

平成 23 年度環境研究総合推進費 課題番号 S2-10  
クマ類の個体数推定法の開発に関する研究  
平成 23 年度第 1 回アドバイザリーボード会合  
議事録

日時：2011（平成 23）年 6 月 14 日（火）：13 時 30 分～16 時 50 分  
場所：自然環境研究センター9 階会議室（東京都台東区下谷 3-10-10）

**<参加者>**

**アドバイザー**

山村光司（独立行政法人農業環境技術研究所 主任研究員）、大井徹（独立行政法人森林総合研究所鳥獣生体研究室 室長）、梶光一（東京農工大学農学研究院 教授）

**環境省**

房村拓矢（地球環境局研究調査室）、永野徹（野生生物課鳥獣保護業務室 室長補佐）、刈部博文（野生生物課鳥獣保護業務室 係長）、青木健太郎（野生生物課鳥獣保護業務室 環境専門員）

**環境研究総合推進費第 4 分科会プログラム・オフィサー**

福山研二（国際環境協会）

**分担研究者**

**ヘア・トラップ班**：米田政明（財団法人自然環境研究センター・研究部・研究主幹）、常田邦彦（財団法人自然環境研究センター・研究部・研究主幹）、間野勉（地方独立行政法人北海道総合研究機構環境科学研究センター・自然環境部・主任研究員）、佐藤喜和（日本大学・生物資源科学部・森林資源学科・専任講師）

**DNA 分析班**：釣賀 一二三（独立行政法人北海道総合研究機構環境科学研究センター・自然環境部・道南地区野生生物室長）、山内貴義（岩手県環境保健研究センター・地球科学部・主任専門研究員）、湯浅卓（株式会社野生動物保護管理事務所・調査部・研究員）、玉手英利（山形大学・理学部・教授）、近藤麻実（地方独立行政法人北海道立総合研究機構・環境・地質研究本部 環境科学研究センター・自然環境部 道南地区野生生物室）

**補完法・代替法班**：三浦慎悟（早稲田大学・人間科学学術院・教授）、青井俊樹（岩手大学・農学部・教授）

**ポスドク・院生フェロー**：鵜野レイナ（慶應義塾大学・先端生命科学研究所）、東出大志（新潟大学大学院・自然科学研究科）

**個体群モデル班**：太田海香（横浜国立大学大学院・環境情報学府・環境リスクマネジメント専攻・益永中井松田研究室）、堀野眞一（独立行政法人森林総合研究所・東北支所生物多様性研究グループ・研究グループ長）、深澤圭太（独立行政法人国立環境研究所・生物・生態系環境研究センター・生物多様性評価・予測研究室）

**自然環境研究センター関係者**：大塚柳太郎、黒崎敏文、**諸澤崇裕**、丸山茂樹、藤田昌弘、高橋聖生

#### <開会>

米田：では、はじめます。

出席者の紹介をします。・・・出席者紹介・・・佐藤さんが海外研修から復帰しました。今年度から本研究チームでご協力いただきます。

佐藤：ヒグマのほうで調査させていただきます。海外研修ではスカンジナビアとイエローストーンで従事しました。そこではヒグマの捕獲標識で個体数推定をしました。ギリシャでは電柱のセコスリでDNA解析をしました。グレーシアではセコスリなどから取れる毛とヘア・トラップの違いを見ている段階です。そういう観点から今年の研究に携わっていきます。

#### <平成23年度研究概要>

米田：本研究のミッションは日本の地理環境に合った県単位で実施可能な個体数推定法の確立です。21年度からの研究課題ですが、昨年度に北上山地で大規模現地調査、DNA解析、空間明示モデルの適応をしました。今年度はヘア・トラップ、カメラ・トラップの補完調査、それからパンフレット作りが目標です。クマ類の保護管理は都道府県の行政と強く結びついています。研究目的としては、県の鳥獣行政に反映されることです。以下、議事次第のとおりに議事を進めます。

#### <平成23年度研究計画>

##### (ヘア・トラップ班)

米田：研究課題は個々に残っているものはあると思いますが、最終的に自治体で利用可能な計画を作るのが目的なので、トラップをどの程度配置したらいいのかという問題があります。DNA班の課題では1セッションにクマが何回来ているかということ。それから、ヒグマのマーカーの最終的な結論を出すこと。1棘1試料でいいのか、あるいは1セッションの間でまとめるのかという問題があります。Neの課題も残っています。代替法も課題は残っています。モデル班には自治体の人が利用可能な環境を作っていただきたい。

ヘア・トラップには、1セッションにクマが何回も来ている可能性があります。各棘に違うクマが毛を残している可能性があるのです。ところが一般的には1セッション1試料とする研究も結構あります。コストさえ考えなければ各棘を別サンプルとして扱う方がいいに決まっています。こここのところを、今年、1セッションの間にどれだけクマが来ているかをカメラ・トラップと平行して調べます。ヘア・トラップとしてはトラップの構造や誘引エサの問題はこれで良いかと思います。モデル班には自治体の担当者でも使えるものを作

っていただきたいと思います。

これまでのまとめについては、資料に載っているとおりです。モデル班にはカメラ・トラップとの比較もやってもらいたいと思います。ここでまだ残っている課題は捕捉率、ヘア・トラップの配置、識別 DNA の管理で、モデルの空間明示モデルについてはほぼ開発されたと思います。

ツキノワグマに関しては今年、北上山地で補完調査を行います。昨年と同じとことをやれば年次変動を見られますが、研究開発が目的ですので、80 基に減らし、4 平方 km に 1 基にします。目的はヘア・トラップとカメラ・トラップを併置してそれぞれの個体数推定値の違い、捕捉率を見ることが目的であります。DNA は昨年の解析、今年の解析をお願いします。代替法としてはカメラ・トラップの改良と個体数推定。ヒグマへの応用、これは北海道の調査とペンドティングです。モデル班としては適切な規模の検討、ヘア・トラップ班への提案をお願いします。調査マニュアルとアンケート作成を予定しています。マニュアルをまとめる前に自治体のニーズを調べたいのでアンケート調査をします。DNA 解析はできますか?など、我々が進めているような調査ができるのかどうか?を確認した上で、マニュアルの作成をします。それに講演会があります。岩手県立博物館との共催、もうひとつが富山県での開催です。以上が今年の研究概要です。

釣賀:DNA 班の認識と違うところがあるので、確認させてください。試料 4 ページ目に a、b、c という選択肢があります。トラップでまとめるのか、1 棘 1 サンプルとして扱うのかというところ。1 棘 1 試料の扱いについて、1 セッションで 1 個体しか来ないのはあり得ないので、想定していません。大事なのは分析のコストを下げるためにクオリティーの低いものを解析しないで、本数の多い確実に結果が出るものをするクリーニングすることが大事だという認識です。なので、状態の良い試料のみをやるのか、隣同士の棘は合わせるのか?という問題です。今回は隣同士の棘をまとめることは考えていませんので、最初に申し上げた、どのサンプルを分析に回すのかというのが議論の対象です。1 トラップのもの全部混ぜることは想定していません。

玉手:a か c かというのは DNA 班のほうで実際にデータを出してみなさんで考えていただくのがいいのではないか。

#### (ヘア・トラップ班説明)

米田:ではヘア・トラップ班の研究概要を説明します。ヘア・トラップの方としては捕捉率が問題です。捕捉率というのは、罠に来るけど、体毛を残さない個体がいるかも知れない。また捕捉率はもう一点あります 1 セッションの間に何個体くるかという定義です。それとトラップの残された課題はトラップ密度と推定精度の問題です。これを北上山地で

調査します。ヒグマに関しては佐藤さんにご説明いただきます。都道府県へのアンケートでマニュアルを作ることが目的です。ヘア・トラップとカメラ・トラップを併設して 80 基置きます。そのうち 20 基にはカメラを仕掛けてクマが何回きたか数えます。

高橋：「ヘア・トラップの配置と数を変えた場合の個体数推定結果の変化」という資料を見てください。1 ページ目から順番に説明していきます。はじめに、本研究では平成 22 年度に 245 基という大規模なヘア・トラップ調査を行いました。こ 80 基が妥当かということで、245、176 基、80 基、40 基、20 基というふうにトラップを間引いていって解析しました。個体識別は今年の 1 月にいたいたものを使っています。次のページの図 1、カラーの地図をご覧ください。これが 245 基の配置です。赤い点がトラップの位置です。ここからトラップをどんどん間引いていって推定しました。個体数推定の方法はロイルらの 2009 年の報告の空間明示のベイズ推定を使いました。この方法はモデル班の方が開発していただいた方法とほとんど同じです。この方法のために統計解析ソフトの R 上で使える SPACECAP というパッケージが発表されています。パッケージというのは、計算式のプログラムのセットですので、観測値などを代入すれば誰でも簡単に個体数推定ができるという優れものです。では結果の説明に入ります。解析結果の一覧は 5 ページ目、表の 1 に示しました。245 基の解析は計算に 7 日以上かかるので、できませんでした。表の細かい説明は省きます。表の一番下の計算結果の収束具合をみてください。245 基では計算中、176 基、つまり 4 平方キロメートルに 1 基の配置ではよく収束して、精度の高い計算ができたと考えられます。北西部に 80 基の配置でもよく収束していて、精度の高い計算ができたと考えられます。40 基、20 基ですとあまりよく収束していないので計算の精度は低いものと考えられます。どうして推定が収束しているかいか言えるかというと、図の 14、16、18、20 などの折れ線グラフをご覧ください。グラフのように何回計算しても 50 個体から 400 個体までの間で上下して、一点に向かっていません。逆に図の 14 では 300 から 500 個体の間で計算が収束しています。それとその上の図 13、15、17、19 などの曲線のグラフの見方ですが、横軸が個体数で、縦軸はその個体数である確率です。この曲線の山は一山型ならば推定は上手くいっていると言えるのですが、20 基の場合は右に裾野が長くなっていますし、40 基でやった場合は二山形の分布になっています。これを見るとおおよそ 80 基のトラップ配置ならば良い推定ができていると言えると思います。それから最後の図 21 を見てください。これは少し別の観点から、クマの行動圏の大きさからトラップ間の距離をどの程度にしたらよいかという直感を得るために描いたグラフです。横軸が行動圏の中心からトラップまでの距離で縦軸が相対的な捕獲確率です。行動圏中心とトラップの距離が離れるに従って捕獲されにくくなっていることが分かるかと思います。この図で一番信用できるのは 245 基の場合で、おおよそクマとトラップの距離が 1km ならば捕捉確率は 80 パーセントぐらいを維持できるということですので、おおよそ、2km おき、つまり 4 平方キロメートルに 1 基の割合でトラップをしかければ、別のトラップで最捕獲できるという認識でよいかと思い

ます。最大生息数を自分で設定できるのだが 400 頭にしたのは少なかった。以上の解析結果を踏まえますと、体毛の採れ具合は毎年変わると思いますが、およそ、北西部に 80 基も仕掛ければ、ある程度の推定精度は得られるとの見解です。以上です。

深澤：評価をしてから調査をするというのは良いかと思います。技術的な問題としては最大生息数を低めに設定してしまうと、推定が上手くいっているように見えてしまいます。MCMC が 400 で張り付いています。上限を上げてやれば違う値が出るかも。時間が掛かるようでしたらプログラムデンシティーでやってみるとよい。

山内：深澤さんは繰り返し 10000 でした。Skip は 10 回に 1 回。それでも上手くいった。10000 回でいい理由は？

深澤：一般論では語れず、どのようなデータが出たかによる。

山内：北奥羽で 10000 でやりました。生息数を 5500 にすると 1 日で終わりました。50000 回は多いのでは？

高橋：マニュアルに書いてあるのは最低でも 50000 回となっている。

山内：深澤さんのモデルは連続空間で、こちらのソフトは不連続空間ですね。メッシュ間は何メートル置きにしましたか？

高橋：500m おきにしました。あまりにメッシュ数を多くするとエクセルのデータでは 62000 行しか入力できないので、よくない。

山内：500m のメッシュの中にトラップが二つ入ることは無かった？

高橋：確認していない。

深澤：入ってしまうとクマの移動があっても 0 とカウントされてしまう。トラップ間隔よりもよい解像度にするべき。

山内：このモデルの  $b_0$  はなにか？

高橋： $b_0$  は切片。

深澤： $b_0$  は距離 0 での捕獲率。cloglog は捕獲率が小さい状況では普通の対数と同じような動きをする。

山内： $\sigma$  がトラップが少なくなると大きくなるのですがどうしてですか？

高橋：分かりません。

深澤：切り取った範囲のデータを見ないと分からないが、そのなかに偶然大きく動いたものがあったのでは？ このデータは北の方が移動が大きかったはず。

米田：フリーソフトで計算できるという利点があるということで紹介しました。80 基であり問題ないということでおろしいですか。

深澤：直感的なレベルでも問題はなさそうだったし、よいと思う。

梶：経験的にクマの行動圏が知られていたものと合致するものでしたか？ つまり経験的にはツキノワグマの行動圏にヘア・トラップが 1 個以上入るように密度を設定してきた。それと今回の調査（計算）結果は合致するのかどうか。

深澤：行動圏サイズが大きければグラフの傾きは緩くなりそうですが、それを定量的には調べられない。そこにいる個体の数によっても違う。

米田：これまで知られているホームレンジサイズは、小さいものであればツキノワグマならば、1000Ha、3km 四方ぐらい。トラップ間隔の違いによってデータは異なる？

山内 狹い地域でやるのはいろいろなところでされているので、長野などの広いところでやってみたいし、北奥羽のほうはどうか？

深澤：配置の変化には脆弱ではないモデルです。それは 21 年度のダミーデータ解析でも実証済みです。

大井：クマ密度は均等分布を仮定しているか？

深澤：事後分布は取れた位置を考慮して不均一になるようにしばりをかけている。ただしデータの中に、一様にデータがとれているとか、データの量が少なくて一様かそうでないかわからない場合は一様としての推定値が出てくる。

山村：図 21 では 245 のものでは 2km のところで一気に落ちているので、良くないのではないか？245 基より少ないトラップでは解像度が荒くなってしまって  $\sigma$  が大きくなってしまうのではないか？

高橋：ここには載せていませんが、14 基での推定もやっています。そのときの  $\sigma$  は無限大になりました。

深澤：片側分布なので 4km までで大丈夫。

山村： $\sigma$  の推定値は情報が少なくなると大きくなる性質がある。

間野：ヒグマ関連の成果は、レビューが 2010 年に終わっております。2011 年の計画では、ヘア・トラップ捕捉数について、カメラを仕掛けて、どれくらいクマが来てどれくらい毛を残しているのか検証してみようというものです。誘引効果の検証、ツキノワでは、ほぼハチミツでよいが、ヒグマは地域ごとに食べ物が異なる。誘引効果がどれだけ持続するかの評価。それにセコスリ木の活用によってヘア・トラップによって得られたデータを補完するという可能性について検討したいと思います。セコスリ木のほうがコストが低く、ヒグマ独自の問題ですが、密度の低いところでは、セコスリ木のほうが欧米ではよいと言われ始めている。DNA のほうでは今年、ツキノワグマで行われるのと同じようなことをヒグマでもやる。分析成功に関する気象要因も検討します。調査地域は松前半島、それに浦幌です。次ぎに、北海道の研究課題を得たので、北海道として実施している調査の紹介をします。ツキノワグマ成果をヒグマについて応用するのは本調査では無理だったが、北海道での研究課題の予算を使って検討したい。過去の研究から、環境の利用状況を入れた推定をしてみようと思います。そして、空間明示モデルを使って個体数推定をします。これが 3 年間の調査で考えていることです。以上です。

佐藤：松前藩の調査地域に 5-10 基のトラップで最低 3 セッション考えています。経験的にヒグマではハチミツは良くないと思う。ヒグマではシカの死体を使っているが、腐敗も進むので、セッション中にどれぐらいの期間、誘引効果があるのかを見たい。ヘア・トラップの場合、エサがとられていないのに毛が捕れることがある。経験的には知っていたが、どれくらいあるのか分からなかったので、ヘア・トラップ設置前、設置中、設置後にカメラを設置する。14 年間毎年、セコスリされる木があるので、定期的に回れば、毛を回収できますし、設置が楽で見回りも用意なので、セコスリ木からの回収と分析もやってみたい。セコスリ木の前にカメラ・トラップを設置して年齢、性別、ボディサイズなどから複数の個体が来るのかを 5 本くらいの木を使って 2 地域で調べてみたい。

### <DNA 班説明>

鵜野：2088 試料のうち、毛根が残っている、1842 試料分析しました。そのうち 1246 試料で PCR に成功しました。分析成功率が 67.5%。識別個体数が 295 個体です。1MM（ミスマッチ）、2MM も残っていますが、これによって識別個体数が増えるかも知れないし、増えないかも知れません。問題はミスマッチをしつこくやらなければならぬこと。

近藤：分析成功率の話ですが、分析の成功・失敗の定義というのは、6 カ所全部できた場合は成功確定します。全部増えなかつた場合はデータ破棄します。1-5 アリルで増えたら、成功するまでやり直します。それで 1、2 だけ一致しなかつたものを何回も分析に回します。データが確定できたものを分析成功とします。1 本しか分析に使わなかつたものは 40% の成功率なのですが、10 本使つたものは 80% となつています。図はサンプル数の頻度分布です。1 本のサンプルを除いて、セッションごとの成功率を出してみました。

玉手：図の説明をしますと、有害 42 個体から得られたホモ接合数頻度と HW 集団を仮定した本調査のサンプルでは 10 本のサンプルのみ使つたものではその頻度に差はなかつた。それ以下のサンプルを混ぜると HW 平衡のときの頻度分布と違つてくる。シカの集団でもだいたい HW 集団なので、今回のズレは誤判別が問題であると考えられます。DNA 班は手を動かすだけなので論文が書けない。どのようなことが可能かご意見いただきたい。分析成功率に何が影響しているのか？

山内：私の自前の研究でもこれを検討しているのですが、結局セッションをまたいで同じ個体が来る場合もあるし、1 回しか来ない個体もいる、そういうものを含めてバラバラと説明変数を入れていくと、結局それぞれ関連性のないデータを 1,0 データの二項分布にあてはめることは可能なのかという問題に直面している。分析成功しているものについてはデータがあるので、何来たとか分かるが、失敗したものについてはデータがない。

玉手：いずれにせよ、線型モデルでやろうと思っているのですが、DNA 班は今年は手を動かすので急がしい。解析班の協力を得たいと思っています。

釣賀：MM をつぶす作業が残っています。今、6 座位をやっていますが、もう 3 つ座位を追加することを検討しています。1 本と 10 本で何が違うのか？ ということで、必ずしも 10 本のほうが DNA 量が多いわけではない。DNA 量のスクリーニングをして、精度を上げたい。それに今年度の一番の作業は今年度取れた試料分析です。ヒグマについてはサンプル数が少なかつたので渡島半島で集中的におこなう。少數個体でスクリーニングをやっていますが、もう少し増やして、どのアリルがいいのかということをやりたいと思います。

玉手：今回解析班に渡すデータは 10 本のみのデータを渡したほうがいいのか、全サンプルでいいのか。

深澤：モデル班としてはどこかで、10 本以上ならそれで決めて、どこかで出していって欲しい。1 から 10 まで増やしていってどこかで誤判別率が下がるところを見るという大きなテーマになる。

深澤：本数をどんどん増やしていって、期待値とのズレを見るというよりは、10 本以上のデータを入れることによって分布の形の変化を見るというモデルを作つてやる。それだけでも十分に大変な作業なので、今年は人為的に決めてしまった方がいい。

山村：誤判別率はこのデータから出せないのか？

玉手：統計的にできないことはない？

深澤：このデータからではちょっと無理で、独立にやったほうがいい。ミスリーディング、シャドーエフェクト、遺伝的多様性が低い場合に別個体を同じとしてしまう確率などを考慮すれば真の値に近づく。

玉手：誤判別の発生メカニズムは分からぬいが、まとめたデータセットで誤判別の識別が可能かも知れない。

米田：では代替法の方お願いします。

#### <代替法班説明>

東出：昨年度までの成果ですが、3 点あります。動画をご覧ください。タイプ A での動画です。少し斑紋が小さく写ります。これがタイプ B で斑紋が大きく写るのですが、姿勢変化が大きくて正確な撮影にはいたらないのではないかと考えられます。

今年度はカメラ・トラップを用いた個体数推定を空間明示モデルを使って行いたいと思います。カメラ・トラップの構造の修正点は昨年から微妙な修正のみです。それにマニュアル作りです。カメラ・トラップは角材にくくりつけただけのエサを塩ビパイプに入れてトラップハッピー対策と取られにくくすることにします。撮影距離は 3.5-2.5m にします。カメラ・トラップとヘア・トラップの比較は同じところに設置するので誘引力は同じと考えられ、相対的な捕捉能力の比較が可能だと思います。同一地点でヘア・トラップで痛い思いをしたものがヘア・トラップに寄りつかなくなるかもしれないヘア・トラップに

もカメラを設置して確認します。4m 四方のヘア・トラップだとカメラ 1 台ではヘア・トラップの全体撮影は難しいかもしれません、3m 四方なら一応可能です。調査地区は雪のせいで木が折れて林道が通行止めの箇所があったが、おそらく開通しているだろうと考えています。

米田：堀野さんはカメラ・トラップにも精通されていますよね？

堀野：シカでそういうことをやったこともあるのですが、対象も違いますし、コメントすることはないが、道具の性能に依存すると思います。画像解像度が高いものを使えばもっと撮影距離は伸びませんか？

東出：昨年から使っているカメラですと 480 ピクセルのみです。それは動画を使っているからです。ブッシュネルのものですが、新モデルが出ています。新モデルは 1 万円くらい値段が高くなっています。

米田：カメラ・トラップのほうが、現場の担当者には反応がいい。現場すぐに分かるから。自治体では、カメラ・トラップも相当導入される可能性があると思います。

山内：エサは食べられる前提でやっている？

東出：カメラ・トラップではエサは食べられる前提です。

山内：昨年似たようなことをやつたら両方食べられたから、片方しか来ないというのは気にしなくともよいと思う。

鵜野：1 セッションに複数個体来たのは何回あった？ 親子も含めて。

東出：確実に斑紋で識別できたのは 2 個体。それとは別に、一回来るとエサがとられるので個体識別はできないが、体サイズが違うクマが来たことがあった。そういうのを含めると 1 セッションに 3-4 個体というのもあり得る。

鵜野：今回、ヘア・トラップにカメラを仕掛けるのですが、DNA のほうでは今年の試料分析は間に合わない。カメラ・トラップの方で優先してやって欲しい試料があったら、それからやっていく。これはおそらく違う個体だろうということを決めて優先的にやってもらうといい。

東出：その件は後ほどお話をさせていただく。10本以上のものを使うとか決めてしまつて、複数個体と分かっているものを先にやってもらうという手もある。

米田：カメラ・トラップでとったデータは空間明示に適応するのは問題あるか？

深澤：隣同士でやると似たようなデータが出るのは当たり前。それで両方とも上手くいったというのはフェアではない。

東出：交互に置くとトラップ間の距離が長くなってしまう。そのため別のトラップで再捕獲が得られないことを恐れている。

三浦：独立に置けさえすればいい？

東出：どの程度なら独立か？100mか1kmか？

深澤：それはクマの行動によるので、なんとも言えませんね。

東出：ヘア・トラップを写すカメラとカメラ・トラップは別。

深澤：それなら問題ない。クマの行動に影響がない程度に離したほうがいい。お互いの距離を測っておいて、距離による捕捉の動向を見てみたい。

#### <まとめ>

米田：まとめに入ります。今年度はアンケート調査、論文発表をします。それから現地調査、マニュアル作り、モデル班のマニュアル作り。哺乳類学会での発表。

深澤：モデル班の中にソフトを作る技術はない。すでに英語である程度使えるソフトが出ているので、そのマニュアルの日本語訳することが現実的。

山内：SPACECAPもGISを使わなくてはいけないのでけっこう難しい。

堀野：シムバンビなどとはモデルの複雑さが違う。どこかの研究者に頼めばできるという状況を作ることが現実的ではないか。

米田：以上アドバイザーの方から何かあつたらお願ひします。

大井：最終的にアウトプットとしてのマニュアルはあると思うのですが、それぞれの担当分野で高度な技術が必要ですので、担当官というよりも専門的な技術を持った人間が理解できる程度のマニュアルがいいと思う。細かい点を言うと、DNA分析に関しては今回は高い判別成功率だったが、どれぐらいの誤判別率だったら生息数推定にどの程度影響を与えるのかを検討したほうがよい。

梶：地方自治体が使えるモデル作りがこのプロジェクトの目的であります。今まで各県がそれぞれバラバラにやっていたが、何が問題だったのか、それを批判するのではなく、こうすれば使えますよ、という提案が重要。個体数管理が目的ですので、こういうふうにやつたらいいですよ、隣県と一緒にやつたほうがいいですよ、とかいうふうに誘導してやつたほうがいい。

米田：複数の調査のデータの比較は太田さんが少しやっていたので、そちらのほうでも検討してみてもいい。

福山：皆さん、いろいろな他のプロジェクトでも係わられているので、それを持っていますデータをこちらのプロジェクトに使えてしまうという点がある、どこのプロジェクトからの成果なのか明確にしていただいたほうがよい。

房村：中間評価でも言われたかもしれないが、アメリカで大規模にやれば使えるというようなものを、日本の地方自治体が使えるようなものに、できつつあると思うのでそのままやっていただきたい。ニーズに関しては自然環境局の方が持っているのでご相談ください。

佐藤：アメリカでは専任のフィールドスタッフがいるのが大きな違いではないかと思います。

梶：自治体で問題になるのは予算。予算で精度の評価を出せばよいのではないか。これぐらいの値段でこれぐらいの精度ですよ、というメニューを作りたい。

米田：500万円が目安かと思う。500万円でできる個体数推定を目指すという気持ちです。その他、重要事項についてはキーパーソンの間で議論してください。

米田：今後のスケジュールですが、6月20日から現地調査、9月に哺乳類学会、盛岡での講演、現地打ち合わせを10月下旬に札幌で行います。第二回のAD会合は1月に予定しています。

常田：2月の会議のときにも言っていたが、様々な指標による個体数の評価が多くの地方自治体で行われている。そういう方法をヘアトラップによる個体数推定と重ね合わせて、指標の変動がどの程度個体数推定を捉えられるかを検討することが、現場向けには必要なでは？ その点はどうするのか？

三浦：DNA のほうでもデータを使い尽くしているのか？もったいないという感じがする。そういうことは2月に申し上げた。カメラ・トラップもいくつかの県からやらしてくれとの打診を得ている。

玉手：たしかに遺伝学的なこともまだまだ出尽くしていない。ただ、推進費というのはバクチでは困る。遺伝とかは結果を出すのが難しい。そういうことは科研費でやるべき。マイクロサテライトを全く使わないということさえ考えられる。クロクマでは ESE 解析まで入っているが失敗するリスクもある。

米田：その可能性も含めて我々の中で検討したいと思います。

以上 16 時 50 分終了