

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 2 回アドバイザーボード会合
議事録

日時：2012 年 2 月 29 日（火）：13 時 00 分～17 時 10 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）（欠席：梶 光一）

環境省

刈部 博文（野生生物課鳥獣保護業務室 係長）

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立総合研究機構環境科学研究センター・自然環境部・研究主幹）、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：玉手 英利（山形大学・理学部・教授）、釣賀 一二三（独立行政法人北海道立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）、近藤 麻実（地方独立行政法人北海道立総合研究機構環境科学研究センター・自然環境部・研究職員）

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：鷯野 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：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）（欠席：松田 裕一）

研究協力者：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）、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）、諸澤 崇裕（自然環境研究センター）

自然環境研究センター関係者：大塚 柳太郎、藤田 昌弘、高橋聖生

13:00 分開始

<全体概要>

米田：環境省 2 名は遅刻との連絡を受けているので始めます。梶さんは学校業務のため欠席。松田先生も学校行事のため欠席です。このプロジェクトの最後の会議ですので 5 時までかけて話し合いたいと思います。

大塚：テーマも面白いのですが、みなさまがなかよくがんばっていただいているので、よい成果になっている。自然研としてもよい業務に関われたと思っている。できる限り社会に還元できるような業務になっていただけると嬉しい。

米田：今日の予定ですが 17 時までです。今年度の報告を前半 2 時間、まとめを後半の 2 時間で行います。追加の資料がありますのでご注意ください。

米田：クマ類の科学的な保護管理が大きな目標。我々のミッションは日本のランドスケープにあった、自治体で可能な個体数推定法の開発であります。3 年間のプロジェクトですが、初年度は予備調査、DNA マーカーの開発、代替法の撮影方法のレビュー、モデル班は空間明示モデルを作りました。2010 年度に北上山地でヘア・トラップの大規模調査を行いました。あわせて、カメラトラップも予備的に実施しました。平行して北海道でヒグマのヘア・トラップ調査を行いました。さらに、空間明示モデルを適応して個体数推定を行いました。北上山地のヘア・トラップ 2011 年調査は補完調査として、代替法を開発する目的でカメラを設置。ただし、3.11 の災害、それに調査地での 2010 年-11 年冬の雪害の影響で、調査規模を計画より縮小しました。ヒグマでもヘア・トラップを設置しました。それに加えて DNA 分析、個体数推定、調査マニュアルの作成を行いました。来年度は第 11 次の鳥獣保護計画作成年ですが、これには間に合いませんでした。12 次にはこの研究の成果を使っていただきたい。今年度は現地調査、現地での講演会のほか富山で講演会を行い、6 月に第一回 AD 会合、6 月から現地調査を行いさらに、学会発表、ワークショップなどを行いました。そして今日、第二回 AD 会合を開催します。それでは各班 20 分程度の発表と 5 分程度の質疑を始めたいと思います。

<ヘア・トラップ班報告>

米田：ヘア・トラップ班からの報告です。ツキノワグマで 10 分、ヒグマ 10 分で発表します。事前にウェブで資料を配付していますので、詳細についての報告は省略します。今回のヘア・トラップ班の目的は標準法の開発、設置から試料の採集・送付までです。2011 年は図のように北上山地にモデル調査地として調査地を設定しましたが、今年度は検証のためにヘア・トラップとカメラ・トラップを併設しています。これは震災のため規模を縮小しています。ヘア・トラップのうち 20 基にカメラを仕掛けています。これはヘア・トラップに入るクマの確認のためです。調査セッションは 4 セッションで調査期間は 7 月から 8 月です。調査地は昨年度の調査地の北側半分で行っています。ヘア・トラップ設置数は、のべ 400 トラップ・セッションでした。今年は体毛採取効率が 2010 年に比べ良かったが、その原因はよく分かりません。1 トラップ・1 セッションでは 3 割ぐらいのトラップでは採集がありました。また、後半のセッションのほうが採集率が高か

った。80 基のうち 24 基のトラップでは 1 回も採れなかった。図は試料の採集回数を丸の大きさと表していますが、見て分かるように均一に採れているわけではありません。ヘア・トラップの構造ですが、いかに効率的に試料採取を行うかということが重要です。表は外周と対角線で採れた試料数の比較ですが、約半数は対角で採れています。これはクマが誘引物をとろうとして、トラップの中で暴れるので対角線で採れるのではないかと考えます。全体の 2-3 割の試料は対角線のみで採れています。このことから、ツキノワグマに対してはヘア・トラップ内部に対角線を張ることは意味があったと思っています。ヒグマでも同じ傾向と聞いている。過去の研究と比較してもトラップ・セッションあたりの採集効率は良かった。識別個体数ですが、DNA による個体識別の結果ですと、試料を 1 試料にするか 10 本以上にするかということで結果は異なるのですが、10 本以上とすると 2010 年では 157 個体識別。2011 年ですと 64 個体です。カメラ・トラップとの識別個体数の違いはこの表の通りです。再捕獲の状況のグラフは累積新規識別個体の数がセッションを増やしてもまだ増えていて頭打ちになっていません。どれだけ試料がとれていて、試料をどれだけ採集したらよいかに関連して、ヘア・トラップに自動撮影カメラを設置し、どの位置から入ってどの位置で体毛が採集されたかを分析しました。まとめから言いますと、体毛採集があったけど撮影がなかった、撮影があったけど体毛採集が無かったケースが同じくらいありました。これにはカメラの性能や、体毛の脱落などが影響したと考えます。カメラ・トラップでの識別個体数がわずかにヘア・トラップよりも少ない。ただし、これは今後検討の余地がある。都道府県へのアンケート調査では、ヘア・トラップは 13 県で使用意志があるのに対して、カメラ・トラップは 1 県だけとの結果でした。簡単なアンケートですが。まだカメラトラップの導入意識は低い状況です。続いてヒグマのヘア・トラップの説明です。

佐藤：今年度からヒグマでのヘア・トラップの検証を始めました。基本的にはツキノワグマと同じでヘア・トラップの構造としては完成されたものだが、ヒグマでもどのように採集が起こっているのか、カメラを仕掛けて見てみた。調査地は二箇所：北海道南部渡島半島上ノ国、北海道東部の浦幌地域で行いました。それと誘引物を設置しなくてもいい方法ということで、セコスリ木に有刺鉄線を巻いた物を浦幌地域でやってみた。上ノ国では 7 月から 10 月にかけて 10 セッション、10 基のトラップ有刺鉄線は 1 段張りで対角線は張らない、全てのトラップにカメラを設置し見回りは 1 週間に一回です。10 セッションで 165 サンプル採集がありました。カメラで撮れているのに採集がない、採集があるのにカメラで撮れないケースがあった。2 回目と 8, 9 回目のセッションでサンプルが多く採れている。今回の試験ではカメラ・トラップとヘア・トラップを併設しているので、34 回中 6 回はクマがヘア・トラップに入ったのに毛が採れなかったケースがあった。それぞれ個体が大きくて跨いでしまう、小さくてくぐってしまう、起伏のある地形で入りやすいところから入った、のような理由でした。この 17%の失敗ケースをどう考えるかですが、ヒグマは幼獣から大人まで体の大きさが違いますので、対角を張るとか、2 段張りにするなどの工夫が考えられる。どのセッションでもよく採れるトラップがあったり、後半から採れるトラップがあったり、トラップの置く場所によって取れ方が異なる、これはツキノワグマと同じけいこうである。1 回のセッションで複数個体が来たことが確認されたのは 8 回ありました。その内訳は親子と単独個体が複数というのがありました。やはり 1 トラップ 1 試料では過小評価になってしまうかと思えます。毛があったが撮影がなかったということがありましたが、カメラだけではなかなか科学的な判断は難しい。

浦幌でも同様の試験を6基で行い、対角線を張ったトラップで、全てにカメラ・トラップを併設しました。毛だけ採集、カメラだけの撮影のケースがありました。2011年は有害の多い年で、秋になってから安定して採れだした。クマがトラップ内に入っていることは分かっているが体毛が採れなかったのは1ケース有り、それは0歳の個体でした。大型個体は中に入って長時間居座っても採集数が少ないことが分かり、やはり対角線と2段張りが有効と考えられる。外周と対角線での試料採集数を比較してみたところ、対角のみで採集されたのが6.7%と少なく、多くの場合外周でとれた、ただし多くのサンプルが対角で採れているので試料数を増やすという面では対角線は有効。渡島半島でも複数の個体の侵入が確認されました。季節の進行にともなって体毛の採集率が上がっていくような傾向が見られました。背擦り木トラップですが、10本の木で行い、そのうち6本の木で13回体毛を採集しました。毛は採れるのですが、6月の繁殖期にサンプル採集が偏り、大きなオス個体に偏る傾向があることが分かりました。

まとめますと、ヘア・トラップについては場所、季節による異質性がある。対角線、2段張りがより有効、エサを取られないようにしているので1個体での利用が多い。カメラ・トラップだけでは個体識別が難しい。背擦り木トラップについては季節、対サイズに偏りがあるので難しいが、もう少し継続的な試験をしたほうがよい。

米田：23年度のヘア・トラップ班の発表を終わります。何か質問は。

大井：ツキノワグマの調査では先行研究よりも採集率が高かったのは、原因は？

米田：採集率が高かったのは密度が高いからか。比較した先行研究のデータは遠野も含まれているが、対角線を張ったことが挙げられるが、それ以外の原因というのは考え難い。

三浦：アップルベイトだから、一度取られたら終わりだから。本調査では誘引物が捕られないようにしたから、リンゴは1回捕れたら終わり。

米田：実はハチミツも捕られることが多いので捕られたら同じ。トラップへの誘引効果としてはハチミツのほうがよい可能性がある。

米田：効率のよい時期に行ったのもある。

山内：時期によって20-30%も異なる。

米田：DNAの分析効率からも6月から8月までがよいと考えられる。

大井：そういうことを今作っているマニュアルに書くとよいと思います。

三浦：背擦り木は大型個体が多いがオスだとはなぜ分かる？

佐藤：正面から見えた。

米田：次に DNA 班から 23 年の報告をお願いします。

<DNA 班報告>

近藤：DNA 班からは 2010 年の大規模ヘア・トラップの分析結果と 2011 年の分析の進捗状況、執筆中の論文、ヒグマのプライマーセットを開発について報告します。

2010 年の DNA 解析について新しく厳しいルールを設定し、2010 年の結果を解析し直しました。新しく作ったルールでの結果と従来での結果を表にまとめてあります。MM というのはいくつか調べたうち、ひとつだけ異なる遺伝子情報をもっているジェノタイプがあることを 1MM とし、2 つ異なる遺伝子を持っていた場合に 2MM としたということ。6 座位調べて 1MM というのはあまりあり得ないはずなので、新ルールで解析しなおした。新しいルールではこの怪しい結果をなくしたので精度が向上しただろうと考えられる。分析成功率は新しいルールに基づいて厳しく行ったので、分析成功率は下がっているが精度が高くなっている。新しいルールは適合度検定に基づいて設定してある。これに基づいて 2011 年のサンプルについて分析をすすめているところである。1 トラップ 1 試料と 10 本以上で分析は終わった、それ以外の部分まだ分析している途中である。

鶴野：適合度検定ですが、多くのデータから怪しいデータを探すというものです。どのように怪しいかというのは言い切れないところがあるので数値で示したのが適合度検定です。アリのピークが低い場合、ヘテロの場合もホモの場合もあるのですが、DNA の量が少ないことによって、本来あるにも係わらず、PCR の増幅で上手くいかなかったため避けられない。これをはずすのが適合度検定です。図では大量の DNA が含まれる筋肉サンプルから採ったものを黒、体毛サンプルを灰色として比較して示しています。DNA 分析は 6 箇所見ている。4-5-6 ホモというのは、その地域ではあり得ないのに、体毛サンプルからは出ています。そういったものを選択的にカットするということが適合度検定を行っています。そうすると実測値と近くなっていきます。これは自治体レベルではやっていなかったのですが、今回の研究では行いました。こうしてフィルタリングをかけることで正確なデータになってくる。現在論文化中です。

近藤：もう一点、論文にしていることについて、体毛サンプルから抽出した DNA は量が少ないので何度も分析できるわけではない。分析成功率に何が影響をおよぼしているのかを検討しました。先行研究からは調査を実施する時期によって良い時期がありそうでしたが、今回改めて検討しました。2010 年の大規模調査の結果をさきほどの厳しいルールにしたがって分析。分析結果の正否を従属変数、調査日、機関、時期、毛が濡れていたかななどを説明変数とし、トラップをランダム効果に入れて GLMM を行った。選択されたモデルによると、体毛数は多いほどよく、調査日が遅くなると悪く、濡れていると悪くなった。体毛が多いほどよいというのは DNA 量が多いので容易に説明がつく。濡れについての考察はスライド参照。オレンジの点が回収日に乾いていたサンプルの成功率、青い点が濡れていたサンプル。さきほどのモデルとは違って 6、7 月は濡れていても成功率が高い。8 月は濡れているものでも成功率は低い乾いているものは高い。ただ単に濡れているかどうかではなく、複合的なものが成功の正否に関係するのだろう。まとめとしては毛の

本数が重要。なぜ濡れていると成功率が低いのかは分からない。また、回収日に濡れていたかどうかは分からないので、回収までに暴露された環境を記録するための実験デザインが必要。体毛状態が濡れているとか、そういうことは人間がコントロールできるものではないので、できる努力としては時期を7月末までに終わらせること。複数機関が遺伝子分析に係わる場合は共通のルールが必要。自治体がやる場合は何年かおきに行うことになるが、比較のためには統一されたルールが必要。というのが論文の概要です。

ヒグマでもマイクロサテライトマーカーは今まで使ってきたが、使ったこのとの無いものを使ってみた。4塩基配列のマーカー23座位の増幅を試したうちPIDの低いものを探しました。材料は石狩地域のヒグマ45個体を使っています。結果PIDが0.02以下になったのは8個座位。4塩基反復にも係わらず、3反復などになったものを省いて、最終的に3座位を選んだ。今まで使っていた2塩基反復のマーカーでもPIDが0.02以下になるものを探した。これらを合わせてマルチプレックスの組み合わせを検討しました。PIDの小さいものを選んだ結果を表に示しました。マルチプレックス3が2つあるのは、4塩基反復は微妙な波が出るので、2と4は混ぜないようにしてMPを組んだ。マーカーの組み合わせによってはおかしな増幅をしてしまうことがある。図のように小さなピークが出る組み合わせがある。

玉手：補足するが、モデル班に渡すデータが何であるかとうことを明らかにしておく必要があるが、12月に渡したものは厳しい解析にかけたもの、1トラップ1試料になるようにしたもの渡している。ただし、1本でもデータが取れないことはない、これも最終的には解析する。

米田：質問は？

大井：適合度検定をする場合は、体毛から抽出するDNAよりも完全に濃度の高い、血液、筋肉を調査地を含む地域からとってこないといけないのか？そのときのサンプル数は？

鶴野：そのとおり、リファレンスを含む集団から採ってくる必要がある。その集団内の期待値をもつものが必要。サンプル数は20。

玉手：いや50は必要。その集団でHW平衡になっていることを確認する必要がある。そのなかでランダム交配していることを確認しないとイケない。今回手適合度検定ができたのではサンプル数が多いから。おそらく、自治体で行う場合は100はサンプルが必要。自治体ではできないはず。自治体で個体数推定のためのDNA分析をやる場合は5-6はカットしたらどうかという提案はできるとのこと。

大井：PCR成功率に季節変化がある。7月末までの成功率が高いというのは全国どこでも言えることか？

近藤：なぜこのような結果になるか踏み込めていない。例えば気温などは西日本では違うだろう。全国的にこれが言えるのか分からない。毛の状態については、どのセッションで採れたかは分か

るが、回収した日の状態しか分からない。8月だと気温が高いので、DNA分解酵素の活性も高いと思うが、何時間環境にさらされたかわからない。気温とか環境と合わせて考察することができず、ブラックボックスである。

山内：岩手の演習林ではトラップの利用率はあまり変わらないが8月になると分析成功率が下がる。秋になると成功率はやや回復するのだが、秋になると切れ毛が増える。7-8月が剛毛の生え替わり時期、それが影響しているのでは。

三浦：8月下旬の濡れたデータが飛び値でこれがGLMMの結果を引っ張っている？

近藤：そのとおり、6、7月のデータだけでGLMMを行うとこのモデルは選ばれない。

山村：交互作用を入れた方がいい。この解析では交互作用がありそう。分析機関ごとに分析成功率が異なると思うので、それを解析すれば、どのような方法で行えば分析成功率が上がるか分かる。

米田：初年度にレビューしたときに4塩基がよいのではという話があったと思ったが？

玉手：ツキノワグマでは2塩基も4塩基も使っている。4塩基のほうが読み取りは楽だということはあるが、岩手県ではこうだったという事例を出すだけで、4がいいということを鵜呑みにされないような発表が必要。提案したマーカーのリストの中から選んでいただければいいと思う。

諸澤：送っていただいた分析結果の確認をしたい。2010年は4、5、6ホモを削除したということですね？

近藤：2011年は5,6ホモカットしたものを解析班に渡しました。

諸澤：4ホモを切るか切らないかによって全体の結果はどれくらい変わってくる？2010と2011年の個体数推定結果の違いの考察にしたい。

山内：岩手のものだと、10本以上で5セッションまでに20頭、93%成功で20頭、全サンプルだと70%成功で24頭なので確認頭数は増える。サンプル数は3倍になり確認頭数はわずかに増える。

米田：では代替法班をお願いします。

<代替法班報告>

東出：昨年度までの成果の概要ですが、スライドの4点について行い、このような成果が出ています。23年度は80基のカメラによる個体数推定とヘア・トラップとの推定値との比較です。カ

メラの実用性の検証と調査手引きを作成するのが目的です。調査手法は北上の調査地点で 80 基のトラップを設置しています。調査地点はヘア・トラップと同じです。トラップはタイプ A というものです。動画をご覧ください。2010 年は裸のままエサを掛けていましたが、2011 年は塩ビパイプに入れて取られにくいようにしています。サンプリングの結果ですが 400 トラップ・セッションのうち 113 トラップ・セッションでクマを確認しました。カメラの故障でいくつか無効トラップがあります。これは 2010 年と同じカメラを注文したのですが、感度が異なり、撮影のバーストが起こってしまったものです。1 セッション目の無効は全てバーストによるものです。2 セッション目以降のバーストはクマによる破壊などです。それを除くと 34% で撮影成功。1294 のクマの撮影のうち 49% で斑紋撮影。エサがあるときの方がいないときよりも成功率は上昇します。色々なクオリティーで撮影されるが、A、B のクオリティーでは個体識別可能。A、B の割合は 57% 2010 年では 37% だったが少し下がった。大規模で行ったことにより劣悪な調査地点も選ばざるを得なかった点などが挙げられる。しかし、37% というのは 1 回の撮影に対する成功率なので、1 回の訪問での成功率はもっと高いです。斑紋撮影失敗原因は、エサに興味がないこと、これは現在のところ対策はありません。カメラをいじくってカメラの向きが変わってしまうことです。エサを取られたあとは成功率が下がる。これはクマがカメラの前で背中を向けてエサを食べているから。もっと強固にカメラを固定すること、体勢変化による斑紋の変化を安定させられればいいのかと思っています。

個体識別ですが 54 個体が識別され、その中で再捕獲されたものは 25 個体でした。動画データから比較的容易に個体識別可能であることが分かり、個体数推定ができました。カメラ・トラップの調査手引きをホームページで公開しています。読んでいただいてご指摘いただければ幸いです。

既存手法との比較ですが、ヘア・トラップとカメラ・トラップでの調査精度について検証しました。2 セッション目以降で比較しています。出てきた値にほとんど差がないということが分かると思います。ただし、ほとんど同じ地点で設置しているのですが、同じトラップサイトで補足されることが 64% しかないことが分かります。トラップの見回りの際にエサの有無も記録しているのですが、エサがないにも係わらず、採集失敗はヘア・トラップで 6% カメラ・トラップで 9% あった。ヘア・トラップでは跨がれたこと、カメラ・トラップでの失敗は全てカメラの故障であった。もう一つの可能性はどちらかにしか来ていないことです。距離が離れるにしたがってサンプル採集の不一致率が上がっていきます。個体識別の整合性ですが、識別個体は 66% で一致。不一致が生じた原因は個体が異なっていたパターン、ヘア・トラップの識別個体が多いパターン、カメラ・トラップ識別個体が多いパターンがあります。

カメラ・トラップでは設置してから何日目に撮影されるかが分かるので、採集スパンの設定に役立つと思い、採集があった日をグラフにしました。全体を見ますと 2 日目以降に利用率が高く 6 日以降は低いので現在の 10 日ごとは最適かもしれない。グラフはセッションと利用率ですが、季節が進むごとに利用率が増加していきます。5 セッション目からは下がり始めるように見えます。初回確認の理論値は減っていくはずなのですが、減っていきません。調査期間が長いと利用する地域が変わるからではないかと思っています。

論文は 1 本リバイス中、3 本は執筆中です。

米田：食痕 DNA のマニュアルをまとめた青井さん、マニュアルについて何かありますか？

青井：マニュアルのとおりでいいと思います。DNA 分析が必要ない点がいいと思います。

米田：方法としてはできた、ただ、今回ヘア・トラップも併設しているので、それを考えると解釈に困る？

東出：それについては原因が明確なものもあります。

山内：カメラが壊されたのはカバーがあったのか？

東出：ないです。破壊の予防に金をかけるのでしたらカバーをかけてもよい。カバーをかけても感度は落ちない。

山村：ヘア・トラップとカメラ・トラップの食い違いは誤差？その誤差も真であるとして解析するのか？

東出：そもそも、まったく同じ地点に設置したわけではないので、識別個体の違いがどちらかのミスとは言えない。採れるかとれないかは必ず採れるわけではないので、採れたデータからどうするかということになる。

米田：画像解析はどうなったか。

東出：現状では目視でよい。

鵜野：モデル班の話に続くのかも知れないが、最初米田さんがレビューでおっしゃっていた点について、どのデータをカメラとの比較に使っているのか？DNA の識別とカメラでの識別を個別に比べられたら面白い。

東出：諸澤さんにももらったデータなので同じもの。相違が生じている部分で、似たようなものを違うとしたときにカメラでは似たようなものを同じとしたというおうなことがあったらよいかと思う。

米田：最終的に我々はコストパフォーマンスがよくて容易なものというところです。どちらがよいのかは後で全体で討議したいと思います。

<モデル班報告>

諸澤：モデル班は 2010 年と 2011 年の比較、さらにヘア・トラップ、カメラ・トラップの比較、

それにトラップの数、つまり 1km^2 に 1 基にするのか 4km^2 に 1 基にするのかなどの見極めを行って行きたい。それにセッション数の検討、空間明示モデルと統計解析ソフトの R の一部である SPACECAP というパッケージの比較を行いました。SPACECAP が行動圏中心の候補地が格子状になるという点が異なるが、ほぼ同じことを行っている。2010 年度と 2011 年では DNA 識別基準が若干違う。カメラ・トラップは 1 セッション目は誤作動が多かったのも、ヘア・トラップのセッションも 2-5 でそろえた。トラップ数とセッション数を変化させた場合については 2010 年のものからランダムにデータを抽出し、個体数推定値の変化を見ました。単位面積あたりのトラップ数を減らしていったときにどのような推定値になるかを見ました。また、2010 年のうち 4 セッションをランダムに選んだもの、5 セッションをランダムにえらんだものを抽出しました。

全データでの密度推定の結果は 2010 年と 2011 年では 2 倍の差が出た。ヘア・トラップとカメラ・トラップの密度推定の結果はカメラ・トラップとヘア・トラップではほとんど同じ推定値の値を示しています。空間明示型ベイズモデルと SPACECAP では 2010 ではほぼ同様、2011 年とカメラ・トラップについても、95%信頼区間は若干の違いはあるが、ほぼ同じような値を示している。トラップ数と密度推定結果の図では、 4km^2 に 1 基ぐらいでしたら良い結果になると分かります。セッション数については少なくなると 95%信頼区間が広がるので多い方がよいが、予算によって 4 セッションを目処に調整可能。まとめると、

2011 年と 2010 年の密度の違いは行動圏の年変動が原因かも知れない。1.5 倍くらいの移動距離の変化があるので、それが原因かも知れない。個体群レベルで大きく移動しているといえるのであれば、DNA による 2010 年と 2011 年の識別個体の違いを見れば、その移動を見ることができるのではないかと。ヘア・トラップとカメラ・トラップでは大きな差はない。SPACECAP と空間明示型ベイズモデルでも差はあまりないので、自治体にも注意すれば使用可能かと思う。

米田：深澤さん、補足がありますか？

深澤：SPACECAP はセルの中に行動圏を落とすので、セルサイズを無限に小さくすれば空間明示型ベイズモデルと等しくなる。セルサイズが大きくなれば推定値のばらつきは大きくなる。従って SPACECAP の方が行動圏中心に関して解像度は低い。行動面積がセルサイズよりも小さければうまくできない。それと 2010 年と 2011 年で DNA のやりかたが違う、おそらく密度も違うので比較する意味はないのでは？

諸澤：もちろんそうであるが、遺伝子のデータとしてはそれほど変わらないという認識だった。

玉手：4 ホモは 2010 では入っていないで、2011 では入っている。4 ホモなどのデータを合わせれば、2010 と 2011 を同じ基準にすることは可能。あまり変わらないと思うが、4 ホモで全体の中でオンリーワンはあったのだが、そでらどれぐらいだったか今は思い出せない。再捕獲率はどうか？

諸澤：確認しないと正確ではないが違いは 10% くらいだったと思う。

玉手：4 ホモの効果で変わるとしたら、 n は変わるが分母が変わるだけなので、推定値に大きな違いはないのではないか？

米田：2010 年はずっと新規捕獲が増えているが 2011 年は後半のセッションでは新規捕獲が少ないという傾向はあった。

深澤：再捕率はモデルで推定しているので、それが変わったところで推定結果は頑強であるはず。本当に密度が変わっているか、モデルで表現仕切れないかのどちらか。比較するなら DNA のほうを統一してからいいと思います。

釣賀：2010 と 2011 ではデータセットの内容が異なるからではないか。2010 年は全サンプルから確度の高いデータのみを使用したが、2011 年は 1 トラップ 1 サンプル以外の 10 本未満サンプルのデータを含んでいない。

東出：それでは、カメラで個体識別できなかつただけという可能性も出てきてしまう。

山内：うちでやった調査では一部調査地が重なっているが、これほどは変わらなかった。2010 年は 0.4 ぐらい。

玉手：オンリーワンの数も 10 本以上のときと 1 本も含めるときとで異なってしまう。同じ基準でやったほうがよい。DNA 班としてはそれほど時間はかからずにデータを出せると思う。

山村：推定の対象地域は同じ？

諸澤：2010 年の北側半分を 2011 年にやった。

三浦：トラップに接近してヒットすればヒットの確率で推定するわけですよね。生まれつき全くのトラップシャイは想定していない？

諸澤：SPACECAP では解析にトラップシャイの効果を含めることが可能。

東出：それは一回でも来たものの話。1 回来たものが次ぎに来やすくなるということ。

諸澤：行動圏中心がトラップが周りにないところに落ちるので解決可能。

深澤：それは来たものの話で、捕獲されたものとされないものは共通の性質をもつことを仮定しないと標識再捕獲はできない。

米田：SPACECAP は自治体でも使用可能かも知れないが、全体まとめのときに改めて議論したい。

－休憩－

<3カ年研究のまとめと今後の課題>

米田：では会議を再開します。まず私のほうから3年間のこの研究費の成果をポジティブにまとめます。次に各テーマの課題について議論します。3月9日に最終のヒアリングがあります。成果がどうあったかということですので、まとめてあります。私のほうからは、なぜクマの個体数を推定するかということですので、工学関係者では当たり前に使っているのですが、測ることができなければ管理できないということがありますので、個体数を推定することが必要であります。我々としては測るだけではなくて、都道府県で使えることを目標としています。個体数推定は従来から標識再捕法、直接観察法などがありました。個体数推定の課題として精度、コスト面での課題がありまして、最近出てきたのが遺伝的標識、カメラ・トラップというものがあります。ただし、これらは手法が確立されていないので、それが我々の課題です。研究メンバーは10機関13名ポスドク、アドバイザーなどにご協力いただいています。今年度は雪害の影響と3.11の影響がありました。研究費の1割が人件費、35%がヘア・トラップの設置見回り試料回収、45%がDNA班の分析、残りがモデル班と代替法班、モデル班はほとんど旅費しか使っていません。

ヘア・トラップ班の成果です。ヘア・トラップ法は手順としては簡単で、トラップを設置して回収して分析して解析して推定するというものです。何が問題かということ、これまで方法がまちまちであったことです。調査地は岩手と北海道で3箇所です。岩手県の調査地面積は、2010年が約600km²、2011年が330km²でした。ツキノワグマに関しては2010年に大規模調査を行って大量のサンプルを採集した。時期は初夏がよいという結論をだすことができた。トラップの構造としては対角線があったほうがよいという結論です。2010年の岩手県北上山地のヘア・トラップ調査では、従来法報告に比べ密度が高くなりました。しかし、2011年暫定推定値では密度が下がりました。ヘア・トラップ法でやると精度が高いから密度が高くなるという結論になりそうだったが、2011年の暫定値ではそうはならなかった。それについては考察中です。ヘア・トラップの誘引物に関し、ヒグマではハチミツではなく動物性のエサがよいという結論でした。

DNA班の成果としてはマーカー、分析プロトコルの確立があげられます。北上山地で採取した約3000試料分析していただいた。ツキノワグマではよいマーカーを開発し、性判別も行った。またデータの較正方法も開発した。DNA班の課題は微量のサンプルから分析するので、ジェノタイプングのエラーが出る可能性があること。これはオンリーワンフィルターをかけることによって解決した。遺伝的有効集団サイズ推定法の開発を行いました。それにウェブサイトをアップしましたが、分析環境の共通プラットフォームを作りました。

代替法班としてはカメラ・トラップ法による個体識別部位を検索し、斑紋が標識になり得ることを確認しました。そして、その野外での撮影方法を開発し、マニュアルを作成しました。ヘア・トラップとカメラ・トラップの比較では経費としては、直接経費はカメラ・トラップはDNA分析がない分安く済みます。ヘア・トラップはDNAの分高い。ただし、これは前提条件が変わってきます。ヘア・トラップ法とカメラ・トラップ法の比較では議論はありましたが、北上山地モデル調

査地の推定生息密度に関してはだいたい同じ結果になりました。代替法班の成果として、食痕 DNA からの個体識別もマニュアル化しています。

モデル班は、従来のモデルではどのトラップでも採集確率は一定という仮定があり、トラップを均一に配置なくてはいけなかった。日本のランドスケープでは等間隔の配置は困難なため、空間明示型ベイズモデルによって不均一なトラップ配置でも対応可能なモデルを開発しました。結論から言えば、いくつかの非空間明示モデルよりも精度が高いということを確認しています。今年には公開フリーソフトの SPACECAP も検討し、ある程度使えるということがわかりました。モデル班の法からヘア・トラップのほうに、セッション、トラップ数を最小の努力量でどのような精度が得られるかフィードバックしていただき、トラップ設置の努力量とコスト面の検討も行いました。

論文は発表済み、投稿中、執筆中合わせて複数あります。マニュアルについては優れたものを作成していただいています。ただしモデル班に関しては、マニュアルだけでは間違ったモデル適用のおそれもあるため、マニュアルなしです。成果の普及方法として、調査マニュアルの配布、ウェブサイトからの情報発信を考えています。統合版マニュアルとしては統合版で 20 ページのものを予定しています。今回の 4 つのサブテーマの成果とクマに関する一般事項を載せます。

まとめとしては、カメラ・トラップ、ヘア・トラップではどちらの方法でもよい。ただし、ヘア・トラップ法はカメラ・トラップ法に比べて個体識別能がよい。一方、初期のカメラ購入費を除くとヘア・トラップはカメラ・トラップよりも高価。ヘア・トラップで行う場合は DNA 判別エラー解析が必要です。個体群モデルはよいものができた。簡便な SPACECAP を使うときは専門家の意見を伺う必要があります。

2010 年の結果を見ると、岩手県では従来のクマ類の生息数推定値は過小だった可能性がある。大量出没のときに捕獲数設定を大きく越えた県では、捕獲数設定と生息数推定精度に疑問があります。本研究の結果を踏まえた、生息数の推定の見直しが必要ではないかと考えます。一方、ヘア・トラップ法において、採取全試料の DNA 分析はコスト面から不可能と考えます。得られたサンプルからどのようにサブサンプリングするかが課題です。カメラ・トラップ法では、画像解析の自動化、効率化が今後さらに必要かと考えます。以上がまとめです。これを 3 月 9 日に話す予定です。今の話について訂正がありましたらお願いします。

<総合討議>

山内：米田さんが提示された北上・岩手でのクマ密度は外挿の問題がある。岩泉という、おそらく密度が高い地域で調査をやっている。これをやれば県全体の密度が高くなるのは当然。環境保健センターの調査は県全体での話。どのように外挿するかの問題。

米田：確かに単純に、棲息密度に生息域全面積をかけるは間違いでした。先ほどのスライドはどちらにしろ、2011 年のデータを踏まえて再検討します。

山内：外挿の問題は今後議論しないのか。岩泉の密度をどのように県全体に応用するか？

常田：その問題はそっくり残った。

玉手：それは24年度の調査でやって欲しい。

大井：既存技術を広域に展開するための方法、個体群存続の確率の推定、今捕られている数が適正かどうかという調査研究を、来年度からの環境総合研究費に応募していたのですが、不採択になりました。

米田：本推進費で残っている課題は、研究成果として論文を出すことと、行政にマニュアルを提示することです。ただし、DNA分析がネックになって論文化が少し遅れている。しかし、いくつか出版されたものもあります。鶴野さん、高橋、東出さんも投稿し、査読中である。

福山：最終的に5月までにアクセプトされていれば評価の対象になる。

間野：印刷中ということであれば、昨年の哺乳類学会のものはアクセプトされている。

米田：投稿中は太田さんの論文を入れると4編。そのほかに執筆中のものが複数あります。モデル班のほうもお願いしたい。ウェブページはクローズだったのを公開しました。研究概要、会議記録などを公開しています。報告書も公開しています。DNAの共通プラットフォームも載せてあります。データだけは非公開です。現地調査のページでは撮影された映像を公開しています。解析データとトラップ班で取った整理した元データを公開してもいいかと思っています。データを用いて誰でも解析してくださいという趣旨です。

米田：質問、議論お願いします。

山村：どれだけのセッションでどれだけのトラップ数があればいいのかという点について、必要な数を直感的なグラフになされていたが、数値を決めて、つまり信頼限界をいくつ以内にするならいくつ以上のトラップが必要かというふうにしたほうがよい。そでができないなら相対的な精度を表示したらどうか。もう一点、偏りがあるので、ランダムではなく、レギュラーに間引いてみたらどうか。

諸澤：検討してみます。

大井：トラップ密度についてコメントですが、精度が悪くても同じトラップ数ならば広域からデータが得られる。精度が悪くても抽出率が良くなる。そのことによって別の精度が上がる。その天秤をモデルで上手く検討できないか？それと個体群によって求められる調査精度が異なる。ラフでいいところはそうするようなマニュアルにしたほうがいいのではないか？

常田：要するに使う方の側からみたときに、その個体群が小さく、孤立している場合と大きな個体群である場合に使い方が違ってくるということを提案すればよい。

福山：2倍の推定精度の差をどのように説明するのか？1年で2倍も変わることに不信感がある。これについて説明できるように、失敗なら失敗、そうでないならそれなりの理由を考えたほうがよい。

大井：年度を越えてのクマ個体の一致度は検討できるのか？

玉手：時間さえあれば可能。

米田：現場班としては印象として北上山地の状況に2010、2011年に違いがあったか？

藤田：2010年は13頭のクマを目撃したが、現場でのクマの遭遇数から言って2011年はいなかった。

間野：調査地はそれなりに大きかったと思うが、空間的に一斉にクマが移動してしまうようなことはあるのか。

藤田：なんとも言えない。

釣賀：食べ物はどうだった？

東出：2011年堅果は豊作。

藤田：イチゴが2011年は不作だった。

青井：堅実は秋だから関係ない。エサ条件でそんなに変わるとは思えない。

米田：識別個体の再捕獲の割合が違う。サンプル数も努力量にだいたい比例している。2011年はセッションごとに再捕獲割合がやや増える。これだけで推定値が変わるのか？

深澤：再捕獲率はモデルから推定するものなので、ベースとなる個体数が分からなければ再捕獲率が変わっても推定値が頑強である。

間野： σ は？これが大きければベースとなる面積が広がる。

深澤：その可能性はある。

諸澤：2011年のほうが1.5倍大きい。

釣賀：DNAの個体識別の2年間の比較を行って見たい。レンジが安定しているメスだけでやってみるとするのはひとつの方法である。

米田：モデル解析についてのコンサルティングについては？

諸澤：ご相談したいのですが、空間明示型ベイズモデルやSPACECAPの使い方の相談先に自然研はもちろん入っているのですが、深澤さんの他に山内さんも相談先に加えさせていただきたい。

山内：了解です。

米田：DNA 班に確認しておきたいのですが、マッチングが影響している可能性はないか？

釣賀：そのルールというよりもサブサンプリングをやったかやらなかったかという方が重要だが、その可能性はある。2010年と2011年では少し違う。2011年はまだ識別個体数が増える可能性がある。

玉手：当面の締め切りがあったので2011年はサブサンプリングをした。2010年を2011年に合わせることは可能。逆は無理だが、それは今週中にはできる。

鵜野：北部のほうが密度が薄かっただけでは？

山村：2010年の北部だけを抽出したデータと2011年で比較しているのだから、条件は同じ。

三浦：2010年はこういう結果であり、2011年はなお検討中でよいのでないか。

間野：カメラのデータでも連動して低くなったのか？

東出：カメラは2010年は行っていないので比較できない。

福山：評価委員会が思うこととして、なぜ個体数推定が必要なのか？保全管理の問題として、多いときは捕ればよい。では低密度のときにこれは使えるのか？普遍的にクマがいるところでこのような調査をやる必要があるのか？低密度で使えるのかという点。北上以外の急峻なところではどうなるのか？皆さん予測はあるでしょうが。ヒグマとツキノワグマの違いについてはっきりさせた方がよい。カメラ・トラップはヒグマには使えない。ツキノワグマについては幸いなことにカメラ・トラップが使える。そのような将来像を含めた使う側に対する選択肢を出さないと、北上ではこうだったという成果だけだと言われてしまう。密度推定できたのか？という質問に対して結果と解釈を説明できるようにしてほしい。

三浦：なぜ個体数を、大井さんのプロジェクトとつながれば良いと思っていたのですが、測れる物は測ったほうが良いという導入でいいのか？そうではない。各都道府県でクマの管理主体が県に移っていて、各県で個体数を推定していますと、これを言ったほうが良いと思います。クマに対する問題意識は「クマが出てきたらどうしたらいいのか？」という点。

福山：被害のことを言ったほうが良い。

玉手：環境省の予算として、特定計画を作るに当たって具体的な方法が必要で、そのための測り方を検証するという言い方でいいのではないか。データは実はさかのぼれる。2007年、2008年の過去にさかのぼっても推定できることを言ってほしい。それに、サンプルのDNA解析を少なくできる。これは自治体からニーズが高いのでマニュアルに書いて欲しい。

玉手：新ルールというのはコストを削減するためのミニマムですから、それを根拠にしてもらってかまわない。

間野：どのようなマニュアルでも全ての場合を想定できないので、都道府県で実施する完全にマニュアルどおりということにはならない。

米田：確認ですが、カメラ・トラップは代替法になり得るのか？

三浦：代替どころではなく、確立した方法である。

東出：そもそものカメラ・トラップは金がないときのための方法。複数の方法を提案できたことに意義がある。それぞれの結果をみていただいて判断していただければよい。

福山：どちらがどのくらいコストがかかるのか？

米田：5セッション100基くらいだったらヘア・トラップが500万円くらい。カメラのほうが100万安い。

常田：地域的にツキノワがない個体が多いところではカメラは使いにくい。

福山：DNAの技術は年々発展しているので、コストは安くなる可能性がある。ヒグマもあるのだから、全国的にはヘア・トラップという話にして、カメラも場所によっては使えるという話にしたほうが良い。

常田：DNAは国民総背番号のようなバーコード的な面がある。

福山：ヘア・トラップは遺伝的な親子関係とか系統とかわかるので、ヘア・トラップも発展性がある。確かにカメラ・トラップも良いが安易にカメラ・トラップでいいと言ってしまっはいい

ない。

釣賀：マニュアルでは多面的に二つの方法の特徴を評価して欲しい、カメラ・トラップでは親子率が出せるでしょうから、そのようなオプションが可能であるというようなことが書かれていればいい。

米田：ヒグマも入れて DNA 分析方法のマニュアル差し替えをお願いします。

釣賀：ヒグマで候補になるマーカー一覧を挿入する。

米田：ウェブで公開しているマニュアルについて指摘がありましたら、私宛とそのマニュアルの著者にメールいただけたらと思います。

三浦：2011 年の北上山地での調査目的は検証であり、年変動をみることが本来の調査目的ではないので、そこまで気にする必要はない。

釣賀：2011 年の比較できる推定値を出す必要はないのではないかと？内部ではなぜそうなったかという検討はしなくては行けないが。

堀野：相談窓口の話では、ヘア・トラップ、カメラ・トラップの全体に対する窓口ですよ。

米田：マニュアルには自然研の名前があります。ウェブに自然研と玉手さんが窓口のようにして書いてある。

米田：最後にみなさまにか一言ありますか？

大井：3 年間みなさまご苦労さまでした。生息数推定について一定の成果があったと思います。

山村：大変よくまとまったと思います。

環境省：この成果が都道府県に活用されていけばいいと思います。

福山：最終的な内容について皆さんで議論されたらいいと思います。3 月 9 日の会議はクローズな会議です。司会は私がやります。3 月の業務報告書。これは 2011 年にやったものだけを書いてください。全体の報告書は 5 月 14 日に書いてください。英文はアブストラクトだけでよくなりました。ヒアリングは参考です。評価は報告書によってされます。一応ヒアリングに対応したほうがいいと思います。一般向けの成果報告会があるかと思いますのでよろしくをお願いします。新規課題は震災のせいで 30%削減で厳しかったので、めげずをお願いします。クマをやるにしてもテーマを絞ってをお願いします。

玉手：標識再捕について、母集団の遺伝構造とサンプルの遺伝構造が異なるということが言えれば、捕まったやつとそうでないものは違うということができる。SNP 遺伝子解析でも面白い結果が出ました。これは慎重さとか、好奇心に関する遺伝子ですが、ここに変異がある個体が狩猟個体に比べて有害などでは捕獲されやすいと、ヘア・トラップで採れたんものは有害のものよりのさらに変異をもつサンプルが多いということを示唆する結果が出た。Ne について、連鎖不平衡が使えるぞという論文が出た。それらを掘り下げていきたいという希望もあります。

常田：クマの管理の現場にとって推定個体数の根拠が脆弱であり、社会にとって説得力をもって管理の方針を打ち出せない。方法としてはじめをつけていくチャンスがあればいいと思っている。

米田：これで本日の AD 会合を終了します。

17 時 10 分終了