

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 2 回アドバイザーリーボード会合
議事録（詳細版）

- 開催日時：2011 年 2 月 22 日（火）：13 時～17 時
- 場所：上野ターミナルホテル会議室（東京都台東区東上野 2-21-11）
- 議事次第
 1. 開会
 2. 研究計画と進捗状況報告
 - (1) 全体概要
 - (2) サブテーマ別報告および討議
 - 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) 平成 23 年度研究計画
 - (4) 総合討議
 - (5) その他
 3. 閉会
- 出席者：(23 名)
 - アドバイザー
 - 梶 光一、山村 光司、(大井 徹：欠席)
 - 分担研究者
 - ヘア・トラップ班： 米田 政明、常田 邦彦、間野 勉
 - DNA 分析班： 玉手 英利、釣賀 一二三、山内 貴義、湯浅 卓、近藤 麻実
 - 補完法・代替法班： 三浦 慎悟、青井 俊樹
 - 個体群モデル班： 松田 裕之(欠席：代理 太田海香)、堀野 眞一
 - ポスドク・院生フェロー
 - 鵜野 レイナ、東出 大志
 - 環境研究総合推進費プログラム・オフィサー
 - 志水 俊夫（国際環境協会）
 - オブザーバ
 - 齋藤 正恵（東京農工大学）
 - 自然研関係者
 - 大塚 柳太郎、黒崎 敏文、藤田 昌弘、深澤 圭太、高橋聖生

午後 1:00 議事開始

<あいさつ>

米田：それでは始めます。

- 初めの予定では全員参加可能とのことでしたが、アドバイザーの大井さんは、その後入った海外出張のため欠席です、梶さんは大学の用事で遅れます。研究分担者では、松田さんは欠席で代理として大学院の太田さんがいらっしゃっています。それ以外の方はおそろいですので会議を始めます。
- 出席者の紹介は、チーム同士はご存じだと思いますし、名札も出していますので省略します。前回第1回の会合のときには近藤さんは院生フェローでしたが、北海道立総合研究機構に就職しました。

近藤：元岐阜大学の近藤麻実です。1月から北海道立総合研究機構環境科学センターに就職しました。よろしくお願いします。

米田：構成員としては代わりませんが、近藤さんはフェローではなく北海道の分担研究者として今後、参加していただきます。

米田：本日は議事次第にあるとおり、今年度の4つのサブテーマについて研究経過報告をしていきます。

- 今年度は2年目です、3年計画ですので来年度もう1年あります。最終年度に向けて何をするかという研究計画の検討を行います。
- 時間配分ですが、3時までは研究経過、3時半までに今年度の討議、5時までが研究計画、全体の討論です。このため、各サブテーマの方の発表は30分ぐらいを予定します。
- 普段は自然研の会議室で行いますが、別会議が入っていたので上野ターミナルホテルになりました。

研究班全体の報告

(資料とスライド)

米田：では最初に私が概要と全体のレビューを行います。

- 研究概要としては改めて言うこともないと思いますが、我々のミッションとしてはクマ類の計画的な保護管理の推進、目的としてはクマ類の個体数推定法の開発、これに関して海外では先行研究も多く行われていますが、キーワードとしては日本のランドスケールに合わせた方法の検討です。
- そして4つのサブテーマを設定しました。その中でヘア・トラップ法を重点的に扱っています。ヘア・トラップ法の利点をあげると、有刺鉄線で簡単に設置できること、この表現がいかどうかは分からないが、単位面積あたりの個体検出率が高いこと、非侵襲的な方法であることです。

- 一方、課題としては、標準法の開発として、DNA の分析に関しては、経費、労力などのコストの問題をどう解決していくかがこの計画の背景です。これまでも国内でヘア・トラップ調査は行われていますが、方法が小規模であったりだとか、手法がまちまちだったりするという問題がありました。推定数と調査効率を高めるために、今回、推進費を使って大規模な調査、手順の見直し、標準化を行っています。
- 年次計画では、一昨年、規模を拡大した大面積ヘア・トラップ調査を行う、DNA 分析を確立する、空間明示モデルを開発する、個体識別を開発する、これらの方法をプラットフォームとして提供する、というところから始まり、今年度に現地大規模調査を行い、DNA 分析を行い、個体密度の推定まで行いました。
- 今年度の作業日程です。北上山地で大面積のヘア・トラップ調査、6 月の第一回アドバイザー会議、現地説明会、そして本日のアドバイザー会議を行いました。来年度はややヒグマにシフトしつつ研究開発していく計画です。
- 以上、研究班全体のまとめとして、よろしいでしょうか？

一同：特になし

ヘア・トラップ班の報告

(資料とスライド)

米田：特にならなければ、最初にヘア・トラップ班のほうから報告いたします。

- 資料はすでにウェブにアップしたものを各自お持ちだと思います。まだドラフトですので、すべて印刷すると無駄になりますし、電子データのほうがよい方もいると思いますので印刷はしていません。ヘア・トラップ班の報告書は、(i)トラップ設置作業、(ii)体毛試料採集状況、(iii)DNA 識別個体の捕獲個体の空間配置、という 3 つのレポート及び(iv)トラップ設置・試料採取マニュアル、を用意しております。
- 今回の調査は日本のランドスケープに合わせたヘア・トラップ法の開発を目的としています。モデル調査地は岩手県北上山地の青松葉山周辺で標高 300m から 1300m です。写真のように起伏のある地形で中央に大川があります。
- ヘア・トラップ班の作業の流れとして、最初に候補地選定、地権者の合意とりつけを行いました。その際、何人かはトラップ設置を嫌だという人がいました。一昨年の候補地は 262 カ所だったのですが、いくつかの地点では合意がとれなかったのが 245 基となりました。そしてトラップ設置、試料採集、トラップ撤収の一連の作業を行いました。初めの計画では、高密度と低密度のトラップ区分を明確にわけた配置にする予定だったのですが、地形の関係もあり実際には等間隔ではおけませんでした。このように完全な均等配置にはなっていません。周辺が低密度、中心に高密度の配置をしました。高密度が 105 基、低密度が 140 基あります。
- のべ作業量ですが、245 基のトラップ設置で 5-km 近い有刺鉄線を、蜂蜜は 162L 使いました。有刺鉄線は撤収後、産廃として処理しました。第 1 セッションは 6 月 20 日に始め、10 日間隔で 6 セッション調査を実施しました。(スライドを指して)これが標準的なトラップの写真と構造です。

- 今後、この調査法を使うとしたら、どれだけ作業人日が掛かるのか参考までに提示します。トラップ設置で 3.8 基/日人です。およそ 8-9 トラップを 1 日で回ります。車の総走行距離ですが、4 台でのべ 26,600km くらい走りました。一日 1 台あたり 120 km くらいの走行距離になりました。
- トラップの設置、試料の保存方法などがこの資料（トラップの設置・見回り・試料回収作業の手引き）に書いてあります。これは昨年 6 月のものとほぼ同じです。細かい記録のことは 1 回目の会議で紹介したので割愛します。
- 245 基 6 セッションでどれだけ試料が採集されたのかという説明に入ります。問題は 1 トラップの複数のクマの体毛が掛かっていることです。採取試料総数はすべての棘を分けて採集しています。ただし、クマが来たか来ないかということで、判断して、1 つでも試料があったトラップを試料採集ありとしました。試料採集ありのトラップは、のべ 1470 基のトラップに対して、339 基のトラップで試料採集がありました。セッション間で試料採集がどう変わったのかというところ（スライドと資料）。全体の傾向としては後半のセッションのほうが試料採集が多かったです。後半というのは 8 月くらいです。簡易な有意検定ではセッション間で有意差がでました。6 セッション調査なので採集は最大で 6 回ですが頻度分布はきれいになっています。
- 試料採集があったトラップは、全体としては調査地の左上で多くありました。調査地域は、4 チームありましたので、便宜的に 4 地域に分けました。どのようなところで捕れるかというところ、解析してみましたが高標とも植生とも関係ありません。ただし、調査地の北西と南西で多く試料が採取されたという傾向がありました。体毛試料は、調査地の中のどこでも均一に採取できるということではないということがお分かりいただけると思います。
- さて、我々の調査が世界と比べて、また国内のその他の調査と比べてどうかというと、試料採集総数としては、これまでの国内の先行研究と比べて 2 桁ほど多い値となっています。1 棘 1 サンプルとするか、そうでないかなどの違いがあり、単純比較はできませんが、2010 年 12 月末の分析成功試料数も 267 と国内では最大です。また検出個体数も国内で最大です。ロビンソンはアラスカでやっていますが、それらのデータ量を超えることができました。北上の事例が、これまで世界の事例のなかでどういう立ち位置にあるかということを紹介しました。
- 空間配置は、まだ最終的な DNA 解析結果が出ていませんので暫定値です。メスのほうが多かったというのも暫定です。後ほど DNA 班から説明があります。
- （スライド 26 枚目）表を見て分かる通り、識別個体数は頭打ちになればいいのですが、セッションを重ねるごとにどんどん増えています。ただし、新規識別個体は徐々に減っています。捕獲数にメスが多いという結果です。
- （スライド 27 枚目）識別個体の地域差・標高差トラップ密度差です。識別個体と呼ぶか、ジェノタイプと呼ぶか迷っています。識別個体は西側の北西と南西で多いです。試料採集数が多いので当然とも言えますが。
- （スライド 29 枚目）複数個体のトラップ間移動の図です。モデル班からも出てくると思いますが。再捕獲があったところで最大移動距離を GIS で見てみました。最大は 11km でした。

だいたい 6km 以内でおさまっています。オスとメスの移動距離の差はあまりありませんでした。

- 最後は 1 トラップ 1 サンプルか 1 棘 1 サンプルかということです、後ほど議論したいと思います。以上です。

米田：トラップ班のまとめです。

- トラップの構造は始めの時期に議論がいろいろありました。ツキノワグマを対象とした場合、2010 年度北上モデル調査地での経験からは、基本的には 1 段張りで高さ 45cm、内部の対角線にも有刺鉄線を張ると言うことで問題はないのかと思います。
- それに密度ですが 1km²に 1 基か 4km²に 1 基でいいかです。モデル班との相談が必要ですが、ツキノワグマでは 4km²に 1 基でもいいのではないかとの印象を持ちました。
- 試料採集の方法の詳細に関しては、後ほどさらに議論したいと思います。乾燥させて情報を間違いなく DNA 班に渡せば問題ないと思います。

米田：以上です。討議がありましたら。

間野：対角線だけでとれた事例はあったか。

高橋：対角線だけでしか捕れなかったことはほとんどなく、辺と対角線で検定を試みたがとれ方に差はないということと、むしろ辺のほうが捕れたはずです。

間野：そのときに対角線の実際のとれ方に差が無かったら、(対角線の有刺鉄線を省略すれば)節約になるので、それは今でなくてもいいが今後、検討したほうがいい。

大塚：夏は野生のエサがあった？

米田：8 月によく捕れたのは、クマにとって夏はエサが少ないからと考えられます。また、試料採取数の傾向からは、9 月以降も捕れそうですが、一昨年の岩手大学演習林における DNA 調査の結果、分析成功率が良くないとの報告がありますので 9 月以降は避けております。

米田：ヘア・トラップ班のほうはこれで終わります。

DNA 班の報告

(スライドと配布資料)

玉手：DNA のほうはなかなか確定値を出すのが難しいです。2071 サンプルを 4 機関に分けて分析しました。

- 分析対象 Allele はこうです。
- ミスマッチを機関ごとにどう分析するか相談したところ、1 つのミスマッチと 2 つのミスマ

ッチは、それぞれの機関でチェックをしなくてははいけないとしました。

- 今回は研究ということなので、できるだけ真の値に近いものが欲しい。ミスマッチをいかに無くしていくかということですが、1つの機関でデータが出そろうまで、ぐるぐるとまわしていくという方法です(資料 2p)
- 1 遺伝子座のミスマッチの場合は PCR からやり直します。そのチェックをやったもので時間がかかっています。まず1トラップでは必ず1サンプルやるということでした。11月末に泊まり込みでミスマッチの検討をしました。その結果が12月にお送りしたデータです。270で成功、73で失敗、その他は未分析です。分析成功率は79.6%の成功率は高いです。これは現場の人が注意深くサンプルを扱ってくれたからかもしれません。
- 2 ミスマッチが33、1 ミスマッチが95でした。それらをもう一度分析し直した結果、3個体多すぎました。つまり176個体から173個体になったということです。
- 第1セッションだけは全試料259を分析しました。分析成功率は71%でしたがこれでも高い値です。その結果68個体が識別できました。まだミスマッチを調べていませんが、第1セッションは最低でも50個体、ミスマッチを調べたら減るとは思いますが、最大で68個体識別ということになるかもしれません。1セッション・トラップあたり何個体来ているだろうかというところですが、ほとんどが1個体ですが、最大7個体来ています。これはたぶん過剰です。何かのミスです。1度に捕れた毛の数も影響があります。毛が大量に入っているのが全体の4割くらいです。10本以上ですと成功率は非常に高いです。1本ですと60%くらいです。こういうのを見て全セッションの10本以上をやろうという話になりました。
- 1月までの解析結果では識別個体数は215となりました。ミスマッチの分析を繰り返しているため、ミスマッチをチェックして確定値を出すのは年度内は難しいとの見解です。
- 現在までで252個体識別していますが、ミスマッチチェックをしますので少し減ると思います。
- 未分析をやるのにもう少し時間が掛かりそうです。
- また、GENECAPからの先は自動化されていないことも時間がかかる原因です。
- 識別した個体にIDをつけるかどうかですが、まだ個体IDを付けていません。お渡ししたデータは試料番号がついていて、同じ個体だったら試料番号の最初のものがついています。まだミスマッチがあるかもしれないし、DNA班とヘア・トラップ班で相談して共有プラットフォームを作らなくてははいけない。ミスマッチの検討というのはいつまでやっても答えがでるものではない。その地域にどのようなアレルがあるかどうか、そういうものや、GENECAPの使いやすいソフトの開発なども課題だと思っています。

玉手：では近藤さんお願いします。

近藤：私からは今年度ヒグマで行ったヘア・トラップ調査、昨年度岩手でやったものの分析の成功率や採集効率の季節性、そういうものについて今年度ヒグマでやったものについて検討してみましたので報告したいと思います。

- まず調査地ですが、札幌市の南側にあります定山溪というところで行いました。面積はトラ

ップの最外殻を結んで約 250km²。調査期間は 7 月下旬から 10 月まで 3 ヶ月間。10 日に 1 回の見回りで 8 セッション行っています。トラップの設置数ですが、1 から 5 セッションまでは赤色で示したもの（資料 2p）にトラップを設置しました。それ以降は規模を縮小して黄色で示したものです。

- 結果ですが、トラップに毛が残されていたものをクマに利用されたものとみなして、何カ所のトラップがクマに利用されたかというのをセッションごとに分析してみました。5 セッション目までは全部のトラップ数は 35 基で 6-8 セッションに関しては 15 なので単純に比較はできませんでしたが、一番多くて 7 月下旬の 7 カ所の利用でした。8 月上旬から中旬の第 3 セッションが 35 基設置したなかで 2 カ所しか利用されておらず、全体として少ないトラップ利用でした。このため、季節変動としては追い切れませんでした。
- 表は 5 セッションまでの結果ですが(資料 4p)、毛根があって分析に使えた数です。有刺鉄線の棘にかかっていた毛はすべて別の封筒に入れたのでその封筒の数をここに示しています。毛根があったものは分析に使っているのですが、封筒の中の毛、すべてに毛根が無かったものは分析に使うことができません。分析に使えた数と使えなかった数をここに示しています例えば第 1 セッションですと半分くらいの封筒が分析に使えませでした。ただし、どのセッションが多いかは傾向としてはなかったように見えます。
- 5 セッション目までの毛根があった部分の分析結果ですが、図 4 と図 5 が逆です(資料 4p 下)。パワーポイントの図の方は合っています。これは分析成功率の表です。最大 10 本になるようにしていますが、ひとつの解析に 1-6 本の毛を使ったサンプルの分析結果です。図の薄い色がついている部分が分析に失敗で、白い部分が成功です。7-10 本の方が成功率が高かったです。ただ本数が多かったものでも 3 セッション目以降に失敗が出だしました。本数が少なかったものに関しては元々分析成功率は良くなかったのですが、分析に失敗する数がどんどん増えていくといった結果でした。ただし、ツキノワグマでやったときと比べてサンプル数が少ないので率としては出していません。
- 今後より多くのサンプルを集めて精査していかないといけなというところで、今年の調査としては終わりです。

間野：ツキノワと比べるとヒグマはレンジが広いのでトラップを粗においているのだが、やはり努力量の割になかなか試料が採れない。

近藤：クマの生息密度も違うので毛が採れる確率というか効率も低い。

釣賀：これまでの識別数が 14 個体ですか？

近藤：はい。

釣賀：それしか出ていないので、35 基で・・・

米田：ヒグマでは毛根が採れにくいのですか？

釣賀：それは数が少ないので検討まではできない。

近藤：調査していた感じだと、1 棘についてくる毛の本数自体少なかったです。それは、道南ではそうでもないのですが、何が原因かは分かりません。そもそも封筒に入っている本数自体少ないので、その少ない毛が使えないと分析できないという結果だった。

玉手：それで、相談したいことは、今のペースで行くとおそらく今、10 本以上のサンプルについては、一応確定しております。ただし、ミスマッチの試料に関して、再分析を繰り返しているため、年度内で 2071 全サンプルについてミスマッチを確定してヘア・トラップ班、解析班にお渡しするのは難しい。そうすると全サンプルについて一度に結果を返すのは不可能なので、2 回に分けてデータをお渡しすることをご了承いただきたい。10 本以上のサンプルについて、申し訳ないのですが、来年度に入って全サンプルのデータをお渡しするという形にしたい。

米田：10 本以上というのは今日のところで出ているデータですね。

玉手：そのとおり。ただミスマッチというのは必ず集まって今日お見せしたような（資料 9p）プロファイルで確認をする。それでチェックした上で、特にヘテロとホモ個体というのがありますが、それについてはもう一回やり直す。ですからもう一回実験という作業をやらなくてははいけない。ミーティングをやったあとで、もう一回実験という手順になる。また集まろうかと思っている。

米田：今年度の報告は 10 本以上のものについて、暫定でいいので確定値というものをあと 1 週間くらいでほしい。

玉手、湯浅：一番最後に出した数字はオーバーエスティメイトしている。そういうのでいいのならば、とりあえずの確定値は出せる。暫定でいいのなら可能。

湯浅：照合してから持ち帰って実験ですので 1 週間というのは少し無理かもしれないが、暫定の結果でしかお渡しできない。

米田：ヘア・トラップ班の方は初歩的な分析なのであまり問題ないが、モデル班のほうではいかがか。3 月中旬には原稿を渡さないといけない。

深澤：これから新しいサンプルが来て解析だときりぎりか間に合わないと思う。今回いただいたデータは 1 月のものですね。それではまずいというのでは、今回はやってみますが、いざというときの対処も考えた方がいい。

玉手：1月での暫定値でいいのではないかと。どちらにしろ、もう2段階でデータをお渡しするので2度手間になる。

米田：暫定値で結構です。今年度はミスマッチの検討までは終わらない。それなら大丈夫ですか？

玉手：分担サンプルを全部処理しているチームもありますからそれは可能だと思います。ただ、いずれにしろ真の値は分からない。最後までミスマッチは残ります。1回検討してそれでもミスマッチが残ったものは真の個体だと暫定的に判断する。そういうことですね。

米田：DNA分析におけるミスマッチの照合、再分析作業をどこまで詰めるかの課題はありますが、ここでDNA班のこれまでの研究進展状況を確認しておきたいと考えます。DNAの解析の手法として、Pidの低い6遺伝子座を選び、性判別を行う手法を一昨年確立しました。DNAの手法としてはツキノワグマの方は確立したと考えます。ヒグマのはいかがでしょうか？

釣賀：手法的にはまだそこまでやっていないです。去年暫定でご報告したのですが、今年はそれ以上はツキノワの解析がありますのでまだやっておりません。来年度に完成ということです。私の分析ではわかっている遺伝子座の中でベストのものを使った。

米田：ヒグマについては来年度研究に組み込んでいます。DNA班のほうでは、ツキノワグマに関して、今後細かな違いが出てくるかもしれないが、PCRのプロトコルも基本的にはできていると考えます。ただし、分析後の遺伝子タイプ照合において、GENECAPは自動ですべてをやってくれるわけではなく、いくつか手作業がある、ということですか。

玉手：科研費なので、技術開発という点では、マッチングまでは出てくるのですが、そこから元のサンプルデータの方に自動的にそのデータを持って行く、リンクするそういうプログラムを作りたい。EXCELのマクロでもできそうな感じだが、毎日分析作業のため毛根を切っているとそこまでいかない。GENECAPですが、このサンプルとこのサンプルは同一だったというのは出てきますけど、今度はそこから個体番号を振ったり、元に戻すという機能が欲しい。

米田：元に戻すと、DNAを個体識別指標としているため、どうしてもマイクロサテライトで1とか2塩基の違いをどこまで埋めるかという問題が出てくる。

梶：素人なのですがミスマッチというのはどうしても出てくる、最後までミスマッチを埋めるかというところ、1回やればこの程度はできているというところを見極めるというところか。

玉手：そのとおり。

玉手：前回の会議ではコストダウンのことを言われたのでファスラックという業者に外注に見積もり出してもらったが、割に合わない。マッチングはやってくれない。現状では外注は困難です。

米田：DNA 班の討議はここまでにして、次ぎに代替法班、東出さんお願いします。

代替法班説明

(スライド及び資料)

東出：代替法の報告をします。代替法班ではカメラトラップでの個体数推定法の確立を目指して行っています。

- カメラトラップで個体数推定するには 3 段階あり、撮影すること、画像から個体識別すること、識別した結果から個体数推定すること、これが一連の過程です。ツキノワグマにおいてこの方法について検討する課題について、まず、ステップ 2、個体識別についてはどのように個体識別したらよいのか、この識別に用いる画像をどのように撮影したらよいのか、このような検討を行いました。
- まず始めに、どうやって個体識別をするのかということについて、ツキノワグマの斑紋による個体識別有効性の検討を行いました。今回用いた識別の手法ですが、生態標識という識別法を用いました。この例は、トラ、オセロットなどの例を出しましたが、体の模様などから個体を識別するという手法です。生態標識は、たとえば人間の指紋なども似たようなものにとらえることができると思うのですが、このような生態標識が持っていなければならない特徴として、普遍性、唯一性、継続性、汎用性というものがが必要です。普遍性というのは誰もが持っている特徴であること、唯一性というのは本人以外は同じ特徴を持たないこと、継続性というのは時間とともに変化しないこと、ツキノワ識別ではこれら 3 つをもちあわせている必要があると考えられます。これに加え、実際に利用するとき、目視で識別することがほとんどだと思いますが、その精度がどの程度であるかを知る必要がありますので、最後に汎用性と書きましたが、これについては簡便性の検証を行いました。
- その方法です。こちらの 2 つのクマ牧場で写真の撮影を行ってのべ 98 個体を撮影しました。阿仁では 62 個体、奥飛騨では 36 個体、それぞれこれらの時期に、阿仁では 4 回奥飛騨では 2 回行いました。98 個体について全ての個体について普遍性の検討を行いました。普遍性の検討にその全てを用いました。唯一性と永続性については、奥飛騨で撮影されたもののうち、唯一性は 18 個体、阿仁で撮影された 62 個体のうち正面から撮影できた 52 個体で、永続性については 2009 年の夏、2010 年の春、2010 年の夏の 3 シーズンに渡り、継続的に撮影を行うことができた 18 個体を解析に使いました。汎用性についてはブラインドテストを行ったのですが、その期間までに撮影された 71 個体を用いました。画像解析についてですが、すべての写真で同じ範囲で切り取ってくる必要があります。そこで、縦軸を決定します。これと垂直になるように横軸を決定するのですが、頸部のくびれ、毛の生え際を参考に横軸を決定します。この横軸の部分の幅を 1 としたときに上方向に 0.2 下方向に 0.7 とったこの画像を正規化した画像として用います。このエリアを横 400 ピクセル縦 700 ピクセルの画像とし、ここから正規化、ノイズの除去をし、斑紋の領域だけを抽出します。これを比較画像 1 とします。

これはどの写真からもサイズ、位置の情報を除き、形状だけを抽出した画像を作ります。これらの比較画像を用いて、面積、位置、傾き形状について検討しました。面積は黒い部分のピクセル数、傾き、位置は黒い部分の重心の xy 座標、形状は斑紋の輪郭線を構成する各ピクセルの xy 座標です。これらの 4 項目の比較から唯一性を調べました。

- ブラインドテストについては（哺乳類）学会の時に発表しましたが、これらの方々には左右 2 枚の画像を見比べて同じ個体か違う個体かを判定していただき、その成功率をみました。結果に移ります、普遍性ですが 62 個体のうち斑紋の発現が見られたのが 59 個体で 95%、奥飛騨は 36 個体のうち 35 個体で 97%、全体として 96%の個体で斑紋が認められました。一部斑紋が無い個体がありますが、おおむね普遍性があります。
- 唯一性ですが、こちらがサイズ、位置、傾き形状をそれぞれ比較したもので、横軸が 2 画像間の違いの大きさで右にいくほど差が大きいことを示しています。緑色のものが異なる個体間の差の値で黒が同一個体から比較、灰色が同一日の同じ個体の別写真の比較です。これをみると分かるのですが、異なる個体では差が大きく分布しています。同じ個体を比較した場合には差は少ない。同一写真による差、画像処理誤差、撮影時の誤差、その最大値よりも大きければ個体間の差であると言えます。ただし、同一個体から撮影した写真の重複度がかなり少ない結果が出ました。本来であれば、同一個体からの写真は全く同じ写真になるはずですが、抽出の過程において私の手でやっているの、どうしても誤差が出てします。その検討のために同一写真から抽出したものを使って画像処理の誤差としてとらえることができます。今回の誤差は上記の画像処理の誤差+撮影時の体制の変化による差の和であると考えられると思います。異個体間の差というのは同一個体間の差の最大値よりも大きいと考えることができ、それ以上のもの同士は異個体ということができます。異個体間の差が大きいのので Pid は低いと言えます。
- 永続性についてですが、図の右側にいくほど日数は変化していくとみてください。形状についてだけ季節間で変化があるという結果となりました。例えばこういう個体があったのですが、2009 年の 8 月と 2010 年の 5 月を見てもここに白い斑紋があったのが 2010 年にはなくなってしまっています。サイズ、位置、傾きに影響を与えるほどの変化ではなかったのですが、形状だけで抽出されました。このような変化が生じるのですが、冬の期間に変化するのではないかと考えています。ただし、全ての個体で変化するわけではないので個体識別に影響を与えるものではないと考えています。また、調査期間は短期間なので問題はないと思うが、今後長期間の撮影をしたいと思います。
- 汎用性についてですが、正面で撮影されたもの、角度に変化が生じたもの、クマの姿勢に変化があるものの 3 パターンについて検討を行ったのですが、正面からきれいに斑紋が撮影されている場合には識別率はかなり高く平均で 95%、中央値では 100%ですので 50%以上の人が正面から撮影されていた場合には個体識別できることが分かりました。ただし、画像の角度や姿勢に変化があると、このように識別率は低下していきます。目視による識別は、角度に変化があると識別率が下がるので安定的に撮影する必要があります。
- このように目視による識別が可能であることが分かりました。まとめとしては永続性についてはもう少し長期間での検討の必要があることです。

- こちらが今年度のメインなのですがカメラトラップによるツキノワグマ斑紋の安定的な撮影手法開発を行いました。生態標識を用いた個体数推定ではトラなどではヒョウ紋は体の横に現れるので容易に撮影できるのですが、ツキノワグマの場合は非常に撮影しづらい胸部に現れます。撮影には工夫が必要となります。
- そこで 2 つのタイプのカメラを考案して撮影手法の開発を行いました。調査地は大規模ヘア・トラップ調査地の一部で行っております。今回用いたカメラトラップの設計は大きくタイプ A とタイプ B の 2 つあります。タイプ A はこちらに餌がついているのですがこれを取るために立ち上がったクマをこちらから撮影するという手法です。こちらではエサをとるために木に登ったクマの斑紋を撮影するという仕組みです。全部で 6 セッション行ったのですが、4 セッション目までの結果を受けて、それぞれのカメラに少しずつ改良を加えたので 4 セッションまでのものをタイプ A1、B1、5、6 セッションの改良のほうを A2、B2 と表記します。
- 解析方法としてカメラトラップの撮影情報の整理ですが、あるトラップに個体が来たときに撮影時間が示されているのですが、連続して撮影されていることがあります。ある程度連続して撮影されているものというのは、おそらく同一個体であると判断できます。この全てで斑紋が撮影されていることが理想ではあるのですが、同一個体が複数撮影されたとしても、そのうちひとつでも斑紋が撮影されていれば、最終的に問題はないと考えられます。そこで便宜的ではありますが、30 分以内に連続して撮影された場合には同一個体による来訪であると考えて、同一のイベントとします。エサがある状況でないと斑紋は撮影できません。エサで誘引して姿勢誘導しているのでエサがあるイベントのみを抽出して、この有効イベント数で各手法を比較しました。撮影枚数についてですが、各有効イベントでどれくらい撮影されるかということで縦軸がその撮影回数となります。全体的に見ると改良前のものに比べて改良を行った後のもののほうがイベントあたりの撮影枚数が増えています。有意差はないですが、タイプ A のほうがタイプ B よりも撮影枚数が多いという結果になっています。こちらの斑紋撮影ですが、一回の有効イベントで少なくとも 1 枚、斑紋が撮影されている確率を示しています。そうするといずれもこちらの改良後の方が斑紋の撮影率は上がっていきます。改良後のものはどちらも約 9 割の確率で撮影されました。有意差はありませんがどちらかというとタイプ B のほうが斑紋撮影確率が高かったです。
- 画像の質についてですが、A ですとこのような写真で、B ですとこのような写真が撮影されます。このように斑紋全体をきれいに撮影できたものを画像の質を A とします。画像が撮影されていてもぶれていたり、歪んでいるものを B、一部しか撮影されなかったものを C としました。撮影された画像の質というのはタイプ A のほうがよかったです。B ですと体の大きさがしっかりと区別できるので、幼獣、成獣の判別が可能であることと、性判別ができるという利点があります。今回の結果では約 5 割程度性判別が可能でした。タイプ B はこのようなことが分からず全体をとらえることができないのですが、A と比べて近い距離で斑紋を撮影することができるので、斑紋の詳細な形状を把握することができるという利点もあります。
- カメラトラップの設計、現在のところクマの姿勢誘導は可能であり、高確率で斑文を撮影可能でした。
- ただ、タイプ A、タイプ B とも一長一短で今後体全体を撮影、かつ詳細に斑紋を撮影できる

ことが重要ですので、タイプ A を中心に今後、改良を加えようと思っております。カメラの位置や誘因エサの取り付け手法を考えて行きます。

東出：最後に、今回の結果から、仮ではありますが、密度推定をしてみました。

- カメラトラップでは簡単に標識再捕法個体数を推定して、その調査範囲を行動圏情報から算出して決定するという手法が現在も用いられていますが、モデル班の方に聞くと、この MMDM を用いた手法の精度はおそらく低いと次の発表で言っていたかと思いますが、今回はこれを用いて行っています。調査地はこちら地域で 20 カ所 2 セッション行いました。こちらがセッション 1 の捕獲個体、線で結んであるのは同一個体です。セッション 1 で 4、2 セッション目で 9 個体の捕獲でした。この段階でセッション 2 での再捕は 3 個体となってしまう、高い再捕率となってしまうました。ここから個体数を簡単に推定すると 12 頭なのですが、規模が小さかったのと 2 セッションしかやっていたいなかったので、かなりの過小評価になっていると思います。MMDM を用いた場合の推定密度ですが、複数捕獲個体の情報から行動圏半径を設定した場合に MMDM を用いた場合は 2732m、1/2MMDM を用いた場合は 1366m となりました。ここから調査エリアの範囲、茶色の部分が MMDM、緑が 1/2MMDM です。ここから調査面積を算出し密度推定をすると 0.08 頭 0.15 頭でありました。一般的には 1/2MMDM という値を用いるので今回の結果からは 1km^2 あたり 0.15 頭という結果でした。この値は岩手県で行ったものと比べると近い値を示している気はしますが、モデル班が今回のヘア・トラップデータから行ったものに比べると、かなり過小評価になってしまっているかなという気はします。

- 私からは以上です。

米田：あごの斑紋はどうしました？

東出：発現率 45% でしたので相補的には使えるかなというところですけど、単独では使えません。

米田：三浦さんのほうで補足説明はありますか？

三浦：補足説明というか、今年度は、斑紋の有効性というか、使えるか使えないかのテストとして、これは使えるというところまで行った。東出君が言ったように確定している。次のステップはそれを野外で、果たして斑紋パターンが野外で撮影できるかというところだった。東出は言わなかったが、動画を使うこと。これが味噌で、動画を使って全体像を撮って、それから斑紋パターンの他に顎の白い毛とかもあるし、それで野外でも使えるというのが 22 年度の結果です。最後のはまだ。来年度の課題はある程度大規模に a のほうを使いながら定量的にデータをとるところですね。かなり進捗したのではないかなと思っていますけど。

青井：予想以上に使えるということがわかってよかった。これから普遍的に使ってもらうために

は装置をいかに簡略に作っていくかが課題になっていくと思います。簡便な資材で安定してできるかどうか。

三浦：ヘア・トラップに比べたらかなり簡便。ついでに言うと、エサが蜂蜜ではなくて揮発性のやつがいいのではないか。蜂の音を出し続ける装置を作っては？地域性なんかもこれからやっていかなくはないし、ほかの県でも去年の発表を聞いてやってみたいといところも出てきているので、そういうところに手を広げていったらいい。

堀野：斑紋の分散が十分にある集団ということですね。斑文の遺伝はどれくらい調べられているのか。

東出：チーターでは遺伝的な多様性は低いのですが、斑紋の多様性は高くて個体毎に異なることが言われているから斑紋はかなり遺伝性があるというのか、クマは分かりません。

玉手：黒白の斑紋のパターンは基本的には色素細胞のメロノクラストというのが移動してそこで黒白が決まっている。実験動物ではたとえば眉間に星というのは遺伝するらしい。毛のサイクルから言って変わることはあり得るがメラノサイトを作る細胞の分布というのはほとんど変わらない。もう一点は来年度なのですが、トラップで毛も捕れないでしょうか、つまり同一性の確認をしたい。

東出：その話は後ほど。

聴衆：動画をウェブにアップして欲しい。

釣賀：エサはとれるのか。

東出：高さとしては捕れる高さにしたのですが、すぐに捕れると撮影効率がよくないので、とれにくいようにはした。ほぼ 100%捕られた。

釣賀：するとトラップハッピーになるのでは。それで再捕が増えた。できるだけ捕られないようにする。トラップハッピーになったものをどうやって補正していくかが問題。

東出：エサを取れないようにしたいが姿勢を誘導できない。三浦さんのようにエサを使わない方法もいいと思う。

米田：では次、個体数推定のモデル班お願いします。

モデル班説明

(資料)

深澤：では始めます。3段落目から、

- 有効トラップ面積はこれまでは行動圏サイズから決めていたのですが、時空間的な要因によってかなり広く変動するものです。一つの基準で決めると調査毎での違いを考慮できない。その対処として標識再捕獲法で得られた捕獲の位置情報を使って有効トラップ面積と個体密度を推定するという方法を使うことでそのあたりの問題に対処できます。ただ、その生息密度を直接的に推定する方法というのが、すでに複数提案されていまして、それらの精度評価というのはされていませんでした。
- 今後、日本においてどのような推定手法を使っていくべきかということの評価するために、今まで使われてきた最も古典的な方法である平均最大移動距離法、先ほど東出さんが使っておられた MMDM 法というものです。これと、インバースプレディクション、方法については省略しますが、デンシティー (DENSITY) というフリーソフトを使われていた方法、それから昨年度から会議などで提案させていただいている、ベイズ空間明示型標識再捕モデル、この3つの精度評価を密度規制のダミーデータと今回岩手で得られたデータ、それぞれにあてはめてみて、ダミーデータで得られたデータは真の密度が分かりますので、それがどれだけあてはまっているのかで、モデルの評価ができます。それに実際に得られたデータでもそれと同じようなバイアスの傾向があるとすれば、そのことは現地でも起こりうることでありと議論することができる。
- それを目的としてダミーデータと実際のデータの解析を行いました。ここからは方法の説明になります。まずはダミーデータをどのように生成したかということになります。一般に生物の行動は2次元のランダムウォークとして記述されます。クマの場合はそのパターンが行動圏の中に収まっているような形になることが多くて、ダミーデータの生成の際にはそれを再現する必要があります。そのアルゴリズムをここから説明します。単純なランダムウォークというのはある時点での個体の位置というのが、前の時点での個体の位置を平均とするような2次元の分布というものに従って生成するというような、そんなプロセスでできます。その次のページの上から7行目の式ですが、ここではランダムウォークモデルに行動圏の制約を組み込むことを考えました。それをどのようにやるかという、行動圏の分布というのは長期間個体が動いた時に場所ごとに従う利用頻度分布を何らかの、任意の確率分布を与えてやってですね、それかける移動距離分布というかけ算の分布、乱数を発生させることで行動圏に従うランダムウォークを作成することができます。それを模式図として説明しているのが図の1になります。白黒で見づらいのですが、正規分布が3つくらいありまして、広い分布が長期間個体が移動したときに従うような行動圏分布です。一番左端についている矢印がある時点での個体の位置です。ある時点から t_1 へ移動するときの移動距離分布というのが一番左側の薄い色の分布となります。ここで行動圏分布と移動距離分布がどのような形になるかという、真ん中のような山になります。要は行動圏の端っこにいるときは単純にランダムウォークする分布よりもかけ算の分布にすると行動圏の真ん中に寄ったような分布になります。そこから乱数を生成すると、行動圏の端にいる個体は行動圏の中に移動するようになり、そんなパターンが得られます。ダミーデータの詳細は割愛させていただきます。

- 実際にどのようなパターンが得られたかという、図の 2 になります。黒い四角がトラップになります。一番左下と左下から二個目で検出されたということになっています。この真ん中の円が行動圏分布の標準偏差になります。外側の円が 95% 確率円です。基本的にこの個体はここで歩くような設計になっていて、そこでこの折れ線状になっているのが実際に発生させた行動軌跡になります。これを見ると標識再捕は 2 ヶ月程度の短い期間ですので行動圏の中をくまなくは動けない。かつ行動圏の外には出ないというランダムな軌跡が得られています。トラップに近づいたときに一定確率で検出されるという、そんなシミュレーションをやってデータを作っています。このダミーデータは個体の生息密度を 0.2 頭/km^2 としていますので実際のデータに近い値が得られると思います。それとあわせて実際に岩手で得られたデータなのですが、そのデータは次のページです。個体が多くて見づらいですが、まずは四角形がトラップの位置になります、そこに付いている数字が個体が捕獲されたセッション番号になります。色分けが個体ごとにランダムに色をふってある形になっています。同一個体が複数回検出された場合はその数字を線をつないであります。このなかで一番大きく動いた個体が中央の左側にある緑色の個体となります。これは最大で 10km 程度動いています。このようなデータとなっています。
- 次のページから密度推定の手法になっています。MMDM は非常にシンプルで複数回検出された個体毎に検出トラップ間の距離の最大値をとってやって、それを平均した値、の半分が行動圏サイズの半径に相当すると考えて。それをトラップからその半径で生成した円の面積の合計、バッファの合計というのが有効トラップ面積と考えると、従来の捕獲率一定の閉鎖個体群モデルで推定した個体数と合わせて推定した個体数で生息密度を計算するというものです。
- インバースプレディクションのほうはトリッキーな方法なのですが、これは推定の中でダミーデータを生成しています。どうように使っているかと言いますと、まず、生息密度と距離 0 での捕獲率、行動圏の中心とトラップが重なったときの捕獲率と行動圏の中心とトラップの距離という 3 つのパラメータをいろいろ変えてみて実際に調査したトラップの位置でダミーデータをいっぱい生成します。得られたダミーデータで、任意の閉鎖個体群モデルで捕獲率の推定をやってさらに複数回とられた個体の移動距離の平均値を計算します。そうすると、シミュレーションの際に使った真のパラメータの e, p_0, σ という 3 つのベクトルが複数のダミーデータで得られてくるというような仮想的なデータセットができます。そこから簡単に観測できる観測値ベクトル、パラメータの値を推定してやる式というのをダミーデータから計算します。そこから実際に調査して得られた閉鎖個体群の推定個体数と捕獲率と移動距離平均という 3 つの値を入れてやることで、密度が予測できるという、そんな手法です。
- ベイズの空間明示型標識再捕モデルもインバースと同じように個体毎の行動圏の中心を定義します。まずあるトラップ、あるセッション、ある個体が捕獲される確率というのがトラップとの距離 r というものによって説明される関数になっていまして、それが $P=p_0 \cdot \exp(-r/\sigma^2)$ というような話になっています。これは単純に距離 0 での捕獲率は p_0 でその距離にしたがう捕獲率の落ち方を決めるのが σ です。 σ が大きいと行動圏が広くて遠くでもとれると、そんな形になります。ここでは p_0 と σ というのが推定すべきパラメータです。実際にデータとして得られている、今回 6 セッションやって何回捕獲されたかというのが、その確率に従う

2 項分布になっているというモデルになっています。ここからがこのモデルの面白いところで、ここでは個体の行動圏の中心は未知の値なのです。それに対してどのように対処していくかという、あるトラップを含む地域の中にいる個体、一回も検出されなかった個体も含めて全て行動圏の中心を定義します。それを **MCMC** という計算手法を使って行動圏の中心の座標をランダムに、探索的に探してやって、一回以上検出されている個体については、トラップの周りで行動圏の中心座標が推移するようなパターンになります。一回も検出されなかった個体については個体数が変われば行動圏の中心の数も変わってしまうので、そのある空間の中で、個体を消したり入れたりしながら、さらに行動圏の中心も自由に動かしてやるというような。それによって前の資料にあるような実際の検出率に近づくように s 、行動圏の中心座標の個数を決めてやるというような、そんな手法です。これはもう全て、行動圏の中心から捕獲データが得られるという全てのプロセスをひとつのモデルに組み立ててそれを一気に推定してしまうという方法です。

- 結果が図の 4 です。それぞれ、平均最大距離法とインバースプレディクションは 100 回繰り返し、ベイズモデルの方は 40 回繰り返し行って、その推定密度を箱ひげ図で示してあります。真ん中の線が中央値、箱の両側が 25%と 75%、ひげは 25%の分位点から 1.5 倍の範囲にあるものです。ポイントはそれから外れている値です。0.2 が真の値ですのでそこに横に点線をひいてあります。これを見ると平均最大距離法というのは全体的に過小評価になる、しかながら、一部では非常に高い値が出ています。インバースプレディクションは逆に高めに推定されます。一番いいのがベイズの空間明示標識再捕獲モデルでかなり真の値に近い推定ができています。
- 表 1 のほうに、95%信頼区間がどれぐらい広いかという幅を示しています。**MMDM** は非常に狭い区間で推定がなされるわけです。これはシンプルなモデルを用いていますので、その幅が狭くなっています。インバースプレディクションが最も信頼区間の幅が広いという結果が得られました。相対バイアスとうのが 2 列目に示してありまして、これは真の値との相対値になります。これについてはベイズ型区間明示再捕モデルが最も優れています。3 列目が、95%信頼区間の真の値を含む確率ですが、**MMDM** は 24%しか当たらない。インバースプレディクションは図の 4 で見ると少しずれているということになりますけど、不確実性もそれ相応に考慮しているので、信頼区間という点で見れば、あたりの確率は高いです。ベイズとおなじぐらいの確率で真の値を含むことができます。実際のデータで推定してみた結果は表 2 のほうに示してあります。インバースプレディクションと、ベイズ空間明示モデルではほぼ同じような結果が出ていまして、平均最大距離法のみ低い値になっています。平均最大距離法についてはダミーデータと一貫した結果を示しています。
- 平均最大距離法は少なくとも適した方法ではないことが言えると思います。インバースプレディクションのほうはベイズと同じような値を示しています。信頼区間のほうも少し大きいのですが、ダミーデータほどではなかったです。おそらく、岩手のデータは大規模なデータですので、サンプル数が増えてくるとその辺の問題というのは解消されてくると思います。その中でインバースプレディクションを使うメリットかもしあるとすれば、それは計算時間です。インバースのほうは 2 分くらいで計算できる。ベイズは 7 日かかった。多数の場所や

広域の調査で試行錯誤したい場合はインバースのほうがいいのではないかとというのが私の感覚です。今はインバースはデンシティーというマウスで操作できるようなソフトがオタゴ (Otago) 大学から公開されています、ベイズはスペースキャップという R の中でのパッケージソフトが出ています。以上です。

米田：次ぎに太田さんお願いします。

太田：私のほうでは既存のデータを用いてクマの移動距離を推定しますハートスタックらの空間明示モデルを用いて既存のヘア・トラップのデータから個体数推定を行ってみました。

- 既存の個体識別データですが、既存のデータからクマが複数回捕捉されているデータを選びました。平成 20 年の富山、平成 20 年と 19 年の滋賀の調査、平成 20 年の丹沢の調査、平成 20 年の奈良の調査の 5 つのデータを用いて解析することとしました。
- ハートストラックらのモデルの説明をします。このモデルはクマの移動を考慮しているので一時的な影響を受けにくいという利点があります。ハートストラックらはトラップと放逐点との距離、トラップの捕獲効率の関係から確率を計算しています。こちらが、その図になります。トラップと放逐点との距離が離れるほど捕捉率は下がり、距離との関係は非線形となります。本研究ではあるセッションで採取のあったトラップを放逐点としまして、その放逐点と全トラップとの距離を用いて採集率は t -分布または正規分布にしたがうと考えてモデルを作りました。
- クマは正規分布と t -分布にしたがって行動すると仮定します。その分布のパラメータ σ 、 u とトラップ 1 セッションあたりの係数 t を推定することによってこちらの図が描けます。これは縦が採集率横がトラップ間の距離になりまして、先ほどのハートスタックらのモデルと意味は同じになります。このように推定したパラメータから最後に生息密度を求めました。
- 本研究ではトラップ間の距離における採集率を決めるパラメータとして、各地域で 4 つのパラメータを推定しました。正規分布の場合は σ と採集係数 p を推定し、 t -分布の場合は u と採取率を決めるパラメータを推定します。採集率はこのようなモデルにしたがって決めました。こちらの第 1 項目なのですが、定常パラメータまたは u によって決定した正規分布または t -分布における各トラップの前回採取のあったトラップ、つまり放逐点との距離の確率を計算します。採取率 p_i は正規分布と t -分布の場合でそれぞれ p_1 と p_2 になります。捕獲履歴の分布は 2 項分布に従うと仮定し、最尤法を使ってこれらのパラメータを推定しました。また、合わせて平均、分散、距離 0 での採集率も計算しました。正規分布と t -分布のパラメータ σ 、 u は直接比較することができないためこれらのパラメータを用いて算出した各地域のクマの平均移動距離を比較することが可能となります。距離 0 での採取率は放逐点における採集率です。
- 最後に生息密度を出しました。生息密度は捕獲率と面積をかけたもので採集回数を割って算出します。それを書き換えたものがこちらの式です。分子は毛の採取が二回以上である採集回数をあらわします。採集回数というのは 1 回目の採集を含んだ数ですので -1 します。採取係数 p_i は生息密度と採取回数の関数となりまして 1 個体 1 セッション 1 トラップあたりで換

算されます。pi が何を表しているかと言いますと、先ほど書きました、捕獲率と減少率を乗じたものになります。

- こちらが推定結果になります。正規と t-分布で AIC を比較しました。奈良のみにおいて正規分布において AIC 値が低くなりその他の地域では t-分布のほうがあてはまりがよいという結果となりました。しかし正規と t-分布の AIC の差が全ての地域で 3 未満となったため大きな差は見られませんでした。
- 平均分散距離として算出した結果はこちらです、奈良では平均分散距離が小さい値を示し、それにともない、前回毛の採集があったトラップから離れると採取しにくくなりました。これは奈良県の個体識別データが 2 個体であり 2 個体とも 1-km ほどの移動しかしなかったことを示しています。図のほうが分かりやすいですが、奈良県では幅がない分布となりました。丹沢は 4 ヶ月の調査期間中に 9 個体が捕捉されました。9 個体のうち 1 個体は 10-km もう 1 個体は 11-km の移動を行っています。他の個体でも 4~6-km の移動があったことが平均分散に影響していると考えられます。丹沢では分散の大きな分布になりました。滋賀、平成 19 年では湖西地域と湖北地域に分けて 44 基のトラップを設置しています。識別された 4 個体のうち 1 個体は 1 ヶ月間で湖北地域でも湖西地域でも毛が採集されました、これは 1 ヶ月で 30-km も移動したことになります。平均分散距離が最も高い値を示した平成 19 年の滋賀が一番分散が大きかったのですが、この 1 個体の移動によるものが大きいと思います。ほかの 3 個体は湖西地域だけで採集されているので、湖西地域だけのデータはこちらです。その結果ほかの地域と比べて平均分散距離に顕著な違いは見られませんでした。距離 0 での採集率に関しましては、こちらの距離 0 の値になります。最も大きな値を示したのが富山で、富山に関してはこちらの値です。富山では 0.5 ぐらいになります。これは他の地域と比べて短い期間で多くの毛の採取があったため、採集率が高くなったと考えられます。
- 最後にこちらが生息密度を推定した結果になります。密度推定を行っていない地域が丹沢、それ以外の地域で比較をしました。その結果、大きく異なる値を示しまして、特に奈良では大きな違いを示しました。これは比較的狭い範囲で毛の採取が 2 個体であったため、定常パラメータと採取係数が他の地域と比べて高くなったことが原因だと考えられます。考察なのですが、滋賀の平成 19 年は 4 月末から 10 月はじめに調査を行っていて、約 20-km 弱の距離がある湖西地域と湖北地域に分けて 44 基のトラップを設置しています。滋賀、平成 19 年の結果では識別された 4 個体のうち 1 個体の長距離移動（30-km 程度）が影響し、採集効率はトラップ間の距離が比較的長くなっても採集されるという結果になった。滋賀で行った解析に使った t-分布は比較的裾野が長いという特徴を持っているのですが、このような長距離移動では空間明示モデルでも扱うのが難しいケースだと思います。このような場合は湖西地域でのみ行った調査、長距離移動をした個体だけを抜いて解析することで対応できると思います。また、複数回の採取があった個体が 1 個体の場合は扱うことができませんでした。複数回の採取があった個体が 2 個体であった奈良においても他の地域と比べることはできませんでした。1 頭の移動距離が長いものがあつた場合に平成 19 年の滋賀のように精度が低いものになります。したがって今研究で使ったハートスタックらの方法を用いる場合は複数回捕獲の個体をできるだけ増やす必要があります。以上です

深澤：捕捉すると、こういうふうに違った場所で減少率が異なるということが分かりましたので場所ごとで有効トラップ面積が変わるということです。滋賀の平成 19 年の結果は空間明示モデルの限界を示しています。ものすごい距離の長距離移動があるとそれに引っ張られるということですね。このようにいろいろな場所での捕獲率と距離のデータが得られると、これからはダミーデータを使って標識再捕法の事前評価というものができるようになると思います。これらのパラメータと生息密度の事前に想定される値があれば、ダミーデータを生成できます。そうすればある場所で調査を始めたいときに想定したトラップの配置で想定したセッション行って、それを 100 回繰り返したうち何回推定できるか見てやることで、その計画で意味のある調査になるかどうか事前に評価できるかどうかという研究でした。

米田：昨年度の調査で空間明示モデルを開発してもらった、これまで標識再捕法となど個体数推定のためのいくつかの方法がありましたが問題もありました。今年度は空間明示モデルでその改良を行った。それプラス松田さん太田さんで全国のヘア・トラップのデータからレビューいただいた。

山村：ハートストラック法はカーネルをどう設定するかという問題があると思いますが、同じものを使いました？それぞれの調査では期間が違うので移動時間が大きくなる、それで、同じカーネルを使ったのですか？

太田：同じです。

山村：時間が長くなれば当然大きくなるが。それをどういうふうに確率の式に直すかが難しいことであると思いますので、よろしければ是非やっていただきたい。

深澤：その場合に生息密度を出す式はどうなるのか？過去にどのぐらい・・・単純に移動距離が変わらなければ、捕獲数はセッション数 x p というパラメータによって p の値が変化する。調査範囲が時間とともに変化する・・・

山村： p は変わらない。でカーネルが変わるという感じ。また、 p が変わっても積分するので一緒。

深澤：計算式は変わらないのですね。

山村：計算式は変わらない、どこの値を変化させるか。

梶：豊凶、雄雌でどう移動距離が変わるが？

山村：層別化してないですね。

深澤：層別化してない。ひとつの場所にひとつのパラメータになるので、データ少ない、これが数十カ所の調査のデータがあるのだったら、捕獲率に豊凶の情報を説明変数として入れてやることで、捕獲率とか移動距離に対する豊凶の影響を推定することができると思うのですが、数十カ所の繰り返しがあったらやってみてもよい。

米田：今の話は雄雌の問題だが、雌雄で大きく違ったら、それぞれで移動距離を出したほうがいい？

深澤：それはできる。同距離を雄雌のカテゴリカル変数の関数にして、その違いを推定してやる。そっちのほうが・・・一緒にできるパラメータを別個のものにしなくてはいけないという・・・ひとつのモデルという中でデータに対するパラメータ数の節約になる。

間野：このカーネルでいろいろな問題があつて、変な結果になってしまったが、どのタイプが理想的で、どういう空間スケールで、どういうサンプル数で、いい結果が得られるのか。滋賀はほとんど意味がないし丹沢は裾が長いと考える。

深澤：丹沢はデータ自体は悪くない。1 個体だけポンと移動している。どれぐらいかという量的な話は今はできないが、少なくとも複数箇所でやらないとこういうモデルは答えが得られない。カーネルというのは移動方向についてはバイアスが掛からないことを仮定している。滋賀の場合は湖があるので移動にバイアスがかかる。円形カーネルでは困ったこと。調査地はあまり離れてしまうとそういう問題が起こる。

梶：マーク&リキャプチャーの場合と今の話は似ているけど少し違う。マーク&リキャプチャーではあんまりダブルカウントはしないほうがいい。

米田：今の話からいくと、トラップ密度は今回程度でよいのか。

梶：今の話ですとあまりトラップの形状は気にしなくていいということですね。要するに 2 回ひっかかればいい。

山村：昆虫ではカーネルが落ちるところがとれればよい。「いるーいない」でもだめで、「いるーいるーいる」でもだめで「いるーいるーいない」というところがあればいい。そういうのが 2-3 点とれれば。

深澤：行動圏のサイズよりも狭くってしまうと、どこでも捕れてしまう。ある程度一個個体の行動圏サイズよりも広めにとることで近くでは捕れて遠くでは捕れないというので端っこが分かる。

間野：たぶん、その地域の相対値で空間スケールが変わってくる気がする。

梶：MRC では行動圏サイズよりも大きく設定する？

深澤：行動圏サイズよりも小さく設定する。ひとつのトラップでしか再捕されないというのはまずい。場合によっては不均一のほうがいい。

米田：太田さん、深澤さんにやってもらった方法で、各地域で行動圏を出さないといけないのか。

深澤：太田さんの結果をみると場所毎にすごく違うので逐一とっていくのがいいのではないかと。カーネルの2乗くらいのオーダーで密度はずれる、面積は距離の2乗ですから。このため、あの違いというのは大きいですね。

鵜野：丹沢は9個体ですが、1回出現のデータ、新規の個体はあるのか。

深澤：2回以上のみ。ハートスタック法では2回出現以上のみ、式を見るとR-1というのを捕獲回数に使っている。デンシティの個体数推定の際は1回も使っている。どこら辺でミスマッチをやめるのかは難しい。とりあえず全部やってみてください。

山村：誤差率を出せばいいのでは？正確な答えが分かっているならば、どれだけ間違えるか分かる！

DNA 班：それが分からない。

深澤：その辺は補正しながら、要するに真のデータをいっぱい作ってやって不確実性を評価するというモデルは2007年くらいに出ている。ただし、ジェノタイピングエラー率が遺伝子座ごとに分かっていないと使えない。

米田：いったん切ります。

休憩・・・・・・・・・・・・・・・・

全体討論

米田：始めます。まず今年度の研究成果のまとめです。

- ヘア・トラップの標準構造と設置密度に関してはほぼよい、時期7-8月を含めたほうがよいという成果です。試料採集の保管記録方法も細部については修正もあると思いますが、概ねよいということです。
- 来年度は何をやるかという、ヘア・トラップ班は捕捉率が不明という点がある。それから

ヘア・トラップの手引きというのは今年度作成していますが、これについて一部改正があったら直していくということです。また、来年度はヒグマヘシフトしていくということですが、ヒグマでのこれと同じようなマニュアルの作成。これが来年度の目標と考えています。

- DNA 班ですが、ツキノワグマのマーカ―は確立した、PCR プロトコルもできている、ミスマッチの問題はあるが、時間をかければできる。データ分析は GENE CAP を使うが、マッチングのためのソフトを開発するかが課題です。来年度は何をするかという、一つはヒグマの方ヘシフトしていくことです。また、共有プラットフォームの設置、有効個体数課題を開発、そしてどこでも誰でもできる DNA 分析プロトコルの確立と考えています。
- 補完法、代替法に関しては、普遍性などの基準を満たしていて個体識別として使える生体標識の確立と撮影方法で一定の成果がありました。識別のソフト開発、あるいはだれでもできる識別の方法が課題と考えます。一方、生息密度に関してはカメラトラップで出した数値が 0.15 とヘア・トラップデータに基づきモデルで出した値がかなり違う。ヘア・トラップ法の捕捉率との比較で、識別精度をきちっとみておく必要があると考えます。全体としては、最終的にクマ類の代替法調査の標準化したものとして手引きを作りたい。
- モデル班では空間明示モデルはできた。モデルの改良と今後の方向性です。この点に関しては、トラップの設置密度をどうすれば最適かをモデル班で検討していただきたい。また、遺伝の有効集団サイズというのが、DNA 班で去年から問題になっています。これも検討していただきたいと考えています。来年度ですが、モデルの改良と、私のほうからのお願いとなりますが、トラップをどの程度の密度に設置したらいいのかを検討していただきたい。ヘア・トラップ班のほうのデータからでは、トラップ設置密度は 1 基/4km² でよさそうですが、モデルとして提示していただきたいと考えます。そのため、今年度のデータを間引きした解析からトラップ設置密度の検討もしていただきと考えています。そういったことを入れて、(密度推定に) 誰でも使えるモデルという形で提供していただくことが希望です。
- 23 年度の組み立てですが、すでに予算請求を出しています。主要なことは、北上山地で補完調査をやる。それからヒグマヘシフトです。初年度からヒグマを入れているのですが、3 年度目としてやはりヒグマを重点的にやりたいと考えます。それに、今年度もやっているのですが、一般の説明会、講演会開催を公式に 2 回開催する計画です。最後にマニュアルを作成することです。具体的に各項目でどういうことを検証するかという、ヘア・トラップとカメラトラップの個体捕捉率を相互検証することを計画しています。ただし、今年度と同じ規模の調査はできない。また DNA 班は、今年度の結果に追われて分析結果を出しにくいだろうということから、トラップ数は 100 基程度を考えています。調査の中身としては、効率の問題で 6,7,8,月に 6 セッション行い、アウトプットとしてはカメラトラップだけを使った場合とヘア・トラップを使った場合の相互検証というのが計画です。これには 3 つのサブテーマ、ヘア・トラップ班、DNA 班それにモデル班、が関係しています。
- それからヒグマにシフトということでしたが、ヒグマについては予備的になるかもしれないけど、本研究で取り入れていきたい。来年度の現地検討会は札幌で行う計画です。
- 推進費で 3000 万円以上の場合、開催してほしいということで「国民との対話」を行います。具体的には富山県と盛岡で 2 回開催します。目的は、調査研究の紹介と、マニュアルの普及

のため、自治体からの反応を見ることにおきます。予算請求書に名前のあげている講演者は、暫定ですがお願いします。岩手では、今年度も開催しましたが、岩手県立博物館を共催で 9 月 25 日に講演会を行うことになりました。もう一つ、富山でも県自然保護課と共催で 9 月に講演会を予定しています。本研究の最終成果品として調査マニュアルがあり、ヘア・トラップ法、DNA 分析、カメラトラップ、そしてモデルについてもマニュアルを作るということです。ウェブのプラットフォームについてはだいたいできていて、調査方法もアップされています。今後はソフトの公開もしたい。

深澤：ソフトはもうできています。

米田：タイムスケジュールです。

- 3月に生態学会があります。3月末までに、調査グループとして、推進費の成果報告書を、昨年度同様にまとめます。それから委託業務報告書を3月末まで各機関で1ページ程度で作成をお願いします。そして、連休明けが締め切りですが、推進費共通報告書として、全体で30ページの報告を行います。
- できれば6月上旬に第一回AD会合を行いたいと思います。9月に講演会があります、哺乳類学会が宮崎開催されます。1月下旬ごろに第二回AD会合を開催したいと思います。
- これが来年度の予定です。ヘア・トラップについては、概ね今年度の方法でよいかと思いますが、細かなデータの取り方だとかについては来年度に向けて相談します。ここは知らない、ここはもっと細かくデータとるとか。ミスマッチの問題がDNA班の大きな問題ということですが、実際の作業としては分析数としてはたくさんやっていただいたのですが、ミスマッチの再分析で時間をとられて、今年度試料の解析を一部来年度へ持ち越すこととなります。カメラトラップについては深澤モデルとの違いの課題があります。

東出：モデルが違うのでそういう問題ではない。来年同じモデルでやればいい。

米田：モデル班が示している、今回の北上山地モデル調査地における0.43頭/km²というのは、暫定値ですが、ツキノワグマ密度としては既知のものに比べ非常に高い値です。今後DNAの結果が出そろったらさらに増えることになると予想されます。

深澤：ミスマッチを終えて複数回検出が増えるのか1回検出が増えるのかで異なる、そういうものではない。

米田：岩手県でも県調査としてヘア・トラップ調査が行われています。

山内：自然研でやったものよりも盛岡側でやっている、同じ時期で自然研（DNA分析）で出た個体がこちらでも出た。一部は調査地がかぶっている。

米田：来年度計画はこういったところですが、アドバイザーからのコメントはいかがでしょうか

梶：カメラトラップの餌付いてしまう問題。一回来たやつは何回もきてしまう問題、これをどうするか。

三浦：ステップがいくつもあって、現段階では撮れるかどうかの問題です。撮れるというところまで行った。トラップに誘引してしまうのは今後の問題です。

梶：ヘア・トラップを県でやる場合は、狭い規模でやると思う、誰がどのくらいの規模でやるのか？誰が何のためにやるのか？隣り合った複数の県でやった場合に移動の問題もあると思う。こういう場合にすごく有効なのだということを出していかなくてはいけないと考えます。生息地を考えた場合、ある山塊でやらなければいけない。ばらばらにやるよりは、まとめてやったほうがいいとか。また、少ない予算ではできない、多くの県はなけなしの予算でやっている。そのあたりをどうすればいいのかを今回の報告書で書けないか。精度の議論もあり、科学的には意味がある。しかし、現状の管理のための調査としては、規模が違ったところでやることになると思います。

米田：モデル班のところでこの考えでいいか確認したい。昨年の中間評価で季節移動があるだろうとの質問が出ました。これがあるとヘア・トラップの調査デザインはどうするのかという問題があります。できるだけ大規模で長い期間やったほうがいいと誤解していた。しかし、モデル的には短期間でパラメータ数を少なくしたほうがいい。長距離移動がある場合、調査は短期間のほうがいいのというのは確かですか？

深澤：そのとおり、開放形でのモデルはやってみているがまだできていない。そういう解析方法が無い中でそういう（長期間）モニタリングをやるのは間違っている。

三浦：6,8月が比較的移動が少ないことが言われているので、全国的にもその時期でやればよいというアウトプットでいいのではないか。それと、米田コーディネーターの元で3年目だが、A評価でした。A+が一番よくて、かなり高く評価を得ましたよね。出発の当初から異なってる。思うにDNAの分析はペース的にも労力的にも無理をやってきた。来年度以降もやれるものはやったほうがいいと思うのですが、宿題をずいぶん出されました。少し多すぎないか、なおかつヒグマへのシフト。こういうペースはどうかな？全体の計画を日本に適応することを想定して、マニュアルを作るといって十分ではないか。来年度計画が詰め込みすぎではないか？

間野：来年はヒグマ重点にシフトというのがありましたので申し上げますけれども、基本的にDNA班により分析、ヒグマのDNAでどのような時期にどのようなアリアルでやればいいのか。それは間違いなくDNA班の仕事です。問題はヘア・トラップ班とモデル班。特にどれぐらいの期間でどれぐらいの密度でやるのか。要するに今回はツキノワグマで3年間やる予定で計画がスター

トしています。来年度、ヒグマで野外での大量のデータをとることは困難です。ただし、北海道の重点研究として定山溪のほうで、近藤さんも一部一緒にやっていますが、一定のものはお示しできたかなと思います。実を言いますと北海道では3カ年の重点研究課題で、空間明示モデルによるヒグマの密度推定に特化したものを計画しています。環境省の本研究で、少なくともDNA班としての手法の確立はできます。ヒグマに関して当初渡島半島で大規模ヘア・トラップ調査という案を出したのですが、それは無理ということで、今回ツキノワグマでやっています。北海道では、来年度から3年計画で道費によるヒグマ調査が採択されました。こちらの方のプロジェクトが非常に良く進んでいる、これに立脚してやれば間違いないということでした。先ほどありました、ヘア・トラップ班とモデル班に係わる部分については、この北海道のプロジェクトで向こう3カ年で行うと、こちらでは整理しています。先ほど米田さんのほうで示していただいた、マニュアル作成についてで、この環境省調査でやってしまうと、説明が付きがたい状況になってしまいました。一方、定山溪でやったデータは、まだ十分なデータが得られていないんですね。そのほうでマニュアルまでもっていくのは厳しいのかなというところが率直なところなのです。私どもも、これらの状況の中で今後どう進めるかつらいところもありますが、まずは率直な状況です。

玉手：DNA単体でいえばヒグマに関してこの推進費でのマニュアルを作りましたと言えると思う。来年度再検討するところは米田さんのところで十分コントロールできると思います。ミスマッチについてはまだだが、これを確定値としますというのを決めたいと思う。それ以降で来年度のサンプルがどれだけできるかどうか。100基のトラップは多いように思う。カメラトラップに来たときに同一性の判定だけならなんとかかなるが、かなり厳しい。

米田：最終的なアウトプットは自治体可以利用できるマニュアル。今年度の（ヘア・トラップとカメラトラップ）現地調査は上手くいったと思うが、DNAのほうはミスマッチの照合の問題がある。当初からツキノワグマと、ヒグマを予定していた。しかし、ヒグマのほうは、北海道単独による調査が3年度目から重なる形となり、予定がかわってきた。我々の最終のアウトプットをどこにもっていくか。

三浦：ヘア・トラップの技術上のマニュアルとDNAのプロトコルはそれなりに出していけばいいと思う。ヒグマについては、具体的な手法のセットについては今年の分析を見てからでよいのなか。カメラトラップのほうは、3年で野外でできるかどうかというところだったので、マニュアルはちょっと難しいかもしれない。ヒグマの方は、北海道で独自に動いていくというやりかたもあるのではないか。

志水：中間評価は結果的にはいいという結果がでた。今日お聞きして、個々の課題ではいいデータが出ているのかなと思いました。来年について、これだけやると消化不良を起こすのではないかという感じがします。ポイントを絞って、3年間の結果としてどうアウトプットを出すかということ考えたほうがいいのではないか。ひとつの例が調査マニュアル。まとめていただいたほ

うがいいのではないか。

米田：来年度のマニュアル作成にこだわっているのは、第 11 次鳥獣事業計画が平成 25 年度から始まるのが背景にあります。多くの県は来年、再来年に調査をはじめます。これにあわせて、23 年度にマニュアルをまとめることを当初計画として示していました。

間野：モデルとか、どれがいいのかとか提案があるといいというスタンスはヒグマでも変わらないと思う。

常田：そのとおりだが、そのテンポの問題である。来年度はここまでは出す。というプロポーザルを出していく。それなりにきちっとしたものを出さないと混乱する。

米田：岩手県は県でヘア・トラップ調査を行っています。それに関して、コメントはありますか？

山内：大規模ヘア・トラップはできないので、5-km に 8 基設置のヘア・トラップ調査を県内全域で行っている。解析はこの研究の DNA 解析で大変なので、できていないが、さきほど梶さんが異なっていたような検討をやっていくことには価値があると思う。

深澤：あれを全部いっきにやるということもできるが、時間がかかるので、場所毎でやってみるというのでいいのではないか。

玉手：今年度と同じことは県調査ではできないだろう。せいぜい、カメラトラップ調査ぐらいではないだろうか。山形のクマの予算は年に 200 万、環境省でやってもらった調査は 1000 万円で 29km² くらい。どのくらいの規模で、コストも検討した上で、マニュアルを作るのがいいのではないか。

大塚：まさにそういうことが大きな目的であった。今は分かりませんが、米田さんがこれとこれをやりますというところから従っていけばいいんだと思います。いい成果を期待しています。

米田：あまり欲張るなということですね。

志水：資料を見ていて論文発表をされていますが、いいことだと思います、どんどんやってください。

米田：来年度の研究体制ですが、今年度海外研修に出ておられた日大の佐藤さんが復帰されます。近藤さんは DNA 班の分担研究者になります。鶴野、東出さんには、引き続きポスドク・院生フェローをお願いします。研究体制の変更は難しいため、深澤さんには、ボランティアでの参加をお願いします。太田さんは、正式メンバーには入っていませんが、松田さんと共同研究をお願いします。

ます。斉藤さんも引き続きオブザーバ参加をお願いします。AD の皆様には、来年度も引き続きお願いしたいと考えています。

米田：それではこれで会議を終了します。

17:00 終了