

平成 22 年度環境研究総合推進費「クマ類の個体数推定法の開発に関する研究」
平成 22 年度第 1 回アドバイザーリーボード会合 議事録

- 開催日時：2010 年 6 月 14 日（月）：13：30～16：30
- 開催場所：（財）自然環境研究センター（東京都台東区）（9 階大会議室）
- 議事次第：
 1. 開会
 2. アドバイザー・出席者紹介
 3. 研究計画と進捗状況報告
 - （1）平成 22 年度研究計画とこれまでの経緯報告
 - （2）サブテーマ別報告
 - 1) ヘアトラップ班
 - 2) DNA 分析班
 - 3) 補完法・代替法班
 - 4) 個体群モデル班
 - （3）ウェブサイトの管理
総合討論
 - （4）現地打ち合わせ予定
 - （5）その他
 4. 閉会
- 出席者：

アドバイザー
大井 徹、山村 光司、（欠席：梶 光一）

分担研究者
ヘアトラップ班：米田 政明、常田 邦彦、間野 勉
DNA 班：玉手 英利、釣賀 一二三、湯浅 卓、（欠席：山内 貴義）
補完法・代替法班：三浦 慎吾、青井 俊樹
個体群モデル班：堀野 眞一、（欠席：松田 裕之）

ポスドク・院生フェロー
鵜野 レイナ、東出 大志、近藤 麻美

環境研究・技術開発推進費プログラム・オフィサー
原口 紘丞、志水 俊夫（国際環境研究協会）

オブザーバー
斉藤 正恵、太田 海香

自然研関係者
大塚 柳太郎、黒崎 敏文、藤田 昌弘、深澤 圭太、根本 唯

● 報告及び質疑応答

13：30 開始

開会・出席者紹介・進行説明

米田：それでは始めます。

- 今回から、アドバイザーの方に参加していただいで行。よろしくお願する。
- 出席者を紹介する（上記出席者の通り）
- 資料は、(1)会合資料、(2)調査地の地図、(3)アドバイザーリーボード会合の伝達事項になる。また、アドバイザーの方には昨年度の報告書をお渡ししている。紙資料節約のため、事前に電子ファイルで知らせている分担研究者にはプリントアウトした資料は用意していません。
- 会議の目的は、本年度の研究の進め方についての協議です。
- 本年度の会議は今回を入れて 2 回しかないため、研究の進め方について確認したい。
- アドバイザーの方には、21 年度の結果も受けてコメントをいただきたい。
- これまでの経過と全体の状況の後、4 つのテーマごとに発表していただき質疑応答を受け付けたい。
- その後、全体についてアドバイザーからのコメントをいただいた後、総合討論を行いたいと考えます。
- それではこれまでの経緯と全体の概要に入ります。

概要説明

米田：(パワーポイント及び資料)

- 課題の背景として、クマ類に関しては狩猟獣であると同時に保護管理に注意しなければならない種であるという点と、行政ニーズがあるという両方の観点から個体数の推定が必要です。また、個体数推定の主体となる各自治体が利用可能な手法の開発を行う必要があります。
- 本課題のミッションとしては、ヘアトラップ班ではヘアトラップの構造、セッション数やトラップの配置、面積規模、時期など標準法を開発すること、DNA 分析班では微量試料からの個体識別技術を確実にすることで分析の効率化や精度管理などが関わってきます。ヘアトラップは精度がいいが高価なので、その代替法としてカメラトラップによる個体識別と痕跡法の実用化を行う。個体群モデル班では空間明示モデル等による個体数推定法を開発することを計画しています。最終的には精度の明らかな個体数推定法を開発を目的としています。
- 3 年間の計画の内、去年までに何ができたかという、ヘアトラップの班の成果としては、レビューをしたことで、いろいろなクマ類の個体数推定法の中で、ヘアトラップは単位面積当たりの個体数識別の確度が高いということではヘアトラップ法は高精度である事が言えます。また、様々なデザインのヘアトラップ法があるが、単純な構造でよく、1 段張り中で対角線を張るのが有効ではないかということ資料レビューから示しました。また、予備調査として北上山地に大面積の調査地を設置し手順の確認をしました。
- DNA 班では有効なマイクロサテライトマーカーとして Pid の低いマーカーを 50 から 23 個に選択しました。また、分析手順について標準プロトコルを提示しました。

採取時期と成功率の関係について 6~8 月に高いという季節変化を明らかにしました。有害個体から最低有効個体 (Ne) の推定を試みたが、これはまだ試料収集課題が挙げられたため課題として残っています。代替補完法としては、生体的特徴を利用して個体識別のために、カメラトラップによる個体識別を行うため、下顎紋と月の輪紋が有効だということをデータで示しました。また、食痕の DNA 分析のレビューで個体識別、性判別が可能だということがわかりました。最後の個体群モデル班では、いくつかのモデルがある中で空間明示モデルを開発しました。日本の複雑な地形の中では均一にトラップを並べることが難しいため、トラップを不均一に並べなくてもバイアスを少なく推定するために空間明示モデルを開発しました。同時に 1 回出現個体の扱いについて、この個体を取り除くことは不適切ということがわかりました。以上が簡単ですが、前年度の結果です。

- 次に今年度の計画です。年次計画に戻ると、サブテーマごとに計画がありますが、最終年度にはマニュアルを作成するというところに重点を置いています。これを踏まえて 2010 年度は何をやるかということになります。まず、大規模なヘアトラップ調査を行う。後で詳しく説明するが、全体のトラップ数は約 250 基、調査面積は 600-k m²で 6 セッション、1 セッションが 10 日で約 2 カ月の調査を 6~8 月に実施します。DNA 班ではこのヘアトラップうけて分担分析やデータの校正、ひとつの遺伝子区間に対して複数の遺伝子を組み合わせるマルチプレックスを行う予定です。採集時期の季節性についてヒグマでも行う計画です。代替法・補完法に関しては、どの部位が有効かというのを受けて実際に現地調査を行う計画です。個体群モデル班では、空間明示モデルを実際のデータに当てはめるとのことと、後で説明がありますが、環境要因を取り込んだ追加モデルを検討しています。概要が今年度計画の概要です。
- 続いてヘアトラップ班の説明に入ります。

ヘアトラップ班説明

米田：(パワーポイント及び資料)

- ヘアトラップは概要のところでも説明しましたが、ヘアトラップは高精度であるよいうだということ、手法のレビューで対角線に張るという工夫があります。季節的には初夏の 6~8 月がいいということがデータ的にはっきりしている。それから大規模でどこでやるかということで北上山地を設定しました。トラップの設置に関してはモデル班などと検討した結果、高密度 (1 基/1k m²) と低密度 (1 基/4k m²) これを組み合わせた設置計画を作成しました。それを受け、去年は実施計画の作成まで行った。
- 今年はまず北上山地で大規模ヘアトラップを実施する。現在 245 機設置、昨年計画と面積は変わらず、そこでとれた試料は全部 DNA 班に送る。それからモデル班にもデータを送る。モデル班の方では昨年開発した空間明示モデルで解析をしてもらう。ただ、今後この方法を一般化することを狙って、モデル班には、セッション数や設置数、面積を減らした場合にどのようにすればいいかも検討してもらいたい。代替法・補完法班では隣接地域、実際にはオーバーラップしている場所でカメラトラップを実施してもらう。
- ヘアトラップ班では研究課題として、大規模の場所でどうやってトラップを設置管理していくかということと、今後、地方公共団体が使えるような手法を提示するた

めに設置採集過程の標準化・効率化がある。あとは分析成功率の向上である。これは DNA 分析班で数値として出すということがある。例えば 70% の成功率といった。あとジェノタイピング誤差を最小化していただきたい。個体数モデル班には、空間明示モデルの改良をお願いしている。そして来年度になるがヘアトラップ法の標準マニュアルを提示したい。

- 標準マニュアルの提示を目的としているため、クマ類の調査では安全管理も重要になる。そのため、私どもの研究では安全マニュアルと作業手順というマニュアルも作っており、これは現場の実施状況や皆様の意見を聞いて改良していく予定です。
- また、トラップを設置する際には、日本では大規模で行うと人が立ち入らない地域を広域で確保することは難しく、どうしても民有林が入ってきてしまうため、ヘアトラップ班では安全のために注意標識を設置しています。社有林に関しては入山に関する注意標を提示しています。
- 設置場所は、図のように北上山地の中央部に設置しています。
- 手元の資料について戻って説明します。1 枚目が議事次第です。3p にはこれまでの経緯を載せています。経緯については 21 年度の 2 月 15 日の第 1 回の会合の後、大きな内容では分担研究者の佐藤さんが今年度大学の海外研修ということでヨーロッパと北米のクマ研究者のところへ留学されています。そのため、本年度はメンバーから外れています。予定では今年の 2 月 22 日から来年の 2 月 28 まで一年ちょっと研修予定です。それから報告書の編集等がいくつかありました。あと大きなところでは、今回プログラムオフィサーとして出られている国際環境研究協会で毎月出されているニュースレターの 6 月号で我々の研究課題が紹介されています。
- ヘアトラップ班では 5 月 20 日から現地入りして、6 月 7 日から作業を開始して設置は 245 基終わりました。研究計画について先ほど説明した 21 年度の結果と一緒に載せてあります。
- 4 p はヘアトラップ班の概要が載っています。昨年の段階では 262 基の予定でしたが、地権者の同意がいるということで、地権者の方に昨年度から郵送で同意を求めた。やはり同意を得られないところがあり予定より少なくなり 17 基減りました。穴がどうしても大きく抜ける場所については別の場所を探す努力をしています。
- 調査予定は 6 月 20 日から 10 日毎 6 セッションで 8 月 20 日までの 60 日間調査を行う計画です。8 月 21 日から撤収予定。8 月までなのは 9 月以降の DNA 分析成功率が悪くなるためです。調査体制は資料に書かれているとおりです。地権者同意状況は参考までで、調査地は国有林と民有林がどのような状況で地権者の同意がどのような形なのかここに示されています。それから岩手県調査との連携というのがあるが、岩手県も特定計画の調査で北上山地の北部で調査を行うが調査地が一部重なっている。これは県と調整している。
- 5p は調査地の地図とトラップの基本的な構造です。ポイントは中にトラップ内の対角線を張っていることです。これは昨年度の資料レビューを受けたものです。
- 6p はヘアトラップの一般的な個別の調査表です。それぞれの地点でこれだけのデータを取っています。
- 7p からは DNA 班や個体群モデル班と関係するところです。ヘアトラップ班では、このようなデータの記入内容を行います。見回りの順番やサンプル番号の振り方が 7p に書かれています。

- また、今年からデータの管理はバーコードで行うこととしました。
- 8p はヘアトラップ班の作業の手順です。どう試料を採取して管理していくかが書いてあります。ポイントは試料を効率的によく保存するために乾燥の手順を組み込んでいる点です。それからデータ管理の手順もポイントです。9p にトラップ班で記録する項目について一部を表で示しています。
- 10p は試料採取の封筒。試料については試料ごとの検体を入れた封筒です。試料封筒、試料 1 枚ごとの管理票、これがセットになって、それと全体のデータの 3 点セットになっています。封筒用のものに関しては 10 ページの上の管理票を貼ります。それからバーコードを貼る。バーコードは DNA 班と相談してラベルが 2 枚と試料に貼れるようにチューブ用の小さい丸いものを 4 つ着けている様式にしています。バーコードは現場体制により、4 つに地域を区分しています。各 1000 番ごとのバーコードを用意しています。
- 11p には、ヘアトラップ班の 5 つの課題を示しています。まず、季節変化。6 セッション行う予定ですが、昨年確認された季節変化をもう一度確認します。それからトラップによる試料採取率の差。これは当然出ると思うがどのようなどころで出るとのことです。それからトラップごとの判別個体数の差。それから、4 番目としてはグリッドサイズ。デザインで 1 基/1k m² と 1 基/4k m² を組み合わせているが、これによって判別個体数や試料採取率がどう変わるか。最後にセッション数と累積判別個体数。これは個体数を出してもらおうと当然出てくるのでその関係はどのようになるのか。こういったことを出して最終的には 11p の下の方にあるような、まず調査地・トラップ設置位置計画や、調査時期や調査面積、グリッドサイズ、調査セッション数といったものを標準化するための課題を健闘していきたいと考えます。
- ヘアトラップ班の計画は以上です。
- 現地チームから何か補足はありますか。

藤田：特に補足することは無い。バーコードのナンバリングについてだが、番号は 000 から始まるのではなく、0001~1000、1001~2000 という形で一つずつずれていく。

米田：設置状況を説明してください。

藤田：トラップ設置状況は、難航したが天気がいい日が続いたのでほとんど終わっている。昨日で 15 か所を残すのみだったので今日でほとんど終わったはずだ。サイズは基本 4m 四方としていたが、2-4m 四方とばらつきがあるが、ほとんど使用通りの対角線付きのヘアトラップである。

釣賀：真ん中に三角の構造があるのは何か。

藤田：試しに作ったものだが対角線より手間がかかるため不採用とした。

大井：トラップの設置には何人くらいでどれくらいの日時がかかったのか。

米田：予備調査では設置に 2 人一組 1 日に 8~10 基、見回りでは 2 人一組で 1 箇所 50 分くらいかかるので 1 日 8~10 基。4 チームで約 250 基の見回り、10 日間で 1 セッションの計画です。一日に 40 箇所程度見回りできますが、天候の悪い日もあるので 10 日を 1 セッションとしています。

玉手：岩手県のヘアトラップとの関連はどうなっているのか。

米田：岩手県の調査との関係は少し複雑です。岩手県の調査がこういったものかということ、岩手県は特定計画を策定しているため 5 年ごとに特定計画というのは見直しが求められています。岩手県では 24 年度が更新年ということで、岩手県は 3 年計画で去年

から全県を調査を開始しています。去年は奥羽山地側を調査し、今年は北上山地の北部、来年度は南部を行う計画です。岩手県ではヘアトラップ調査と痕跡調査の組合せで行っています。今年の岩手県の調査地ですが、5km メッシュのうち何箇所かで行い、私たちの調査地と一部重なります。データに関しては相互に利用する。県自然保護課とも協議しましたが、県としても国有林で行いたいため、北西部の国有林があるところでは、ヘアトラップについては両者で一部重なっています。トラップ設置が重なる影響については聞かれると、ちょっと弱いところです。県の方では痕跡法を組み合わせ県の標準法で行っています。メンバーも重なっているため相互にやっていきます。

大井：設置の時に地権者の同意が取れなかった理由は

藤田：クマがいることに対する恐怖心。いるということ意識させる調査であることと、ハチミツによって誘引するということに対する抵抗感などが挙げられます。牧場などへの影響を懸念して同意しないものも多くありました。不同意ではないが、返事が返ってこなかった人のところには実際に行き説明し、同意を得たところもあります。同意できないために返事しない方もいました。

米田：同意が取れなかったのは全体の 6% でそれほど高い割合ではなかったと思われる。

大井：西日本に行くにつれて同意が取りにくくなる。

米田：次、DNA 班の方に、報告と説明をお願いします。

DNA 班

玉手：（パワーポイント）

- それでは説明します。最初は私が概要を説明し、鶴野さんから詳しい発表をしていただきます。
- そもそもなぜ始まったかという理由としては、平成 20 年ころまで自然環境基礎調査として環境省の生物多様性センターでヘアトラップを用いてクマの個体数を求めるというのをいろいろな自治体で行ってきたが、それは各自治体がそれぞれの研究機関で別々の方法で行っているという現状がありました。私も宮城県で実際にやったが最初にどうやったらいいかというのは手探りの状態で、他の自治体の調査を参考にさせていただきました。そういう問題点があったので、この推進費においては DNA 分析をこれまで色々な機関でばらばらに行われていてそれぞれの方が努力されてきたノウハウを集積して、比較して標準化していい方法を見つけたいと考えています。具体的には DNA 分析の状況設定ということで、これは昨年やりました。それともう 1 点は分析機関によってもデータの出方が違います。例えば広域的に複数の分析機関で出てきたデータを合わせようとしても、同じデータで同じ遺伝子を見ているのかというのが分からないということがありました。そういうことも含めて精度保証を推定するというので、これも昨年度やりました。実際、昨年度では分析条件がほぼ決まりました。それから、同じ試料を共通サンプルとして分析機関でもって、それを適宜分析してチェックをするということで、相互にクロスチェックをするという体制を作るところまでいきました。この 2 つ、DNA 分析の標準化と精度保証というのは、この推進費が終わった後で今後ヘアトラップをやる実施機関で何らかの形で提供できるようなアウトプットになると考えています。
- 一方、今年度岩手県で行うということで、DNA 班の今年度のミッションは、技術開

発というところではなくて昨年度定めたように分析をどんどん行う。つまり、分析センターとしてやるということになるので、その時に岩手県特有の問題、つまり、岩手県のクマの多様性というのがある程度予備情報としてないと適切なマーカーが設定できません。このため、昨年度は岩手県の有害駆除された個体をもとにして、基本的な北上山地のクマの遺伝的多様性を求めて、それをもとにどの遺伝マーカーが多様性を検出できるかということを探しました。対象地域の遺伝的多様性は岩手県に直接かかわる問題ですが、以上の 3 点を昨年度は行いました。

- 今年は、昨年度決まった方法でサンプルを処理していくことが主となりますので、共通理解の部分をここで話します。DNA 分析に関してはマイクロサテライト 6 遺伝子座で行います。性判別も行う。こういったことをやるためにはこれからコストの計算もやらなければならない。6 遺伝子座とアメロゲンニンの遺伝子座で性判別するためには、PCR の酵素反応を最低 3 回行う必要があります。フラグメント解析も最低 3 回必要です。これから本年度の作業量を見積もっているところです。トラップセッション当たり 1.5 のサンプルが得られるということで本年度の分析を見積もって行っています。250 トラップで 6 セッションなのでだいたい 2000 サンプルが出てくると予想しています。これは予想なのでこれから実際どうなるか心配です。これを 4 機関で分割して行う予定です。基本的には調査地域の地域的に分けた方がいいと考えています。予算申請の際に岩手の環境研と山形大で 600 サンプル、北海道環境研と WMO で 400 サンプルということで予算申請しています。高密度でトラップが設置されている場所は山形大と岩手で主に行い。それぞれのブロックでとれたものはその対応する DNA 分析の機関におくってもらうというように考えています。ただ、それぞれの地域でどれくらいのサンプルが取れるかというのはわからないので、一つの地域で大量に取れた場合は、まず、この責任機関に送ってもらい後でお互いに数の調整を行うことを計画しています。現場の方には、この場所はこの機関に送るという 1 対 1 の関係で送っていただくように考えています。他の班との連携というところで意見をいただければと思っている。
- サンプル処理については、相手はクマであるため実際にどれくらいサンプルが出るかは分かりません。一番の懸念はサンプル数が 2000 を超えることです。そこで最初に送られてきたサンプルから逐次処理をしていくと後がどうなるかわからないので、セッション 1-3 は、まずサンプル増加傾向を見ながら行います。あるいは、選択処理ということですぐに分析しないで後に行うかもしれません。全くサンプルが出ない場合はすぐにやった方がいいと思いますが、まずは増加傾向を見たいと考えます。大量にサンプルが出てきた場合は、サンプルの選択を行わなければなりません、同時サンプルの内最低 1 サンプルは分析します。また、あまり毛の少ないサンプルというのは単独で行っても分析効率は良くありません。従って毛の多いサンプルからやるということと、10 本以下のサンプルに対しては後回しにする、もしくはプールしてしまうというのも考えられます。プールのやり方については、皆さんの意見を伺いたい。
- 7 月中旬くらいになると大体の傾向が分かってくるので、その時に選択的にやるのか、全サンプルをやるのかという見通しを立てたい。そのため、最初のサンプルの出方に注目しています。
- データ管理については、昨年度同じサンプルを 4 つの機関で分析し、やはりサイズ

がずれていたし、それから読み方が少し違うということが分かりました。今回も実際に分析をやりながら、実施サンプルと標準サンプルという別途抽出して持っているサンプルをお互い交換して、分析途中でもサイズのずれが無いかチェックし、事後でもチェックしたいと考えます。事後に関しては、それぞれの機関の対立遺伝子の出方に関してもバイアスがあるかというのも統計学的なチェックができるので一応チェックしてみようと思っています。仮に大きな外れ値が個体データに対して出てくる場合、保存していた残りのサンプルを使ってチェックする体制にしようと考えています。ここでも相談しなければならないが、DNA 班で出てくるサンプルですが、何月何日のこのサンプルの遺伝子座がこうだったという話と、同じ遺伝子座のサンプルは何月何日のどのトラップでも出ているというデータが出てきます。この段階のデータでいいのか、それともどの段階のデータで個体群モデル班に渡すのかということで、実際のデータフォーマットまで考えて予め相談しておきたいと考えます。

- ここからは鵜野さんをお願いします。

鵜野：（資料）

- 具体的な内容として、これは DNA 班の中というよりはモデル班との連携を如何にするか意見を伺いたいと考えます。バーコードの利用、サンプルの選択方法、それ資料の混合の仕方という 3 つです。
- まず、一番単純なバーコードの利用ですが、例えば現場の方でバーコードを作っていたら、DNA 班の方に送られてきますが、すでに作っていたチューブラベル用のシールラベルとか様々あります。DNA 班でバーコードリーダーを持っていないので、これを手入力したらいいのか、それともリンクすべき情報とかで迷っています。バーコードを折角使っているのに、何かこちらでも出たデータを入れるということまでできるかどうかわかりませんが、バーコード自体を利用できる方法がないか考えていきたい。
- これは独立した事象なので、頭の隅に置きつつ本題に入ります。まず、分析するサンプルをどのように選択するかということです。多すぎる部分は分析しきれないので、何から優先的に分析するか。サンプルの増加傾向を見ながら選択を行いますが、重要なことは分析数と分析効率ということを考えなければなりません。やはり効率の良い体毛の多いサンプルから分析を行い、毛根のないものは顕微鏡で確認し DNA 自体入手できないものは後回しという優先順位を考えています。
- もう一つは、封筒に示してある位置情報を、どの時点でどのように考慮するかということです。具体的なイメージを説明します。皆さんが現場で取った試料に関して、それを分析の際に混ぜるなら、混ぜるときに具体的にどのような法則で混ぜるのか。もし混ぜないのであれば、体毛の位置が隣同士の場所で波形データがちょっと違う時は、DNA 班の方で勝手に修正していいのか、もう 1 回読みなおすのか、いつの時点で封筒情報を考慮して校正してしまうのか。どの時点でこの情報を考慮するのかを決めたいと考えます。モデル班にも影響が出てくる問題なので意見を伺いたい。
- もう一つは、隣同士の棘で波形データを見たときに、例えば個体 A に似ているけどちょっと違うといった時に、隣同士の棘だった場合であれば、もしかしたら同じ個体かもしれないという状況、つまり最終的な個体識別時に封筒情報を考慮するのか、あるいは、DNA 班は封筒情報に関してはブラインドの状態として、補正せずにモデ

ル班に渡してしまうのか。この部分は今の段階で詰めておく必要があると思います。

- また、分析の際に体毛を混ぜてしまうといくつか問題もあると思うので、分析の際に体毛を混ぜるのかどうかということがある。もし混ぜない場合には、その日採れたそのトラップのサンプルはどれか一つはやるということになります。一番毛が多い棘をやることになるかと考えます。
- （違う棘で同一セッションに採れた）試料を混ぜるかどうかというのが第 1 段階で問題になってきます。先ほど米田さんが言われたように、岩手県と連携する可能性があるということで、岩手県にこのことを伺ったところ岩手県では混ぜているということなので、どういう法則で混ぜたらいいのか、また我々は混ぜないのかということを決めておきたい。後でデータをどのように照合するのも含めてかなり重要なポイントだと思っています。混ぜない場合と混ぜる場合でどのように問題があるのかということについて、勝手に（違う棘で同一セッションに採れた）体毛混合問題と名付けました。体毛を混ぜないとどうなのかというと、実験側からすると体毛が少ないと分析効率が悪くなる可能性があります。例えば岩手県ではかなり混ぜているということで、隣同士という情報を考慮して 30 本くらいを混ぜて分析しているため、分析成功率は良く結果もちょうんと出ています。混ぜれば効率が上がるが、混ぜると親子が来たり、セッション間で同じ個体来たりという、場合によっては 2 個体以上の情報が混ざってしまうのでデータが使えなくなってしまう恐れもあります。体毛を混ぜることによる危険というのはこういうことで、混ざってしまうと分離することはできないので、最悪の場合そのデータは使えなくなってしまう。逆に体毛を混ぜなければ本数が少ないので、分析効率は悪くなるが個体が混ざる事はありません。あとはどういう形式でモデル班に渡せばいいのかという問題です。
- （違う棘で同一セッションに採れた試料を）混ぜる・混ぜないというのと、いつの時点で体毛の位置情報を考慮するのかということについて皆さんから意見をいただきたい。

玉手：DNA 班としては毛の本数が多いほうがいいので、例えば 1 本とか 2 本とかサンプルができれば同じ所で取れたやつと混ぜた方が効率はよい。技術的な側としては本数をプールした方がいい。ただ、混ぜると同じ個体でも違う遺伝子座がでる可能性があるため、同一個体であるにもかかわらず別個体とカウントしてしまうため、その個体来たことを見落とす可能性がある。2 個体来ていた場合、片方の個体を見落とす可能性がある。経験豊かな方がいらっしやるのでどういう基準でやられているのか伺いたいと思う。

米田：この点に関しては、私の記憶では何回か議論して、ヘアトラップ班の方では 1 セッションで混ぜた方が効率はいいが、私たちの研究では棘ごとに個体が違う恐れがあるので混ぜずにするという結果になっていたと思う。

間野：混ぜた場合と混ぜてない場合のそれぞれ長所があるから、そのことについてはちゃんと意識したうえで、方法については、例えば 1 つのトラップに対してどれくらい多くの個体が出てくるのかを見たいうえで、リスクが 100 回やったうちの 1 回しかないという結果であるならば混ぜることによるコンタミの影響は無いといえるかもしれないけれど、1 つのセッションで 1 つのトラップに数個体来ることが本当に一般的に起こるのであれば、混ぜてしまったら何を見ているのかわからなくなるということになる。その辺のところとトレードオフの関係にあると思う。

玉手：山形の場合ではカメラトラップを使っていたので、複数個体が 1 セッションに来ていたということが分かっていたため、基本的には混ぜないでやった。このようにきちんと判断できるものがあればいいわけだが、それが無いのであれば安全のために混ぜないというのが前提だと思う。

大井：混ぜない方がいいと思う。1~3 セッションまではサンプルの集まり方をみるということなので、どれくらいの量のサンプルが取れるかも重要となるので、それを踏まえながら少なければ混ぜる、多ければ混ぜないということになると思う。

間野：今回、セッション中にカメラトラップなど自動撮影装置を置くということはしていたのか。

米田：一部重複している。後で代替法の方で発表があると思う。

間野：そういう情報と合わせて、そういうことを一度検討してみるというのがいいと思う。

米田：これまでの論議で、湯浅さんの方から混ぜない方がいいと最終的な意見があったと思う。

湯浅：私も混ぜない方がいいと思う。棘ごとにやるというのがずっと海外の方でやられてきたわけだが、棘ごとに分析することで結果的に 1 セッションで同じ面の棘にかかっているものが同一個体であることが多かったという傾向が分かっていたら、次こういう場合は混ぜてもかまわないだろうということが言えるが、一番最初に既に混ぜてしまうと PCR にかけたとき、その結果が個体によるものなのか、混ぜてしまったことによるものなのかわからない。今後混ぜるように改良するためには棘ごとに分析する必要があると考える。

釣賀：いずれにしても採集するときは個別の封筒でということになってくる。このため、7 月の中旬くらいにサンプルの集まり具合を見て、その時点で混ぜる必要が出るかどうかということで、その時点まで待ってもいいと思う。ちょっと気になったのが、棘と棘の間に毛がついていることがある。これをどうするかは決めておいたほうがいいと思う。

米田：記録のことか？

釣賀：記録というかそのサンプルを個別のサンプルとして取ってくるのか。それとも近いほうの棘のサンプルに混ぜるのか。

間野：杭とかね。

米田：いずれにしても、日付と場所が復元できるような記録をしておけばいいと考える。1 と 2 の（棘の）間とか、2 と 3 の間とか。

鶴野：皆さん、混ぜないという意見が多かったのである意味ほっとしています。もし、混ぜるといった場合になった場合、我々はどのように記述して混ぜた時の情報をどのように記述するのか考えておかなければいけないし、情報が消えないようにしなければいけないのでその辺も事前に検討しておかなければならないと思っていました。

玉手：後は詳細になるのでグループごとに話してもいいかと思えます。トラップ班からこちらにサンプルが来る時に、以前に県でやったやつだとトラップ 1 個 1 個の形状が我々わかっていて、それぞれのトラップのどの面で取られたかという情報も来ています。だから四角形になっている場合も三角形になっている場合もあると思うが、今回の場合だと、採集された場所のオリエンテーションがどうなっているかを確認したい。

米田：それでは次に代替法・補完法班の方に説明してもらいたいと思う。

代替法・補完法班

東出：（パワーポイント動画つきと会議資料）

- 代替法では、ナチュラルマーキングによる個体識別法としてカメラトラップによる自動撮影方法の開発ということで進めています。主な課題としては3つあげています。昨年度行ったのは生体標識を用いた個体識別手法の検討ということで、頭部形状による個体識別の可能性と、斑紋パターンによる個体識別手法の確立を行いました。
- 今年これからやることとしては、カメラトラップを用いた安定的撮影手法の開発を進めています。
- 昨年行った斑紋パターンによる個体識別についても、マーカの永久性の検討として季節性や年変化を考慮するため、今年度も同じ個体をなるべく撮影できるようにクマ牧場と交渉を進めています。
- カメラトラップを用いた手法の開発についてですが、ツキノワグマの斑紋パターンを野外で自動的・安定的に撮影するためのトラップ構造を確立することを目的としています。
- こちらはヘアトラップで設置している青松葉山付近の調査地域の中で私が担当している区画がありますが、その中で（ヘアトラップ調査地と）重ねて行っています。予備調査として利用可能な場所に置いてある誘因餌に対するツキノワグマの反応を把握することと、使用するカメラの動作試験ということで行っていますので、まずそれについて説明します。
- 今回使用するカメラは Bushnell の TrophyCam というもので、設定として今回は動画撮影モードにして、撮影時間を 30 秒、インターバルを 1 分にして撮っています。この他に自分でもカメラを作りましたが、これは通常の赤外線センサーでシャッターを押すタイプではなく、ツキノワグマが餌に来て何か機械的な動作を行った時に、入力装置と連動させて撮影を行う設定にしています。トラップの構造ですが、木にクマの大きさを測る目安として 50cm ごとにビニールテープを巻いています。餌のおよその高さは 170cm くらいで、この時は餌にリングを使っています。自分で作ったカメラの方は、180cm くらいの高さでかかっており、上の箱の中にハチミツが入っており、ここに鼻を突っ込むと写真が撮影されるという仕組みです。
- 実際に撮影した動画です。クマが来ると餌がある方向からアプローチします。このクマはあまり餌に執着しなかったので、餌を食べずに去ってしまうが、この時にちょうど餌があれば撮れるかなと思っています。こいつは指を引っかけてそのまま去って行きました。自分のカメラで撮影したものでは、ハチミツの臭いに興奮して木を揺らしていますが、この後、箱の中にあるハチミツに気づいて臭いを嗅ぎました。残念なことにここで蓋を押すことは無く引っ張って取ろうとしてしまうので、この時にシャッターが押されていれば何らの写真が自分のカメラでも撮影できていたが、餌がある時に押すというよりは引っ張るという動作をしてしまうので改良していかなければならないと考えています。
- 今までの 2 個体は、結構大きめの個体だったが、次は小さめの個体で、今回予備調査で撮影されたのはこの 3 個体です。いずれも餌がある方向から立って、または登ってアプローチする形でした。同様にこれも胸の位置にカメラがあったら（月輪紋

を)撮れそうだと思います。これはちょっと違いますが、ずっとトラップの近くにいたもので、これは月の輪を少し見ることができます。安定的な撮影ではなく偶然撮影されたものですが、野外の個体にも月の輪の変化あると考えています。

- 今回予備調査としてやった結果としては、餌はやはり確実に届く位置にあれば、確実に立つだろうということ、餌が設置してある方向からアプローチしてくれるのではないかということです。木に登るのは、斜面上部からなので、斜面上部から設置した方がいいのではないかということ、餌と同じ木にカメラを設置すると撮影できることもあるでしょうが、撮影以前の問題で、カメラを破壊されてしまう危険性も高いと思います。今回動画をとったのは 3m くらい離れている場所にカメラを設置していますが、それだとクマの方がカメラを気にせず去っていくので、安全かなと考えます。餌は今回設置した（高さ）170cm くらいでやってみようかなと思っています。その時の月の輪の高さというのは、個体の大きさにもよりますが、100~130cm 程度でこれをカメラ設置の時の垂直の高さにしようかなと考えています。
- 現在これららを踏まえて行っていることですが、まず、月の輪を安定的に撮影する手法ということでカメラトラップの設置を随時変更しながら、設置していくということと、同時にヘアトラップにも併設して利用不可能な位置にある餌への反応を把握していこうと思っています。ヘアトラップに併設することで、今回動画で取っていますが、撮影できるのであれば、そちらの台数を増やしてもいいかなということです。
- （資料 p17 参照）月の輪を撮影するためにこのような設計で、今、野外に設置しています。これは恐らくリンゴがある方向から立って取ろうとするだろうということで、そうするとリンゴの奥にカメラがあるが、これどうも月の輪が撮影できないかと思って、このようなトラップを 10 基くらい設置しています。ただ、この設計だと餌を食べさせることになるので、（餌をとらせないこととしている）今回の調査地に完全に被せることができないので、この設計で建てる時にはヘアトラップからは少し離して設置しています。
- 先ほど間野さんから話があったカメラでというのは、これ以外に利用不可能な餌に対する反応をみるために 10 数台が現在設置されているので、その方であれば重ねて評価が可能であると考えます。
- 話が変わるが、米田さんからメールで連絡いただいた、IBA のニューズレターで似たことをやっているということで簡単にまとめてみました。こちらの方でも、検討事項としては胸部のマークで識別できるかということ、カメラトラップで月の輪の写真を得るための実用的な手法、そして 3 番目に野外実験ということを行っています。胸部のマークで識別できるかということですが、保護施設の月の輪を撮影して 9 人の大学生がブラインドテストを行った結果、みんな成功したため月の輪で識別ができるのではないかという結論です。詳しい内容は書いていなかったのですが、ツキノワグマ 23 個体、マレーグマ 20 個体で行っています。カメラトラップで月の輪を撮るための方法としてステルスカムというのを使って、このような調査設計で月の輪の撮影を試みています。これは利用可能な位置にぶら下げた餌を 3 方向から同時にセンサーで撮影するというもので、センサーは省電力型の赤外線ではなくてアクティブの赤外線センサーを使っています。この調査設計でクマを立てせることに成功し、なおかつ少なくとも 1 台で月の輪が撮影されるという結論に

なっています。この二つは保護施設内での話しですが、最後に野外実験として国立公園内で実施しています。12 トラップステーション、計 36 台のカメラをこのような期間設置し、ツキノワグマ 440 枚の写真を得たが、直立で月の輪が明瞭に撮影できたのはそのうち 13 枚 5 個体のみで、思ったほど精度が高くはありません。3 方向から撮影して 1 枚撮れるという計算であればもっと枚数が多いはずだが、多くの写真はトラップに入ったりうろついたりといった歩行中のものであるということで、月の輪が写ったのは僅か 13 枚であるという結論でした。これは静止画で撮影していますが、私は動画を使用しており、その中で月の輪が写ったもののみを抽出して解析に用いようと思っています。以上です。

間野：動画はどれくらい連続して撮れるのか。

東出：何十分という撮影に耐えます。

間野：もしバッテリーとかに問題がなければ、30 秒より長くできないのか。

東出：できるが、光の関係やササがちらついたりして反応してしまうと無駄な電力を消費してしまうので。今、インターバルを短くしています。30 秒しか取れないけど 10 秒たったらまた撮影するには設定しています。

間野：たぶん識別の時には、胸の斑紋が不鮮明で、別の何か耳の形とか傷の形状とか、ツキノワグマの場合だと真っ黒なのかもしれないが、補助的な情報でも判別できるようにした方がより判別の精度や効率があがるのではないかと思う。

近藤：餌を長くいじっていれば作動するような設計にするのはだめか。

東出：(Bushnell の購入したカメラの) 機械的な部分をいじる事は私の技術では難しいが、私が作ったカメラであれば、引っ張ってシャッターが落ちる形式の外部の入力装置も作ってあるので、それはかけようと思っています。自分が作ったものの設計の都合で、動画で取れず静止画しか撮れませんがトライする価値はあると思っています。

近藤：今回の映像は昼間だが夜も撮れるのか。

東出：夜は無かった。

近藤：感知できなかったということか。

東出：そういうわけではない。シカは撮れているので。赤外線で白黒のように撮れるようになってる。

近藤：動物側からは光ったということはわかるのか。

東出：パイロットランプのような LED ランプがつくが、シカはそのランプに反応するが、それ以外の動物は対してそれを気にしていない。

米田：最後にモデル班の方からお願いします。

個体群モデル班

深澤：(会議資料)

- 資料は 18P からになります。
- モデル班としては、昨年度は、昨年エコロジーに記載された空間明示型の個体群推定モデルというのが現在最も現実的な仮定に基づいて推定する方法だと思われたので、その方法でダミーデータによって（岩手県調査地で）どれくらい正しく個体数が推定できるのかというのを従来の空間明示でない方法と比較しました。その結果、空間明示モデルの方がより正しい個体数を推定できるということが分かりました。
- 今年度は、岩手のデータが上がってくるのがしばらく先になるので、空間明示型の

モデルを、クマの分布が環境要因によって変わるといような環境の不均一性を考慮した手法に改良していくことを課題として行います。

- まず、背景と目的から簡単に説明します。空間明示個体数推定モデルは、トラップの有効範囲を個体数と同時に推定できる。従来の標識再捕獲モデルというのは、個体数は推定できるが、調査をどの範囲でやったのかというのは客観的に推定することが難しく、事前の行動圏などから調査地については恣意的に決めなければならないという問題があります。空間明示モデルにおいては、トラップの有効範囲を求めながら推定できるということです。これはどのように推定しているかという、毛の採取の位置情報からクマの各個体の行動圏の中心位置座標をシュミレートしながら、実際の毛の採取データに最も合うようなクマの個体数とその分布を推定していくことです。
- この際、クマの分布というのは地形や土地利用によって変化すると考えられるのが普通です。このため個体数推定においても、それを考慮することは大事です。ただ従来の方法では、クマの行動圏の位置を決める情報というのはトラップでのジェノタイプ的位置だけからクマの行動圏の位置を決めていくことになるので、そのような環境の影響を考慮することはできません。
- 問題を整理すると環境要因にも、私たちが持っている事前情報から 2 つにわけることができます。一つ目は都市や水域のように絶対にクマが行動圏の中心とする事がないことが分かっているような場合と、標高や植生タイプの様なクマの生息は可能だがどれくらい影響を与えるかが分からない場合という 2 パターンの要因があります。今回はこれらを同時に考慮できるようなモデルの枠組みを考えていこうと思っています。
- モデルの概要を説明します。従来の空間明示個体数モデルの大まかな構造を図 1（資料 p18 参照）に示しています。このモデルはトラップと行動圏の中心の距離で捕獲率を説明する形になっています。その距離に対する捕獲率の落ち方というのがひとつのパラメーターになっています。もう一つがそこに存在する各クマ個体の行動圏の中心座標で、ここには書いていませんが生息数というのでも推定するパラメーターになっていて、生息数が変われば行動圏の中心座標の数も変わるということになります。捕獲率と距離の関係と行動圏の中心座標というパラメーターから、実際のデータである捕獲位置情報が生成されるというモデルです。実際の情報では、私たちが持っているのは捕獲位置情報だけなので、そこから未知のパラメーターを決めていくことになります。
- 次の 19 ページです。これから作っていかうと考えているモデルというのが、クマの行動圏の中心の座標というのが環境要因によって変化するというモデルです。それが図 2 です（資料 p19 参照）。これまでのモデルより複雑になっていますが、違うところが各個体の行動圏の中心座標に影響を与えるのが各々の場所の分布確率であって、その分布確率が不適地の分布やそのほかの環境要因の分布によって影響されるというモデルです。要はクマの行動圏の中心座標の分布が、環境要因によって変化するというモデルです。これをもう少し模式的に示したのが図 3 です（資料 p19 参照）。左側の方が従来の空間明示モデルの模式図で、黒い四角がトラップの位置、青い丸が少なくとも 1 回毛が採集されたクマの行動圏の中心座標、オレンジが一回も毛が採集されなかったけどその場所に生息しているクマの行動圏の中心座標となり

- ます。
- 我々はデータを取った段階ではレンジの点については情報が無い。いくつ点が落ちるのかもわかりません。従来のモデルではクマの行動圏を決めるのは捕獲位置情報しかなくて、1 回も捕獲が無かった個体については調査地全体のどこでもいる可能性があるかと推定します。ここでは本当はクマの行動圏の中心というのは点ではわからなくて、特に 1 回も捕まらなかったクマに対しては調査地全体に一樣に取り得るということで、ここではわかりやすいように点で表示しています。ここに環境要因を考慮するとどうなるかという、毛が 1 回以上採取された場所というのがこの図では右下に偏っています。このため、それに対応する環境要因があれば、捕獲されなかった個体に対しても大体その方向に分布が偏っているのではないかと考えられるということです。赤いコンターラインが環境要因だとすると、この環境要因が点の位置と関係がありそうだとすると、捕獲されていないオレンジの点もそっちの方に偏って分布するのではないかということになります。このようにすることで、推定個体数がどう変化するかというのは、やってみなければわかりません。
 - P20 を見てください。これはクマが事前に分布しないとわかっている時の地図です。図 a はそれを考慮しない図ですが、調査地の端の方に都市部などがあった場合、従来のモデルではそこにクマの行動圏の中心が落ちる可能性を排除できません。そうすると実際には個体数の過大評価になってしまう可能性があると考えられます。それを事前にクマがいないと考えられる場合には、クマの行動圏が落ちないということで、図 b の様にもう少し現実的な推定ができるのではないかと考えられます。このモデルもまだ構想段階で、ダミーデータによる推定ができるのかどうかというのを推定しながら実際に開発していこうと考えています。
 - 実際にそれで個体数推定ができることがわかったら、既存の富山のデータを使って実際に推定できるかをやってみたいと考えています。先週の木曜日と金曜日で湯浅さんと太田さんに同行していただき富山に行ってきました。そこは調査地のすぐ脇が都市に隣接していて従来の方法でやると都市が推定の範囲に入ってしまう。（環境要因を考慮しない）空間明示モデルを使うにはまずい例です。あと、富山のもう一か所は山の上に調査地があります。そこは雪がまだあるため行けませんでした。調査地の真ん中に湖があり、その周りにトラップを設置しているため、湖の範囲というのは何らかの方法で推定（調査範囲から）から除外しなければなりません。それを今年はやっていきたいと考えています。
 - それから今回は、まだ構想段階ですが、横浜国立大学の太田さんにはこれまでのヘアトラップのデータを集めていただき、それが集まった段階で、これまでのヘアトラップのデータをメタ解析的なアプローチで調べていただき、これまで調査で足りなかったところや問題点、どれくらいのトラップが必要かといったあたりのことを、まだ構想段階で決まってないが、色々な事例を通した研究をやっていただく予定です。
 - 最後に岩手の解析です。現時点では、まだデータが得られていないのであまり具体的に決めてしまうのも良くありません。実際のデータを見て、現場と状況を聞いたうえで考えていくことにはなりますが、まず、今開発している空間明示モデルを使って個体数がちゃんと出るかどうかを確かめることにはなります。後は従来の方法との比較です。

- また、どれくらいの規模で調査をすることが適切なのかということも明らかにしてほしいということなので、実際のデータからトラップを減らした状態、努力量を減らした状態でやったことを想定して、間引きした状態でどれくらい不確実性が増えるのかという辺りを検討していきたいと考えます。それはトラップの密度を減らすというのも一つのシナリオだし、調査範囲を狭めるというのも一つのシナリオであり、それらについて検討していきたいと起こっています。以上です。

米田：最後のモデル班について質問がありますか。

玉手：局所的な個体群密度が分布確率に影響を与えるということを、この中に加えることができますか。つまり、お互い隣り合う時に、b のモデルだと排他的であるためにこういう要因を入れることは可能ですか。

深澤：可能だと思う。自分以外の個体がいる条件下のある個体の分布確率という、つまり周りの個体がいる条件下でのある個体の分布確率のモデルも今まで色々あるので考えようはあります。しかし、計算の複雑さからいって、つまりある個体の行動圏中心座標を考えるにあたって他の個体の位置を考えて計算しないといけないので、いる個体の 2 乗という感じで計算の労力がかかってしまうのであまり現実的ではありません。あとは、調査地で推定された数を外挿しますが、その際に個体間の位置情報というのはないので、計算する際にはあまり影響しないと考えます。

大井：調査を行う期間が 6~8 月ということなので、交尾期にかかっているため玉手さんが言っていることは十分考えられると思う。採集された毛からオスとかメスの空間配置が分かるので、それからオス同士どういう分布パターン持っているかというのを解析して、そこから密度的なものを考慮すべきかどうかはわかるのではないのでしょうか。

深澤：その通りです。実際にモデルに組み込むかどうかは後回しにして、毛の採取の空間分布と性別の関係というのをみて、その中で排他的な分布をしているのかというのは見えてくるかもしれません。

ウェブサイトの管理

米田：それでは総合討論に入る前に、今日配布した資料の中で最後にウェブサイトの管理について説明します。

米田：(パワーポイントと会議資料)

- 会議資料では 21p です。ウェブサイトの現状はどうかというと、目的はデータの共有と DNA 班のプラットフォーム構築、広報機能と設定しています。去年の 11 月に開設していますが、現時点では一般公開はしていません。8 つほどタブを作っているが、2 つほどはまだ未利用のところがあります。
- どういう方向性があるかというところですが、DNA 分析に関しては、先ほども話があったように今回 4 つの機関で分担分析となるので、データの共有、データの較正といったところに使えないかと去年から述べています。マイクロサテライトの波形のデータを全部登録するか、それからジェノタイプを全部登録するかというのが将来あるかと考えます。それから分析のプロトコルや、昨年どういった酵素がいいとか分析してもらったが、成果の公開の一つとしてここに掲載していくことが考えられます。参考として、DNA バーコードとデータベースの公開を 21p 資料では示しています。

- 現地調査のページは、適宜現地の状況を公開していきたいと思っています。
- それから個体群モニタリングというのはページを作っていなかったが、やはりこれを作って空間明示モデルをここに公開していくことがあり得ると考えます。
- 共通課題としては一般公開をどのタイミングで行うか、また、英文のページについてどう対応していくか考える必要があります。

アドバイザーからのコメント

米田：これまでの経緯と 4 つの班の発表を終えましたので、アドバイザーの方に全体の質問やコメントなどを、まずこの時点でいただきたいと考えます。

大井：ここまでは特にはありません。

山村：私は昆虫が専門だが、昆虫で標識再捕獲法を使う場合によく使われる方法があります。一つは Jolly-Saber 法といった普通の方法。もう一つは Hartstack 法という系列の方法があります。これは拡散の情報を用いる方法なので、今回の話を聞いてこの Hartstack 法やそれに準じた方法を適用してもいいのかなと思いました。Hartstack 法というのは、ある 1 点から多数の個体を離す。あちこちにトラップがあるとすると、拡散した場合、捕獲地点に近いほうが個体数が多い。そしてどんどん減っていく。この拡散曲線を推定する。すると同時に捕獲確率も推定できる。すると捕獲された野外虫の密度に捕獲確率の逆数を掛ける。すると総個体数が出る。クマ関係では、5 年前に釣賀さんのデータに適応して推定したことがあります。ヘアトラップデータにも適応可能です。そういうことを考えた場合に、どのようにトラップ配置をすればいいのかという問題があります。やはり Jolly-Saber 法の系列とはまた違う考え方の方法ですから、違う最適なトラップ配置があります。この方法を使うには、距離が離れると捕獲率が落ちていく、その曲線を書けなければいけない。だから、最後だけぽつんとあるとあっていう配置では書けない。ある程度落ち方が分かる近距離に置かないといけない。それから配慮しなければいけないのは、昆虫の場合捕まえたなら補殺するので補殺の影響を考えなければならないため、トラップの配置を一樣にする必要があるが、クマの場合補殺が無いので一樣にする必要はない。とにかくあまり離しすぎない。拡散曲線は一定であるとしなければいけないが捕獲率は場所によって違っててもよい。別のパラメーターをつければよい。時間的に違う場合も時間的に層別化してやればよいので、そういう問題はデータ量があれば問題ない。ただ拡散曲線は個体が違ったりすると書けない、また個体の密度はなかなか考慮できないといった問題がある。それが先ほどの個体群モデルの話と似ていると思った。モデルでは行動圏の中心からの距離ですけども、Hartstack 法ではトラップの格子点からの距離で決まるというような近似です。クマはどうか分からないが昆虫ではよく使われる方法です。

深澤：ヘアトラップの場合だと捕獲されたものだけを離す（体毛試料のみ採取）ため、別の場所で 2 回以上取られるというサンプル数があまりとれないということも多い。1 回だけとれる場合というのも多いが、そういう場合、この方法だとどういう扱いにすればいいのか。

山村：まず、2 回（以上）とらえていないと拡散曲線は書けません。あと、総個体数を出す時には、1 回でも捕まえた個体の逆数ですから、そこでは使えます。総数を出す場合には捕らえた総数を使うのでその部分で有効利用できます。ただ拡散曲線の情報に

は寄与しません。それからもうひとつ、先ほど複数の毛をまとめて分析するという話がありましたが、分析法でそういう方法があるということにびっくりしました。推定法の面からすると、それはあり得ないと思います。複数を混ぜてしまうと検出しかない。標識再捕獲の場合は標識の仮定と検出の過程の両方がありますが、標識と検出を別と考える場合は、最初は毛 1 本 1 本を別に調べて、後の時期には検出のためにまとめて分析するというのはあり得なくはないかと思います。検出の方はもう標識には使えないので、検出だけに特化させるデータでしかありません。

米田：これまでデータをみると、クマ類の標識再捕獲法では、日本の場合だと意外と再捕獲率が低い状況です。今回（岩手モデル地域調査では）6セッションと長めにしますが、このような調査で一般化をすると、投入努力量が一定だとした場合、セッション数を長くする方がいいのか、セッション数が短くてもいいから広い範囲をカバーした方がいいのか。そういう単純な問いかけをした場合どちらになるのか。つまり、セッション数を多くして再捕獲率を多くした方が精度が良いのか、セッション数は少なくてもワナ数を多くして識別個体数が多いのとどちらがいいのか、との問いです。

深澤：難しいがバランスが大事です。ただ空間構造を考える場合だと、セッション数をある程度多くしなければ複数回取られるという事象が無くなってしまうので、それが得られるくらいのセッション数は確保しなければなりません。今回考えているモデルというのが 3 箇所くらいで取られる個体が無いとちょっと行動圏を特定するのが難しい。3セッションだと少し少ない気もする。ただヘアトラップの場合だとあまり長くすると行動が変わったりするので 1 セッション（期間）数は短くセッション数は多くというのが重要です。

山村：釣賀さん、以前はどういうデータを使ったか。

釣賀：拡散曲線の方は結果を見せていただいてない。

間野：行動圏の中心ほど捕まる確率は高くして周辺に行くほど捕れなくなるという話でしょうか。

山村：そうではなくて、放逐した地点が捕まりやすいという考え方だ。

釣賀：言ったかもしれませんが、1 回きりであまり議論にはならなかったと思う。

山村：結果をみると Jolly-Saber 法と同じ結果になったと思う。

間野：捕れた場所さえあれば、そこで放獣すると考えるのでしょうか。

山村：そうです。そこがスタートになる。

三浦：繰り返しは何回ぐらいやるのか。

釣賀：3セッションのデータです。

三浦：その中で 1 頭の個体が最多でどれくらい捕まっているのか。

釣賀：確かではないが 5, 6 例あり、その中には 3セッション通じてという個体もいた。

三浦：期待できるか。

釣賀：ただツキノワグマとヒグマだと、湯浅くんの話を聞いているとパターンが違うのでそれはわかりません。

山村：数値は出ると思う。

三浦：あとはどれくらい適応できるかだ。

山村：個体間のインタラクションとかがあるとまた歪んでくる。

米田：ありがとうございます。これから総合討論に移ります。

総合討論

米田：

- プログラムオフィサーは、他の推進費の研究を見ておられますから、我々の研究は現場レベルというか泥臭い研究だなというのがお分かりかと思えます。我々がしたいことは、とにかくクマの個体数を知りたい、これには（社会的、行政的）必要性があるということは皆さんお分かりかと思えます。個体数推定には、様々な手法があります。今回、我々が重点を置いているのは、DNA による個体識別という方法です。DNA マーカーを使用した方法というのを新たにきちんと標準化しようというのが一つの狙いと考えています。ただ、これ以外にも、統計的手法から行う方法があって、今年度、別研究として推進費で開始されることになっています。これは、捕獲のデータだとか個体群の様々な指標を取り入れて、動向をモニタリングしようというもので、そういう方法もあると思えます。我々が今回行っている、DNA マーカーを使った個体数推定法が、開発されたのは 10 年ほど前だが、国内で使われ出したのはここ 6~7 年、現実に各地で使われたのはここ 4~5 年というところです。ただし、これまで各地でかなりバラバラの方法でやってきました。それから調査期間も小さく非常に小規模な調査データも多かった。そこから出てくるデータというのはどうしても不確実なものになるので、今回のこの機会です。標準化ということで、全体をスケールアップした調査設計としました。北上山地調査地 600 km²というのは、少なくとも 100 頭程度は生息するだろうということのを考慮してこの大規模の調査地を設置しています。ただし、今後地方自治体が実際にクマの生息数を今回の手法でやっていくには、たぶん 600 km²を 200 基以上（のトラップ）で、3 カ月調査を行うのは、設置の手間、DNA 分析の手間、画期的な手法が開発されれば経費は抑えられると思うが、実際としてはこの規模でやっていくことは難しいと思えます。このため、これをもう一度スケールを小さくしたもので標準化できないかという点も考えています。一旦大規模でデータを取って、DNA 分析ですでにできるだけ効率的な方法を開発し、そこに代替法とモデル班の成果を生かして、標準化の時にはどれだけの最小限の（調査地）サイズ、トラップ数、セッション数が必要かということのを考えながら進めています。
- 今日は今年の研究計画の確認をしたいということでお話ししたが、今まで出てきたところでは、ヘアトラップ班ではトラップの設置が終わった、予定して地点のいくつかで、地権者の同意が取れないところがあり、6%ほど昨年の計画より低くなっているが、245 基のトラップでスタートしました。この計画でよければ、このまま 8 月まで、とにかく（ヘアトラップ設置・試料回収を）行いたいと思えます。ただし、これだけ大規模なことをやって、DNA 班のところでは年間 2000 試料と想定されているが、それほど試料がとれなかったらどうしようかとの不安はあります。
- 2 番目の DNA 班に関しては、かなり具体的課題として試料を混ぜるか混ぜないかについて論議しました。1~3 セッションについては 1 棘 1 サンプルの基本方針で行いたいと思えます。それ以外は、昨年の方針に従って、マルチプレックスや、Pid の少ない遺伝子座を対象に標準分析法を改良していただき、そして 4 つの分析機関で同時に分析を進めていただきたいと思います。
- 補完法・代替法班としては、昨年行った生体識別調査から、月の輪紋と下顎紋が識別に有効だということを確認したので、今後は撮影法が課題となります。今年はそ

の撮影を現地で試みて、さらにそれをヘアトラップとオーバーラップするところでやり両方のデータを突き合わせるという計画で進めます。

- 最後に個体群モデル班のところでは昨年開発している空間明示モデルにさらにトラップ毎の環境要因を加えたモデルを今年改良型で考えています。
- 大きなところはこの方針で行いたいと考えますが、これでよいでしょうか。これからは総合討論ということで自由に進めていきますが、まず、北海道のヒグマの研究を説明していただきと考えます。

間野：ヒグマについては、これまでのレビューを佐藤さんにさせていただいて、それからヒグマのマーカーについては釣賀さんにさせていただいた。もう一つは 3 年目のプランをどうするかという話に繋がってきます。確かに、今回 2 年間で、まず北上の 2000 サンプルが順調に集まり、順調に分析できれば最初に見せていただいたようなマニュアルというのは 3 年目には最低限できると考えています。その時の 3 年目の扱いですが、(ヒグマでの) 大規模ヘアトラップを考えると、準備は本州でやっていたのと同様に今年度から開始しないとなかなか難しい。それを考えると、3 年目を北海道でということについては、やることを考えるより前に、本年度だけでできないものとして年ごとの環境変動がクマの分布や毛のとれ具合に及ぼす影響があります。これは、単年度の分析結果ではできません。昔、松前半島でやったデータを見てみると、3 カ年同じ地域で実施したデータがあり、そこでは食物生産量の変動などがヒグマの行動に大きな影響を及ぼし、それから(単年度で) 得られる推定結果というのが非常に過小だというのが示唆されています。北上では、今年度このような形で調査を行うためのインフラが整っています。そういう点では、継続するにしても、別途来年度北海道でやるよりは問題は少ないと考えます。このため、私はむしろ 3 年目に 2 年目の結果を検証するようなプランを組み立てるというのを優先すべきではないかということを考えています。ただし一方で、ヒグマについても補完するような形で過去の情報を組み合わせてヘアトラップの設置の仕方、年次の環境変動が影響することについて新たに考察を加えていきたいということについては貢献できるかなと考えます。4 年目以降にこのプロジェクトが継続課題となるかについては 3 年目までの出来具合によるところが大きいと思いますが、私はむしろ 3 年目には 2 年目までのもの補完することを優先的に考えた方がよいと考えます。もう一つは今年度どこまでできるかというのは今のところ未知数です。

米田：ヒグマの DNA 分析に関して、去年は 4 塩基繰り返しといったヒグマに特有な遺伝子座の探査が行われたが、今年度は(北上試料の) 分担分析に集中していただけるか。

釣賀：かけられる努力量からそれにならざるをえないが、ヒグマの部分で下準備をやっておきたいところがあります。去年(ヒグマで) どういうマーカーが使えるかというのは詰められたが、もう一歩進めて、今回岩手の北上のサンプルを使って行いますが、同じようなものを(ヒグマでも) 積み上げておきたいという考えがあります。

間野：来年度についてはどうか。

釣賀：来年度については、今年の出来次第というところもあります。具体的な話になりますが、今年(北上試料を) 分担して行うが、繰り返しやらなければならないサンプルも出てくるので、おそらく年を超えて分析しないといけなくなります。そのため、今の時点で来年度のところまで見積もるのは危険だと考えます。

原口：私どもは素人なのでわかりませんが、推定法の標準化をするということで、一回の実験だけで標準化ができるものなのかという疑問があります。それは置いて、今度の 8 月に中間評価があるので、そこではいままでの成果の発表と、今後どうするかという計画のところまでを含めた評価があります。なかなかでないが S 評価を受ければ 2 年継続が可能とか、評価が低ければ減額ということがあります。このため、どのようなプレゼンテーションをするのかという方針も非常に大事だと思うので、今話していた様な来年どうするのか、繰り返しをするのか別の場所を設定するのかというのは大事な方針になると思います。その辺のところを、時間もないことですから、ある程度詰めておいたほうが良いと考えます。

志水：技術関係の課題は地球（環境研究推進費）とちょっと進め方が違っていたので、皆さん少しやりにくいかと思うが、結局 3 年間でどういうふうに出すかということです。今の 4 つのサブ課題について、手法の開発だとか推定法の標準化とか、これまでの実績もおありなのでかなり進められていると思うが、データがこれからというのが基本的なところにあり、一番のネックだと思います。かといって 8 月には中間評価がくるので、あと何ヶ月かあるが、現在の段階で 3 年計画の中でどこまで進展したのかという説明とこれからどこまで到達できるのかというのが無いと。今日の話聞いてみると、DNA などとはとても大変だと思います。すると最初の設計上のところに到達できるのかなと心配を感じます。ですから、中間評価には 100%間に合わないとしても、かなりこれから気合を入れてもらわないと、この 3 年間の達成までの程度できるのかなと感じます。中間評価の際にも、目玉は何かとか、これまでの程度進展したのかとか、今後どうするのか問われるので、今の状況の説明を聞いているとデータ分析が進んでいないので非常に厳しいと思いますが、その辺りを心得て説明していただきたいとの感想を持ちます。

原口：6 月から始めるので体毛（ヘア）どれくらいとれているというのは発表できる。あとはどれくらい頭数の推定ができるということの話はできると思う。

間野：ちょっとハッターが入ってもそれくらいは言わないと。

志水：言うところは言うておくべきだろう。

原口：それから岩手県の事例もあるのでそれと関連で説明していただきたい。

志水：やったことだけ言っていると趣味の研究をやっているという話になってしまう。

米田：私どもの認識では最後のモデル班のところで、空間明示モデルというところは新しい成果だと思っている。それから 1~3 のところは従来法のスケールアップと改良が主だが、DNA 班の方ではこれまでないマルチプレックス法などを進めてもらっている。また、DNA 分析とヘアトラップも、手順を改良し標準化する部分は進んでいるという認識を持っている。

志水：（中間評価では）話す時間が 20 分あるかないかなので、パワーポイントで要領よく行う必要があります。

原口：統合されたので、地球の評価委員と技術系の評価委員が半々くらいの寄せ集めなので、評価方針もすり合わせをしていかなければならない。DNA の予算についてこんなに高いはずがないという人がいるかもしれない。

米田：議論になったところで、DNA（による個体識別）分析に関しては、今はマイクロサテライトによる塩基長の長さであるが、画期的な技術が今後あり得えますか。

玉手：今年の後半くらいに検査機として 1500 万位で売られるということになったので、お

そらくこれから数年経つと、集団の中の遺伝的な変異を検出する方法がガラッと変わる可能性があります。現在のコストとしては今の方が安いわけですが、これから 5~10 年経てば変わります。問題なのは直近で調査をやらなければならないで、それにどういう手法が適応できるかということで、もしコストダウンとか新しい手法の開発ということであれば DNA 単独で別（課題を）に申請します。ただし、この調査はトラップデザインがどうかとか、そういう問題からスタートしているので、DNA の方はあくまでも既存の方法で、それに余計なコストをかけないで確実な方法を目指すということでやっています。基本的に発想が違います。そここのところを理解していただかないと議論がかみ合わない。ちなみに具体的な方法としては、ロシで出している 454 というシーケンサーがあって、これがベンチトップでかなり安く分析でき、それだと 120 検体が同時にできます。ただ 1 検体当たりのコストがやはり 1 万円くらいするので、まだこの方法よりは高い。ただし、今後数年で安くなると思っているので、また違うグラントで出せばそれはやりたいと考えます。マイクロサテライトの技術が開発されたのが 90 年代、PCR もそうで、シーケンスもそうだが、20 年くらいで（遺伝子分析の技術は）変わってきており、今、変わる直前くらいで実用的な研究をやるという上ではちょっと良くない（時期）と思う。

米田：DNA のことに触れたということで、これはアイデアだけだが、これだけ DNA の個体識別のデータが出てきたら、この全部をデータベース登録することも考えられます。全個体のマイクロサテライトのパターンをデータベース化していくことです。目的は、今はヘアトラップのサイト（での分析）だけですが、岩手でも有害捕獲があります。有害捕獲された時に、(DNA) データを照合させるとことも考えられます。今回は 3 年間の計画ですが、クマは長寿命動物であることから、これから 5 年あと 10 年あと（調査が）行われるときに照合する可能性も考えられます。そういった意味で、全個体（DNA マーカ情報）のデータベース化の可能性としてあるのか。

玉手：問題はこのヘアトラップという手法が、今後どれくらいやられていくのかということです。私はこの 2 年前は懐疑的だったが、例えば森林総研もかなり大規模にやっているし、環境省の生物多様性センターも自然環境基礎調査のところでヘアトラップを位置付けています。ただ、これは国としてこれをやるということを定めていると理解したわけです。このため、これから 1~2 年で（ヘアトラップ法を）止めますということだったらやる必要はないが、国としてあるいは環境省としてこれをやるという方針が固まっているのであれば、当然データベースを作る意味はあると思う。もう一度言うが、例えば多様性センターで実際やらせているにもかかわらず、使っているマーカーだとかトラップデザインだとかバラバラで行っています。それで全国のデータを出すことが果たしていいのかどうか疑問です。試験研究法として較正法が無いという状況でやっているというのはよろしくないで、ここで決まった方法でやりましょうというのが、今から 2 年くらい前の研究構想のはずです。だから、この方法で国がやり始め、これからもこれでやるというのが確定すれば、こちらこそそこまで覚悟持ってやります。しかし、別な方法を開発しようとかそういう話が出てくるのであれば、いまデータベースを作ってもしょうがない。環境省の姿勢の問題です。

原口：技術推進費で出されたので、（このプロジェクトは）4000 万から減額しています。地球と統合すると、今度大きなプロジェクトの可能性もあります。戦略的な、日本の

このような分野を取りまとめるような方針でやるということであると、おっしゃった様な日本の DNA 解析の方法を作ってデータベース化するようなことも考え、1 年後 2 年後の戦略として頭に入れておいて、プレゼンテーションで話されるかは別だが、2 年後の大型のプロジェクトで可能性もあるということで相談されてもいいと思います。技術室だけで 10 億円程度の予算だったのが今後 50 億円くらいになるから、1 件当たりの課題に出す額が大きくなると思うので、将来的な次のステップの研究を考えながら、次の機会で考えるのがいいと思う。

米田：北海道で何かそういうアイデアは。

釣賀：遺伝子解析の開発ということに対しては、先ほど玉手さんがおっしゃった通りだと思います。クマの生息数をきちんと出すということにどれくらいの労力と予算をかけるかということに尽きます。当然、我々の立場としては北海道でもヒグマの個体数を出すためにも標準化された方法というのは確立したいと強く思っていますが、2 年先に大規模な予算を使って手法から始まって、そういう形のもの立ち上がっていくのであれば、現在のものはとりあえずやってみるということになります。その方針がどうなのか。

米田：私の理解では、かつては（クマ）捕獲個体については位置と外部計測値だけを記録していました。その後、ミトコンドリア DNA ハプロタイプの地域性を見るため、試料の保管ということが標準になってきました。ヘアトラップ法では、永久マーカーとして DNA（マイクロサテライト）を個体識別マーカーとして使っているの、データベースとして記録を残すというのが私の提案です。

原口：これはクマに限らず一般的な動物が問題になっている、そういったところにまで拡張した問題の基礎的な出発点になっていくというふうにはならないのか。

釣賀：あまり大きな話をするべきではない。ただ、北海道では 10 年くらい前からデータをとっています。ミトコンドリアのデータというのはもう変わりようがないので、シーケンスを読んでしまえばそれは変わりません。そういうものをデータベース化して、DDBJ に登録されていればいいと思う。マイクロサテライトのデータは、核遺伝子の、膨大に遺伝子がある中のほんの 10~20 か所のデータしか持っていないので、データベース化することにどれだけの意義があるかはわかりません。それでも、10 年以上の蓄積があるので過去に測った多様性が 10 年後 20 年後にどうなっているのかというのを比較するうえではデータとしての貴重性はあり、残す価値はあると思います。

米田：代替法班の三浦さんと青井さんから、全体や代替法について意見をいただきたい。

三浦：先ほどの話の続きとして、将来の展望について話しておきます。自然環境基礎調査において、ヘアトラップ法による個体数推定をやってくれというのは、様々なインパクトがあると思います。ただし、それは予算の具合だったりします。また、環境省は一定の位置付けを行っていると考えます。この研究は、この中で確立していく必要があります。この後については、（技術の）変わり目にあるとしても、（ヘアトラップ法は）今後 4~5 年の間は生き続けると思うので、あと 1~2 年は研究を続けるのは重要だと思います。ただし、そこで何をやるかはもう少し具体的に決めていかないといけない。一方、生態学的なアプローチとは別な話として、玉手さんなどが中心となって、野生動物 DNA の大きなプロジェクトを作り、日本産の鳥類や哺乳類貴重種という切り口でやってみたり、ハプロタイプの分布の切り口であったり、あ

るいはどのサンプルのどこの部分を系統的にとっていくのかといったところやサンプルの管理といった問題だったり、あるいは玉手さんが今回出しているような Ne がどうなのかといった格好で、別個（研究課題を）出してもらうことはやったらよいと考えます。

代替法の方では、東出君が頑張っています。今回はオスメスを遺伝子で分けるということなのでここを売りにしていったらいいと考えます。野外での（クマ類の）性比を、ヘアトラップデータから見て言うことは大事だと思う。また、これはモデルを作る時に重要な話だと思います。代替法で言うと 170cm くらいの個体もうろうろしていたけれど、これもまた重要だと思う。DNA で年齢査定までできると面白いと思う。例えばカメラトラップで一定のアダルトの数だけを推定するというアプローチは結構有効だと思う。それは総個体数の上で有効個体数を調べるという意味でも重要です。立ち上がるやつで、（体長）サイズを判断できれば面白いと思う。

もう 1 点は、いまのところハチミツやリンゴの餌を使っていますが、将来的にはハチの音などでひきつけて、何の餌も使わずに取れる方法がないかチャレンジしてみること考えられます。

米田：さっきのデータベースの話は、昨年、食痕個体のデータベースの話があったものからそれも入れて話をしました。代替法のところで補足の話はありますか。

青井：いくつか問題があるかと思うが、カメラトラップというのは、一度カメラを買っておけばだれがやってもかけられるという点では非常に有効だと思う。しかも、高密度でかけられる可能性がある。というのは、岩手でテレメトリーの調査をしているが、メスの行動圏は 2 km 四方程度なので、今回の低密度地域だとちょうど 2km 四方に 1 基なので、この中で完結してしまう可能性があって、いくつかのトラップにかかるということが今のデザインだとメスは期待しにくい所がある。そういうのをカメラトラップでかけられるので、その部分の補完ができる気がしている。ただ、今回も話があったが撮影する範囲で斑紋が飼育個体で写せるようなきれいな斑紋と、例えば左腕だけ挙げた場合とか野外では色々な場合があると思うが、個体の典型的な斑紋だけを写せる技術がまだ未開発なので、その辺が今回の大きなテーマの一つだと思う。このため、立ち上がり方では、大きく両手を上げる立ち上がり方を考える必要がると思う。

米田：堀野さんお願いします。

堀野：モデルに関しては、実際のデータが全くないので、今のところデータが来た際に入れるものを作っているという段階でやっています。データが出てくるのが楽しみだと言っておきます。一つ細かい話をすると、拡散直線を使った方法は昆虫ではうまくいくかと思うが、クマの場合ちょっと違うところがあるのではないかと思う。昆虫はたくさん捕まって 1 箇所を離せるが、クマの場合は行動圏を持っている。それでたまたま行動圏の中に設置されたトラップに行動圏の中を行動している間に捕まったとして、そこは行動圏の中のどこかわからないし、それぞれトラップ毎にしても違う。それから昆虫の場合だと本当に捕まった場所から放されて拡散していくが、クマの場合は、我々は捕獲とかトラップとか言っているが実際にはクマを捕まえているわけではない。つまり毛を取ったところから拡散直線にしたがって次の位置が決まってくるというのではないのではないかと疑問に思いました。

山村：拡散曲線は一つの近似として提案しました。

堀野：深澤さんとも相談してみます。

米田：オブザーバーの方、何かありますか。

斉藤：今回は親子の関係はあえて考慮しないということになるのでしょうか。

玉手：おそらくデータ解析の段階では、血縁解析をやることになると思う。そのデータも含めて解析に入れていったらいいのではないかと思う。

米田：太田さんには、松田さんや深澤さんと一緒にやっていますが、何かコメントはありますか

太田：前は均一に配置した場合と均一に配置していない場合を比較していたが、今回はそういうのは無いのか。

深澤：均一に配置するよりも、1 個体が複数のトラップにかかるという方が大事で、そういう意味では均一に配置することはむしろいい実験計画ではない。昨年度、感づいてはいたが皆さんに見せながらやった方が説得力があると考え、昨年度は（均一配置と非均一配置の比較を）行った。このため、今後は均一配置については考えなくてもいいと思っていたが、その点についてはまた今度議論したい。

常田：不均一トラップというのは、理論的には色々課題があると思うが、現場の問題として、実質的にクマを対象とした場合（均一トラップは一は）不可能である。現場では使えない。

米田：最後にアドバイザーの方から、今後の進め方についてまとめのコメントをいただきたい。

大井：生息数の推定の必要性については研究方面からも、社会的な方面からも高いニーズがある。多くのクマが捕獲されている一方、野生で実際のクマの数がどうなっているのかわからない状況があります。それに対して、ヘアトラップ（による生息数推定）がよいのではないかとということで各自治体が飛びついてやり始めた。しかし、その技術的な検討がまだ十分なされていない。私もいくつかの県の調査にかかわってきましたが、そここのところの技術的に不十分で出てくる結果も当然十分に消化できないものとなっています。そのような調査が多く、忸怩たる思いをしていました。そういう点で、推定法の色々な点を点検しながら各自治体が見えるようなものにしていこうとする出発点という意義は明確にあると思います。その点は自信を持ってやっていけばいいと思う。技術的には、どういうサンプリングをして、どういうモデルで行うのかというのが一番大きな問題であり、この問題に対してはモデルである程度解決の見込みが見えているので、その部分を中間評価で打ち出して、あと実際にトラップをかけてこれだけデータが取れたというところを見せてくれれば、私なら 80 点は付ける。

三浦：それで来年中間評価を受けるならいいが今年だ。

大井：おそらくやむを得ない。始まった時期が色々な予算の都合があるので。もう堂々とやったことを言うしかない。細かいことに行くが、分析成功率が高くなる時期の判定をしているが、別の地域だと別の時期が良くなると結果が出ているところもある。この研究で最適とした時期がなぜそうなるのかという、環境の部分、クマの生理などとの関係についての解明も、将来の課題かもしれないが、必要かと思う。

間野：今回の研究課題としてその部分も入っています。

大井：あと、分析成功率に関しては、体毛を採集した時の遺伝子の劣化という問題があると思うが、採集地点の環境との対応もあるのかと考えます。もう一つは、一番最初

に質問したが、トラップの設置に対して地権者が同意してくれない場合がある。それには安全性の問題があげられる。その部分について、ある程度誘因効果があると思うが、10 回来るところ 11 回来るように 1 回増えるくらいだという科学的なデータで説得できるようなものが研究の中で出てくれば良いと思う。

山村：モデル班がもっと他の班とリンクしてよいのではないかと思った。データが上がってきたらすぐ計算し、このデータじゃまずいというのをやった方が良い。データがそろってからでは遅い。DNA の結果が来て解析し、ダメな点はすぐにフィードバックした方がよい。そういう話が今回無かった。

間野：むしろ、その辺のところを 3 年目にもう 1 回というので、今年とったデータでモデル班でやってみる。

山村：それじゃ遅いと思う。

間野：今年の中でもやってみると。

山村：要所要所でやった方がよい。

堀野：ちょっと気になったところだが、深澤さんが実際に計算してくれる際に計算にもすごい時間がかかっている。その時間を短くする工夫が必要だと思う。そういうことをしないと今おっしゃった様な事も難しい。膨大な計算には違いないが、もう少し効率のいい方法がないかと思う。

深澤：階層ベイズは時間がかかるので、すぐに意思決定をすることには向いてない。データの分析が終わったらすぐにこちらにもらい、現場からくる情報と DNA 班を經由して出てくるデータをすぐにいただく。ただし、そこで解析するというよりはデータをよく見て、基礎的な採集率などを計算してまともな数採れているかを見るくらいかと考えます。

山村：こういうデータでは困るというのをいった方がよい。どんなデータが出るかわからないので、そういうデータが出たら怖い。

深澤：まず心配しなければいけないのが、サンプルが取れないというのが避けなければいけない問題で、もう一つが 1 箇所ですら固まってしか取れないとか基本的にはその 2 点だと思う。その 2 点に気をつけてみていくということで、あとはデータが上がってきからの事後的な対応しかできないと思う。

間野：要はデータの取れ具合ということか。DNA 分析は 7 月に第 1 段が始まってその後準じしていくという形です。

山村：こういうデータが欲しかったというのではもう遅いと思う。

米田：最後に今年の予定です。現地検討会をできれば 7 月のトラップ調査をやっている時期に行きたい。それから 8 月 3 日に中間評価実施ということで連絡いただいています。あと大きなところでは、9 月の下旬に岐阜で、哺乳類学会と保全生物学会の合同学会が予定されています。

近藤：哺乳類学会は 9 月 17～21 日の予定です。

米田：例年は 10～11 月にあるが、10 月は名古屋で COP10 があるため早まったのかと考えます。順調にいけば 1 月に来年度の予算請求があります。そして、2 月にまとめのアドバイザリーボード会合を予定しています。今のところはこれぐらいのことしか言えないが、ヘアトラップ調査では 8 月いっぱいまで全力を傾ける。そして DNA 分析の方へ 1 セッションごとに送るので 7 月から DNA 分析をお願いする。結果が出るのは、今年いっぱいぐらいを予定している。代替法・補完法では、ヘアトラップ調査と重

ねて 8 月まで調査を予定します。ただし、これは延長調査があるかもしれません。モデル班の方は、データが出て来次第、随時解析してもらおう。

玉手：第 1 セッション開始は 6 月 20 日からということなので、第 1 セッションが終わるのは 6 月 30 日、それから試料が DNA 班につくのは 7 月の下旬となるのか。

米田：そのように考えています。細かなところはまたメール等で相談しますが、年度スケジュールとしてはこういうことで進めたい。今年はヘアトラップ班で試料を採りまくる、そして DNA 班には分析してしまうという、どちらかというところの方になってしまうが、モデル班の方は随時モデルの改良していただくという方針で進めたいと思うがよろしいか。

間野：できれば現地視察はウィークデイ以外にしてほしい。あと、なるべく早く予定を決めてほしい。

米田：プログラムオフィサーの方、何か伝達事項はあるか。

志水：特別、先ほど話したこと以外は無いが、これはお願いで、報告書をいただいて読んでいるがそれに学会発表とか成果が載っている。できれば成果については論文にしていきたい。

原口：論文発表の際には謝辞をお忘れなく。（推進費による）謝辞が書かれていないものは成果と認められないので、くれぐれもよろしく願います。

米田：本日はありがとうございました。それではこれで終了します。

16 : 30 終了