

異分野融合による環境DNA研究の展開

Development of Environmental DNA Research through Integration of Different Fields



第8回 環境DNA学会 山口大会

大会長
赤松 良久

山口大学大学院創成科学研究科 教授

環境DNA学会は2018年に、環境DNA学を生態系の持続的利用や環境保全など、人類全体の幸福に資する学問分野として育成、発展させることを目的に設立されました。当学会では、環境DNA学に関連した生態学、遺伝学はもとより、物理学、化学、農学、工学、医学、情報科学など様々な専門性を有する会員らと共に、毎年、技術セミナーや年次大会における各種講演を中心に活発な交流活動・情報交換を行ってきました。

この度、私たちは2025年12月10日から12月13日にかけて、山口県山口市で「第8回環境DNA学会（山口大会）」を開催します。本大会では、「異分野融合による環境DNA研究の展開」をスローガンに掲げ、ネイチャーポジティブや安心・安全な暮らしへの更なる貢献を目指しています。国内外からの参加者が一堂に会し、環境DNAの研究の深化と社会への実装に向けた議論や情報交換を行う重要な場とします。また、中高生オンライン発表や公開シンポジウムを企画し、研究者だけでなく、中学生・高校生をはじめとする一般の方々にも環境DNA学の重要性と可能性をお示しします。私たちは、科学技術の発展と社会への貢献を目指し、本大会が環境DNA学の理解を深め、その応用の可能性を広く伝えるための効果的なプラットフォームとなることを期待しています。

本大会開催地の山口市は、歴史と自然が調和した「西の京都」としての魅力が高く評価されており、ニューヨーク・タイムズの「2024年に行くべき52か所」の第3位に選出されたと伺っております。また、全国的にも有名な日本酒「獺祭」や山口名物「瓦そば」に加えて、海の幸に恵まれた山口では、新鮮な魚介類をふんだんに使った料理を堪能頂けます。このような環境の中で、私たちは皆様が新たな知見を発表し、議論を深めることを心から歓迎します。

The 8th Annual Meeting of The eDNA Society

Congress President

Yoshihisa Akamatsu

Professor, Graduate School of Sciences and Technology for Innovation,
Yamaguchi University

The eDNA Society was established in 2018 to foster and develop environmental DNA studies as a discipline that contributes to the well-being of humanity as a whole, including the sustainable use of ecosystems and environmental conservation. The society has been actively exchanging information among its members. Our membership encompasses various specialties in physics, chemistry, agriculture, engineering, medicine, and information science, as well as ecology and genetics related to environmental DNA studies. We communicate through technical seminars and various lectures at the annual conference.

We are pleased to announce that The 8th Annual Meeting of the eDNA Society will be held in Yamaguchi City, Yamaguchi Prefecture, Japan, from December 10th to December 13th, 2025. Under the slogan "Development of Environmental DNA Research through Integration of Different Fields" the conference aims to make further contributions to nature positive and safe & secure living. Participants from Japan and abroad will come together to provide an important forum for discussion and exchange of information for deepening research on environmental DNA and its implementation in society. We will also plan online presentations by junior high and high school students and public symposiums to demonstrate the importance and potential of environmental DNA studies not only to researchers but also to the general public.

We hope that this conference will serve as an effective platform for deepening the understanding of environmental DNA studies and disseminating its potential applications to the public, with the aim of advancing science and technology and contributing to society.

Yamaguchi City, the host city of this conference, is highly regarded for its charm as the "Kyoto of the West", where history and nature are in harmony, and was selected as the third place in the "52 Places to Go in 2024" by the New York Times. In addition to the nationally famous Japanese sake "Dassai" and Yamaguchi's specialty "Kawara Soba", Yamaguchi, which is blessed with seafood, allows you to enjoy dishes that make full use of fresh seafood. In this environment, we sincerely welcome you to present your new findings and deepen the discussion.

12月10日(水) | Dec. 10 (Wed)

公開シンポジウム「異分野融合による環境DNA研究の展開」

(メインホール / Zoomウェビナーによるオンライン配信)

Public Symposium “Development of Environmental DNA Research through Integration of Different Fields”

(Main hall / online streaming via Zoom webinar)*

13:00- 開場 | Open

13:30-17:00 講演 | Lecture

12月11日(木) | Dec. 11 (Thu)

9:30- 開会式 (メインホール) | Opening Session (Main hall)

9:45-11:45 企画集会 1 (メインホール) | Organized Session 1 (Main hall)

12:00-13:00 協賛セミナー (205会議室) | Sponsored Seminar (205 Conference room)

13:15-14:15 ポスター発表コアタイム：奇数番号ポスター (201/202会議室)
Poster presentation core time: odd-numbered posters
(201/202 Conference room)

14:15-15:15 ポスター発表コアタイム：偶数番号ポスター (201/202会議室)
Poster presentation core time: even-numbered posters
(201/202 Conference room)

15:30-17:30 自由集会 1 (メインホール) | Contributed Session 1 (Main hall)**

18:30-20:30 懇親会 (ウエディングコートエミリア) | Banquet (Wedding Court Emilia)

12月12日(金) | Dec. 12 (Fri)

9:30-11:30 企画集会 2 (メインホール) | Organized Session 2 (Main hall)

12:30-14:00 ポスター発表コアタイム：全ポスター (201/202会議室)
Poster presentation core time: all posters
(201/202 Conference room)

14:15-16:15 自由集会 2 (メインホール) | Contributed Session 2 (Main hall)**

16:15-17:00 閉会式・ポスター賞授賞式 (メインホール)
Closing Session and Poster Award Ceremony (Main hall)

12月13日(土) | Dec. 13 (Sat)

中高生オンライン発表会 (Zoomによるオンライン形式)

Presentations of junior high and high school students

(online meeting via Zoom)***

14:00-16:00 発表会 | Session

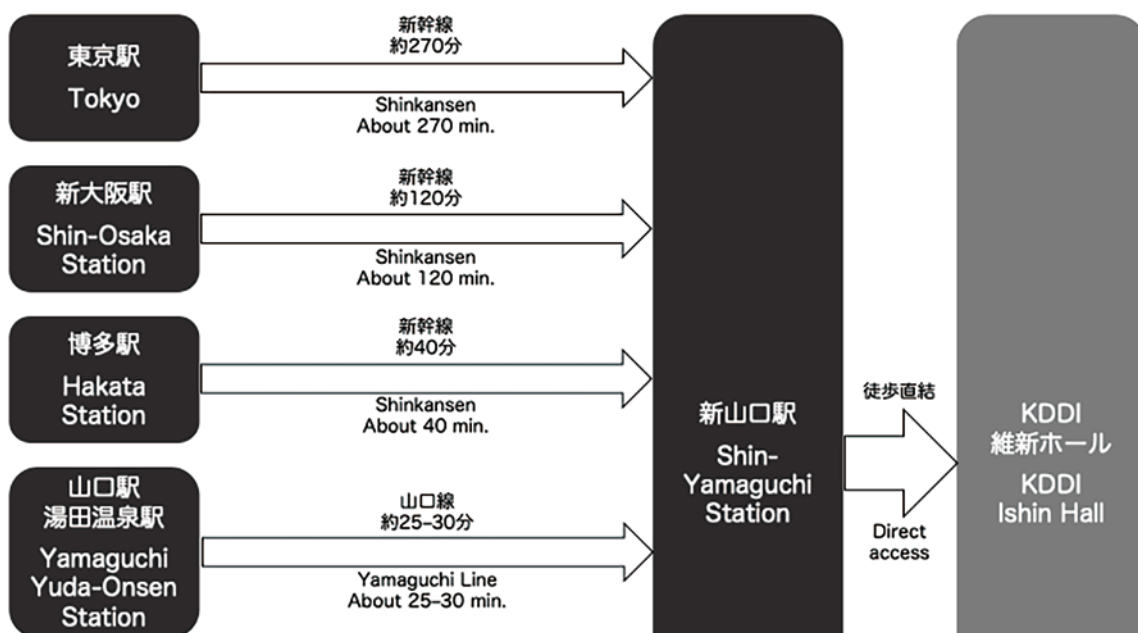
* The session will be in Japanese, with minimal English-language usage expected. Lectures can be translated into English (or other languages supported) using the translated caption function in the Zoom webinar. Onsite participants also can connect to the Zoom webinar via the venue's Wi-Fi. Note that the Zoom webinar streaming will be limited to up to 500 participants.

** Most presenters are assumed to use Japanese in the oral sessions, although speakers at the Organized and Contributed Sessions are encouraged to include English on their slides. Lectures will be streamed to the session participants via Zoom meeting so that they can apply the translated caption function to the talk. Participants can connect to the Zoom meeting via the venue's Wi-Fi.

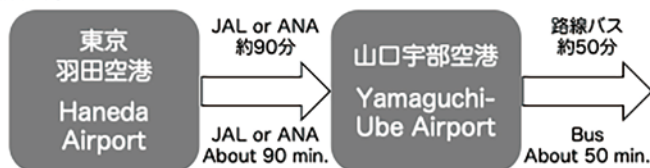
*** The session will be in Japanese, with minimal English-language usage expected.

路線図 | Route map

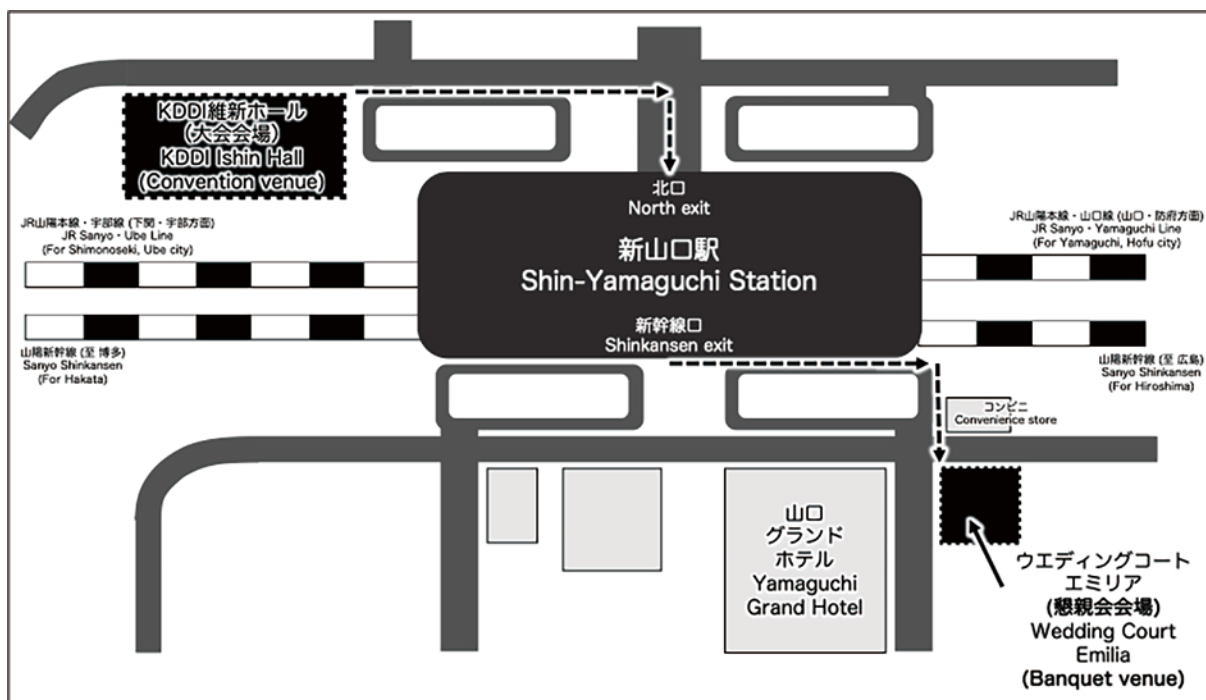
鉄道 (JR)
Train (JR Line)



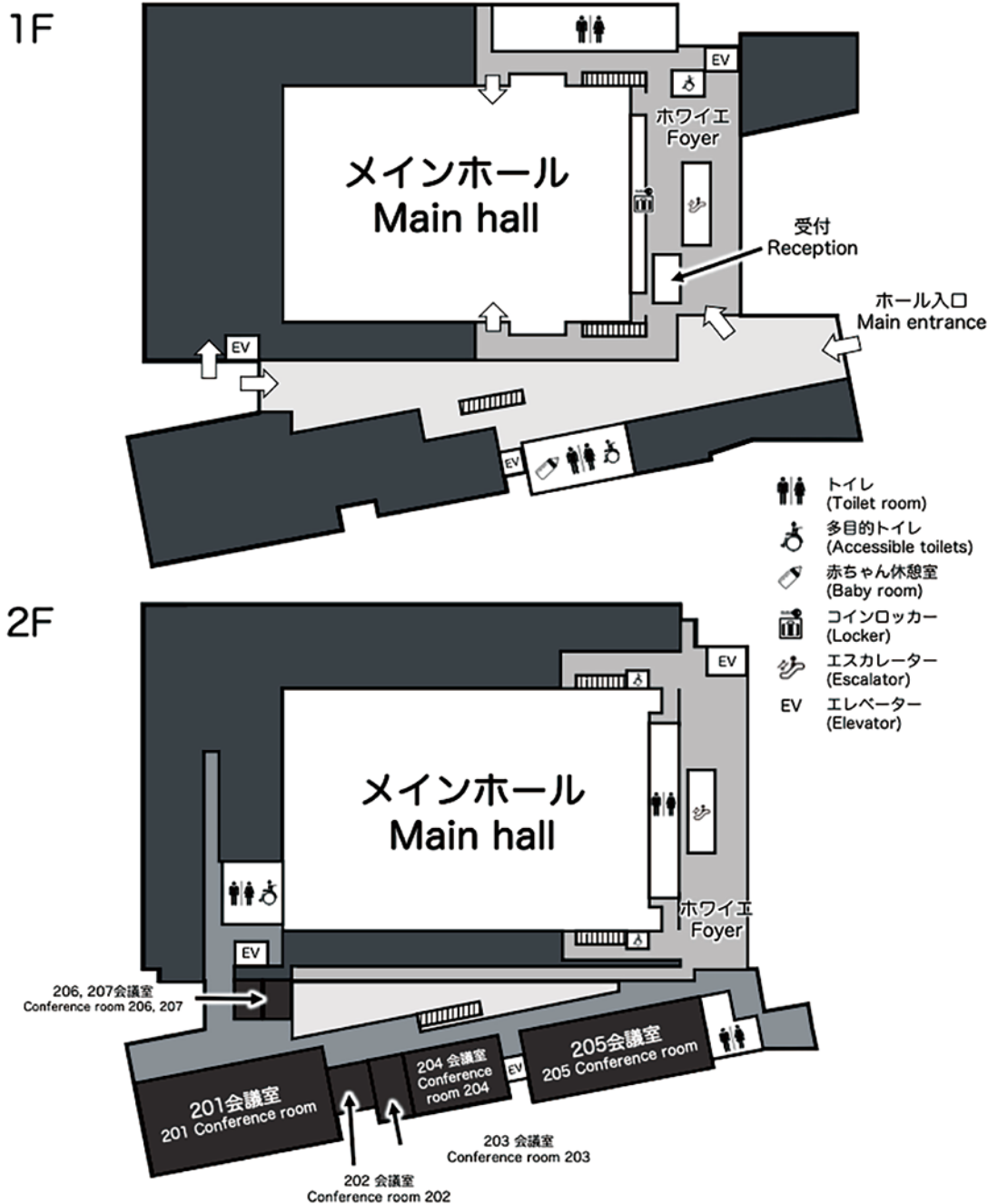
航空路線
Airline



大会会場・懇親会会場 位置図 | Location map of Convention and Banquet venues



会場案内 Floor Map



懇親会会場案内 Banquet information

懇親会会場（ウェディングコートエミリア）へは、維新ホールから新山口駅北口から新幹線口へ抜けていただき、新幹線口ロータリーの東側を通ってご来場ください。詳細については、交通案内の大会会場・懇親会会場 位置図をご参照ください。

Banquet venue (Wedding Court Emilia) is located south of the Shin-Yamaguchi station (Shinkansen exit side). Detailed access information to the banquet venue is available on the location map.

■ 一般注意事項 | Precautions

- 大会中の宿泊は各自での手配をお願いします。
 - 維新ホールの建物内は全面禁煙です。喫煙の際は、会場入口付近の喫煙所をご利用ください。
 - メインホールでのご飲食はお控えください（ペットボトル等の蓋付き飲料のみ利用可）。ホワイエでの飲食は可能ですが、講演中のお食事はご遠慮ください。
 - 休憩スペースはホワイエまたは休憩室（204会議室）をご利用ください。
 - 発表中の写真撮影、録画、ポスターの撮影などは発表者の許可が必要です。
 - 発表内容は多くの未公開データを含んでおりますので、発表者の許可なく本大会以外での公表はお控えください。
-
- Please arrange your accommodation during the meeting.
 - Smoking is prohibited throughout the building of KDDI Ishin Hall. When smoking, please use the smoking area near the venue entrance. Beverages with the closed-fitting cap are only acceptable.
 - Please refrain from eating and drinking in the Main hall. Food and beverages are allowed in Foyer, but please refrain from eating during lectures.
 - A rest area is available in the Foyer (1F/2F) and 204 Conference room.
 - Please refrain from photographing or recording oral presentations or taking photographs of poster contents without the presenter's permission.
 - Please refrain from making public the contents of presentations outside the conference without the presenter's consent, as they may contain unpublished data.

■ インターネット接続（Wi-Fi） | Internet connection (Wi-Fi)

- Wi-Fi接続サービスは、Zoom翻訳機能を利用される外国の方のみ利用可能です。ご希望の方は受付にてお申し出下さい。パスワードをお知らせします。
 - 一般参加者向けのWi-Fi接続サービスは用意されておきませんので、個人でWi-Fi接続が必要な場合は、各自で必要な機器等をご準備ください。
-
- The Wi-Fi connection service is only available to foreign visitors using Zoom's translation function. If you would like to use this service, please ask at the reception desk. You will be provided with the password.
 - There will be no Wi-Fi connection service available for general participants, so if you require a Wi-Fi connection, please bring your own equipment.

■ クローク | Cloakroom

- クロークは2F 203会議室にあります。利用時間は以下の通りです。ただし、12月10日(水)はクロークのご用意はありません。

12月11日(木) 9:00 ~ 18:00

12月12日(金) 9:00 ~ 17:00

- The cloakroom is located in 203 Conference room (2F). The available hours are as follows:
December 11 (Thu) 9:00 - 18:00
December 12 (Fri) 9:00 - 17:00
- Please note that there will be no cloakroom service on December 10 (Wed).

■ 休憩室 | Break room

- 休憩室は2F 204会議室にあります。利用時間は以下の通りです。

12月11日(木) 9:00 ~ 17:45

12月12日(金) 9:00 ~ 17:00

- The break room is located in 204 Conference room (2F). The available hours are as follows:
December 11 (Thu) 9:00 - 17:45
December 12 (Fri) 9:00 - 17:00

■ 受付 | Reception

- 維新ホール1階ホワイエにて、以下の通り、受付をいたします。

12月10日(水) 13:00 ~ 1Fメインホール前*

12月11日(木) 9:00 ~ 1Fメインホール前

12月12日(金) 9:00 ~ 1Fメインホール前

* 公開シンポジウムの現地参加の方の受付開始時間です。この日は大会コア日程の受付はいたしませんのでご注意ください。

- 当日申込の方は受付横のQRコードを読み取ってお申込みをお願いいたします。なお、お支払いはクレジットカード決済のみです（現金でのお支払いはできません）。

- The reception is open as follows.

December 10 (Wed) 13:00 - 1F opposite the Main hall*

December 11 (Thu) 9:00 - 1F opposite the Main hall

December 12 (Fri) 9:00 - 1F opposite the Main hall

* Registration for those attending the public symposium on-site. Note that registration for the main conference program will not be available on Dec. 10.

- For those who register on the day of the event, please scan the QR code next to the registration desk to register. Please note that payment can only be made by credit card (cash payments are not accepted).

■ 託児サービス | Childcare services

- 会場内の託児室には保育スタッフが常駐します。
- 安全上の理由から託児室の場所、準備いただく物等の詳細は、利用者に直接ご連絡します。
- Childcare staff will be on-site at the childcare room at the venue.
- For safety reasons, we will contact users directly with details on the location of the childcare room, what you need to prepare, etc.

■ 口頭セッションにおける多言語対応 | Multilingual support for oral sessions

口頭セッション（企画集会・自由集会）では発表者の多くが日本語を用いることが想定されます。様々な国や地域からの学会参加者が口頭セッションに参加しやすくなるように、口頭セッションでの発表を Zoom meeting で学会参加者向けに配信することで、翻訳字幕機能を用いて講演内容を自動翻訳できるようにします。また、企画集会と自由集会の講演者はスライドに英語の説明を含めることが推奨されています。Zoom meeting へのリンクは学会当日までに参加者に通知されます。

Most presenters are assumed to use the local language (i.e., Japanese) in the oral sessions (Organized Sessions, Contributed Sessions). To facilitate the participation of meeting attendees from various countries and regions in these sessions, the oral presentations will be streamed to the session participants via Zoom meeting so that they can apply the translated caption function to the talk. In addition, speakers at the Organized and Contributed Sessions are encouraged to include English on their slides. The link to the Zoom meeting will be sent to participants by the day of the conference.

■ ポスター発表 | Poster presentations

- ポスターボードのサイズは、およそ縦 168 cm × 横 125 cm です。掲示用の画鋏は、会場で用意いたします。
- 発表コアタイムを設けております。奇数ポスター番号は12月11日（木）13:15～14:15、偶数ポスター番号は12月11日（木）14:15～15:15です。また、12月12日（金）12:30～14:00は全ポスターのコアタイムになります。発表者の方はポスター前にて説明をしてください。
- ポスターの撤去は、12月12日（金）の15:00までに完了してください。撤去されず残されたポスターは処分させていただきます。
- The poster board size is 168 cm (H) × 125 cm (W). To display posters, please use the pins provided at the venue.
- Core time for presentations will be provided (13:15-14:15 on December 11 (Thu) for odd-numbered posters; 14:15-15:15 on December 11 (Thu) for even-numbered posters; note that 12:30-14:00 on December 12 (Fri) is the core time for all posters). Presenters are requested to explain their presentations in front of their posters during the core time.
- All posters must be removed by 15:00 on December 12 (Fri). Posters not removed will be disposed of.

■ ポスター賞審査 | Poster award evaluation

- 演題登録時にポスター審査を希望された場合はポスター賞審査を受けます。審査希望をしたポスターは12月11日(木)の正午までにポスターを掲示してください。
- Posters will be evaluated if you have applied for the poster award. Posters to be evaluated should be put on boards by noon on December 11 (Thu).

■ CPD発行 | CPD issuance (for Japanese only)

第8回環境DNA学会山口大会では、以下の通りCPDの発行を予定しております。

CPD発行プログラム

- 公開シンポジウム 12月10日(水) 13:30 ~ 17:00 [JCCA申請予定]
- 企画集会1 12月11日(木) 9:45 ~ 11:45 [JCCA申請予定]
- 企画集会2 12月12日(金) 9:30 ~ 11:30 [JCCA申請予定]

申請方法

- 公開シンポジウム 公開シンポジウム終了後に、スクリーンに表示する二次元コードをお手元のスマートフォン等で読み込んで頂き、申込フォームから申請してください。
※事務局より後日(10営業日程度)、受講証明書をお送り致します。
- 企画集会1・2 ご来場当日、名札に記載の二次元コードをお手元のスマートフォン等で読み込んで頂き、申込フォームから申請してください。
※事務局より後日(10営業日程度)、受講証明書をお送り致します。

CPD単位

- 公開シンポジウム (3.0単位)
- 企画集会 1 (2.0単位)
- 企画集会 2 (1.91単位)

※確定情報は各認定団体のホームページでご確認ください。

- 12月11日(木) 開催の協賛セミナーでは、参加者のみなさまにお弁当が提供されます（先着200食）。準備分がなくなり次第、配布を終了いたしますので、あらかじめご了承ください。
- Bento lunches will be provided for participants on a first-come, first-served basis (limited to 200 meals). Thank you for your understanding.

* The session will be in Japanese, with minimal English-language usage expected. Lectures can be translated into English (or other languages supported) using the translated caption function in the Zoom webinar. Onsite participants also can connect to the Zoom webinar via the venue's Wi-Fi. Note that the Zoom webinar streaming will be limited to up to 500 participants.

異分野融合による環境DNA研究の展開

Development of Environmental DNA Research through Integration of Different Fields

12月10日(水) 13:30-17:00 | Dec.10(Wed) 13:30-17:00

KDDI維新ホールメインホール及びZoomウェビナーでのオンライン配信

KDDI Ishin Hall Main Hall and online streaming via Zoom webinar

共催 山口大学 地域レジリエンス研究センター

Co-hosts: Research Center for Local Resilience

開催趣旨 | Aims of the symposium

本シンポジウムは、「異分野融合による環境DNA研究の展開」をスローガンに開催します。これまで交わることの少なかった異分野の専門家をお招きし、環境DNAの可能性を多角的に捉えた最新の研究成果や技術開発について、ご講演いただきます。異分野の知識や視点を掛け合わせることで、環境DNA研究は社会課題の解決に大きく貢献できると確信しています。このシンポジウムが、環境DNA研究者にとって新たな知見を得る場となるだけでなく、他分野の皆様にとっても、環境DNAが持つ可能性を発見していただき、未来の共同研究や新しいプロジェクトのきっかけとなることを願っています。皆様のご参加を心よりお待ちしております。

In this symposium, with the slogan "Development of Environmental DNA Research through Integration of Different Fields", we will invite experts from different fields to give lectures on the latest research results and technological developments that capture the potential of environmental DNA from multiple angles, with the aim of promoting fusion with different fields that have been rarely intersected so far. By combining knowledge and perspectives from different fields, we are convinced that environmental DNA researches have greater potential than ever before and can contribute to solving social issues. We hope that this symposium will not only be a place for environmental DNA researchers to gain new knowledge, but also for people in other fields to discover the potential of environmental DNA, and to inspire future joint researches and new projects. We look forward to your participation.

講演 | Lecture content

赤塚 真依子 (大成建設株式会社) | TAISEI Corporation, Maiko Akatsuka

建設現場における環境DNAの活用に向けた取組み

～陸水域における両生類調査と沿岸域でのアマモ場調査について～

Initiatives for the use of environmental DNA at construction sites

～Amphibian survey in land water and seagrass beds survey at coastal area～

小野島 大介 (愛知県がんセンター研究所) | Aichi Cancer Center Research Institute, Daisuke Onoshima

環境微粒子に対するリスク評価に関連した計測化学的研究のアプローチ | Approaches to measurement chemistry research in relation to risk assessment for environmental particulates

今村 史子（日本工営株式会社） | NIPPON KOEI CO.,LTD, Fumiko Imamura

環境DNAを活用した他業種連携による技術開発 ～パッシブサンプリングの可能性～

Technology development through collaboration with other industries using environmental DNA ～Possibility of passive sampling～

原本 英司（山梨大学） | University of Yamanashi, Eiji Haramoto

下水疫学調査の社会実装に向けた病原微生物検出技術の高度化 | Advancement of pathogen-detection methods for the social implementation of wastewater-based epidemiology

配信協力

応用生態工学会東京

■ 講演者のプロフィール



赤塚 真依子（大成建設株式会社 技術センター 副主任研究員）

建設分野における環境負荷低減技術の開発に従事。自然由来材料の活用や濁水処理対応等から始まり、近年、海域や中山間地における生物調査に環境DNAの活用に向けて、現地での試料採取から分析まで一貫して取り組み中。令和5年度土木学会環境賞を受賞。



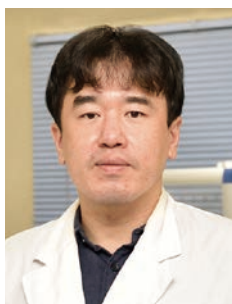
小野島 大介（愛知県がんセンター研究所 腫瘍制御学分野ユニット長）

専門はバイオ分析と分析化学。現在の研究テーマはエアロゾルの発がん影響と計測へのアプローチの開拓、細胞外小胞を指標としたストレス応答や分泌抑制のシグナル伝達の解析。日本エアロゾル学会井伊谷賞（2022年）、中小企業優秀新技術・新製品賞産学官連携特別賞（2024年）などを受賞。



今村 史子（日本工営株式会社 事業戦略本部技術戦略室 チーフスペシャリスト）

建設コンサルタント企業の社員として、長年同社研究所で生態系評価や里山保全に従事してきた。専門は農業気象。現在は生物調査の枠を越えた、環境DNA技術のさまざまな活用方法を模索している。



原本 英司（山梨大学国際流域環境研究センター 教授）

水環境中における病原微生物の汚染実態の解明と微生物指標を活用した水環境管理手法の構築に関する研究に従事。令和6年度科学技術分野の文部科学大臣表彰科学技術賞（研究部門）、第5回ジャパンリサーチフロントアワード（クライベイト社）等を受賞。

建設現場における環境DNAの活用に向けた取組み ～陸水域における両生類調査と沿岸域でのアマモ場調査について～

大成建設株式会社 技術センター 副主任研究員 赤塚 真依子

建設工事では、建設地とその周辺の自然環境に影響を与える可能性があり、希少動植物やその生態系の保全に向けた取り組みが必要となります。保全対象となる生物種は、地域や工種によって多種多様ではありますが、例えば、河川付近やダムにおける工事では、魚類や陸水域に生息する生物が保全対象になることが多いです。その中でも両生類は、陸水域及びその周辺に生息して移動範囲が限定的である種が多いため、保全対象種に指定されやすい種となります。建設工事期間中における周辺に生息する動植物の保全対策では、保全対象種の生息する環境（河床地形、流れ、水質等）が変化する場合が多いため、保全対象地における生物調査を定期的に行い、保全対象となる動植物の分布や生物量を把握することが重要となります。

著者らは、環境DNA分析を施工中の保全対象とする動植物の生息確認を行うためのモニタリング方法として活用することを目指し、ダム建設地、造成現場、保全地のため池、海域など、様々な環境下において、魚類、両生類、海草などを対象とした環境DNA調査を実施してきました。建設工事では土地改変等による生態系への影響が避けられないですが、希少種の生息地等において環境DNA分析を活用することにより、保全対策の有効性の確認や、異変があった際の早期対策が行える可能性が期待できます。

本講演では、建設現場における環境DNAの活用に向けた取組みとして、陸水域における両生類調査と沿岸域でのアマモ場調査の事例について紹介します。



環境微粒子に対するリスク評価に関連した計測化学的研究の アプローチ

愛知県がんセンター研究所 腫瘍制御学分野ユニット長 小野島 大介

粒子状物質に対するストレス応答や細胞外小胞の分泌抑制因子の研究には、環境物質と発がん性の理解に新たな知見を加える意義がある。また、腫瘍生物学上の新たな知見も得られることから、新たな分子標的や薬剤選択の可能性を広げる成果が期待できる。本発表では、大気粉塵による腫瘍プロモーションの分析について、腫瘍制御学の見地から研究成果を位置付けるとともに、今後の研究方針を概説する。

有害な空気環境による健康被害は社会問題化しており、肺に沈着しやすいPM2.5などのエアロゾルは、脳卒中、心臓病、各種呼吸器疾患を引き起こす原因とされている。また、エアロゾルには粒子状物質だけでなく、生物起源物質や微生物も含まれる（図1）。これらは粒子の発生源解析や空気感染の媒介解析への応用が期待できることに加え、健康被害や感染拡大を予測する情報ソースとして、各種予防に向けたアラートを与えるサービスに活用されることが考えられる。本発表では、エアロゾル汚染の実態、サンプリング技術、解析アプリケーションとサービス開発の視点から、これまでの研究成果を紹介する。



図1. 環境大気に含まれる浮遊細菌の捕集実験の様子

環境DNAを活用した他業種連携による技術開発 ～パッシブサンプリングの可能性～

日本工営株式会社 事業戦略本部技術戦略室 チーフスペシャリスト 今村 史子

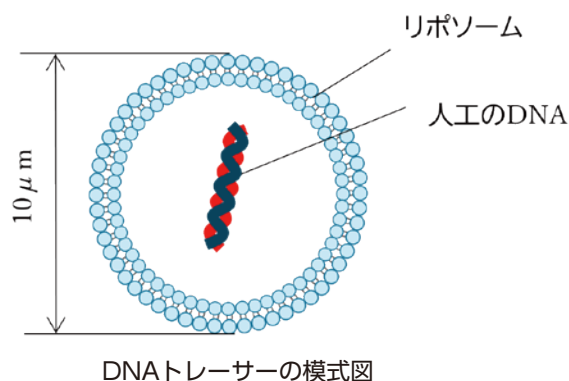
近年、生物調査の分野で注目されている環境DNAを土木分野に応用する可能性について検討を進めてきました。例えば、川づくり工事前後の生態系変化の把握、施設周辺の水質環境モニタリング、ダム堆積物中の生物由来成分の分析、さらには地下水流動に伴う微生物の検出など、幅広い場面での活用が期待されています。しかし、もっと直接的な土木関連技術として活用できるツールとしてDNAトレーサーの開発、実用化に取り組んできました。

トレーサーとは、地下水の流動や起源の把握に用いられる物質で、地下水等水流に投入してその移動経路や速度を追跡するために使われます。従来は塩や蛍光染料、安定同位体、放射性同位体などが使われてきました。長期に渡る流動を調べるためには安定同位体等が使われますが、多くは塩や蛍光物質が使われてきました。ただし、塩は一度投入すると2度は使えない、また塩水遡上があるような場所では使えない、蛍光物質は見た目がかなり衝撃的とそれぞれに課題がありました。そこで何か所からでもまた何度でも使用でき、見た目も問題がなく、環境中で分解されるため残留もしないトレーサーとして、DNAトレーサーを開発しました。

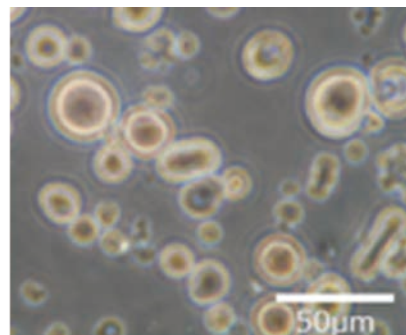
DNAトレーサー自体は、人工細胞といわれる微細なリポソームに特定の配列のDNAを封入したものです。この人工細胞が流れに乗って拡散します。これを環境DNA調査で生物片をトラップするのと同じように回収して分析することでDNAトレーサーの到達が確認できるという仕組みです。リポソームは、主に医薬品、化粧品や食品の分野で使われる技術で、抗がん剤やワクチンのドラッグデリバリー（DDS）、栄養素や香料の安定化・徐放性の向上に活用されてきたものです。

今回、このDNAトレーサーが実際にどの程度活用できるか、野外の表流水での実証と地下の下水道内での挙動の実証実験を行いました。野外放流にあたり、素材は食品に利用される大豆原料で製造する等安全性や環境影響に配慮しました。表流水では、放流後流下状況に応じ拡散しながら流下する状況を確認できました。また、下水道内に投入したトレーサーは希釈されながらポンプ場を経由し、流末の下水処理場でも確認することができました。この結果からDNAトレーサーが様々なシーンで活用できることが示唆されました。

これらの取り組みは異なる分野の知見を融合することで初めて実現したものであり、今後の技術開発や社会実装においても異分野連携の重要性を示すものといえます。



DNAトレーサーの模式図



DNAトレーサーの顕微鏡写真

下水疫学調査の社会実装に向けた病原微生物検出技術の高度化

山梨大学国際流域環境研究センター 教授 原本 英司

講演者は、下水処理場の流入水中の新型コロナウイルスを測定することで、処理区域内における新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の流行状況を把握する「下水疫学調査」に関する研究に取り組んできており、下水疫学調査の有効性を示した世界初の総説論文（2020年4月）に続き、国内初となる下水からの新型コロナウイルスRNAの検出報告（2020年6月）、下水中の新型コロナウイルスRNAを迅速・高感度で検出可能な逆転写リアルタイムPCRキットの開発（2021年9月）、オミクロン株が特徴的に有する変異の下水からの検出（2022年1月）等、世界トップレベルの成果を挙げてきている。

2023年5月にはCOVID-19の感染症法上での分類が2類相当から5類へと変更され、本格的なウィズコロナ時代がはじまった。定点情報として毎週公表される感染報告者数のデータは「前の週の感染報告者数」であり、リアルタイム性は失われている。下水疫学調査は、このような状況下でこそ必要とされる技術であり、定点情報を補完するツールとして活用されていくことが期待される。

本講演では、現在主流となっているリアルタイムPCRのみならず、デジタルPCRやハイスループットリアルタイムPCR等の新技術を活用し、COVID-19ならびに他の病原微生物感染症への下水疫学調査の有効性の評価に取り組んできた講演者のこれまでの研究成果を紹介する。

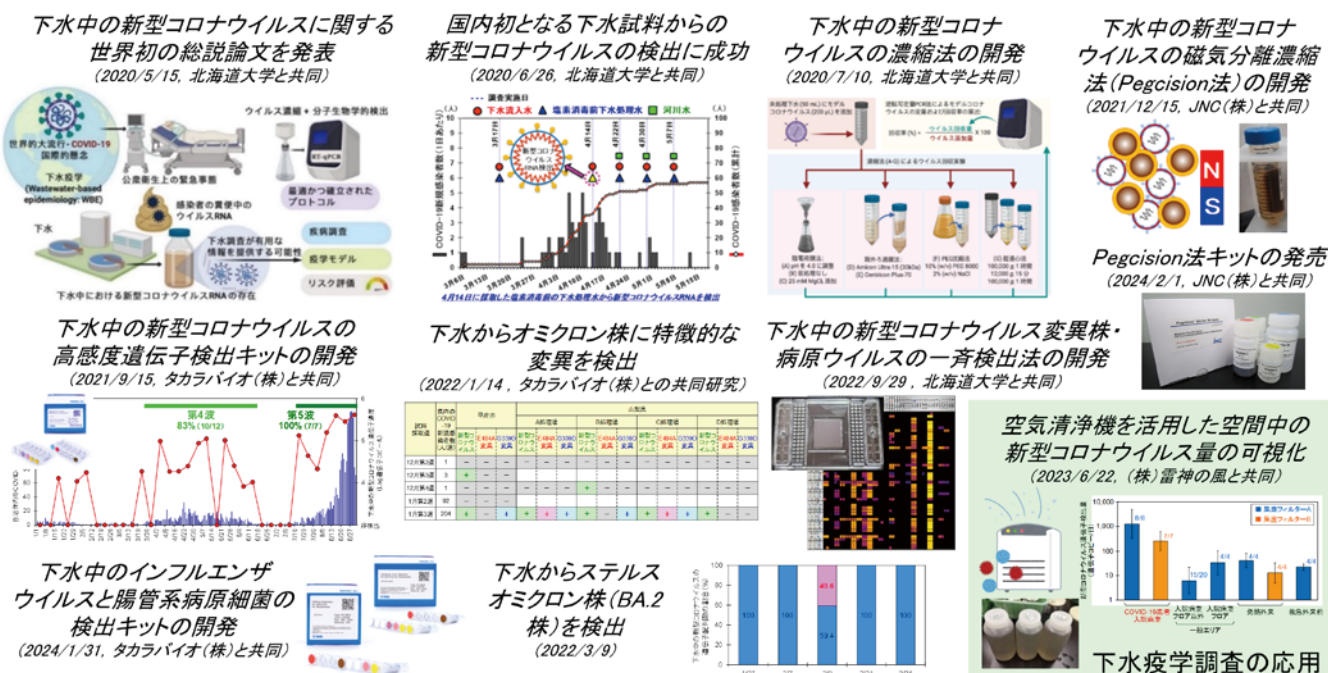


図1. 下水疫学調査に関するこれまでの研究成果

環境DNA学会研究交流会：ライトニングトーク&研究交流

The eDNA Society research exchange meeting: lightning talk and research exchange

12月11日(木) 9:45-11:45 | Dec. 11 (Thu) 9:45-11:45

メインホール | Main Hall

企画者 | Organizer

坂田 雅之（北海道大学・農学研究院）

Masayuki K. Sakata (Hokkaido University)

要旨 | Abstract

「もっと色々な人に自分の研究を知ってほしい」「発表はしないけど研究の話がしたい」「研究のアイデアを色々な人と議論したい」皆さんは、学会に参加してこう思ったことはないだろうか。本集会では、参加者のライトニングトークによる研究紹介（特に若手研究者を歓迎）および分野の近い少人数に分かれてのディスカッションによる研究交流・議論を目的とする。ライトニングトークについてはポスター発表の宣伝はもちろん、発表をしない方の研究紹介（経過報告・速報大歓迎）、研究アイデア・興味の紹介など内容は全て発表者の自由である（人数にもよるが1～2分）。（*営利目的の宣伝は除く）その後、登録時のアンケートをもとに近い分野の発表者・参加者の交流を行う。たくさんの発表者の登録を期待する。また、参加者・聴衆の全員による投票を行い、最も面白かった発表（成果によらない）には副賞を用意しております。

質問等は企画者の坂田まで（sakata@agr.hokudai.ac.jp）

発表登録は以下のURLから（締め切り：11/20、23:59）

<https://docs.google.com/forms/d/e/1FAIpQLSflwozqcEzCFK8wTr5jTiUjY6CeimIE4aSTIdwhwOpeLnjLw/viewform?usp=dialog>

Have you ever attended a conference and thought:

“I wish more people knew about my research,”

“I’m not giving a presentation, but I’d like to talk about my research,”

or “I want to discuss my research ideas with others”?

This session aims to provide an opportunity for research exchange and discussion through lightning talks by participants (especially welcoming early-career researchers) and small-group discussions among participants with similar research interests.

In the lightning talk segment, presenters are free to talk about anything related to their research—from promoting their poster presentations to sharing research progress, preliminary results, or even new ideas and interests. (Each talk will be about 1–2 minutes, depending on the number of participants.)

*Excluding commercial advertising

After the lightning talks, we will form small groups based on participants' research interests (as indicated in the registration form) to facilitate more focused discussions and networking.

We look forward to receiving many presentation registrations!

We will also have an audience vote! Everyone can cast a vote for the presentation they found the most interesting (not based on results), and a small prize will be awarded to the winner.

For inquiries, please contact the organizer, Sakata (sakata@agr.hokudai.ac.jp).

Presentation registration form (deadline: November 20, 23:59JST):

<https://docs.google.com/forms/d/e/1FAIpQLSf1wozqcEzCFK8wTr5jTiUjY6CeimIE4aSTIdwhwOpeLnjLw/viewform?usp=dialog>

環境DNA解析におけるメタデータの標準化に向けた現状と課題

Current Status and Challenges in Standardizing Metadata for Environmental DNA Analysis

12月12日(金) 9:30-11:30 | Dec. 12 (Fri) 9:30-11:30

メインホール | Main Hall

企画者 | Organizers

環境 DNA 学会 標準化委員会

Technical Standardization Committee of the eDNA Society

要旨 | Abstract

環境DNA解析は、調査実施者の技術や経験に依存せず、生物群集の比較・統合を可能にする革新的な手法として、急速に国際的な広がりを見せている。こうした潮流の中で、環境DNAデータの相互利用を促進するための枠組み構築が求められており、国際的な連携の重要性が高まっている。しかしながら、環境DNAデータは多様な目的に基づいて収集されており、そのメタデータの記録方法や内容については、国際的にも国内的にも合意形成の途上にある。データの再利用性と信頼性を担保するためには、収集背景や解析条件などの付随情報（メタデータ）の標準化が不可欠である。本企画集会では、国内外におけるメタデータ整備の最新動向を共有するとともに、研究者および実務者の視点を交えながら、環境DNAデータの相互運用性を高めるための課題と展望について議論を深めることを目的とする。

Environmental DNA (eDNA) analysis is rapidly gaining international traction as an innovative technique, enabling the comparison and integration of biological communities, regardless of variations in investigators' technical expertise or experience. Within this trend, there is a growing need to establish frameworks that facilitate the shared use and integration of eDNA data, highlighting the importance of international collaboration. However, eDNA data are gathered for diverse purposes, and consensus on standardized recording protocols and metadata content remains limited at both international and national levels. To ensure data reusability and reliability, it is crucial to standardize accompanying metadata, such as sampling context and analytical conditions. This meeting aims to share the latest developments in metadata management both at domestic and international levels and to deepen discussions on the challenges and prospects for enhancing the interoperability of eDNA data by integrating perspectives from researchers and practitioners.

司会 | Host

村岡 敬子（国研 土木研究所）

Keiko Muraoka (PWRI)

第1部 環境DNA メタデータ化に向けた国内外の情勢

Part 1: Environmental DNA – The Global and Domestic Landscape for Metadata Development

趣旨説明 | Concept of the session

源 利文 (神戸大学)

Toshifumi Minamoto (Kobe University)

Making eDNA FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable)

Miwa Takahashi (Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO), Australia)

ANEMONEシステム標準化への挑戦

— 信頼性と国際連携を実現する環境DNA観測基盤 —

Standardizing the ANEMONE System:

Building a Reliable and Global Framework for eDNA Observation

近藤 倫生 (東北大学)

Michio Kondoh (Tohoku University)

メタデータ標準化に向けた国際的コンセンサスは可能か?

Toward an International Consensus on eDNA Metadata Standardization

山中 裕樹 (龍谷大学)

Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)

調査現場から見た環境DNAモニタリングの未来：地域生態系の「その先」へ

From field practices to future perspectives: advancing eDNA monitoring beyond local ecosystems

荒木 仁志 (北海道大学)

Hitoshi Araki (Hokkaido University)

第2部 総合討論

Part 2: General Discussion

座長 | Chairperson

源 利文（神戸大学）

Toshifumi Minamoto (Kobe University)

コメンテーター | Commentators

Miwa Takahashi (CSIRO, Australia)

近藤 倫生（東北大学） | Michio Kondoh (Tohoku University)

山中 裕樹（龍谷大学） | Hiroki Yamanaka (Ryukoku University)

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

今藤 夏子（国立環境研・生物） | Natsuko Kondo (National Institute for Environmental Studies (NIES))

細川 真也（国立研究開発法人 港湾空港技術研究所） |

Shinya Hosokawa (National Institute of Maritime, Port and Aviation Technology)

中村 匡聡（いであ 株式会社） | Masatoshi Nakamura (IDEA Consultants, Inc.)

環境DNA：現場実装の最前線

Environmental DNA: Frontiers of On-site Implementation

12月11日(木) 15:30-17:30 | Dec. 11 (Thu) 15:30-17:30

メインホール | Main Hall

企画者 | Organizers

柞磨 佑紀 (国研 土木研究所・(株) 建設環境研究所)、真木 伸隆 (パシフィックコンサルタンツ(株))、
澤樹 征司 (株) 建設技術研究所)、郡司 未佳 (日本工営(株))、村岡 敬子 (国研 土木研究所)

Yuki Taruma (PWRI, KenKan Consultants Co., Ltd.), Nobutaka Maki (Pacific Consultants Co., Ltd.),
Seiji Sawaki (CTI Engineering Co., Ltd.), Mika Gunji (Nippon Koei Co., Ltd.), Keiko Muraoka (PWRI)

要旨 | Abstract

近年環境DNA技術は、水域生態系のモニタリングや生物多様性の把握において急速に普及し、各地でその社会実装が進められています。

国土交通省では河川環境の整備と保全を適切に推進するため、河川水辺の国勢調査(以降水国調査)を通じた自然環境に関する基礎情報の収集を30年以上継続して行ってきました。この水国調査は、令和8年度から環境DNA調査が新たに導入されることとなり、河川環境のより詳細な把握が期待されます。本自由集会では、全国一斉に実施する水国環境DNA調査とはどのような調査なのか、どのようなデータが蓄積されていくのか、データ活用の方向性を紹介するとともに、河川・陸域を含む多様なフィールドにおけるeDNA技術の活用事例を通じて、産官学が連携した環境DNA実装の最前線をお伝えします。

Environmental DNA (eDNA) technology has recently gained widespread attention as a tool for monitoring aquatic ecosystems and assessing biodiversity, with practical applications advancing across various regions.

The Ministry of Land, Infrastructure, Transport and Tourism has been collecting fundamental information on the natural environment for over 30 years through the National Census on River Environments (hereafter referred to as the River Census) to appropriately promote the maintenance and conservation of river environments. From FY2026 onward, eDNA surveys will be newly introduced into the River Census, enabling more detailed assessments of river ecosystems.

This session will present an overview of the nationwide River Census eDNA survey—what it entails and what types of data will be collected—and discuss potential directions for data utilization. In addition, through examples of eDNA applications across diverse fields, including riverine and terrestrial environments, this session will highlight the frontiers of eDNA implementation through collaboration among industry, government, and academia.

総合司会 | Host

真木 伸隆 (パシフィックコンサルタンツ株式会社)
Nobutaka Maki (Pacific Consultants Co., Ltd.)

趣旨説明 | Concept of the session

柞磨 佑紀 (国研 土木研究所・(株) 建設環境研究所)
Yuki Taruma (PWRI)

河川水辺の国勢調査への環境DNA調査の導入

Enhancing the National Census on River Environments through the Introduction of Environmental DNA (eDNA)

鶴田 舞 (国土交通省)
Mai Tsuruta (Ministry of Land Infrastructure Transport and Tourism)

水国調査のための環境DNA調査法

Environmental DNA Survey Method for River Waterfront Census

村岡 敬子 (国研 土木研究所)
Keiko Muraoka (PWRI)

水国調査（河川）採水地点選定時および採水時における課題

Issues in the Selection of Sampling Locations and During Sampling

梅本 章弘 (復建調査設計株式会社)
Akihiro Umemoto (FUKKEN CO.,LTD)

環境DNAアーカイブの収集と活用

Archiving environmental DNA samples remaining after analysis and their future use

田中 孝幸 (国研 土木研究所)
Takayuki Tanaka (PWRI)

環境DNA データを用いた河川全域での魚類のポテンシャルマップ作成

Creating a Potential Distribution Map of Fish across an Entire River Using eDNA Data

江口 健斗 (株) 建設環境研究所)、宮脇 成生 (株) 建設環境研究所)、横山 良太 (株) 建設環境研究所)、
菅野 一輝 (株) 建設環境研究所)、藤澤 貴弘 (株) 建設環境研究所)、高木 真也 (株) 建設環境研究所)、
中尾 遼平 (山口大学)、赤松 良久 (山口大学)、乾 隆帝 (福岡工業大学)、鬼倉 徳雄 (九州大学)

Kento Eguchi (KenKan Consultants Co., Ltd.), Shigenari Miyawaki (KenKan Consultants Co., Ltd.),
Ryota Yokoyama (KenKan Consultants Co., Ltd.), Kazuki Kanno (KenKan Consultants Co., Ltd.),
Takahiro Fijisawa (KenKan Consultants Co., Ltd.), Shinya Takaki (KenKan Consultants Co., Ltd.),
Ryohei Nakao (Yamaguchi University), Yoshihisa Akamatsu (Yamaguchi University),
Ryutei Inui (Fukuoka Institute of Technology), Norio Onikura (Kyushu University)

環境DNA定量メタバーコーディング分析による検出魚類相の周年変化

Annual Dynamics of Fish Communities Detected through Quantitative eDNA Metabarcoding

渡部 健 (パシフィックコンサルタンツ(株))、野村 七重 (パシフィックコンサルタンツ(株))、
地引 汰一 (パシフィックコンサルタンツ(株))、大原 和明 (中部地方整備局 豊橋河川事務所)、
山中 彩希帆 (中部地方整備局 豊橋河川事務所)、渡邊 菜月 (中部地方整備局 豊橋河川事務所)

Takeshi Watanabe (Pacific Consultants Co., Ltd.), Nanae Nomura (Pacific Consultants Co., Ltd.),
Taichi Jibiki (Pacific Consultants Co., Ltd.), Kazuaki Ohara (MLIT), Akiho Yamanaka (MLIT),
Natsuki Watanabe (MLIT)

陸域サンプルの環境DNA分析による陸上脊椎動物相把握の取り組み

An attempt to assess terrestrial vertebrate fauna through environmental DNA analysis of terrestrial samples

堀 裕和 (株) 建設技術研究所)、大須賀 麻希 (株) 建設技術研究所)、澤樹 征司 (株) 建設技術研究所)、
棟方 有桂 (株) 環境総合リサーチ)、山崎 智美 (株) 環境総合リサーチ)

Hirokazu Hori (CTI Engineering Co., Ltd.), Maki Oosuga (CTI Engineering Co., Ltd.),
Seiji Sawaki (CTI Engineering Co., Ltd.), Yuka Munakata (ER&S Co., Ltd.), Tomomi Yamazaki
(ER&S Co., Ltd.)



総合討論 | General Discussion

進行 | Moderator

澤樹 征司 (株) 建設技術研究所 | Seiji Sawaki (CTI Engineering Co., Ltd.)

コメンテーター | Commentator

源 利文 (神戸大学) | Toshifumi Minamoto (Kobe University)

環境DNAの実用化を阻む大きな課題「偽陰性」

'False negatives' a major challenge to the practical application of environmental DNA

12月12日(金) 14:15-16:15 | Dec. 12 (Fri) 14:15-16:15

メインホール | Main Hall

企画者 | Organizers

長谷部 勇太 (神奈川県環境科学センター)、釣 健司 (株) 建設環境研究所)、
棟方 有桂 (株) 環境総合リサーチ)、竹中 將起 (筑波大学)、宇田川 湧人 (東急建設株)

Yuta Hasebe (Kanagawa Environmental Research Center), Kenji Tsuru (KenKan Consultants Co., Ltd.)
Yuka Munakata (Environmental Research & Solutions CO., LTD.),
Masaki Takenaka (University of Tsukuba), Hiroto Udagawa (TOKYU CONSTRUCTION CO., LTD.)

要旨 | Abstract

環境DNA技術は急速に発展し、生物多様性保全への関心の高まりとともに実用化が進んでいる。一方で、精度を支える基礎研究やDNAデータベースの整備が追いついておらず、調査の信頼性を損なう要因となっている。中でも、生息しているはずの生物のDNAが検出されない「偽陰性」は、結果の解釈に深刻な影響を及ぼす可能性があり、実用化に向けた大きな課題である。本自由集会では、現場で報告されている偽陰性の事例を紹介し、より信頼性の高い環境DNA調査のあり方について議論を行いたい。

Environmental DNA technology has developed rapidly and is being put to practical use with increasing interest in biodiversity conservation. On the other hand, basic research and DNA databases supporting accuracy have not kept pace, which undermines the reliability of surveys. In particular, 'false negatives', in which DNA of organisms that should be present is not detected, can seriously affect the interpretation of results and is a major challenge for practical application. In this free meeting, we would like to introduce examples of false negatives reported in the field and discuss how environmental DNA surveys can be made more reliable.

司会 | Host

長谷部 勇太 (神奈川県環境科学センター)
Yuta Hasebe (KERC)

環境 DNAメタバーコーディングにおけるPCR阻害対策の手法と偽陰性の低減

Approaches to Mitigate PCR Inhibition and Reduce False Negatives in Environmental DNA Metabarcoding

釣 健司^{1,2}、村岡 敬子²、服部 啓太²、田中 孝幸²

Kenji Tsuru^{1,2}、Keiko Muraoka²、Keita Hattori²、Takayuki Tanaka²

1 株式会社建設環境研究所 | KenKan Consultants Co., Ltd.

2 国立研究開発法人土木研究所 | Public Works Research Institute

2nd PCR 酵素の選択が網羅的解析結果を左右した事例紹介

Case Study: Influence of 2nd PCR Enzyme Selection on Metabarcoding Analysis

棟方 有桂¹、岡田 衣里¹、山崎 智美¹、水野 貴文¹、長谷部 勇太²

Yuka Munakata¹、Eri Okada¹、Tomomi Yamazaki¹、Takafumi Mizuno¹、Yuta Hasebe²

1 株式会社環境総合リサーチ | Environmental Research & Solutions CO., LTD.

2 神奈川県環境科学センター | Kanagawa Environmental Research Center

DNAメタバーコーディング解析における系統学的解析を用いた分子同定の提案

Proposal for molecular identification using phylogenetic analysis in DNA metabarcoding analysis

竹中 將起（筑波大学・生命環境系）

Masaki Takenaka (University of Tsukuba)

偽陰性と向き合う：実務上の論点に関する利用者視点の整理

Confronting False Negatives: A User-Side Overview of Operational Issues

宇田川 湧人（東急建設株）

Hiroto Udagawa (TOKYU CONSTRUCTION CO., LTD.)

発表全体へのコメント | General Discussion Commentator

村岡 敬子（国研 土木研究所）

Keiko Muraoka (PWRI)

【P-01】

環境 DNA を用いたサンショウウオ類の季節動態と定量性の評価

Seasonal dynamics and quantitative evaluation of salamanders using environmental DNA

石井 弓美子^{1,3}, Jo Jaeick², 今藤 夏子¹, 中嶋 信美¹, 玉置 雅紀¹, 林 誠二^{1,3}

Yumiko Ishii^{1,3}, Jaeick Jo², Natsuko Kondo¹, Nobuyoshi Nakajima¹, Masanori Tamaoki¹,
Seiji Hayashi^{1,3}

1. 国立環境研究所, 2. 福島県環境創造センター, 3. 福島国際研究教育機構

1.NIES, 2. Centre for Environmental Creation, 3. F-REI

【P-02】

環境 RNA に着目した絶滅危惧種オキサンショウウオの幼生・亜成体特異的プライマーの検証

Evaluation of stage specific primers (larvae and subadults) for the endangered salamander *Hynobius okiensis* using environmental RNA

原田 侑季¹, 客野 瑞月¹, 高原 輝彦¹

Yuki Harada¹, Mitsuki Kyakuno¹, Teruhiko Takahara¹

1. 島根大学

1. Shimane Univ.

【P-03】

環境 DNA 分析によるオオサンショウウオの遺伝的多様性の解明

Elucidation of the genetic diversity of the Japanese giant salamander through eDNA analysis

吉田 幸太郎¹, 國政 裕太¹, 木谷 亮太¹, 源 利文¹

Kotaro Yoshida¹, Yuta Kunimasa¹, Ryota Kitani¹, Toshihumi Minamoto¹

1. 神戸大学

1. Kobe University

【P-04】

環境水と魚体表の菌叢比較

Comparison of microbial communities in environmental water and fish body surfaces

今村 千絵¹, 田中 秀典¹

Chie Imamura¹, Hidenori Tanaka¹

1. 株式会社豊田中央研究所

1. Toyota CRDL

【P-05】

魚類感染症罹患時における病原体および宿主由来環境核酸量の推移

Changes in environmental nucleic acid levels from pathogens and hosts associated with fish infection

井上 僚^{1,2}, Cadiz Rowena², 佐野 元彦², 加藤 豪司²

Ryo Inoue^{1,2}, Rowena Cadiz², Motohiko Sano², Goshi Kato²

1. 東京都島しょ農林水産総合センター, 2. 東京海洋大学

1. Tokyo Metropolitan Government, 2. Tokyo Univ. Mar. Sci. Technol.

【P-06】

積雪期・融雪出水期の森林溪流における魚類環境 DNA の検出特性

Detection characteristics of fish environmental DNA in forest streams from the snow season to the snowmelt flooding period

中島 颯大¹, 荒田 洋平¹, 長坂 晶子¹, 長坂 有¹

Souta Nakajima¹, Yohei Arata¹, Akiko Nagasaka¹, Yu Nagasaka¹

1. 北海道立総合研究機構

1. Hokkaido Research Institute

【P-07】

Evaluating the feasibility of eDNA metabarcoding for detecting overwintering fish in ice-covered environments

川上 達也¹, 野村 大樹¹, 笠井 亮秀¹

Tatsuya Kawakami¹, Daiki Nomura¹, Akihito Kasai¹

1. 北海道大学

1. Hokkaido University

【P-08】

国内外来魚類オヤニラミの LAMP 法を用いた迅速な環境 DNA 分析法の開発

Development of LAMP-based environmental DNA detection method of the domestic invasive fish *Coreoperca kawamebari*

太下 蓮¹, 山中 裕樹²

Ren Oshita¹, Hiroki Yamanaka²

1. 龍谷大学大学院, 2. 龍谷大学

1. Ryukoku University Graduate School, 2. Ryukoku University

【P-09】

Disentangling seasonality and uncertainty in riverine fish detections through seasonal eDNA surveys

八柳 哲¹, 伊藤 岳^{1,2}, 潮見 美咲¹, 益田 玲爾¹

Tetsu Yatsuyanagi¹, Takeshi Ito^{1,2}, Misaki Shiomi¹, Reiji Masuda¹

1. 京大・フィールド研, 2. 琉大・熱生研

1. FSERC, Kyoto Univ, 2. TBRC, Univ Ryukyus

【P-10】

Environmental DNA dynamics during early development and physiological changes in salmon

坂田 雅之¹, 神戸 崇¹, 佐藤 俊平², 荒木 仁志¹

Masayuki K. Sakata¹, Takashi Kanbe¹, Shunpei Sato², Hitoshi Araki¹

1. 北海道大学, 2. 国立研究開発法人水産研究・教育機構

1. Hokkaido University, 2. FRA

【P-11】

eDNA 分析感度におけるマーカー依存的ボトルネックとその克服：ウナギ特異的レトロトランスポゾンによる改善を例に

Marker-dependent bottleneck in eDNA sensitivity: A breakthrough with eel-specific retrotransposons

平山 一槻¹, 國政 祐太¹, 竹内 綾², 小田 康平¹, 源 利文¹

Itsuki T Hirayama¹, Yuta Kunimasa¹, Aya Takeuchi², Kohei Oda¹, Toshifumi Minamoto¹

1. 神戸大学, 2. 近畿大学

1. Kobe University, 2. Kindai University

【P-12】

ニホンウナギの環境 DNA 濃度の日周変化と活動量との関係

Relationship between diel variation in Japanese eel (*Anguilla japonica*) eDNA concentration and activity

恩田 都和¹, 村上 弘章¹, 叶 一希¹, 小木曾 奏斗², 三田村 啓理², 竹内 綾³, 渡邊 俊³, 高木 淳一², 久米 学⁴, 片山 知史¹

Towa Onda¹, Hiroaki Murakami¹, Kazuki Kanoh¹, Kanato Ogiso², Hiromichi Mitamura², Aya Takeuchi³, Shun Watanabe³, Junichi Takagi², Manabu Kume⁴, Satoshi Katayama¹

1. 東北大学, 2. 京都大学, 3. 近畿大学, 4. 石巻専修大学

1. Tohoku Univ., 2. Kyoto Univ., 3. Kindai Univ., 4. Ishinomaki Senshu Univ.

【P-13】

熱ストレス下におけるニジマスの組織特異的環境 RNA 放出の評価

Assessment of tissue-specific environmental RNA release in rainbow trout under heat stress

岡本 理央¹, 平山 一槻¹, 木谷 亮太¹, 源 利文¹

Rio Okamoto¹, Itsuki T Hirayama¹, Ryota P Kitani¹, Toshifumi Minamoto¹

1. 神戸大学 院 人間発達

1. Kobe university

【P-14】

2021 年から 2025 年にかけての宮城県南三陸町志津川湾における魚類群衆の変化

Changes in the fish fauna in Shizugawa Bay, Minamisanriku Town, Miyagi prefecture from 2021 to 2025

鈴木 将太¹, 阿部 拓三¹

Shota Suzuki¹, Takuzo Abe¹

1. 南三陸町自然環境活用センター

1. Minamisanriku Nature Center

【P-15】

環境 DNA を用いた氾濫原プール魚類群集評価の基礎的検討

Basic study for fish assemblage evaluation in floodplain pools using environmental DNA

宮園 誠二¹, 中尾 遼平¹, 赤松 良久¹

Seiji Miyazono¹, Ryohei Nakao¹, Yoshihisa Akamatsu¹

1. 山口大学

1. Yamaguchi University

【P-16】

環境 DNA 定量メタバーコーディングを用いた徳島県吉野川下流域における魚類群集の多様性パターンについて

Quantitative environmental DNA metabarcoding reveals fish biodiversity patterns in the lower reaches of Yoshinogawa River basin in Tokushima

鬼久保 浩正^{1,2}, 河口 洋一⁴, 佐藤 雄大⁴, 赤松 良久³, 中尾 遼平³, 山中 亮一², 森 紗綾香⁵, 武藤 裕則², 鎌田 磨人²

Hiromasa Onikubo^{1,2}, Yoichi Kawaguchi⁴, Takahiro Sato⁴, Yoshihisa Akamatsu³, Ryohei Nakao³, Ryoichi Yamanaka², Sayaka Mori⁵, Yasunori Muto², Mahito Kamada²

1. パシフィックコンサルタンツ株式会社, 2. 徳島大学 大学院創成科学研究科, 3. 山口大学 大学院創成科学研究科,

4. 新潟大学 佐渡自然共生科学センター, 5. 認定 NPO 法人とくしまコウノトリ基金

1. Pacific Consultants, 2. Tokushima Univ., 3. YAMAGUCHI UNIV., 4. Niigata Univ., 5. NPO Tokushima Stork Fund

【P-17】

eDNA metabarcoding of St. Lawrence River basin in Quebec, Canada

荒木 仁志¹, 井上 頌子¹, 神戸 崇¹, Sanderson Sarah², Hendry Andrew²

Hitoshi Araki¹, Shouko Inoue¹, Takashi Kanbe¹, Sarah Sanderson², Andrew Hendry²

1. 北海道大学, 2. McGill University

1. Hokkaido University, 2. McGill University

【P-18】

Comparing eDNA metabarcoding and open-access observation data for freshwater biodiversity in northern Taiwan

Ing Chen¹, Carolin Krug², Hsi-Cheng Ho³, Loïc Pellissier², Sean Willett²

1. Natl. Taiwan Normal Univ., 2. ETH Zurich, 3. Natl. Taiwan Univ.

【P-19】

三陸沿岸における魚類群集の変遷

Transition of fish community in Sanriku coast

辛 海渡¹, 宮本 竜也¹, 元松 直馬¹, 田辺 晶史¹, 岩崎 藍子¹, 村上 弘章¹, 星川 莞爾¹, 深澤 陸², 笠原 剛樹¹, 岩下 源¹, 太田 圭祐¹, 三田村 碧³, 篠原 直登¹, 笠田 実¹, 千葉 神楽¹, 井上 翔太¹, 岩下 知¹, 上野山 珠緒¹, 石川 昂汰¹, 近藤 倫生¹

Kaito Shin¹, Tatsuya Miyamoto¹, Naoma Motomatsu¹, Akifumi Tanabe¹, Aiko Iwasaki¹, Hiroaki Murakami¹, Kanji Hoshikawa¹, Riku Fukasawa², Goki Kasahara¹, Gen Iwashita¹, Keisuke Ohta¹, Aoi Mitamura³, Naoto Shinohara¹, Minoru Kasada¹, Kagura Chiba¹, Shota Inoue¹, Tomo Iwashita¹, Tamao Uenoyama¹, Kota Ishikawa¹, Michio Kondoh¹

1. 東北大学, 2. 北海道大学, 3. 沖縄科学技術大学院大学

1. TOHOKU University, 2. Hokkaido University, 3. Okinawa Institute of Science and Technology

【P-20】

Contrasting deep-sea and coastal surface fish communities: An environmental DNA metabarcoding study of vertical stratification in Suruga Bay

Akshat Goyal¹, Michio Kondoh¹

1. Tohoku University

【P-21】

Long-term monitoring of fish communities using eDNA metabarcoding

ICHUN Lily Lee¹, Tzu-Hao Lin¹

1. Academia Sinica

【P-22】

水産有用種と同様の分布変化を気候変動に対して示す魚種集団の探索

Exploring the fish assemblages shifting their distribution alongside commercially important fishes in response to climate change

大場 智央¹, 堀 正和¹

Tomoo Oba¹, Masakazu Hori¹

1. 水産研究・教育機構 水産資源研究所

1. Fisheries Resources Institute

【P-23】

海洋魚類群集における市民科学者と職業科学者の環境 DNA データ比較と活用可能性

Comparison and potential use of environmental DNA data between citizen professional scientists and scientists in marine fish communities

千葉 神楽¹, 近藤 倫生¹

Kagura Chiba¹, Kondoh Michio¹

1. 東北大学大学院生命科学研究科

1. Tohoku University Graduate School

【P-24】

Fish fauna beneath the coastal sea ice in Lützow-Holm Bay, East Antarctica, revealed by environmental DNA

河合 賢太郎¹, 市川 光太郎², 黒田 充樹³, 松田 乾⁴, 長谷川 浩平⁵, 高松 敦⁶, 黒田 真央⁷, 浅井 咲樹⁶, 大西 由伸¹, 三田村 啓理², 高橋 晃周⁸, 宮本 佳則⁶

Kentaro kawai¹, Kotaro Ichikawa², Mitsuki Kuroda³, Tsuyoshi Matsuda⁴, Kohei Hasegawa⁵, Atsushi Takamatsu⁶, Mao Kuroda⁷, Saki Asai⁶, Yoshinobu Onishi¹, Hiromichi Mitamura², Akinori Takahashi⁸, Yoshinori Miyamoto⁶

1. 広島大学, 2. 京都大学, 3. 海洋研究開発機構, 4. 名古屋港水族館, 5. 北海道大学, 6. 東京海洋大学, 7. 九州大学, 8. 国立極地研究所

1. Hiroshima University, 2. Kyoto University, 3. JAMSTEC, 4. Port of Nagoya Public Aquarium, 5. Hokkaido University, 6. TUMSAT, 7. Kyusyu University, 8. National Institute of Polar Research

【P-25】

Environmental DNA metabarcoding for the monitoring and assessment of marine biodiversity and network interactions in coastal waters

Jinping CHENG¹, Linus Lo¹, Peiyuan Ye¹, Jing Yang¹

1. The Education University of Hong Kong

【P-26】

環境 DNA メタバーコーディングを活用した沖ノ鳥島周辺海域の生物相調査

Biodiversity survey in waters around the Okinotorishima Islands using environmental DNA metabarcoding

藤井 太一¹, 白子 智康¹, 横岡 博之¹, 杉島 英樹¹, 藤原 義弘², 吉田 尊雄², 河戸 勝², 高月 直樹¹, 田岡 智¹, 大野 敦生¹, 川島 昇悟¹, 高島 創太郎¹, 長野 和則¹, 桜井 活人¹, 長井 大¹, 峯岸 宣遠¹, 木川 栄一¹

Taichi Fujii¹, Tomoyasu Shirako¹, Hiroyuki Yokooka¹, Hideki Sugishima¹, Yoshihiro Fujiwara², Takao Yoshida², Masaru Kawato², Naoki Takatsuki¹, Satoru Taoka¹, Atsuo Ono¹, Shogo Kawashima¹, Soutarou Takashima¹, Katsunori Nagano¹, Katsuto Sakurai¹, Masaru Nagai¹, Nobutoo Minegisi¹, Eiichi Kikawa¹

1. いであ株式会社, 2. 国立研究開発法人海洋研究開発機構

1. IDEA Consultants, Inc., 2. JAMSTEC

【P-27】

Marine community genetics from environmental DNA: A test in the Hawaiian Islands

Taylor Ely¹, Peter B Marko¹

1. University of Hawaii at Manoa

【P-28】

島根県指定希少野生動物ミナミアカヒレタビラの生息実態解明に向けた環境 DNA 調査

Environmental DNA survey to clarify the habitat status of the endangered southern red tabira bitterling (*Acheilognathus tabira jordani*) in Shimane Prefecture

河本 康誠¹, 辻井 要介^{2,3}, 野尻 祐樹⁴, 高原 輝彦¹

Kosei Komoto¹, Yosuke Tsujii^{2,3}, Yuki Nojiri⁴, Teruhiko Takahara¹

1. 島根大学生物資源科学部, 2. ミナミアカヒレタビラ研究会, 3. みなもかん, 4. 島根県環境生活部自然環境課

1. Shimane Univ., 2. A. tabira jordani Study Group, 3. Minamokan, 4. Shimane Pref.

【P-29】

大阪湾におけるキジハタ (*Epinephelus akaara*) の分布パターンと繁殖地の解明

Investigation of Distribution Patterns and Potential Spawning Habitats of *Epinephelus akaara* in Osaka Bay, Japan

青葉 航輝¹, 源 利文¹

KOUKI AOBA¹, TOSHIFUMI MINAMOTO¹

1. 神戸大学

1. Kobe univ.

【P-30】

環境 DNA を用いた北日本沿岸におけるアイナメ属分布推定

Coastal distribution of *Hexagrammos* in northern Japan inferred from environmental DNA

福山 享¹, 坂田 雅之¹, 神戸 崇¹, 井上 頌子¹, 八柳 哲², 荒木 仁志¹

Ataru Fukuyama¹, Masayuki K Sakata¹, Takashi Kanbe¹, Shouko Inoue¹, Tetsu Yatsuyanagi², Hitoshi Araki¹

1. 北海道大学, 2. 京都大学

1. Hokkaido University, 2. Kyoto University

【P-31】

水生生物の胃内容物および鳥類の排泄物を対象とした種特異的 DNA 検出系によるホシガレイ *Verasper variegatus* 種苗の捕食者の特定

Identifying predators of hatchery-reared juveniles of spotted halibut *Verasper variegatus* by species-specific DNA detection from stomach contents of fishes and crustaceans and bird feces

叶 一希¹, 村上 弘章¹, 深野 直孝¹, 恩田 都和¹, 片山 知史¹, 源 利文⁴, 邬 倩倩⁴, 小木曾 奏斗², 荒井 優志², 角野 和史², 久米 学³, 高木 淳一², 山野辺 貴寛⁵, 成田 薫⁵, 舟木 優斗⁵, 和田 敏裕⁶, 三田村 啓理²

Kazuki Kanoh¹, Hiroaki Murakami¹, Naotaka Fukano¹, Towa Onda¹, Satoshi Katayama¹, Toshifumi Minamoto⁴, Qianqian Wu⁴, Kanato Ogiso², Yushi Arai², Kazushi Sumino², Manabu Kume³, Junichi Takagi², Takahiro Yamanobe⁵, Kaoru Narita⁵, Yuto Funaki⁵, Toshihiro Wada⁶, Hiromichi Mitamura²

1. 東北大学, 2. 京都大学, 3. 石巻専修大学, 4. 神戸大学, 5. 福島県, 6. 福島大学

1. Tohoku University, 2. Kyoto University, 3. Ishinomaki Senshu University, 4. Kobe University, 5. Fukushima Prefecture, 6. Fukushima University

【P-32】

環境 DNA を用いた慣行田んぼと谷津田における無脊椎動物の生物群集の季節変化比較

Comparison of seasonal changes in invertebrate communities in conventional and valley rice paddies using environmental DNA

長谷部 勇太¹, 深谷 肇一², 運天 弘樹³, 稲熊 あすみ³

Yuta Hasebe¹, Keiich Fukaya², Hiroki Unten³, Asumi Inaguma³

1. 神奈川県環境科学センター, 2. 国立環境研究所, 3. NEC ソリューションイノベーター

1. Kanagawa Environmental Research Center, 2. NIES, 3. NEC Solution Innovators, Ltd.

【P-33】

中国地方一級水系における環境 DNA 分析を用いた水生昆虫類の多様性調査に関する基礎的検討

Basic study for assessing aquatic insect diversity using an environmental DNA analysis in first grade rivers in Chugoku district

中村 桃子¹, 花岡 拓身¹, 中尾 遼平¹, 赤松 良久¹

Momoko Nakamura¹, Takumi Hanaoka¹, Ryohei Nakao¹, Yoshihisa Akamatsu¹

1. 山口大学大学院創成科学研究科

1. Yamaguchi Univ.

[P-34]

Comparing traditional and genomic biodiversity assessments of stream invertebrates across a subcontinental scale

Daniel Allen¹, Zaccheaus Compson², Luiza Gonçalves Lazzaro¹, Kierstyn Higgins¹, Chelsea Smith³, Ibrahim Fagbohun¹, Lindsey Vande Streek², Kaley Cave², Albert Ruhi⁴, Arial Shogren³, Carla Atkinson³, Kyle Leathers⁵, Michael Bogan⁶, Thomas Neeson⁷, Sean Emmons⁵, Megan Malish⁸, Samuel Silknetter⁹, Meryl Mims⁹, Travis Apgar¹⁰, Brian Gill⁶

1. Penn State University, 2. University of North Texas, 3. University of Alabama, 4. University of California Berkeley, 5. United States Geological Survey, 6. University of Arizona, 7. University of Oklahoma, 8. Michigan State University, 9. Virginia Tech University, 10. California Dept of Fish and Wildlife

[P-35]

環境 DNA ハプロタイピングによる水生昆虫の個体群間交流の推定

eDNA haplotyping reveals population connectivity of aquatic insects

脇村 圭¹, 上野 竜也¹, 高見 明日香¹

Kei Wakimura¹, Tatsuya Ueno¹, Asuka Takami¹

1. 大阪大谷大学

1. Osaka Ohtani University

[P-36]

北海道・東北の河川における重金属影響：水生昆虫と環境 DNA による統合評価

Integrated assessment of heavy-metal pollution in Hokkaido-Tohoku rivers using aquatic insects and eDNA

内田 典子¹, 岩崎 雄一², 倉西 良一³, 今藤 夏子⁴

Noriko Uchida¹, Yuichi Iwasaki², Ryoichi Kuranishi³, Natsuko Kondo⁴

1. 東北大学, 2. 産業技術総合研究所, 3. 神奈川工科大学, 4. 国立環境研究所

1. Tohoku University, 2. AIST, 3. Kanagawa Institute of Technology, 4. NIES

[P-37]

Integrating eDNA and eRNA for stream health assessment using benthic diatoms

Keonhee Kim¹, Nan-Young Kim¹, Soon-Jin Hwang¹

1. Konkuk University

[P-38]

隠岐近海のプランクトン相の通年メタバーコーディング解析

Year-round metabarcoding analysis of plankton communities in the waters near Oki Islands

岸本 彩花¹, 大原 圭太郎², 吉田 真明²

Ayaka Kishimoto¹, Keitarou Oohara², Masa-aki Yoshida²

1. 島根大学大学院自然科学研究科, 2. 島根大学生物資源科学部

1. Graduate School, Shimane Univ., 2. Shimane Univ.

【P-39】

沖縄科学技術大学院大学サンゴプロジェクトのイシサンゴ環境DNA調査の概要と慶良間諸島での事例 eDNA metabarcoding survey of Scleractinian corals in the OIST coral project and its result in the Kerama Islands

野田 武志¹, 比嘉 幹彦², 久田 香奈子¹, 諏訪 真幸¹, 成底 晴日¹, 佐藤 矩行¹

Takeshi Noda¹, Mikihiro Higa², Kanako Hisata¹, Mayuki Fujiwara Suwa¹, Haruhi Narisoko¹, Noriyuki Satoh¹

1. 沖縄科学技術大学院大学, 2. 阿嘉島臨海実験所

1. OIST, 2. AMSL

【P-40】

Pristine Seas of the Pacific: Coral reef biogeography assessed using environmental DNA

Cameron Alan James Walsh^{1,2}, Molly A. Timmers^{1,3}, Katherine Viehl^{1,2}, Cameron Angulo^{1,2}, Alan M. Friedlander^{3,1}, Robert J. Toonen^{1,2}, Brian W. Bowen^{1,2}

1. Hawai'i Institute of Marine Biology, 2. University of Hawai'i, 3. Pristine Seas, National Geographic Soc.

【P-41】

海藻養殖による炭素固定能の評価に向けた環境中のオキナワモズク由来 DNA の種特異的な検出・定量系の開発

Developing a method to detect and quantify *Cladosiphon okamuranus* DNA from the environment to assess the carbon fixation potential of seaweed farms

小林 孝太郎¹, 藤村 弘行¹, 田中 厚子¹, 新里 尚也¹, 佐藤 陽一², 小西 照子¹, 西原 直希³, 伊藤 通浩¹

Kotaro Kobayashi¹, Hiroyuki Fujimura¹, Atsuko Tanaka¹, Naoya Shinzato¹, Yoichi Sato², Teruko Konishi¹, Gregory N. Nishihara³, Michihiro Ito¹

1. 琉球大学, 2. 理研食品, 3. 長崎大学

1. University of the Ryukyus, 2. Riken Food Co., Ltd., 3. Nagasaki University

【P-42】

環境 DNA を用いた河川における自然再生事業の評価

Impact assessment of nature restoration projects in rivers using environmental DNA

三田村 碧¹, 長谷部 勇太², 田辺 晶史¹, 近藤 倫生¹

Aoi Mitamura¹, Yuta Hasebe², Akifumi Tanabe¹, Michio Kondoh¹

1. 東北大学, 2. 神奈川県環境科学センター

1. Tohoku University, 2. Kanagawa Environ. Res. Ctr.

【P-43】

都内淡水域における水生生物を対象とした環境 DNA 調査

Environmental DNA-based survey of aquatic organisms in freshwater bodies in Tokyo

西田 一也¹, 堀内 勇寿¹, 石井 裕一¹

Kazuya Nishida¹, Yuju Horiuchi¹, Yuichi Ishii¹

1. 東京都環境科学研究所

1. Tokyo Metro Res Instit Environ Prot

【P-44】

宮崎県清武川水系における環境 DNA 移流モデルと流量データを用いた河川生物量推定手法の検討 Development of a riverine biomass estimation method using environmental DNA transport model and discharge data in the Kiyotake River

野崎 康平¹, 三上 優貴¹, 徐 晨¹, 糠澤 桂²

Kohei Nosaki¹, Yuki Mikami¹, Chen Xu¹, Kei Nukazawa²

1. 宮崎大学大学院, 2. 宮崎大学

1. Graduate School of Miyazaki University, 2. University of Miyazaki

【P-45】

環境 DNA 分析による別府湾堆積物を用いた 1900 年前までわたる生物群集の長期復元

Long-term reconstruction of biological communities over the past 1900 years from Beppu Bay sediments using environmental DNA analysis

沼 千智¹, 土居 秀幸², 齊藤 達也², 平橋 佑介³, 中根 快⁴, 槻木 玲美⁵, 加 千宣⁴

Chisato Numa¹, Hideyuki Doi², Tatsuya Saitou², Yusuke Hirahashi³, Kai Nakane⁴, Narumi Tsugeki⁵, Michinobu Kuwae⁴

1. 津山工業高校専門学校, 2. 京都大学大学院, 3. 愛媛大学大学院, 4. 愛媛大学沿岸環境科学研究センター, 5. 松山大学

1. NIT, Tsuyama College, 2. Graduate School, Kyoto Univ., 3. Graduate School, Ehime Univ.,

4. Marine Env. Studies, Ehime Univ., 5. Matsuyama Univ.

【P-46】

環境 RNA による沿岸生態調査における飼料由来偽陽性の低減

Environmental RNA reduces feed-derived false positives in coastal field surveys

宮田 楓¹, 井上 泰彰¹, 北崎 なつみ¹, 中根 佳祐¹, 加藤 文仁², 小西 宏幸¹, 峯 浩二¹, 本田 大士¹, 山根 雅之¹

Kaede Miyata¹, Yasuaki Inoue¹, Natsumi Kitazaki¹, Keisuke Nakane¹, Fumihito Kato², Hiroyuki Konishi¹, Koji Mine¹, Hiroshi Honda¹, Masayuki Yamane¹

1. 花王株式会社, 2. 和歌山県水産試験場

1. Kao Corporation, 2. Wakayama Fisheries Experimental Station

【P-47】

深海での展開が可能な大流量 eDNA サンプラーの開発と評価

Development and evaluation of a high-throughput, deep-sea deployable eDNA Sampler

福場 辰洋¹, 小柳 亮太¹

Tatsuhiko Fukuba¹, Ryota Koyanagi¹

1. 国立研究開発法人海洋研究開発機構

1. JAMSTEC

【P-48】

Thermal traps constrain community reorganization under global warming

JIWEI YANG¹, Michio Kondoh¹

1. WPI-AIMEC, Tohoku University

【P-49】

イシガイ類メタバーコーディングの改良

Improvements to Metabarcoding for Unionidae

大井 和之¹

Kazuyuki Ooi¹

1. 一般財団法人九州環境管理協会

1. Kyushu Environ. Eval. Assoc.

【P-50】

マンソン住血吸虫の環境 DNA の検出感度向上に向けた方法論的進展

Methodological advances for sensitive detection of *Schistosoma mansoni* eDNA

山本 優奈¹, Chadeka Asena Evans^{2,3}, Ngetich Benard², Ododa George⁵, 風 幸世⁶, 二見 恭子², 日向 綾子⁷, Njenga Sammy M.³, Ouma Collins⁴, 濱野 真二郎², 源 利文¹

Yuna Yamamoto¹, Evans Asena Chadeka^{2,3}, Benard Ngetich², George Ododa⁵, Sachiyo Nagi⁶, Futami Kyoko², Ayako Hyuga⁷, Sammy M. Njenga³, Collins Ouma⁴, Shinjiro Hamano², Toshifumi Minamoto¹

1. 神戸大学, 2. 長崎大学, 3. Kenya Medical Research Institute (KEMRI), 4. マセノ大学,

5. ASK Community Based Organization, 6. 東京女子医科大学, 7. 日本大学

1. Kobe Univ., 2. Nagasaki Univ., 3. Kenya Medical Research Institute (KEMRI), 4. Maseno Univ.,

5. ASK Community Based Organization, 6. Tokyo Women's Medical Univ., 7. Nihon Univ.

【P-51】

環境 DNA 分析による農作物害虫の発生量把握の検討

Evaluation of environmental DNA analysis for assessing crop pest abundance

財前 香花¹, 伊藤 政雄¹, SORN SOVANNLAKSMY¹, 伊藤 桂¹, 井原 賢¹

Kanoka Zaizen¹, Masao Ito¹, SOVANNLAKSMY SORN¹, Katsura Ito¹, Masaru Ihara¹

1. 高知大学

1. Kochi University

【P-52】

樹幹流中に含まれる真菌類の DNA メタバーコーディング解析

Fungal diversity in tree stemflow revealed by DNA metabarcoding

蘭光 健人¹, 坂田 歩美², 後藤 亮², 佐土 哲也³, 宮 正樹⁴

Kento Rammitsu¹, Ayumi Sakata², Ryo O. Gotoh², Tetsuya Sado³, Masaki Miya⁴

1. 東京大学大学院, 2. 千葉中央博, 3. 国環研, 4. 早稲田大

1. Univ. of Tokyo, 2. CBM, 3. NIES, 4. Waseda Univ.

【P-53】

eDNA によるシイタケ菌床の害虫検出手法の開発

Developing an eDNA-based method for detecting pests on Shiitake mushroom substrates

中村 祥子¹, 末吉 昌宏¹

Shoko Nakamura¹, Masahiro Sueyoshi¹

1. 森林総合研究所

1. FFPRI

【P-54】

マルチプレックス PCR を用いた環境 DNA メタバーコーディングによる多分類群同時検出とその現場適用性

Simultaneous multi-taxa detection by multiplex PCR-based environmental DNA metabarcoding and its field applicability

中村 匡聡¹, 白子 智康¹, 南野 洋孝¹, 生駒 歩¹, 荒巻 陽介¹

Masatoshi Nakamura¹, Tomoyasu Shirako¹, Hirotaka Minamino¹, Ayumu Ikoma¹, Yousuke Aramaki¹

1. いであ株式会社

1. IDEA COntSultants, Inc.

【P-55】

陸上の環境 DNA を効率的に捕集する Koro-rin 法の開発

Development of the Koro-rin method for efficient collection of terrestrial environmental DNA

垣田 真奈美¹, 古田 芳一¹, 田中 秀典¹

Manami Kakita¹, Yoshikazu Furuta¹, Hidenori Tanaka¹

1. 株式会社豊田中央研究所

1. TOYOTA CENTRAL R&D LABS., INC.

【P-56】

野外環境水からの細胞核回収法の確立および分析手法の最適化：交雑種検出への応用

Establishment of nuclear recovery methods from field environmental water and optimization of analytical techniques: Application to hybrid detection

矢野 七虹¹, 坂田 雅之², 今村 彰生³, 山中 裕樹⁴, 源 利文¹

Nanako Yano¹, Masayuki Sakata², Akio Imamura³, Hiroki Yamanaka⁴, Toshifumi Minamoto¹

1. 神戸大学, 2. 北海道大学, 3. 北海道教育大学, 4. 龍谷大学

1. Kobe Univ., 2.Hokkaido Univ., 3.Hokkaido Univ. of Education, 4.Ryukoku Univ.

【P-57】

野外における生態-進化フィードバック解明に向けた樹上環境 DNA アプローチの活用

Utilization of an arboreal eDNA approach for elucidating the eco-evolutionary feedback in natural conditions

大熊 普賢¹, 内海 俊介²

Fugen Okuma¹, Shunsuke Utsumi²

1. 北海道大学 環境科学院, 2. 北海道大学 地球環境科学研究所

1. Hokkaido Univ., Env. Science, 2. Hokkaido Univ. Env. Earth Science

【P-58】

森林林冠層の生物多様性把握に向けた樹幹流を利用した環境 DNA 解析の適用可能性検討

Stemflow eDNA as a window into forest canopy biodiversity: A case study on lichens

坂田 歩美¹, 蘭光 健人², 佐土 哲也³, 後藤 亮¹, 三次 充和⁴, 海老原 淳⁵, 坪田 博美⁶, 井上 侑哉⁵, 宮 正樹⁷

Ayumi Sakata¹, Kento Rammitsu², Tetuya Sado³, Ryo OGotoh¹, Mitsukazu Mitsugi⁴,

Atsushi Ebihara⁵, Hiromi Tsubota⁶, Yuya Inoue⁵, Masaki Miya⁷

1. 千葉県立中央博物館, 2. 東大新領域, 3. 国環研, 4. 東大千葉演習林, 5. 国立科学博物館, 6. 広島大学, 7. 早稲田大

1. CBM, 2. Univ. of Tokyo, 3. NIES, 4. Univ. of Tokyo Chiba Forest, 5. TNS, 6. Univ. of Hiroshima, 7. Waseda Univ.

【P-59】

森林における環境 DNA 分析を用いた生物相調査ー河川水サンプリングと水かけ法ー

Biota survey using environmental DNA analysis in forests from river water and tree leaves

安田 朝香¹, 山中 裕樹¹

Asaka Yasuda¹, Hiroki Yamanaka¹

1. 龍谷大学

1. Ryukoku University

【P-60】

山地河川水の環境 MIG-seq 分析による集水域内優占樹種の遺伝的多様性評価

Assessment of genetic diversity of dominant trees from river water using MIG-seq analysis of environmental DNA (eMIG-seq)

堀江 莉那¹, 濱津 幸大¹, 石川 直子¹, 高橋 大樹², 陶山 佳久¹

Rina Horie¹, Kodai Hamatsu¹, Naoko Ishikawa¹, Daiki Takahashi², Yoshihisa Suyama¹

1. 東北大学, 2. 九州大学

1. Tohoku University, 2. Kyushu University

【P-61】

ヘビのフィールドサインからの環境 DNA 検出についての試行

Attempt to detect eDNA from field signs of snake

小林 聡¹, 中野 大助¹

SOH Kobayashi¹, Daisuke Nakano¹

1. 一般財団法人 電力中央研究所

1. CRIEPI

【P-62】

陸域サンプルを用いた環境 DNA 分析による哺乳類相把握の試み ～現地調査結果との比較～

An attempt to assess mammalian fauna through environmental DNA analysis using terrestrial samples: A comparison with conventional field survey results

大須賀 麻希¹, 堀 裕和¹, 澤樹 征司¹, 棟方 有桂², 山崎 智美²

Maki Osuga¹, Hirokazu Hori¹, Seiji Sawaki¹, Yuka Munakata², Tomomi Yamazaki²

1. 株式会社建設技術研究所, 2. 株式会社環境総合リサーチ

1. CTI Engineering Co., Ltd., 2. ER&S co., Ltd.

【P-63】

LAMP 法による特定外来生物キョンの検知法の開発

Development of a detection technique for specified invasive species Reeves' muntjac using the LAMP method

小坂井 千夏¹, 稲垣 怜那², 秦 彩夏¹, 後藤 優介³, 福田 至朗²

Chinatsu Kozakai¹, Reina Inagaki², Ayaka Hata¹, Yusuke Goto³, Shirou Fukuta²

1. 農研機構, 2. 愛知県農業総合試験場, 3. 茨城県自然博物館

1. NARO, 2. Aichi Agricultural Research Center, 3. Ibaraki Nature Museum

【P-64】

環境 DNA で陸の脊椎動物を検出 ～ペイントローラーによる地表面調査の実証

Detecting terrestrial vertebrates using eDNA: A field validation of ground surface sampling with a paint roller

棟方 有桂¹, 永田 祐大¹, 大谷 剛生¹, 山崎 智美¹, 水野 貴文¹, 堀 裕和², 澤樹 征司², 源 利文³

Yuka Munakata¹, Yudai Nagata¹, Takeo Otani¹, Tomomi Yamazaki¹, Takafumi Mizuno¹, Hirokazu Hori², Seiji Sawaki², Toshifumi Minamoto³

1. (株) 環境総合リサーチ, 2. (株) 建設技術研究所, 3. 神戸大学大学院人間発達環境学研究科

1. ER&S co., Ltd., 2. CTI ENGINEERING CO., LTD., 3. Grad. Sch. Hum. Dev. Env., Kobe U.

【P-65】

環境 DNA を用いた里山における野生生物モニタリング手法の検討

Evaluation of wildlife monitoring approaches in Satoyama landscapes through environmental DNA

平川 周作¹, 石間 妙子¹, 更谷 有哉¹, 古賀 智子¹, 金子 洋平¹

Shusaku Hirakawa¹, Taeko Ishima¹, Yuya Saratani¹, Tomoko Koga¹, Yohei Kaneko¹

1. 福岡県保健環境研究所

1. FIHES

【P-66】

埼玉県における野生イノシシ検知を目的としたアジア型ミトコンドリア DNA を標的とする qPCR 検出系の開発

Development of a qPCR assay targeting Asian-haplotype mtDNA to detect wild boar (*Sus scrofa*) in Saitama

小山 浩由¹

Hiroyoshi KOYAMA¹

1. 埼玉県農業技術研究センター

1. Saitama Agri. Tech. Res. Ctr.

【P-67】

Seasonal diet of wild boar (*Sus scrofa*) revealed by DNA metabarcoding analysis

斎藤 梨絵¹, 根本 唯², 石井 弓美子³, 神田 幸亮⁴, 玉置 雅紀³,

RIE SAITO¹, YUI NEMOTO², YUMIKO ISHII³, KOSUKE KANDA⁴, MASANORI TAMAOKI³

1. 岩手大学, 2. 東京農業大学, 3. 国立環境研究所, 4. 福島県環境創造センター

1. Iwate University, 2. Tokyo University of Agriculture, 3. NIES, 4. Fukushima Prefecture

【P-68】

パッシブサンプリング法による河川での魚類環境 DNA 調査への適用に関する検証

Evaluation of the application for fish environmental DNA survey in rivers using the passive sampling method

前原 裕¹, 今村 史子¹, 郡司 未佳¹, 五十嵐 美穂¹, 都築 隆禎², 内藤 太輔², 中尾 遼平³, 赤松 良久³

Yu Maebara¹, Fumiko Imamura¹, Mika Gunji¹, Miho Igarashi¹, Takayoshi Tsuzuki², Daisuke Naito², Ryohei Nakao³, Yoshihisa Akamatsu³

1. 日本工営株式会社, 2. 公益財団法人 リバーフロント研究所, 3. 山口大学

1. Nippon Koei Co.Ltd, 2. Japan Riverfront Research Center, 3. Yamaguchi University

【P-69】

環境 DNA パッシブサンプリング法による遠賀川水系の魚類相把握

Surveying the fish fauna of the Onga River system using an environmental DNA passive sampling method

富永 悠太¹, 齋藤 剛¹, 小野 宏紀², 大坪 摩耶², 中尾 遼平³, 赤松 良久³

Yuta Tominaga¹, Tsuyoshi Saito¹, Hiroki Ono², Maya Ootsubo², Ryouhei Nakao³, Yoshihisa Akamatsu³

1. 西日本技術開発(株), 2. 国土交通省 九州地方整備局 遠賀川河川事務所, 3. 山口大学

1. West Japan Engineering Consultants, Inc., 2. Ongagawa Office., 3. Yamaguchi Univ.

【P-70】

降雨時河川水の環境 DNA 分析による集水域の哺乳類・鳥類相評価法の検討：採水法とパッシブサンプリング法の比較

Evaluation of mammal and bird communities in a catchment using environmental DNA from rainfall-runoff river water: Comparison of water and passive sampling methods

岡田 経太¹, 大中 臨¹, 中尾 遼平¹, 赤松 良久¹

Keita Henry Okada¹, Nozomu Onaka¹, Ryohei Nakao¹, Yoshihisa Akamatsu¹

1. 山口大学

1. Yamaguchi University

【P-71】

パッシブエアサンプラーによる哺乳類、鳥類、植物の調査

Survey of mammals, birds, and plants using passive air samplers

白子 智康¹, 藤井 太一¹, 伊東 茶宥¹, 齋藤 史之¹, 養田 勝則¹, 山崎 亨^{1,2}, 安田 朝香³, 山中 裕樹³

Tomoyasu Shirako¹, Taichi Fujii¹, Sasu keIto¹, Fumiyuki Saito¹, Katsunori Youda¹, Toru Yamazaki^{1,2}, Asaka Yasuda³, Hiroki Yamanaka³

1. いであ株式会社, 2. クマタカ生態研究グループ, 3. 龍谷大学先端理工学部

1. IDEA Consultants, Inc., 2. Mountain hawk eagle ecological research, 3. Ryukoku University

【P-72】

大気エアロゾル試料を用いた環境 DNA メタバーコーディングによる生物モニタリングの可能性

Potential of environmental DNA metabarcoding using aerosol samples for biodiversity monitoring

坂崎 美都季¹, 和田 匡司², 池盛 文数³, 那須 正夫¹, 内井 喜美子¹

Mizuki Sakazaki¹, Masashi Wada², Fumikazu Ikemori³, Masao Nasu¹, Kimiko Uchii¹

1. 大阪大谷大学, 2. おおさか環農水研, 3. 長崎大学

1. Osaka Ohtani University, 2. RIEAFO, 3. Nagasaki University

【P-73】

Methodological assessment of rotorod-based airborne eDNA collection in a cave environment

林 士淵¹, 張 書寧¹, 何 熙誠¹, 陳 瑩²

Shih-Yuan Lin¹, Su-Ning Chang¹, Hsi-Cheng Ho¹, Ing Chen²

1. 国立台湾大学, 2. 国立台湾師範大学

1. National Taiwan University, 2. National Taiwan Normal University

【P-74】

Exploring the potential of airborne environmental DNA for terrestrial wildlife monitoring

廣瀬 雅恵¹, 増田 和志¹, 西堀 正英¹, 米澤 隆弘¹, 呉 佳齊¹, 石川 智史², 高橋 弥帰², 青木 耶珠子², 安江 博³, 野田 亜矢子⁴, 畑瀬 淳⁴

Masae Hirose¹, Kazushi Masuda¹, Masahide Nishibori¹, Takahiro Yonezawa¹, Jiaqi Wu¹, Satoshi Ishikawa², Miki Takahashi², Yasuko Aoki², Hiroshi Yasue³, Ayako Noda⁴, Jun Hatase⁴

1. 広島大学大学院, 2. 福山市立動物園, 3. 株式会社つくば遺伝子研究所, 4. 広島市安佐動物公園

1. Hiroshima University, 2. Fukuyama City Zoo, 3. Tsukuba Gene Technology Laboratories,

4. Hiroshima City Asa Zoological Park

【P-75】

Airborne eDNA metabarcoding reveals locatio-specific zoo mammal faunas

増田 和志¹, 廣瀬 雅恵¹, 西堀 正英¹, 畑瀬 淳², 野田 亜矢子², 安江 博³

Kazushi Masuda¹, Masae Hirose¹, Masahide Nishibori¹, Jun Hatase², Ayako Noda², Hiroshi Yasue³

1. 広島大学, 2. 広島市安佐動物公園, 3. 株式会社つくば遺伝子研究所

1. Hiroshima Univ., 2. Hiroshima City Asa Zoological Park, 3. Tsukuba GeneTechnology Laboratories

【P-76】

室内の空気を用いたヒト環境 DNA 解析の法科学的応用

Forensic applications of human environmental DNA analysis using indoor air

永井 淳¹, 同前 友季子¹, 三好 那奈¹, 川端 菜摘¹, 垣内 陽香理¹, 後藤 結衣¹, 牛丸 由理佳¹, 勝又 みなみ¹, 稲泉 萌¹, 道上 知美¹

Atsushi Nagai¹, Yukiko Dozen¹, Nana Miyoshi¹, Natsumi Kawabata¹, Hikari Kaito¹, Yui Goto¹, Yurika Ushimaru¹, Minami Katsumata¹, Moe Inaizumi¹, Tomomi Michiue¹

1. 岐阜大学

1. Gifu University

【P-77】

環境 DNA 分析におけるガラスファイバーフィルターの性能比較

Performance comparison of glass fiber filters in environmental DNA (eDNA) analysis

永田 祐大¹, 大谷 剛生¹, 山崎 智美¹, 棟方 有桂¹, 水野 貴文¹

Yudai Nagata¹, Takeo Otani¹, Tomomi Yamazaki¹, Yuka Munakata¹, Takafumi Mizuno¹

1. 株式会社 環境総合リサーチ

1. ER & S co., Ltd.

【P-78】

環境 DNA 解析より高感度な環境 RNA 解析の比較検証

Comparative verification of highly sensitive environmental RNA analysis than environmental DNA analysis

松下 翔真¹, 鈴木 穰¹, 吉澤 晋¹, 伊知地 稔², 尾田 正二¹

Shoma Matsushita¹, Yutaka Suzuki¹, Susumu Yoshizawa¹, Minoru Ijichi², Shoji Oda¹

1. 東京大学, 2. 東京都立大学

1. The University of Tokyo, 2. Tokyo Metropolitan University

【P-79】

PCR フリーロングリードシーケンシングによる eDNA からのミトコンドリア全長回収

Complete fish mitogenomes from aquatic eDNA using PCR-free long-read sequencing

水野 ひなの¹, 田中 秀典¹

Hinano Mizuno¹, Hidenori Tanaka¹

1. 株式会社豊田中央研究所

1. Toyota Central R&D Labs., Inc.

【P-80】

A novel octocoral-specific primer of the mitochondrial MutS-like protein (mtMutS) gene for environmental DNA (eDNA) metabarcoding

Agus Alim Hakim^{1,2}, Fabian Gösler¹, Jue AA Lalas^{1,3}, Emmeline A Jamodiong¹, Anže Abram⁴, Ulla von Ammon⁵, Guillermo M Castelló¹, Kurt BB Bacharo¹, Yoshihiro Fujiwara⁶, Jeffrey Jolly⁷, Timothy Ravasi^{7,8}, James D Reimer^{1,9}

1. University of the Ryukyus, Japan, 2. IPB University, Indonesia, 3. PICRC, Republic of Palau, 4. Jožef Stefan Institute, Slovenia,

5. Cawthron Institute, New Zealand, 6. RIGC, JAMSTEC, Japan, 7. OIST, Japan, 8. James Cook University, Australia,

9. TBRC, University of the Ryukyus, Japan

【P-81】

高効率 eDNA 濃縮手法 QuickConc の大容量試料への適用

Application of the high-efficiency eDNA concentration method, QuickConc, to large-volume samples

黒板 智博^{1,2}, Wu Qianqian³, 岩本 遼^{1,2}, 源 利文³

Tomohiro Kuroita^{1,2}, Qianqian Wu³, Ryo Iwamoto^{1,2}, Toshifumi Minamoto³

1. 株式会社 AdvanSentinel, 2. 塩野義製薬株式会社, 3. 神戸大学大学院人間発達環境学研究科

1. AdvanSentinel Inc., 2. SHIONOGI & Co., Ltd., 3. Kobe University

【P-82】

濁水条件下の環境 DNA 回収における新規現地濃縮法 QuickConc の有用性評価

Evaluation of QuickConc, a novel on-site concentration method, for environmental DNA recovery under turbid water conditions

徐 晨¹, 徳永 優斗¹, 三上 優貴¹, 糠澤 桂¹

Chen Xu¹, Yuuto Tokunaga¹, Yuki Mikami¹, Kei Nukazawa¹

1. 宮崎大学

1. Miyazaki University

【P-83】

ハイブリダイゼーション MIG-seq (hyMIG-seq) 法による環境 DNA 分析

Hybridization MIG-seq (hyMIG-seq) for the environmental DNA analysis

濱津 幸大¹, 石川 直子¹, 高橋 大樹², 陶山 佳久¹

Kodai Hamatsu¹, Naoko Ishikawa¹, Daiki Takahashi², Yoshihisa Suyama¹

1. 東北大学, 2. 九州大学

1. Tohoku university, 2. Kyusyu university

【P-84】

PMiFish ver.3.0 : 環境 DNA メタバーコーディング解析パイプラインの改良

PMiFish ver.3.0: An improved pipeline for eDNA metabarcoding workflows

後藤 亮¹

Ryo O. Gotoh¹

1. 千葉県立中央博物館

1. CBM

【P-85】

Multidimensional community data analysis: Tensor decomposition of spatiotemporal environmental DNA data

Masayuki Ushio¹

1. Hong Kong Univ. of Sci. and Tech.

【P-86】

HydroGen: Integration of DNA-based assessment tools into water quality and biodiversity monitoring

Robert Moise¹, Michael Connell¹, Jens Carlsson¹, Mary Kelly-Quinn¹

1. University College Dublin

【P-87】

環境エクソソーム／環境 sEVs (eExosomes/esEVs) : 水生生物間の新たなコミュニケーションネットワークの運搬体

Environmental exosomes/sEVs (eExosomes/esEVs): Mediators of a novel communication network among aquatic organisms

米澤 遼^{1,2}, 孟 玲欣¹, 橋本 なおき³, 満山 進¹, 小林 敬典¹, 吉武 和敏^{1,4}, 木下 滋晴¹,
ベイリー 小林 菜穂子⁵, 前山 薫⁶, 永井 清仁³, 渡部 終五⁴, 吉田 徹彦⁵, 浅川 修一¹

Ryo Yonezawa^{1,2}, Lingxin Meng¹, Naoki Hashimoto³, Susumu Mitsuyama¹, Takanori Kobayashi¹,
Kazutoshi Yoshitake^{1,4}, Shigeharu Kinoshita¹, Nahoko Bailey-Kobayashi⁵, Kaoru Maeyama⁶,
Kiyohito Nagai³, Shugo Watabe⁴, Tetsuhiko Yoshida⁵, Shuichi Asakawa¹

1. 東大院農, 2. 日大生物資源, 3. (株)ミキモト・真珠研究所, 4. 北里大海洋, 5. 東亜合成(株)・先端科学研究所, 6. 御木本製薬(株)

1. The University of Tokyo, 2. Nihon University, 3. K. MIKIMOTO & CO., LTD., 4. Kitasato University, 5. TOAGOSEI CO., LTD.,
6. Mikimoto Pharmaceutical CO., LTD.

【P-88】

環境 DNA 分析残サンプルのアーカイブ化の取り組み

Archiving environmental DNA samples remaining after analysis and their future use

柞磨 佑紀¹, 村岡 敬子¹, 田中 孝幸¹

Yuki Taruma¹, Keiko Muraoka¹, Takayuki Tanaka¹

1. 国立研究開発法人 土木研究所

1. Public Works Research Institute

【P-89】

自然共生サイト・OECM における環境 DNA の役割と実証

The role and demonstration of environmental DNA in OECMs and nationally certified sustainably managed natural sites

藤本 光陽¹, 澤樹 征司¹, 瀬口 雄一¹, 堀 祐和¹, 小川 大介¹, 川尻 啓太¹, 大谷 剛生², 永田 祐大²,
棟方 有佳², 山崎 智美²

Koyo Fujimoto¹, Seiji Sawaki¹, Yuichi Seguchi¹, Hirokazu Hori¹, Daisuke Ogawa¹, Keita Kawajiri¹,
Takeo Otani², Yudai Nagata², Yuka Munakata², Tomomi Yamazaki²

1. 株式会社建設技術研究所, 2. 株式会社環境総合リサーチ

1. CTI Engineering Co., Ltd., 2. ER & S co., Ltd.

【P-90】

環境 DNA の社会実装での注意点と改善を考える

Considerations and improvements for the social implementation of environmental DNA

清野 聡子¹

SATOKO SEINO¹

1. 九州大学

1. Kyushu University

【PS-01】

高校の部活動による低コスト環境 DNA 調査手法の構築

Establishing a low-cost environmental DNA survey method using high school clubs

竹澤 優斗

正智深谷高等学校 生物研究会

【PS-02】

DNA 保存チューブの違いによる DNA 濃度および DNA 量の経時変化の比較

Comparison of temporal changes in DNA concentration and amount depending on the type of DNA storage tubes

藤原 悠己, 阪田 真由子, 村尾 悠華, 須田 恵多

大阪高等学校 科学探究部

【PS-03】

ツマグロヒョウモン幼虫の生存率に及ぼすナメクジの影響の評価： 食草の食痕に残された DNA を手がかりにして

Evaluating the effect of slugs on the survival rate of Indian fritillary (*Argyreus hyperbius*) larvae: eDNA traces from slug feeding marks on the host plants of the larvae

植野 晶景¹, 原田 侑季², 河本 康誠², 高原 輝彦²

1. 松江南高等学校, 2. 島根大学生物資源科学部

【PS-04】

環境 DNA 分析を用いた淡路島におけるナガレホトケドジョウの分布調査

Distribution survey of the *Lefua torrentis* on Awaji Island using environmental DNA

脇本 純名¹, 源 利文²

1. 白陵高等学校, 2. 神戸大学

【PS-05】

種特異的環境 DNA 手法を用いた淀川水系におけるツチフキの生息状況調査に必要な識別プライマー の設計および検証について

Design and validation of species-specific primers for environmental DNA analysis to assess the distribution of *Abbottina rivularis* in the Yodo River system

阪田 真由子, 村尾 悠華, 須田 恵多, 藤原 悠己

大阪高等学校 科学探究部

【PS-06】

環境 DNA による京都府由良川水系の魚類群集構造を規定する環境要因の検討

Environmental factors shaping fish assemblage structure in the Yura River system, Kyoto, revealed by environmental DNA

塩見 真優, 由良 真菜佳, 田中 義家, 足立 翼, 戸田 颯太, 藤田 純太

福知山高等学校 自然科学部

【PS-07】

Environmental DNA reveals enhanced vertebrate biodiversity on artificial oyster reefs

Arya Kambhampati¹, Jason Adolf²

1. Nightingale-Bamford School, 2. Monmouth University

* The session will be in Japanese, with minimal English-language usage expected.

企画趣旨

これまで一般ポスター発表と並行して実施していた中高生発表をウェビナー形式のオンライン発表会として実施します。対面式の学会大会では開催地遠方からの参加が難しくなる傾向があり、特に中高生にとっては学会参加の大きな制約となります。山口大会では、オンライン発表会によりそのような制約をできる限り取り払い、意欲のある全ての中高生に研究成果の発表の場と、大学院生や研究者からのフィードバックを得て研究を深化させるための機会を提供します。また、オンライン発表会では、中学や高校での環境DNA研究を奨励するため、優秀な発表を表彰します。

中高生オンライン発表会は、山口大会の参加者に限らず全ての学会員にご参加いただけます。また、オンライン発表会に加えて、現地参加可能な中高生には大会コア日程期間中にポスターセッションで発表していただきます。

日 時： 12月13日(土) 14:00 開始 (16:00 終了予定)

ウェビナーURL： 視聴登録者に直接案内します。詳しくは大会サイトを御覧ください。

アドバイザー： 乾 隆帝 (福岡工業大学)、中尾 遼平 (山口大学)、宮園 誠二 (山口大学)、
内田典子 (東北大学)

企 画： 環境DNA学会山口大会実行委員会中高生発表係

Purpose

Although the presentation session by junior high and high school students was a part of poster presentation sessions in previous annual meetings of The eDNA society, the Yamaguchi meeting will have a webinar-style presentation by junior high and high school students. Through this webinar, we will provide students with opportunities to share research results and discuss with a broad range of audiences including professional researchers and other student researchers. To promote eDNA studies in junior high and high schools, we will give presentation awards for outstanding presentations. This session will be open to all members of The eDNA society as well as participants of the Yamaguchi meeting.

Time and Date： 14:00–16:00, on Saturday, December 13, 2025 (JST)

Webinar URL： We will send the URL to registrants. Please check the web site of the meeting.

Advisers： Ryutei Inui (FIT), Ryohei Nakao (Yamaguchi University),
Seiji Miyazono (Yamaguchi University), Noriko Uchida (Tohoku University)

Organizer： The poster presentation team, Organizing Committee of the meeting

12月11日(木) 12:00-13:00 | Dec. 11 (Thu) 12:00-13:00

205会議室 | 205 Conference room

提供 | Sponsor

イルミナ株式会社 | Illumina K.K.

MiSeq™ i100を用いたさまざまな分類群の環境DNAメタバーコーディング

Environmental DNA metabarcoding for various taxa using Illumina MiSeq i100 system

中尾 遼平 (准教授 (特命)・山口大学大学院創成科学研究科)

Ryohei Nakao (Project Associate Professor, Graduate School of Sciences and Technology for Innovation, Yamaguchi University)

環境DNAメタバーコーディング法は対象とする分類群を網羅的に検出する手法であり、現在多くの分類群のモニタリングに適用されている。環境DNAメタバーコーディングにおいて、シーケンサー間のデータの互換性や性能の違いは、分析結果の出力に影響を与える要因のひとつであると考えられる。そこで、MiSeq i100を用いてさまざまな分類群（魚類、鳥類、哺乳類、水生昆虫類）の環境DNAメタバーコーディングを行い、過去の機種（iSeq™ 100、MiSeq）と比較することで機種間の互換性を評価した。本発表では、河川水サンプルを用いた結果を用いて、その成果をご紹介します。

Environmental DNA (eDNA) metabarcoding is a method for the simultaneous detection of target taxa and is currently applied to the monitoring of various organisms. In eDNA metabarcoding, differences in data compatibility and performance between high throughput sequencers (HTSs) could potentially influence the output of eDNA data. Thus, we performed eDNA metabarcoding for various taxonomic groups (fish, bird, mammal, aquatic insect) using the MiSeq i100 system and evaluated the compatibility between previous Illumina HTS systems (iSeq 100, MiSeq). In this presentation, we would like to show the results obtained from river water samples.

Illuminaイノベーションロードマップ ～新製品紹介～


Illumina Innovation Roadmap

仲 健太 (シニアスペシャリスト・イルミナ株式会社 Cell Molecular Biology and Agrigenomics)

Kenta Naka (Senior Specialist, Cell Molecular Biology and Agrigenomics, Illumina K.K.)

次世代シーケンサーは、1回の解析で数百万から数兆におよぶ塩基配列決定が可能であり、2000年代に登場して以来、生命科学分野だけでなく、医療分野や農業、水産分野など様々な分野で利用されています。

本講演では、昨年環境DNA学会でご紹介させていただきましたMiSeq i100シリーズ向けに新たに販売を開始したシーケンス試薬など新製品情報についてご紹介させていただきます。



Next generation sequencers can determine millions to trillions of base sequences in a single run. Since their introduction in the 2000s, they have been utilized not only in life sciences but also across various fields including medicine, agriculture, and fisheries.

In this presentation, I will introduce new product information, including sequencing reagents newly launched for the MiSeq i100 series, which I presented at last year's eDNA Conference.

企業展示 Company Exhibition

イルミナ株式会社		Illumina K.K.
住友商事株式会社		Sumitomo Corporation
株式会社スクラム		SCRUM Inc.
倉敷紡績株式会社		KURABO
株式会社建設環境研究所		KenKan Consultants Co., Ltd.
株式会社ファスマック		FASMAC CO., LTD
株式会社キアゲン		QIAGEN K.K.
日本工営株式会社		Nippon Koei Co., Ltd.
株式会社フィッシュパス		FISHPASS Co., Ltd.
株式会社生物技研		Bioengineering Lab. Co., Ltd.
株式会社日吉		Hiyoshi Corporation
株式会社OceanFluidics		OceanFluidics Co., Ltd.
スリーエス・オーシャンネットワーク有限会社		3S Ocean Network, Ltd.
株式会社AdvanSentinel		AdvanSentinel Inc.
株式会社KANSOテクノス		KANSO Technos Co., Ltd.
プロメガ株式会社		Promega K.K.
株式会社カネカ		KANEKA CORPORATION

協賛 Sponsors

イルミナ株式会社		Illumina K.K.
株式会社獺祭		DASSAI Inc.
株式会社荒谷建設コンサルタント		Aratani Civil Engineering Consultants CO., LTD.
株式会社建設環境研究所		KenKan Consultants Co., Ltd.
日本ミクニヤ株式会社		MIKUNIYA Corporation
応用地質株式会社		OYO Corporation
パシフィックコンサルタンツ株式会社		PACIFIC CONSULTANTS CO., LTD.
日本工営株式会社		Nippon Koei Co., Ltd.
株式会社KANSOテクノス		KANSO Technos Co., Ltd.

MiSeq™ i100 Series

illumina®

最もシンプルで、最速。 すべてのラボへ。

NGSを用いて、
同日中の結果と最短のハンズオンタイムにより
かつてないほど速く、より深い洞察が可能に

詳細はこちらから



スペックシート



本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。

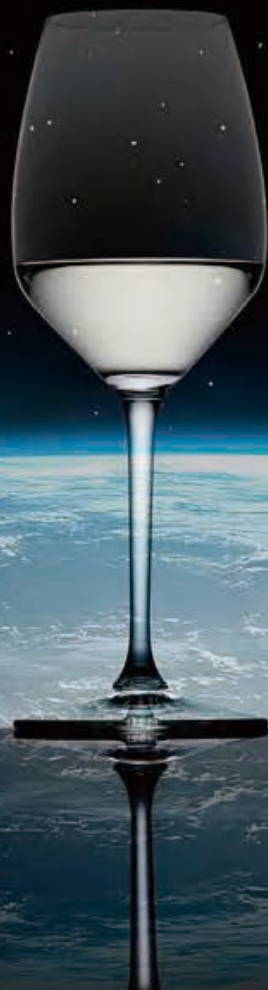
© 2025 Illumina, Inc. All rights reserved. M-GL-03227-JPN

獺祭

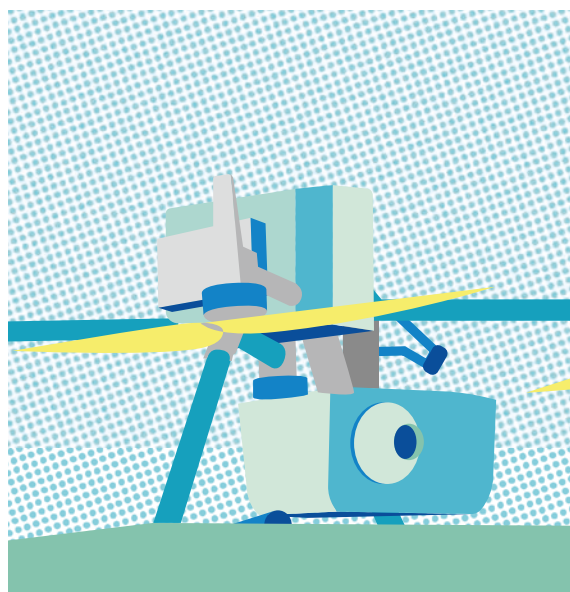
DASSAI

月で獺祭を造る事を
目指します。

We aim to craft SAKE
on the moon.



荒谷建設コンサルタントは、環境 DNA 調査に取り組んでまいります。



人間と自然を考える

測量・調査・設計を通して社会インフラ整備に貢献する総合建設コンサルタント

 **株式会社 荒谷建設コンサルタント**

代表取締役 社長執行役員 荒谷 悦嗣

◎支社／岡山・松江・鳥取・山口・松山 ◎支店／福山・三次・高知

〒730-0833 広島市中区江波本町4番22号 <https://www.aratani.co.jp/> Tel.(082)292-5481

HP



「環境」に強い総合コンサルタント

「自然との共生」をテーマに豊富な経験と最新のテクノロジーを活かし
未来につながる社会資本の整備
それが私たちの使命です。

環境 DNA 分析にとどまらず、
従来手法によるさまざまな分類群の生物調査、
人工衛星・ドローン画像を使ったリモートセンシング、
環境 DNA だけでなく様々なデータを用いた解析、
自然再生の計画、生物多様性の評価、外来種対策など、
「環境」に関わるさまざまなご相談にお応えします。



建設環境研究所

KenKan Consultants Co., Ltd.

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

防災・環境分野のリスクコンサルティング企業

社会と自然との共生の架け橋

<p>◆社会基盤保全</p> <p>都市部から自然環境まで幅広いリスクをカバー</p> <p>◆水工計画</p> <p>河川・湖沼・海岸の自然環境と調和した計画</p>	<p>◆防災・減災</p> <p>自然災害・社会災害のリスクを軽減</p> <p>◆自然環境保全</p> <p>自然環境の保全と持続可能な利用</p>	<p>◆国土保全</p> <p>国土の保全と持続可能な利用</p> <p>◆漁港・漁場</p> <p>漁業の持続可能な利用と環境保全</p>	<p>◆空間情報</p> <p>GIS・リモートセンシングなどの高度な技術を活用</p>
--	---	--	--

お問い合わせ

日本ミクニヤ株式会社

人と地球の未来に ベストアンサーを。



応用地質株式会社

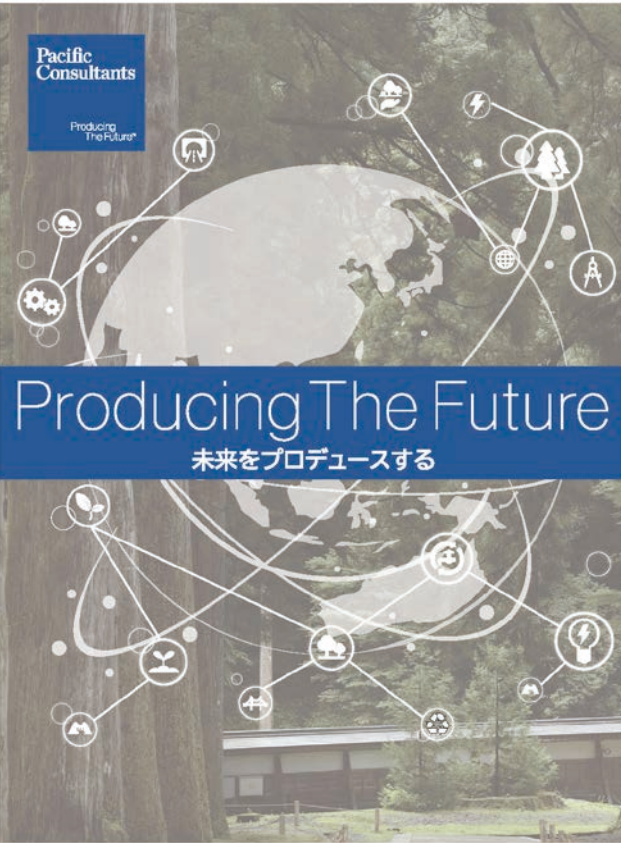
TEL:03-5577-4501(代表) <https://www.oyo.co.jp/>

Pacific Consultants
Producing The Future

Producing The Future
未来をプロデュースする

パシフィックコンサルタンツ株式会社

〒101-8462 東京都千代田区神田錦町三丁目22番地 www.pacific.co.jp



世界にまだ見ぬ
豊かさを届けたい。

安全・安心な社会基盤づくりに技術と情熱を傾けてきました。
有念をもって事業にあたり、社会に貢献するというDNAは、
今も従業員一人ひとりに脈々と受け継がれています。
世界には、まだ見ぬ豊かさを求める人々であふれています。私たちは、これからも
誠意をもって各地で国づくり・社会づくりに貢献していきます。

日本工営株式会社

<https://www.n-koei.co.jp/consulting/>

本社住所：東京都千代田区麹町5丁目4番地
代表電話：03-3238-8030




KANSO テクノスの
環境 DNA 分析受託サービス

サンプリング計画から解析まで
トータルでサポートいたします

環境 DNA の専門技術者による
サンプリング・分析・解析と、
生物調査経験の豊富な技術者による
生物の分布や生態を踏まえた
解析結果の精査・評価を行い
報告書を作成いたします。
また、お客様のニーズに合わせた
提案や、各工程のみの実施等に、
柔軟に対応いたします。

調査・分析計画
採水
試料ろ過
DNA抽出
分析
データ解析

計画から解析まで
ワンストップ
各工程のみの実施
も対応いたします

どのような計画を進めると
よいかわからない ...
目的に沿った計画を
ご提案いたします。

自身で採水するには
汚染などが不安 ...
採水からでも実施できます。
ぜひお問い合わせください。

解析結果の見方が
いまいち分からない ...
不明点について
サポートいたします。

KANSO テクノス

大阪府大阪市中央区安土町1丁目3番5号
TEL 06-6263-7378 (環境事業部 営業グループ)

お問い合わせ : <https://www2.kanden.ne.jp/kanso/inquiry.html>
弊社の事業紹介 : <http://www.kanso.co.jp/environment/DNAAnalysis/index.html>





第8回 環境DNA学会山口大会実行委員

Executive Committee of The 8th Annual Meeting of The eDNA Society

赤松良久（山口大学）[大会長]

Yoshihisa Akamatsu (Yamaguchi University) [Congress President]

中尾遼平（山口大学）[実行委員長]

Ryohei Nakao (Yamaguchi University) [Congress Chair]

乾 隆帝（福岡工業大学）

Ryutei Inui (Fukuoka Institute of Technology)

内田典子（東北大学）

Noriko Uchida (Tohoku University)

岡田経太（山口大学）

Keita Henry Okada (Yamaguchi University)

沖津二郎（応用地質株式会社）

Jiro Okitsu (OYO Corporation)

郡司未佳（日本工営株式会社）

Mika Gunji (Nippon Koei Co., Ltd.)

坂田雅之（北海道大学）

Masayuki K. Sakata (Hokkaido University)

釣 健司（株式会社建設環境研究所）

Kenji Tsuru (KenKan Consultants Co., Ltd.)

廣原高也（株式会社 KANSO テクノス）

Takaya Hirohara (KANSO TECHNOS Co., Ltd.)

前原 裕（日本工営株式会社）

Yu Maebara (Nippon Koei Co., Ltd.)

宮園誠二（山口大学）

Seiji Miyazono (Yamaguchi University)

村上弘章（東北大学）

Hiroaki Murakami (Tohoku University)

生駒優佳（学会事務局）

Yuka Ikoma (The eDNA Society)

小林有季子（学会事務局）

Yukiko Kobayashi (The eDNA Society)



第8回 環境DNA学会山口大会 プログラム集

The 8th Annual Meeting of The eDNA Society Programs

2025年11月20日発行

Published on November 20, 2025

発行元：一般社団法人環境DNA学会 〒520-2194 滋賀県大津市瀬田大江町横谷1-5 龍谷大学内

Issued by: The eDNA Society, c/o Ryukoku University, 1-5 Yokotani, Seta Oe-cho, Otsu, Shiga 520-2194, Japan

e-mail: office@ednasociety.org

Homepage: <https://ednasociety.org/>

Copyright 2025 The eDNA Society, Japan, All rights reserved（無断転載不可）