

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いない。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 からの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ニ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關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。

ヒグマに關して平成 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・代替法に關する研究（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ピ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: $0.220\text{-}0.230$)、Inverse prediction 法では $0.434 \text{ 頭}/\text{km}^2$ ($0.357\text{-}0.527$)、ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルでは $0.436 \text{ 頭}/\text{km}^2$ ($0.359\text{-}0.518$) 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いない。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リロゲ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。ヒグマについても、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 (N_e) の推定法を検討した。有害駆除個体から N_e 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 年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
