ.)
- PP056 環境 DNA を用いたヤマトシジミ資源量推定の試み
An attempt to estimate the biomass of the brackish-water clam using environmental DNA
* 楠田 聡、山崎 哲也、安藤 大成（道さけます内水試）、真野 修一（道網走水試）、神戸 崇、荒木 仁志（北大農）、高原 輝彦（島根大・生物資源）
* Satoshi KUSUDA, Tetsuya YAMAZAKI, Daisei ANDO (HRO Salmon and Freshwater Fisheries Research Institute), Shuichi MANO (HRO Abashiri Fisheries Research Institute), Takashi KANBE, Hitoshi ARAKI (Hokkaido Univ.), Teruhiko TAKAHARA (Shimane Univ.)
- PP057 福島県太田川における DNA メタバーコーディングによるヤマメ食性解析
Diet analysis of masu salmon (*Oncorhynchus masou*) using DNA metabarcoding at the Ota River, Fukushima
* 石井 弓美子、趙 在翼、斎藤 梨絵、今藤 夏子、玉置 雅紀、中嶋 信美（国立環境研究所）、金指 努、和田 敏裕、難波 謙二（福島大学）、舟木 優斗、寺本 航（福島県内水面水産試験場）、小荒井 一真（日本原子力研究開発機構）、林 誠二（国立環境研究所）
* Yumiko ISHII, Jaeick JO, Rie SAITO, Natsuko KONDO, Masanori TAMAOKI, Nobuyoshi NAKAJIMA (National Institute for Environmental Studies), Tsutomu KANASASHI, Toshihiro WADA, Kenji NANBA (Fukushima University), Yuto FUNAKI, Wataru TERAMOTO (Fukushima Prefectural Inland Water Fisheries Experimental Station), Kazuma KOARAI (Japan Atomic Energy Agency), Seiji HAYASHI (National Institute for Environmental Studies)
- PP058 サンショウウオ類の生息地年間調査における環境 DNA 検出傾向について
Environmental DNA detection trends in annual surveys of salamander habitats
* 赤塚 真依子、高山 百合子、内池 智広、松宮 綾香（大成建設（株））
* Maiko AKATSUKA, Yuriko TAKAYAMA, Tomohiro UCHIIKE, Ayaka MATSUMIYA (Taisei Co. LTD.)
- PP059 微細流路を使用した簡易濾過・抽出原理の開発
Proposal of simple filtration and extraction method with Micro Channel Technology for e-DNA analysis
* 福澤 隆（ゴーフォトン、ビリュウ企画）、西澤 尚文、永田 久雄、白倉 弘美（ゴーフォトン）、土居 秀幸（兵庫県立大学）
* Takashi FUKUZAWA (GoFoton & Biryu Planning), Naofumi NISHIZAWA, Hisao NAGATA, Hiromi SHIRAKURA (GoFoton), Hideki DOI (University of Hyogo)
- PP060 Multiplex PCR 法による沖縄県内離島における在来フナと移植フナの分布評価
Evaluation of indigenous and introduced *Carassius auratus* populations in two isolated islands in the Ryukyu Archipelago by Multiplex PCR methods
* 伊勢 孝太郎、吉本 昌弘（株式会社沖縄環境保全研究所）
* Kotaro ISE, Masahiro YOSHIMOTO (Okinawa Kankyo Hozen Kenkyusho Co. Ltd.)
- PP061 環境 DNA を利用したダム上下流の水生昆虫群集多様性調査
Investigation of aquatic insect community using eDNA meta-barcoding based on three DNA regions
* 八重樫 咲子、有賀 廣弥、金子 栄廣（山梨大学）
* Sakiko YAEGASHI, Hiroya ARUGA, Hidehiro KANEKO (University of Yamanashi)
- PP062 環境 DNA 重力濾過システムの開発：動力不要の簡易ろ過法
Gravity filtration for eDNA: A simple and fast filtration system without electric power
* 岡 慎一郎（美ら島財団）、宮 正樹（千葉県博）
* Shin-ichiro OKA (Okinawa Churashima Res Cent.), Masaki MIYA (Nat. Hist. Mus. Inst. Chiba)
- PP063 Fish Diversity of Mangrove Rivers in Iriomote Island, Japan.
* Maria Daniela ARTIGAS RAMIREZ (TBRC Ryukyu Univ.), Yukuto SATO (Ryukyu Univ.), Shinnosuke KAGIYA (TBRC Ryukyu Univ.), Ayano MUKAI (Harvard Univ.), Hiroto NAGAI, Hideyuki IMAI (Ryukyu Univ.), Tadashi KAJITA (TBRC Ryukyu Univ.)
- PP064 環境 DNA によるファイリマングースの検出系の検討
Development of environmental DNA-based method for detecting small Indian mongoose *Urva auropunctata*
* 入口 友香、荒谷 友美（自然研）、中尾 遼平（山口大院・創成）、佐藤 拓真、城ヶ原 貴通（沖縄大）、諸澤 崇裕、川本 朋慶、橋本 琢磨（自然研）
* Yuka IGUCHI, Tomomi ARATANI (JWRC), Ryohei NAKAO (Yamaguchi Univ.), Takuma SATO, Takamichi JOGAHARA (Okinawa Univ.), Takahiro MOROSAWA, Tomonori KAWAMOTO, Takuma HASHIMOTO (JWRC)

- PP065 小型 PCR 装置の環境 DNA 分析への応用
Application of compact PCR system to environmental DNA analysis
* 井戸 基博 (龍谷院理工)、北川 正成 (タカラバイオ)、山中 裕樹 (龍谷理工)
* Motohiro IDO (Grad. Ryukoku Univ.), Masanari KITAGAWA (Takara Bio Co. Ltd.), Hiroki YAMANAKA (Ryukoku Univ.)
- PP066 宮中取水ダム魚道でのモニタリングにおける環境 DNA の活用に向けた検討について
Examination for utilization of eDNA in monitoring at Miyanaka Intake Dam fishway
* 栢本 拓、奥富 誠、木伏 宏俊 (J R 東日本)、川崎 誠 ((株) 建設技術研究所)、加藤 秀男 ((株) C T I リード)
* Taku MASUMOTO, Makoto OKUTOMI, Hiroto KIBUSHI (JR EAST), Makoto KAWASAKI (CTI Engineering Co. Ltd.), Hideo KATO (CTIreed Co. Ltd.)
- PP067 環境 DNA 解析を用いたチャネルキャットフィッシュの生息調査
Environmental DNA analysis to investigate Channel catfish survival
* 近野 真央、藤井 明美、近藤 昭宏、中村 昌文 (株式会社 日吉)、田口 貴史、石崎 大介、岡本 晴夫 (滋賀県水産試験場)、山中 裕樹 (龍谷大学)
* Mao CHIKANO, Akemi FUJII, Akihiro KONDO, Masafumi NAKAMURA (Hiyoshi Corporation), Takashi TAGUCHI, Daisuke ISHIZAKI, Haruo OKAMOTO (Shiga Prefectural Fisheries Experiment Station), Hiroki YAMANAKA (Ryukoku University)
- PP068 全球規模の海底堆積物中古環境 DNA 分析と地球システム科学への適用可能性について
A perspective on global-scale paleoenvironmental DNA analysis in marine sediment and its applicability in Earth system science
* 星野 辰彦 (JAMSTE・高知コア研究所)、肖 楠、稲垣 史生 (JAMSTEC・研究プラットフォーム運用開発部門)
* Tatsuhiko HOSHINO, Nan XIAO, Fumio INAGAKI (JAMSTEC)
- PP069 気候変動に対する流域におけるアユ分布域の応答予測～中国地方の一級河川を対象として～
Estimation of distribution changes of Ayu along climate change in the first class rivers in the Chugoku region
* 小林 勘太、宮園 誠二 (山大院・創成科学)、乾 隆帝 (福工大・社会環境)、中尾 遼平、赤松 良久 (山大院・創成科学)
* Kanta KOBAYASHI, Seiji MIYAZONO (Grad. Sch. of Sci. and Tech. for Innov. Yamaguchi Univ.), Ryutei INUI (Fac. of Socio- Environ. Stu. Fukuoka Inst. of Tech.), Ryohei NAKAO, Yoshihisa AKAMATSU (Grad. Sch. of Sci. and Tech. for Innov. Yamaguchi Univ.)
- PP070 市民とともに生態系への理解を深める環境 DNA 調査イベントの開発と実践
Development and Implementation of an Environmental DNA Research Program to Deepen Citizens' Understanding of Ecosystems
* 三井 広大、増田 到、上田 羊介、山本 朋範 (日本科学未来館)、宗像 恵太 (現: (株) S' UIMIN/ 元: 日本科学未来館)、相川 直美、小林 望、三ツ橋 知沙、谷村 優太、詫摩 雅子 (日本科学未来館)、笠井 亮秀 (北大院・水産科学)、近藤 倫生 (東北大院・生命科学)、佐土 哲也 (千葉中央博)、清野 聡子 (九州大院・工学)、宮 正樹 (千葉中央博)
* Hiromasa MITSUI, Itaru MASUDA, Yosuke UEDA, Tomonori YAMAMOTO (Miraikan), Keita MUNAKATA (S'UIMIN Inc./ Miraikan), Naomi AIKAWA, Nozomi KOBAYASHI, Chisa MITSUHASHI, Yuta TANIMURA, Masako TAKUMA (Miraikan), Akihide KASAI (Fac. Fish. Sci. Hokkaido Univ.), Michio KONDOH (Grad. Sch. Life Sci. Tohoku Univ.), Tetsuya SADO (CBM), Satoquo SEINO (Grad. Sch. Eng. Kyushu Univ.), Masaki MIYA (CBM)
- PP071 農業水路における国内希少野生動植物種スイゲンゼリタナゴの環境 DNA 検出
Detection of an endangered bitterling fish *Rhodeus atremius suigensis* using environmental DNA in an agricultural channel
* 大槻 華乃子 (岡山大学院環境)、濱田 麻友子 (岡山大理臨海)、小出水 規行 (農研機構)、坂本 竜哉 (岡山大理臨海)、中田 和義 (岡山大学院環境)
* Kanoko OTSUKI, Mayuko HAMADA (Okayama Univ.), Noriyuki KOIZUMI (NARO), Tatsuya SAKAMOTO, Kazuyoshi NAKATA (Okayama Univ.)
- PP072 定量 PCR 法による絶滅危惧種アカヒレタビラの生息域推定
Identifying habitats of critically endangered species, *Acheilognathus tabira erythropterus* using quantitative PCR
* 福森 香代子、今藤 夏子 (国環研)、萩原 富司 (地球・人間環境フォーラム)、渡邊 未来 (国環研)、小松 一弘 (信州大)、山口 晴代、中川 恵、松崎 慎一郎 (国環研)
* Kayoko FUKUMORI, Natsuko I. KONDO (NIES), Tomiji HAGIWARA (GEF), Mirai WATANABE (NIES), Kazuhiro KOMATSU (Shinshu Univ.), Haruyo YAMAGUCHI, Megumi NAKAGAWA, Shin-ichiro S. MATSUZAKI (NIES)
- PP073 北極海におけるバイオエアロゾルの起源を環境 DNA から探る
Finding the origin of bioaerosol in the Arctic Sea using eDNA approach
* 植竹 淳 (北海道大学)、ジェシー クリミアン (コロラド州立大学)
* Jun UETAKE (Hokkaido Univ.), Jessie CREAMEAN (Colorado State Univ.)
- PP074 環境 DNA と従来のモニタリング手法で明らかになった絶滅危惧種のイシガイ科淡水二枚貝種個体群の縮小
Population decline of an endangered unionid in streams is revealed by eDNA and conventional monitoring approaches
* 畑 啓生 (愛媛大・院・理工)、小笠原 康太、山下 尚希 (愛媛大・理・生物)
* Hiroki HATA (Grad. Sch. Sci. Eng. Ehime Univ.), Kota OGASAWARA, Naoki YAMASHITA (Dep. Sci. Biol. Ehime Univ.)

〈高校生 / High school students〉

- SP001# 環境 DNA 定量解析を用いた長良川のアユ仔魚降下量の推定
Estimating the amount of larval Ayu descent on the Nagara River by environmental DNA quantitative analysis
森 毅志、小澤 利就（岐阜高校自然科学部生物班）
Takeshi MORI, Toshinari OZAWA (Gifu High School)
- SP002# 富山県氷見市の希少種を探せ！～環境 DNA 分析を利用した仏生寺川・万尾川水系の生物相（魚種）調査
～Detection of unknown rare species in Himi City, Toyama Prefecture～Survey of biota (fish species) in the Busshoji and Moo river systems using environmental DNA analysis～
* 岩田 健希、* 伊藤 未悠、加治 苺、小竹 智也、西村 愛花、大野 忠晴、野田 拓夢、和田 直季（大阪高校科学探究部）、谷脇 鉄平（大阪高校）、山崎 裕治（富山大学）
* Takeki IWATA, * Miyu ITOU, Ichigo KAJI, Tomoya KOTAKE, Aika NISHIMURA, Tadaharu OHNO, Takumu NODA, Naoki WADA (Osaka High School Science Research Club), Teppei TANIWAKI (Osaka High School), Yuji YAMAZAKI (University of Toyama)
- SP003# ウナギの生息環境における植生の特徴
Vegetation characteristics in eel habitat
* 小川 愛理、賀来 碧、松田 健佑、高坂 駿友、南 聡一郎（天王寺高校）
* Airi OGAWA, Midori KAKU, Kensuke MATSUDA, Syunsuke KOUSAKA, Soichiro MINAMI (Tennoji High)
- SP004# ウナギの生息環境における COD およびリン酸塩濃度の関係
Relationship between COD and phosphate concentration in eel habitat
* 櫻井 奈々、加瀬 忍、吉原 慈、山本 小鈴（天王寺高校）
* Nana SAKURAI, Sinobu KASE, Megumi YOSHIHARA, Korin YAMAMOTO (Tennoji High)
- SP005# 希少種ベッコウトンボの生息地の特定を目指してー特異性を持つプライマーの設計ー
Aiming to identify the habitat of the rare species *Libellula angelina* :Designing Primers with Specificity
榛葉 大翔、森下 蓮、松村 征弥（掛川西高校自然科学部）
Haruto SHIMBA, Ren MORISHITA, Seiya MATSUMURA (Kakegawanishi High School, Nature and Science club)
- SP006# 環境 DNA を用いた福井県在来希少種イトヨの検出
Detection of environmental DNA in the water in Fukui, where native rare species, *Gasterosteus aculeatus*, live
沖 颯太、島野 好未、真柄 圭佑、山崎 正一（藤島高校）
Sota OKI, Konomi SHIMANO, Keisuke MAKARA, Masaichi YAMAZAKI (Fujishima High School)
- SP007# ニッポンバラタナゴの保全に向けた環境 DNA 検出系の開発
Towards the conservation of Rosy bitterling *Rhodeus ocellatus kurumeus* : Development of detection system for environmental DNA
津田 歩風、山口 空輝、平安 陸斗、福井 達也、竹本 月乃、笠谷 悠一郎（高津高校科学部）、唐谷 ゆふ、河野 健、藤村 直哉（高津高校）、芝田 直樹（（株）環境総合リサーチ）、辻 冴月（京大院理）、中尾 遼平（山口大院創成）、川瀬 成吾（琵琶湖）
Honoka TSUDA, Soraki YAMAGUCHI, Takato HIRAYASU, Tatsuya HUKUI, Tsukino TAKEMOTO, Yuichiro KASATANI (Kozu HS. Sci. Club), Yu KARATANI, Ken KAWANO, Naoya FUJIMURA (Kozu HS.), Naoki SHIBATA (ER&S.), Satsuki TSUJI (Grad. Sch. Sci. Kyoto Univ.), Ryohei NAKAO (Grad. Sch. Sci. Tech. Innov. Yamaguchi Univ.), Seigo KAWASE (LBM.)
- SP008# Tube (DNA LoBind, Protein LoBind) の違いによる DNA 濃度の減少率の比較検証
Comparative verification of DNA concentration decrease rate due to differences in Tube (DNA LoBind, Protein LoBind)
* 野田 拓夢、* 和田 直季（大阪高校科学探究部）、谷脇 鉄平（大阪高校）
* Takumu NODA, * Naoki WADA (Osaka High School Science Research Club), Teppei TANIWAKI (Osaka High School)
- SP009# 兵庫県内における環境 DNA 分析を用いた淡水性二枚貝の分布状況の把握
Understanding the distribution of freshwater bivalves using environmental DNA analysis in Hyogo Prefecture
* 西村 愛花（大阪高校科学探究部）、谷脇 鉄平（大阪高校）、土居 秀幸（兵庫県立大学大学院情報科学研究科）
* Aika NISHIMURA (Osaka High School Science Research Club), Teppei TANIWAKI (Osaka High School), Hideyuki DOI (Graduate School of Information Science University of Hyogo)
- SP010# 環境 DNA を用いた京都市高野川流域におけるブルーギルの分布調査
Examining the Distribution of Bluegill in Takano River by Using eDNA
中野 開、安達 京石、吉田 夏（洛北高校）
Kai NAKANO, Keisuke ADACHI, Natsu YOSHIDA (Rakuhoku High School)
- SP011# 大垣市に生息するマホロバサンショウウオ (*Hynobius guttatus*) の生活史の解明 II
Life cycle of Mahoroba salamander (*Hynobius guttatus*) in Ogaki City, Gifu II
浅野 公聖、鹿野 龍浄、山田 千隼、棚瀬 瑛祐（大垣北高校自然科学部マホロバサンショウウオ班）
Kosei ASANO, Ryujo SHIKANO, Chihaya YAMADA, Eisuke TANASE (Ogaki-Kita Senior High School Nature Science Club Mahoroba Salamander Team)
- SP012# オオサンショウウオ (*Andrias japonicus*) の生息条件の解明 ～なぜ揖斐川にオオサンショウウオはいないのか？～
Study on the habitat of Japanese Giant Salamander (*Andrias japonicus*). ～Why are there no giant salamanders in the Ibi River?～
太田 悠梧、杉本 巧翔、伊藤 力他、金森 愛子（大垣北高校自然科学部オオサンショウウオ班）
Yugo OTA, Takuto SUGIMOTO, Rikiya ITO, Aiko KANAMORI (Ogaki-Kita Senior High School Nature Science Club Giant Salamander Team)

11月20日(土)18:00 - 22:30 / November 20th (Sat) 18:00 - 22:30

本大会では日中の学会発表とは異なり、グラスを片手にご自宅で気楽に参加できる「夜のトークセッション」を企画しました。若手研究者や学生の皆さんが抱える将来への不安を解消する一助となるためのキャリアパス談義をはじめ、ネス湖のネッシー探索やアメリカ、アフリカでの環境 DNA 研究調査の裏話など、幅広いトピックについて第一線の研究者に語っていただく予定となっております。

【プログラム】

- | | |
|---------------|--|
| 18:00 - 19:20 | The Science of Monster Hunting (in English)
Neil Gemmell (University of Otago, New Zealand)
MC : Hitoshi Araki (Hokkaido University) |
| 19:30 - 20:50 | Connecting the dots in the web of life with eDNA and Networks (in English)
Jordana Meyer (Stanford University, U.S.A.)
MC : Hiroki Yamanaka (Ryukoku University) |
| 21:00 - 22:30 | みんなで語ろう！環境 DNA の展望とキャリアパス (in Japanese)
司会進行：土居 秀幸（兵庫県立大） |

Contents

Session I **The Science of Monster Hunting** (in English)

Neil Gemmell (University of Otago, New Zealand)

Environmental DNA, or eDNA, is a smorgasbord of organic materials left behind by living things as they pass through their environment. This trace material is increasingly being used to make sense of previously hard to study species, communities, and ecosystems on land, in the water, and even in the air. In marine systems we are testing the power of eDNA approaches for rapid and accurate assessments of biodiversity and ecosystem health - key enablers of ecosystem-based management. While recent studies, including our own, have shown the potential of eDNA to detect even rare, highly mobile, marine organisms, questions remain about the spatial and temporal resolution of marine eDNA. We have explored these questions in marine settings around New Zealand and find extraordinary spatial resolution in our eDNA work. Temporal effects also appear to be surprisingly modest. I will discuss our findings in the context of future plans to monitor our aquatic systems for fisheries, conservation, biosecurity, and other purposes including the occasional monster hunt. In that final context I will explore how that rollicking tale of monster hunting captured the imagination of the public and media and presented an unprecedented opportunity to talk about genetics and evolutionary science in a fresh way.

演者紹介：Gemmell 氏はオタゴ大学教授で、分子生態学や保全学、進化生物学分野を含む様々なプロジェクトのリーダーを務めていらっしゃいます。中でも今回は 2019 年に世界的な話題となったネス湖・ネッシーの謎に迫るプロジェクトについて、裏話なども交えながらお話しいただく機会となりました。「無いことを証明することの難しさ、皆さんの調査・研究にも通じるお話となるのではないのでしょうか。

Jordana Meyer (Stanford University, U.S.A.)

Our world we live in is a complicated web of species interactions, including with yourself, both directly and indirectly impacting individuals through to ecosystems and the planet. Global biodiversity is threatened by the anthropogenic restructuring of animal communities, rewiring species interaction networks in real-time as individuals are eradicated or introduced and even hybridizing with changing climates. We are working towards more rapid, quantitative, and non-invasive technologies for robustly capturing changing biodiversity and quantifying species interactions through molecular ecological networks. Feces is gold in this respect, and I cannot get away from it in my work, as it constructs the network of these interactions (diet, microbiome, parasites) and reveals the reproductive health, level of stress, individual genetic identity, and the biodiversity of an area. Through fecal surveys we were able to capture mammal assemblages better than camera traps, understand the effect of fluctuating predator populations on plant communities, identify keystone species and determine the structure of the community. I will discuss our findings from a California ecosystem impacted by the natural return of an apex predator, to the unique hybrid elephants in the Congo and how eDNA plays a role in these assessments. I will also be sharing with you my personal web of different pathways in the sciences and academia, all leading to conservation efforts.

演者紹介：Jordana Meyer 博士は、保全ゲノミクス、内分泌学、動物行動学を専門とする生態学者で、現在、スタンフォード大学の博士課程に在籍し、非侵襲的な DNA メタバーコーディング法を用いて、人新世における生態系ネットワークの再構築について研究しています。コンゴ民主共和国では、サバンナに生息するゾウと森林性のゾウのハイブリッド化が、生態系とゾウの健康にどのような影響を与えているかを研究しています。将来の研究目標は、保全ゲノム技術とネットワーク理論を応用して再野生化の取り組みの効果を向上させることです。また、次世代の自然保護活動家を育成するために、留学支援団体 Wildtrax Explorations を運営しています。

Session III **みんなで語ろう！環境 DNA の展望とキャリアパス** (in Japanese)

環境 DNA に関する話題を通して、会員同士の交流をはかるトークセッションです。環境 DNA 分析が今後どのように発展するか？分析での困り事で他の人はどうしているの？などなど環境 DNA 分析の話題を通して若手どうしの交流、あるいは年代や経験の差を超えた交流の場をつくります。また、若手のキャリアパスを考えるきっかけとして、企業や研究所における環境 DNA 分析業務を現場の方々からお伺いし、学生やポスドクなど若手層からの就職や研究に関連した質問にもお答えいただきます。環境 DNA 分析は多くの人に開かれた技術として誕生し、また多くの人々がコミットする形で磨かれてきました。今はコロナ禍で交流が制限されていますが、学会の夜にみんなで環境 DNA の展望を語り合いましょう。

11月21日(日)9:30 - 11:00 / November 21st (Sun) 9:30 - 11:00

I メタ解析・データシミュレーションのススメ

Encouraging meta-analysis and data simulation for eDNA analysis

企画者：徐 寿明（龍谷大学）

Organizer: Toshiaki Jo (Faculty of Advanced Science and Technology, Ryukoku University)

メタ解析とは、複数の研究結果を収集し、定量的に統合する分析アプローチである。ある結果が研究間で一致しない場合や、個々の研究では統計的有意性を検出しにくい場合に有効な手段であり、社会科学・医学・生態学など多様な研究分野で活用されている。そのためメタ解析は、環境 DNA 研究間でのコンセンサスの形成や、未知なる環境 DNA の性質・動態の解明にとっても有望かもしれない。また、野外での環境 DNA の時空間動態を真に理解し、より精度の高い生物分布・量の推定を行う上で、野外調査や屋内実験はもちろんのこと、数理モデリングやデータシミュレーションもまた、私たちに重要な洞察を与えてくれるに違いない。本企画では、環境 DNA 研究におけるメタ解析およびデータシミュレーションの例を紹介し、これらアプローチが本技術および「環境 DNA 学」のさらなる発展にどのような貢献を果たすのか議論したい。

Meta-analysis is the statistical approach that collects and quantitatively synthesizes multiple studies' results. It can be effective when there is a conflicting result among studies, and the sample size of each study is too small to detect statistical significance, being used in diverse study areas, such as medicine, psychology, and ecology. Meta-analysis may thus be promising for reaching a consensus among environmental DNA (eDNA) studies and elucidating unknown eDNA characteristics and dynamics. In addition, to say nothing of field sampling and laboratory experiments, mathematical modeling and data simulation can also provide us with profound insights to fully understand the spatiotemporal range of eDNA signals and precisely estimate species distribution/abundance in the field. In the workshop, we introduce some applications of meta-analysis and data simulation in eDNA studies and discuss how these approaches contribute to the further development of eDNA analysis and 'the science of eDNA'.

「企画説明」 徐 寿明（龍谷大学）

Introduction Toshiaki Jo (Ryukoku University)

「環境 DNA の性質および動態をメタ解析から探る」

徐 寿明、山中 裕樹（龍谷大学）

Meta-analysis sheds light on the characteristics and dynamics of environmental DNA

Toshiaki Jo, Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)

「オープンデータとメタ解析」 中臺 亮介（国立環境研究所）

Open data and meta-analysis

Ryosuke Nakadai (National Institute for Environmental Studies)

「環境 DNA 分解予測モデリング ～環境 DNA の分解要因をメタ解析から探る～」

齊藤 達也（兵庫県立大学）

Modeling and simulation of eDNA degradation rates: A meta-analysis approach

Tatsuya Saito (University of Hyogo)

「環境 DNA は魚類の分布状況を反映できるのか？ ～河川物質動態シミュレーションによる検討～」

小林 勘太（山口大学大学院 創成科学研究科）

Can environmental DNA reflect the spatial distribution of fishes? —a simulation study with material dynamics model in the river—

Kanta Kobayashi (Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Yamaguchi University)

「質疑・総合議論」

Discussion

1) 企画説明

Introduction

徐 寿明 (龍谷大学)

Toshiaki Jo (Ryukoku University)

2) 「環境 DNA の性質および動態をメタ解析から探る」

Meta-analysis sheds light on the characteristics and dynamics of environmental DNA

徐 寿明、山中 裕樹 (龍谷大学)

Toshiaki Jo, Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)

検出された環境 DNA から生物の分布や量を適正に解釈する上で、環境 DNA の性質および動態の理解は極めて重要である。こうした環境 DNA の基礎研究は未だ限られているものの、この 10 年あまりで積み重ねられてきた数多くの研究結果を統合することで、環境 DNA の性質および動態に関する新たな洞察が得られるかもしれない。そこで私たちは、これまで発表されてきた 700 本以上の先行研究に基づき、(1) 環境 DNA に基づく生物量推定精度 (R^2 値) に対する環境 DNA の由来および存在状態の影響、(2) 河川における環境 DNA の移流に関するメタ解析を実施した。前者の研究では、対象とする分類群やフィルター孔径サイズ、環境などによって生物量推定精度が異なることを発見した。また後者の研究では、環境 DNA の平均移流距離および沈積速度を推定し、環境 DNA の下流方向への一般的な移流距離とそれを考慮したサンプリングデザインに関する示唆が得られた。

Understanding the characteristics and dynamics of eDNA are critical to precisely interpret species distribution and abundance from eDNA detection. Although such eDNA basic information is still limited, integrating the eDNA studies published during this decade may shed new light on eDNA characteristics and dynamics. Here, we conducted meta-analyses based on more than 700 eDNA papers to examine (1) the effects of eDNA production source and state on the abundance estimation accuracy via eDNA (R^2 value) and (2) the downstream transport of eDNA in riverine environments. In the former, we found that the estimation accuracy varied depending on target taxa, filter pore size, and environments. In the latter, we estimated the average transport length and depositional velocity of eDNA in the river, inferring the general distance of eDNA downstream transport and an optimal eDNA sampling design taking it into account.

3) 「オープンデータとメタ解析」

Open data and meta-analysis

中臺 亮介 (国立環境研究所)

Ryosuke Nakadai (National Institute for Environmental Studies)

研究の中で用いたデータを公開する「オープンデータ」の流れが近年急速に拡大している。これにより、各論文が算出した値を用いたメタ解析のみならず、個々の研究が測定あるいは検出した解析前の元データを用いた研究が容易になりつつある。本発表では、はじめにオープンデータやメタ解析について、近年の研究状況を簡単に説明する。また、オープンデータを用いた研究の一例として、発表者が行った環境 DNA により明らかにされた全球の海洋微生物群集データと毎木調査の樹木群集データを比較し、両者の群集パターンの共通点と相違点について整理を行った研究について紹介する。最後に環境 DNA 分野において、オープンデータやメタ解析がもたらす利点について展望について述べる。

In recent years, the trend of "open data," in which data used in research are made public, has been rapidly expanding. Consequently, it has become much easier to conduct not only meta-analysis using values calculated in each article but also researches using original datasets before processing in

each study. In my presentation, I will explain recent situations on both open data and meta-analysis firstly. Also, I will introduce our study as an example of research using open data. In the study, we compared global marine microbial community dataset revealed by environmental DNA with global tree community dataset, and summarized their similarities and differences between patterns from micro- and macro-organisms. Finally, I would like to argue perspectives of the benefits of open data and meta-analysis in the field of environmental DNA.

4) 「環境 DNA 分解予測モデリング ～環境 DNA の分解要因をメタ解析から探る～」

Modeling and simulation of eDNA degradation rates: A meta-analysis approach

齊藤 達也 (兵庫県立大学)

Tatsuya Saito (University of Hyogo)

環境 DNA は環境中で様々な分解の影響を受けている。分解の影響を考慮しなければ生物量の過小評価や、希少種や絶滅危惧種の検出で偽陰性を引き起こし、結果の解釈に影響を及ぼす可能性がある。環境 DNA の分解要因を明らかにするために、これまで様々な条件（水温、pH、塩分、水域、DNA 領域、PCR 増幅長）で分解実験が行われてきた。しかし、様々な環境における環境 DNA の分解をよりよく理解し、総合的に判断するためには、これらの研究から得られたデータを統合的に評価することが重要である。私たちは、これまでに発表されてきた環境 DNA の分解を検証した先行研究のデータに基づくメタ解析を行い、環境 DNA の分解率と関連する分解要因を明らかにした (Saito & Doi 2021 DOI: 10.3389/fevo.2021.623831)。また私たちは、データから作成されたモデルによるシミュレーションで、水温と PCR 増幅長の様々な組み合わせにおいての環境 DNA 分解率を予測した。

Environmental DNA (eDNA) subjected to various degradation effects in the environment. The eDNA degradation may cause underestimation of biomass and false negatives for rare/endangered species. In order to clarify the factors that cause eDNA degradation, degradation experiments have been conducted under various conditions (water temperature, pH, salinity, water source, DNA region, and PCR amplicon length). In order to better understand and comprehensively determine the eDNA degradation in various environments, we conducted a meta-analysis study on eDNA degradation (Saito & Doi 2021 DOI: 10.3389/fevo.2021.623831). In this study, we collected the data from the previous studies described eDNA degradation in the environments to identify eDNA degradation rate and the related factors. From the 95%-quantile model, we simulated the maximum eDNA degradation rate in various combinations of water temperature and PCR amplicon length.

5) 「環境 DNA は魚類の分布状況を反映できるのか？ ～河川物質動態シミュレーションによる検討～」

Can environmental DNA reflect the spatial distribution of fishes?—a simulation study with material dynamics model in the river—

小林 勘太 (山口大学大学院 創成科学研究科)

Kanta Kobayashi (Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Yamaguchi University)

近年、河川に生息する魚類の生物量を評価するための簡易的な手法として、環境 DNA 分析の利用が増加している。もし、環境 DNA 濃度が反映する魚類の空間分布を推定できれば、河川内の魚類の生物量分布をより正確に評価することが可能になる。そこで、本研究では、魚類から放出された糞・粘液を環境 DNA のソース（環境 DNA 含有物質）として、河川生態系モデルによるシミュレーションを行うことで、環境 DNA 含有物質の反映する上流の生物量の範囲やその輸送距離について、いくつかの流量パターンで検討した。その結果、環境 DNA 含有物質濃度は魚類の流程分布を概ね反映すること、流量の増加に伴って環境 DNA 含有物質の輸送距離も長くなることが明らかとなった。さらに、種の分布特性や好適生息環境、流況の違いが、環境 DNA 含有物質濃度と上流側の生物量との対応関係に影響することが示唆された。

In recent years, the use of environmental DNA (eDNA) analysis is increasing as a simplified assessment technique for riverine fish biomass. If the spatial distribution of fishes reflected to eDNA concentrations can be estimated, the fish biomass distribution can be revealed more accurately using the eDNA analysis in rivers. In this study, we estimated the dynamics of eDNA sources (feces, mucus, etc) in the river by the simulations using our river ecosystem models. Our models revealed that the concentrations of eDNA sources generally reflected the upstream distribution of fish biomass and that the transport distance of eDNA source would increase with increasing flow regime. Our models also revealed that relationships between the concentrations of eDNA sources and upstream fish biomass were affected by the differences in ecological traits of fish species and flow regime.

6) 質疑・総合議論

Discussion

II 多様な分類群における環境 DNA 分析の現状と展望

Current status and prospects of environmental DNA analysis in various taxonomic groups

企画者：坂田 雅之（神戸大学）

Organizer: Masayuki K. Sakata (Graduate School of Human Development and Environment, Kobe University)

環境 DNA 分析の対象となる分類群は多岐にわたるがその多くは魚類が対象となっている。特に生物多様性調査として用いられる環境 DNA メタバーコーディングにおいては、MiFish プライマーの発表以降魚類を対象とした環境 DNA メタバーコーディングの技術や知見が非常に充実・発展している。その一方で魚類以外の分類群においては発展途上な部分が多い。本集会では主にそのような分類群を対象とした環境 DNA メタバーコーディングについて焦点を当て、ユニバーサルプライマーの開発・評価、リファレンスデータベースの構築、新しく開発されるユニバーサルプライマーの使用により得られる情報の利用やこれまでとは異なる領域への進出など、技術的側面と応用的側面の両方について現状を紹介し、これからの展望を議論したい。

Environmental DNA (eDNA) analysis targets various taxa, and most of them are fishes. In particular, since the publication of the MiFish primer, the technology and knowledge of eDNA metabarcoding, which is used in biodiversity surveys, have been greatly enhanced and developed for fishes. On the other hand, many taxa other than fishes are underdeveloped. In this session, mainly targeting those taxa, the topics will include the development and evaluation of universal primers, the construction of reference databases, the use of information obtained from the use of newly developed universal primers, and the expansion into new region. The current status of both technical and application aspects will be introduced and future prospects will be discussed.

企画説明 坂田 雅之（神戸大・院・発達）

Introduction Masayuki K. SAKATA (Kobe University)

「新たな環境 DNA メタバーコーディング検出系の開発と評価」

坂田 雅之（神戸大・院・発達）

Development and evaluation of new environmental DNA metabarcoding assays

Masayuki K. SAKATA (Kobe University)

「頭足綱を対象とした環境 DNA メタバーコーディング検出系の開発」

鄺 倩倩（神戸大・院・発達）、中野 智之（京都大・フィールド研）、駒井 智幸（千葉中央博）、宮 正樹（千葉中央博）、

呉 盧漢（神戸大・院・発達）、源 利文（神戸大・院・発達）

Novel universal primers for metabarcoding environmental DNA surveys of cephalopods

Qianqian Wu (Kobe Univ), Tomoyuki Nakano (Kyoto Univ), Tomoyuki Komai (Nat. Mus. Chiba),
Masaki Miya (Nat. Mus. Chiba), Luhan Wu (Kobe Univ), Toshifumi Minamoto (Kobe Univ)

「環境 DNA メタバーコーディングによる昆虫多様性検出とその課題」

今藤 夏子、角谷 拓 (国環研)、北野 雅人、北村 岳、山崎 祐二 (竹中工務店)、二橋 亮 (産総研)

Challenges in Detecting Insect Diversity by Environmental DNA Metabarcoding

Natsuko I. Kondo, Taku Kadoya (NIES), Masato Kitano, Gaku Kitamura, Yuji Yamazaki
(Takenaka Corp.), Ryo Futahashi (AIST)

「水生植物調査への環境 DNA メタバーコーディングの適用可能性」

中村 匡聡、白子 智康 (いであ株式会社)

The applicability of environmental DNA metabarcoding to aquatic plant surveys

Masatoshi Nakamura, Tomoyasu Shirako (IDEA Consultants, Inc.)

総合議論

Discussion

1) 企画説明

Introduction

坂田 雅之 (神戸大・院・発達)

Masayuki K. SAKATA (Kobe University)

2) 「新たな環境 DNA メタバーコーディング検出系の開発と評価」

Development and evaluation of new environmental DNA metabarcoding assays

坂田 雅之 (神戸大・院・発達)

Masayuki K. SAKATA (Kobe University)

超並列シーケンスを用いて複数種を網羅的に検出する環境 DNA メタバーコーディングは生物モニタリングに有効であり、魚類を中心に近年ますます利用されている。この環境 DNA メタバーコーディングにおいて、対象分類群の環境 DNA を網羅的に増幅するためのユニバーサルプライマーは最も重要な役割を持つ。本発表では、新たに環境 DNA メタバーコーディング検出系を開発する際に考慮すべき点やその評価方法について、開発中の両生類やトンボ目を対象としたユニバーサルプライマーの事例を用いて紹介する。加えて、これらの検出系を野外調査に適用した調査結果を報告する。これらの内容を踏まえて、新たな分類群を対象に環境 DNA メタバーコーディング用の検出系を開発し運用していく際の課題と展望について議論したい。

Environmental DNA (eDNA) metabarcoding, which can detect comprehensively the multiple species using high throughput sequencing, is effective for biodiversity monitoring and has been increasingly used in recent years, especially for fish. In eDNA metabarcoding, the universal primer for comprehensive amplification of eDNA of target taxa have the most important role. In this presentation, the points to be considered when developing a new eDNA metabarcoding assay and its evaluation criteria will be introduced using examples of universal primers for Amphibia and Odonata. In addition, the results of field surveys using these assays will be reported. Based on these results, the challenges and prospects for the development and application of detection assays for eDNA metabarcoding for new taxa will be discussed.

3) 「頭足綱を対象とした環境 DNA メタバーコーディング検出系の開発」

Novel universal primers for metabarcoding environmental DNA surveys of cephalopods

鄔 倩倩 (神戸大・院・発達)、中野 智之 (京都大・フィールド研)、駒井 智幸 (千葉中央博)、宮 正樹 (千葉中央博)、
呉 盧漢 (神戸大・院・発達)、源 利文 (神戸大・院・発達)

Qianqian Wu (Kobe Univ), Tomoyuki Nakano (Kyoto Univ), Tomoyuki Komai (Nat. Mus. Chiba), Masaki

生物をモニタリングする方法として環境 DNA (eDNA) 分析法が発展してきている。中でも eDNA メタバーコーディング法を用いると、一度に多種の eDNA を検出することが可能である。近年、海洋生物多様性の研究では脊椎動物については優れたメタバーコーディング系が開発され利用されている。一方、無脊椎動物については検出系の開発が遅れている。海洋生態系の多様性を把握するには、より多くの分類群を対象とした検出系の開発が必要である。本研究では、16S rRNA 領域を対象として頭足綱の eDNA メタバーコーディング検出系を開発した。代表的な 5 目 25 種の組織 DNA を使用したテストでは、全て種の DNA 増幅が確認された。また、野外環境への適用として、久米島の深層水サンプルからユウレイイカ、ゴマフイカなどいずれも深海性の頭足綱が 7 種検出された。本研究で開発した頭足綱を対象とした環境 DNA メタバーコーディング検出系は、今後頭足綱の多様性調査への適用が期待できる。

Environmental DNA (eDNA) analysis has been established as a method for monitoring aquatic organisms. Especially the eDNA metabarcoding method, which can be used to identify a lot of species with a single experiment. In marine biodiversity research, a powerful primer set for vertebrates was developed and already used in studies for marine biodiversity. However, there is few studies on eDNA metabarcoding for other invertebrates. Universal primers for identifying a variety of taxa should be developed to monitor the diversity of marine ecosystems. Here, we developed a set of universal primers for eDNA surveys of cephalopods targeting the mitochondrial 16S rRNA region. For in vitro test, tissue DNA from 25 representative species of five orders was successfully amplified. For the field test, seven deep-sea cephalopod species were detected from deep-sea samples of Kume Island. These results suggest that the established eDNA metabarcoding assay is useful for future investigations of cephalopod diversity.

4) 「環境 DNA メタバーコーディングによる昆虫多様性検出とその課題」

Challenges in Detecting Insect Diversity by Environmental DNA Metabarcoding

今藤 夏子、角谷 拓 (国環研)、北野 雅人、北村 岳、山崎 祐二 (株式会社 竹中工務店)、二橋 亮 (産総研)
Natsuko I. Kondo, Taku Kadoya (NIES), Masato Kitano, Gaku Kitamura, Yuji Yamazaki (Takenaka Corp.),
Ryo Futahashi (AIST)

環境 DNA を用いたマクロ生物の多様性検出の手法開発と実用が、近年目覚ましい速度で進められている。特に魚類では、優れたプライマーの開発とリファレンス配列のデータベース整理が進み、その検出精度において他分類群に先行している。一方、昆虫のメタバーコーディングについては、多様なプライマーが作成されてきたものの、リファレンス配列すなわち DNA バーコードの不足が大きな課題となっている。本発表では、これまで主要なターゲット領域であった COI 領域のほか、近年注目されている別領域の昆虫用メタバーコーディングプライマーについてのレビューやそれらを使用した実例の紹介を行う。また、メタバーコーディングの解析精度を高めるためにはリファレンス整備が急務である。日本産昆虫の DNA バーコードの収集状況とその課題について最近の動向を交えて議論する。

The development and practical application of methods for detecting macrobial diversity using environmental DNA has been progressing at a remarkable pace in recent years. Particularly in fishes, the development of excellent primers and reference database have enabled us to be ahead of other taxonomic groups in terms of detection accuracy. On the other hand, for insect metabarcoding, although a variety of primers have been developed, the lack of reference sequences has been a major issue. In this presentation, we will review metabarcoding primers for insects in the COI region as well as other regions that have attracted attention in recent years and introduce actual examples of their use. In addition, there is an urgent need to expand the reference database to increase the accuracy of metabarcoding analysis. The collection of DNA barcodes of Japanese insects and their issues will be discussed with recent advances.

5) 「水生植物調査への環境 DNA メタバーコーディングの適用可能性」

The applicability of environmental DNA metabarcoding to aquatic plant surveys

中村 匡聡、白子 智康（いであ株式会社）

Masatoshi Nakamura, Tomoyasu Shirako(IDEA Consultants, Inc.)

陸水域において、生態系の健全性の維持や生物多様性の保全を実現する上で、水生植物は重要な生物群である。我が国における水生植物の生息環境は、水際のコンクリート化や富栄養化等の影響により大きく減少する傾向にあり、その半数近くの種は絶滅が危惧されている。環境 DNA メタバーコーディングは、水生植物の調査手法として有効であると期待されるが、実際に適用された事例はまだほとんどない。そこで、植物（水生・陸生を含む）を対象とした DNA メタバーコーディングについて、複数の DNA マーカーを比較した事例やそれぞれのマーカーの特徴等を整理した結果を報告する。さらに、2 つのマーカーを用いて、実際の環境 DNA サンプルに適用した調査結果を紹介し、環境 DNA メタバーコーディングを水生植物調査へ適用する際の課題等を提示する。

Aquatic plants are an important group of organisms for the conservation of biodiversity in terrestrial waters, but many of their species are endangered in Japan. Environmental DNA metabarcoding is expected to be an effective survey method for aquatic plants, but there are few examples of its application. I would like to report the comparison of a few DNA markers for plants, the characteristics of those markers and the results of eDNA survey using two markers.

6) 総合討論

Discussion

III 環境 DNA 技術の社会実装：効果的な生物多様性モニタリングに向けて

Social implementation of eDNA: toward efficient biodiversity monitoring

企画者：土居 秀幸（兵庫県立大学）、荒木 仁志（北海道大学）、内井 喜美子（大阪大谷大学）、
山中 裕樹（龍谷大学）

Organizer: Hideyuki Doi (University of Hyogo; hideyuki.doi@icloud.com), Hitoshi Araki (Hokkaido University), Kimiko Uchii (Osaka Ohtani University), Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)

環境 DNA 技術は、この 10 年めざましい発展を遂げてきた。学会マニュアルの制定などを通し社会実装が促進されつつあるが、社会実装にあたり様々な課題も取り沙汰されている。特に希少種・外来種のモニタリングにおいては、その生物量を定量する精度が不透明であることや、生息密度の低い生物種においては環境 DNA 濃度が検出限界を下回る可能性が高いうえ、既存の技術では遺伝的多様性の低下に伴う絶滅リスクの上昇を把握できないことなどが問題となる。本集会では、すでに社会実装されている事例とともに、希少種・外来種の分布・生物量推定精度の検証と改良や種内変異解析手法、さらには、堆積物コアの解析を用いた長期変動解析など、環境 DNA 技術の実用性の向上を見据えた先進の研究内容についても紹介し、今後の社会実装と効果的な生物多様性モニタリングに向けた研究発展を展望する。なお、本企画集会は、環境再生保全機構環境総合研究推進費 (4-2004) と龍谷大学生物多様性科学研究センターとの共催で開催する。

Environmental DNA (eDNA) techniques has made remarkable progress in the past decade. Social implementation has been promoted through the establishment of the protocol manual of the eDNA Society. However, we still have various issues for social implementation. In particular, in the monitoring of rare and invasive species, the accuracy of quantifying their abundance is uncertain, eDNA concentrations are likely to fall below detection limits for the species with low local densities, and the existing techniques could not investigate the extinction risk of species using the data of declining genetic diversity. Here, we will introduce some practical examples of social implementation of eDNA techniques, as well as the advanced studies to improve the practicality of eDNA techniques, e.g., improvement of the accuracy of estimating the distribution and biomass of rare and exotic

species, eDNA methods for intraspecific variation analysis, and long-term variation analysis using sedimentary eDNA analysis. This meeting is co-sponsored by the Environmental Restoration and Conservation Agency (4-2004) and Center for Biodiversity Science, Ryukoku University.

1. 「企画説明」 土居 秀幸（兵庫県立大学）
Introduction Hideyuki Doi (University of Hyogo)
2. 「希少種・外来種管理への応用」 荒木 仁志（北海道大学）
Applying eDNA to managements of rare/invasive species
Hitoshi Araki (Hokkaido University)
3. 「環境 DNA による種内変異解析と保全への展開」 内井 喜美子（大阪大谷大学）
Use of environmental DNA approach to evaluate genetic variation within species and its application for conservation Kimiko Uchii (Osaka Ohtani University)
4. 「堆積物コアからの長期生物量動態解析」 土居 秀幸（兵庫県立大学）、加 三千宣（愛媛大学）
Sedimentary DNA analysis for long-term reconstruction of biomass dynamics
Hideyuki Doi (University of Hyogo), Michinobu Kuwae (Ehime University)
5. 「環境 DNA 分析の社会実装：現場から見た課題と期待」 岡村 嵩彦、廣原 嵩也、中道 友規、西川 崇範、林 正敏、小野 真宏（株式会社 KANSO テクノス）
Social implementation of eDNA analysis: the expectation and issue from on-site
Takahiro Okamura, Takaya Hirohara, Tomoki Nakamichi, Takanori Nishikawa, Masatoshi Hayashi, Masahiro Ono (KANSO TECHNOS CO., LTD.)
6. 「びわ湖の日チャレンジによる市民参加湖岸 100 地点調査と今後への期待」
山中 裕樹（龍谷大学）
Lake Biwa Challenge: 100 sites eDNA survey by citizens and future perspectives
Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)
7. 「総合討論」 荒木 仁志（北海道大学）
Discussion Hitoshi Araki (Hokkaido University)

1) 企画説明

Introduction

土居 秀幸（兵庫県立大学）
Hideyuki Doi (University of Hyogo)

2) 希少種・外来種管理への応用

Applying eDNA to managements of rare/invasive species

荒木 仁志（北海道大学）
Hitoshi Araki (Hokkaido University)

脊椎動物を対象とする環境 DNA 研究は外来ウシガエルの研究に端を発する。その後の研究開発に伴い、環境 DNA 技術は急速な進展を遂げつつある。また実践研究により、普通種をはじめ様々な生物の分布・動態把握への応用が試みられてきた。一方で日本国内はもとより、世界中で様々な外来種の分布拡大が問題となっており、固有性の高い希少種の分布縮小や個体数減少も増える一方である。この自由集会で紹介された様々な新規環境 DNA 技術や知見は、どうすればこれらの問題を解決に導く一助となるだろうか。ここでは実際に希少種・外来種の環境 DNA 検出を試みた例を紹介すると共に、今後の社会実装や野生生物管理への応用可能性について議論する。

eDNA technologies have been contributing to our understanding of species distributions. They include rare/invasive species, and the technical improvements enable us to find them better than ever. On the other hand, more and more species became invasive or endangered, and practical solutions for their managements are urgently required. Here we discuss how new eDNA-related technologies, including

ones discussed in this session, can possibly improve our wildlife management.

3) 環境 DNA による種内変異解析と保全への展開

Use of environmental DNA approach to evaluate genetic variation within species and its application for conservation

内井 喜美子 (大阪大谷大学)

Kimiko Uchii (Osaka Ohtani University)

環境 DNA 分析は DNA 塩基配列情報に基づき種を判別する。この原理をもってすれば、種だけではなく種内変異を捉えることも可能である。とくに近年のシーケンシング技術の発達、大量の塩基配列情報に基づく種内変異解析法の発達の後押しとなっている。そこで環境総合研究推進費 (4-2004) では、超並列シーケンシングを用いた環境 DNA 分析により、希少種の遺伝的多様性や外来種の個体群遺伝構造を推定し、それらを保全へ活用することを目指し研究を進めている。本講演では、希少種のモデルとして、環境省により絶滅危惧 IA 類に指定されているホンモロコの地域個体群の遺伝的多様性を評価した事例と保全への活用可能性についてお話しする。また外来種のモデルとして、外来生物法により特定外来生物に指定されているブルーギルの個体群遺伝構造を解析した事例も紹介したい。

Environmental DNA method identifies species based on their DNA sequences. Thus it is in principle possible to identify genetic variation within species. The development of sequencing technology facilitates the use of eDNA analysis to investigate genetic variation based on large amounts of sequence data. In the current project supported by the Environment Research and Technology Development Fund (JPMEERF20204004), we are aiming to develop effective conservation strategies by using eDNA analysis to evaluate the genetic diversity of rare species and the population genetic structure of alien species. In this talk, I will present our eDNA-based approach using high-throughput sequencing to estimate the genetic diversity of local populations of endangered honmoroko (*Gnathopogon caeruleus*) and to assess the genetic structure of widespread populations of invasive bluegill sunfish (*Lepomis macrochirus*).

4) 堆積物コアからの長期生物量動態解析

Sedimentary DNA analysis for long-term reconstruction of biomass dynamics

土居 秀幸 (兵庫県立大学)、加 三千宣 (愛媛大学)

Hideyuki Doi (University of Hyogo), Michinobu Kuwae (Ehime University)

堆積物 DNA は、堆積物中に長期間保存される環境 DNA であり、水生生物の生物量動態を復元できる可能性がある。そこで、Kuwae, Tamai, Doi et al. (2020) Comm. Biol. では、魚類の生物量動態を復元するために堆積物 DNA 手法の有用性を検討しました。海洋堆積物に含まれる魚類 DNA を用いて、海洋水域における魚類の生物量の過去の動態を追跡できるかどうかを検討した。別府湾の海底堆積物から採取した堆積物コアサンプルについて堆積物 DNA を定量 PCR により定量した。その結果、過去 300 年間の堆積物中の 3 つの主要魚種 (カタクチイワシ、イワシ、マアジ) の堆積物 DNA から得られた魚類 DNA 濃度の時間的変化は、3 種とも日本での水揚げ量やイワシの堆積魚鱗量の変化と一致していた。このように、堆積物 DNA は魚類資源の 10 年単位の動態を追跡するために使用できる可能性がある。また、堆積物コアデータの因果関係分析 (Doi, Yasuhara, Ushio 2021 Biol. Lett) を用いた堆積物 DNA 解析の今後についても議論したい。

The sedimentary DNA (sedDNA) of organisms is a type of eDNA that is preserved for long periods, and could be used as successive proxy data for aquatic organisms. In Kuwae, Tamai, Doi et al. (2020) Comm. Biol., we examined the utility of sedDNA techniques to reconstruct the dynamics in the fish abundance. We used fish DNA in marine sediments and examined whether it could be used to track the past dynamics of pelagic fish abundance in marine waters. Quantitative PCR for sedDNA was applied on sediment-core samples collected from anoxic bottom sediments in Beppu Bay, Japan. The sedDNA of three dominant fish species (anchovy, sardine, and jack mackerel) were quantified in

sediment sequences spanning the last 300 years. Temporal changes in fish DNA concentrations are consistent with those of landings in Japan for all three species and with those of sardine fish scale concentrations. Thus, sedDNA could be used to track decadal-centennial dynamics of fish abundance. We also discuss the utility of sedDNA data with causality analysis for sediment-core data (Doi, Yasuhara, Ushio 2021 Biol. Lett.).

5) 環境 DNA 分析の社会実装：現場から見た課題と期待

Social implementation of eDNA analysis: the expectation and issue from on-site

岡村 嵩彦、廣原 嵩也、中道 友規、西川 崇範、林 正敏、小野 真宏（株式会社 KANSO テクノス）

Takahiro Okamura, Takaya Hirohara, Tomoki Nakamichi, Takanori Nishikawa, Masatoshi Hayashi, Masahiro Ono (KANSO TECHNOS CO., LTD.)

環境 DNA 技術は、一般社会への普及が進んでおりメディア等でも取り上げられることが多くなってきている。さらには河川水辺の国勢調査への導入も検討されているなど、今後もより社会への普及が進んでいくと予想される。弊社では、環境 DNA 技術の特殊性を踏まえた社内での技術定着・専用分析区画の確保等を経て、現在受注分析を含む実際の調査現場での利活用を進めている。社会実装における環境 DNA 技術は、特殊な同定技術に左右されず短時間で広域調査が可能であり、今後求められる低コスト化や効率化等の社会的要求に適した持続可能な技術である一方、定量性の確保や解析データの結果解釈等の課題も多く残されている。本セッションでは、弊社での取り組み、および環境 DNA 技術を用いた調査事例を紹介し、本技術を活用する立場として環境 DNA 技術に抱く期待、今後の社会実装に向けた課題、そしてこれからの取り組みについて議論を行う。

Environmental DNA (eDNA) analysis is becoming popular in the society, and the technology is featured in many news media. Furthermore, introduction of the technology in national census of river environment is being considered, so it is expected to become more widespread in the society in the future. Currently, we are promoting the use of this technology for contract work after establishing the technology in our company, and after a special laboratory is built in consideration of the unique properties of the technology. eDNA analysis is a sustainable technology that can cover a wide research area in a short period of time without the need of a biological identification skill, and the low cost and efficiency of the technology will follow the social requirement needed in the future. On the other hand, there are still some issues to be cleared, such as ensuring the representativeness and the interpretation of the analytical data. In this session, we will introduce our activities for eDNA analysis including actual case studies, discuss the expectations for eDNA analysis as a user of this technology, the issues for future social implementation, and other future activities regarding the technology.

6) びわ湖の日チャレンジによる市民参加湖岸 100 地点調査と今後への期待

Lake Biwa Challenge: 100 sites eDNA survey by citizens and future perspectives

山中 裕樹（龍谷大学）

Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)

龍谷大学生物多様性科学研究センターではびわ湖の日制定 40 周年となる 2021 年夏、市民参加型で琵琶湖湖岸部 100 地点で環境 DNA サンプルングを実施した。サンプルングは市民団体や企業など 8 の団体の協力のもと 8 月に行われ、センターで魚類を対象としたメタバーコーディングに供された。結果としておよそ 50 種群の魚類が検出され、高解像度に湖岸部での魚類の分布が市民の貢献によって明らかにされた。環境 DNA 分析の特性を生かして時空間的に高解像度な生物多様性情報を取得するには、活動に意欲的に参加してくれる市民の存在が欠かせない。市民参加型モニタリングは今後各地で増加すると思われるが、滋賀県で進んでいる 1 ケーススタディーとして、他地域での参考となるよう企画から実施、そして今後に展望を含めて情報提供したい。

In the summer of 2021, the 40th anniversary of the establishment of Lake Biwa Day, the Ryukoku Center for Biodiversity Science conducted environmental DNA sampling at 100 sites along the shores of Lake Biwa with the participation of citizens. The sampling was conducted in August, and

the samples were subjected to MiFish metabarcoding. As a result, about 50 fish lineages were detected, and the distribution of fishes in the lake was revealed with high spatial resolution thanks to the contribution of citizens. The number of citizens' eDNA monitoring is expected to increase in the future. I introduce this project so that it can be used as a reference case study in other areas.

7) 総合討論

Discussion

荒木 仁志（北海道大学）

Hitoshi Araki (Hokkaido University)

11月21日(日)11:05 - 11:45 / November 21st (Sun) 11:05 - 11:45

環境 DNA とイルミナ - 今までとこれから (イルミナ株式会社)

小林 孝史氏 (イルミナ株式会社 技術営業部 シニアアプライドゲノミクススペシャリスト)

環境 DNA 解析の主にメタバーコーディング解析(網羅的に生息生物の有無を推定するアプリケーション)には、弊社次世代シーケンサーが使用される。特に、環境 DNA 学会の環境 DNA 調査・実験マニュアル (<https://doi.org/10.1002/edn3.121>) では弊社 MiSeq を使用することを想定している。

今回の企業プレゼンテーションではこれまでの弊社の環境 DNA にかかわるプロモーション活動を紹介した上、環境 DNA メタバーコーディングにおけるイルミナ次世代シーケンサーのマーケットシェアやいくつかの論文、および弊社で特集したお客様のインタビューなどをまとめて紹介する。

後半では、主にアジア地区における環境 DNA の活動について海外の事例について紹介する。来年早々に行われる予定のオーストラリアで行われる環境 DNA カンファレンス (<http://www.ednaconference.com.au/>) に関しても触れる。

モバイル PCR 装置活用事例のご紹介 (株式会社ゴーフォトン)

西澤 尚文氏 (株式会社ゴーフォトン 代表取締役)

携行型高速 PCR 装置「PicoGene PCR1100 (日本板硝子(株)製)」を利用した、現場で簡易・迅速に環境 DNA 分析を行うシステムのデザインと、様々なアプリケーションを可能にする検出試薬キットの開発・販売を行っています。

今回は、弊社が提案する環境 DNA 分析システムの活用事例を紹介します。

1. 水道水源におけるカビ臭産生ラン藻類の調査

全国の水道水源で問題となっているカビ臭の原因となるラン藻類の発生状況を、カビ臭合成酵素関連遺伝子を標的とする検出系により、現地で 30 分の作業で測定することが可能になりました。公定法の顕微鏡によるカビ臭原因ラン藻類の計測データ、GC/MS によるカビ臭気原因物質の測定データとの比較結果を紹介します。

2. 教育現場での利用

麻布大学との産学連携事業として、環境 DNA 分析の教材化に取り組みました。水槽の魚類の種判別を行うことをテーマとして環境 DNA 分析の原理を学ぶ授業を企画し、教員による解説と、採水・ろ過～PCR 分析の実験を 50 分の実習授業として実施した事例を紹介します。

11月21日(日)13:00 - 15:30 / November 21st (Sun) 13:00 - 15:30

環境 DNA 市民科学ー参加型調査で地域の生態系を見つける

Environmental DNA Citizen Sciences –Keeping our Eyes on Our Local Ecosystems

地球温暖化、と言われても自分にできることはない、と感じておられる方も多いのではないのでしょうか。でも、地球全体の環境変化は身近な生態系にも影響を及ぼします。これを我々が自分たちで見守る手段の一つとして、「現場では水を汲むだけ」の環境 DNA が市民調査や教育に導入され始めています。加えて多地点での観測も始まり、生態学の新たな分野として期待が高まりつつあります。本シンポジウムでは札幌・南三陸・福岡の3地点を結び、地域参加型の実践的な生態系見守り活動の工夫と手応えを発信します。「環境 DNA 市民科学」の可能性について各会場やオンラインで語り合しましょう！

【方式】 Zoom ウェビナー（札幌では会場参加を推奨）

【参加費】 無料（オンライン、会場共）

【参加登録サイト】 こちらからお申し込みください（会場では当日参加可ですが、事前登録に御協力ください。）

<https://forms.gle/owT3UKoz4RGnum589>

※一般公開シンポジウムのみに参加される方は、上記参加登録サイトよりお申込み下さい。

※大会参加登録を既にお済ませの方は、こちらでの登録は不要です。

【オンサイト会場】

札幌：北海道大学地球環境科学院 D201

アクセス：札幌市北区北 10 条西 5 丁目

www.hokudai.ac.jp/bureau/property/ees/access/

【プログラム】 2021 年 11 月 21 日（日） 13:00-15:30

13:00 - 13:05 **開会のご挨拶**

清野 聡子（九州大学）

13:05 - 13:25 **「豊平川：サケが遡上する都市河川」**

有賀 望（札幌市豊平川さけ科学館・札幌ワイルドサーモンプロジェクト）、藤井和也、荒木仁志（北海道大学）

13:25 - 13:45 **「三陸沿岸：豊かな漁場」**

鈴木 将太（南三陸ネイチャーセンター）、近藤 倫生（東北大学）

13:45 - 14:05 **「博多湾：都市の身近な海」**

九州大学、環境 DNA イベント参加者、サポーター

14:05 - 14:40 **討議 環境 DNA で調べた身近な水辺、こんなに面白い！**

14:40 - 15:20 **市民参加型・多地点環境 DNA プロジェクトの紹介**

近藤 倫生（東北大学）、笠井 亮秀（北海道大学）、山本 朋範（科学コミュニケーター）

15:20 - 15:30 **総合討論 環境 DNA ×多地点×市民科学の可能性を語ろう！**

進行：清野 聡子（九州大学）

15:30 **閉会**

【一般公開シンポジウム企画・実行委員会】

企画・実行委員長 清野 聡子（九州大学）

企画・実行委員 近藤 倫生（東北大学）

荒木 仁志（北海道大学）

笠井 亮秀（北海道大学）

峰岸 有紀（東京大学）

実行委員

札幌市： 藤井 和也（北海道大学・株式会社 福田水文センター）

三塚 多佳志（北海道大学・パシフィックコンサルタンツ株式会社）

内海 俊介（北海道大学）、根岸淳二郎（北海道大学）

南三陸町： 鈴木 将太（南三陸ネイチャーセンター）

福岡市： 鶴木（加藤）陽子（九州大学）

高比良 光治（九州環境管理協会）

大井 和之（九州環境管理協会）

共催：環境研究総合推進費（JPMEERF20202004）、九州大学うみつなぎふくおか
本シンポジウムに関するお問い合わせ ednameeting2021.sympo@gmail.com

11月21日(日)15:45 - 16:45 / November 21st (Sun) 15:45 - 16:45

環境 DNA メタバーコーディング解析 Q & A

講師：潮 雅之 特定准教授（京都大学白眉研究センター）

環境 DNA 技術は、生物分布や生物量等に関する情報を得るための有力な手法として注目を集めています。このうちメタバーコーディングは、質、量ともに、これまで想像もできなかった類の DNA データを生み出しています。効率的に有効なデータを取得し、解釈するには、プライマーデザインからデータのクオリティコントロール、解析まで、多くのステップで注意を必要とします。本技術セミナーでは、環境 DNA 技術におけるメタバーコーディングについて、Q&A 方式を用いて実践的な問題を中心に議論します。

【内容】

Zoom ウェビナーを用いたオンライン形式で、Q&A 方式で実際に実験や分析を行うにあたり学会員が直面する問題について議論します。

【プログラム】

15:45 - 15:50 挨拶、概要説明（小出水規行・峰岸有紀）

15:50 - 16:05 講演（潮 雅之：環境 DNA・メタバーコーディング分析にかかわる最近の話題）

16:05 - 16:45 Q&A（講師：潮 雅之、進行：小出水・峰岸）

Zoom 上でポケトーク（翻訳機）による英語訳が講演者画面に表示される

【視聴方法】

Zoom ウェビナーの URL は後日、参加者へご案内します。今回は Q&A 方式のセミナーです。当日質問を検討されている方はマイクやカメラなど、必要な設備を予め準備ください。

Environmental DNA Metabarcoding Analysis in Practice (Q&A)

Masayuki Ushio (Kyoto University)

The eDNA Society will hold a technical seminar at The 4th annual meeting of The eDNA Society in order to promote eDNA technology. The purpose of the technical seminar is to provide you a place where members can directly discuss various technical and specific problems you are facing. The subject of this technical seminar is eDNA metabarcoding with Q&A format. The seminar will be held using ZOOM.

【Point】

eDNA technology is attracting much attentions as a powerful method for obtaining the information on the distribution and abundance of organisms. eDNA metabarcoding produces the DNA data that we have never handled in terms of both quality and quantity. To efficiently collect and accurately interpret the eDNA data, we should be very careful at many steps from primer design to quality control and analysis of data. In this technical seminar, we will discuss eDNA metabarcoding focusing on practical issues using a Q & A format.

【Contents】

We will discuss the practical and specific problems in conducting experiments and analyses of eDNA metabarcoding using Zoom meetings with a Q & A format.

【Program】

15:45 - 15:50 Overview (Noriyuki Koizumi, Yuki Minegishi)

15:50 - 16:05 Lecture "Recent Topics in eDNA and Metabarcoding Analysis" (Masayuki Ushio)
16:05 - 16:45 Q & A (Lecturer: Masayuki Ushio; MC: Noriyuki Koizumi, Yuki Minegishi)

【How to watch】

The URL for the Zoom webinar will be announced to the preregistered participants later. If you are planning to ask questions during the seminar, please prepare necessary equipment such as microphone and camera in advance.

ゴーフォトン、環境DNA分析法の社会実装を目指しています。
PCR装置の販売、簡便な環境DNA分析法の開発、環境DNA用各種検出キットの開発・販売、並びに環境DNA分析受託サービスを主としています。

取り扱い製品ラインアップ:

①モバイルリアルタイムPCR装置、PicoGene® PCR1100

(日本板硝子(株)製)

特長:

- ・超高速(15分、50サイクル)
- ・持ち運び可能(バッテリー駆動可能)
- ・マルチプレックス対応(3種を同時に検出)



<https://pcr.gofoton.co.jp/index.html>

②高速リアルタイムPCRシステム、GF-Q150

(倉敷紡績(株)製)

特長:

- ・高速(12分、30サイクル)
- ・複数同時検出(~10サンプル)
- ・専用ソフトで簡単解析



<https://www.kurabo.co.jp/bio/product/products.php?M=D&PID=188>

製品ラインアップ:

種特異的マスターミックス

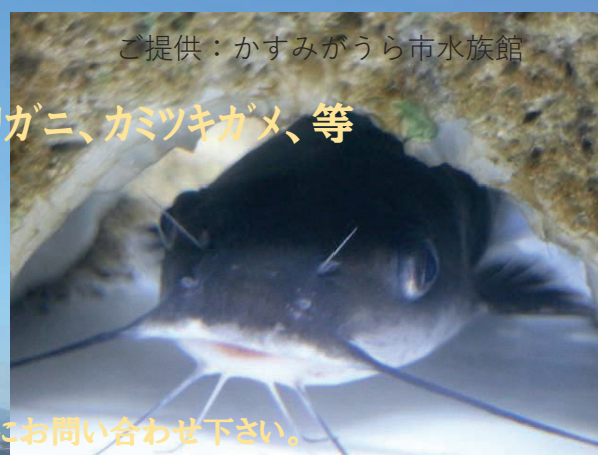
(高速PCRに最適化、検体と混ぜるだけで使用可能)

単独種検出用: 鮎、マンソン住血吸虫、ウチダザリガニ、カミツキガメ、等

マルチプレックス: 複数種を同時検出

- ・ニホンウナギ、ヨーロッパウナギ
- ・オオサンショウウオ、チュウゴクサンショウウオ
- ・オオクチバス、コクチバス、ブルーギル
- ・キタノメダカ、ミナミメダカ

これ以外にも各種マスターミックスの開発を行っております。お気軽にお問い合わせ下さい。



受託サービス

- ・種特異的DNA解析
- ・網羅的DNA解析(メタバーコーディング)

採取された水サンプルを弊社に送付頂ければ、学会法で、ろ過・抽出・PCR検出まで一括分析を行います。

NGS を用いた 環境 DNA 解析を 1 から学ぼう！

動画で学ぼう 環境 DNA とは？

環境 DNA (eDNA) を
次世代シーケンサー (NGS) で
解析することで、どのようにゲノム研究に
新たなレベルの洞察をもたらすのか
ビデオでご紹介



研究者のインタビュー記事 顧客事例、ウェビナーなど 情報が満載



iSeq™ 100 システム

簡潔さを追求してデザインされたこのシステムにより、あらゆる規模のラボで
DNA や RNA のシーケンスがボタンを押すだけでできるようになりました。簡単
でお求めやすい価格の次世代シーケンサーです。



詳細はこちら

<https://ilmnmkt.illumina.com/2016007479>

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階

TEL. 03-4578-2800 FAX. 03-4578-2810

jp.illumina.com www.facebook.com/illuminakk

©2021 Illumina, Inc. All right reserved.

illumina®

人と自然により良い環境を
後世に残すために。

私たちは心を込めた技術で北海道の地域づくりに貢献します。

業務内容

- 河川・砂防・道路の調査・計画・解析・設計
- 自然環境調査及びモニタリング(河川・湖沼・陸域)
- ワークショップ(各種委員会・検討会)の企画・運営
- 公共施設の保全・補修・長寿命化
- 公共工事の施工管理



株式会社 **北海道技術コンサルタント**

代表取締役社長 関部 健治

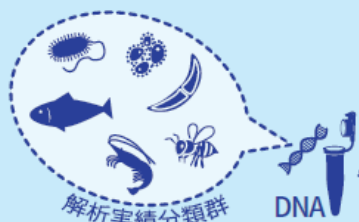
札幌市東区苗穂町4丁目2番8号

電話:011-753-5560

FAX:011-753-4814

<https://www.dogi.co.jp/>

独自開発・ハイスループット！低コストNGS解析!!



解析実績分類群

DNA



解析実績サンプル

環境DNA解析

16S, 18Sアンプリコン解析

NNNプライマー法

魚類などマクロ生物も対応

ライブラリー調製

4,000円/サンプル

シーケンス1ラン

160,000円 (iSeq)

300,000円 (MiSeq v3)

データ解析
追加可能

PhiX
添加不要

トランスクリプトーム解析

RNA-Seq

ライブラリー調製

3,600円/サンプル

シーケンス (HiSeq X)

200,000円/レーン

Lasy-Seq v1.1,
Kamitani et al, (2019),
Sci. Rep.

低コストで
多検体の解析
が可能に！

ゲノムワイドSNP解析

ddRAD-Seq

ライブラリー調製

1,500円/サンプル

シーケンス (HiSeqX)

200,000円/レーン

多検体を
効率よく解析
が可能に！

多検体NGS解析受託サービス

数サンプル〜数千以上に幅広く対応いたします。

詳細はこちらをご覧ください。 <https://bit.ly/3zqoZBP>



お見積りのご相談は

一般社団法人クロックミクス

E-mail: info@clockmics.com

clockmics

講演会・セミナー・イベント・ミーティングなど オンライン配信でお困りの企業のご担当社様 ライブ配信は、シーエーブイにお任せください!

配信側 ▶▶▶▶▶

講演会・セミナー会場

クロマキーを使用した背景の合成&ライブ配信



※詳しくはお問い合わせください。



撮影・中継用カメラ
集音マイク・照明機材

講演会やセミナー・イベントなどのライブ映像配信や
スライド等の配信が可能!

ZoomやYouTubeなどのあらゆるアプリケーション、
ストリーミングサービスに対応!

※お客様のご希望に合わせて機材の準備をいたします!

ライブ配信イメージ



配信用スイッチャー



ホストPC PPT等資料



インターネット配信

▶▶▶▶▶ 視聴側

パソコン・タブレット・スマホ
プロジェクターetc...



YouTube ZOOM vimeo etc...

通常のライブ配信も可能です



CAV

株式会社シーエーブイ

〒003-0004 札幌市白石区東札幌4条1丁目2-20

安全ビル5F E-mail: rental@kcav.co.jp

お問い合わせ・ご相談はこちら

☎ (011) 837-2155

受付時間: 9:30~18:30 (土・日・祝日を除く)

「水」を通して、より良い暮らしを創造します

- ・建設コンサルタント登録
- ・測量事業登録
- ・地質調査業登録
- ・計量証明事業登録
- ・土壤汚染対策法に基づく指定調査機関登録
- ・ISO14001:2004
- ・ISO 9001:2008

「水文・水資源の総合コンサルタント」



(株) 福田水文センター

代表取締役 福田 浩一

URL <http://www.f-suimon.co.jp/>

本社	〒001-0024	北海道札幌市北区北24条西15丁目2-5	TEL 011-736-2371, FAX 011-736-2393
旭川支店	〒071-8123	北海道旭川市末広東3条3丁目7-5	TEL 0166-53-8520, FAX 0166-53-8561
幌延事業所	〒098-3207	北海道天塩郡幌延町宮園町12番3号	TEL 01632-5-1302, FAX 01632-5-2507
東北営業所	〒980-0011	宮城県仙台市青葉区上杉1-6-10 仙台北辰ビル	TEL 022-224-1417, FAX 022-224-1140

大会協賛・共催

協賛

イルミナ株式会社

株式会社 ゴーフォトン

一般社団法人クロックミクス

株式会社 北海道技術コンサルタント

株式会社 シーエービー

株式会社 福田水文センター

株式会社 森林環境リアライズ

共催

基調講演：

日本学術振興会研究拠点形成事業（JPJSCCB20200007）

自由集会（3）環境DNA技術の社会実装：

環境研究総合推進費（JPMEERF20204004）

龍谷大学生物多様性科学研究センター

一般公開シンポジウム：

環境研究総合推進費（JPMEERF20202004）

九州大学うみつなぎふくおか

第4回環境DNA学会年大会 実行委員会 / Meeting committee

学会事業委員会を中心に、以下のメンバーで運営されています。 / Nationwide committee members

荒木 仁志 (環境DNA学会 大会長・北海道大学) / Hitoshi Araki (Hokkaido U.)
近藤 倫生 (環境DNA学会 学会長・東北大学) / Michio Kondoh (Tohoku U.)
源 利文 (環境DNA学会 副会長・専務理事・神戸大学) / Toshifumi Minamoto (Kobe U.)
土居 秀幸 (兵庫県立大学) / Hideyuki Doi (U. Hyogo)
笠井 亮秀 (渉外担当理事 (CPD 担当)・北海道大学) / Akihide Kasai (Hokkaido U.)
山中 裕樹 (龍谷大学) / Hiroki Yamanaka (Ryukoku U.)
峰岸 有紀 (東京大学) / Yuki Minegishi (U. Tokyo)
益田 玲爾 (京都大学) / Reiji Masuda (Kyoto U.)
高原 輝彦 (環境DNA学会 会計担当理事・島根大学) / Teruhiko Takahara (Shimane U.)
清野 聡子 (九州大学) / Satoquo Seino (Kyushu U.)
生駒 優佳 (環境DNA学会 事務局) / Yuka Ikoma (Secretariat, The eDNA Society)
小林 有季子 (環境DNA学会 事務局) / Yukiko Kobayashi (Secretariat, The eDNA Society)
宮 正樹 (千葉県立中央博物館) / Masaki Miya (Natural History Museum and Institute, Chiba)
山本 哲史 (農業・食品産業技術総合研究機構) / Satoshi Yamamoto (NARO)
岩崎 渉 (東京大学) / Wataru Iwasaki (U. Tokyo)
小出水 規行 (農業・食品産業技術総合研究機構) / Noriyuki Koizumi (NARO)
今藤 夏子 (国立環境研究所) / Natsuko I. Kondo (NIES)
中村 圭吾 (土木研究所) / Keigo Nakamura (PWRI)
堀 正和 (水産研究・教育機構 水産資源研究所) / Masakazu Hori (FRA)
内井 喜美子 (大阪大谷大学) / Kimiko Uchii (Osaka Ohtani U.)

●ローカル組織委員会 / Sapporo committee members

神戸 崇 (北海道大学) / Takashi Kanbe (Hokkaido U.)
小林 由美 (北海道大学) / Yumi Kobayashi (Hokkaido U.)
井上 頌子 (北海道大学) / Shouko Inoue (Hokkaido U.)
藤井 和也 (北海道大学・株式会社 福田水文センター) / Kazuya Fujii (Hokkaido U.)
三塚 多佳志 (北海道大学・パシフィックコンサルタンツ株式会社) / Takashi Mitsuzuka (Hokkaido U.)
根岸 淳二郎 (北海道大学) / Junjiro Negishi (Hokkaido U.)
内海 俊介 (北海道大学) / Shunsuke Utsumi (Hokkaido U.)
池田 幸資 (パシフィックコンサルタンツ株式会社) / Kosuke Ikeda (Pacific Consultants, Co.)

環境DNA学会第4回大会 プログラム集

2021年11月20日(土)・21日(日)

オンライン開催

The 4th Annual Meeting of The eDNA Society

20・21, November, 2021

発行日：2021年11月15日

発行：一般社団法人環境DNA学会

〒520-2194 大津市瀬田大江町横谷1-5

龍谷大学 生物多様性科学研究センター内

一般社団法人 環境DNA学会 学会事務局

e-mail: office@ednasociety.org

URL: <http://ednasociety.org/>

Copyright © 2021 The eDNA Society, Japan. All rights reserved.(無断転載不可)



The 4th annual meeting of the eDNA Society

