

Environment Research and Technology Development Fund

平成 22 年度環境研究総合推進費 中間研究成果報告書

クマ類の個体数推定法の開発に関する研究
(課題番号 S2-10)

平成 22 年度報告書 (ERTDF 中間報告)
(平成 21～23 年度)

Research on Estimating Population Size of Bears in Japan
Interim Report (FY 2010)

2011 年 (平成 23 年) 3 月

財団法人 自然環境研究センター
独立行政法人 森林総合研究所
地方独立行政法人 北海道立総合研究機構
岩手大学
山形大学
横浜国立大学
早稲田大学
岩手県環境保健研究センター
株式会社 野生動物保護管理事務所

環境省
総合環境政策局総務課環境研究技術室
環境保健部環境安全課環境リスク評価室
地球環境局総務課研究調査室

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（課題番号：S2-10）
2010 年度（平成 22 年度）研究グループおよびアドバイザー

（１）ヘア・トラップ法による個体数推定法の確立（ヘア・トラップ研究班）

米田 政明（自然環境研究センター、研究代表者）

常田 邦彦（自然環境研究センター）

間野 勉（北海道立総合研究機構）

（２）個体数推定に関わる DNA 分析法の確立（DNA 研究班）

玉手 英利（山形大学；DNA 分析研究班代表者）

釣賀 一二三（北海道立総合研究機構）

山内 貴義（岩手県環境保健研究センター）

湯浅 卓（株式会社野生動物保護管理事務所）

（３）補完法・代替法の開発（補完法・代替法研究班）

三浦 慎悟（早稲田大学；補完法・代替法研究班代表者）

青井 俊樹（岩手大学）

（４）個体群モデルによる生息数及び生息動向分析法の確立（個体群モデル研究班）

松田 裕之（横浜国立大学；個体群モデル研究班代表者）

堀野 眞一（森林総合研究所）

ポスドクフェロー・院生研究員

鵜野 レイナ（慶応大学先端生命科学研究所）

近藤 麻実（岐阜大学大学院）（平成 23 年 1 月より北海道立総合研究機構）

東出 大志（新潟大学大学院）

アドバイザー

大井 徹（森林総合研究所）

梶 光一（東京農工大学）

山村 光司（農業環境技術研究所）

研究代表機関

財団法人 自然環境研究センター

〒110-8676 東京都台東区下谷 3-10-10

Tel.03-5824-0960（代表）、Fax.03-5824-0961（事務局）

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（2010 年度）報告書
（ERTDF 中間報告）

目 次

平成 22 年度研究成果要約	i
研究の背景と目的	
平成 22 年度研究の目的と組立	1
1. ヘア・トラップ法による個体数推定法の確立	
1.1 北上山地における大規模ヘア・トラップ調査	5
参考資料：ヘア・トラップの設置・見回り・試料回収作業の手引き	14
1.2 北上山地大規模ヘア・トラップ調査による試料採取	30
1.3 北上山地大規模ヘア・トラップ調査における DNA 識別個体の捕獲記録	43
2. 個体数推定に関わる DNA 分析法の確立	
2.1 個体数推定に関わる DNA 分析法の確立	50
2.2 クマ類体毛サンプルからの DNA 抽出と分析効率の季節性（ヒグマ版：予報）	60
3. 補完法・代替法の開発	
3.1 ツキノワグマの個体識別における斑紋パターンの有用性	65
3.2 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	73
3.3 カメラトラップによるツキノワグマ密度推定の試み	80
4. 個体群モデルによる生息数及び生息動向分析法の確立	
4.1 標識再捕獲法に基づく密度推定手法の精度検証	84

平成 22 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 22 年度研究成果要約

1. 研究の背景と目的

クマ類は日本の野生動物の中でも、その生物学的特性および社会的要請から、保護管理に特に注意が必要な狩猟獣である。保護管理では、個体数あるいはその動向は不可欠な情報である。クマ類の個体数推定のため、いくつかの調査法が試みられてきた。しかし、クマ類の個体数あるいはその動向を高精度にしかも費用対効果の高い方法で推定する方法は確立されてない。日本のランドスケープに適した、地方自治体等で実施可能なクマ類の個体数推定及びモニタリング手法の開発を目的として、平成 21 年度より本研究を開始した。平成 22 年度本研究では、DNA 標識・再捕獲法を応用したヘア・トラップ法による個体数推定法の確立を主な目的として、平成 21 年度研究成果を踏まえた大規模ヘア・トラップ調査に重点をおき、相互に関連する次の 4 つのサブテーマに関する研究を行った。

- (i) ヘア・トラップ法による個体数推定法の確立に関する研究
- (ii) 個体数推定に関わる効果的な DNA 分析法の確立に関する研究
- (iii) 補完法・代替法の開発に関する研究
- (iv) 個体群モデルによるモニタリング手法及び生息推定法の確立に関する研究

2. ヘア・トラップ法の確立に関する研究（ヘア・トラップ班）

クマ類の個体数推定法の一つとしてのヘア・トラップ法は、トラップの構造が簡便で広域に多数のトラップを比較的容易に設置できること、体毛の採取率も比較的高いこと、また直接観察法などに比べ DNA による個体識別能が高いこと、から他の方法に比べ調査面積あたりの識別個体数の精度が高い。ただし、現状では調査コストも比較的高いため、効率的なトラップの設置設計、試料採取及び DNA 分析技術の確立が重要である。平成 21 年度研究では、これらの課題に対処するため、ツキノワグマ及びヒグマを対象に先行調査事例のレビューを行うとともに、北上山地青松葉山周辺にツキノワグマを対象としたモデル調査地を設定し、ヘア・トラップ法による予備調査を行った。

平成 22 年度は大規模ヘア・トラップ実施調査として、北上山地モデル調査地において地権者から設置許可を得た 245 カ所に、2010 年 6 月上旬にヘア・トラップを設置し、6 月 20 日から 8 月 20 日にかけて、10 日を 1 セッションとする 6 セッションの試料採取を行った。トラップは、1 基/1-km² の高密度設置を 105 基、1 基/4-km² の低密度設置を 140 基配置した。ヘア・トラップの構造は、有刺鉄線で地上 45cm に一辺が 3~4 m の方形をつくり、その中の対角線にも有刺鉄線を設置する対角線有り 1 段張りとした。誘引物として、ペットボトルに入れたハチミツを容易には取れない地上 2 m に吊した。

北上山地モデル調査地における、平成 22 年度 6 月から 8 月にかけてのべ 1470 トラップ・セッション（245 基×6 セッション）調査において、339 トラップから、1 棘 1 試料区分として計 2017 のツキノワグマ体毛試料を採取した。試料採取数は、調査後半の 7 月 20 日から 8 月 20 日のセッ

ションで多い傾向が見られた。試料採取トラップの空間配置にも差があり、調査地西部でトラップ当たりの試料採取数が多かった。ただし、植生、標高あるいはトラップ設置密度とトラップあたり採取試料数の間に明確な関連は見られなかった。平成 22 年度の DNA 個体識別データから、求めた再捕獲個体のトラップ間移動距離は最大で 10.1 km、平均 2.75 km であった。

ヒグマに関しては、DNA 班と共同で札幌市南部の定山溪地区に約 250 km² の調査地を設定し、特に試料採取の季節性に注目し、平成 22 年 7 月から 10 月にかけて 10 日を 1 セッションとする 8 セッションのヘア・トラップ調査を行った。ヘア・トラップの構造は、1 段張りで地上 50 cm に有刺鉄線を 1 辺 5 m の多角形となるよう設置した。トラップ数は前半の 5 セッションまでは 35 基、後半の 6 から 8 セッションは 15 基とした。この調査により計 31 トラップからヒグマの体毛試料を採取することができた。

3. DNA 分析法の確立に関する研究 (DNA 班)

ヘア・トラップ法によるクマ類の個体数推定では、毛根に残された微量 DNA から的高精度の個体識別法の確立が最重要の技術的課題である。遺伝子分析の効率および精度向上を目的として、平成 21 年度研究では、先行研究のレビューから Pid (異なる 2 個体が同一の遺伝子型を持つ確率を表す指標) の低いツキノワグマ及びヒグマの遺伝マーカーを明らかにした、また標準的な分析手順 (プロトコール) を提示した。さらに、岩手県雫石町の岩手大学演習林で採取したツキノワグマ体毛試料の DNA 抽出と分析効率の季節性を調査し、6 月から 7 月にかけては分析効率が良いが、9 月以降低下することを明らかにした。

平成 22 年度は、ツキノワグマに関しては北上山地モデル調査地における大規模ヘア・トラップ実施調査から得た体毛試料の DNA 分析を行った。個体識別のためのマイクロサテライトの遺伝マーカーとして、平成 21 年度研究成果を踏まえ、Multiplex PCR で問題なく増幅され、Pid が低く、かつ波形が読みやすい遺伝子座として 6 種類の遺伝子座を選び、さらに性判別のためのアメロゲン遺伝子を用いることとした。分析では 4 機関が分担して行うため、対立遺伝子サイズが分析機関で異なる場合には補正し各機関のデータを統合した。この際、1 カ所あるいは 2 カ所の対立遺伝子のみがミスマッチ (MM) の場合は、識別誤差を避けるため再分析を繰り返し行った。このため、採取試料数以上の分析作業が必要であり、平成 22 年度分析では、北上モデル調査地において採取された試料のうち、全セッションを通じて体毛採取があったトラップ (n=339) から体毛本数が多い 1 試料を最初に分析し、次ぎに第 1 セッションについてのみ全試料分析 (n=259) を行い、さらに 1 棘 1 試料区分で全セッションを通じて 10 本以上の体毛があった試料 (n=741) について分析した。

全セッションを通じて体毛採取があったトラップからの DNA 認識個体数は 270 (成功率 79.6%)、識別個体数は 176 個体、MM 補正後の識別個体数は 173 個体となった。1MM の多くは対立遺伝子のアリドロップアウトによる不一致を疑わせるものであったのに対して、2MM の 96 組については、23 組が 2 カ所でドロップアウトによる不一致を疑わせる組合せであったが、残る 73 組は異なるヘテロを持つ組合せであった。第 1 セッションの全試料分析による識別個体数は暫定値で 68 個体であり、これは 1 トラップから 1 試料のみ分析した場合の 39 個体の 1.7 倍に相当する。ただし、本分析では 1MM と 2MM の再分析が未了であり、アリドロップアウトなどにより識別個体数を多く見積もっている可能性がある。また、分析に供した体毛の本数が 10 本以上の試料では分析成功率が 96% と高いのに対して、9 本以下では 66%、5 本以下では 61% と低下した。全セッ

ションを通じて 10 本以上の体毛があった試料の分析からは、MM の再確認・再分析を行う前の暫定値として認識個体数が 280 頭、識別個体数が 215 頭との結果を得た。大規模ヘア・トラップ調査による大量のサンプルを分析する場合、技術的にマイクロサテライトの分析エラーを発生することは免れない。今後は、分析結果に不確かさを残すサンプルについて、費用対効果の観点を含め不確かさをどこまで許容するに関し一定のルールを設けることが検討課題として挙げられる。

ヒグマに関して平成 22 年度研究では、ヘア・トラップ班と共同で体毛の回収率及び遺伝子分析成功率の季節差に焦点を当てた研究を札幌市南部の定山溪地区で 2010 年 7 月から 10 月に行った。遺伝子分析成功率の指標として、マイクロサテライト 8 遺伝子とアメロゲニン遺伝子をあわせた 9 遺伝子全てで結果が得られた場合を分析成功とした。この結果、今回の調査ではトラップ利用に明確な季節差が見られないこと、一方、8 月以降の後半のセッションになるほど分析成功率が低下するというツキノワグマと同様の結果が得られた。

4. 補完法・代替法に関する研究（補完法・代替法班）

ヘア・トラップで採取されたクマ類の体毛 DNA 分析による個体識別は、個体数推定の有効な方向である。しかし、トラップの設置・試料採取、DNA 分析と作業量は多くコストも高い。ヘア・トラップ法と並行して、費用対効果の高い補完法・代替法として、カメラトラップによる個体識別法および痕跡法の開発をあわせて進めた。平成 21 年度研究では生体標識として利用可能な部位の検索を行い、ツキノワグマでは胸部斑紋がカメラトラップにおける個体識別の有効な指標と判断された。また、先行調査のレビューにより、食害発生地等において食痕から採取した試料の DNA 分析より、性別および個体識別が可能であることを確かめた。

平成 22 年度は、クマ牧場飼育個体を材料に、生体標識としてのツキノワグマ画像解析のための正規化手法を開発した。次に、この手法を使い胸部斑紋の普遍性、唯一性、永続性、汎用性に注目して調査した。この結果、胸部斑紋に年変化が見られた個体があることから永続性に課題は残るものの、96%の個体が胸部斑紋を有するなど、胸部斑紋は他の基準を満たすよい標識であることを確認した。

北上山地モデル調査地において、ヘア・トラップ調査と並行して、2010 年 6 月から 8 月にカメラトラップによる生体標識の撮影方法の開発、および撮影画像に基づく個体識別を行った。最初に、生体標識となる胸部斑紋の効率的な撮影方法開発のため、2 つの手法によるカメラトラップ設置を試み、カメラと誘引餌を分離したタイプのものが有効であることを確認した。次に、同時に最大 40 台のカメラトラップを設置し（各地点に 2 台設置したため設置地点数は 20）、動画を 361 回、そのうち 179 で胸部斑紋撮影に成功した。後半の第 5、第 6 セッションに限ると 225 の動画撮影において胸部斑紋撮影が 109 あり、これから 10 個体の撮影・識別に成功した。第 6 セッションでは第 5 セッション識別個体 4 個体のうち 3 個体の再確認を行った。動画も撮影できるカメラトラップは個体識別率が高いため、ヘア・トラップ法の補完法・代替法として有効であることを確かめた。カメラトラップ法による撮影記録と、行動圏情報から調査範囲を決定する MMDM（Mean Maximum Distance Moved）法で求めた北上山地モデル調査地におけるツキノワグマの生息密度は、約 0.15 頭/km²とヘア・トラップ法による DNA 個体識別に基づきベイズ空間標識再捕獲モデルで求めた生息密度と比べ、低い推定密度となった。

5. 個体群モデルに関する研究（個体群モデル班）

ヘア・トラップ法によるクマ類の個体数推定では、トラップの設置・試料採取、DNA 分析に加え統計解析が欠かせない。統計解析は、ヘア・トラップの空間配置、DNA 分析におけるジェノタイプミシングエラー率などの検討および遺伝的有効集団サイズの推定などにも重要である。平成 21 年度本研究では、北上山地青松葉山ヘア・トラップ試験地を対象とした、空間明示型標識再捕獲モデルを開発し、試料採取のダミーデータを使った解析から、非空間明示モデルに比べ空間明示モデルはより真の値に近い個体数密度推定値を示すことを確認した。

平成 22 年度の本研究では、ダミーデータと北上山地モデル調査地におけるツキノワグマを対象とした大規模ヘア・トラップ調査及びその採取試料の DNA 分析結果を標識再捕獲データと見なし、3 つの生息密度推定法、(i) 平均最大移動距離法、(ii) Inverse prediction、(iii) ベイズ空間明示型標識再捕獲モデル、によりその精度比較に注目して解析した。

北上山地モデル調査地におけるダミーデータは、行動圏分布の 95% 確率円の面積が 4.85km^2 となる 2 変量正規分布を仮定し、検出率の確率論的行動シミュレーションモデルとヘア・トラップによる捕捉に注目して解析した。平成 22 年度のヘア・トラップデータとしては、245 基 6 セッションの調査結果における 2010 年 12 月末の DNA 暫定分析結果である識別個体数 146 頭を用いた。ダミーデータを用いた結果では、平均最大移動距離法では過小推定、Inverse prediction 法では推定値の 25% が真の値を上回る過大推定、そしてベイズ空間明示型標識再捕獲モデルが 3 つのモデルの中で最も相対的バイアスが小さい、精度の高い推定手法であることが示された。平成 22 年度の北上山地モデル調査地におけるヘア・トラップ調査と DNA 分析（暫定値）データを用いた解析では、調査地のツキノワグマの生息密度は、平均最大移動距離法では $0.225 \text{ 頭}/\text{km}^2$ (95% CI: 0.220-0.230)、Inverse prediction 法では $0.434 \text{ 頭}/\text{km}^2$ (0.357-0.527)、ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルでは $0.436 \text{ 頭}/\text{km}^2$ (0.359-0.518) とそれぞれ推定された。捕獲位置（体毛試料採取位置）に関する情報を最大限に活用しているベイズ空間明示型標識再捕獲モデルは、個体数推定においてより優れたモデルと考えられる。ただし、大規模な調査データを用いる場合、平均移動距離として集約される Inverse prediction 法とベイズ空間明示型標識再捕獲モデルによる推定値の差は少なくなる。ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルに比べ、Inverse prediction 法は計算時間が短いとの利点がある。個体数密度推定に際してさまざまな試行錯誤を行う必要があるときには、計算時間の面でベイズ空間明示型標識再捕獲モデルではなく、Inverse prediction 法を適用することも可能であると考えられる。

平成 22 年度研究の目的と組立

米田 政明（自然環境研究センター）

1. 研究の背景と目的

クマ類（ヒグマとツキノワグマ）は、日本の森林生態系を代表する大型哺乳類であり、狩猟獣でもある。一方、クマ類は、人身被害や農林作物被害を引き起こす。クマ類に対して、森林生態系エンジニア、狩猟管理、被害防止など多方面の観点からの科学的・計画的な保護管理が求められている。クマ類の個体数推定あるいはその動向把握は、科学的・計画的な保護管理のために欠かせない情報である。個体数推定のため、直接観察法、標識再捕獲あるいは捕獲数に基づく方法などが試みられてきた。しかし、従来方法による個体数推定では、観察条件や環境変動による捕獲数変化などの要因により推定幅が大きくなりがちであった。クマ類の保護管理主体である地方自治体において合理的なコストで実施可能な、標準的な個体数推定法は確立されてない。本研究は、このような背景を受けて、現在適用可能な個体数推定法の中で、最も高精度な方法と考えられるヘア・トラップ法による個体数推定法の確立を第一の目的とし、個体群モデルからのアプローチを含めその手法の標準化と効率化を行うとともに、費用対効果の観点から代替法・補完法としてのカメラトラップあるいは痕跡調査法などによる個体数推定法の開発を目指すものである。このための具体的課題として、(i) ヘア・トラップ法の確立、(ii) ヘア・トラップで採取した体毛試料の DNA 分析法の確立、(iii) 補完法・代替法の開発、および(iv) 個体数推定のための個体群モデルの確立、の 4 つのサブテーマを設定した。

2. これまでの研究成果（平成 21 年度（2009 年）研究）

1) ヘア・トラップ法による個体数推定法の確立に関する研究

クマ類の個体数推定法に関するレビューを行い、ヘア・トラップ法は、現状ではコスト面での優位性は高いとは言えないが、他の手法に比べ調査面積およびトラップ努力量あたりの識別個体数精度が一般に高いことを示した。ヘア・トラップ法の確立には、トラップ設置地域周辺効果の軽減およびトラップ設置密度などの検討のため、大面積調査地の設定が必要である。2009 年度本研究において、北上山地青松葉山周辺地域をツキノワグマのヘア・トラップ法大面積モデル調査地として選定し、予備調査及び環境分析を行った。モデル調査地は、標高 60 m から 1,366 m の範囲にあり、クリ・ミズナラ群落、ブナ・ミズナラ群落、チシマザサ・ブナ群団およびカラマツ植林地の面積割合が高い。現地調査により 262 基のトラップ設置地点を選定し、そのうち 35 地点で予備調査を行った。予備調査を通じて、(i) ヘア・トラップの構造の有効性の確認、(ii) 設置作業手順の確認、(iii) ヘア・トラップ調査を行うための作業量、および(iv) 消耗品を含めたトラップ単価の算出、を行った。予備調査結果を踏まえ、モデル調査地における 2010 年度の大規模調査計画を立案した。

2) 個体数推定に関わる DNA 分析法の確立に関する研究

ヘア・トラップ法に基づく個体数推定のための DNA 分析法の確立においては、個体識別能の高い遺伝子マーカーの選定および微量 DNA の抽出・分析技術の確立が重要である。さらに、体毛採取時期が、DNA 分析成功率に及ぼす影響を検討する必要がある。個体識別能の高い遺伝子マーカーを

明らかにするため、ツキノワグマに関して 2009 年度研究において先行研究のレビューから 50 種類のマイクロサテライト・マーカを選び、Pid（血縁関係がないと考えられる個体間の遺伝子型の一致率）が 0.25 以下となるマーカとして 23 遺伝子座を明らかにした。また、4 塩基反復配列マーカには、Pid が低い遺伝子が多いことを確認した。この研究成果に基づき、2010 年以降の実際の個体識別では 3 遺伝子座を 1 セットとした multiplex PCR の 2 セット、および性判別のためのアメルゲニン遺伝子分析を行うのが適当と判断した。さらに、いくつかの酵素や試薬を試し、微量 DNA の効率的な分析に必要な遺伝子増幅条件を求めた。これらの研究から、エラーチェックを組み込んだ分析標準プロトコルを作成した。ヒグマに関しても、個体識別に有効な遺伝マーカを求めた。また、効果的な調査時期を明らかにするため、ヘア・トラップの利用率の季節差および体毛サンプルの採集時期による DNA 分析効率の違いを分析した。ヘア・トラップ利用率は 6 月から 8 月まで高いが 9 月になると低下すること、分析効率は 6 月が高く 7 月後半から低下することを明らかにした。さらに、有害駆除個体の遺伝子型データを基に、2 つの方法による有効集団サイズ (Ne) の推定法を検討した。有害駆除個体から Ne を推定するには、不連続世代やサンプリングデザインなど解決すべき問題が大きいことが明らかになった。

3) 補完法・代替法の開発に関する研究

ヘア・トラップ法では、DNA 分析費用を含め地方自治体レベルで調査を実施するには多くの課題がある。このため、ヘア・トラップ法に代わる新たな方法として 2009 年度研究では、(i) クマ類生体の斑紋パターンに注目した個体識別、(ii) 痕跡からの DNA 抽出による個体識別、の 2 つの方法の開発を目的とした。ツキノワグマでは、月の輪斑紋形状、サイズについて視覚的にはっきりと峻別が可能であることが認められた。したがって、この斑紋を適当な距離から撮影できれば識別個体の出現状況の統計的な処理によって、生息数の推定が可能であることが確認された。痕跡からの DNA 抽出による個体識別法の開発では、既存報告のレビューにより、ツキノワグマによる農作物被害地において食痕から採取した微量の DNA から個体識別が可能であることを示した。

4) 個体群モデルによるモニタリング手法及び生息数推定法の確立に関する研究

個体群モデルによる生息数推定法では、近年開発された、ヘア・トラップとクマ個体の行動圏の位置関係を考慮した空間明示モデルを開発した。この空間明示モデルを用いて、ダミーデータを北上山地モデル調査地に適用し、従来の空間構造を考慮しないモデルとの比較を行った。空間明示モデルはトラップの配置にかかわらず、95%信頼区間が真の値を含んでいたが、従来モデルは真の値よりも高い個体密度を推定した。空間構造を考慮しないモデルでは、どの範囲を調査対象としているかが自明でなく、恣意的に調査範囲を決めることが個体密度の推定の誤りにつながると考えられた。なお、1 回出現個体の除外は個体密度の大幅な過小評価につながることもわかった。これらのことから、平成 22 年度の現地調査や今後のヘア・トラップによるモニタリングにおいて、トラップの配置が空間的に不均一であっても、空間明示モデルの活用により生息数推定のバイアスを抑えることができる可能性が高いことが示された。

3. 平成 22 年度研究の組立

1) ヘア・トラップ法による個体数推定法の確立に関する研究

北上山地モデル調査地において大面積ヘア・トラップ調査を実施し、DNA 分析班に体毛試料を

提供し、個体群モデル班に個体数推定のための基本データを提供することを目的とした。具体的には、調査手法として、(i) トラップの設置、(ii) 試料採取手順、(iii) 試料の保管、(iv) 試料記録作業の標準化を進めた。また、調査時期およびヘア・トラップの設置環境と試料採取効率の関連を見るため、試料採取の季節性および空間分布特性に関する分析を行うこととした。さらに、DNA 班の分析による個体識別結果から、(i) 再捕獲率、(ii) 個体のトラップ間移動に関する分析を行うことを計画した。これらの調査研究から、手法の最適化・標準化のため、ヘア・トラップ法におけるヘア・トラップの設置と試料採取手順の標準化および周辺効果を含めたトラップの空間配置を検討することとした。

2) 個体数推定に関わる DNA 分析法の確立に関する研究

北上山地モデル調査地で採取された大量の体毛試料について、2009 年度に開発した標準工程による DNA 分析を行い、得られた個体識別データを、ヘア・トラップ班および個体群モデル班に提供することを目的とした。また、大量試料の DNA 分析において課題となる、複数機関による分析結果の照合方法のため、ウェブサイトにも共有プラットフォームを構築することを計画した。さらに、1 トラップ・1 棘試料分析と、1 トラップ・複数棘試料分析の場合の個体識別結果の違いを検討した。これらの調査研究から、DNA 分析手法の改良、精度管理および標準化のためのデータ解析環境を示すことを目指した。

3) 補完法・代替法の開発に関する研究

北上山地モデル調査地において、2009 年度に開発したカメラトラップを使った生体標識による個体識別・個体数推定を行うことを目的とし、生体標識となる胸斑紋の撮影法、斑紋パターンの識別法の確立を具体的な目標とした。そして、個体数推定における、ヘア・トラップ法とカメラトラップ法の精度比較を行うこととした。これらの研究から、補完法・代替法としてのカメラトラップ法の標準化および適用上の課題を明らかにすることを目的とした。

4) 個体群モデルによるモニタリング手法及び生息数推定法の確立に関する研究

個体群モデル班は、2009 年度に開発した空間明示モデルを、北上山地モデル調査地におけるヘア・トラップ班による試料採取、その試料に基づく DNA 班による個体識別結果に適用し、個体数推定のための最適モデルを開発することを目指した。空間明示モデルの適用に際しては、モデル調査地における捕獲記録によるモデルの改良を行い、さらに、他の手法による個体数推定モデルとの個体数精度の比較検討を行うこととした。さらに、DNA 班の研究と関連した遺伝的有効集団サイズ推定の検討を進め、これらの研究から、個体数推定のための個体群モデルの改良・標準化を行うことを目的とした。

平成 22 度研究における主要イベント

- 北上山地モデル調査地、大規模ヘア・トラップ調査実施：2010 年 5 月 20 日～8 月 25 日
- 第 1 回アドバイザーボード（AD）会合（東京）：2010 年 6 月 14 日
- 現地検討会（北上山地）：2010 年 7 月 24-25 日
- 現地説明会（岩泉町）：2010 年 7 月 25 日
- 中間評価ヒアリング（東京）：2010 年 8 月 3 日
- 哺乳類学会（自由集会における本研究発表）（岐阜）：2010 年 9 月 19 日
- DNA 班打合せ会議（山形）：2010 年 11 月 25-26 日
- 第 2 回アドバイザーボード（AD）会合（東京）：2011 年 2 月 22 日

1.1 北上山地における大規模ヘア・トラップ調査

米田 政明・常田 邦彦・黒崎 敏文・高橋 聖生・藤田 昌弘・山田 孝樹・東出 大志
(自然環境研究センター)

1. はじめに

ヘア・トラップ法によるクマ類の個体数推定は、近年、国内でもいくつかの地域でその導入が試みられている（森光 2009）。しかし、日本のランドスケープとクマ類の生息状況に応じた、ヘア・トラップの標準設置デザインは示されていない。また、これまでの国内のヘア・トラップ調査先行事例は、トラップ数が 100 基以下で調査面積も 100 km² より狭い小規模なものが多い（米田 2010）。小規模調査では、トラップ設置域の周辺効果あるいは体毛試料採取率の不安定さなどにより、個体数推定における誤差が大きくなると考えられる。ヘア・トラップ調査の規模を大きくすることにより、小規模調査における問題を検証することが期待できる。一方、ヘア・トラップ調査の規模を大きくすると、トラップの設置、試料採取のコストが増大する。地方自治体などで実施可能なヘア・トラップ法の標準化のためには、適正な設置面積およびトラップ密度を明らかにし、その標準化・適正化を行う必要がある。大規模ヘア・トラップ研究からは、得られた調査データの一部を間引くなどのシミュレーションによる、調査規模に対応した推定個体数の確度あるいは精度の推定も行うことができる。本研究では 2009 年度研究において、北上山地中央部の青松葉山周辺地域をモデル調査地として選定し、大規模ヘア・トラップ調査のため、(i)調査地環境の分析、(ii)トラップの配置設計、(iii)トラップの構造、(iv)設置に係る予備調査、を実施した（米田ほか 2010a）。ヘア・トラップ法の標準化およびツキノワグマ個体数推定のための体毛試料採取を目的として、2010 年度研究では北上山地モデル調査地において大規模ヘア・トラップ調査を実施した。また、トラップの設置および試料採取に際して、ヘア・トラップ調査法の標準化を意識して、(i)トラップの設置手順、(ii)体毛試料の回収作業手順、(iii)試料の記録・保管手順、に関する作業手引きを予め作成し、作業実績から改善点などを検討し作業手引きなどの改訂を行った。

2. 調査地とトラップの設置

2-1. 調査地の概要

大規模ヘア・トラップ調査地として 2009 年度研究で選定した北上山地モデル地域は、早池峰山の北側に位置する青松葉山周辺地域で、北側が国道 455 号線（小本街道）、東側が JR 岩泉線、南側が国道 106 号線、西側が御大堂山を南北に横切る軽松沢－松草沢林道で区切られている。最外周のトラップを結んだ面積は、606-km² である。標高は約 60 m から 1,366 m（青松葉山）の範囲にあり、調査地全体としては西側の御大堂山から北側の早坂高原にかけての地域および南側の青松葉山から堺の神岳の地域の標高が高く、北東部の小本川沿い、南東部の刈屋川と閉伊川沿いおよび中央部の大川沿いは比較的標高が低い地域となっている（図 1）。クリーミズナラ群落あるいはコナラ群落などの落葉広葉樹が優占するが、低地にはアカマツあるいはスギ・ヒノキ植林が分布する。標高 200 m から 800 m 付近にかけてはカラマツ植林地も多い。標高 800 m を越える高標高地には、シラカバ林、ブナ林が出現する。人家とその周辺の畑作地は、調査地境界部では北西部の岩洞湖岸沿い、北東部の小本川沿い、東側の刈屋川沿いおよび南側の閉伊川沿い、調査地内で

は中央部の大川沿いに点在するが、面積的には少ない。調査地北部の早坂高原、南部の堺の神山周辺および西部の御大堂山東側には放牧地がある。集落を結ぶ道路、森林管理と放牧地へ通じる林道・作業道が、調査地域の中に比較的高密度にある。これら道路・作業道は、主に沢沿いにあるが、一部の林道・作業道は尾根越え道路となっている。トラップの設置、ツキノワグマ体毛試料採取のための見回りでは、これら林道・作業道を使用した。

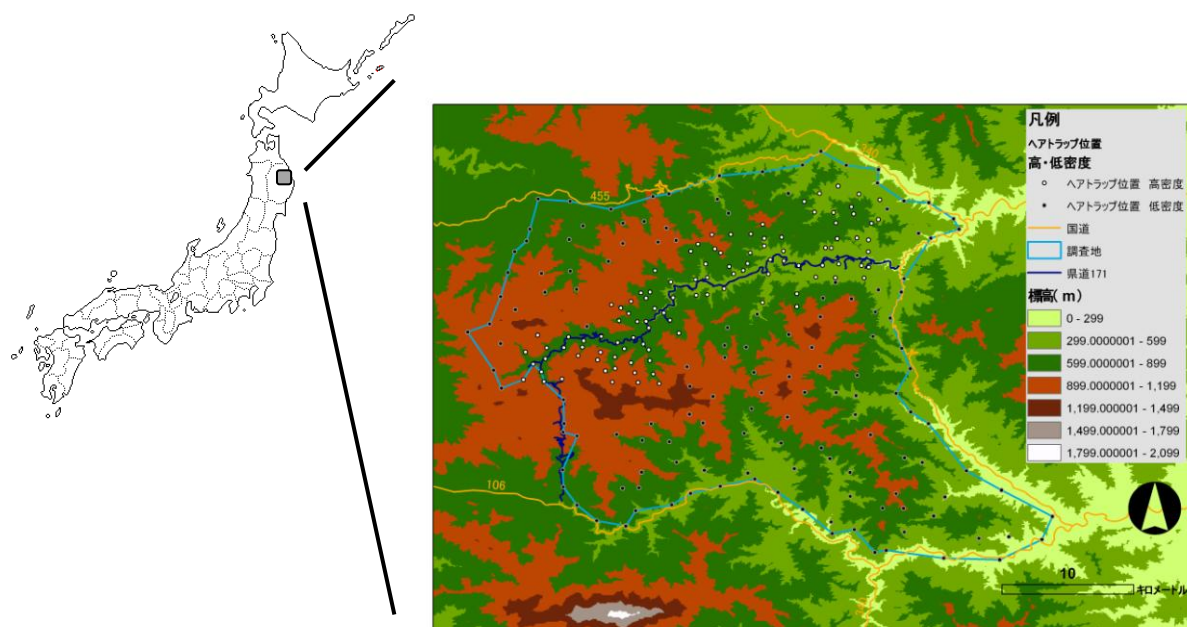


図1 北上山地モデル調査地の位置と地形

2-2. ヘア・トラップの配置設計

識別個体の空間分布分析における精度比較およびヘア・トラップ相互間の誘引効果の違いを見るため、ヘア・トラップの配置では、既存調査事例およびツキノワグマの行動圏面積を参照し、1×1 km 区画にトラップ 1 基 (1 基/1-km²; 高密度トラップ設置) および 2×2 km 区画にトラップ 1 基 (1 基/4-km²; 低密度トラップ設置) の 2 種類の設置密度を設計した (米田ほか 2010b)。設置予定地は第一段階として図上選別を行った上、現場の植生、地形、林道からのアクセス条件および民家・集落などからの距離を考慮しながらトラップサイトを選定し予備調査を行った。2009 年度予備調査では 262 カ所を候補地として選定した。

2-3. 地権者の同意取りつけ

1) 地権者の特定

ヘア・トラップ調査は、山林内に有刺鉄線を張り、クマを誘因するものであるため、調査予定地の地権者の合意を得る必要がある。このためには、2009 年度予備調査で選定した 262 カ所のトラップ設置予定地点の地権者を特定する作業を行った。国有林以外の林野、私有地の地権者は地籍ごとに登記簿と公図によって調べることが可能であるが、公図には地籍間の位置関係が示されていない場合が多い。当初トラップ設置候補地の選定は国土地理院発行の 1/25000 地形図上で行ったが、国土調査が完了していない所では地形図と公図の対応関係が明確でない地域があった。

このような地域では法務局で複数の公図を閲覧し公図に示された道路や河川などと、地形図での道路や河川との対応関係からおおよその地籍を推定し、その部分の登記簿を閲覧し土地所有者を特定した。また、国土調査がなされている地域では地形図と公図との対応関係が GIS 上に示されているので、そのデータを用いて土地所有者を特定した。これら作業には各該当市町村（宮古市、岩泉町）の協力を得た。

2) 地権者の同意

特定された地権者宛に 2010 年 1 月に調査を行うことの可否を伺うため、調査の趣旨とヘア・トラップ設置の可否の返答用はがきを同封した書類を発送した。2010 年 5 月までにほとんどの地権者から返答があり、返答がない地権者には直接訪問し、調査の可否を伺った。なお、国有林には入林許可とヘア・トラップ設置許可申請を行った。盛岡森林管理署管内および三陸北部森林管理署管内別のトラップ設置数を表 1 に示した。最終的に、2009 年度予備調査で選定した 262 カ所の候補地のうち、国有林 102 カ所、民有林 143 カ所、計 245 カ所について地権者同意を得た（表 2）。

表 1 国有林内トラップ設置カ所数

盛岡森林管理署管内	三陸北部森林管理署管内	計	備考
19	83	102	入林許可、設置許可申請

表 2 市町村別民有林トラップ予定カ所数と設置許可返答状況

	盛岡市	宮古市	旧川井村	岩泉町	計	合意	非合意
民有林	2	29	24	84	139	122	17
市町村林	1	5	3	12	21	21	0
計	3	34	27	96	160	143	

2-4. ヘア・トラップの設置

ヘア・トラップの配置設計および地権者の合意取り付け状況を踏まえ、2010 年度本調査では、地権者合意を得られた 245 カ所にトラップを設置した（図 2）。トラップの設置密度別のトラップ基数を表 3 に示した。ただし、設置密度区分は隣接するトラップ間距離による相対的なものであり、厳密な設置密度を示すものではない。トラップ設置位置の標高は最低標高が 90 m、最高標高が 1,200 m であり、その 75%は標高 400 m から 1,000 m にあった（表 4）。

表 3 トラップ密度区分別ヘア・トラップ設置数

トラップ密度区分	設置数（基）
高密度（1 基/1-km ² ）	105
低密度（1 基/4-km ² ）	140
合計	245

表 4 トラップ設置位置の標高

標高(m)	<200	201-400	401-600	601-800	801-1,000	1,001-1,200	計
トラップ数	4	32	67	60	58	24	245

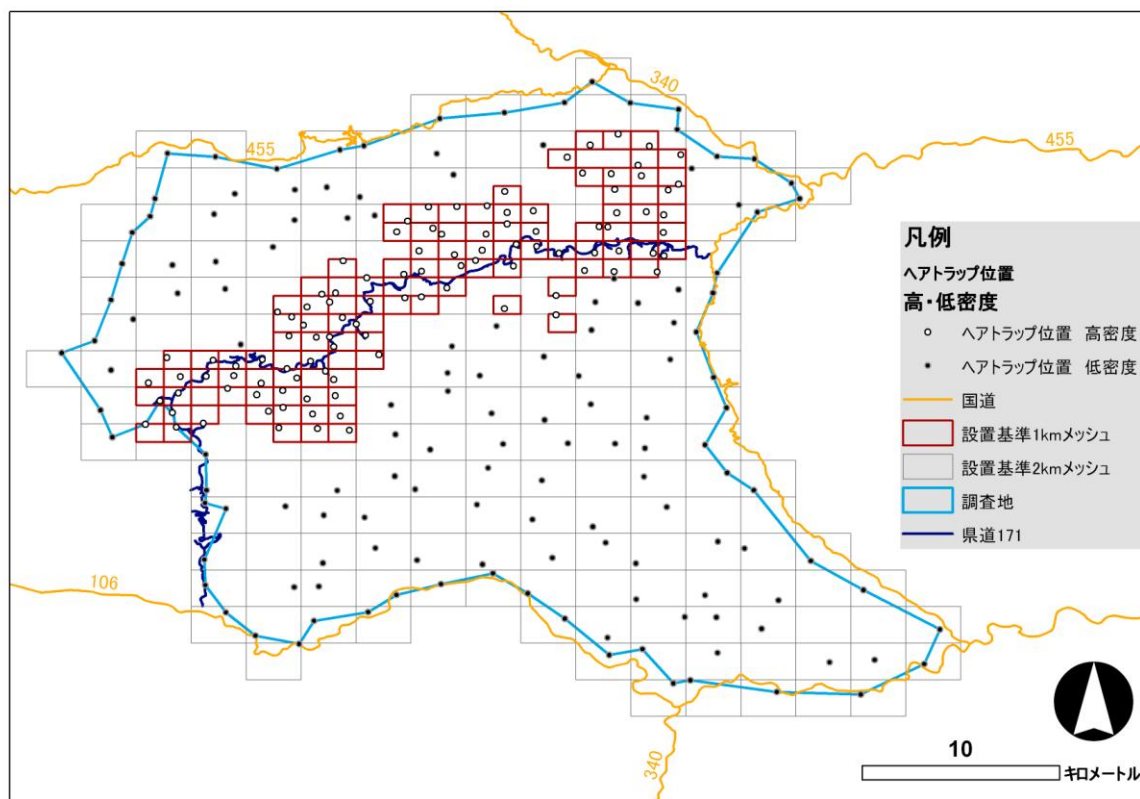


図2 北上山地モデル調査地におけるヘア・トラップの配置（2010年度）

2-5. トラップの構造と設置手順

1) トラップの構造

2010年6月6日から6月17日までの12日間に、4名の調査員と4名の作業補助員により、地権者の同意を得られた245地点にトラップを設置した。作業効率と試料捕捉率を考慮し、各トラップ設置地点は車両が通行可能な林道沿い地域において、現地の植生・地形条件を総合的に判断して選定した（米田ほか 2010b）。車両によるアクセス地点から各トラップまでは、徒歩で平均13分程度の距離であった。トラップの標準基本構造として、以下の要件を満たすようにした。トラップの模式図を図3に示した。

- 1) 一辺の長さは3mから4mの四角形を基準とした。
- 2) 外郭のほか対角線にも有刺鉄線を配置した。
- 3) 有刺鉄線の高さは地面から45cmを基準とした。
- 4) 誘因物はトラップの中央、高さ2mに配置しクマが誘因物を取れないようにした。

2) トラップに使用した資材

トラップの設置に際して、以下の資材を使用した。

- 1) 有刺鉄線：#16（線径約1.9mm）。トラップ当たり平均19.7mの有刺鉄線を使用し、その

総延長は 245 基で 4,825m となった。

- 2) 誘因物：500 ml ペットボトルを容器（径 5 mm の穴を 20 個穿孔）として、1 個当たり蜂蜜約 200 ml を使用した。全 6 セッションで蜂蜜 162 リットルを使用した。プラスチックカップ（容量 450 ml）をかぶせ雨水などから防滴構造とし、見回り時に雨水や虫が混入していた場合は誘因物を交換した。

その他、必要な資材・工具等は別添資料の「ヘア・トラップの設置・見回り・試料回収作業の手引き」に示した。一部のトラップサイトでは、カメラトラップ法による調査を並行して実施した。

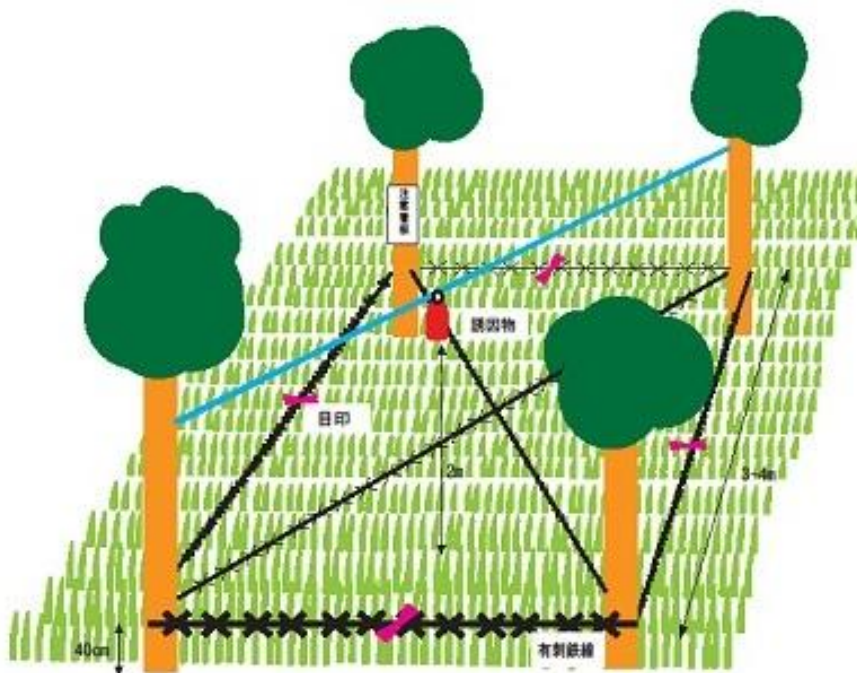


図3 ヘア・トラップの模式図

3) トラップの設置の手順

別添資料「ヘア・トラップの設置・見回り・試料回収作業の手引き」に従って以下のようにトラップを設置した。

- 1) 下草刈りが必要な場合は、有刺鉄線周囲のみ必要最小限にとどめて下草刈り
- 2) 四隅の立木の保護が必要な場合、幹周囲を養生テープで保護した上、有刺鉄線を設置
- 3) 有刺鉄線に張力を掛けて張り、補助支柱を用いて所定の高さに調整
- 4) 補助支柱と有刺鉄線は針金や結束線で固定
- 5) 地面の凹凸が大きい場合、補助的に有刺鉄線を2段に設置
- 6) 対角線に有刺鉄線を設置する場合も同じ要領で設置
- 7) 誘因物容器は対角にある立木からビニールロープを張り、トラップ中央、高さ 2m に配置
- 8) 対人安全対策として、有刺鉄線が視認しやすいよう標識テープで目印
- 9) トラップの対角 2 か所、もしくは各角に注意喚起の看板を設置

3. 試料採取と記録

3-1. 調査セッションの設定（試料採取間隔と回数）

本研究の2009年度における予備調査では、6月から調査を開始した場合、ヘア・トラップ利用率は7月から8月は高く、DNA分析成功率も7月までは80%以上と高いが8月以降低下することが示された（山内・近藤、2010）。この事前情報を基に、効率よく体毛を回収するために2010年度調査では6月から8月に調査を行った。野外における体毛DNAの劣化防止のため、1セッションを10日とした。またDNA個体識別による再捕獲データから個体識別を行うのに十分な回数を想定し、6セッションの見回り・回収作業を行った。天候および歳事日程などからセッション間は等間隔日数でなく、数日のズレが生じた。実際には以下の日程となった。最終第6セッションの見回りでは、試料回収とトラップ撤収をあわせて行った。

第1セッション：2010年6月20日～6月27日

第2セッション：2010年6月30日～7月6日

第3セッション：2010年7月10日～7月16日

第4セッション：2010年7月20日～7月27日

第5セッション：2010年7月30日～8月6日

第6セッション：2010年8月9日～8月20日

3-2. 作業投入人日

ヘア・トラップの設置作業は、2010年6月7日から開始し、6月17日までに245基の設置を終えた。設置は、調査員4名と調査補助員4名で行った。設置に投入したのべ人日は64人日（8人×8日）で、設置効率は3.8基/人日（実際には2人1組で行ったため、7.7基/2人日）であった。体毛試料回収のための見回りは2010年6月20日から開始して、8月20日に作業を終了した。試料回収も調査員4名と調査補助員4名で行った。この間の実際の調査日数は44日、のべ調査人日は352人日（8人×44日）であった。試料回収の作業効率は、4.2基/人日（実際には2人1組で行ったため、8.4基/2人日）であった。245基の見回りは8日で終わり、見回りは10日おきに行ったので残りの2日間を休業とした。これを5回繰り返す、最後の6回目の回収時にトラップの撤収も同時に行った。トラップの撤収は3.5基人日程度の作業効率であった。設置から撤収までの、のべ作業日数は合計で52日間になり、のべ作業量は416人日となった。作業投入人日を表5にまとめた。

表5 調査投入人日

作業項目	調査員	補助員	日数	のべ人日	作業効率
ヘア・トラップの設置 (245 基)	4 人	4 人	8 日	64 人日	3.8 基/人日
試料回収* (6 セッション)	4 人	4 人	44 日	352 人日	4.2 基/人日

*最終回のセッションでは試料回収とトラップ撤収を同時に行った。

調査には4台の調査車を用いた。ヘア・トラップの設置のためののべ走行距離は4,139 kmであった。また、体毛試料回収のための6月20日から8月20日までの、4台の調査車のべ走行距離は22,538 kmであり、トラップ設置から撤収までの総のべ走行距離は26,677 km（平均6,669 km/台、128 km/台・日）であった。

3-3. 試料の採取

試料採取は「ヘア・トラップの設置・見回り・試料回収作業の手引き」に従い、試料の汚染と劣化防止に注意し、次の手順で行った。

- 1) 有刺鉄線の付着している体毛を採取する際、使用するピンセットやラジオペンチは1試料毎に先端をバーナーで焼く。
- 2) 採取試料は1棘毎に検体用封筒に入れ、回収確認票とともに必要事項を記入する。検体用封筒に試料を入れる際、封筒内部に指をいれないようにし、また外部からごみ、異物混入に注意する。
- 3) 雨水などで濡れている場合でもそのまま封筒にいれ、トラップ毎にまとめ、他のトラップと混同しないように注意する。
- 4) 試料の付着した棘はバーナーで焼しやくする
- 5) 有刺鉄線の緊張状態を点検し必要に応じ補修する。誘因物を補充または交換する。

3-4. 記録項目

回収確認票には、(i) 試料番号、(ii) 採集日時、(iii) セッション番号、(iv) トラップ番号、(v) 採集されたトラップ内での相対的位置、(vi) 剛毛・中間毛・内毛の区分、(vii) 採集時の試料の乾燥状態、(viii) 採集体毛数、の8項目を記録した。検体用封筒には、(i) 試料番号、(ii) 採集日時、(iii) セッション番号、(iv) トラップ番号、(v) 採集されたトラップ内での相対的位置、の5項目を記載した。さらに、検体用封筒と回収確認票それぞれに、一対一に対応する共通の管理用番号を記載したバーコードシールを貼付した。

3-5. 試料保管

試料は水分を含んでいると劣化が進む恐れがあるため早急に乾燥させる必要がある。本調査では電動ファンを利用した簡易車内乾燥機を開発し、採集直後車両で移動中に余分な水分を除去するようにした。分析機関への送付は1セッションごとにまとめて行ったので、試料採集から分析機関への送付までに最大10日程度かかった。このため、分析期間に送付するまでシリカゲルを入れて密封し冷暗所で試料を保存した。

4. 考察ーヘア・トラップの設置と試料回収作業の標準化

4-1. ヘア・トラップの構造と体毛採取

明らかにクマが訪問したにも係わらず、体毛が採取できなかったケースはほとんど無かった。従ってクマがヘア・トラップに訪れた場合、ほとんどすべてのケースで体毛が採集されたと考えられ、ツキノワグマを対象とした場合、北上モデル地域で採用したヘア・トラップの構造に特に問題はないと思われる。採集された試料の分析成功率は従来報告に比べても一定の水準にあり、試料採取方法と保管方法に特に問題はなかったと考えられる。

本調査のトラップ配置（面積 606-km²、245 基設置）と北上山地の地形条件では、作業効率を2010年度以上に向上させることは困難と考えられる。北上モデル地域調査と同じようなトラップ配置や作業項目で調査を行う場合は、1日あたりの試料回収効率を4基/人日（2人1組で8基/日）程度と見積もる必要があると考えられる。トラップの配置は、個体群モデル班の分析も踏まえ、合理的な設置密度を決める必要がある。また、本調査ではトラップの回収間隔を10日/セッション

ンとしたが、DNA 分析において特段の問題はなかった。今後のヘア・トラップ調査における試料採取間隔は、DNA 分析成功率および個体数推定に必要な調査回数から検討することが重要である。

4-2. 試料の記録と保管

本調査では、試料回収作業時に検体用封筒と回収確認票に、バーコード化（角形 38×13mm）した検体管理番号を付与した。バーコードを使ったことにより、検体採集時に検体用封筒と回収確認票のそれぞれに貼付されたバーコードをリーダーで直接データベースに読み取ることができたので、手書き文字の判読ミスの軽減、データベース作成時における管理番号の入力ミスを排することに寄与し、手入力時の労力と人為的ミスが大幅に軽減した。また、バーコード情報をもとに採集記録などをデータベース化し、検体と分析結果を正しく照合することができ、今後の検体・標本管理、分析結果の照合・管理に役立つものと期待された（形状・利用手順の詳細は、「ヘア・トラップの設置・見回り・試料回収の手引き」を参照）。

今回利用したバーコード（規格 JAN8 を基にカスタム化した物）では、検体は 7 桁の検体管理番号を付与され、検体採集から分析過程における検体番号管理まで一貫したシステムの構成を目指した。しかし、バーコードの最小サイズを DNA 分析用チューブの大きさに合わせることができなかったため、上記タッグシールの一部に分析用チューブに貼付可能な径 8mm の丸形シール 4 個を加え、各検体管理番号から固有の下 4 桁数字のみをこの丸形シールに付与し、必要に応じて分離できるようにデザインした。検体管理番号として、バーコードも縮小番号も対応は一致していたので特にその後の参照などの管理操作に問題はなかった。

しかし、今回、検体管理番号をシールに表記するに当たり、検体用封筒と回収確認票はバーコード、分析過程における試料管理は元の番号の一部を数値としたため、シールサイズの形状・サイズ・フォーマットを複数類混在させなければならなかった。今後、QR コードもしくはマイクロ QR コードなど 2 次元コードを利用すればシール形状を 1 種類に統一可能と考えられる。また、マイクロ QR コードでは最小 7mm 角まで印刷面積を縮小した上、今回と同様もしくはやや情報量の多いコード生成が可能である。いずれにせよ検体管理番号表記するコードは 1 種類の形状にまとめ、シールサイズを圧縮することは資材・機材の軽量化に必要である。

引用文献・資料

- 森光 由樹. 2008. 各都道府県のヘア・トラップ調査の実施状況と長野県における実施例. 哺乳類科学 48: 33-138.
- 山内 貴義・近藤 麻実. 2010. クマ類体毛サンプルからの DNA 抽出と分析効率の季節性. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究平成 21 年度報告書: 82-93.
- 米田 政明. 2010. 手法の標準化に注目したヘア・トラップ法のレビューと課題. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究平成 21 年度報告書: 22-33.
- 米田 政明・根本 唯・藤田 昌弘. 2010a. 北上山地ヘア・トラップ調査地の環境構造とツキノワグマの捕獲状況. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究平成 21 年度報告書: 39-48.

1.1 北上山地ヘア・トラップ調査

米田 政明・根本 唯・高橋 聖生・藤田 昌弘. 2010b. 北上山地ヘア・トラップ位置の設定. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究平成 21 年度報告書: 49-57.

別添資料

「ヘア・トラップの設置・見回り・試料回収作業の手引き」

ヘア・トラップの設置・見回り・ 試料回収作業の手引き

(2011 年 3 月改訂版)



平成23年3月

(財)自然環境研究センター

クマ類の個体数推定法の開発に関する研究チーム

手引きの目的と全体構成

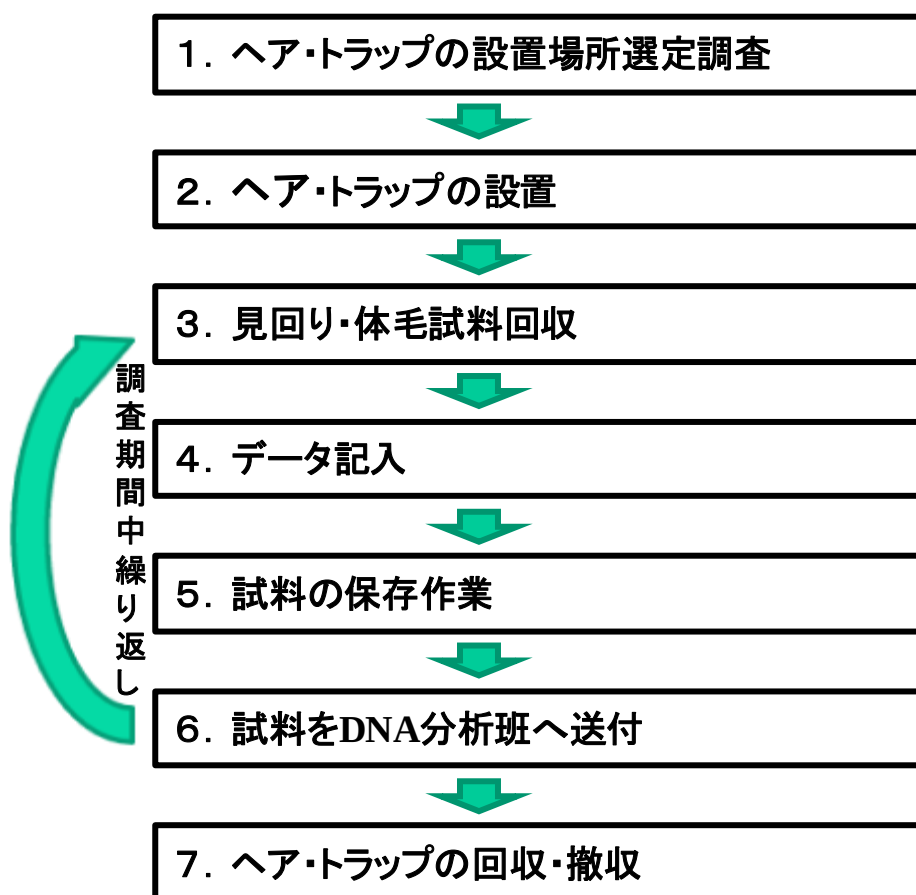
手引きの目的

「クマ個体数推定の開発に関する研究」においてヘア・トラップを設置から試料(クマの体毛)を回収、データ記録までの手順と準備機材をまとめたものである。

ヘア・トラップ調査において、微量な採集試料からは DNA を抽出・分析して個体識別などを行う。そのためには品質の高い試料を得ることが必要であるが、不安定な野外環境のもとでは試料の品質低下の原因は多い。それらの中で試料回収作業の過程における、人為的な異物の混入や汚染は、極力避けるように配慮しなければならない。

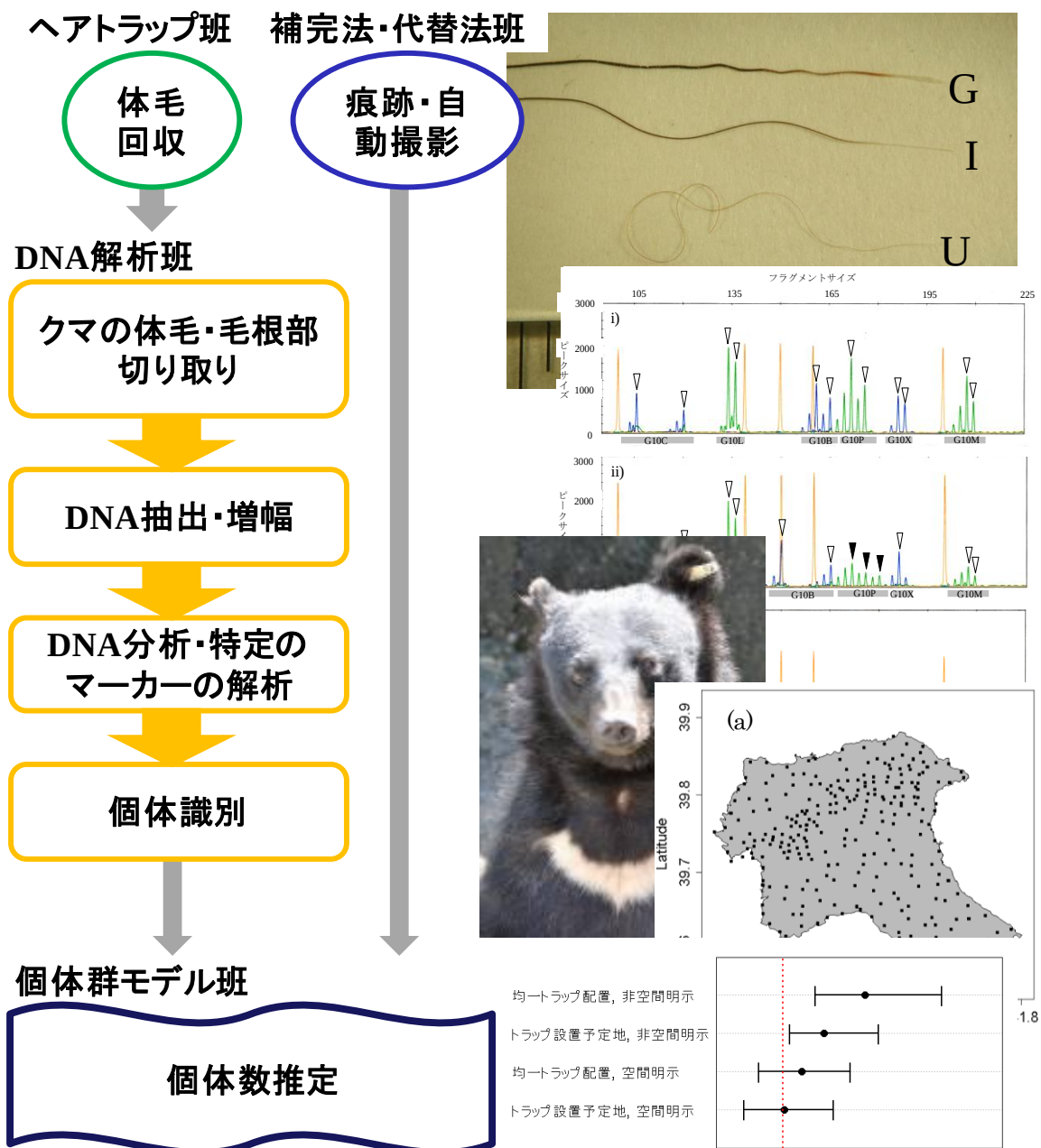
このことから、続く分析精度の低下をもたらす要因を極力排除し、安全に効率よく現地作業を行うため、一定の規則に基づく作業手順を定め励行する。

ヘア・トラップ調査現地作業全体構成



ヘア・トラップによる 個体数推定法の解説

— 体毛からどのようにクマの個体数を推定するか —



ヘア・トラップ設置手順1

ヘア・トラップ設置用資材

○ヘア・トラップ基本構造

- ・形状は、4m×4m、周囲長 16m の四角形を基本型とする
- ・有刺鉄線は1段。各辺と対角線に設置する
- ・高さは 450mm 前後とする。地形によって部分的に 2 段にできる
- ・誘因物はハチミツを使用し、クマに取られない方式を採用する
高さはクマが立ち上がっても前肢が届かない 2m を基準とする

○トラップ本体

- ・補助支柱 1200～1500mm 長、径 16mm、トラップ四隅の補助、高さ調整
- ・有刺鉄線 規格 #16 20m 巻
- ・養生テープ 幅 150mm（林木を有刺鉄線から保護する場合）
- ・針金 結束線（有刺鉄線と補助支柱との固定・調整）

○誘因物関係

- ・誘因物容器（500ml ペットボトル上部に 4～5mm の穴約 20 か所穿孔）
雨水対策の防滴カバー（PET 製使い切りカップなど）をつける
- ・蜂蜜（誘因物容器1個当たり約 200ml）
- ・ナイロンロープ径 5mm（誘因物容器設置用）

○設置標識関係

- ・設置標識（注意喚起のため、ラミネートした看板など）
- ・林業用標識テープ・ビニールテープ類

○工具など

- ・ペンチ、カッター、ハサミ、鎌（樹木、下草刈りは最小限）
- ・ハッカー（結束線の処理）
- ・皮手袋（作業中の保護）
- ・鉄パイプ 長さ約 40cm、径約 30mm（有刺鉄線敷設・回収時補助具）

○安全装具

- ・ヘルメット
- ・クマスプレー、クマ鈴

○作業記録

- ・作業記録用紙
- ・カメラ

ヘア・トラップ設置手順2

設置手順

- 有刺鉄線敷設時には必ず皮手袋を着用する。また着衣などに絡まないように注意する
- 地形、立地条件、立木の配置等から設置場所(約 4m×4m)を決定する。立木を利用する場合は四角形にしやすい配置を選択する
- メジャーでトラップ各辺のサイズを計測し、見取り図を作成する斜度、土質、植生など設置環境を記述する
- 下草刈りが必要な場合は、地権者の了解を得て有刺鉄線直上部など、必要最小限にとどめる
- 四隅となる立木に対し必要な場合は、幹周囲に養生テープを巻いた上に有刺鉄線を設置する
- 有刺鉄線を張力を掛けて張る。所定の高さ(約 450mm)に調整するために補助支柱を必要に応じて配置する
- 補助支柱と有刺鉄線の固定は針金や結束線で固定する
- 地面の凹凸が大きい場合、補助的に有刺鉄線を2段に設置できる
- 対角線に有刺鉄線を設置する場合も同じ要領で設置する。中央交点に補助支柱を立てると張力が安定する
- 誘因物容器は対角の立木を利用してビニールロープを張り、トラップ上部中央高さ2mに配置する
- 誘因物設置用ロープを張る際、補助支柱に針金のフックを付けて枝にかけるなどで対処できるので、無用な高所作業・木登りは避ける
- 必要な場合、自動撮影装置などを設置する
- 対人安全対策として、有刺鉄線が視認しやすいよう、各辺二か所以上に標識テープで目印をつける
- トラップの対角二か所、もしくは四隅に注意喚起の看板を設置する。作業道などが近い場合は、同様に注意書きを設置する
- 作業記録を作り、周囲を清掃する。火気の有無、忘れ物を確認する

体毛回収作業手順1

ヘア・トラップ補修用機材

○トラップ本体

- ・補助支柱 1200～1500mm 長、径 16mm、1-2 本（有刺鉄線の緩み補修など）
- ・有刺鉄線、針金、養生テープ、標識テープ（ヘア・トラップの補修・補充用）
- ・誘因物容器、ナイロンロープの予備と補充用誘因物

○工具類

- ・ペンチなど工具ならびに皮手袋、ゴム手袋など保護用具
- ・機材収納用のケースなど（移動用車両に積載）

○安全装具

- ・ヘルメット、クマスプレーならびにクマ鈴など安全装具

体毛試料採集資材

○体毛回収用

- ・ピンセット（清潔に試料を扱うため）
- ・ラジオペンチ（有刺鉄線の棘の処理用）
- ・試料収納用封筒、体毛回収記録票、筆記用具
- ・チャック付きビニール袋（試料など取りまとめ用）
- ・乾燥剤入りビニール袋（移動用車両に積載）

○遺伝子汚染対策

- ・ガスバーナーもしくはライター（ピンセットや有刺鉄線の焼しゃく用）

注：火気を使用するため家庭用簡易消火器を常備すること

山火事防止のため火気の扱いに注意

検体採集時には微小な体毛残片が生じることがある。これら残存物による次回採集試料への遺伝子汚染を防ぐため、有刺鉄線などを焼しゃくする。バーナーなど火気を使用する際は次の点に注意する

- 体毛は全量回収に努め、バーナー使用は最小限にとどめること
- 体毛回収時は、携帯用の消火器などを常備すること
- 焼しゃくする場合、下草などに延焼しないよう細心の注意を払うこと
- 調査終了時現場を離れる際は火気の有無を再点検すること

体毛回収作業手順3

試料の位置確認方法(初期設定)

ヘア・トラップに複数の試料が検出された場合、同一個体に起因したものか、複数の個体に起因したものか不明なため、試料は原則として有刺鉄線上の、1棘1試料として扱う。

また、それぞれの試料の相対的な配置を明らかにしやすいよう、試料採集手順を以下のように定める。

ヘア・トラップ点検開始点を決める

○基本的に四角形なので各角を記号化する

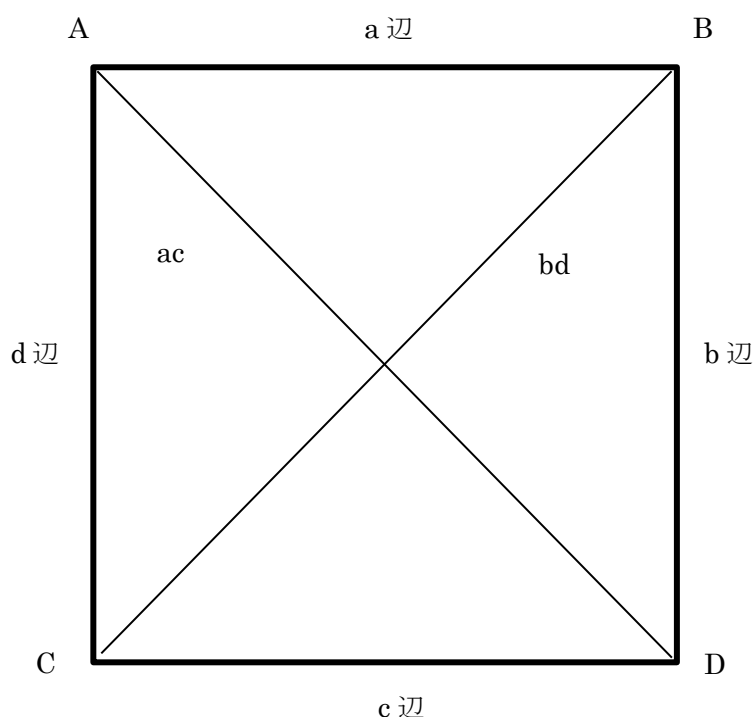
例1:A、B、C、D など

例2:斜面の場合、下から見上げて左手奥を A

例3:平地であれば北面して左手奥を A にするなど

○各辺を AB 間を a 辺、BC 間を b 辺、CD 間を c 辺ならびに DA 間を d 辺とする

○対角線を設置した場合、AC 間を ac、BD 間を bd とする



ヘアトラップ模式図

体毛回収作業手順4

試料の位置確認方法(体毛回収時)

試料回収時、試料の配置相互関係が復元できるような番号、記号をつけ、トラップ内を決まった順序で検査する。

回収班は2名一組であるが、体毛を検出した場合、回収用封筒を手分けして該当箇所にあらかじめ配置するなどして、取りこぼしなどの混乱をさける工夫をすること。ただし、試料番号は通し番号とするので番号確認は代表者一名が行い、一方が取りこぼしなどの確認をおこなうこと。

番号付け

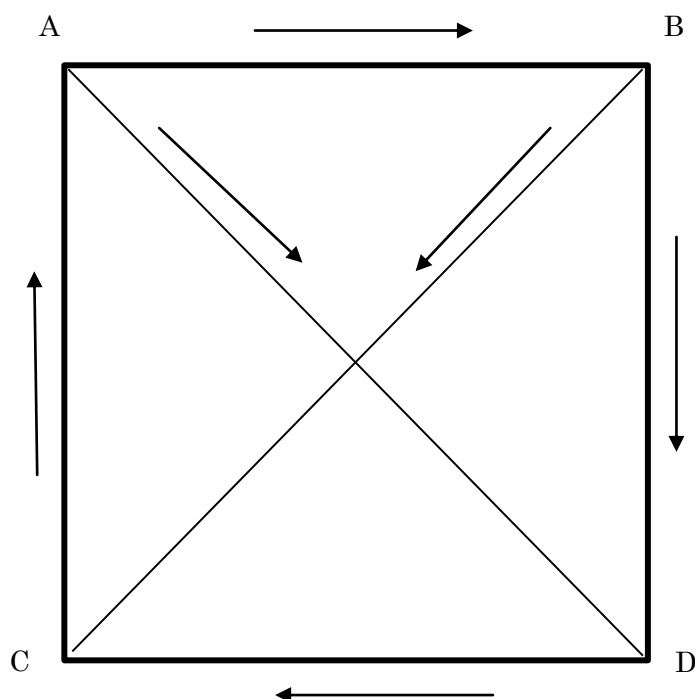
○Aを起点にして時計回りに巡回し、採集した順に通し番号を付ける

試料採集時に対象できる、試料分布見取り図を作成する

例:各辺の記号を番号に付記する 1a、2a、3b、4c

○対角線がある場合、AからC方向、BからD方向に検査する

例:各辺の記号を番号に付記する 6ac、7ac、8bd



ヘアトラップ模式図 検査方向

体毛回収作業手順5

試料の位置確認方法(相対位置復元)

試料回収時、試料の配置相互関係が記号情報だけで復元できるよう表記方法を検討する必要がある。

表記方法

○各試料、1棘1封筒を1試料とし、それに対応する回収確認票を作る

○検体用封筒ならびに回収確認票に記入する試料番号は、トラップ番号と試料の通し番号を組み合わせる

例1: 5335-1a (トラップ5335、原点Aから1試料目をa辺で検出)

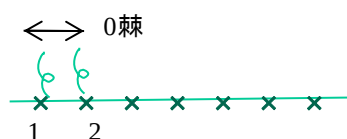
5335-5c (トラップ5335、原点Aから5試料目をc辺で検出)

5335-8ac (トラップ5335、通し番号8試料目を対角線acで検出)

○各試料の近接の度合いを相対的に示す付加記号をつける

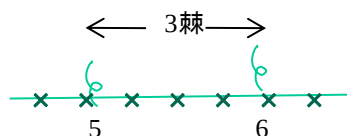
例2: 5335-1a~0 (1aからすぐ隣の棘に次の試料があることを示す)

5335-2a (2aからあとには検体はなく、a辺は以上)



例3: 5335-5b~3 (5bから次の試料間に3棘ある)

5335-6b (6bからあとにはほかの試料はなく、b辺は以上)



- ・ ティルダと数は、同じ辺上における次の試料までの間の棘数を示す
- ・ なければその辺は1試料のみ
- ・ #16の有刺鉄線の棘間隔は約75mmなので実距離の目安になる
- ・ 記号番号だけで相対位置関係が復元できる可能性がある
- ・ 記入方法はともかく、試料どうしがどのくらい隣接していたかがわかるようにすることが重要である。

体毛回収作業手順6

検体管理(バーコードの利用)

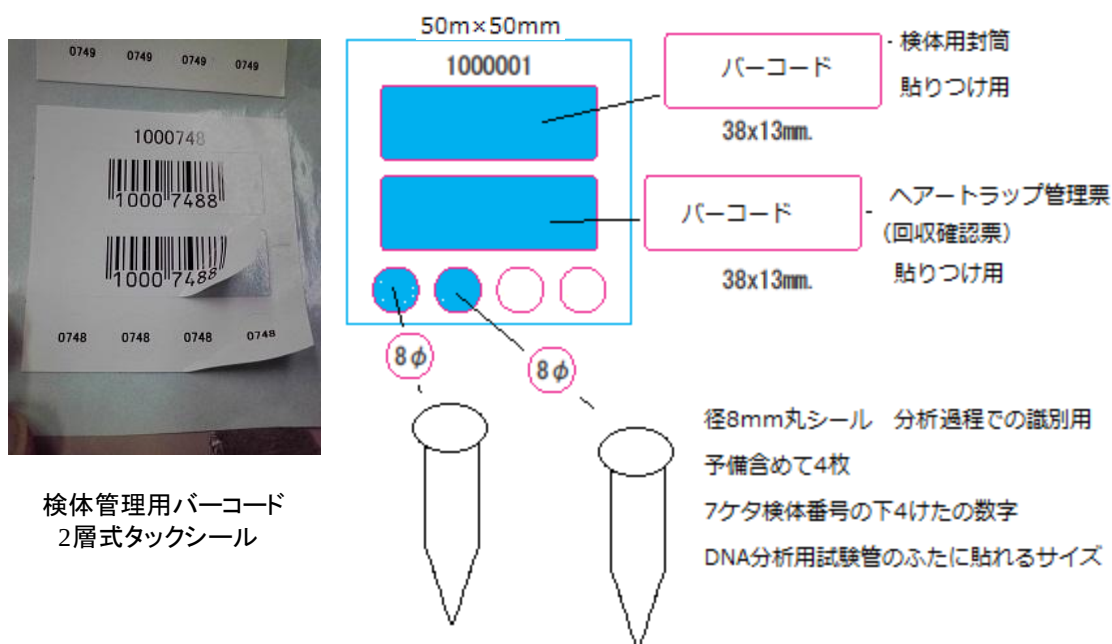
採取された体毛試料(検体)は、試料の採集位置などの属性情報をデータベース化し、分析過程での検体管理、分析結果の照合が容易にする必要がある。データベースから情報を引き出す検索キーとして、バーコードシステムも利便性が高い(以下運用例)。

- 2層式タックシール サイズ 50mm×50mm
(台紙からはがしたシールに別なシールが重ねてある)
バーコードシール 2枚(検体封筒、ヘアトラップ管理票)
分析用試験管用数値シール 4枚
合計 6片で一組
- JAN8 を基にカスタム化バーコード (閉鎖システム)
(8桁バーコード構造: 基本数値 7桁+チェックデジット 1桁)
構造例: 10007488 の場合

10 0 0748 8

(2010 年の下 2 桁)(付加数値)(検体番号)(チェックデジット*)

チェックデジット”*”は、任意に設定した基本数値上位 7 桁から自動計算(モジュラス 10)されて付加される、エラーチェック用の符号。データベース上で検体番号のみを切り出す場合、チェックデジットを自動削除する関数を組むこと



バーコードシールの概要

体毛回収作業手順まとめ

		平成22年度 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究	平成22年9月29日
		ヘアトラップ班 検体回収から各機関送付までの手順	JWRC
順序	作業	内 容	備 考
1	現場	ヘア・トラップの検査	
		・ 有刺鉄線上一定の順序で各棘每体毛の有無を検査	白紙などを背景に
		・ 体毛を検出したら、清浄なピンセットなどで所定の検体用封筒に入れる	ピンセット先端を
		・ 検体用封筒と記録原票に必要事項を記入する。必要な場合は写真撮影	バーナーで焼く
		ー 検体用封筒： 日付、セッション番号、トラップ番号、検体番号	検体に直接触れない
		ー 原票： 日付、天候、セッション番号、トラップ番号、検体番号、担当者名、	ようにゴム手袋も利用
		体毛の状態(数、毛の種類、乾燥状態など)、他種体毛かどうか、	
		そのほか特記事項	
		ー 検体番号がバーコードやラベルシールなどで提供される場合は必ず検体	体毛付着部位は
		用封筒と原票に張り付け、同じ管理番号であることを確認する	バーナーで焼く
		・ 検体用封筒の内側に指などを入れない。余分なゴミが入らないよう注意する	
		・ 検体が濡れていてもそのまま封筒に入れる	
		・ 基本的に有刺鉄線の1棘サンプルとする。原票とペアにする	
		・ サンプル数(封筒数)と原票数、記載内容を確認	
2	移動	移動用車両内での予備乾燥	充電電池のほか車両
		・ 電動ファンによる風乾。実験的には1時間ほどで余分な水分は除去可能	のシガーライター電源
		・ 定期的にトラップ毎にまとめてシリカゲルとともに密封袋に移動する	利用可能
3	宿舎	保存期間	保管期間中は
		・ 各セッション毎、トラップ毎にまとめて各分析機関に送付を前提	放置せず点検
		宿舎での保存期間は概ね2週間	
		保存・配送方法 常温乾燥保存	保存用シリカゲルは
		・ 予備乾燥後、必要であれば乾燥剤を追加・交換して乾燥	低湿度吸水性の良い
		・ 保管用にシリカゲル交換。水濡に注意し冷蔵庫で保管	A型？
		・ 2-3日毎状態検査し、シリカゲルが青から淡色化した場合は交換	保管中青色を保つ
		・ 梱包前に状態を確認、シリカゲルが青から淡色化した場合は交換	
		・ 記録原票のコピーまたは原本を同梱する	シリカゲル再生
		・ 保存・配送方法は、その他の提案を含めいずれかに統一	電子レンジで5-10分
		データの送付	または150度以上で
		・ 検体記録内容のエクセルファイル、配送日時、配送伝票番号をメールで	青色インジケータの状
		各機関に送付	態確認しながら脱水
		・ 各機関に検体とデータの受け取りを確認	

ヘア・トラップ回収・撤収（調査終了時）

有刺鉄線などの設置物回収に際しての注意事項

- 現場復帰の作業であるため、無用に立木などに傷をつけたり、土砂の移動などがないよう留意する
- 回収資材、ごみなどの収納、環境汚染防止のため適当な容器、袋を用意する
- 有刺鉄線を外し、鉄パイプなどに巻きとるなど安全に処理する
- 養生テープ、標識テープ、ナイロンロープなどを回収する
- 注意書き看板の回収し忘れに注意する
- 補助支柱に使用した結束線も放置しない
- 誘因物容器、残余誘因物を回収する
- 自動撮影装置など、付属機材を放置しないように注意する
- 作業記録をとり、周囲の清掃など放置物がないか確認して終了する
- 回収した有刺鉄線などは、産業廃棄物業者を通じて適切に処分する
 - ・事業系廃棄物に該当するので一般ゴミにまぜないこと
 - ・可燃物、不燃物は分別し地域並びに業者指定のルールに従うこと
 - ・必要な場合、適正処理されたことを証明するマニフェストを発行してもらうことができるので、そのような依頼に応じる業者を選択すること
 - ・金属廃棄物は、業者を通じてリサイクルに回される仕組みになっている

記録用紙1 検体用封筒書式例

環境省「クマ類の個体数推定法の開発に関する研究」
調査地：岩手県北上山地青松葉山地域

日付：2010/ / - -	
セッション番号：	担当者：
トラップ番号：	
備考	個別バーコード貼り付け欄
6片組バーコードタックシール 貼り付け欄 ここからバーコードシールを1枚 個別バーコード欄に張り替える	

検体用封筒の印刷書式

○長4号封筒の上下に印刷して中央で切断する。トラップ番号の欄に検体番号と相対位置記号を記載する



検体用封筒とバーコードシール(2層式タックシール、500シール巻(左)、拡大(右))



現場でバーコードシールを検体用封筒に貼り付ける

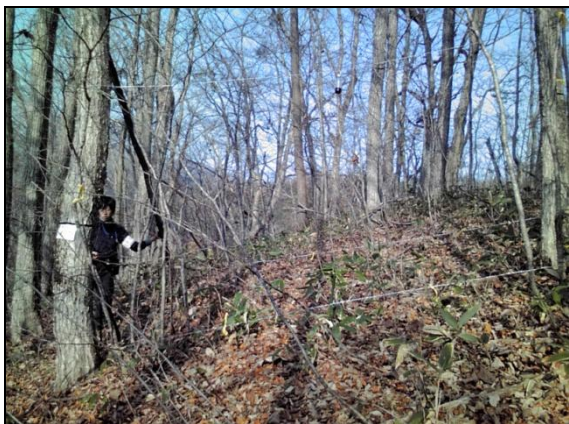
記録用紙2 回収確認票書式例(改訂)

ヘアートラップ管理票(回収確認票)									
セッション番号:		地域:				担当者:			
トラップ番号:		日付:		天候:		その他:			
バーコード	検体番号	位置(辺)	間隔(棘数)	採集量 1・～9・10≤	体毛種類* G・I・U	状態	毛根	備考 (多種獣毛等)	
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		
				1・～9・10≤	G・I・U	濡・乾・汚	有・無・不明		

*体毛種類 G:剛毛、I:中間毛、U:下毛

→		a		→		B		そのほか特記事項(周辺痕跡の有無など)	
↑	d	↑	D	←	c	←	C	↓	
↑	d	↑	D	←	c	←	C	↓	
↑	d	↑	D	←	c	←	C	↓	

設置状況写真



基本型 四角形 1 段



基本形+対角線型



立木保護(養生テープ)



園芸用ポール(補助)



誘引物(地上 2mに吊るす)



誘引物容器(蜂蜜)、PET 製カップ製
防滴傘と吊下紐からの雨水流入防止紐

設置・試料回収状況写真



注意標識



有刺鉄線の安全対策(目印)



採集された体毛



体毛回収状況



残渣・体毛処理



電動ファンを用いた予備乾燥装置
シガーライターソケットと家庭用電源両用

1.2 北上山地大規模ヘア・トラップ調査による試料採取

米田 政明・常田 邦彦・黒崎 敏文・高橋 聖生・藤田 昌弘・山田 孝樹・東出 大志
(自然環境研究センター)

1. はじめに

日本のランドスケープに適したヘア・トラップ法によるツキノワグマの生息数推定法の確立を目的として、北上山地において2010年6月から8月にかけて大規模ヘア・トラップ調査を実施した。本研究先行事例では、採取効率（採取試料数/トラップ設置基日）および採取した試料からのDNA分析成功率において、5月から8月にかけては成績がよいが9月以降は低下することが、2009年度岩手大学御明神演習林における本研究で明らかにされている（山内・近藤、2010）。この先行事例は、調査トラップ数が15基と小規模なものであった。大規模ヘア・トラップ調査における、試料採取の季節性および試料採取位置の空間的特徴に関する報告は少ない。また、ヘア・トラップ法の標準化のためには、合理的な試料採取努力量を設定する必要がある。ヘア・トラップ法における調査努力量と試料採取状況とその季節性の提示、DNA分析班および個体群モデル班への試料採取特性の情報提供を目的として、北上山地大規模ヘア・トラップ調査（2010年度）における、試料採取の季節性および採取位置の環境特性に関する分析を行った。

2. 方法

本研究の大規模ヘア・トラップ調査地として選定した北上山地青松葉山地域（米田ほか 2010）に、2010年度研究では606-km²（最外周トラップを結ぶ範囲）の調査地域に、計245基のヘア・トラップを設置した。トラップの設置は2010年6月6日から6月17日にかけて行い、6月20日から、ほぼ10日間隔で、8月20日までに6セッションの体毛回収見回りを行った。本研究の作業管理用に作成した「ヘア・トラップの設置・見回り・試料回収作業の手引き」に従い、試料採取においては人為的汚染がないよう、注意深く実施した。また、手引きに従い採取した試料の記録を行った。さらに、DNA分析のためDNA班に送付するまでの間、試料の劣化が進まないよう保存に注意した。

ヘア・トラップ法による調査では、同一セッション、同一トラップの複数の棘で採取された体毛試料を同一個体と見なしまとめて分析するか、あるいは別個体と見なし、個別に分析するかの問題がある（厳密には、同一セッション、同一トラップの同一棘でも、別個体の可能性があるがその可能性は極めて低いとしてこの点は無視する）。前者の方法で試料をまとめて分析すると、DNA抽出量が多くなりそのため分析成功率も向上するが、同一セッション、同一トラップの複数の棘で複数個体が捕獲されている場合、複数個体を検出できない、あるいはDNA個体識別で間違った結論を導くおそれがある。後者の方法で棘ごとに試料を別けて分析すると、棘による個体が異なる場合それを検出することができるが、DNA抽出量が少ないため分析成功率が低下する。また、DNA分析とデータ照合の作業量が多くなる。本研究では棘ごとにわけて試料を分析する後者の方法を採用するため、試料採取では、セッション・トラップの棘ごとに試料をわけて採取・記録した。ただし、試料採取の季節性およびトラップと環境要因の関連分析では、各セッションで試料採取に成功したトラップ数（「試料採取トラップ数」とする）と、有刺鉄線の棘ごとに区分し

て採取した試料（その総計を「採取試料総数」とする）を区分して分析した。試料採取の地域性分析では、試料採取チームの地域区分にあわせ、調査地域を4区分した（図1）。

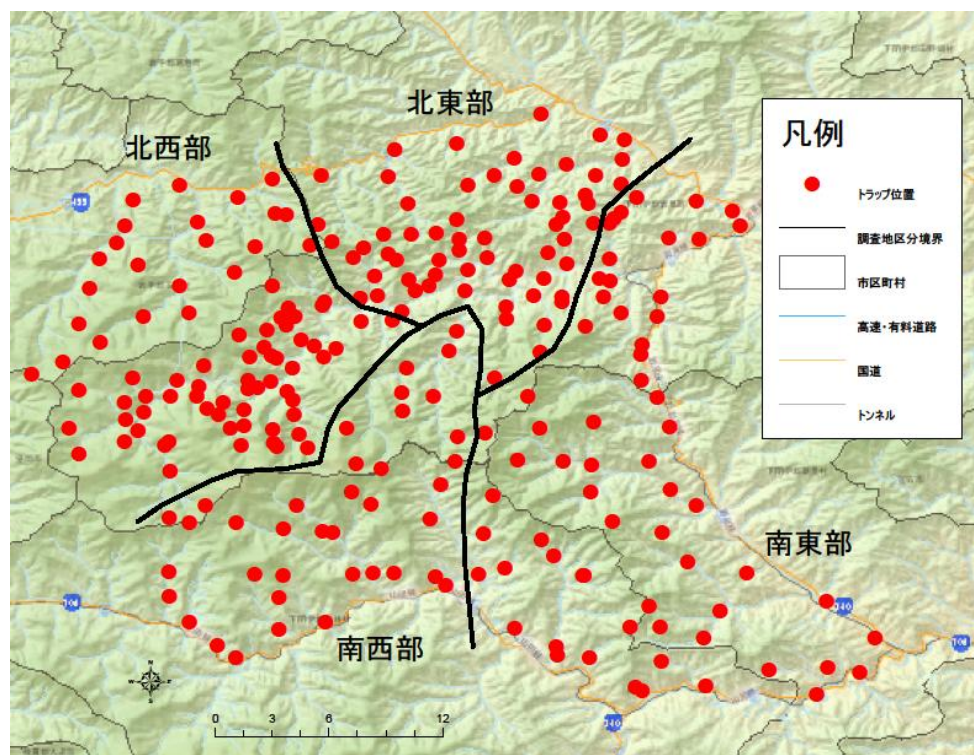


図1 北上山地モデル調査地の試料採取チーム調査地区分

3. 結果

3-1. 試料採取の概要

北上山地大規模調査において、2010年度の本研究では、のべトラップ数1,470基・セッション（245基×6セッション）において、計339基・セッションのトラップ（試料採取トラップ数）から採取試料総数として2,071試料を採取した（表1、付表1）。全セッション間を通じた、試料採取トラップ数の割合は22.9%であった。また、平均試料採取効率は、1.4試料/基・セッション（2071試料/1470基・セッション）であった。試料採取状況の解析では、採取試料総数ではなく、試料のあり、なし（試料採取トラップ数）のカテゴリを主に用いた。

表1 試料採取の概要（北上山地大規模調査地、2010年6月20日～8月20日）

区分	セッション						計
	1	2	3	4	5	6	
試料採取トラップ数（基）	47	45	39	65	61	82	339
採取試料総数（1棘1サンプル）	259	185	212	449	322	644	2071

3-2. セッションによる試料採取率の違い

試料採取の季節性を見るため、試料採取トラップ数および採取試料総数のセッション毎の違いを図2に示した。試料採取トラップ数は、第6セッションが最大、第3セッションで最小であっ

た。このセッション間（季節間）での試料採取トラップ数に変動があるかどうか調べるために χ^2 検定を行った。その結果、セッション間で試料採取トラップ数が同じであるとは言えないということがわかった（ $\chi^2=22.4$, $df=5$, P 値 <0.01 ）。セッション内で試料採取トラップ数が最も多かったのは上記のように、8月10日から始まる第6セッションであり、次いで7月20日始まりの第4セッション、7月30日始まりの第5セッションで多く、夏期に試料採取トラップ数が多くなる傾向が見られた。

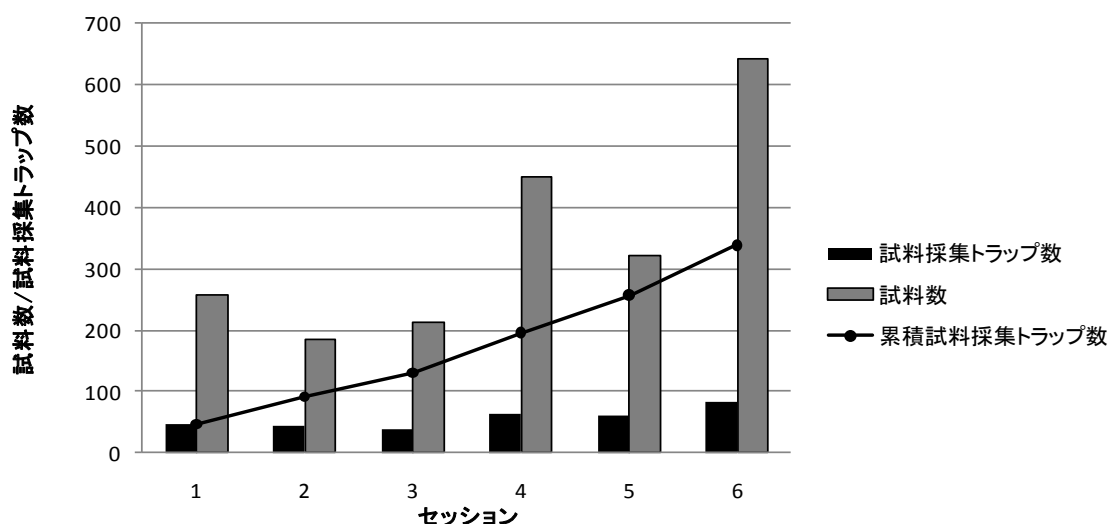


図2 セッションごとの試料採取トラップ数と採取試料数の変化

3-3. トラップ別捕捉回数

トラップ数 245 基に対して、6 セッションをあわせた試料採取トラップは計 339 トラップであったため、試料採取トラップは調査期期間を通じて平均して 1.38 トラップ（339 基/249 基）あったことになる。しかし、6 セッションを通じて 1 度も試料が採取されなかったトラップが 84 基あった一方、6 セッションとも試料採取があったトラップが 2 トラップあった（表 2）。トラップ別の捕捉回数の空間分布を見るため、図 3 に 6 セッションをとおしての各トラップでの試料採集回数を地図上に示した。試料採取があったトラップは、調査地東部に比べ西部が多かった。

表 2 試料採取トラップ数の頻度分布

	6 セッションを通じた試料採取回数						
	0 回	1 回	2 回	3 回	4 回	5 回	6 回
試料採取トラップ数 (基)	84	70	40	24	20	5	2

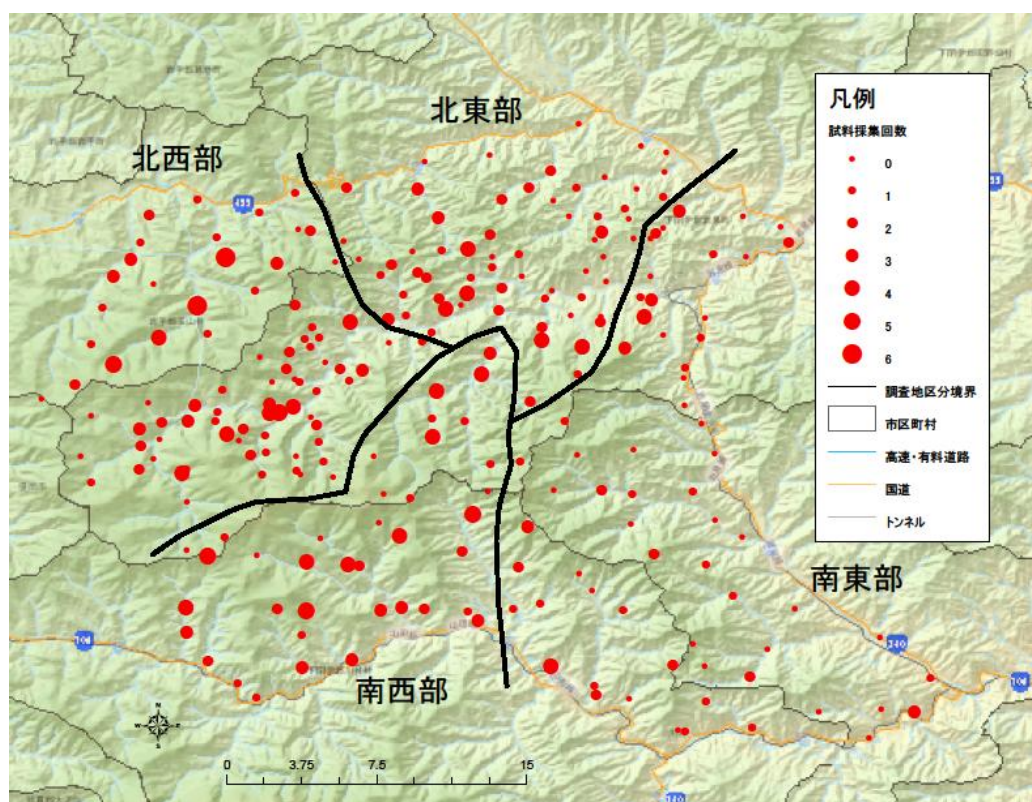


図3 トラップ位置とトラップごとの試料採取回数

3-4. 試料採取と環境特性

1) 調査地域区分

調査地域内で試料採取に地域的違いがあるかを見るため、調査地域の4区分と試料採取トラップ数の関連を分析した。調査期間全体での各調査地域の1トラップあたりの試料採集回数のグラフを表3に示した。図3のトラップ別捕捉回数に対応して、調査期間を通じて南西部の地域で試料採取トラップの割合が高かった。一方、南東部では最も低い値であった。また調査期間をとおしての調査地域別の試料採集トラップ数のセッション間推移を図4に示した。北西部では、第2セッションまで採取率が低かったが、その後高まった。試料採取率トラップ数の地域差に関し、地域区分ごとの試料採集数トラップ数の違いについて χ^2 検定した。その結果、地域区分により試料採集トラップ数の割合が異なると判断できた($\chi^2=31.14$, $df=3$, p 値 <0.01)。

表3 調査地域4区分別の試料採集トラップ数と採取試料数(6セッション合計)

試料採取	調査地域区分				計
	北東部	南東部	南西部	北西部	
トラップ設置数	61	56	59	69	245
試料採取トラップ数	73	43	114	109	339
試料採取トラップ率(%) ¹⁾	19.9	12.8	32.2	26.3	23.1
採取試料数	515	207	602	747	2071

1) 試料採取トラップ数/(トラップ設置数×6セッション)

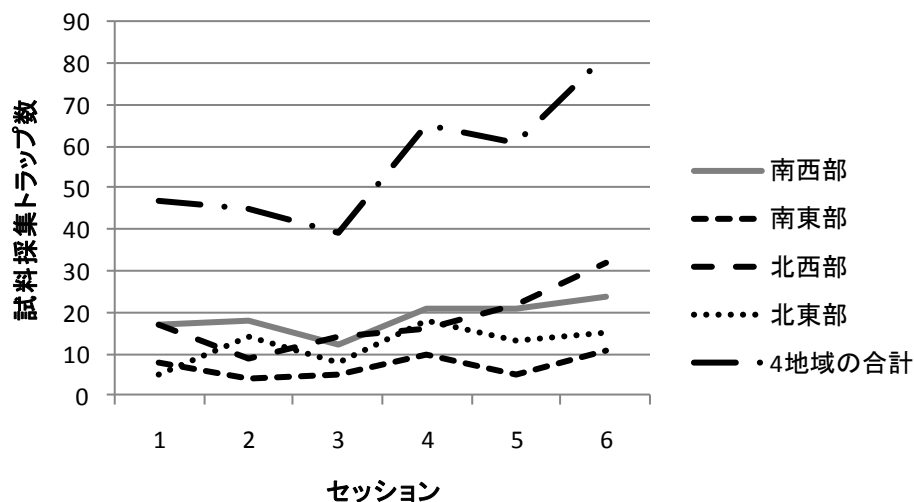


図4 調査地域4区別試料採集数のセッションごとの推移

2) 標高と試料採取

試料採集トラップの標高特性を見るため、トラップあたりの平均試料採取回数と、200 m 刻みで区分した標高との関連を図5に示した。標高 600 m から 799 m の標高区分でトラップあたりの平均試料回数が最も多かった。また、試料採集トラップの調査セッションごとの平均標高の推移を図6に示した。セッション間で試料採集があったトラップの標高に変化があったかどうか調べるために分散分析を行った。その結果を表4に示した。表3からセッション間で試料採集があったトラップの平均標高に変化があるとは言えないことが分かった。

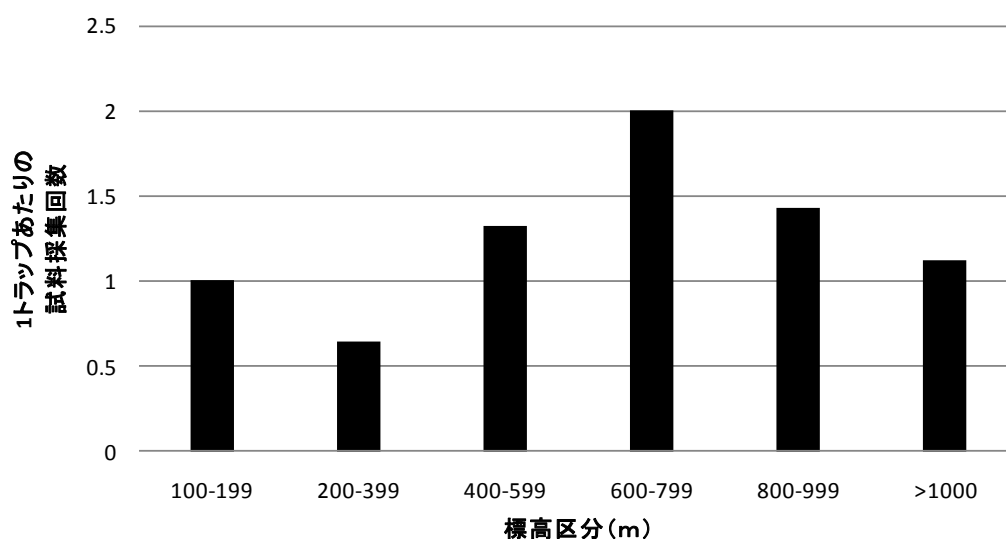


図5 標高ごとのトラップあたりの試料採取回数の平均。1基のトラップで6回の回収をしたときの平均試料採集回数が見られている。

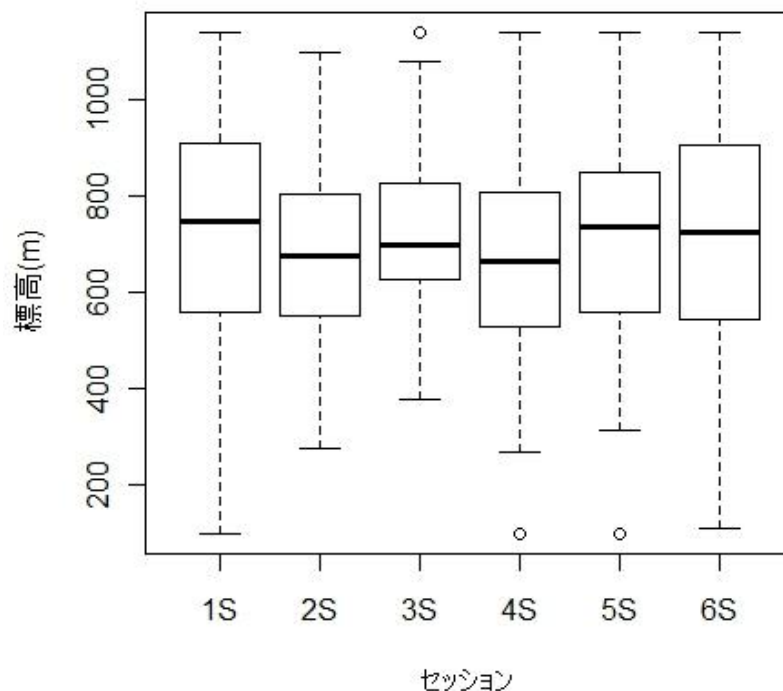


図 6 試料採集があったトラップのセッション別の標高：セッションごとに試料採集があったトラップの標高の中央値が示されている。黒線が中央値、四角が 50%、ひげが 75%のデータが入る区間を表している。

表 4 試料採集があったトラップ位置標高のセッション毎の分散分析

変動要因	平方和	自由度	分散	F 値	P 値	F 境界値
グループ間	181575.7	5	36315.14	0.795501	0.553497	2.241097
グループ内	15201659	333	45650.63			
合計	15383235	338				

3) 植生と試料採取

トラップ位置の植生がトラップの捕捉率に影響しているかを見るため、試料採取トラップと植生の関連を分析した。トラップが設置された植生区分は、現地観察から、落葉広葉樹、落葉針葉樹（カラマツ）、常緑針葉樹（スギ、ヒノキ造林地）の 3 区分とした（付表 1 参照）。植生区分別の試料採集回数の平均を図 7 に示した。それぞれの植生区分ごとに採集回数に違いがあるのかどうか、分散分析したところ植生別の試料採集回数には差がないという結果が出た（表 5）。

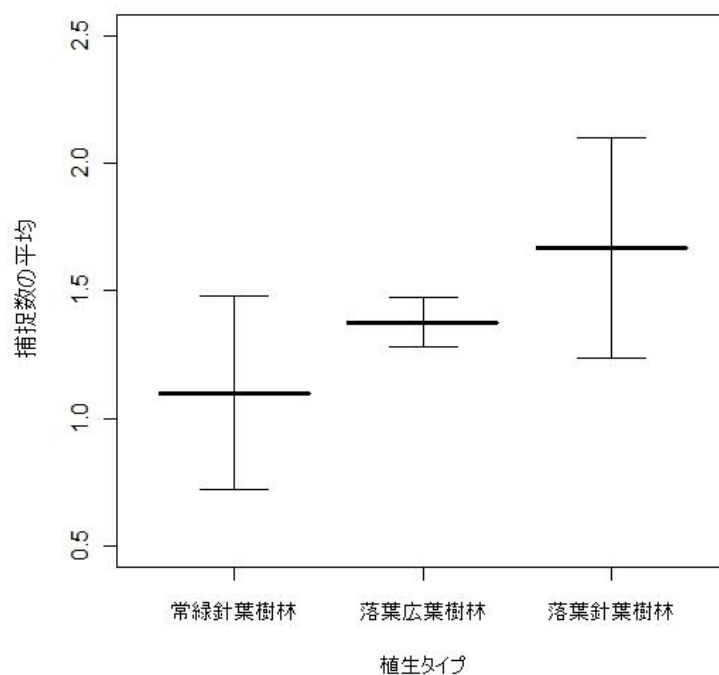


図 7 トラップ位置の植生区分と平均試料採取回数。黒い横棒が平均値を表し、上下のバーが標準誤差を表す。

表 5 試料採取があったトラップ位置植生と捕捉回数の分散分析表

	自由度	平方和	平均平方	F 値	P 値
グループ内	2	2.01	1.0075	0.4956	0.6098
グループ間	242	491.92	2.0327		

4) トラップ設置密度と採取試料数

2010 年度北上山地モデル調査地における調査では、ヘア・ラップを高密度 (1 基/1-km²) と低密度 (1 基/4-km²) の 2 通りで配置した。高密度と低密度に設置したトラップでは試料採集回数に差があるのかを調べた。高密と低密度の試料採集回数を図 8 に示した。また、高密度と低密度の捕捉回数を分散分析によって検定したところ、差があるとは言えない結果になった (表 6)。

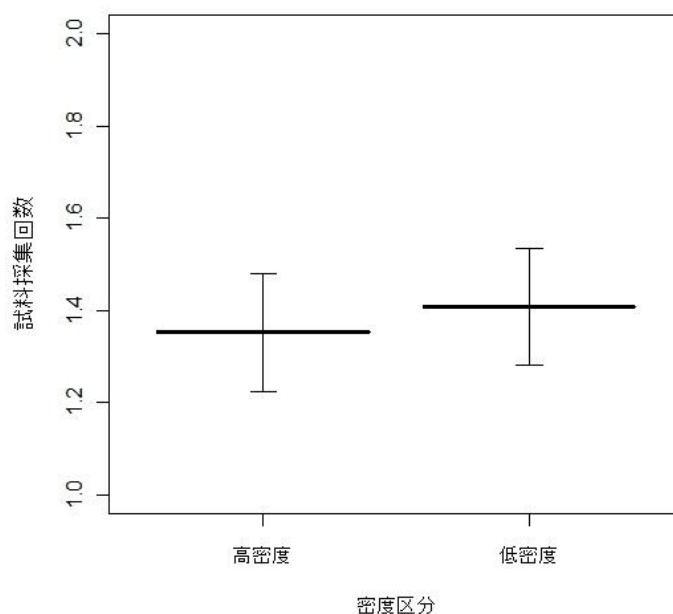


図 8 密度区分ごとの 6 セッションをととしての試料採集があった回数。黒棒が平均値、上下のひげが標準誤差を表す。

表 6 トラップ設置密度と試料採集状況: 平均試料採集数は 採取試料総数/のベトラップ数 (トラップ数×セッション数) から求めた

区分	トラップ数	試料採取トラップ数	採取試料総数	平均試料採集回数
高密度トラップ	105	142	700	1.35
低密度トラップ	140	197	1371	1.41
計	245	339	2,071	1.38

4. まとめと考察

ツキノワグマを対象とした 2010 年度 (平成 22 年度) 北上山地モデル調査地における大規模ヘア・トラップ調査では、245 基トラップによる 6 セッションの調査により、339 トラップ・セッションで試料採取に成功し、1 トラップ 1 セッション 1 棘区分では、のべ 2,071 試料を回収した。試料採取トラップ数に関して調査セッション間で変動があり、夏期の第 4 から第 6 セッションでその数が多かった。また、4 区分した調査地間で試料採取トラップ数に差があることが示された。一方、試料採取トラップと、標高、植生、およびトラップの設置密度との関連は低いことが分かった。

セッション間では第 6 セッションすなわち 8 月 10 日からのセッションで試料採取数が最も高かった。これは、ツキノワグマの植物食のエサが少なくなり、昆虫食に依存する夏期 (水野・野崎、1985) にハチミツによる誘因効果が高くなったためと考えられる。試料採取トラップ数は、調査地の中では国有林の多い西部で多い傾向があった。これは、ツキノワグマの局所的な生息地利用

密度の差を反映しているものと考えられるが、国有林のどのような環境要因がその地域差に影響したのかは今回の調査では分からない。

今後の調査に向けたまとめとして、北上山地ではツキノワグマの体毛試料を効率的に採取するには、夏期（7-8月）を調査セッションに組み入れることが重要である。また、面積 600-km² 程度の調査地でも、その内部で生息地利用密度には局所的差があることを前提とした調査設計とする必要がある。一方、ヘア・トラップ設置位置の植生、標高、および 1 基/4-km² 以上の設置密度であればトラップ設置密度は試料採取にはあまり影響しない。すなわち、ヘア・トラップの設置に際して個別環境をそれほど重視する必要はなく、また、1 基/1-km² の高密度設置でなく 1 基/4-km² の設置密度でもトラップ 1 基あたりの試料採取効率に影響することはない。

引用文献・資料

- 水野 昭憲・野崎 英吉. 1985. 白山山系のツキノワグマの食性. 森林動態の変化と大型野生動物の生息動態に関する基礎的研究（昭和 55-59 年度）. 環境庁自然保護局：38-43.
- 山内 貴義・近藤 麻実. 2010. クマ類体毛サンプルからの DNA 抽出と分析効率の季節性. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究平成 21 年度報告書: 82-93.
- 米田 政明・根本 唯・藤田 昌弘. 2010. 北上山地ヘア・トラップ調査地の環境構造とツキノワグマの捕獲状況. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究平成 21 年度報告書: 39-48.

付表 1 全トラップの設置環境一覧

(その1)

コード番号	緯度(60)	経度(60)	市町村	森林所有者	植生上層	高・低密度の区分	地域	標高(m)	セッション						合計
									1	2	3	4	5	6	
3338	39.36599	141.29027	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	673	0	0	1	0	0	0	1
3348	39.37223	141.28319	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	606	0	1	0	0	0	0	1
3357	39.38004	141.27441	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	523	0	0	0	1	1	0	2
3359	39.38420	141.29357	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	723	0	1	0	0	0	1	2
3366	39.38452	141.27102	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	665	1	1	0	1	0	0	3
3386	39.3927H	141.27089	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	722	1	1	0	0	1	1	4
3450	39.37489	141.30169	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	543	0	0	0	1	1	1	3
3452	39.38008	141.31366	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	515	1	1	1	0	0	0	3
3459	39.37508	141.36591	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	313	1	0	0	1	1	1	4
3460	39.38428	141.30162	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	905	0	0	0	0	0	1	1
3463	39.38290	141.32232	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	433	1	0	0	0	1	1	3
3468	39.38320	141.35579	宮古市川井	民有林	常緑針葉樹林	L	南西部	350	0	0	0	0	1	0	1
3470	39.39213	141.30234	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	916	1	1	1	1	0	1	5
3475	39.38470	141.33360	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	410	0	0	0	0	1	1	2
3476	39.39048	141.35012	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	442	0	0	0	1	1	1	3
3484	39.39261	141.32571	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	480	0	0	1	1	0	1	3
3486	39.39193	141.34440	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	536	0	1	0	0	0	0	1
3489	39.39332	141.36421	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	470	0	0	0	1	0	0	1
3492	39.39460	141.31488	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	560	0	0	0	0	1	1	2
3513	39.36042	141.39570	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	609	0	0	0	1	0	0	1
3514	39.36093	141.40246	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	350	0	0	0	0	0	0	0
3517	39.35500	141.42460	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	230	1	0	0	0	0	0	1
3529	39.36389	141.44128	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	400	0	0	0	0	0	0	0
3531	39.36510	141.38119	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	368	0	0	0	0	1	1	2
3532	39.37001	141.39058	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	340	0	0	0	0	0	0	0
3535	39.36543	141.41094	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	337	1	0	0	0	0	0	1
3541	39.37188	141.38093	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	321	0	0	0	0	0	1	1
3546	39.37337	141.42212	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	435	0	0	0	1	0	1	2
3554	39.37533	141.40159	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	763	0	0	1	0	1	0	2
3555	39.37527	141.41072	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	801	0	0	0	0	0	0	0
3562	39.38220	141.38574	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	475	0	0	0	0	0	0	0
3564	39.38287	141.40486	宮古市新里	民有林	落葉針葉樹林	L	南東部	925	0	0	0	0	0	0	0
3568	39.38206	141.42488	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	284	0	0	0	0	0	0	0
3582	39.39214	141.38556	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	524	0	1	0	0	0	0	1
3588	39.39248	141.43420	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	337	0	0	0	0	0	0	0
3590	39.40217	141.37448	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	676	0	0	0	0	0	0	0
3591	39.39551	141.38059	宮古市川井	民有林	常緑針葉樹林	L	南東部	529	0	0	0	0	0	0	0
3596	39.39570	141.41099	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	585	0	0	0	1	0	0	1
3610	39.35561	141.45339	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	150	0	0	0	0	0	0	0
3622	39.36359	141.46473	宮古市新里	民有林	常緑針葉樹林	L	南東部	100	1	0	0	1	1	0	3
3630	39.36427	141.45260	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	200	0	0	0	0	0	0	0
3643	39.37329	141.47135	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	110	0	0	0	0	0	1	1
3660	39.38375	141.45080	宮古市新里	民有林	常緑針葉樹林	L	南東部	143	0	0	0	0	0	0	0
4316	39.41000	141.27097	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1050	0	0	0	0	0	0	0
4317	39.40507	141.27442	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1140	1	0	1	1	1	1	5
4318	39.40519	141.29036	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	908	0	0	0	0	0	0	0
4326	39.41212	141.27120	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1035	0	0	0	0	1	0	1
4346	39.42197	141.27111	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	912	0	0	0	0	0	0	0
4353	39.42496	141.24357	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	950	0	0	0	0	0	1	1
4354	39.43097	141.25320	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	南西部	976	0	0	0	0	1	1	2
4355	39.43046	141.26230	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	南西部	877	1	0	0	1	1	1	4
4359	39.43034	141.29119	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	984	0	0	0	0	0	1	1
4362	39.43329	141.24186	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	991	0	0	0	0	0	0	0
4364	39.43475	141.25556	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	南西部	850	1	0	0	0	1	0	2
4365	39.43284	141.26162	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	南西部	825	0	0	0	0	0	0	0
4366	39.43113	141.27093	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	南西部	980	1	0	0	0	0	0	1
4368	39.43310	141.28536	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	1022	0	0	0	0	1	1	2
4369	39.43371	141.29176	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	867	0	0	0	0	0	1	1
4374	39.44172	141.25370	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	南西部	910	1	1	0	1	0	0	3
4375	39.44009	141.26264	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	H	北西部	811	0	0	0	0	0	0	0
4377	39.44078	141.27470	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	H	北西部	947	1	1	0	0	1	1	4
4378	39.43578	141.28342	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	H	北西部	1048	0	0	0	0	0	0	0
4379	39.44048	141.29167	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	H	北西部	814	0	0	0	0	0	1	1
4383	39.44386	141.24359	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1020	0	0	0	0	0	0	0
4385	39.44273	141.26293	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	907	0	0	0	0	1	1	2

1.2 北上山地ヘア・トラップ試料採取

(その2)

4386	39.44281	141.27116	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	803	1	1	0	0	1	0	3
4387	39.44292	141.27569	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	854	0	0	0	0	1	0	1
4388	39.44171	141.28416	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	1074	0	0	0	0	1	1	2
4389	39.44250	141.29403	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	692	1	0	1	1	1	1	5
4391	39.45066	141.23151	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	1079	0	0	0	0	0	0	0
4395	39.44591	141.26076	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	1016	0	0	0	0	0	0	0
4396	39.44547	141.27232	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	787	1	0	0	0	1	1	3
4397	39.44449	141.28000	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	801	0	0	0	0	0	1	1
4398	39.44554	141.28440	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	721	0	1	0	1	1	0	3
4399	39.44409	141.29241	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	726	0	0	1	1	1	1	4
4400	39.40400	141.30242	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	749	0	1	1	1	1	0	4
4402	39.40366	141.31313	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	676	0	1	1	1	1	0	4
4408	39.41373	141.36216	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	570	0	1	0	1	0	1	3
4416	39.40571	141.34353	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	580	0	0	1	1	0	0	2
4421	39.41207	141.30464	宮古市川井	国有林	落葉針葉樹林	L	南西部	950	0	0	0	0	0	0	0
4424	39.41228	141.32542	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	940	1	1	1	0	0	1	4
4428	39.40329	141.36056	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1030	1	1	0	0	0	0	2
4433	39.41444	141.32204	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1062	0	0	0	0	0	0	0
4436	39.41578	141.34534	宮古市川井	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	670	0	1	1	1	1	1	5
4443	39.42313	141.32283	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1180	0	0	0	0	0	0	0
4444	39.42360	141.33113	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1100	0	1	0	0	0	0	1
4447	39.42367	141.35177	宮古市川井	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1020	0	0	0	0	0	0	0
4449	39.42378	141.37041	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	890	0	0	0	0	0	0	0
4450	39.43024	141.30137	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	1152	0	0	0	0	0	0	0
4451	39.42596	141.31064	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	774	0	0	0	0	0	0	0
4460	39.43260	141.30061	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	H	北西部	1005	0	0	0	0	0	0	0
4461	39.43227	141.30514	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	845	0	0	0	0	1	1	1
4463	39.43332	141.32125	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1150	0	0	0	0	0	0	0
4467	39.43193	141.35213	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	L	南西部	884	0	0	0	0	1	0	1
4468	39.43242	141.36088	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1027	0	1	0	0	0	0	1
4470	39.43509	141.29568	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	885	1	0	0	0	0	0	1
4471	39.43562	141.30432	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	780	0	0	0	0	0	1	1
4475	39.44034	141.33476	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	821	1	0	0	1	1	1	4
4480	39.44365	141.30307	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	704	0	0	0	0	0	0	0
4481	39.44228	141.30404	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	H	北西部	690	0	0	1	1	0	0	2
4485	39.44337	141.33469	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	L	南西部	735	0	0	0	0	1	0	1
4486	39.44291	141.34398	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	692	0	0	1	0	0	0	1
4490	39.44528	141.30028	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	662	1	0	0	1	1	1	4
4491	39.45167	141.30402	岩泉町	国有林	落葉針葉樹林	H	北西部	644	0	0	1	0	0	0	1
4492	39.45040	141.31542	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	783	0	0	0	1	1	1	3
4498	39.45003	141.36249	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	860	0	0	0	1	0	1	2
4502	39.40533	141.39456	宮古市新里	民有林	落葉針葉樹林	L	南東部	969	1	0	0	1	0	0	2
4507	39.39456	141.41533	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	272	0	0	0	1	0	0	1
4526	39.41212	141.42085	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	244	0	0	0	0	0	0	0
4532	39.41432	141.39087	宮古市新里	民有林	常緑針葉樹林	L	南東部	463	0	0	0	0	0	0	0
4535	39.41497	141.41247	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	295	0	0	0	0	0	0	0
4541	39.42373	141.38214	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	470	0	0	1	0	1	0	2
4542	39.42301	141.39105	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	400	0	0	0	0	0	1	1
4554	39.42356	141.40486	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	650	0	0	1	0	0	0	1
4560	39.43420	141.37414	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1050	0	0	0	0	0	0	0
4562	39.43200	141.39134	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	846	0	0	0	0	0	0	0
4565	39.43365	141.41238	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	360	0	0	0	0	0	0	0
4580	39.44287	141.37217	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	1129	0	0	0	0	0	1	1
4585	39.44261	141.41027	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	540	0	0	0	0	0	0	0
4593	39.44554	141.39520	宮古市新里	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	355	0	0	0	0	0	0	0
5302	39.45266	141.24089	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	1082	0	0	1	0	0	1	2
5307	39.45203	141.28082	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	536	0	0	0	0	0	1	1
5309	39.45343	141.29277	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	803	0	0	0	0	0	0	0
5313	39.46016	141.25124	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	1053	1	0	1	1	1	1	5
5319	39.46060	141.29320	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	854	0	0	0	1	0	0	1
5323	39.46331	141.24355	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	997	0	0	0	0	0	1	1
5325	39.46442	141.26253	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	925	1	0	0	1	1	1	4
5327	39.46516	141.27431	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	905	0	0	0	1	0	0	1
5329	39.46135	141.29087	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	921	0	0	0	0	0	0	0
5335	39.47310	141.26162	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	987	0	0	0	0	0	0	0

1.2 北上山地ヘア・トラップ試料採取

(その3)

5343	39.47331	141.24537	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	820	0	0	0	1	0	0	1
5357	39.47366	141.27276	盛岡市	国有林	落葉針葉樹林	L	北西部	810	1	1	1	1	1	1	6
5358	39.48001	141.29008	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	897	0	0	1	0	0	0	1
5364	39.48237	141.25106	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	793	0	0	1	0	1	1	3
5374	39.48506	141.25398	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	732	0	0	0	1	1	1	3
5376	39.48542	141.27250	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	763	1	1	1	1	1	1	6
5379	39.48445	141.29361	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	1071	0	0	0	1	1	1	3
5384	39.49195	141.25480	盛岡市	民有林	落葉広葉樹林	L	北西部	707	0	0	0	0	0	1	1
5387	39.49275	141.27585	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	752	0	0	1	0	0	0	1
5389	39.49342	141.29370	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	864	0	0	0	0	0	0	0
5399	39.50083	141.29075	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	758	0	0	0	0	0	1	1
5400	39.45319	141.30122	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	655	0	0	0	0	1	0	1
5401	39.45377	141.30420	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	588	0	0	0	0	0	0	0
5402	39.45351	141.31331	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	673	1	0	0	0	0	0	1
5405	39.45169	141.33545	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南西部	700	1	0	1	1	0	1	4
5410	39.45521	141.29512	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	844	0	1	1	0	0	0	2
5411	39.46047	141.30545	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	605	0	0	0	0	0	0	0
5412	39.45533	141.31174	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	574	1	0	0	1	0	0	2
5417	39.45500	141.35072	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南西部	561	1	1	0	1	0	1	4
5419	39.46090	141.36445	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	821	0	0	0	1	1	0	2
5420	39.46302	141.30302	岩泉町	国有林	常緑針葉樹林	H	北西部	718	0	0	0	0	0	1	1
5422	39.46310	141.31400	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	596	0	0	0	0	0	0	0
5423	39.46367	141.32368	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	573	0	0	0	0	0	0	0
5424	39.46384	141.33040	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	609	0	0	1	0	0	0	1
5427	39.46189	141.35202	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南西部	545	0	1	0	0	1	1	3
5430	39.46216	141.29568	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	998	1	0	0	0	0	1	2
5431	39.46448	141.30438	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	847	1	0	0	0	0	0	1
5432	39.47101	141.31348	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北西部	598	1	1	1	0	0	1	4
5433	39.47151	141.32356	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	528	0	1	0	1	0	1	3
5435	39.46534	141.33461	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	477	0	0	0	1	0	0	1
5439	39.46404	141.36446	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北東部	600	0	1	0	1	1	1	4
5440	39.46426	141.30211	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北西部	728	0	1	0	0	0	0	1
5441	39.47372	141.30560	岩泉町	民有林	落葉針葉樹林	H	北西部	818	0	0	0	0	1	1	2
5444	39.47203	141.33046	岩泉町	民有林	常緑針葉樹林	H	北東部	511	0	0	1	0	0	0	1
5445	39.47297	141.34092	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	544	1	1	0	0	1	1	4
5446	39.47378	141.34333	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	685	0	0	0	0	0	0	0
5447	39.47289	141.35348	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南西部	497	1	0	0	1	0	0	2
5454	39.47542	141.33002	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	595	0	1	0	0	0	0	1
5455	39.47475	141.33584	岩泉町	民有林	常緑針葉樹林	H	北東部	606	0	0	0	1	0	1	2
5456	39.47552	141.34436	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	782	0	0	1	1	1	1	4
5457	39.48046	141.35393	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	480	0	0	0	0	1	1	2
5458	39.48014	141.36130	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	391	0	0	0	0	0	0	0
5459	39.47500	141.36496	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	380	0	0	0	1	0	0	1
5463	39.48251	141.32236	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	724	0	0	0	1	0	0	1
5464	39.48312	141.33231	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北東部	939	1	0	1	0	0	0	2
5465	39.48212	141.33373	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	954	0	0	0	0	1	1	2
5466	39.48214	141.34501	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	517	0	0	1	0	0	0	1
5467	39.48382	141.35243	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	506	0	1	0	0	0	0	1
5468	39.48253	141.36117	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	462	0	0	0	0	0	0	0
5471	39.48475	141.31030	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	966	0	0	0	0	0	0	0
5472	39.48518	141.31478	岩泉町	公有林	落葉広葉樹林	L	北西部	1013	0	0	0	0	0	0	0
5473	39.48429	141.32412	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	H	北東部	922	0	0	1	1	0	0	2
5474	39.49058	141.33156	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	950	0	0	0	0	0	0	0
5475	39.49062	141.34022	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	800	0	1	0	0	0	0	1
5476	39.49075	141.34520	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	848	0	1	0	1	1	1	4
5477	39.48572	141.35244	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	901	0	0	0	0	0	0	0
5478	39.48597	141.36073	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	706	0	1	0	0	0	0	1
5481	39.49227	141.31236	岩泉町	公有林	落葉広葉樹林	L	北東部	980	0	0	0	0	0	0	0
5487	39.49313	141.35206	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	871	0	0	0	0	1	1	2
5489	39.50015	141.37283	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	528	0	0	0	0	0	0	0
5490	39.49384	141.30295	盛岡市	国有林	落葉広葉樹林	L	北西部	564	0	0	0	0	1	1	2
5495	39.49588	141.33566	岩泉町	民有林	落葉針葉樹林	L	北東部	603	0	0	0	1	1	1	3
5504	39.45407	141.40345	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	442	0	0	0	0	0	0	0
5510	39.45443	141.37424	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	北東部	997	0	0	0	0	0	1	1
5513	39.45558	141.39580	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	南東部	535	0	0	1	0	0	0	1

1.2 北上山地ヘア・トラップ試料採取

(その4)

5522	39.46285	141.38591	岩泉町	国有林	落葉広葉樹林	L	北東部	1009	0	1	1	0	0	1	3
5530	39.46298	141.37494	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	736	1	1	1	0	1	0	4
5531	39.47089	141.38195	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	523	0	0	0	1	1	0	2
5533	39.46503	141.40050	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	430	0	0	0	0	0	0	0
5534	39.46448	141.41018	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	328	1	0	0	0	0	0	1
5540	39.47214	141.37317	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	510	0	0	0	0	0	0	0
5541	39.47195	141.38199	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	479	0	0	0	0	0	0	0
5542	39.47191	141.39303	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南東部	557	1	0	0	1	1	1	4
5545	39.47178	141.41087	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	310	0	0	0	0	0	0	0
5550	39.47507	141.37482	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	362	0	0	0	1	0	0	1
5551	39.47540	141.38281	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	369	0	0	0	0	0	0	0
5552	39.47503	141.39237	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南東部	367	0	0	0	0	0	1	1
5553	39.47458	141.39417	岩泉町	民有林	常緑針葉樹林	H	南東部	404	1	0	0	1	0	1	3
5560	39.48338	141.37553	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	498	0	0	0	0	0	0	0
5561	39.48330	141.38095	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	490	0	0	0	0	0	0	0
5563	39.48236	141.39402	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南東部	291	0	0	0	0	0	0	0
5571	39.48567	141.38241	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	603	0	0	0	0	0	0	0
5572	39.48580	141.39129	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	508	0	0	0	0	0	0	0
5573	39.48530	141.39408	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南東部	436	0	0	0	0	0	0	0
5575	39.49006	141.41216	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	381	0	1	0	0	0	0	1
5576	39.48576	141.42143	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	255	0	0	0	0	0	0	0
5581	39.49344	141.38209	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	644	0	0	0	1	1	1	3
5583	39.49333	141.39487	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南東部	687	0	0	1	1	0	0	2
5588	39.49195	141.43234	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	275	0	1	0	0	0	1	2
5591	39.50005	141.38154	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	554	0	1	0	0	0	0	1
5592	39.49572	141.39043	岩泉町	民有林	落葉針葉樹林	H	北東部	741	0	0	0	0	0	0	0
5593	39.49436	141.40050	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	南東部	503	0	0	0	0	0	0	0
5594	39.50091	141.40267	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	405	1	1	0	0	0	1	3
5596	39.50250	141.42093	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	南東部	237	0	0	0	0	0	0	0
5597	39.49453	141.43104	岩泉町	民有林	常緑針葉樹林	L	南東部	250	0	0	0	0	0	0	0
6305	39.50340	141.26087	盛岡市	民有林	落葉広葉樹林	L	北西部	710	1	1	0	0	0	0	2
6306	39.50285	141.27272	盛岡市	民有林	落葉広葉樹林	L	北西部	671	1	0	0	0	0	0	1
6401	39.50397	141.30510	岩泉町	公有林	落葉広葉樹林	L	北東部	902	1	0	0	0	0	0	1
6402	39.50468	141.31288	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	637	0	1	0	1	0	0	2
6414	39.50446	141.33231	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	550	0	1	0	1	0	1	3
6418	39.50473	141.36236	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	602	0	0	0	0	1	1	2
6425	39.51311	141.33344	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	513	0	0	0	0	0	0	0
6427	39.51404	141.35203	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	599	0	0	0	0	0	0	0
6429	39.51570	141.36586	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	377	0	1	1	0	0	0	2
6499	39.50277	141.37027	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	654	0	0	0	0	0	0	0
6501	39.50143	141.38591	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	740	0	0	0	1	0	0	1
6503	39.50315	141.40090	岩泉町	民有林	落葉針葉樹林	H	北東部	429	1	0	0	0	0	0	1
6504	39.50289	141.35396	岩泉町	民有林	落葉針葉樹林	L	南東部	270	0	0	0	1	0	1	2
6510	39.50478	141.37402	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	502	0	0	0	1	0	0	1
6511	39.51058	141.38264	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	432	0	0	0	0	0	0	0
6512	39.50459	141.39178	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	H	北東部	474	0	0	0	0	0	0	0
6513	39.51131	141.40027	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	315	0	0	0	0	0	0	0
6523	39.51463	141.40054	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	317	0	0	0	0	0	0	0
6531	39.51568	141.38460	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	435	0	0	0	0	0	0	0
6540	39.52313	141.37436	岩泉町	民有林	落葉広葉樹林	L	北東部	349	0	0	0	0	0	0	0
合計									47	45	39	65	61	82	339

1.3 北上山地大規模ヘア・トラップ調査における DNA 識別 個体の捕獲記録（予備分析）

米田 政明・常田 邦彦・藤田 昌弘・高橋 聖生・根本 唯・深澤 圭太（自然環境研究センター）

1. はじめに

本研究では、複雑な地形、多様な植生を持つ日本のランドスケープに適したヘア・トラップ法の開発によるクマ類の生息数推定法の確立を目的としている。ヘア・トラップ法の開発においては、採取した体毛の DNA 識別個体の空間配置分析を行い、個体数推定を行うとともに、その結果をトラップ設置密度あるいは合理的な配置方法の改良にフィードバックする必要がある。ツキノワグマの行動圏に関する既存報告およびヘア・トラップ調査先行事例から、北上山地大規模ヘア・トラップ調査（2010 年度）では、トラップ密度を 2-km グリッドに 1 基（1 基/4-km²）と 1-km グリッドに 1 基（1 基/1-km²）の 2 段階の設置密度で、606-km²の地域に総計 245 基を配置した。現地調査（試料採取）は 2010 年 6 月から 8 月に実施した。この調査により、計 339 トラップ・セッションのヘア・トラップから採取試料総数として 2,071 試料を採取した。採取した試料は本研究の DNA 班により分析され、個体識別と性判別が行われた。本稿では、今後の合理的なヘア・トラップ調査設計を目的として、識別個体のセッション間での再捕獲状況、試料採取トラップの空間分布に基づく識別個体の移動距離、および性別の再捕獲状況と空間分布の違いに注目して分析を行った。

2. 調査の実施

2-1. 調査地

本研究において、ツキノワグマと対象とした大規模ヘア・トラップ調査地として選定した北上山地青松葉山地域に、2010 年度研究では 606-km²の範囲に、計 245 基のヘア・トラップを設置した。ヘア・トラップ設置は 2010 年 6 月 6 日から 6 月 17 日にかけて行い、6 月 20 日から、10 日間隔で、8 月 20 日までに 6 セッションの試料回収・見回りを行った。調査地の標高は約 60 m から 1,366 m（青松葉山）の範囲にあり、クリーミズナラ群落あるいはコナラ群落といった落葉広葉樹が優占するが、低地にはアカマツあるいはスギ・ヒノキ植林が、標高 200 m から 800 m にかけてはカラマツ植林地も多い。標高 800 m を越える高標高地には、シラカバ林、ブナ林が出現する。北上山地大規模調査において、2010 年度研究では、のべトラップ設置数 1,470 トラップ・セッション（245 基×6 セッション）において、計 339 基・セッションのトラップから採取試料総数として 2,071 試料を採取した。採取試料総数は、各セッションの試料採取トラップにおいて、有刺鉄線上で 1 棘 1 試料と区分して採取した試料総数を示す。

2-2. 個体識別

採取した体毛試料は、DNA 個体識別のため DNA 班に送付した。DNA 班では、2009 年度の本研究における DNA 分析法の確立に関する研究成果を踏まえ、Pid（血縁がないと考えられる個体間の遺伝子型の一致率）が低い 6 つの遺伝子座のマイクロサテライト・マーカを用いて個体識別（Genotype の判別）を、またアメロゲニン遺伝子分析から性判別を行った。分析に際しては、試料採取トラップから少なくとも 1 試料（1 棘から得られた体毛）を優先的に分析し、その後、

同一セッション・同一トラップの複数の棘で採取された試料分析を順次行った。DNA 分析は、4つの機関が並行して実施した。機関間におけるマイクロサテライト・マーカの分析誤差を最小化するため、2009 年度研究で示した標準サンプルによる較正を行うとともに、分析データを持ち寄り、識別個体のすり合わせを行った。なお、DNA 分析結果は、対立遺伝子ミスマッチの照合が行われ、遺伝的分析エラーが最小化された 2010 年 12 月末現在での 1 トラップ 1 試料分析結果を用いた（「2.1 個体数推定に関わる DNA 分析法の確立」参照）。

3. 結果

3-1. 用語

DNA 分析による識別個体、そのセッション間での再捕獲状況と試料採取トラップの空間分布、および性別の再捕獲状況と空間分布の違いに注目した分析においては、次のように用語を使う。

- (i) 試料採取トラップ数：各セッションにおいて体毛試料を採取したトラップ数
- (ii) 採取試料数：各セッションにおいて採取した試料総数（棘毎に 1 試料と区分した試料数）
- (iii) 分析試料数：各セッションにおいて採取試料総数のうち分析に供した試料数
- (iv) 分析成功試料数：各セッションにおける分析試料数のうち DNA 分析に成功した試料数
- (v) 認識個体数：各セッションにおける DNA 分析成功試料において認識した個体数
- (vi) 識別個体：採取試料から抽出した DNA の 6 遺伝子座分析から、異なる遺伝子型（Genotype；マイクロサテライト繰り返し数の違い）を持つと識別された個体（認識個体数から同一遺伝子を持つ重複個体数を除いたもの）
- (vii) 性別：識別個体における DNA のアメルゲニン遺伝子座分析による性判別
- (viii) 同一セッション・トラップ複数識別個体：同一セッション・同一トラップの有刺鉄線上の異なる複数の棘で採取された採取試料から得られた、複数の識別個体
- (ix) 新規識別個体：当該セッションで初めて識別された（出現した）識別個体
- (x) 再捕獲個体：以前のセッションで識別された個体で、当該セッションで再度識別された識別個体
- (xi) 1 回捕獲個体：調査期間（6 セッション）を通じて、1 セッションのみで出現した識別個体
- (xii) 複数回捕獲個体：調査期間を通じて、複数のセッションで出現した識別個体
- (xiii) 採取位置距離：異なるトラップで複数回識別された識別個体のトラップ間距離（異なるセッションにおける識別が基本となるが、まれに同一セッションにおいて異なるトラップで識別されたケースもある）

3-2. セッション別識別個体数

1) 識別個体と再捕獲個体

試料採取状況、DNA 分析と識別個体数および再捕獲個体数をセッション別に表 1 に示した。のべ 339 の試料採取トラップから採取試料数として計 2,071 試料を採取し、1 セッション 1 試料分析として 339 試料の分析を行った。分析成功試料数は 270 で、6 セッションを通じた認識個体数は 242 頭、セッション間での重複認識個体（再捕獲個体）69 頭を除いた累積識別個体数は 173 頭であった。識別個体を性別に見ると、6 セッションの累積識別個体数 173 頭中、オス 70 頭、メス 99 頭、不明 4 頭となりメスの捕捉頻度がやや高い結果となった。

表 1 DNA 分析結果まとめ分析試料数、識別個体数、性別、再捕獲個体（2010 年 12 月末時点）

区分	セッション						計
	S1	S2	S3	S4	S5	S6	
1.試料採取トラップ数	47	45	39	65	61	82	339
2.採取試料総数	259	185	212	449	322	644	2071
3.分析試料数	47	45	39	65	61	82	339
4. 認識個体数（分析成功試料数）	42	39	27	46	52	61	267
5.識別個体数	39	38	25	42	47	50	241
5-1.オス	16	12	7	19	22	20	96
5-2.メス	23	26	18	21	25	26	139
5-3.性別未判定	0	0	0	2	1	1	4
6.新規識別個体数	39	31	19	30	29	25	173
6-1.オス	16	11	7	13	13	10	70
6-2.メス	23	20	12	15	15	14	99
6-3.性別未判定	0	0	0	2	1	1	4
7.累積識別個体数	39	70	89	119	148	173	-
8.再捕獲個体数	-	7	6	12	18	25	68

2) 新規識別個体数のセッション別推移

表 1 に示すように、新規識別個体数は、第 4 セッションから第 6 セッションにかけても 25 頭から 30 頭の水準にあり、累積識別個体数カーブが頭打ちになる傾向は見られなかった。このことは、第 6 セッション終了後も、ヘア・トラップで捕捉されてないツキノワグマ個体が相数数、調査地にまだ生息していたことを示唆している。しかし、各調査セッションにおける試料採取トラップ当たりの新規識別個体数の推移を見ると、調査後期ほど、トラップ当たりの新規識別個体数は減少した（表 2）。

表 2 新規識別個体数のセッション別推移

	セッション						計/平均
	S1	S2	S3	S4	S5	S6	
試料採取トラップ数	47	45	39	65	61	82	339
新規識別個体数	39	31	19	30	29	25	173
試料採取トラップ当たり新規 識別個体数（頭/トラップ）	0.83	0.69	0.49	0.46	0.48	0.30	0.51

3) 識別個体と再捕獲個体の性差

識別個体の性別構成を見ると、メスが 99 頭、オスが 70 頭とメスが多い。ツキノワグマの狩猟および有害捕獲では一般にメスに較べオスが多い傾向があり（林・野崎 2004）、里山への大量出没が起きた年には特にそれが顕著である（林ほか 2008）。しかし、北上山地における 2010 年度ヘア・トラップ調査における性別の識別個体数は、2010 年 12 月末現在の DNA 分析暫定結果によれば、オスよりメスが多いと逆の傾向が見られた（表 1）。性別の再捕獲率に関して、DNA 分析暫定結果では明確な性差は見られなかった（表 3）。

表 3 識別個体の性差

	1 回捕獲	複数回捕獲	計
オス	51	19	70
メス	71	28	99
性別不明	1	3	4
計	123	50	173

3-3. 個体識別数（Genotype 数）と環境

1) 調査地区別（4 地域区分）

識別個体の調査地内分布に特徴があるかを見るため、調査地の地域別識別個体の存在状況を分析した。調査地におけるトラップ配置は、アクセスの利便性と地形状況から、北東部、南東部、南西部および北西部の 4 地域に区分した。これらの地域のトラップ数はほぼ同数になるように配置した。しかし、これら 4 区分の別の試料採取トラップ数および識別個体数は、南西部＞北西部＞北東部＞南東部との地域差が見られた（表 4）（「1.2 北上山地大規模ヘア・トラップ調査による試料採取」参照）。これを反映して、2010 年 12 月末現在の DNA 分析暫定結果によれば、識別個体数および試料採取トラップあたりの識別個体数も、南西部が最大であったが、次いで、北東部・北西部＞南東部の順となった。

表 4 調査地区別の試料採取と識別個体数

項目	北東部	南東部	南西部	北西部	計
トラップ数	61	56	59	69	245
試料採取トラップ数	73	43	113	110	339
採取試料総数	515	207	602	747	2071
識別個体数	44	20	65	44	173
識別個体/トラップ	0.72	0.36	1.10	0.64	0.71

2) 標高別

標高による識別個体数に違いがあるかを見るため、表 5 に標高別の識別個体数とトラップあたりの識別個体数を示した。トラップ数は、標高 400m から 1000m までの間に全体の 75%が分布する。トラップあたりの新規識別個体数は、標高が 600 m 以上で大きく、標高 400 m で小さい傾向が見られた。

表 5 標高別の試料採取と識別個体数

標高	<400 m	400-599 m	600-799 m	800-999 m	>1,000 m	計
トラップ数	36	67	59	59	24	245
試料採取トラップ数	26	86	112	87	28	339
採取試料総数	142	563	687	423	256	2071
識別個体数	13	38	63	40	19	173
識別個体数/トラップ	0.36	0.57	1.07	0.68	0.79	0.71

3) トラップ設置密度別

2010 年度北上山地モデル調査地における調査では、ヘア・ラップを高密度（1 基/km²）と低密度（1 基/4-km²）の 2 通りで配置した。高密度地域は 105 基を連続したひとかたまりの地域を設定して配置し、それをとにかくこむように 140 基を低密度で配置した。トラップ設置密度の違いにより、試料採取効率あるいは識別個体数に違いがあるかを見ることは、今後のトラップ設置密度設計で重要である。トラップ設置密度によるトラップあたりの試料採取トラップ数には違いはない（「1.2 北上山地大規模ヘア・トラップ調査による試料採取」参照）。また、トラップあたりの識別個体数では、低密度トラップで多い傾向があるが、明確な差は認められなかった（表 6）。

表 6 トラップ設置密度別の試料採取と識別個体数

	高密度トラップ	低密度トラップ	計
トラップ数	105	140	245
試料採取トラップ数	142	197	339
新規識別個体数	65	108	173
識別個体/トラップ	0.62	0.77	0.71

3-4. 識別個体のトラップ間移動

1) 識別個体数のトラップ間移動

異なるヘア・トラップにおいて、複数回識別された識別個体のトラップ間移動を図 1（「4.1 標識再捕獲法に基づく密度推定法の精度検証」図 3 を再掲）に示した。調査地の南西部と北西部で試料採取が多く、識別個体数も多いことを反映して、調査地西部でのトラップ間移動の多いことが読み取れる。一方、トラップ間移動は東西の移動が多く、調査地中心部を東西に横切る大川を南北に横断する移動は少ないことを図 1 は示唆している。

2) トラップ間移動距離の性差

トラップ間移動距離の性差を見るため、再捕獲個体から雌雄別の移動距離の違いを再捕獲トラップ間距離として求めた。図 2 に、複数回捕獲個体の再捕獲トラップ間の最大距離頻度分布を雌雄別に示した。最大移動距離を示したのはオス個体の 10.1 km であった。平均移動距離は、オスが 2.92 km、メスが 2.58 km で大きな違いはなかった。

4. 考察

本稿は、2010 年北上モデル調査におけるツキノワグマのヘア・トラップ調査における、試料採取採取トラップからの 1 セッション 1 試料 DNA 分析の 2010 年 12 月末現在暫定結果による、識別個体とその空間配置解析である。このため、DNA 分析最終結果によって、今後の解析結果は修正される可能性がある。

識別個体数に関しては、ヘア・トラップの設置規模と採取試料数の多さを反映して、国内のヘア・トラップ先行事例と比較（米田 2010）すると、本研究による識別個体数は多い。また、試料有りトラップ数に対する平均識別個体数（0.71/トラップ）は、イタリアにおけるヒグマのヘア・トラップ調査識別個体数（遺伝子型数）（0.05/トラップ）あるいは北米カナダのヒグマ（0.06～0.29/トラップ）（Gervasi et al. 2008）と比べると高い。

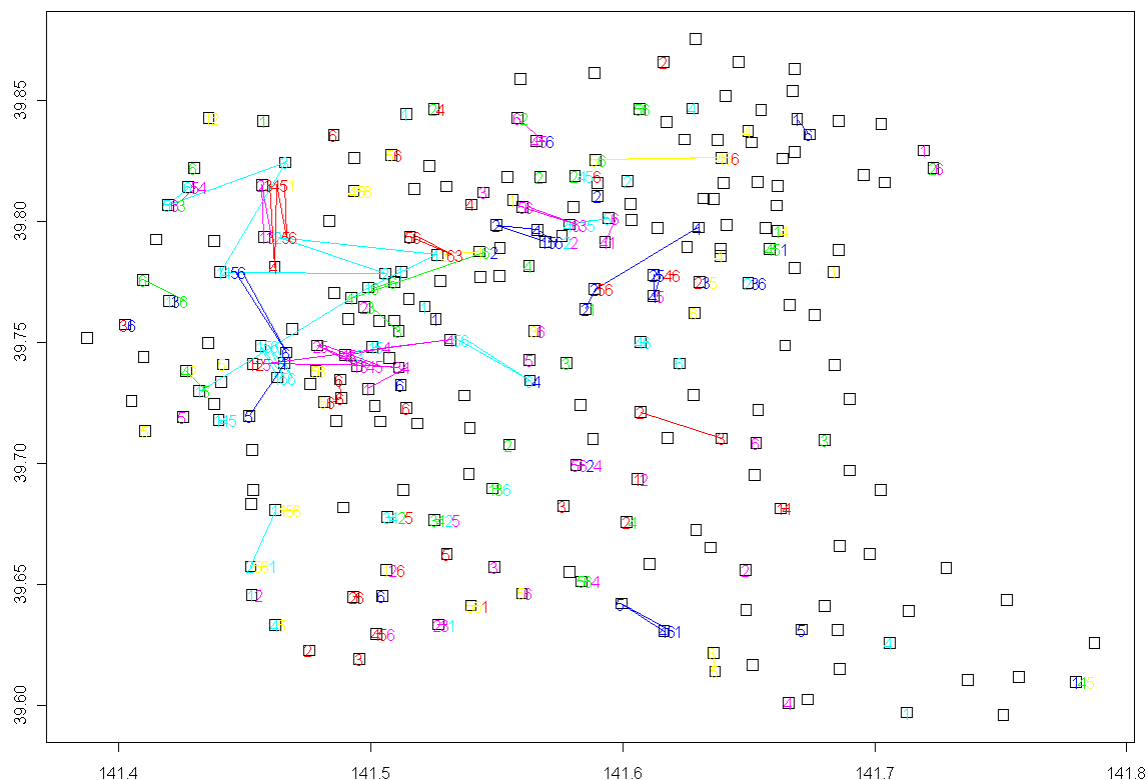


図 1 捕獲トラップ位置による複数回捕獲個体のトラップ間移動
(「4.1 標識再捕獲法に基づく密度推定法の精度検証」図 3 を再掲した)

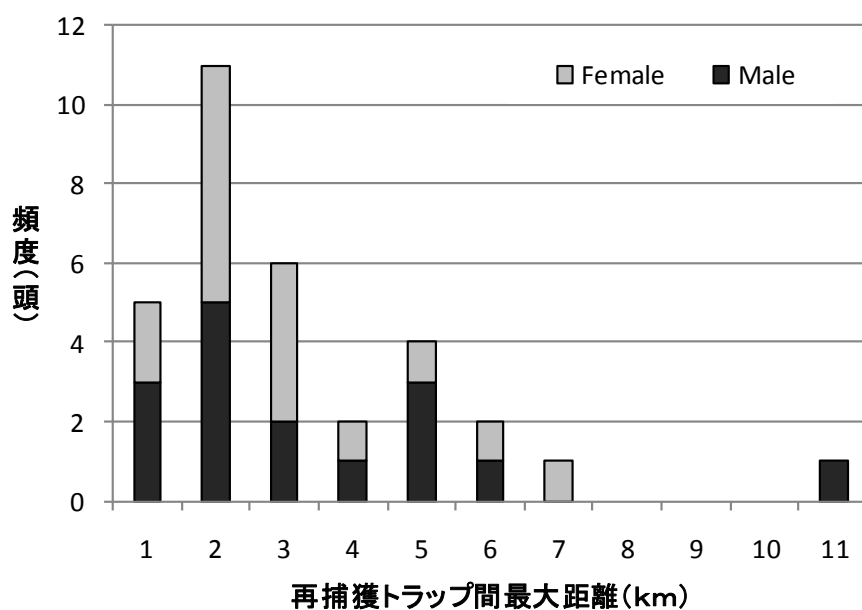


図 2 複数回捕獲個体のトラップ間移動距離頻度分布

識別個体数と試料採取トラップあたりの識別個体数には地域差が見られた。これは、調査地内のツキノワグマ生息密度は一定でなく個体群規模に地域差があることを示唆している。識別個体の再捕獲位置分析から、地形（河川）が移動のバリアーになっていることが示唆された。この点に関しては、地形だけでなく農地・宅地など移動のバリアーとなる可能性のある植生や土地利用状況もあわせた解析が今後必要である。

トラップ設置密度によるトラップあたりの識別個体数に差がないことは、トラップ間相互の干渉により、トラップ密度を高めることでクマの誘引率あるいは排斥率が高まる、逆にトラップ密度が低いことで誘引率あるいは排斥率が下がることはないことを示している。このことは、捕捉率から見る限り、1基/4-km²の低密度のヘア・トラップ設置でもよいことを示唆している。ただし、トラップ設置密度を低くすると、再捕獲データに基づく個体の移動距離の推定精度が粗いものになるため、空間明示モデルによる精度検証が必要である。

引用文献・資料

- Gervasi, V., Ciucci, P., Boulanger, J., Posillico, M., Sulli, C., Focardi, S., Randi, E. and Boitan, L. 2008. A preliminary estimate of the Apennine brown bear population size based on hair-snag sampling and multiple data source mark-recapture Huggins models. *Ursus* 19:105-121.
- 林 哲・野崎 英吉. 2004. 石川県におけるツキノワグマの出没と捕獲（2004 年）. 石川県白山自然保護センター研究報告、31:75-95.
- 林 哲・野崎 英吉・山田 孝樹. 2008. 石川県におけるツキノワグマの性と年令（大量出没年と平年の捕獲個体の比較）. 石川県白山自然保護センター研究報告 35:47-59.
- 米田 政明. 2010. 手法の標準化に注目したヘア・トラップ法のレビューと課題. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究平成 21 年度報告書: 22-33.

2.1 個体数推定に関わる DNA 分析法の確立

玉手 英利（山形大学）・釣賀 一二三、近藤麻実（北海道立総合研究機構）・山内 貴義（岩手県環境保健研究センター）・湯浅 卓（野生動物保護管理事務所）・鶴野 レイナ（慶應大学）

1. はじめに

本研究では、2010 年 6 月～8 月に岩手県北上山地に設置したヘア・トラップで採取されたツキノワグマの毛サンプルを対象として、マイクロサテライト 6 遺伝子座の多型解析とアメロゲニン遺伝子による性判別を行い、個体数推定を行う遺伝子型データを得ることを目的とした。

2. 研究方法

2-1. 分析方法

2010 年度のヘア・トラップ調査で採取された 2,071 試料を、調査地区別に分析担当機関に 4 分した（表 1）。DNA 抽出及び遺伝子分析は、21 年度に定めた標準プロトコルに基づき行った。

本年度は岩手県北上地域において大規模調査が実施され、膨大なサンプルを対象としなければならないこと、個体数推定モデルの検討段階にあることから、より厳密に個体識別を行う必要があるため、岩手県北上個体群の個体識別により特化したマーカーセットを選定した。まず、本地域における捕獲個体の遺伝子サンプルを用いた分析結果より、Pid 値が低いこと・遺伝子が増幅されやすいこと・分析時の波形が読みやすいことに着目し、マーカーを 16 種類に絞り込んだ。これらのマーカーをそれぞれ組み合わせて、低濃度 DNA を用いた Multiplex PCR でも遺伝子が問題なく増幅され、Pid 値が低く、かつ波形が読みやすいマーカーの組合せを検討した。その結果、これまでに岩手県で使用されてきたマーカーの中で、Pid 値が比較的小さく、遺伝子が増幅されやすい G10C（Paetkau et al., 1995）と 2 塩基反復配列多型マーカーの中で最も Pid 値の低い UarMU23 に UarMU05（Taberlet et al., 1997）を加えた組み合わせが最適であった。近年開発された 4 塩基反復配列多型のマーカーの組合せについては、昨年度選択したマーカーの中に 4 塩基反復ではない対立遺伝子が存在したために、それらを除外し新たな組合せを検討した。その結果、UamD118・UamD2・UamD103 が選定された（Meredith et al., 2009）。以上から、2010 年度調査では、G10C, UarMU05, UarMU23, UamD118, UamD2, UamD103 の 6 種類を用いることとした。加えて、アメロゲニン遺伝子を用いた性判定を行った。

表 1 トラップ設置地区及び分析担当機関、試料数

	北西部（T=69）	北東部（T=61）	南東部（T=56）	南西部（T=59）	計（T=245）
1.担当機関	岩手県環境保健 研究センター	山形大学	野生動物保護 管理事務所	北海道立 総合研究機構	
2.試料採取トラップ数	110	73	43	113	339
3.試料数	747	515	207	602	2071
4.試料数（10 本以上）	348	132	34	245	759

各分析担当機関での分析完了後に、以下の手順でデータの統合を行い、識別個体を決定した。

- (1) 各機関で標準試料8個体の分析を行い、対立遺伝子のサイズが分析機関で異なる場合には、認識個体データの補正を行った。
- (2) 各機関の認識個体データを統合して、フリーのコンピュータプログラムである GENEAP (Wilberg and Dreher, 2004)を用い、試料の1対1の組み合わせ比較による1ヶ所ないし2ヶ所の対立遺伝子の不一致 (mismatch ; それぞれ 1MM、2MM と記す) の検出を行った。
- (3) 6 遺伝子座で全て一致した試料は同一個体と判断し、識別個体とした。
- (4) 1MM と 2MM の試料はデータの再確認・再分析を行った (図 1)。
- (5) 遺伝子型が 3 遺伝子座以上で異なる試料は全て別個体と判断し、識別個体とした。

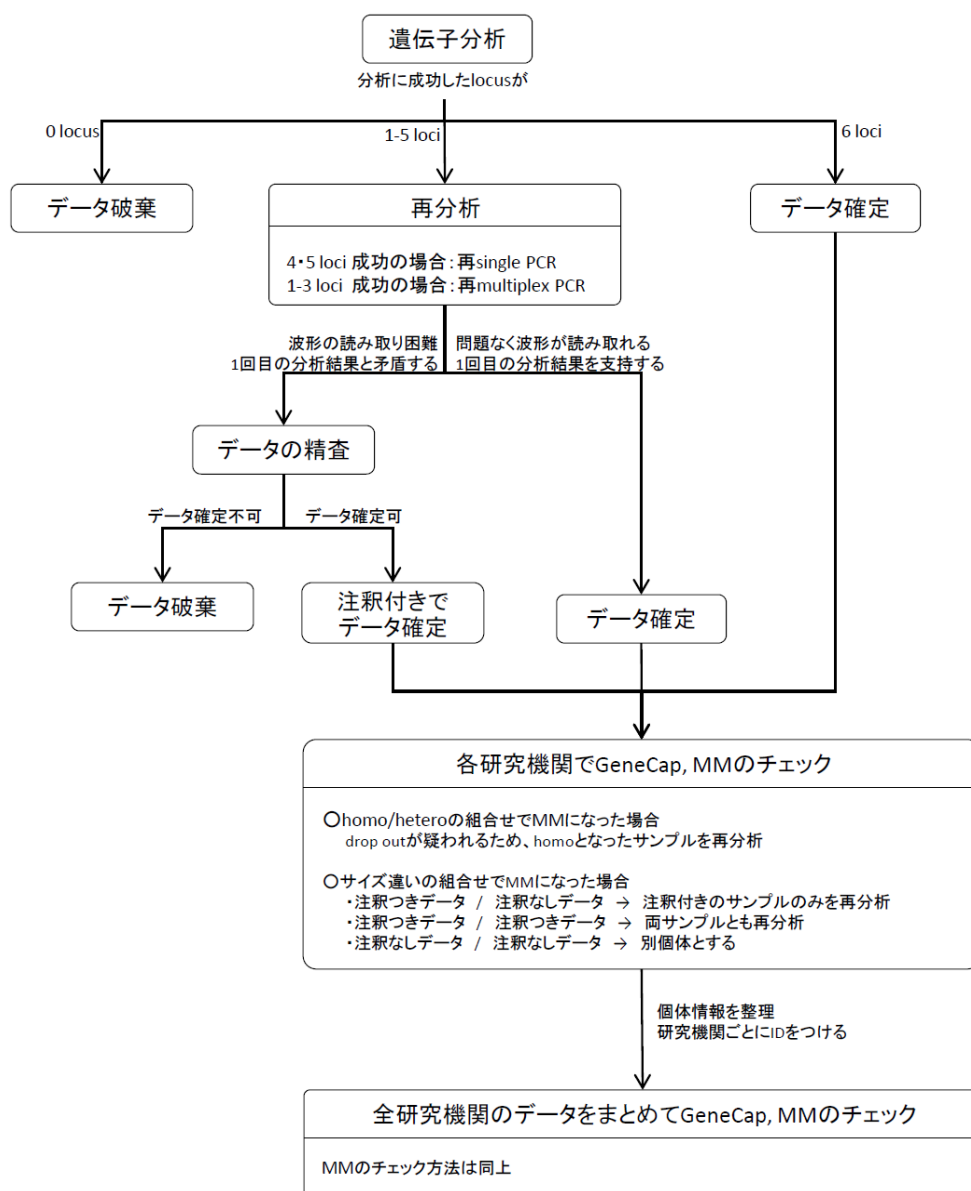


図 1 判定困難な試料に関する再分析の手順

2-2. 分析手順

以下の手順で分析を段階的に進め、(1) 1 トラップ/ 1 試料、(2) 第 1 セッション全試料、(3) 全セッションの 10 本以上の試料の分析までを行った。

(1) 1 トラップ/1 試料の分析

全セッションを通じて、試料が採取されたトラップから各 1 試料 (n=339) を分析する。

これにより、1 トラップ/1 試料のデータに基づく識別個体数を決定した。

(2) 第 1 セッション全試料の分析

第 1 セッションの全試料 (n=259) を分析した。これにより、毛の本数と分析成功率の関係を調べた。

(3) 全セッションの 10 本以上の試料の分析

1 トラップ/ 複数試料のデータに基づく識別個体数を決定した。

(4) 全セッションの 10 本未満の試料の分析

全試料のデータセットを得て、各種要因（毛の本数、セッション、遺伝子座、分析機関等）が分析成功率に及ぼす効果を調べる。

3. 結果と考察

3-1. 1 トラップ/1 試料の分析

全セッションで 1 トラップ当たり 1 試料の分析を行い、6 遺伝子座の遺伝子型を決定した。遺伝子分析に成功した 270 試料について 1 対 1 の組み合わせ比較 (36315 通り) を行った結果、199 の組み合わせが完全に一致した。また、1 ヶ所の対立遺伝子で不一致 (1MM) が生じた組み合わせは 33 (0.09%)、2 ヶ所の対立遺伝子で不一致 (2MM) が生じた組み合わせは 95 (0.26%) であった。その結果、176 個体が識別された (表 2)。

次に、1MM または 2MM と判定された試料について、図 1 に示す分析フローに従って、分析データの見直しおよび再分析を行った後、一貫した分析結果が得られなかった 1 試料を除外し、269 試料について組み合わせ比較を行った。再分析の結果、1MM は 31 組 (0.09%) に、2MM は 96 組 (0.27%) となった。遺伝子型が完全に一致した試料の組み合わせは 203 組で、識別個体は 173 個体となった (表 2)。

表 2 1 トラップ/1 試料の分析試料数、識別個体数およびミスマッチ数

	試料数	ミスマッチ数
1.試料採取トラップ数：全セッション	339	-
2.分析成功試料数（成功率）	270 (79.6%)	-
3.識別個体数	176	1MM 33, 2MM 95
4.再確認・再分析後識別個体数	173	1MM 31, 2MM 96

再分析でも解消されなかった 1MM の 31 組について精査すると、4 組については、それぞれサイズの異なるヘテロ同士の不一致であり、残りの 27 組は共通の対立遺伝子を持ちながらホモとヘテロという不一致であった。例えば、遺伝子座 UarMU23 において、片方の試料では対立遺伝子 147 と 153 のヘテロであるのに対し、他方の試料では対立遺伝子 147 のホモとなる不一致であっ

た。

ホモとヘテロの不一致は、片方の対立遺伝子が PCR 増幅にかからずドロップアウトすることによって、本来ヘテロであるものが見かけ上のホモになってしまうことでも生じうる。そして、複数遺伝子座の遺伝子型に基づく個体識別では、原則として、試料間で 1 遺伝子座でも対立遺伝子の組み合わせが異なれば、それらの試料は別個体由来の試料と判定される。したがって、同一個体由来の試料にもかかわらず、ドロップアウトによる不一致によって別個体由来の試料と判定されることは、識別個体を過剰に生み出すことになる。

269 試料から識別された 173 個体の中には、1 遺伝子座におけるホモとヘテロの不一致により別個体と判定された個体も含まれた。そこで、1MM の組み合わせのうち、ホモとヘテロの不一致がみられた 27 組について、不一致を解消した状態を仮定し、識別個体数がどう変化するかを試算した。結果は、識別個体が 166 個体、1MM が 2 組、2MM が 95 組となり、識別個体が 7 個体減少する結果となった。

1MM のほとんどがドロップアウトによる不一致を疑わせるものであったのに対し、2MM の 96 組については、23 組が 2 ヶ所でドロップアウトによる不一致を疑わせるような組み合わせであったが、残る 73 組は異なるヘテロを持つ組み合わせであった。この結果は血縁の近い個体など、遺伝子型の類似した個体を多く識別したために生じた結果ではないかと推測される。

3-2. 第 1 セッション全試料の分析

第 1 セッションの全試料を分析した結果について、体毛本数と分析成功数の関係を図 2 に示す。分析効率が良い時期に採集された第 1 セッションのサンプルにおいて、体毛の本数が 10 本以上の試料では成功率が 96%であるのに対して、5 本以下では 66%、3 本以下では 52%となった。

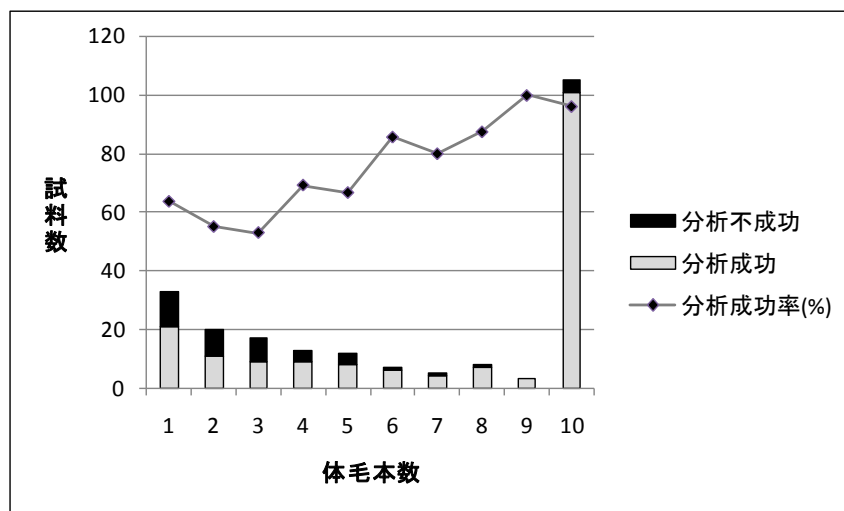


図 2 体毛本数と分析成功・不成功試料数（第 1 セッション）

第 1 セッションの全試料から得られた認識個体数は 184、識別個体数は 68 で、内 1MM は 87 組、2MM は 20 組となった。1MM と 2MM についての再分析は未完了のため、識別個体数は暫定値である（表 3）。

表 3 第 1 セッション全試料分析による認識個体数と識別個体数

	1 トラップ/1 試料	全試料
1.分析試料数	47	259
2.認識個体数（分析成功率）	42（89%）	184（71%）
3.識別個体数	39（確定値）	68（暫定値）
4.1 MM の組み合わせ数	0	87
5.2 MM の組み合わせ数	1	20

3-3. 第 1 セッションのトラップ当たりの識別個体数

第 1 セッションの全試料の識別個体データ（暫定値）から、1 トラップ当たりの識別個体数を調べた。その結果、トラップ当たりの識別個体数は 1～7 で、分析成功試料が得られた 42 トラップの内 33 基では識別個体が 1 頭であった（図 3）。親子の場合など、複数個体が同時期に同じトラップを訪問する可能性は考えられるが、多くの新規識別個体が確認されたトラップについては、アリルドロップアウトなどで個体数を過剰に見積もっている可能性も検証する必要がある。

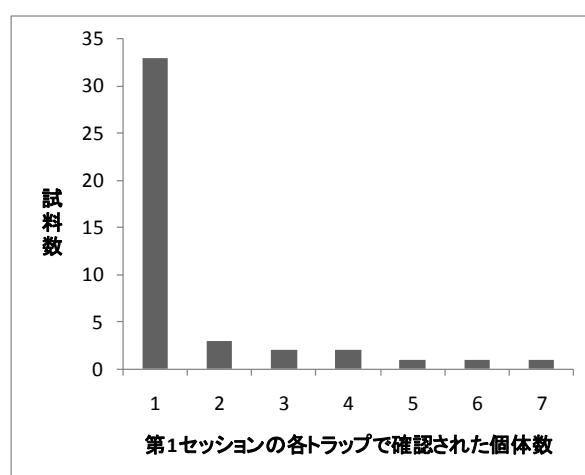


図 3 トラップ当たりの識別個体数（第 1 セッション）

図 4 は、第 1 セッションにおける 1MM または 2MM の個体の割合を示す。第 1 セッションでは、1 トラップ/1 試料の分析において、39 個体が識別された。それに対して、第 1 セッションの全試料の分析では 68 頭が識別されたが、その内で、同一トラップ内において 1MM または 2MM に関わる個体が 17 頭存在する。今後、1MM または 2MM の再確認・再分析が行われれば、識別個体数は更に減る可能性がある。再分析を効率的に進める方法を検討した結果、MM を生じた遺伝子座の遺伝子増幅反応を再度行うよりも、新たな遺伝子座を複数追加して遺伝子型の照合を行う方がより有効であるとの結論に至った。

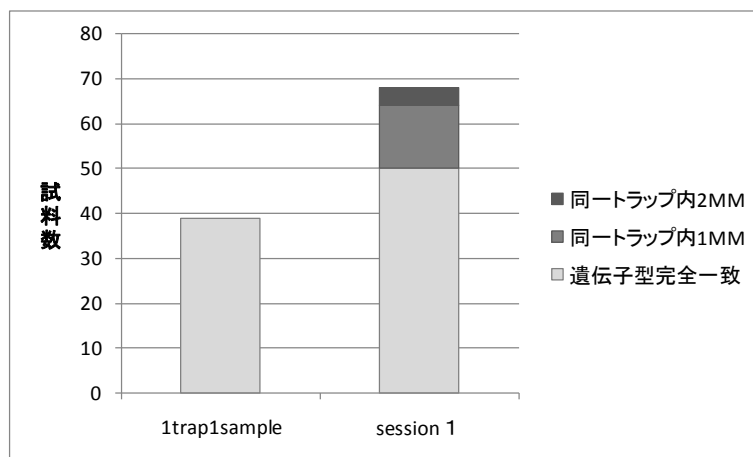


図4 第1セッションの識別個体数

3-4. 全セッションの10本以上の試料の分析

全セッションの10本以上の全試料を分析した結果を表4に示す。認識個体数は280で、1トラップ/1試料の分析で得られた認識個体数173の約1.6倍となった。1MMおよび2MMの再確認・再分析を行う前の識別個体数（暫定値）は215であった。

さらに、1トラップ/1試料の分析で得られた認識個体数（12月中間結果で報告）に、その後分析した第1セッションの残り試料と全セッションの10本以上の試料を加えた認識個体数は342、1MMおよび2MMの再確認・再分析を行う前の識別個体数（暫定値）は252となった。

表4 2011年2月までの分析成功試料数および認識個体数

	S1	S2	S3	S4	S5	S6	合計
1トラップ/1試料							
試料数	47	46	39	65	61	82	339
分析成功試料数	42	39	27	46	52	61	267
認識個体数（識別個体数）	39	38	25	42	47	50	242(173)
全セッション10本以上試料							
試料数	101	69	78	132	114	247	741
分析成功試料数	98	61	65	117	107	190	638
認識個体数(識別個体数)*	45	41	26	49	47	72	280(215)
全試料							
試料数	259	185	212	440	322	644	2071
分析成功試料数	178	75	74	128	116	203	774
認識個体数(識別個体数)*	64	53	34	59	54	78	342(252)

*暫定値(ミスマッチの再分析が必要)

4. 検討課題

4-1. ミスマッチの取扱い

本研究で使用した 6 遺伝子座のマイクロサテライトマーカーは、2003 年から 2008 年までに岩手県内で捕獲されたツキノワグマの DNA を用いた予備実験によって、高い多型性を持ち十分な個体識別力を持つマーカーとして採用されたものである。しかしながら、最終的に 2 ヶ所の対立遺伝子で不一致 (2MM) の組み合わせが 96 組残る結果となった (表 2)。これらのサンプルについては分析する遺伝子座を増やすことで遺伝子型の類似した他個体由来のサンプルであるか、分析エラーを含むサンプルであるかがより明確になる可能性があると考ええる。

大規模ヘア・トラップ調査により大量のサンプルを分析する場合、技術的に分析エラーの発生は免れられない。分析エラーをできるだけ軽減する努力としては、第 1 に分析成功率を高めるために分析の初期段階でサンプルを厳選することが考えられる。第 2 に分析結果に不確かさの残るサンプルについては可能な限り再分析することが考えられる。しかし、今回の結果が示すように再分析を行っても必ずしも遺伝子型の不一致が解消するとは限らない。よって、今後は分析結果に不確かさを残すサンプルの扱いについて一定のルールを設けることが検討課題の一つとして挙げられる。また、分析結果の不確かさを極力取り除く努力をする一方で、分析結果に不確かさを含む場合と不確かさを極力排除した場合に生じる識別個体数の変化が、生息数の推定値にどの程度の影響を及ぼすかについても把握する必要があると考える。また、サンプルの再分析をどこまで努力するか、分析結果の不確かさをどの程度まで許容するかについては、費用対効果の観点から検討することも必要である。

4-2. 分析成功率に対する各要因の効果の検証

今後の検討課題として、分析成功率に影響を及ぼす要因の分析を行うことも必要である。手順としては、全セッションの採取試料について再検討・再分析をおこなった後、採取試料データに識別個体 ID、1MM、2MM、分析成功・不成功の情報を加えた分析用データセットを作り、分析成功やミスマッチ数等を応答変数として、体毛本数、時期、地点、遺伝子座、分析機関等の効果を検討することが考えられる。

引用文献・資料

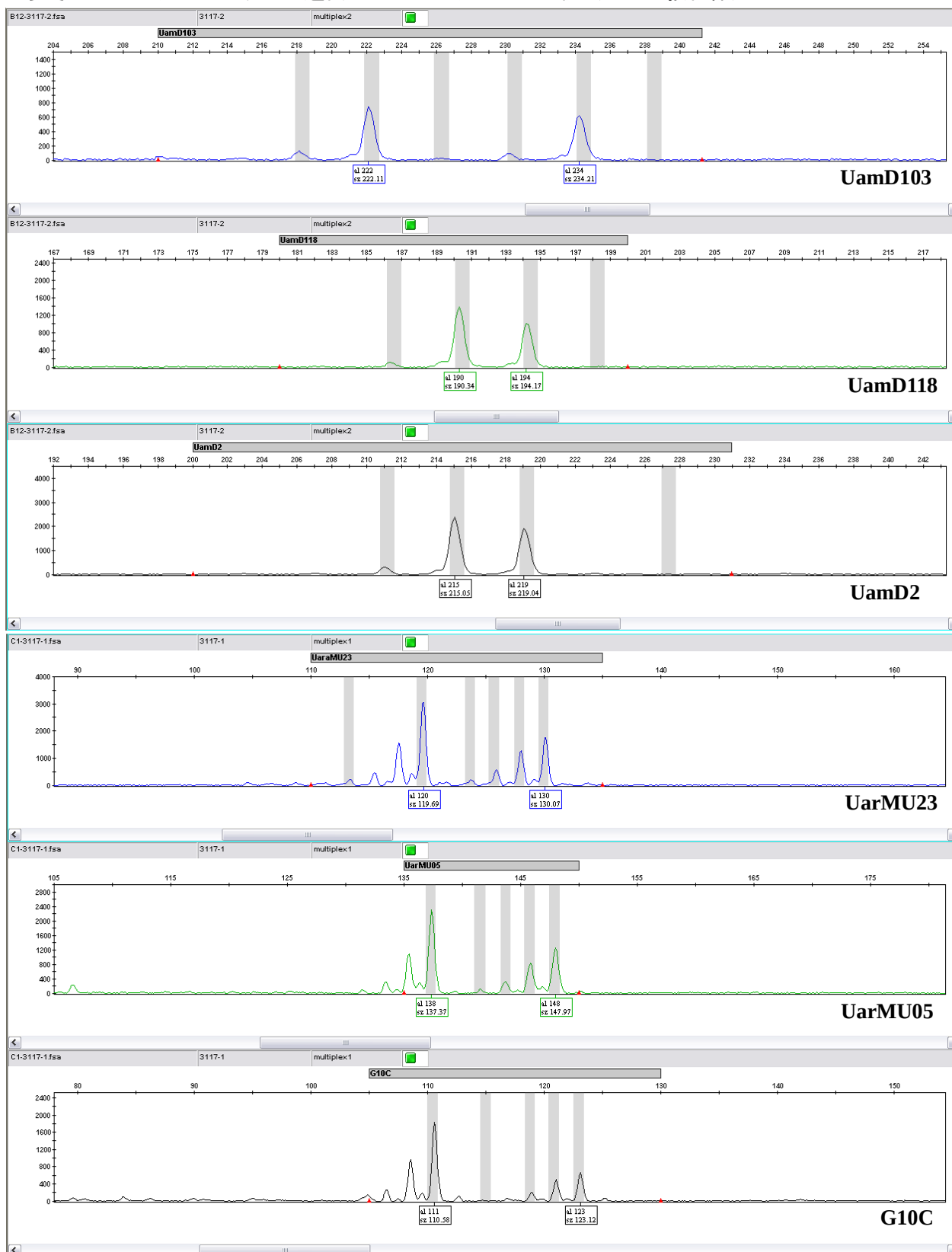
- Paetkau, D., Calvert, W., Stirling, I. and Strobeck, C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Taberlet, P., Camarra, J. J., Griffin, S., Uhres, E., Hanotte, O., Waits, L. P., Dubois-Paganon, C., Burke, T. and Bouvet, J. 1997. Noninvasive genetic tracking of endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular Ecology* 6: 869-876.
- Meredith, E. P., Rodzen, J.A., Banks, J. D. and Jones, K. C. 2009. Characterization of 20 tetranucleotide microsatellite loci in black bear (*Ursus americanus*) for used in forensic and population applications. *Conservation Genetics* 10: 693-696.
- Wilberg, M. J. and Dreher, B. P. 2004. GENECAP: a program for analysis of nuclear data for capture-recapture population estimation. *Molecular Ecology Notes* 4: 783-785.
- DeWoody, J., Nason, D. J. and Hipkins, V. D. 2006. Mitigating scoring errors in microsatellite data from wild populations. *Molecular Ecology Notes* 6: 951-957.
- McKelvey, K. S. and Schwartz, M. K. 2004. Genetic errors associated with population estimation using non-invasive molecular tagging: problems and new solutions. *Journal of Wildlife Management* 68: 439-448.
- Paetkau, D. 2003. An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories. *Molecular Ecology* 12: 1375-1387.
- Waits, L. P. and Paetkau, D. 2005. Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management* 69: 1419-1433.

参考 1 微量 DNA 試料の分析に伴うエラーに関する考え方

<1MM と 2MM : 微量 DNA 試料の分析に伴うエラーに関する考え方>

既存の DNA 分析技術によって、体毛サンプルのような微量 DNA 試料の分析を行う場合、一般に、PCR 増幅の際に生じるエラーを 100%回避することはできないとされている。そのため、DeWoody *et al.*(2006) に概説されているように、分析上のエラーを発見し、エラーを回避するために様々な方法が考案されている。分析エラーを回避するための最も基本的な方法は、一つのサンプルを繰り返し分析し、一貫した結果が得られることを確認することであるが、サンプル数が多くなった場合、分析の繰り返しには非常にコストがかかる。また、体毛サンプルのように、そもそも得られる DNA 量が少ないサンプルでは、多くの遺伝子座について分析を繰り返すことは事実上不可能である。そこで、クマ類のヘア・トラップによる体毛サンプルの分析では、より実践的な方法として、エラーが疑われるサンプルや遺伝子座に絞って分析の繰り返しを行う方法が考案されている (Paetkau, 2003; McKelvey and Schwartz, 2004; Waits and Paetkau, 2005)。この方法は、多型性の高い複数座位の遺伝子型によって個体を識別した場合、個体間で 1 ヶ所ないし 2 ヶ所の遺伝子座でのみ対立遺伝子の組み合わせに不一致（それぞれ 1MM、2MM という）が生じる確率は低いこと、一方で、1 ヶ所ないし 2 ヶ所の遺伝子座でのみ不一致が生じる場合、対立遺伝子のドロップアウトなどのエラーが生じている可能性が高いことという確率論と経験則に基づき、個体識別に用いた複数の遺伝子座のうち、1 ヶ所ないし 2 ヶ所の遺伝子座の不一致により別個体と見なされたサンプルについて、不一致の遺伝子座の分析を繰り返すという方法である。

参考2 マイクロサテライト遺伝子型のピークパターン例（ヘテロ接合体）



2.2 クマ類体毛サンプルからの DNA 抽出と分析効率の季節性 （ヒグマ版：予報）

近藤 麻実、釣賀 一二三、間野 勉（北海道立総合研究機構）

1. はじめに

昨年度までの分析によって、ツキノワグマの体毛回収率や遺伝子分析成功率には季節による変動があることが示された。今年度はヒグマにおいて同様の調査を行い、体毛回収率および遺伝子分析成功率の季節的な変動について検証した。

2. 方法

2-1. 調査地・調査方法

北海道札幌市南区の定山溪地域約 250 km² を調査地とし、5 km メッシュに 1～3 基となるようヘア・トラップを配置した（図 1）。トラップの設置数は、第 1～5 セッションについては 35 基、第 6～8 セッションについては 15 基とした。トラップの構造は有刺鉄線の 1 段張り（地上約 50cm）で、1 辺約 5 m の多角形とした。bait にはサケの切り身を用いた。bait は立木を利用して空中に吊すこととし、ヒグマによって利用されないよう設置した。ヘア・トラップは 2010 年 7 月上旬に設置し、その後約 10 日間に 1 回の頻度で見回りおよび体毛の回収を行った。調査期間は 10 月中旬までの約 3 ヶ月間であった。体毛は有刺鉄線の刺ごとに別々の試料とし、それぞれ封筒に回収して乾燥させた後、分析まで -30℃ で保存した。

2-2. 遺伝子分析

1 試料ごとに実体顕微鏡を用いて毛根の有無を確認し、毛根部のみ最大 10 本を切り取った。1 試料中の体毛が 10 本に満たない場合でも、異なる試料どうしは混ぜないこととした。これらの試料から DNA Extractor FM kit（和光純薬工業株式会社）を用いて DNA を抽出し、マイクロサテライト 8 座位（G10P, G1A, G10B, G10X, UarMU05, UarMU50, UarMU23, UarMU51: Paetkau and Strobeck, 1995; Paetkau and Strobeck, 1998; Taberlet et al., 1997）について分析を行った。併せて、アメロゲニン遺伝子（SE47, SE48）の分析によって雌雄判別も行った。

2-3. 解析方法

有刺鉄線にクマの体毛がついていたトラップを「利用トラップ」とし、セッションごとに利用トラップ数を比較した。第 1～5 セッションについては、第 6 セッション以降と比較できるよう、第 6 セッション以降に利用したトラップ 15 基のみのデータを用いた。

試料数の推移についても比較するため、その数をセッションごとに集計した。分析が終了している第 1～5 セッションについて、毛根があり、分析に供することのできた試料の数と、どの体毛にも毛根がなく、分析に供することのできなかった試料の数をそれぞれ集計した。

マイクロサテライト 8 座位とアメロゲニン遺伝子とを併せた 9 遺伝子座について、すべて結果が得られた試料を「分析成功」とし、セッションごとに分析成功数を比較した。なお、昨年度までの分析によって、DNA 抽出に供する毛根数の多寡は分析の成否に影響を及ぼすことが分かって

いる。そのため分析成功数の比較は、体毛 1～6 本分の毛根が確保された試料と 7～10 本分の試料とに分割して検討した。

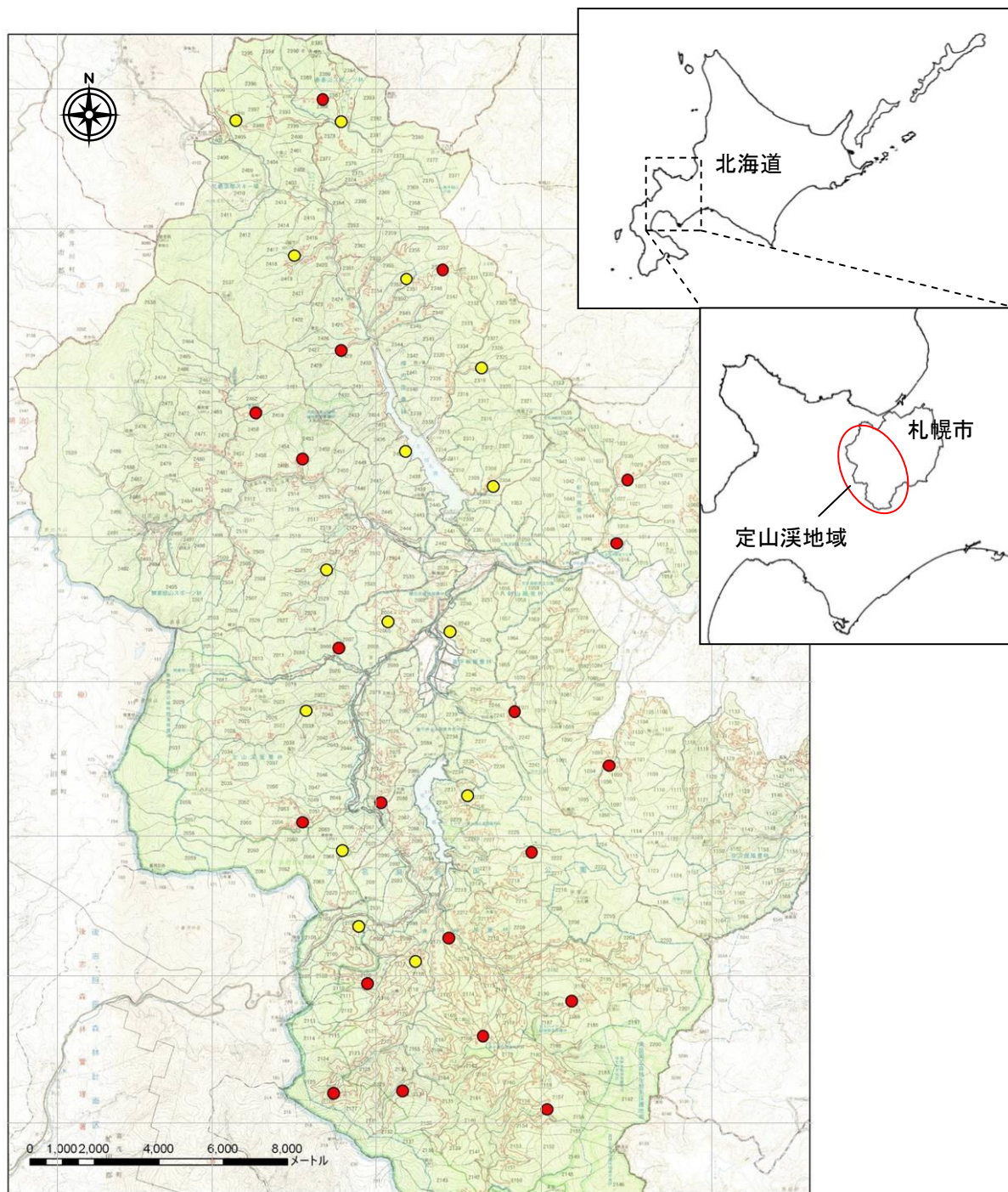


図1 ヘア・トラップ配置図

調査地の位置を右上に、ヘア・トラップの詳細な配置を左下の地図に示した。第 1～5 セッションは赤・黄丸の位置に、第 6～8 セッションは黄丸の位置にヘア・トラップを設置した（左下）。

3. 結果

トラップ利用数は第1セッションが最も多く、第3セッションが最も少ない結果となった（図2）。しかしながら、全体として利用トラップ数は15基中3～5基の間を推移し、大きな変動は見られなかった。

試料の数は第1セッションが最も多く、第3・4セッションが少ない結果となった（図3）。回収した試料のうち、毛根がついておらず分析に供することのできなかった試料はどのセッションにも出現した。特に、第1セッションは約半数が毛根の無い試料であった。

体毛7～10本分の毛根が確保された試料は全体に少なく、大半が1～6本分の試料であった（図4, 5）。7～10本分の試料は、そのほとんどで分析に成功したが、1～6本文の試料で分析に成功したものは少なかった。また、セッション数を重ねるにつれて分析成功試料数は減少したが、1～6本分の試料においてその傾向はより顕著であった。

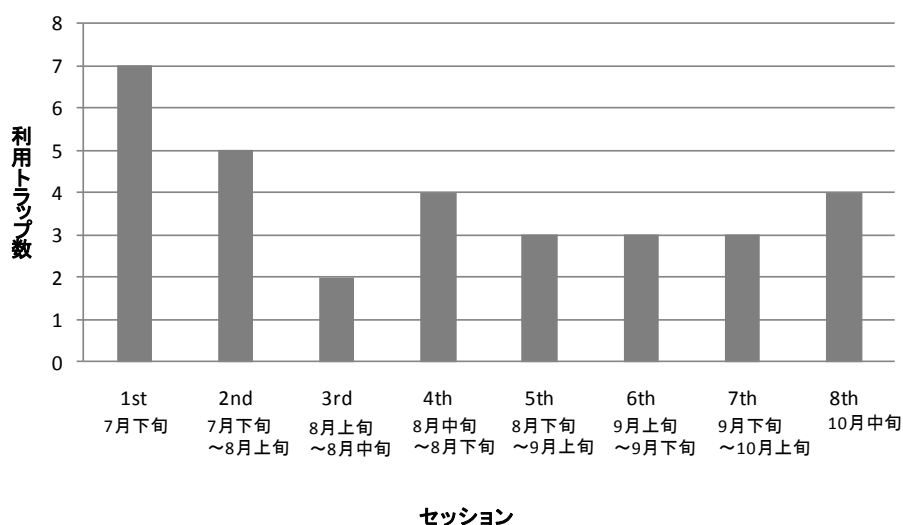


図2 全期間を通して稼働させた15基における利用トラップ数の推移

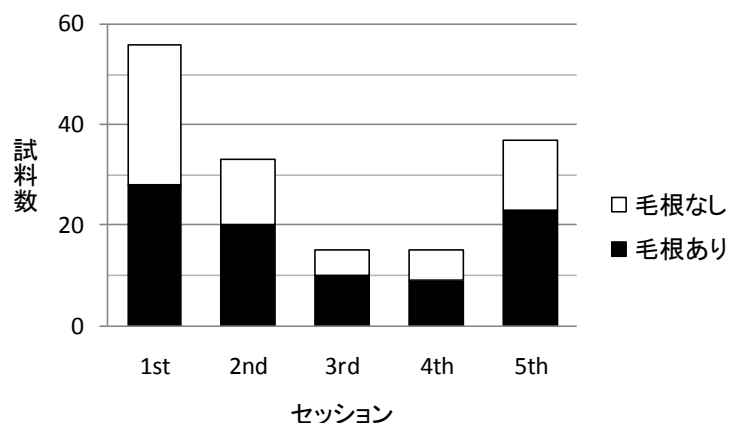


図3 第1～5セッションにおける試料数の推移

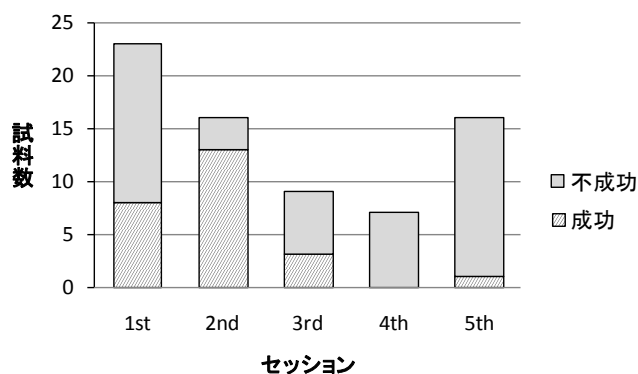


図 4 体毛 1～6 本分の毛根試料における分析成功数の推移

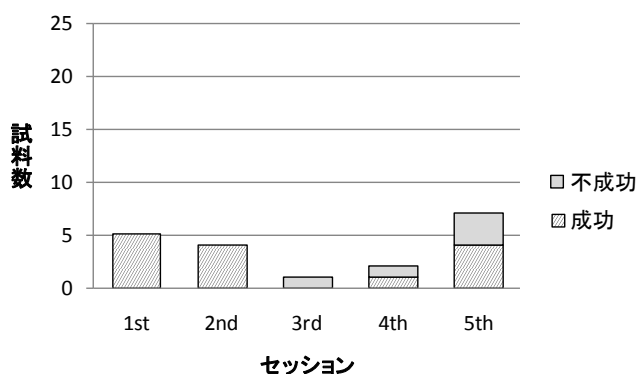


図 5 体毛 7～10 本分の毛根試料における分析成功数の推移

4. 考察

ヒグマにおいては、トラップ利用に関してツキノワグマで見られるような明確な季節性の変化は見られなかった。ヒグマはツキノワグマと比較して生息密度が低いいため、そもそもトラップに遭遇する機会が少ないことが推測される。特に今回の調査地域はヒグマの生息密度が低い地域であるため、利用トラップ数は低い値で推移したと考えた。なお、試料数は第 5 セッションで増加したが、これは、1 トラップあたりに付着した体毛の数が多かったのであり、トラップ利用が増加したわけではない。この時期のヒグマの体毛が抜けやすいかどうかについては情報が無く詳細は不明であるが、この時期（9 月上旬）は冬眠に向けて体毛密度を徐々に高めている時期であると推測される。そのため、特に毛が抜けやすい時期であるとは考えにくく、今回の結果に関しては、偶然多くの刺に体毛がひっかかったものと考えた。トラップ利用に関してはデータ数が少ないため、今後より多くのデータを集めて検証する必要がある。

一方、分析結果に関しては、セッションを重ねるにつれて分析成功試料数が減少するという、ツキノワグマと同様の傾向が読み取れた。ヒグマにおいても分析成功率の季節変動がある可能性が示唆された。ただし、分析結果に関しても試料数が全体に少ないため、明確な傾向を読み取ることは困難であった。なお、今年度は記録的な猛暑であり、札幌市もその例外ではなかった。2010 年 8 月の札幌における平均気温（24.8℃）は過去 30 年間の平均気温（22.2℃）よりも 2℃以上高く、降水量も 213.5mm と過去 30 年の平均（123.8mm）より多かった（気象庁，気象統計情報 <http://www.jma.go.jp/jma/menu/report.html> より）。この夏季の高温多湿が分析成功率を全体に引き下

げた可能性はある。今後の調査においては、より多くの試料を複数年にわたって収集し、ヒグマにおける分析成功率の傾向を検証する必要があると考える。その結果とトラップ利用率の結果との両方の面から検証を進めることで、ヒグマにおける調査適期の解明が期待される。

引用文献

- Paetkau, D. and Strobeck, C. 1995. The molecular basis and evolutionary history of a microsatellite null allele in bears. *Molecular Ecology* 4: pp. 519-520.
- Paetkau, D. and Strobeck, C. 1998. Ecological genetics studies of bears using microsatellite analysis. *Ursus* 10: pp. 299-306.
- Taberlet, P., Camarra, J. J., Griffin, S., Uhres, E., Hanotte, O., Waits, L. P., Doubois-Paganon, C., Burke, T. and Bouvet, J. 1997. Noninvasive genetic tracking of endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular Ecology* 6: 869-876.

3.1 ツキノワグマの個体識別における斑紋パターンの有用性

三浦 慎悟（早稲田大学）・青井 俊樹（岩手大学）・東出 大志（新潟大学）

1. はじめに

野生動物の保全や管理にとって正確な個体数の把握は欠かせない。そして、正確な個体数を把握するためには、標識再捕獲法などによる個体識別を伴った推定を行う必要がある。この個体識別における手法は、侵襲的手法と非侵襲的手法の大きく 2 つに区別されている。近年では、捕獲などによる動物個体への影響を伴わない非侵襲的な標識が広く用いられており、その代表的なものとして、DNA 標識（Genetic tag）と生体標識（Natural marking）がある。現在、クマ類の個体数推定においては、ヘア・トラップによるサンプル採取と DNA 標識による個体識別を組み合わせたヘア・トラップ法が広く用いられているが（Woods et al. 1999, Mowat and Strobeck 2000）、精度やコストにおいての課題も指摘されている（佐藤・湯浅 2008, 湯浅・佐藤 2008）。そこで本研究では、ツキノワグマの個体数推定に向けた個体数推定手法の開発を目的として、もうひとつの非侵襲的標識である生体標識を用いた手法に着目した。

生体標識とは、動物個体が持つ天然の標識であり、体表の模様などがこれにあたる。このような生体標識は多くの哺乳類種において利用されている（トラ: Karanth 1995, オセロット: Trolle and Kery 2003, キツネ: Sarmiento et al. 2009, シマウマ: Peterson 1972, ライオン: Miththapala et al. 1989, ゴンドウクジラ: Whitehead 2007 など）。一方でツキノワグマをはじめ、マレーグマ、メガネグマおよびナマケグマの胸部には白い斑紋が存在することが一般的に知られている。近年この胸部斑紋を個体識別に用いて密度推定を行った事例も報告されているが（Ngoprasert et al. 2010, Ríos-Uzeda et al. 2007）、その生体標識としての有用性については検証されていない。人間の生体認証分野において、個人認証に用いる形態的特徴は、普遍性（誰もが持っている特徴であること）、唯一性（本人以外は同じ特徴を持たないこと）、永続性（時間の経過と伴に変化しないこと）を備える事が理想とされている（Jain et al. 2000）。生体標識を用いた動物の個体識別に際しても、同様の検討を行う必要があると考えられる。そこで本研究では、ツキノワグマの斑紋パターンについて普遍性・永続性・唯一性の検討を行うこととした。また斑紋を用いた個体識別の汎用性の検証として、目視による簡便な識別について精度の検証も行った。

2. 材料と方法

2-1. サンプル

秋田県の阿仁熊牧場と岐阜県の奥飛騨クマ牧場で飼育されている個体を対象に、胸部斑紋パターンの撮影を行った。牧場では乾燥飼料やドライフルーツなどがクマの餌として販売されており、ビジターがこれをクマに与える事が習慣化している。そのため飼育個体の多くはビジターから餌をもらうために立ち上がりアピールする習性を持つ。この習性を利用して、正面から全身が収まるように一眼デジタルカメラ（Nikon D5000 10.0-megapixel, lens:55-200）を用いて斑紋の撮影を行った。阿仁では2009年8月6日、9月16日、2010年5月23日および8月8日の4回、奥飛騨では2009年11月23日および2010年9月17日の2回撮影を実施し、1013枚98個体（阿仁:62個体、奥飛騨:36個体）の写真を得た。

得られた写真から、各検討に用いるサンプルの選択を行った。普遍性の検討に際しては、両牧場で撮影された 98 個体を対象に、それぞれ最も撮影条件の良い写真を用いた。この検討に際しては、斑紋の有無が重要な要素であるため、個体の体勢変化による斑紋の歪み、撮影時の角度やブレのある写真も含んでいる。唯一性の検討には、阿仁で撮影された 62 個体のうち、ほぼ正面から正確に斑紋が記録できた 52 個体を対象とした。各個体最低 1 枚の写真を選択、同一日に撮影条件の良い複数枚の写真がある 48 個体については 2 枚を選択し、サンプルとした。永続性の検討には、阿仁で撮影された 62 個体のうち、2009 年の夏（8 月または 9 月）と 2010 年の春、夏の計 3 回にわたり継続的に撮影を行うことができた 18 個体を対象とした。各シーズン 1 枚の写真を個体ごとに選択してサンプルとした。汎用性の検討（ブラインドテスト）には、阿仁の 3 回目までと奥飛騨の 1 回目の撮影によって得られた 72 個体から、様々な撮影条件の 240 枚の写真を選択して用いた。

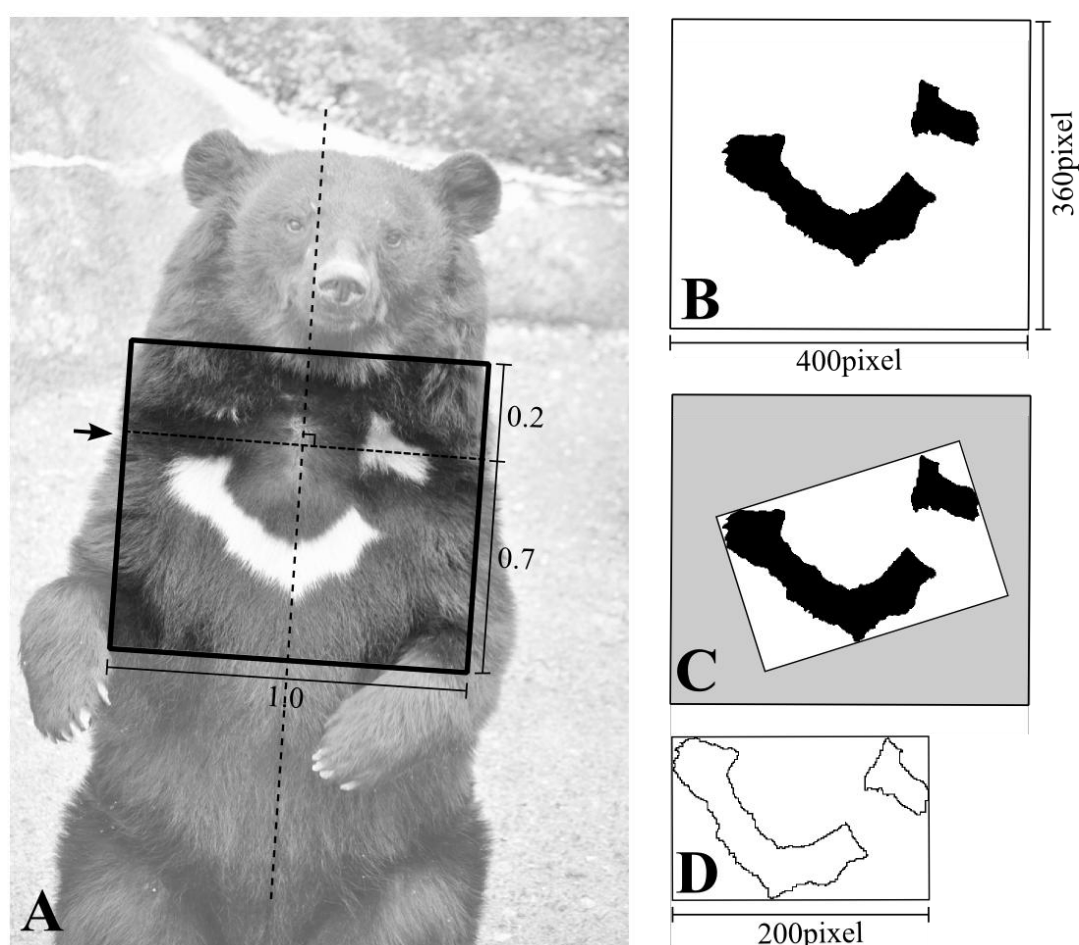


図 1 比較用画像の抽出

A) 正規化画像の抽出においては、まず毛流の方向などを参考に体の中心軸を決定する。次に頸部における輪郭のくぼみ（矢印）から中心軸に対して垂直な横軸を作成し、その幅を 1.0 とする。最後に横軸から下部へ 0.7、上部へ 0.2 の範囲を切り出し正規化画像とする。 B) 正規化画像から 2 値化処理などを経て作成した斑紋抽出画像。幅 200 ピクセル×高さ 360 ピクセルとし、これを比較画像 1 とする。 C) 比較画像 1 から月の輪の弦に相当する線を上辺として、斑紋の囲う最少方形区を切り出す。 D) C において切り出した画像の斑紋の領域から輪郭のみを抽出し、幅を 200 ピクセルに設定これを比較画像 2 とする。

2-2. 正規化と画像処理

唯一性と永続性の画像解析による検討を行うため、用いる写真サンプルについて正規化と画像処理によって比較画像の作成を行った（図 1）。写真から毛流や頸部の輪郭を参考に一定の領域を切り出すことで、正規化画像を得た（図 1A）。この正規化画像を対象に 2 値化処理などによって斑紋を抽出し比較画像 1 を得た（図 1B）。さらに比較画像 1 から、斑紋の輪郭のみを抽出した比較画像 2 を得た（図 1C・1D）。なお正規化と画像処理には、パブリックドメインの画像解析ソフト Image J（NIH, Bethesda, MD）を用いた。

2-3. 画像解析

比較画像 1 から斑紋領域の面積、重心および傾きの 3 つの特徴量を算出した。面積は比較画像 1 において黒で示された領域のピクセル数である。重心は画像の中心を原点とした場合の XY 座標である。傾きは斑紋領域を囲む最適楕円形を作成し、その角度を用いた。また形状の比較を行うため、比較画像 2 において輪郭線を構成する各ピクセルの XY 座標を算出した。これらの画像解析には Image J を用いた。形状の比較は、それぞれの斑紋の輪郭を構成する各ピクセルにおいて 2 画像間での最少距離を測定し、その平均値を求めた。このズレの平均値を 2 画像間の形状の相違を示す指標として用いた。

2-4. 画像の比較

画像解析によって算出した面積、重心、傾きおよび形状の 4 項目について、画像間の差を検出することで唯一性と永続性の検討を行った。唯一性の検討に際しては、52 個体の画像のすべての組み合わせ（ ${}_{52}C_2 = 1326$ 通り）における差（DB: different bear）、同一写真から異なる 2 回の画像処理によって得られた画像間（52 通り）における差（SP: same picture）および同一日に撮影された同一個体の画像間（48 通り）における差（DP: different picture）を算出し比較を行った。永続性の検討に際しては、18 個体において、同一日の異なる画像間の差（DP: different picture）、2010 年春と 2010 年夏の画像間の差（SYDS: same year different season）、2009 年夏と 2010 年春の画像間の差（DYDS: different year different season）および 2009 年夏と 2010 年夏の画像間の差（DYSS: different year same season）を算出し比較を行った。

2-5. ブラインドテスト

新潟大学の学生と教員 20 名、国内のクマ研究者 14 名の計 34 名を対象としてブラインドテストを行った。テストは 60 の設問で構成されており、各設問は左右 2 枚の斑紋画像を見て、同一個体か別個体かを判断するものである。設問に用いた画像は背景情報などによる影響を考慮し、写真から胸部のみを切り出したものを使用した。

3. 結果

3-1. 普遍性

両牧場にて撮影を行ったツキノワグマ 98 個体のうち、94 個体で胸部斑紋の発現が認められた。4 個体では斑紋の発現が認められなかったものの、胸部斑紋は非常に高い確率（96%）で発現する特徴である事がわかった。

3.1 斑紋パターンの有効性

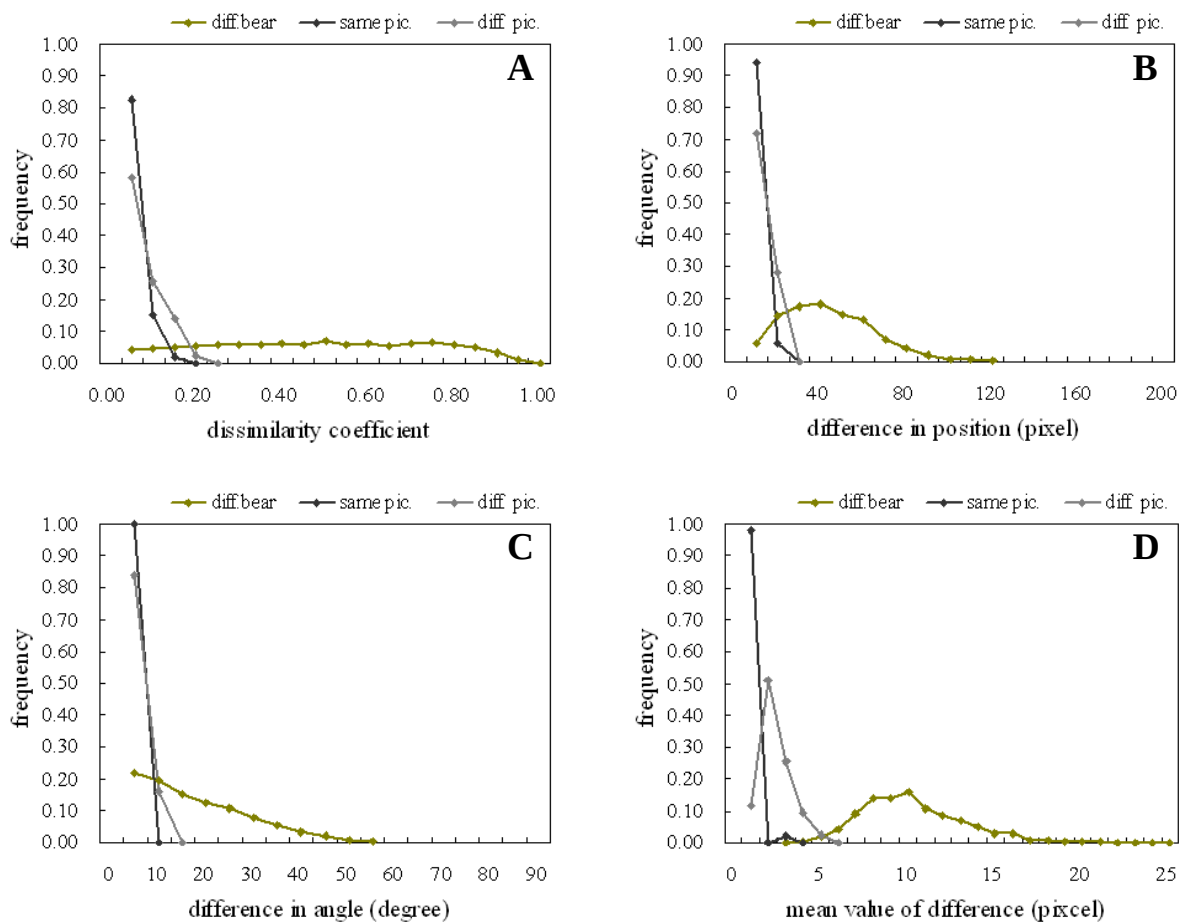


図2 各画像間における差の頻度分布

A) 面積の相違度 B) 重心位置の差 C) 角度の差 D) 輪郭線の差の平均

diff. bear: 異なる個体の画像比較, same pic.: 同一の写真から抽出した2画像の比較, diff. pic.: 同一日に撮影された同一個体の画像比較

3-2. 唯一性

個体間において斑紋の面積、位置、角度および形状の差を算出し比較を行った結果、これらの特徴はいずれも個体間で大きく異なっていた(図2)。面積の相違度は一様に分布(range: 0.00-0.94)しており、個体間における斑紋面積の変異は大きいことがわかる(図2A)。重心の差もばらつきがあり(range: 1.8-135.9)、個体間の斑紋発現位置に変異が認められるが、分布は40ピクセルを中心とした山型であり、僅かながら差が小さい側に偏っている(図2B)。角度の差も同様に値はばらついており(range: 0.0-57.3)、個体間の斑紋角度に変異が認められるが、その分布は5°をピークに右肩下がりの傾向を示す(図2C)。また輪郭線のズレの平均値もばらついており(range: 12.7-66.1)、その分布は10ピクセルを中心とした一山型である(図2D)。

一方、同一個体の画像間の比較においては、同じ写真を用いた場合にも僅かな差が検出された(図2)。同一写真における斑紋の形状は同じであるため、この画像間の差は、写真から比較画像を生成する際の正規化および斑紋抽出仮定によって生じる人為的誤差と捉える事ができる。また、同様に同一日に撮影された同一個体の画像比較でも差が検出され、同一写真における差よりも大きな値を示した。これは上記誤差に加え、撮影時の微妙なアングルやピントの違いや、個体の姿

勢変化が生じた影響である。そこで唯一性検討のため、同一個体の比較における誤差の最大値を基準として、個体間の変異との重複度を算出した（表 1）。同一写真の最大誤差を基準とした場合の重複度はいずれの特徴においても低く、特に形状においては重複が見られなかった。同一日異写真の最大誤差を基準とした場合、角度の重複度において高い値を示したが、その他 3 つの特徴においては多少増加するものの低い値を示しており、特に形状では 0.003 と非常に低い重複度であった。

表 1 個体間の差と誤差の重複度

trait	same picture		different picture	
	maximam ^a	duplication ^b	maximam	duplication
area	0.11	0.098	0.19	0.176
position	15.06	0.125	19.80	0.202
angle	2.33	0.100	9.82	0.405
shape	2.62	0.000	4.08	0.003

a: 各項目における誤差の最大値

b: 各項目における誤差と個体差の重複度

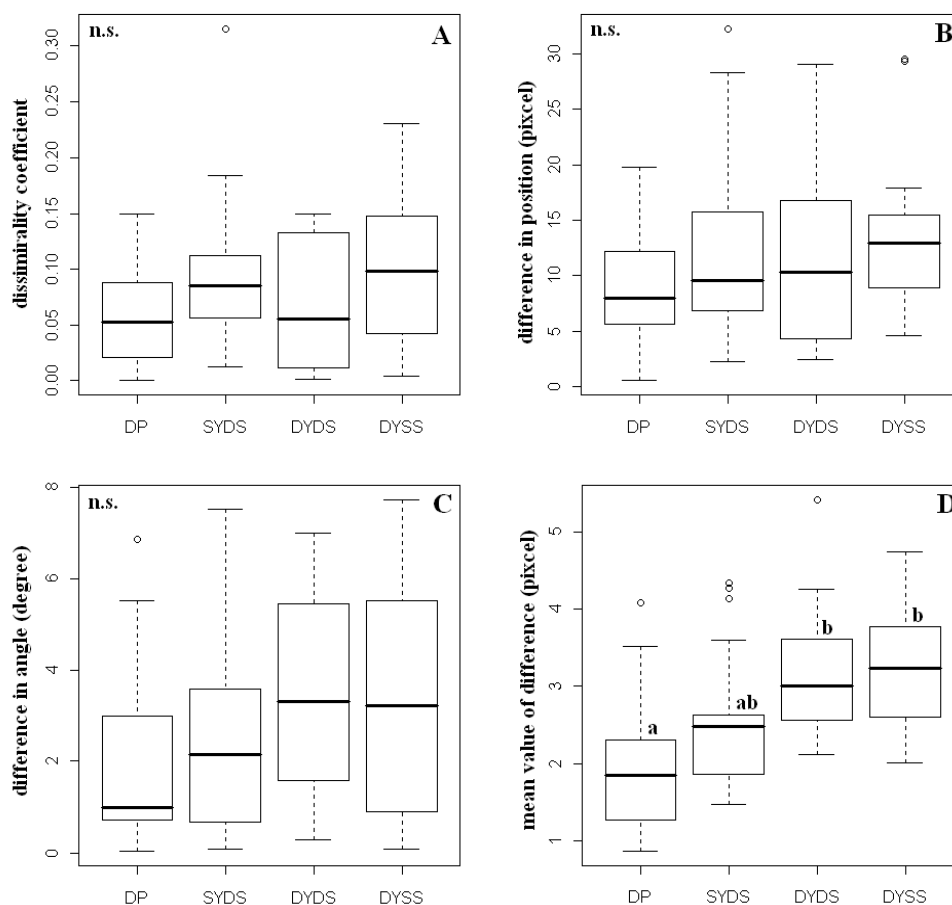


図 3 撮影日の異なる同一個体の画像間における差の比較

A) 面積の相違度 B) 重心位置の差 C) 角度の差 D) 輪郭線の差の平均

DP: 同一日に撮影された同一個体の画像比較 SYDS: 2010 年 5 月と 8 月の画像比較

DYDS: 2009 年 8,9 月と 2010 年 5 月の画像比較 DYSS: 2009 年 8,9 月と 2010 年 8 月の画像比較

異なるアルファベット（小文字）は多重比較により有意差が得られたことを示す ($p < 0.01$)

3-3. 永続性

面積、重心および角度の 3 つの特徴量においては、季節や年次の違いによる変化はなく、各処理間において有意な差も認められなかった（図 3 A, B, C）。形状においては各処理間で有意な差（ $p < 0.01$ ）が認められ、DP で画像間の差は小さく、DYDS・DYSS で差が大きい傾向にある事がわかった（図 3D）。

3-4. 汎用性

ブラインドテストの結果、正面から正確に斑紋を捉えている画像を用いた場合の正答率は、観察者によって差が見られるものの、非常に高い値を示した（mean = 95%, median = 100%）。一方で撮影角度や個体の姿勢に変化のある画像の比較においては、正答率が低下しており、特に姿勢変化でその影響が大きい事がわかった（図 4）。

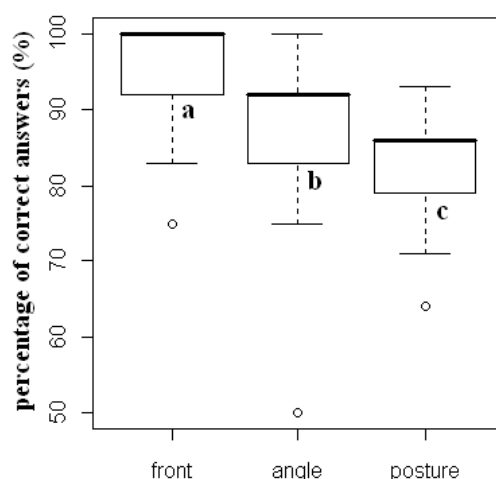


図 4 ブラインドテストの正答率

front: 正面からの正確な斑紋画像間の識別 angle: 角度変化のある斑紋画像の識別
posture: 姿勢変化のある画像の識別
異なるアルファベットは多重比較により有意差が得られたことを示す（ $p < 0.01$ ）

4. 考察

ツキノワグマ 98 個体の観察結果において、胸部斑紋は 96%とほとんどすべての個体において発現が確認されていることから、普遍的な特徴であると考えられる。

唯一性の比較において、本研究では面積、位置、傾き、および形状の 4 項目から検討を行った。異なる個体間で特徴の差を抽出した結果、いずれの特徴においても個体変異が確認できた。個体間の差と画像解析過程で生じる誤差の重複度の比較においては、角度における誤差が大きく、重複度も高い値を示したが、その他の特徴では重複度が低く、特に形状の重複度は 0.003 であった。この重複度は、今回用いた比較手法によって個体識別を行った場合、偶然 2 個体の特徴が一致する確率と捉えることができる。このような確率は、マイクロサテライト DNA を用いた個体識別を行う際にも検討されている事項であり、 P_{id} （Provability of identify）と表記されている。Waits et al.

(2001) では、個体識別を行う際に用いる標識において Pid の積算値が 0.001~0.0001 以下である事が望ましいとされている。斑紋の各特徴における重複度を Pid としてその積算値を算出したところ 0.00004 であった。したがってツキノワグマにおける斑紋パターンは、種特異的な特徴であると考えられ、唯一性を持つ有効な生体指標であると言える。さらに、今回の画像解析では形状の特徴をすべて抽出できてはいないため、実際の個体間の変異はより大きなものと考えられるだろう。また、形状の個体差が最も大きく、識別に際して有効な指標と考えられる。

永続性に関しては、面積・位置・傾きにおいて時間経過と伴に変化しないことが確認された。一方、形状では時間経過と伴に僅かながら変化する可能性が示唆された。実際に目視による画像の比較からも、一部の個体において僅かな形状の変化が認められた（図 5）。また撮影年の異なる画像間の比較（DYDS・DYSS）において差が増加していたことから、形状に変化が生じるのは冬季期間である可能性が高い。しかし、このような変化はすべての個体で見られるわけではなく、また大きな変化でもないため、1 年間という期間においては概ね永続性が認められると考えて差し支えないだろう。ただし、永続性については今後も長期間の検討が必要であり、現状では短期間の調査においてのみ利用することを推奨する。

ブラインドテストの結果、正確な斑紋画像を用いた場合の正答率は非常に高く、半数以上が 100%の確率で個体識別を行うことが可能であった。これは目視による簡便な識別における精度を保証する結果であり、同時に唯一性を支持する結果でもある。しかし、角度や姿勢に変化があると斑紋パターンを正確に把握する事が難しく、著しく正答率が低下するため、気をつけなくてはならない。野外において自動撮影カメラを用いて斑紋を撮影する場合には、この点に配慮する必要があるだろう。

本研究における検討から、ツキノワグマの胸部斑紋は生体標識として非常に有効な形態的特徴であり、容易に個体識別が可能である事が立証された。



図 5 斑紋形状の年変化事例

写真左: 2009 年 8 月撮影時の斑紋形状 写真右: 2010 年 5 月撮影時の斑紋形状
2009 年には確認された小さなスポット（矢印）が 2010 年には消失している

引用文献

- Karanth, K.U. 1995. Estimating tiger *panthera tigris* populations from camera-trap data using capture-recapture models. *Biological Conservation* 71:333-338.
- Jain, A., Hong, L. and Pankanti S. 2000. Biometric identification. *Communication of the ACM* 43(2):91-98.
- Miththapala, S., Seidensticker, J., Phillips, L.G., Fernando, S.B.U. and Smallwood, J.A. 1989. Identification of individual leopards (*panthera pardus kotiya*) using spot pattern variation. *Journal of Zoology* 218:527-536.
- Mowat, G. and Strobeck, C. 2000. Estimating population size of grizzly bears using hair capture, DNA profiling, and mark-recapture analysis. *Journal of Wildlife Management* 64(1):183-193
- Ngoprasert, D. Steinmetz, R. and Gale, G. A. 2010. The use of chest marks to distinguish Asiatic black bear and Sun bear individuals in Thailand. *International Bear News* 19(2)18-20.
- Peterson, J.C.B. 1972. An identification system for zebra (*Equus burchelli* Gray). *East African Wildlife Journal* 10:59-63.
- Ríos-Uzeda, B., Gómez, H. and Wallace R. B. 2007. A preliminary density estimate for Andean bear using camera-trapping methods. *Ursus*.18(1):124-128.
- Sarmiento, P., Cruz, J., Eira, C. and Fonseca, C. 2009. Evaluation of Camera Trapping for Estimating Red Fox Abundance. *Journal of Wildlife Management* 73(7):1207-1212.
- 佐藤喜和・湯浅卓. 2008. ヘア・トラップを用いたクマ類の個体数推定法：概要と注意点. *哺乳類科学* 48(1):101-107.
- Trolle, M. and Kery, M. 2003. Estimation of Ocelot density in the Pantanal using capture-recapture analysis of camera-trapping data. *Journal of Mammalogy* 84(2):607-614.
- Whitehead, H. 2007. The use of natural markings in studies of long-finned Pilot whales (*Globicephala melas*). *Marine mammal science* 23(1):77-93.
- Woods, J. G., Paetkau, D., Lewis, D., McLellan, B. N., Proctor, M. and Strobeck, C. 1999. Genetic tagging of free-ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin* 27(3):616-627.
- 湯浅卓・佐藤喜和. 2008. ヘア・トラップを用いたクマ類の個体数推定法における課題～国内外の事例の比較検討～. *哺乳類科学* 48(1):109-118.

3.2 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

三浦 慎悟（早稲田大学）・青井 俊樹（岩手大学）・東出 大志（新潟大学）

1. はじめに

近年、カメラトラップと標識再捕獲法を組み合わせた個体数推定手法が、特にネコ科哺乳類の調査において盛んに用いられている。標識再捕獲法を用いた個体数推定に際しては個体を識別する必要が生じる。本手法では毛皮模様で代表される *natural-marking*、つまり動物が持つ天然の標識（以下生体標識）を用いて、カメラトラップの撮影画像から個体識別が行われる。したがって、この生体標識をカメラトラップで正確に記録することは、個体識別に際しての重要な要素となる。

トラ *Panthera tigris*、オセロット *Leopardus pardalis* およびボブキャット *Lynx rufus* などネコ科哺乳類は、顔から尻尾まで全身の毛皮に特徴的な模様を有しており、またその撮影も比較的容易であることから個体数推定におけるカメラトラップの利用が進んでいる。撮影に際しては、獣道の両脇にセンサーカメラを設置し、対象種の両体側面を同時に撮影する手法が用いられることが多い（Karanth and Nichols 1998, Trolle and Kery 2003, Heilbrun et al. 2006）。ネコ科以外の哺乳類の事例として、例えばシカの鹿の子模様を俯瞰から撮影する手法も報告されている（小金澤 2004）。

一方、ツキノワグマ *Ursus thibetanus* の個体識別に際して生体標識として用いた斑紋（月の輪紋様）は、胸部に発現するためこのような撮影手法で確認することは難しく、カメラトラップの設定には工夫が必要となる。Ngoprasert et al. (2010) ではツキノワグマとマレーグマ *Helarctos malayanus* を対象に胸部斑紋の撮影が試みられており、宙吊りにした牛肉で誘引して直立姿勢を誘導し、その瞬間にカメラ 3 台を用いて 3 方向から撮影するようなトラップ設定が用いられたが、斑紋の撮影率は低く安定的な手法の確立には至っていない。またセンサーカメラが低価格になったとはいえ、1 トラップに 3 台設置することは望ましくない。

そこで本研究においては、ツキノワグマ斑紋の安定的撮影手法の開発を目的として、2 つのカメラトラップ設定を提案する。また、それぞれの設定において撮影枚数や斑紋撮影率、撮影斑紋の質から手法の有用性を検討すると共に、トラップ設置に際しての注意点と今後課題について整理を行った。

2. 材料と方法

2-1. 調査地

岩手県北上山地の御大堂山及び青松葉山の周辺地域（N39°47', E141°28'）を調査地とした。調査は約 10TN（トラップナイト）を 1 セッションとし、2010 年 6 月から 8 月にかけて連続的に 6 セッション実施した。本調査地は今年度実施した大規模ヘアトラップ調査地域の一部であり、複数のヘアトラップ設置点が設定されている。本調査では斑紋撮影手法の提案を目的とするため、これらヘアトラップ設置点の中から、地形や植生、前セッションでの確認などの情報に基づき、よりツキノワグマの利用が期待される設置点をセッション間で流動的に選択し、カメラトラップを設置した。表 1 に各調査セッションにおけるカメラトラップの設置地点数を示す。なお、表中のカメラトラップ設定については後述の通りである。

表 1 各調査セッションにおけるカメラトラップ（CT）設定別の設置地点数

CT設定	調査セッション						計
	1	2	3	4	5	6	
A1	10	10	5	5			30
A2					20	20	40
B1			8	7			15
B2					20	20	40

2-2. カメラトラップ設定

斑紋の撮影に用いたカメラトラップの設定はタイプ A とタイプ B の 2 種類である。タイプ A は立木 2 本の間に 150cm の高さで SPF 材（2×4 材:1820×89×38mm）を地面と平行に設置、材の片面中央部に誘引餌を取り付け、誘引餌設置面の反対側からトラップ全体が撮影できるようにセンサーカメラを設置したトラップ設定である（図 1-a）。この設定では、ツキノワグマを直立姿勢に誘導することで斑紋の撮影を試みた。一方タイプ B では SPF 材で作成した L 字型の構造物を 170cm の高さで立木に設置、L 字の先端に誘引餌を、L 字の基部に下向きにセンサーカメラを設置した（図 1-b）。この設定では、ツキノワグマを樹に登らせ、背筋を反ったような姿勢に誘導することで斑紋の撮影を試みた。なお、前半 4 セッションの撮影状況を受けて、後半の 2 セッションではそれぞれの設定に改良を加えたため、これらを区別し、改良前を A1 および B1、改良後の設定を A2 および B2 とする。A2 における改良点は、誘引餌のリングからハチミツへの変更と、誘引トラップとセンサーカメラの設置距離を 3m 以上に設定した点である。B2 では L 字型の構造物において、誘引餌の設置位置とカメラの設置角度に改良を加えた（図 2）。

センサーカメラは焦電型赤外線センサー内臓の Bushnell[®] Trophy Cam (model:119435C) を使用した。センサーカメラは動画撮影モード（サイズ 640×480）で撮影時間は 30 秒または 60 秒、撮影後の休止時間を 10 秒に設定した。

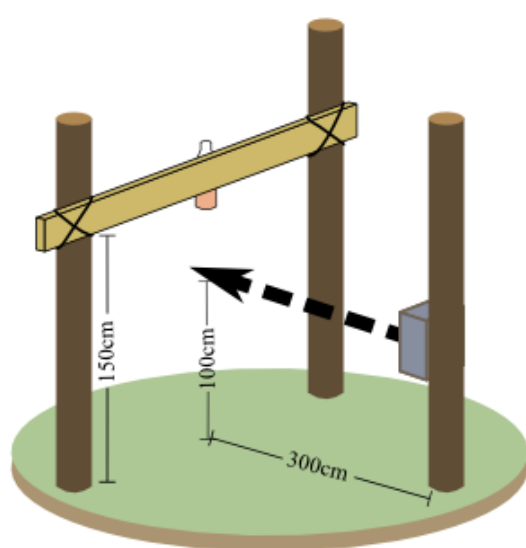


図 1-a カメラトラップ（タイプ A）

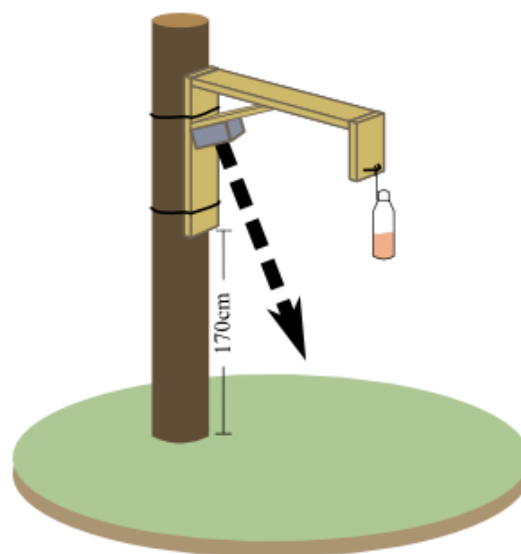


図 1-b カメラトラップ（タイプ B）

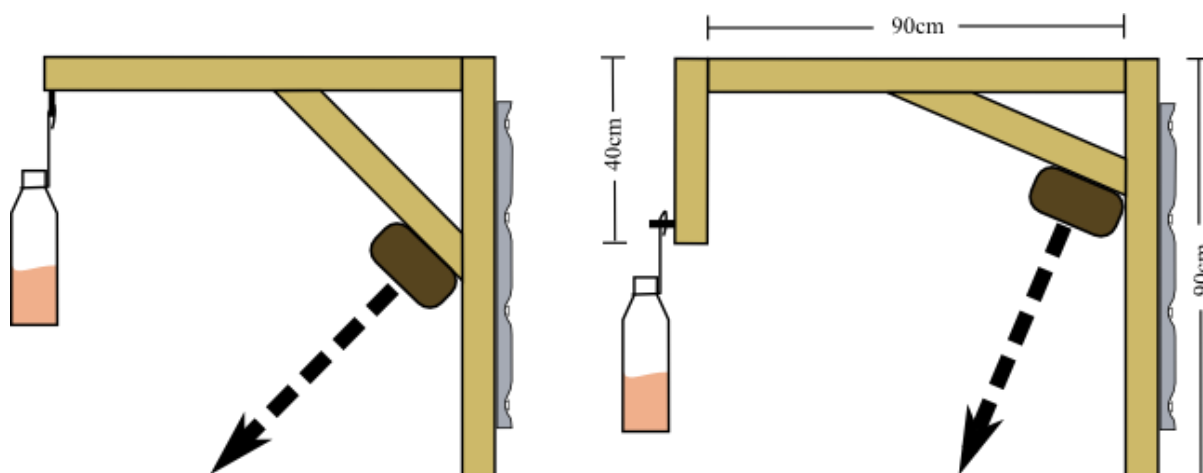


図2 タイプBにおける改良点

B1 (左) では誘引個体とカメラの距離が近く、撮影範囲に斑紋が含まれないケースも確認されたため、B2 (右) では餌の位置を下げることで個体とカメラの距離を確保し、カメラの設置角度も 45° から 60° に変更した

2-3. 解析方法

ツキノワグマがカメラトラップに誘引された時、連続して撮影された動画はおそらく同一個体である。つまり、連続して撮影された動画のうち1回でも斑紋が確認されていれば目的は達成できると考えられる。このような連続した撮影画像の取り扱いについて、撮影枚数を指標とした動物の相対密度の推定に際しては、同一個体の連続撮影による過大評価を防ぐために独立イベントを抽出することで比較が行われており、撮影間隔が30分以上である場合を独立イベントと判断している (O'Brien et al. 2003)。そこで便宜的に30分を閾値として撮影をイベントごとに整理し、その中で誘引餌が利用可能な状態であるイベント (有効イベント) を抽出した。この有効イベントを対象に各CT設定における撮影枚数や斑紋撮影率、撮影斑紋の質などについて比較を行った。なお、斑紋撮影率=斑紋撮影イベント数/有効イベント数である。撮影斑紋の質は3段階で評価し、体勢変化やブレがなく斑紋全体が明瞭に撮影されている場合をA、ブレや形の変化は見られるが全体が撮影できているものをB、一部しか撮影されなかった場合をCとした。

3. 結果

ツキノワグマが撮影された動画は全セッションを通して361であり、そのうち179の動画で斑紋の撮影に成功した。独立イベント数は120、有効イベント数は57であった (表2)。

表2 各CT設定における撮影枚数とイベント数

CT設定	クマ撮影枚数	斑紋撮影枚数	イベント数	有効イベント数
A1	39	27	13	12
A2	97	43	37	15
B1	50	20	13	10
B2	175	89	57	20
計	361	179	120	57

各有効イベントにおけるツキノワグマ撮影動画数の中央値は、タイプ A1 で 1.5、A2 で 3.0、タイプ B1 で 2.0、B2 で 4.0 であり（図 3）、いずれのタイプにおいても改良後の撮影枚数のほうが多い結果となった。Kruskal-Wallis の順位和検定により、各 CT 設計における撮影枚数に有意な差が認められたものの（ $p < 0.05$ ）、多重比較の結果からは有意な差は認められなかった。

各トラップ設定における斑紋撮影率はタイプ A1 で 67%、A2 で 87%、タイプ B1 で 80%、B2 で 95%であり、タイプ B で撮影率が高い結果となった。各タイプとも改良後の撮影率は上昇している（図 4）。また、動画において斑紋が撮影されている時間は瞬間的であることのほうが多く、長時間にわたり撮影され続けることはまれであった。

撮影斑紋の質はタイプ A で高く、A1（A:75% B:13% C:13%）、A2（A:38% B:46% C:15%）であった。一方タイプ B の画像の質は低く、B1（A:13% B:63% C:25%）、B2（A:16% B:63% C:21%）である（図 5）。図 6 に撮影動画から切り出した画像を示す。タイプ A ではツキノワグマの全身が撮影されるのに対し、タイプ B は撮影距離が近いいため撮影範囲は狭く、顔や胸部など一部分に限定される。一方タイプ B では近距離での撮影のため、斑紋の細かい形状を把握する事ができる。

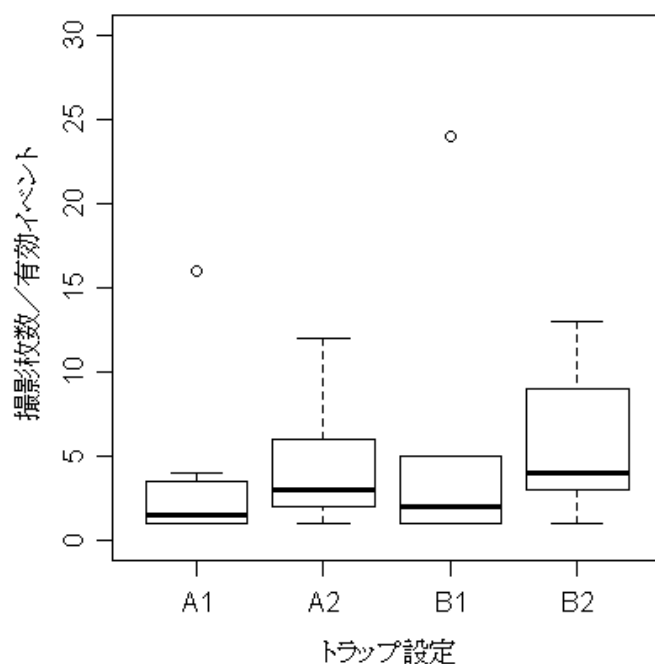


図 3 有効イベントあたり撮影枚数

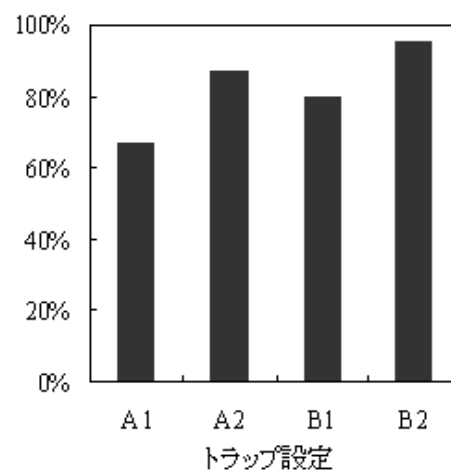


図 4 斑紋撮影イベント率

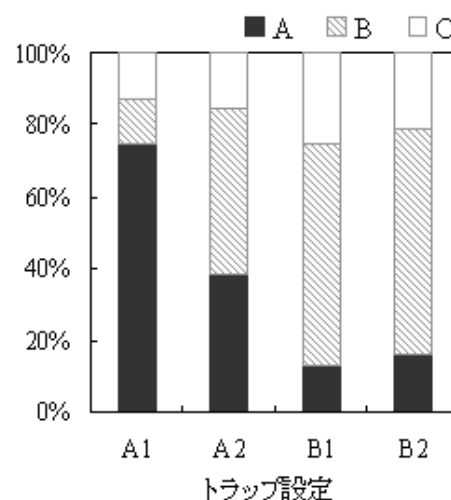


図 5 撮影斑紋の質



図 6-1 タイプ A の撮影画像①



図 6-4 タイプ B の撮影画像①



図 6-2 タイプ A の撮影画像②



図 6-5 タイプ B の撮影画像②



図 6-3 タイプ A の撮影画像③



図 6-6 タイプ B の撮影画像③

4. 考察

ツキノワグマの斑紋は通常の姿勢において確認することは難しいため、本研究では直立姿勢などへの誘導を行うことで撮影を試みた。しかし、これらの姿勢を長時間維持するとは考えにくい。そこで通常用いられることの多い静止画の撮影ではなく、動画を用いることとした。今回の結果では、撮影動画における斑紋の確認時間は非常に短い時間であることが多く、静止画を用いての撮影は非常に困難であると考えられた。また、全ての動画において斑紋が撮影できたわけではないため、撮影の機会がより多いこと、つまり1度の有効イベントにおける撮影動画数が多いことが望ましい。実際にイベントあたりの撮影枚数が多いほうが斑紋撮影率も高いという結果となった。このイベントあたり撮影枚数および斑紋撮影率は、用いる餌の誘引効果と、餌の取りにくさに起因するものと考えられる。当然のことであるが、餌に誘引効果がなければトラップにとどまる事もなく、斑紋も撮影されない。唯一誘引餌にリングを用いた A1 の設定において、同様の構造である A2 よりも撮影枚数、斑紋撮影率とも低い結果となったことは、誘引効果の影響であると考えられる。また、同様の誘引餌を用いた B1 と B2 においても結果に差が見られたことから、B2 への改良段階で餌の設置位置を変更した事で餌が取りにくくなった可能性も考えられる。

撮影された斑紋の質については、タイプ B よりも A で高い結果となった。A1 の設定でより安定的に斑紋全体を撮影できた理由は不明であるが、斑紋全体を正確に捉えるという視点ではタイプ A のほうが優れていると考えられる。また、タイプ A においては全身の撮影が可能であり、体サイズや体形、性別などの情報が得られる利点もある。一方、タイプ A よりも個体に近い距離で撮影を行うタイプ B では斑紋以外の情報を得ることは難しいが、斑紋の特徴を細部まで捉える事ができるという利点がある。タイプ A においては撮影距離が長い場合、斑紋を正面から正確に捉える事ができても、細部の特徴を把握できず、個体識別が困難となる可能性もある。静止画撮影モードにすることでこの画質の問題は解決することもできるが、先に述べたように斑紋の撮影時間が短く、その瞬間を静止画で捉えることは難しいため、動画撮影を前提とした対策を講じる必要がある。

現状ではタイプ A、タイプ B どちらのカメラトラップ設定も一長一短であり、実用化に向けては更なる改良が必要と考えられた。しかし、誘引餌によってツキノワグマの姿勢を誘導することは可能であり、動画撮影により高確率で斑紋の撮影を行うことができている。今後は識別に向けて、より安定的で正確に斑紋を撮影するための改良を進める。

引用文献

- Heilbrun, R. D., Silvy, N. J., Peterson, M. J. and Tewes, M. E. 2006. Estimation Bobcat abundance using automatically triggered cameras. *Wildlife Society Bulletin* 34(1):69-73.
- Karanth, K. U. and Nichols, J. D. 1998. Estimation of Tiger densities in India using photographic captures and recaptures. *Ecology* 79(8):2852-2862.
- 小金澤 正昭. 2004. 赤外線センサーカメラを用いた中大型哺乳類の個体数推定. *哺乳類科学* 44(1):107-111.
- Ngoprasert, D. Steinmetz, R. and Gale, G. A. 2010. The use of chest marks to distinguish Asiatic black bear and Sun bear individuals in Thailand. *International Bear News* 19(2):18-20.

- O'Brien, T. G., Kinnaird, M. F. and Wibisono, H. T. 2003. Crouching tigers, hidden prey: Sumatran tiger and prey populations in a tropical forest landscape. *Animal Conservation* 6:131-139.
- Trolle, M. and Kery, M. 2003. Estimation of Ocelot density in the Pantanal using capture-recapture analysis of camera-trapping data. *Journal of Mammalogy* 84(2):607-614.

3.3 カメラトラップによるツキノワグマ密度推定の試み

三浦 慎悟（早稲田大学）・青井 俊樹（岩手大学）・東出 大志（新潟大学）

1. はじめに

クマ類の生息数推定法にはヘア・トラップ法（遺伝的タギング法）が広く用いられるようになってきた（Woods et al. 1999, Mowat and Strobeck 2000, Miura and Oka 2003, Viteri and Waits 2009）。しかしこの手法に関しては、サンプル（体毛）採取や DNA 分析の過程において精度やコストなど様々な課題も指摘されている（佐藤・湯浅 2008, 湯浅・佐藤 2008）。そこで本研究では、クマ類の個体数推定に向けて、代替法・補完法としてカメラトラップを用いた手法の開発を進めている。

近年、カメラトラップと標識再捕獲法を組み合わせた個体数推定手法が、特にネコ科哺乳類の調査において盛んに用いられている（Karanth and Nichols 1998, Trolle and Kery 2003, Heilbrun et al. 2006）。この手法は毛皮の模様などに代表される個体特有の特徴（Natural-markings: 生体標識）を自動撮影カメラの撮影画像から識別するものである。ヘア・トラップ同様、非侵襲的手法であると同時に、安価で簡便な手法として活用が期待される。一方で生体標識を持たない種や、カメラによる確認が困難な場合には適用が難しい。クマ類においてもこの手法を用いた生息数推定の試みが報告されているが、手法の確立には至っておらず、識別個体も少ないのが現状である（Ngoprasert et al. 2010, Ríos-Uzeda et al. 2007）。そこで本稿においては、現在開発を進めているツキノワグマ斑紋撮影用のカメラトラップ設定を用いて、試験的に実施した密度推定の結果を示す。

2. 材料と方法

2-1. 使用データ

岩手県北上山地の御大堂山及び青松葉山の周辺地域を調査地とした撮影手法開発において、2010 年 6 月から 8 月に実施した調査の後半 2 セッション（第 5, 第 6 セッション）の撮影データを用いた。後半 2 セッションにおけるトラップ設置点は 20 地点であり、4km² メッシュを参考に面的な連続性を考慮して配置している。各設置点にはタイプ A と B の 2 種類のカメラトラップを設置した。

2-2. 解析方法

撮影動画のうち、斑紋が撮影されているものを対象に静止画を切り出し、目視で個体識別を行った。セッションごとにどのトラップでどの個体が確認されたかを記録した。また幼獣・成獣の区別や、性判別が可能である場合には合わせて記録した。個体数推定には Lincoln-Petersen 法を用いた。密度推定における調査範囲の決定には MMDM（mean maximum distance moved）および 1/2MMDM を用いた。MMDM はカメラトラップを用いた密度推定においては頻繁に利用されている手法であり、複数回確認個体の最大移動距離の平均値から算出される（O'Connell et al. 2010）。Arc GIS を用いて、各トラップ設置点から MMDM および 1/2MMDM を半径とするバッファを作製し、調査範囲の面積を算出した。

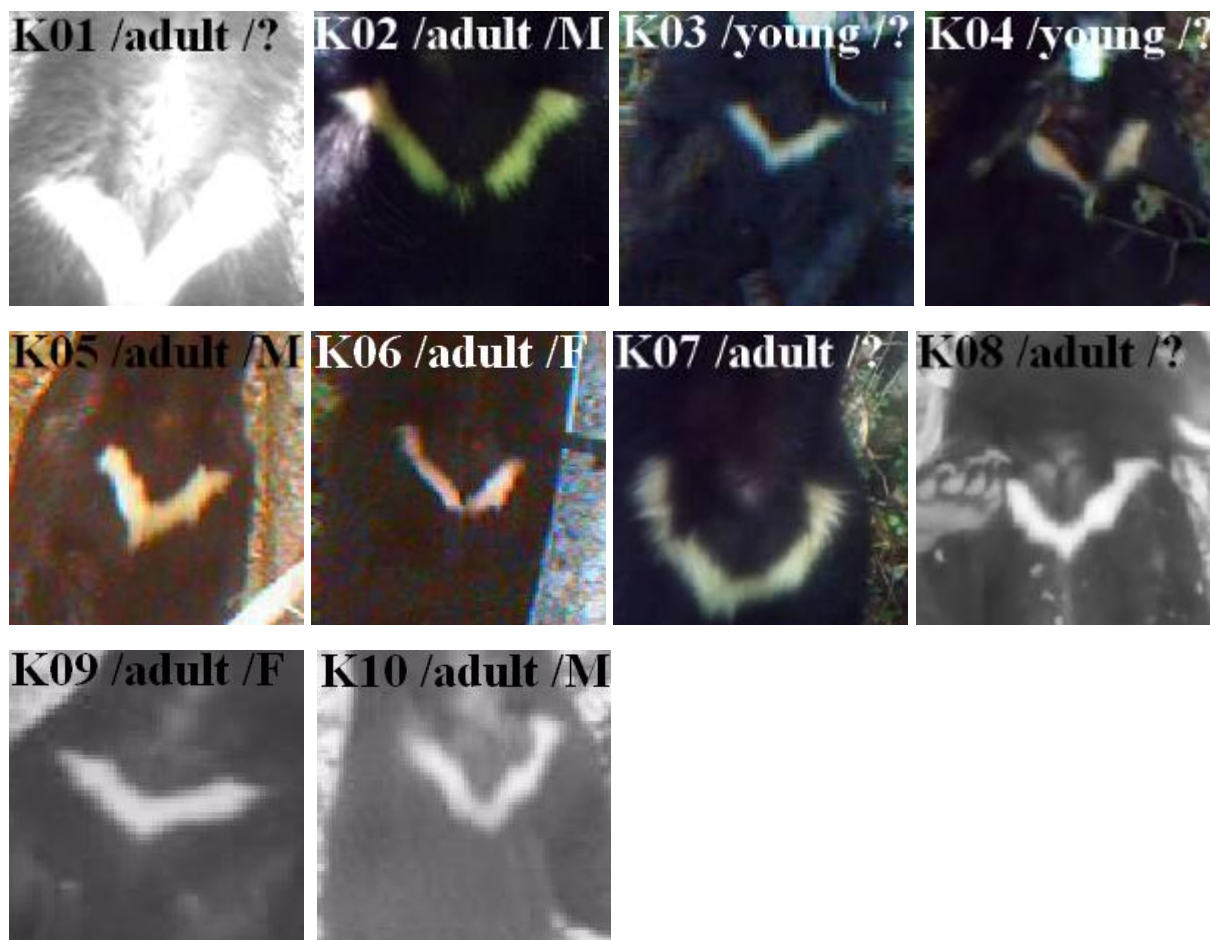


図 1 識別個体の斑紋パターン

3. 結果

第 5・第 6 セッション調査によって得られたツキノワグマの動画は 225 であり、そのうち 109 の動画で斑紋を確認することができた。これらの動画から斑紋の全体が撮影できているものを対象に個体識別を行った結果、10 個体が識別された（図 1）。成獣が 8 個体、幼獣が 2 個体であり、性判別は半数の 5 個体で可能であった（M:3, F:2）。1 回目（第 5 セッション）確認個体は 4 個体、2 回目（第 6 セッション）確認個体は 9 個体であり、内 3 個体が再捕獲個体であった。したがって推定生息数は 12 個体となる。複数回確認個体は 4 個体存在し、MMDM は約 2,731m であった（表 1）。これを基にした調査範囲の面積は MMDM で約 150 km²、1/2MMDM の場合は約 80 km² であり、推定生息密度はそれぞれ 0.08 頭/km²、0.15 頭/km² となった（図 2・表 2）。

表 1 複数回確認個体の最大移動距離と MMDM

個体ID	確認回数	最大移動距離
K01	2	0
K02	5	4972
K03	3	2393
K06	2	3561
average		2732m

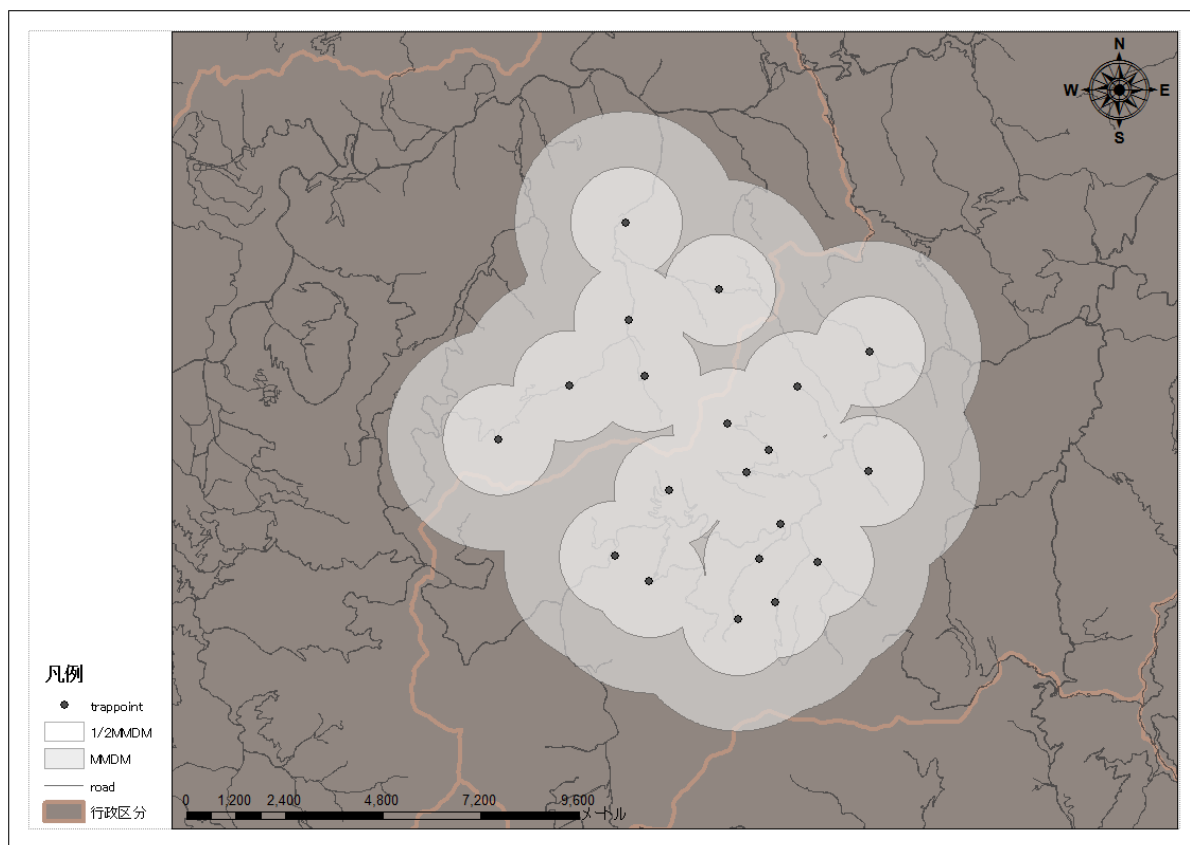


図2 トラップ設置点と調査範囲

表2 調査範囲と推定密度

調査範囲設定	radius (m)	area (km ²)	density (/km ²)
MMDM	2,732	150	0.08
1/2MMDM	1,366	80	0.15

4. 考察

センサーカメラによる撮影画像から、斑紋を用いて個体識別を行うことは概ね可能であると考えられた。しかし、撮影画像の質（安定性や解像度）の面では改良が必要である。また、タイプAの画像を用いた性判別は半数の個体でのみ可能であった。これは姿勢により下腹部が撮影できない場合があることに加えて、低解像度下で確認が難しいことも影響しており、これらの点においてもカメラトラップ設定を見直す必要がある。本調査における推定生息数は12個体であるが、確認個体が10個体であることを考慮すると、この段階でかなり過小評価となっている可能性が示唆される。つまり調査範囲に生息する8割以上の個体が今回のカメラトラップ調査で確認されたと考えるのは現実的ではないということである。これは1回目の確認個体が4個体と少ないこと、そしてそのうち3個体が最捕獲されていることによる。本調査が短期間・小規模であることが1つの要因である。もう1つの要因として考えられるのは、再捕獲個体としてトラップハッピー個

体が存在する可能性である。この点は誘引餌を用いたトラップ設定において解決の難しい問題であるが、推定モデルによって改善できる可能性もあると考えられる。また、生息密度は MMDM で $0.08 \text{ 頭}/\text{km}^2$ および 1/2MMDM で $0.15 \text{ 頭}/\text{km}^2$ と推定された。以前北上山地において行われたヘア・トラップによる生息密度は $0.127\text{--}0.193 \text{ 頭}/\text{km}^2$ (平均 $0.159 \text{ 頭}/\text{km}^2$) であるため、多少過小評価になっていると考えられる。特に MMDM を用いた場合、調査範囲の評価が過大となるため、密度推定値はより過小になる。

今後はカメラトラップ設定の改良による撮影精度の向上を図ると共に、調査期間と規模を拡大した調査を試みる予定である。また、生息数推定に関しては、本プロジェクトの個体群モデル開発班において提案されている空間明示モデルの適用を含めて検討を進める。

引用文献

- Heilbrun, R. D., Silvy, N. J., Peterson, M. J. and Tewes, M. E. 2006. Estimation Bobcat abundance using automatically triggered cameras. *Wildlife Society Bulletin* 34(1):69-73.
- Karanth, K. U. and Nichols, J. D. 1998. Estimation of Tiger densities in India using photographic captures and recaptures. *Ecology* 79(8):2852-2862.
- Miura, S., and Oka, T. 2003. Evaluation of apple bait hair-traps for genetic tagging of Asiatic black bears in the Kitakami Highland, northern Honshu, Japan. *Mammal Study* 28:149-152.
- Mowat, G. and Strobeck, C. 2000. Estimating population size of grizzly bears using hair capture, DNA profiling, and mark-recapture analysis. *Journal of Wildlife Management* 64(1):183-193
- Ngoprasert, D. Steinmetz, R. and Gale, G. A. 2010. The use of chest marks to distinguish Asiatic black bear and Sun bear individuals in Thailand. *International Bear News* 19(2):18-20.
- O'Connell, A. F., Nichols, J. D. and Karanth, K. U. 2011. *Camera trap in animal ecology*. Springer, 271pp.
- Ríos-Uzeda, B., Gómez, H. and Wallace R. B. 2007. A preliminary density estimate for Andean bear using camera-trapping methods. *Ursus* 18(1):124-128.
- 佐藤喜和・湯浅卓. 2008. ヘア・トラップを用いたクマ類の個体数推定法：概要と注意点. *哺乳類科学* 48(1):101-107.
- Trolle, M. and Kery, M. 2003. Estimation of Ocelot density in the Pantanal using capture-recapture analysis of camera-trapping data. *Journal of Mammalogy* 84(2):607-614.
- Viteri, M. P. and Waits, L. P. 2009. Identifying polymorphic microsatellite loci for Andean bear research. *Ursus* 20(2):101-108.
- Woods, J. G., Paetkau, D., Lewis, D., McLellan, B. N., Proctor, M. and Strobeck, C. 1999. Genetic tagging of free-ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin* 27(3):616-627.
- 湯浅卓・佐藤喜和. 2008. ヘア・トラップを用いたクマ類の個体数推定法における課題～国内外の事例の比較検討～. *哺乳類科学* 48(1):109-118.

4.1 標識再捕獲法に基づく密度推定手法の精度検証

松田裕之（横浜国大）・堀野眞一（森林総研）・太田海香（横浜国大）・深澤圭太（自然研）

1. はじめに

DNA による個体識別の技術の発展とコストダウンにより、ヘア・トラップによる生息密度推定はクマ類の保護管理の現場においても一般的なモニタリングツールとなりつつある。ヘア・トラップによる生息密度推定は、現地調査、DNA の分析、統計解析という 3 つの段階から成る。すでにヘア・トラップを用いた個体群のモニタリングが各地で行われているにもかかわらず、いずれの段階においても方法論にはさまざまなバリエーションがあり、最適な選択肢に関するコンセンサスは得られていない。

生息数推定においては、Lincoln-Petersen 法などの閉鎖個体群モデルが一般に用いられてきた。しかし、この手法で推定された生息数はヘア・トラップからどの程度の範囲に生息する個体を対象としたものであるか自明ではなく、生息密度の算出のためには別途有効トラップ面積を計算する必要がある。従来の日本におけるヘア・トラップ調査においては、有効トラップ面積としてトラップが含まれるメッシュの面積やトラップから発生させたバッファの面積が用いられてきた。しかし、これらの方法はメッシュやバッファのサイズの決め方に科学的な根拠がなく、評価者の主観の影響を強く受ける点で不適切である。また、事前に面積が明らかな調査範囲を設定し、その範囲にトラップを可能な限り一様に設置した調査例もあるが、昨年度の報告書においてはそのような方法を用いても生息密度の推定に大きなバイアスがかかりうることを示した。

標識再捕獲法における有効トラップ面積は、対象生物の行動圏サイズとの関連が古くから議論されてきた (e.g. Dice 1938)。クマ類の行動圏サイズは堅果類の豊凶など、時空間的に変化する環境条件によって影響をうけ、それによって有効トラップ面積も大きく変動すると考えられる。標識再捕獲法における捕獲の空間情報は対象個体群の移動距離に関する情報を持つため、それを活用することで調査地・調査期間に特有な有効トラップ面積を明らかにし、客観的に生息密度を推定することができると考えられる。しかしながら、これまでに標識再捕獲法における空間情報から生息密度を推定する手法は複数考案されており、手法によって推定密度がどの程度変化するかについては明らかでない。

そこで、本サブテーマにおいては、ダミーデータと本プロジェクトで得られた岩手県北上山地における標識再捕獲データを用いた解析により、複数の生息密度推定手法の精度比較を行った。対象とした手法は下記の 3 つである。

- (i) 平均最大移動距離に基づく方法(Wilson & Anderson 1985)
- (ii) Inverse prediction (Program “DENSITY”, Efford 2004)
- (iii) ベイズ空間明示型標識再捕獲モデル(Gardner et al. 2009; Royle et al. 2009)

密度既知のダミーデータによりそれぞれの手法の推定値と真の値のずれを明らかにし、それと同様の傾向が野外で得られたデータに対する推定においても見られるかどうかを確かめることで、それぞれの手法の推定バイアスを明らかにする。

2. 方法

2-1. ダミーデータの生成

一般に、生物の行動は2次元ランダムウォークとして記述されるが、クマの場合はその軌跡が行動圏に従うパターンを示すことが多い。それをダミーデータ生成の際に再現するため、以下に示すようなアルゴリズムを考案した。

1) 確率論的行動シミュレーションモデルとトラップにおける捕捉

単純なランダムウォークにおいては、時点 t における個体の位置 $\mathbf{u}_t$ は、 $t-1$ の位置 $\mathbf{u}_{t-1}$ を中心とする2次元正規分布に従うと考えることができる。この分布は、単位時間当たりの個体の移動を規定する移動距離分布である。

$$p(\mathbf{u}_t; \mathbf{u}_{t-1}, \sigma^2) = N_2(\mathbf{u}_{t-1}, \sigma^2 \mathbf{I})$$

σ^2 は移動距離を決めるパラメータであり、大きな値を取るほど単位時間当たりの移動距離は長くなる。

ここで、このような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る。一般に、行動圏は十分長い時間行動したときの個体位置の系列が従う分布としてみなされる。ここで、長い時間行動したときの個体位置が従う行動圏分布を任意の確率分布 $p_h(\mathbf{u})$ として定義すると、時点 t における個体の位置 $\mathbf{u}_t$ の分布 $p(\mathbf{u}_t; \mathbf{u}_{t-1}, \sigma^2)$ は次のように記述することができる。

$$p(\mathbf{u}_t; \mathbf{u}_{t-1}, \sigma_m^2) \propto p_h(\mathbf{u}) \times N_2(\mathbf{u}_{t-1}, \sigma^2 \mathbf{I})$$

$t=0$ における個体の位置 $\mathbf{u}_0$ を与え、そこからこの分布に従う乱数列を逐次発生させることで、行動圏分布に制約される行動シミュレーションを行うことができる。このようなプロセスの模式図を図1に示した。図のように、時点 t における個体の位置が行動圏分布の外側にある場合、移動距離分布と行動圏分布の積として表わされる時点 $t+1$ の個体位置分布は行動圏分布の中心に偏ったものになる。その結果、個体の軌跡は行動圏分布の確率密度が高い範囲を動くことになる。なお、マルコフ連鎖の収束定理より、初期状態における個体の位置によらずこのプロセスの定常分布はホームレンジ分布 $p_h(\mathbf{u})$ に一致する。

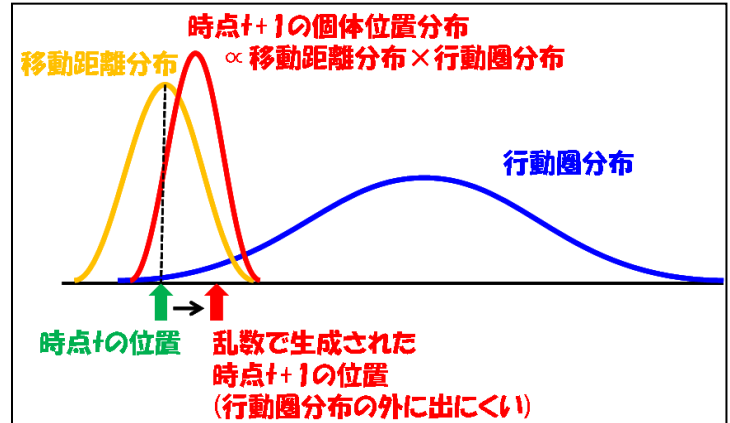


図1 行動圏分布と移動距離分布による行動シミュレーションの模式図

さらに、個体がトラップに接近したときのトラップの利用と検出についても確率モデルにより表現した。クマ個体とトラップの距離が近いほどトラップにおける検出率は高まるため、位置 $\mathbf{x}_j = (x_{1j}, y_{1j})$ にあるトラップ j に時点 $t+1$ で検出される確率 p_c を個体の位置とトラップの距離の関数として以下のように表わした。

$$p_c(\|\mathbf{u}_t - \mathbf{x}_j\|) = \exp(-(\|\mathbf{u}_t - \mathbf{x}_j\|/\sigma_c)^2)$$

この関数は正規分布と形状が同じであるが、距離0における検出率は1となる。シミュレーショ

ンの各時点において最も近くにあるトラップに対して p_c を計算し、ベルヌイ乱数により検出の有無を決定した。

2) ダミーデータの生成

ダミーデータの生成においては、全てのトラップを1週間に1回、計6回の点検を行い、その期間内に検出された個体番号とそのトラップを記録する調査を想定したシミュレーションを行った。その結果、検出個体、トラップ、セッションそれぞれにおける検出の有無を示す3次元の行列が検出履歴として得られる。トラップは、2 km 格子の交点に $10 \times 10 = 100$ 個を設置したと仮定し、トラップ位置の凸包は 20 km 四方の正方形となる。

ダミーデータ生成の際のパラメータの設定は下記のとおりである。

- ・ 真の生息密度：0.2 個体/km²
- ・ 行動シミュレーションの時間ステップ：10 ステップ/日
- ・ 1 ステップ当たりの移動距離分布のパラメータ σ ：0.18
 ※この値は、1日の移動距離の平均を 1.28 km とすることに相当する。
- ・ 行動圏分布 $ph(s)$ ：95%確率円の面積が 4.85 km² となる 2 変量正規分布
- ・ 検出確率の距離依存性パラメータ σ_c ：0.02

※この値は、検出確率の変曲点が 20 m にあることを意味する。

個体の行動圏の中心は、トラップ設置範囲を中心とした 30×30 km の範囲にランダムに発生させた。シミュレーションの初期状態として、 $t=0$ における個体の位置を各個体の行動圏分布からランダムに発生させ、上記のアルゴリズムに従いデータ生成を行った。1 個体についてデータ生成を行った一例を図 2 に示した。シミュレートされた行動軌跡は行動圏分布の中にとどまることがわかる。また、一般的な標識再捕獲調査は短期間のうちに行われるため、その間で個体は行動圏分布全体をくまなく利用できるとは限らない。シミュレーションが生成する行動パターンはそのような性質も再現している。

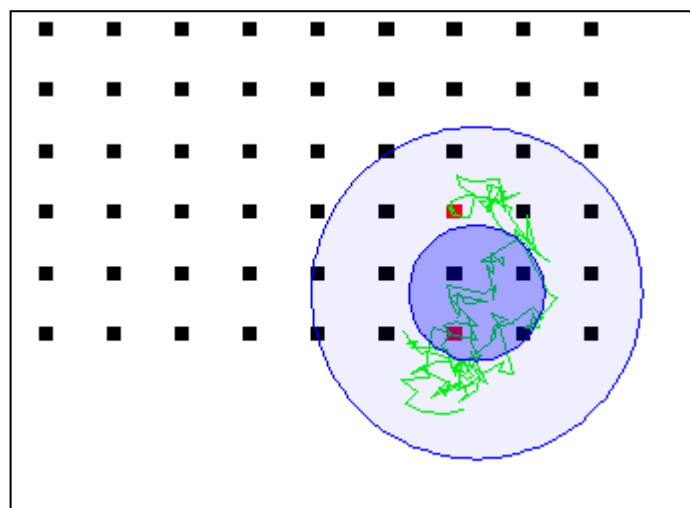


図2 データ生成シミュレーションの1例。青色の同心円は内側が行動圏分布の標準偏差半径円、外側が 95%確率円、緑色の折れ線はシミュレートされた行動軌跡、■は非検出トラップ、■は検出トラップを示す。

2-2. 岩手県北上山地におけるヘア・トラップ調査データ

実際に得られたデータによるモデル評価には、2010 年度に北上山地で得られたヘア・トラップによる標識再捕獲調査データを用いた。245 基のヘア・トラップによる 6 セッションの調査を行い、マイクロサテライトマーカールによる個体識別を行った結果、146 個体が識別された。本報告書「1.1 北上山地における大規模ヘア・トラップ調査」に調査方法の詳細が記述されている。個体ごとの検出トラップとセッションの分布を図 3 に示した。

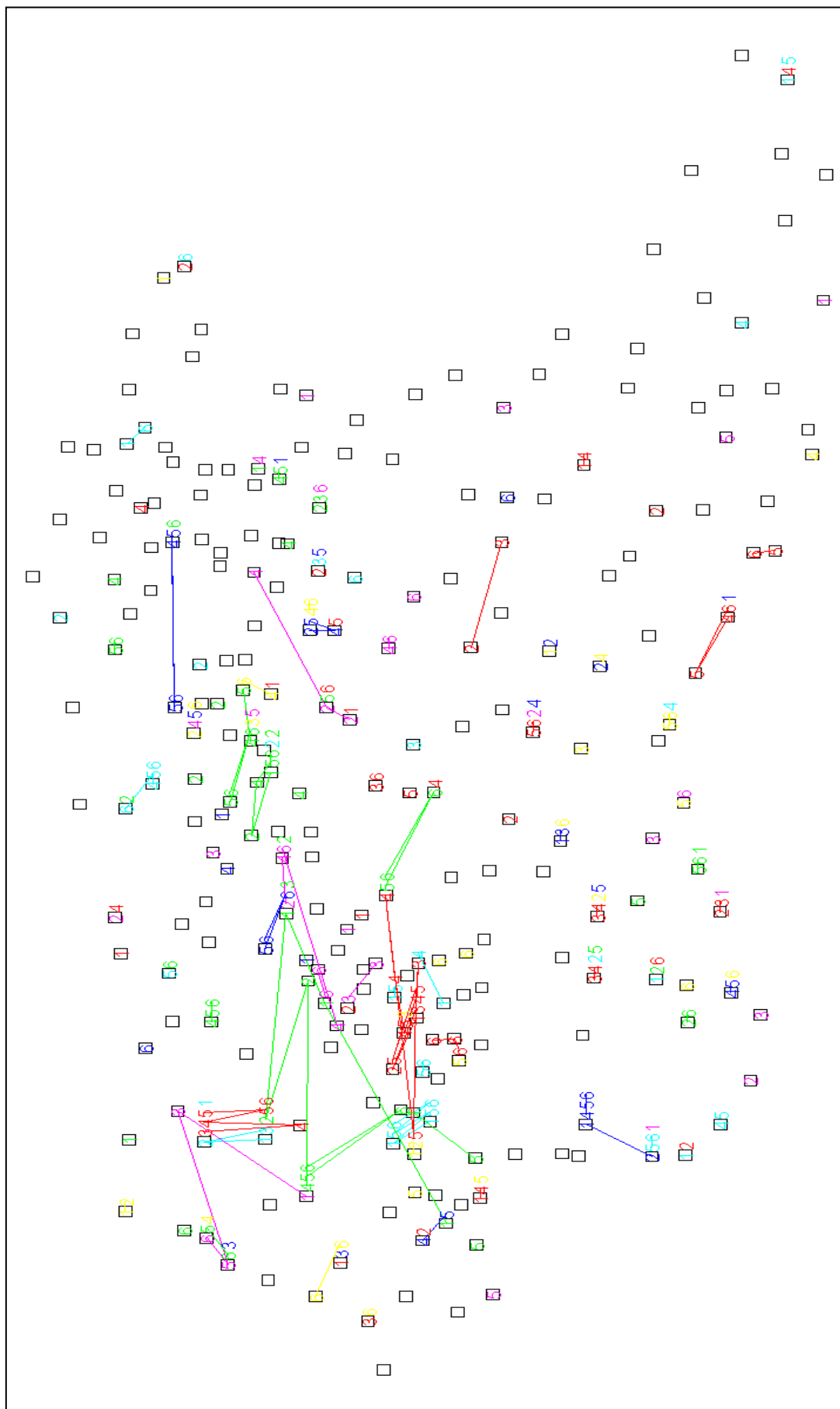


図3 北上山地へア・トラップ調査におけるサンプル採取位置とセッション。四角形はトラップの位置、数字はサンプルが採取されたセッションを示し、個体ごとに色分けされている。同一個体が複数回採取されている場合は、数字を実線では、数字を実線でつないでいる。

2-3. 密度推定手法の比較

本研究においては、平均最大移動距離法、Inverse prediction、ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルの推定精度の比較を行った。ダミーデータを用いた比較においては、ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルは 40 回、それ以外の手法については 100 回の繰り返しを行い、推定値と真の値のずれを相対バイアスと 95%CI coverage (95%CI が真の値を含む割合) により評価した。下記にそれぞれの推定手法の概要を示した。

1) 平均最大移動距離法(Wilson & Anderson 1985)

この手法は、複数回検出された個体ごとに検出トラップ間の距離の最大値を計算し、その平均値の半分をホームレンジ円の半径 r とみなすものである。トラップから生成した半径 r のバッファに含まれる範囲の面積を有効トラップ面積とし、任意の閉鎖個体群モデル(例えば、Otis(1978)の捕獲率均一モデル M_0 や不均一モデル M_h) による生息数推定値とあわせて生息密度を計算する手法である。この方法は簡便であるが、有効トラップ面積の計算方法はアドホックであり統計学的な根拠に乏しいとされる。なお、今回の評価における生息数の推定には、捕獲率均一モデル M_0 を用いた。

2) Inverse Prediction (Program “DENSITY” , Efford 2004)

この手法は、多数の空間的なダミーデータに基づく密度推定手法である。生息密度 D 、距離 0 の捕獲率 p_0 、距離に対する捕獲率の減衰 σ の 3 つのパラメータを変化させながら与えられたトラップ配置の下でデータ生成シミュレーションを多数回を行い、それぞれのダミーデータについて任意の閉鎖個体群モデルによる生息数推定値 $\hat{N}$ 、捕獲率 $\hat{p}$ 、各個体のトラップ間移動距離の平均値を計算する。すると、パラメータベクトル $\mathbf{x} = (D, p_0, \sigma)$ と観測値ベクトル $\mathbf{y} = (\hat{N}, \hat{p}, \hat{d})$ が対応する仮想的なデータセットが得られる。ここで、観測値ベクトルはパラメータベクトルに関する多変量重回帰モデルで説明されると仮定する。

$$\begin{aligned}\mathbf{y} &= \boldsymbol{\lambda} + \mathbf{B}\mathbf{x} + \boldsymbol{\varepsilon} \\ \boldsymbol{\varepsilon} &\sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \boldsymbol{\Sigma})\end{aligned}$$

$\boldsymbol{\lambda}$ は切片ベクトル、 $\mathbf{B}$ は回帰係数行列、 $\boldsymbol{\varepsilon}$ は観測誤差ベクトル、 $\boldsymbol{\Sigma}$ は分散共分散行列である。その逆関数は下記の通りになり、シミュレーションにより得られたパラメータベクトルと観測値ベクトルからそのパラメータを推定する。

$$\begin{aligned}\mathbf{x} &= \mathbf{B}^{-1}(\mathbf{y} - \boldsymbol{\lambda}) + \mathbf{B}^{-1}\boldsymbol{\varepsilon} \\ \mathbf{B}^{-1}\boldsymbol{\varepsilon} &\sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \mathbf{B}^{-1}\boldsymbol{\Sigma}\mathbf{B}^{-1\text{T}})\end{aligned}$$

推定された逆関数を用いることで、閉鎖個体群モデルの生息数推定値など、実際のデータから簡単に計算できる値から生息密度を算出するための計算式を得ることができる。なお、今回は生息数推定 $\hat{N}$ 値の計算においては Otis(1978)の M_0 を用いた。

3) ベイズ空間明示型標識再捕獲モデル(Gardner et al. 2009; Royle et al. 2009)

生息密度、各個体の行動圏の位置、トラップでの捕獲の関係を階層ベイズモデルとして記述し、

検出位置情報から各個体の行動圏の中心、捕獲率と距離の関係、生息密度推定を同時に推定する手法。行動圏の中心とトラップの距離が大きいほど捕獲される確率は低下すると考えられるため、距離 r と捕獲確率 p の関係を下記のように定式化している。

$$p = p_0 \times \exp(-(r/\sigma)^2)$$

このモデルでは、捕獲確率は距離に対して釣鐘型(ガウス型)に減衰すると仮定されている。 p_0 は距離 0 の時の捕獲率、 σ は釣鐘型曲線の変曲点までの距離で表わされる捕獲確率の減衰を決めるパラメータであり、これらはデータから推定される。T セッションの標識再捕獲調査は、この確率を期待値とする繰り返し T の 2 項過程とみなすことができる。

$$Y_{ij} \sim \text{Binomial}(p, T)$$

Y_{ij} は個体 i のトラップ j における捕獲回数である。

各個体 i の行動圏の中心 s_i は未知であり、これもデータから推定する必要がある。そこで、トラップを含む任意の長方形の空間 S を設定し、 s_i に対して S の範囲に関する一様事前分布を与える。調査において 1 度も検出されなかった個体に対しても s_i を定義するが、それによって s_i の長さは生息数によって変化することになる。推定には、パラメータ値を確率的探索的に変化させながら、データに対して当てはまりのよいパラメータ値のセットを得るマルコフ連鎖モンテカルロ法(MCMC 法)を用いる。それにより、少なくとも 1 回検出された個体の s_i はトラップの周囲を動き、1 度も検出されなかった個体の s_i は消失・生成を繰り返しながら S の中をほぼ自由に動き回ることになる。MCMC 法の過程で得られる s_i の数は、空間 S 内の生息数 N とみなすことができる。したがって、生息密度は N を S の面積で割った値となる。

3. 結果・考察

ダミーデータによる推定結果を図 4、それぞれのモデルの 95%CI 幅、相対バイアスと 95%CI coverage を表 1 に示した。平均最大距離法は生息密度を過小評価する傾向があったが、少数のケースで真の値よりも高い値を示していた。平均的に 95%CI の幅は小さく、coverage は 24%であった。Inverse Prediction は推定値の 25%点が真の値を上回っており、過大評価の傾向が見られた。ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルは 3 つのモデルの中でもっとも相対バイアスが小さく、精度の高い推定手法であることが明らかとなった。Inverse Prediction は 95%CI 幅が 3 つのモデルの中で最も大きく、coverage では Inverse Prediction とベイズ空間標識再捕獲モデルではほぼ同等の評価となった。

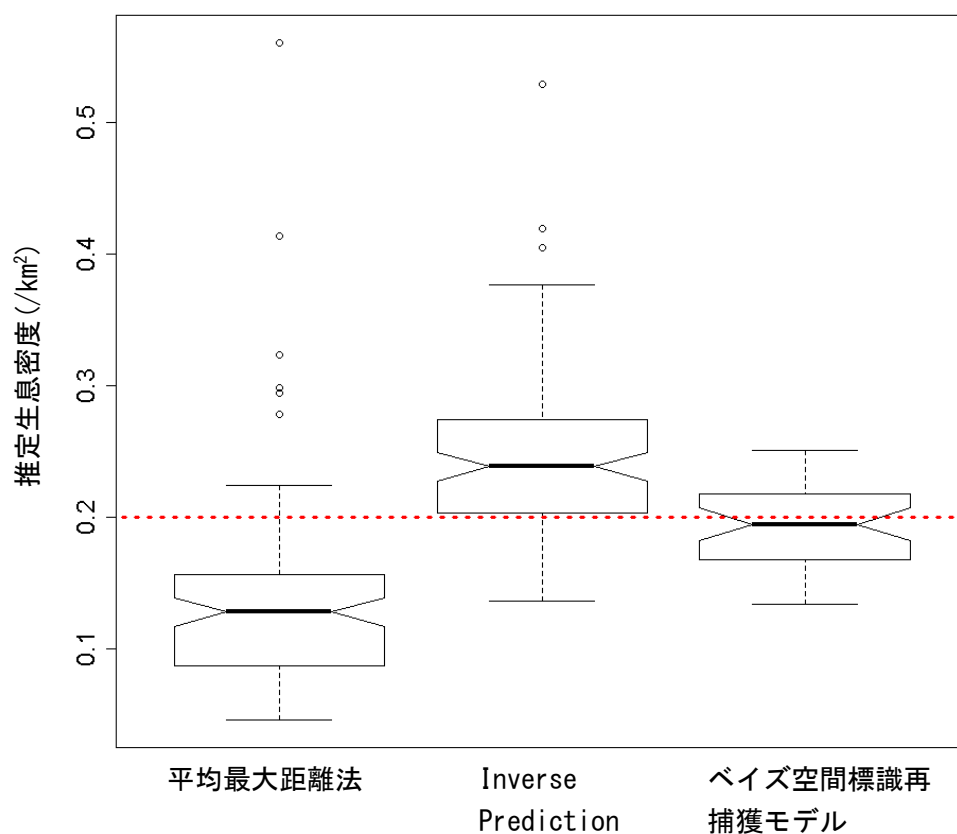


図4 ダミーデータによる生息密度推定モデルの推定結果。箱ひげ図は、内側から中央値、四分位点、四分位点 $\times 1.5$ の範囲の最大値を示し、 $\circ$ はそれより外側の値を示している。赤破線は真の生息密度 $0.2 \text{ 頭}/\text{km}^2$ を示す。

表1 ダミーデータ解析における各密度推定手法の 95%CI 幅、相対バイアスと 95%CI coverage

手法	平均 95%CI 幅 (95%区間)	相対バイアス	95%CI coverage
平均最大距離法 (n=100)	0.45 (0.10-0.99)	-0.32	0.24
Inverse Prediction (n=100)	1.09 (0.82-1.57)	0.22	0.97
ベイズ空間標識再捕獲モデル (n=40)	0.67 (0.45-0.91)	-0.04	0.975

北上山地における3つのモデルの推定値を表2に示した。ダミーデータによる解析と同様、推定生息密度は平均最大距離法で小さな値を取った。Inverse Prediction とベイズ空間標識再捕獲モデルではほぼ同程度の値を示した。95%CI 幅はベイズ空間標識再捕獲モデルの方が Inverse Prediction よりも広がったが、その差はダミーデータの解析に比べて小さかった。

表2 北上山地のデータにおける各手法による推定生息密度

手法	推定生息密度 (95%CI) (頭/km ²)
平均最大距離法 (n=100)	0.225 (0.220-0.230)
Inverse Prediction (n=100)	0.434 (0.357-0.527)
ベイズ空間標識再捕獲モデル (n=40)	0.436 (0.359-0.518)

平均最大距離法による有効トラップ面積の計算は再捕獲の回数に影響を受けやすく、再捕獲が少ないと有効トラップ面積は小さくなり、密度を過大評価することがあると知られている(Wilson & Anderson 1985)。また、生息数の推定に用いた M_0 モデルは、個体ごとの行動圏の位置などに起因する検出率の違いがある状況では、生息数を過小評価する傾向がある。ダミーデータ解析の結果から明らかになった平均最大距離法の推定生息密度の過小評価およびばらつきの大きさは、これらのバイアス要因が複合的に作用した結果であると考えられる。Inverse Prediction は、距離に依存する捕獲率を明示的に扱っているモデルであるが、そのような空間構造は Inverse Prediction においては平均移動距離として集約されてしまい、各個体の捕獲位置に関する情報は考慮されない。そのことがダミーデータ解析における 95%CI 幅の広さにつながったと考えられる。その点で、捕獲位置に関する情報を最大限に活用しているベイズ空間標識再捕獲モデルはより優れていると考えられる。ただし、実際のデータに対する推定結果が示すように、大規模な調査データを用いる際には、その差はほとんど無視できる程度になる可能性もある。

その中で、Inverse Prediction を用いることにメリットがあるとすれば、それは計算時間の短さである。北上山地のデータを用いた場合、ベイズ空間標識再捕獲モデルは推定値を得るまでに 1 週間以上を要した(Core2 DUO E8600 搭載の PC を使用)。一方、Inverse Prediction では 2 分以内に結果を得ることができた。多数の場所、または広域を対象とした標識再捕獲調査を行い、推定に際してさまざまな試行錯誤を行う必要があるときには、ベイズ空間標識再捕獲モデルの適用が計算時間の面で非現実的になる場合があるかもしれない。その場合には、Inverse Prediction は比較的よい代替になりえると考えられる。

これらのことから、現時点では標識再捕獲法による生息密度推定には、ベイズ空間標識再捕獲モデルないしは Inverse Prediction を用いることが望ましいと考えられる。ベイズ空間標識再捕獲モデルはフリーソフト WinBUGS (<http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs/>)により推定が可能であり、フリーの統計解析環境 R からデータおよびモデルコードの読み込み、推定結果の出力までの一連の操作を行うことができる。また、最近では R のパッケージ”SPACECAP” (<http://cran.r-project.org/web/packages/SPACECAP/index.html>)が公開され、GUI 上での操作で推定を実行することが可能となった。また、Inverse Prediction については、Program “DENSITY” (<http://www.otago.ac.nz/density/>)で実装されており、これについても GUI 上での操作が可能である。また、同様の機能をもつ R のパッケージ”secr”も公開されている。

引用文献

- Dice, L. R.(1938) Some census methods for mammals. *Journal of Wildlife Management* 2(2):119-130.
- Efford, M. G. (2004) Density estimation in live-trapping studies. *Oikos* 106:598-610.
- Gardner, B.; Royle, J. A.; Wegan, M. T. (2009) Hierarchical models for estimating density from DNA mark-recapture studies. *Ecology* 90(4):1106-1115.
- Otis, D. L.; Burnham, K. P.; White, G. C.; Anderson, D. R. (1978) Statistical inference from capture data on closed animal populations. *Wildlife Monographs* 62.
- Royle, J. A.; Karanth, K. U.; Gopalaswamy, A. N. Kumar, S. N. (2009) Bayesian inference in camera trapping studies for a class of spatial capture–recapture models. *Ecology* 90(11): 3233–3244.
- Wilson, K. R.; Anderson, D. R. (1985) Evaluation of two density estimators of small mammal population size. *Journal of Mammalogy* 66(1):13-21.
