

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 5 年 6 月 16 日現在

機関番号：87107

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2019～2022

課題番号：19K04682

研究課題名（和文）環境DNAを用いた淡水魚類相の高解像度・時系列調査手法の確立

研究課題名（英文）Establishment of environmental DNA-based high-resolution and time-series survey method for freshwater fish fauna

研究代表者

平川 周作（HIRAKAWA, Shusaku）

福岡県保健環境研究所・その他部局等・研究員

研究者番号：90527623

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,200,000円

研究成果の概要（和文）：九州地方の純淡水魚及び外来魚を対象とした環境DNAによる調査方法を確立し、高解像度・時系列データの獲得による短期的な魚類多様性の変化を調査した。環境DNA分析の同定精度を上げるためにDNAデータベース整備を進め、九州内で採捕した42種（亜種）の純淡水魚及び外来魚20種について12S rRNA及びシトクロームb領域の配列を解読した。また、河川における調査方法の検討から、瀬と淵を考慮した採水により検出魚種の取りこぼしを低減できると考えられた。複数地点で季節別に実施した高解像度・時系列調査による魚種の検出傾向から、環境DNA調査を用いて魚類の生活史を反映したデータを取得できる可能性が示唆された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

河川における環境DNA試料の採水方法の検討により、魚種の取りこぼしを低減させるための瀬と淵を考慮した採水方法を提案することができた。また、九州内で捕獲した個体のDNA配列の解読から、MiFishプライマーによる標的領域では種の判別ができない魚種を明らかにした。さらに、環境DNAを用いた高解像度・時系列調査を通して、魚類の生活史を反映した短期的な魚類多様性の変動を確認することができた。今後、環境DNA調査は、河川における魚類の生活史を把握する手段に加え、外来魚の侵入状況や希少種の存在把握のためのスクリーニング調査、環境保全施策による生態系回復状況の評価などの用途に活用が期待される。

研究成果の概要（英文）：We developed a high-resolution and time-series survey method based on environmental DNA (eDNA) for freshwater and non-native fish in the Kyushu region. For this, we investigated the dynamics of fish diversity using high-resolution time-series data. A DNA database was developed and to improve the accuracy of identification we sequenced the 12S rRNA and cytochrome b regions of 42 freshwater fish species and 20 non-native fish species collected from Kyushu. It is observed that considering riffles and pools during sampling in the rivers can enhance the accuracy of fish species detection. The seasonal trends in fish species detection at multiple sites using the present method suggested the possibility of attaining data on the life histories of fish from eDNA.

研究分野：環境化学、環境毒性学

キーワード：環境DNA 純淡水魚 次世代シーケンサー メタバーコーディング

1. 研究開始当初の背景

福岡県として水生生物の保全に係る環境基準の類型指定に用いるため、我々はこれまでに投網などを用いた採捕調査を平成 26 年度から実施し、魚類の生息状況の確認を実施してきた。しかし、従来からの採捕調査は個体を現認できることから生息把握としての正確性は極めて高いものの、調査に係る時間と労力を要するため、一度に調査できる地点数や調査頻度が限られてしまうという課題があった。

近年、1L 程度の環境水に含まれる生物由来の DNA(環境 DNA) を解析する技術により、そこに生息している魚類を検出できるようになってきた。特に、次世代シーケンサーを用いた超並列シーケンシングにより大量の配列解読が可能となったこと、また、特定の DNA 領域をバーコードのように用いて種を判別する環境 DNA メタバーコーディングと呼ばれる方法が開発されたことにより、網羅的な魚類相の調査が実施され始めている。この方法では、生物同定に関する専門的な知識は無くとも調査を実施することができ、現地での作業は採水のみでよいことから多地点調査による高解像度の時系列データを省力的に獲得することが可能である(図 1)。

そこで、環境 DNA の技術を活用すれば、地点を増やした高解像度の詳細な時系列データを獲得することが可能になり、魚類多様性の変化を敏感に察知できると考えた。しかし、環境 DNA の解析技術は発展途上にあり、魚種によっては DNA 配列が不明なために種が同定できない、同じ種でも地域個体群によって配列が異なる可能性がある、調査対象に適した環境 DNA 調査方法の検討を要するといった課題がある。

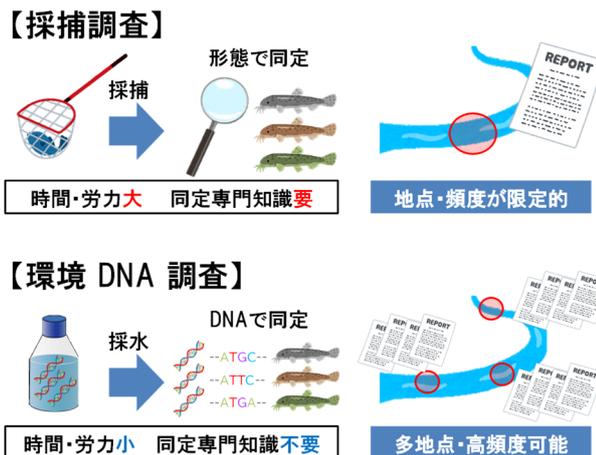


図 1 採捕調査と環境 DNA 調査の比較

2. 研究の目的

本研究では、環境 DNA を用いた九州地方の純淡水魚及び外来魚の調査方法を確立し、多地点・季節別調査による高解像度の時系列データをもとに魚類多様性の変動を明らかにすることを目的とした。そのために、九州地方の純淡水魚・外来種を対象とした DNA 配列データベースの構築、生息魚類の環境 DNA を取りこぼしなく検出できる環境 DNA 調査方法の検討、多地点・季節別の魚類相調査による短期的な魚類多様性変動の解析、という 3 つの課題に取り組んだ。

3. 研究の方法

(1) DNA データベースの構築

環境 DNA メタバーコーディング法による魚類相調査には、Miya et al. (2015)^① が開発した魚類の 12S rRNA 領域の一部を標的領域とした MiFish プライマーが広く用いられている。しかし、研究計画当初、九州地方に生息する純淡水魚 42 種(亜種)中 12 種、外来魚 23 種中 5 種の MiFish 領域は国際塩基配列データベースに登録されていなかった。未登録の 17 種のうち 13 種について我々は既に遺伝子解析用の標本を冷凍保存していたため、これらを優先して解析に取り掛かるとともに、地域個体群を考慮して他の純淡水魚及び外来魚についても九州内で採捕した個体を用いてデータベースの拡充を行った。本研究では、MiFish 領域を含むミトコンドリア DNA の 12S rRNA 領域(約 840 bp)と系統解析に広く用いられるチトクローム b 領域(約 1150 bp)について DNA 配列を解読した。なお、個体はヒレの一部を遺伝子解析用の標本とした後に本体をホルマリン固定標本とし、両標本を紐づけて一連の番号を付与したトレーサブルな形で整理した。

(2) 環境 DNA の調査方法の検討

① 河川採水：瀬と淵個別

河川における環境 DNA の採水方法を検討するため、筑後川水系の 7 河川において夏季と冬季に同一地点の瀬及び淵の水をそれぞれ 1L 採水して環境 DNA 調査を実施し、検出魚種を比較した。また、サデ網、タモ網及び電気式漁具を用いた採捕調査も同時に実施し、採捕確認された魚種と環境 DNA 調査で検出された魚種を比較した。特に、採捕調査で確認された環境基準の水域類型指定の指標となる魚種がどの程度環境 DNA 調査で検出されているかに着目した。

環境 DNA の分析は、DNA の劣化防止のため採水時に塩化ベンザルコニウムを 0.01% に含

るように添加し（夏季調査では添加しなかったが、冬季調査から実施）、0.22 μm Sterivex でろ過して DNA を抽出した。1st PCR は Miya et al. (2015) が開発した MiFish U と MiFish E を混合したプライマーセットを用い、4 連の PCR レプリケートを調製して実施した。アンプリコンを混合し、2nd PCR により index 配列を付加してライブラリーを作製した。ライブラリーは MiSeq system を用いて 2 × 300 bp の条件でシーケンシング解析を実施し、取得した配列は MiFish Pipeline[®] (MiFish DB Ver. 30) を用いて魚種の同定を行った。また、調査地点近辺における近年の魚類相調査データを参考に種名を整理し、MiFish Pipeline の結果の読み替えも実施した。

② 河川採水：瀬と淵混合

3. (2) ① の検討を踏まえ、御笠川水系大佐野川において瀬と淵の混合採水による環境 DNA 分析を行った。採水は瀬及び淵の複数箇所で行われ、それぞれ約 500 mL を混合して 1 L の試料とした。同調査地点では、平成 26 年から令和 2 年にかけて計 7 回の採捕調査を実施し、採捕した種及び目視で確認した種を記録していることから、一度の環境 DNA 調査でこれまでに確認された魚種をどの程度検出できるか調査した。環境 DNA の分析の流れは 3. (2) ① と同様であるが、フィルターはガラス繊維円形ろ紙 (GF/F) を用いて実施した。

(3) 多地点・季節別調査による魚類多様性変動の解析

福岡県は山系を境に 4 つの地域に区分され、筑前・筑豊地域は日本海、筑後地域は有明海、豊前地域は瀬戸内海といった異なる海に流入し、それぞれの地域に生息する純淡水魚には地理的な特徴がある。本研究では、筑前地域の那珂川 (5 地点) 及び筑後地域の二ッ川 (3 地点) において令和 3 年 11 月、令和 4 年 2 月、5 月、8 月に環境 DNA 調査を実施した。

3. (2) の検討結果を踏まえ、採水は各調査地点において瀬と淵の水を混合して 1 L とした。なお、二ッ川では瀬と淵の判別が困難であったため、片側の岸から対岸までの複数地点で採水した試料を用いた。また、本調査では塩化ベンザルコニウムの添加ではなく、可搬式自動ろ過装置を作製して採水後の即時ろ過 (0.22 μm Sterivex) による DNA の劣化防止と作業の効率化を図った。環境 DNA の分析の流れは 3. (2) ① のシーケンシング解析までは同様であるが、魚種の同定プロセスに関しては、Qiime2 の dada2 プラグインで代表配列を出力し、魚類ミトコンドリアデータベース MitoFish 及び国際塩基配列データベースの登録配列に対して BLASTN を実施し、系統推定を行った。

4. 研究成果

(1) 九州内で捕獲した純淡水魚及び外来魚のデータベース整備

国際塩基配列データベースにおける魚類の DNA 配列情報は日々更新され、登録魚種は充実してきている。しかし、同一種であっても地域によって DNA 配列が異なる可能性がある。特に一生を淡水域で過ごす純淡水魚は、海峡や山地など地理的な制限を受けるため地域特性が大きい。そのため、九州内で環境 DNA 調査を実施するにあたり、九州地方に特化した DNA データベースを整備することで魚種の同定精度の向上につながると考えられる。本研究では、九州内で捕獲した純淡水魚 42 種 (亜種) 及び外来魚 20 種について、ミトコンドリア DNA の 12S rRNA 領域とチトクローム *b* 領域の DNA 配列を解読した。

環境 DNA メタバーコーディング法に用いられる MiFish 領域を比較した結果、チュウガタスジシマドジョウ *Cobitis striata striata*、オンガスジシマドジョウ *Cobitis striata fuchigamii*、ハカタスジシマドジョウ *Cobitis striata hakataensis* は DNA 配列が 100% 一致しており、MiFish 領域では識別できないことがわかった。また、純淡水魚 42 種 (亜種) のうち 12 種の 12S rRNA 領域 (約 840 bp) は、国際塩基配列データベースに登録されている同一種の配列と最大 97~99% の一致率を示した。これらは、九州地方の地域個体群として特異的な配列を新たに取得できた可能性がある。

また、本研究では魚類の同定精度をより向上させるため、12S rRNA 領域に加えて同一個体のチトクローム *b* 領域についても解読した。さらに、個体標本にトレーサブルな状態で整理しているため DNA 配列と形態の特徴を相互に確認することも可能である。今後、インターネット上で利用可能な形式での公開を予定している。

(2) 河川における環境 DNA 調査方法の検討及び採捕調査との比較

筑後川水系 7 河川の夏季と冬季に実施した環境 DNA 調査において、同一河川の瀬と淵で採水した試料から検出された魚種を比較した。その結果、どの調査回においても瀬と淵の検出魚種が完全に一致することはなく、また検出された種類や種数についても共通した特徴や傾向は認められなかった。魚類を対象とした環境 DNA 調査の特徴の一つとして現場作業は 1 L 程度の採水のみという利点が挙げられるが、その採水方法としては、瀬と淵を考慮して調査 1 地点あたりの採水箇所を増やすといった採水時のひと工夫により検出可能な魚種の取りこぼしの低減につながると考えられた。

次に、瀬と淵の結果を統合した環境 DNA 調査の検出魚種と同時に実施した採捕調査で確認された魚種を比較した結果、一河川の夏季の調査回を除き、環境 DNA 調査によって検出された魚種の方が多かった。採捕調査に比べて環境 DNA 調査の検出魚種が少なかった調査回の河川では、夏季に調査地点の上流で河川工事が実施されていたことから、降水による懸濁も起こり

表 1 環境 DNA 調査と採捕調査の魚類比較

種名 (Species name)	桂川 Katsura Riv.		山ノ井川 Yamanoi Riv.		花宗川 Hanamune Riv.		瀬上川 Kumanoue Riv.		高良川 Koura Riv.		小石原川 Koishiwara Riv.		金丸川 Kanamaru Riv.	
	eDNA	Collection	eDNA	Collection	eDNA	Collection	eDNA	Collection	eDNA	Collection	eDNA	Collection	eDNA	Collection
スナヤツメ <i>Lethenteron reissneri</i>					●	■					●			
ニホンウナギ <i>Anguilla japonica</i>			○											
ゲンゴロウブナ <i>Carassius cuvieri</i>	○			○	○	○			○					○
フナ属(ギンブナ) <i>Carassius sp.</i>	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○			○	○
コイ <i>Cyprinus carpio</i>	○		○		○	○			○					
アブラボテ <i>Tanakia limbata</i>	○	●			○	●								
ヤリタナゴ <i>Tanakia lanceolata</i>	○													
ニッポンバラタナゴ <i>Rhodeus ocellatus kurumeus</i>		●												
カゼノタナゴ <i>Rhodeus atremius</i>					○									
セボシタビラ <i>Acheilognathus tabira nakamurae</i>	○													
カネヒラ <i>Acheilognathus rhombus</i>	○													
オイカフ <i>Zacco platypus</i>	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
ガムツ <i>Nipponocypris temminckii</i>			○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
ヌマムツ <i>Nipponocypris sieboldii</i>														
ハス <i>Opsarichthys uncirostris uncirostris</i>					○									
ウグイ <i>Pseudaspius hakonensis</i>							○	○	○	○				
タカハヤ <i>Rhynchocypris oxycephala</i>			○	○			○	○	○	○	○	○	○	○
カマツカ <i>Pseudogobio esocinus</i>		●	○	○	○	○								○
ツチフキ <i>Abbottina rivalaris</i>	○	○												
ぜぜら <i>Bivia zezera</i>		■												■
ニゴイ <i>Hemibarbus barbus</i>		■												
イトモロコ <i>Squalidus gracilis gracilis</i>	○	○	○	○	○	○			○	○	○	○	○	○
コウライモロコ <i>Squalidus chankaensis tsuchigoe</i>														
ガフヘガイ <i>Sarcocheilichthys variegatus variegatus</i>	○				○									
ムギツク <i>Pungtungia herzi</i>			○	○	○	○								
タモロコ <i>Gnathopogon elongatus elongatus</i>	○													
ドジョウ <i>Misgurnus anguillicaudatus</i>			○		○									
アリアケスジシマドジョウ <i>Cobitis kaitbarai</i>		■												
ヤマトシマドジョウ <i>Cobitis matsubarae</i>			○	●	○	○								○
アリアケギバチ <i>Tachysurus aurantiacus</i>			○	○	○	○								○
ギギ <i>Tachysurus mdiceps</i>														
アカギ <i>Liobogus reinitii</i>			○											
ナマス <i>Silurus asotus</i>	○	○	○	○	○	○								○
アユ <i>Plecoglossus altivelis altivelis</i>		●												○
ヤマメ <i>Oncorhynchus masou masou</i>							○	○	○	○				
ミナミメダカ <i>Oryzias latipes</i>	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
カジカ <i>Cottus pollux</i>			○	○	○	○			○	○	○	○	○	○
オヤニラミ <i>Coreoperca kawamebari</i>			○	○	○	○			○	○	○	○	○	○
カムルチー <i>Channa argus</i>	○	○												
ドンコ <i>Odontobutis obscura</i>	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
ヨシノボリ属(トウヨシノボリ) <i>Rhinogobius sp. OR</i>	○		○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
ヨシノボリ属(カフヨシノボリ) <i>Rhinogobius flamineus</i>	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
チチブ <i>Tridentiger obscurus</i>														

やすく、フミン酸などの PCR 阻害物質の混入による影響を受けやすい状態にあったと考えられる。そのため、環境基準の指標魚種の生息状況の確認や魚類相把握を目的とする調査において、降水後や渇水時など定常状態にない河川水を試料とした場合は、調査地点の状況を反映しない結果につながる可能性がある。調査目的にあった採水の実施を判断するためにも、調査地点が定常時にどのような状態であるかを事前に把握しておくことが重要と考えられる。

また、環境基準水域類型指定の指標魚種を把握する観点から環境 DNA 調査に着目すると、採捕調査で冷水性及び温水性の指標魚種が確認された全ての地点において環境 DNA 調査でも検出され、指標魚種のスクリーニングに活用できる可能性が示唆された (表 1)。さらに、温水性の指標魚種であるゲンゴロウブナ *Carassius cuvieri* とドジョウ *Misgurnus anguillicaudatus* は採捕確認されなかったものの、環境 DNA 調査でのみ検出された。つまり、他種と区別できる MiFish 領域の DNA 配列を持つ種であれば、採捕確認できなくとも環境 DNA が捕集できれば環境 DNA メタバーコーディング法で検出が可能といえる。一方、その他のフナ属 *Carassius sp.* やヨシノボリ属 *Rhinogobius sp.* は MiFish 領域の類似度が属内で高く、種の分類は困難であった。環境基準の水域類型指定の指標魚種としては回遊性ヨシノボリ類とされているが、MiFish 領域では回遊性と非回遊性の区別が困難であることから、ヨシノボリ属については環境 DNA 調査の結果の取り扱いに注意が必要である。また、冷水性の指標魚種であるヤマメ (サクラマス) *Oncorhynchus masou masou* やカジカ *Cottus pollux* は採捕確認されていない地点で環境 DNA 調査により検出されたものの、調査地点に実際生息しているか疑わしいものもあった。これらの調査地点の源流や上流では確認されていることから、河川における環境 DNA 調査では DNA の流下による影響を考慮する必要があり、調査地点における生息状況を精密に判断するには生態学の専門家による環境 DNA 調査結果の精査が重要と考えられる。

以上のように、環境 DNA を活用した魚類相の把握には、調査地点の水中に放出された多様な魚種の DNA を効果的に捕集できるように採水することが重要である。環境 DNA の抽出濃度や検出率を上げるために採水量や調査地点を増やすなどの方法が提案されているが、調査や分析にかけられる労力は限られていることから、コストパフォーマンスが最大になるよう最適な調査計画を検討する必要がある。本研究によるこれまでの検討から、河川を対象とした環境 DNA 調査では、各調査地点について瀬と淵の試料を混合するなど複数箇所から採水することで検出可能な魚種の取りこぼしにつながると考えられた。そこで、御笠川水系大佐野川において検討した採水方法による環境 DNA 調査を実施し、同調査地点で平成 26 年から令和 2 年にかけて計 7 回実施された採捕調査・目視観察で確認された魚種をどの程度検出できるかを調査した。その結果、採捕調査では調査回によって確認される魚種が異なっていたが、過去 7 回の採捕調

査で確認された 11 種全てを一度の環境 DNA 調査で検出することができた。さらに、環境 DNA 調査では、採捕調査で一度も確認されていないオオクチバス *Micropterus salmoides* も検出された。DNA の流下による可能性を踏まえ、調査地点上流にあるダムで追加調査を行ったところ、目視調査でオオクチバスの生息を確認することができた (図 2)。環境 DNA 調査における DNA の流下は今後の検討課題の一つであるが、上流における外来種の侵入を検知する手段として活用できる可能性があり、速やかな環境保全対策を講じる手立てとなり得ることが示された。



図 2 目視調査の様子とオオクチバス

(3) 環境 DNA を用いた高解像度・時系列調査による魚類多様性変動の解析

山系を境に区分されている福岡県内の 2 地域 (筑前地域及び筑後地域) の河川について季節別に環境 DNA 調査を実施し、検出される魚種の傾向を調査した。調査地点は筑前地域にある那珂川の 5 地点及び筑後地域の二ッ川の 3 地点とし、調査地点ごとに瀬と淵を考慮した複数箇所での採水を実施した。調査時期で検出魚種の数を比較したところ、全ての調査地点において令和 4 年 5 月に検出された魚種の数が最も多かった。また、アユ *Plecoglossus altivelis altivelis* は、那珂川の 3 地点、二ッ川の全地点で検出されたが、どの地点においても令和 4 年 2 月の調査では検出されなかった。この結果は、河川と海を移動して成長するアユの生活史を反映したものと考えられ、環境中に放出された DNA がその場所に留まり続けるわけではないことが示唆された。したがって、環境 DNA を用いた時系列調査により魚類の生活史を反映したデータを取得できる可能性が示された。一方、オイカワ *Zacco platypus*、カワムツ *Nipponocypris temminckii*、ムギツク *Pungtungia herzi*、ドンコ *Odontobutis obscura* など調査時期によらず検出率が高い魚種も確認できた。また、福岡県レッドデータブックに記載されているいくつかの希少種についてもその生息記録がある地点で環境 DNA 調査で検出されたが、調査時期によって検出傾向が異なっていた。これらの生息確認を目的とする場合は、調査時期を考慮する必要性が示唆された。

<引用文献>

- ① Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, J.Y., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., Araki, H., Kondoh, M., Iwasaki, W., MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species, *Royal Soc. Open Sci.*, 2, 2015, 150088
- ② Sato, Y., Miya, M., Fukunaga, T., Sado, T., Iwasaki, W., Mito-Fish and MiFish Pipeline: A Mitochondrial genome database of fish with an analysis pipeline for environmental DNA metabarcoding, *Mol. Biol. Evol.*, 35, 2018, 1553-1555

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 平川 周作、中島 淳、松木 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、 宮脇 崇、志水 信弘、松本 源生、石橋 融子	4. 巻 47
2. 論文標題 水生生物の保全に係る水質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	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 全国環境研会誌	6. 最初と最後の頁 19-24
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 中島 淳、西村 俊明、井藤 大樹、宮崎 淳一、大井 和之、平川 周作	4. 巻 6
2. 論文標題 福井県嶺北地方で発見されたナガレホトケドジョウの新たな地域集団	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Ichthy, Natural History of Fishes of Japan	6. 最初と最後の頁 33～37
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.34583/ichthy.6.0_33	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 HIRAKAWA Shusaku, NAKAJIMA Jun, MATSUKI Masaya, KOGA Takaoki, HATA Koichiro, KASHIWABARA Manabu, KOGA Toyokazu, ISHIMA Taeko, MIYAWAKI Takashi, KANEKO Yohei, SHIMIZU Nobuhiro, MATSUMOTO Gensei, ISHIBASHI Yuko	4. 巻 30
2. 論文標題 Examination of River Fish Survey Method using Environmental DNA Metabarcoding and Analysis of Influence of Water Quality	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Environmental Chemistry	6. 最初と最後の頁 125～132
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.5985/jec.30.125	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 平川 周作、中島 淳	4. 巻 47
2. 論文標題 河川水を対象とした環境DNA分析による魚類相調査の可能性	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 福岡県保健環境研究所年報	6. 最初と最後の頁 62～66
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計8件（うち招待講演 1件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 平川 周作、中島 淳
2. 発表標題 環境DNAを用いた水質環境基準の指標となる魚種の分布調査
3. 学会等名 第25回日本水環境学会シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 中島 淳、橋口 康之、平川 周作、大井 和之
2. 発表標題 国内におけるドジョウ属の分布と分類
3. 学会等名 2022年度日本魚類学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 中島 淳、平川 周作
2. 発表標題 環境DNAを用いた河川魚類相調査について
3. 学会等名 第47回九州衛生環境技術協議会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 平川 周作、中島 淳、松木 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、宮脇 崇、志水 信弘、松本 源生、石橋 融子
2. 発表標題 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
3. 学会等名 環境DNA学会第4回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 平川 周作、中島 淳、大井 和之
2. 発表標題 九州に生息する純淡水魚を対象とした個体標本にトレーサブルなDNAデータベースの構築 - MiFish領域 -
3. 学会等名 第3回環境DNA学会・第36回個体群生態学会大会合同大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 平川 周作、中島 淳
2. 発表標題 河川における環境DNAメタバーコーディング法と採捕調査による検出魚類の比較
3. 学会等名 第47回 環境保全・公害防止研究発表会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 中島 淳、平川 周作
2. 発表標題 電気式漁具と環境DNAを用いた調査における魚類相データの違い
3. 学会等名 2019年度日本魚類学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 平川 周作、中島 淳、松木 昌也、古賀 敬興、秦 弘一郎、柏原 学、古閑 豊和、石間 妙子、宮脇 崇、金子 洋平、黒川 陽一、志水 信弘、松本 源生、石橋 融子
2. 発表標題 河川における環境DNAを用いた魚類調査手法の検討と水質による影響の解析
3. 学会等名 第2回環境DNA学会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担 者	中島 淳 (NAKAJIMA Jun) (40584074)	福岡県保健環境研究所・その他部局等・専門研究員 (87107)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------