

S2-10 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究

(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

財団法人 自然環境研究センター

研究事業部

米田 政明・常田 邦彦

地方独立行政法人 北海道総合研究機構

環境科学研究センター

間野 勉

平成21～22年度累計予算額：32,946千円（うち、平成22年度予算額：12,781千円）

予算額は、間接経費を含む。

[要旨] 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、多数のトラップを比較的容易に設置できることや、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は高い。ただし、現状では調査コストも高いため、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、ヘア・トラップ法先行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予備調査を行った。平成22年度は実証研究として、北上山地モデル調査地（面積606 km²）において大規模ヘア・トラップ調査を実施した。地権者から設置許可を得た245カ所にヘア・トラップを設置し、2010年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。のべ1,470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・セッションから1棘1試料区分として計2,071のツキノワグマ体毛試料を採取した。試料採取数は、調査後半のセッションで多い傾向が見られた。また、調査地西部でトラップ当たりの試料採取数が多かった。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。これらの調査結果から、平成22年度調査で適用したヘア・トラップの構造、配置、試料採取およびデータ記録方法は、今後標準法として採用可能なことを確かめた。ただし、DNA分析班および個体群モデル班と連携して、コスト面および個体数推定精度の観点から、トラップの設置数、設置密度、および調査セッション数などに関するさらなる検討が必要である。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、2010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。2009年度研究においてツキノワグマで観察されたトラップ利用の明確な季節差は、ヒグマでは認められなかった。

[キーワード] ヘア・トラップ、クマ類、個体数推定、モニタリング、保護管理

1. はじめに

クマ類は日本の野生動物の中でも、国際希少野生動植物種である一方、人身被害や農林産物被害を最小化するという社会的要請から、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、個体数あるいは個体群動向に関する情報が不可欠である。クマ類の個体数推定の一つとして、ヘア・トラップ法によるクマ類の個体数推定が、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 2008）。米国で開発されたヘア・トラップ法は、トラップの設置が比較的容易でDNAによる個体識別精度も高いといった利点がある。しかし、日本の急峻な地形や多様な植生あるいは複雑な土地利用といった環境条件および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小規模なものが多かった（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。大規模ヘア・トラップ調査により、小規模調査の問題点を少なくし、さらに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推定も行うことができる。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、試料採取およびDNA分析コストが増大する。クマ類個体数調査において、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、適切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。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予備調査を実施した（米田ほか 2010a）。

2. 研究目的

クマ類の個体数推定におけるヘア・トラップ法の標準化、個体識別のためのDNA分析班への体毛試料提供、および個体数推定のための個体群モデル班へのデータ提供を目的として、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。調査法の標準化のため、(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の作成を進めた。

3. 研究方法

(1) 調査地

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し、最外周のトラップを結んだ面積は、606 km²である。標高は60 mから1,366 mの範囲にあり、調査地全体としては西側の御大堂山（1,196 m）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（1,366 m）から堺の神岳（1,319 m）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。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、低地にはスギ・ヒノキ植林がある。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、南部の堺の神岳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。ヘア・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。

(2) ヘア・トラップの設置

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）。トラップ設置予定地は、第一段階として図上選別を行った。次ぎに、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たトラップサイト選定のための現地予備調査を2009年度に行い、262カ所を候補地として選定した。2010年度調査では、予備調査で選定した262カ所のうち地権者の同意が得られた245地点にヘア・トラップを、2010年6月6日から6月17日までの間に、4名の調査員と4名の作業補助員により設置した（図1-1）。設置密度別には、低密度トラップが140基、高密度トラップが105基であった。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の間にあった。

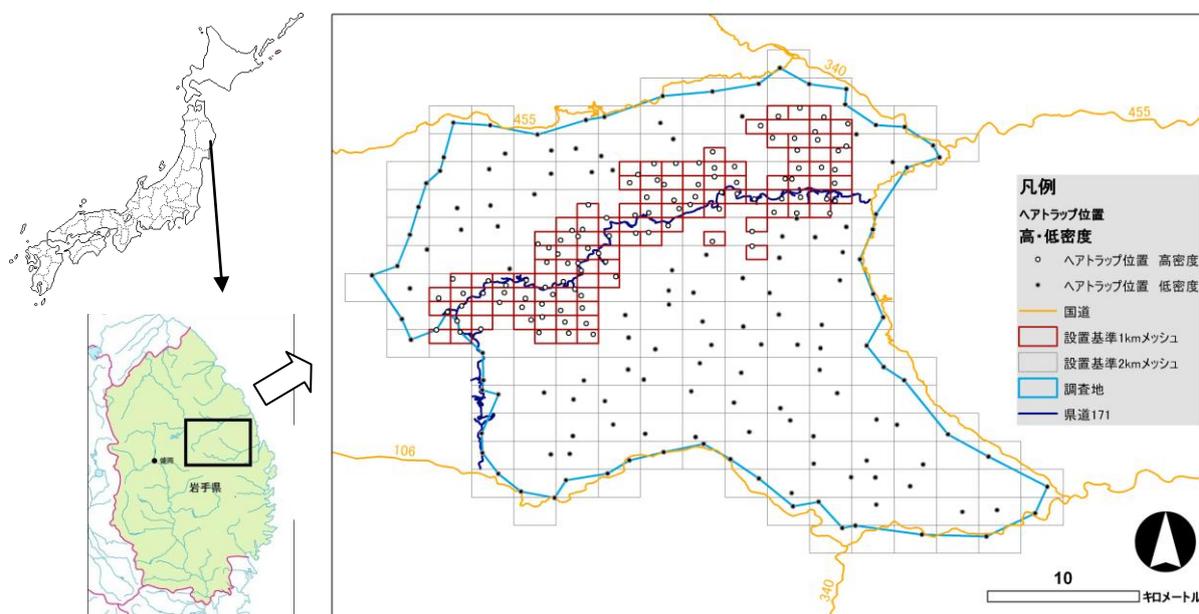


図1-1 北上山地モデル調査地の位置とヘア・トラップの配置

(3) ヘア・トラップの構造

北上山地モデル調査に設置したヘア・トラップは、標準基本構造として以下の要件を満たすように設置した（図1-2）。

- (i) 一辺の長さは3 mから4 mの四角形を基準とした。
- (ii) 外郭のほか対角線にも有刺鉄線を配置した。
- (iii) 有刺鉄線の高さは地面から45cmを基準とした。

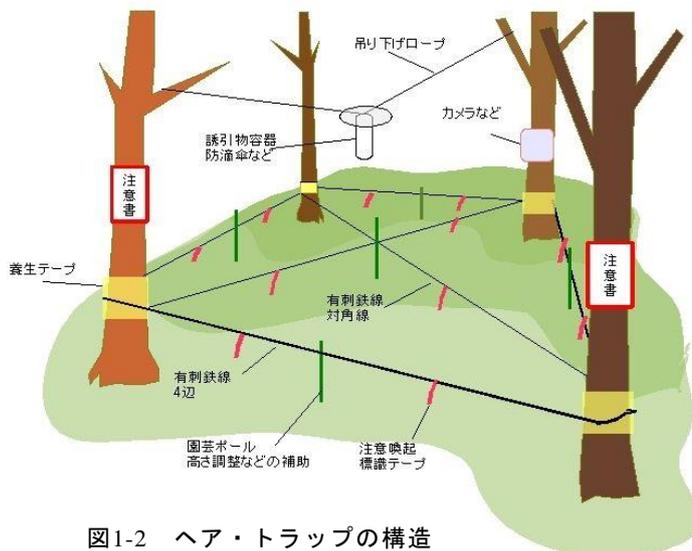


図1-2 ヘア・トラップの構造

(iv) 誘因物はトラップの中央、高さ2 mに配置しクマが誘因物を取れないようにした。

トラップの資材としては、トラップ当たり平均19.7mの有刺鉄線（#16；線径約1.9mm）を使用した。基本的には立木を利用して設置したが、必要に応じて園芸用ポールを補助材として利用した。また、誘因物としてトラップ1基当たり蜂蜜約200 mlを使用し、調査期間中に内容量が減った場合は適宜追加あるいは取り替えた。

（4）試料採取と記録

本研究の2009年度におけるツキノワグマを対象とした予備調査において、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年度調査は、6月20日から8月20日にかけて北上山地モデル調査地で実施した。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。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て実施した。採取した試料は、必要事項を記録し、その後のデータと試料管理のため、検体用封筒と回収確認票それぞれに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。試料の劣化を防ぐため、本研究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、分析機関に送付するまで試料封筒を保管するビニール袋にシリカゲルを入れて密封し、冷暗所で試料を保存した。

4. 結果・考察

（1）ヘア・トラップの構造と試料採取

明らかにクマが訪問した痕跡があるにも係わらず、試料（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試料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。

（2）試料採取トラップ数と採取試料数

北上山地モデル調査地における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、有刺鉄線上の1棘1試料と区分した採取試料総数として2,071試料を採取した（表1-1）。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、1.38試料/基・セッション（2,071試料/1,470基・セッション）であった。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245基中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基あった（表1-2）。

表1-1 体毛試料採取の概要（北上山地モデル調査地、2010年6月20日～8月20日）

区分	セッション						計
	S1	S2	S3	S4	S5	S6	
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

表1-2 体毛試料採取トラップ数の頻度分布（北上山地モデル調査地、2010年6月20日～8月20日）

試料採取トラップ数（基）	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

（3）試料採取率の違い

1）セッション間

試料採取トラップ数は、第6セッション（2010年8月9日～8月20日）が最大、第3セッション（同7月10日～7月6日）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 検定を行った結果、セッション間で試料採集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集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、7月20日以降の夏期に試料採取トラップ数が多くなる傾向が見られた。

2）地域間

トラップによる試料採取率に調査地内で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（図1-3）。この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 検定した結果、地域区分間で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 ）。

3）標高・植生・トラップ設置密度

試料採取のあったトラップの標高を見ると、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。しかし、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結果、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。また、トラップ設置位置の植生区分と試料採取率の違いがあるかを分散分析したところ、植生別の試料採集率には差がないという結果であった。次ぎに、トラップの設置密度により試料採取率の違いがあるかを見た（表1-3）。分散分析により、高密度トラップ設置（1基/1-km²）と低密度トラップ設置（1基/4-km²）の試料採取回数を検定したところ、差があるとは言えない結果になった。

4）まとめ

今後の調査に向けたまとめとして、北上山地において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ことが必要である。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率にはあまり影響しない。ただし、トラップ設置密度に関しては、個体数推定の確度あるいは精度に関わるため、個体群モデル班による分析が必要である。

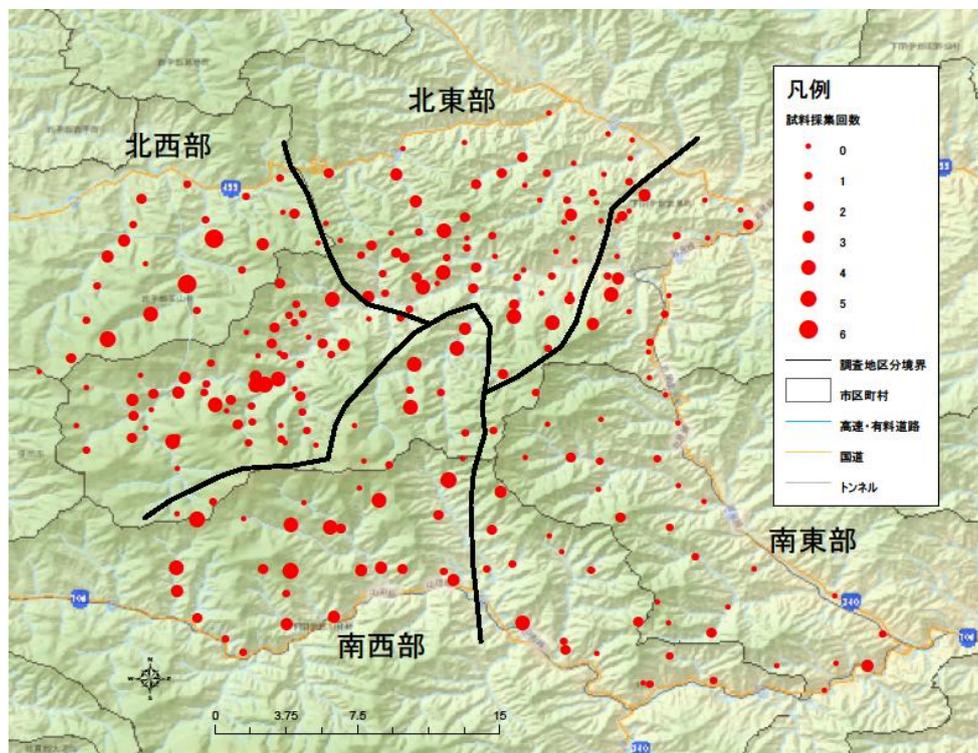


図1-3 トラップ位置とトラップごとの試料採取回数

表1-3 トラップ設置密度と試料採集状況

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) DNA識別個体の捕獲記録

1) DNA個体識別

北上山地モデル調査地で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、試料採取トラップから少なくとも1試料（有刺鉄線上で1棘1試料区分として採取した体毛）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。

2) 識別個体数と再捕獲個体

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試料暫定分析結果を用いた。試料採取があった339トラップから、各トラップ・セッションにおいて1棘上で体毛数の多かった試料(1棘1試料区分)のみを使用したDNA分析個体識別暫定結果を表1-4に示した。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。複数回捕獲個体の再捕獲トラップ間の最大距離は10.1 km（オス個体）、平均距離は、オスが2.92 km、メスが2.58 kmで雌雄間に大きな違いはなかった。

表1-4 北上山地モデル調査地採取試料のDNA分析結果まとめ（2010年12月末時点暫定結果）

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（1棘1試料区分）	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	173
8.再捕獲個体数	-	7	6	12	18	25	68

5. 本研究により得られた成果

（1）科学的意義

これまで試行錯誤的に進められていたクマ類のヘア・トラップ調査に対して、北上山地モデル調査地における本研究を通じて、ヘア・トラップの設置手順、標準構造、試料採取及び採取記録の標準方法を提示することができ、その手順を作業手引きとしてまとめることができた。また、大規模ヘア・トラップ調査を通じて大量の試料及びデータをDNA班と個体群モデル班に提供することで、従来の小規模調査では検証することが難しかった、DNA個体識別に基づくクマ類の個体数推定のための材料を提供した。

（2）環境政策への貢献

鳥獣保護法に基づく第11次鳥獣保護事業計画が平成24年から開始される。科学的知見に基づく第11次計画あるいは特定鳥獣保護管理計画策定に向けて、鳥獣生息状況調査等を行うことが都道府県には求められている。都道府県等が実施するクマ類の個体数調査、個体群動向モニタリングにおいて、平成21-22年度研究を通じて北上山地モデル調査地で開発したヘア・トラップ調査設計および手順が活用されるよう、都道府県担当者向け広報活動を通じてその普及に努める。

6. 引用文献

- 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.

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.

7. 国際共同研究等の状況

特に記載すべき事項はない

8. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表

<論文(査読あり)>

特に記載すべき事項はない

<その他誌上発表(査読なし)>

1) Yoneda, M. and Mano, T. 2010. Estimating population size of bears in Japan. *International Bear News*,
19(4): 17.

(2) 口頭発表(学会等)

1) 米田 政明・間野 勉. 2010. クマ類の個体数を推定する: DNAマーカ個体識別の有効性と課題.
2010年度日本哺乳類学会自由集会(2010年9月、岐阜)

(3) 出願特許

特に記載すべき事項はない

(4) シンポジウム、セミナーの開催(主催のもの)

北上山地モデル調査地の地域住民を対象に、現地説明会を2010年7月25日に開催した。

表題: 「クマの毛からわかること」、場所: 岩手県岩泉町町民会館、参加者: 約70名

(5) マスコミ等への公表・報道等

特に記載すべき事項はない

(6) その他

特に記載すべき事項はない

S2-10 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究

(2) 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

山形大学理学部	玉手英利
地方独立行政法人北海道立総合研究機構	釣賀一二三、近藤 麻実（平成23年1月より）
岩手県環境保健研究センター	山内貴義
株式会社野生動物保護管理事務所	湯浅 卓
研究協力者（ポストドクフェロー）	
慶応義塾大学先端生命科学研究所	鶴野 レイナ

平成21～22年度累計予算額 27,216千円（うち、平成22年度予算額 15,441千円）

上記の予算額は、間接経費を含む。

[要旨] 21年度の本研究では、クマ類の個体数推定法としてヘア・トラップ法におけるDNA分析手法の諸条件を検討し、標準的な分析条件を定めた。この研究成果を踏まえて、22年度は実証研究として、岩手県北上山地における大規模ヘア・トラップ調査で得られたツキノワグマの体毛試料を分析した。体毛が採取されたトラップは全6セッションで延べ399基であり、まずセッション別に1トラップにつき1試料（1棘1試料区分）を、体毛本数が多いものを選んで分析した。次に第1セッションについて全試料の分析（n=259）を行い、さらに第2セッション以降については、10本以上の体毛があった試料（n=741）のみについて分析した。セッション別に1トラップ1試料の分析を行った結果では、遺伝子型が決定された試料数が270（成功率79.6%）で、その内、再捕獲された個体数を除く識別個体数は176であった。さらに対立遺伝子の部分的不一致（ミスマッチ）の再分析を行った結果、識別個体数が173となった。1対立遺伝子のミスマッチの多くは、片方の対立遺伝子のドロップアウトによるミスマッチ（ヘテロとホモ）を疑わせるものであった。一方、1対立遺伝子のミスマッチの96組のうち、23組はアリルドロップアウトが生じていることが示唆されたが、残る73組は対立遺伝子の組合せが異なるヘテロ同士であり、同一個体ではない可能性が考えられた。分析成効率に関しては、分析に供した体毛数が10本以上の試料では96%と高いのに対して、5本以下では66%、3本以下では52%と低下した。全セッションのうち10本以上の体毛が回収された試料の分析により、ミスマッチの再確認・再分析前の暫定値では遺伝子型が決定された試料数が280、識別個体数が215との結果を得た。ヒグマに関しては、札幌市南部の定山溪地区に調査地を設定し、平成22年7月から10月にかけて8セッションのヘア・トラップ調査を行った。21年度の本研究においてツキノワグマで観察されたトラップ利用の明確な季節差は、ヒグマでは認められなかった一方、ツキノワグマと同様、8月後半以降のセッションではDNA分析効率が低下した。

[キーワード] 遺伝子分析、ヘア・トラップ、ミスマッチ、マイクロサテライト

1. はじめに

平成21年度の本研究では、クマ類の個体数推定法として現在、国内外で利用が進んでいるヘア・トラップ法について、サンプリング時期、DNA抽出方法、遺伝子増幅反応の条件、遺伝マーカー

の種類、精度管理方法について、室内実験と野外実験を行ってDNA分析効率を比較検討し、標準的な分析条件を定めた。この研究成果を踏まえて、22年度は岩手県北上山地における大規模ヘア・トラップ調査により得られた、大量のツキノワグマの体毛試料を分析し、サブテーマ1「ヘア・トラップ法における個体数推定法の確立に関する研究」とサブテーマ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」のための識別個体データを提供した。また、大規模調査で得られる多数の試料を効率的に分析するために、複数の試験研究機関が分担して分析を行う体制を整備した。複数の機関で分析を行う場合には、各機関で得られたデータの互換性を保つために相互比較によるデータの再検証を行う必要がある。そこで、本研究では複数機関によるデータの再検証を効率的に進める手順を新たに定め、前年度に開発した分析手法の有効性について、野外調査で得られた試料を用いて検証した。

2. 研究目的

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を確立することを上位目的とした。このため平成22年度研究では、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体毛サンプルを対象として、6遺伝子座のマイクロサテライトマーカーによる多型解析とアメログ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。また、ヒグマを対象として、ヘア・トラップによる体毛回収率および遺伝子分析成功率の季節的な変動を調査することも目的とした。

3. 研究方法

(1) マイクロサテライトマーカーの検討

個体数推定モデルに供するデータとして、特に厳密な個体識別を行う必要があることから、岩手県北上地域個体群の個体識別に最適化したマイクロサテライトマーカーセットの設定を行った。まず21年度に作成したサイズ校正用の標準DNAサンプルを使用して、反応産物が得やすいこと、対立遺伝子サイズを判別しやすいこと、Pid (Probability of Identity; Paetkau and Strobeck, 1994) が比較的小さいこと、という条件に基づいたマーカーセットを検討した。ここで選択されたマーカーについて3座位ずつの組合せを作り、それぞれについて、組み合わせたときの増幅効率と対立遺伝子サイズの判別しやすさを比較し、適切なマーカーセットを決定した。

(2) ツキノワグマの大規模ヘア・トラップ調査で得た体毛試料のDNA分析

平成22年度の岩手県北上地域における大規模ヘア・トラップ調査地を4分割し、それぞれの地域から得られた体毛試料を4試験研究機関に分配した。これらの試料の分析は段階的に進めることとした。分析対象を(i) 1試料/1トラップ/1セッション、(ii) 第1セッション全試料、(iii) 全セッションの10本以上の試料の分析の3段階とした。遺伝子型判定が困難なサンプルについては、遺伝子増幅反応から遺伝子型判定までの一連の作業を改めて行う再分析を行った。その後、サブテーマ2を担当する4試験研究機関の認識個体データを統合し、GENECAP (Wilberg and Dreher, 2004) を用いて調査地全体の個体の照合を行った。体毛サンプル間の比較をすべての組み合わせについて行い、1ヶ所ないし2ヶ所の対立遺伝子のミスマッチ (mismatch ; それぞれ1MM、2MMと記す) の検出を行った。

(3) ヒグマのヘア・トラップの体毛回収率と遺伝子分析成功率の季節変動

22年7月上旬～10月中旬に、北海道札幌市の定山溪地域において実施したヘア・トラップ調査の試料を用いて分析を行った。全8セッションにおいて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」として計数し、セッションごとに利用トラップ数を比較した。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。遺伝子分析に関しては、回収した体毛試料のうち、1本以上の毛根があったものすべてを分析対象とした。マイクロサテライトマーカー8座位を用いた遺伝子分析によって、遺伝子型の決定を行った。すべての遺伝子座で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本分の毛根を用いた試料と7～10本分の試料とに分けて検討した。

4. 結果・考察

(1) マイクロサテライトマーカーの検討

最初に、北上山地における捕獲個体の遺伝子サンプルを用いた分析結果から、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) を加えた組合せが最適であった。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 および UamD103 (Meredith et al., 2009) が選定された。以上から、2010年度研究では、G10C, UarMU05, UarMU23, UamD118, UamD2, UamD103の6種類を用いることとした。

(2) ツキノワグマの大規模ヘア・トラップ調査で得られ体毛試料のDNA分析

最初に全セッションで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ミスマッチ(1MM)が生じた組み合わせは33組(0.09%)、2ヶ所の対立遺伝子でミスマッチ(2MM)が生じた組み合わせは95組(0.26%)であった。その結果、176個体が識別された。

次に、1MMまたは2MMと判定された試料について、図2-1に示す手順に従って、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試料について再度1対1の組み合わせ比較を行った。その結果、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。

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、それぞれサイズの対立遺伝子が組み合わされたヘテロ同士のミスマッチであり、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ミスマッチであった。（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のホモとなるような場合）。

微量かつ判定困難な試料からの分析におけるPCRエラーやミスマッチなどをどのように扱うかはこれまで様々な議論がなされている（Paetkau, 2003; McKelvey and Schwartz, 2004; Waits and

Paetkau, 2005; DeWoody et al., 2006)。今回の解析においては269試料から識別された173個体の中に、1遺伝子座におけるホモとヘテロのミスマッチにより別個体と判定された個体が含まれた。そこで、1MMの組み合わせのうち、ホモとヘテロのミスマッチがみられた27組について、ミスマッチ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。その結果、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のほとんどが片方の対立遺伝子の脱落（アリルドロップアウト）によるミスマッチ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ヶ所でアリルドロップアウトによるミスマッチを疑わせるような組み合わせであり、残る73組は対立遺伝子の組み合わせが異なるヘテロ同士であった。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）ツキノワグマの大規模ヘア・トラップ調査で得られた体毛試料の分析

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2-2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。以上から、経費等が制限されて全試料を分析できない場合は、サンプル当たりの本数が10本以上の試料を選択的に分析することが、効率的なデータ取得の手段であることが示された。

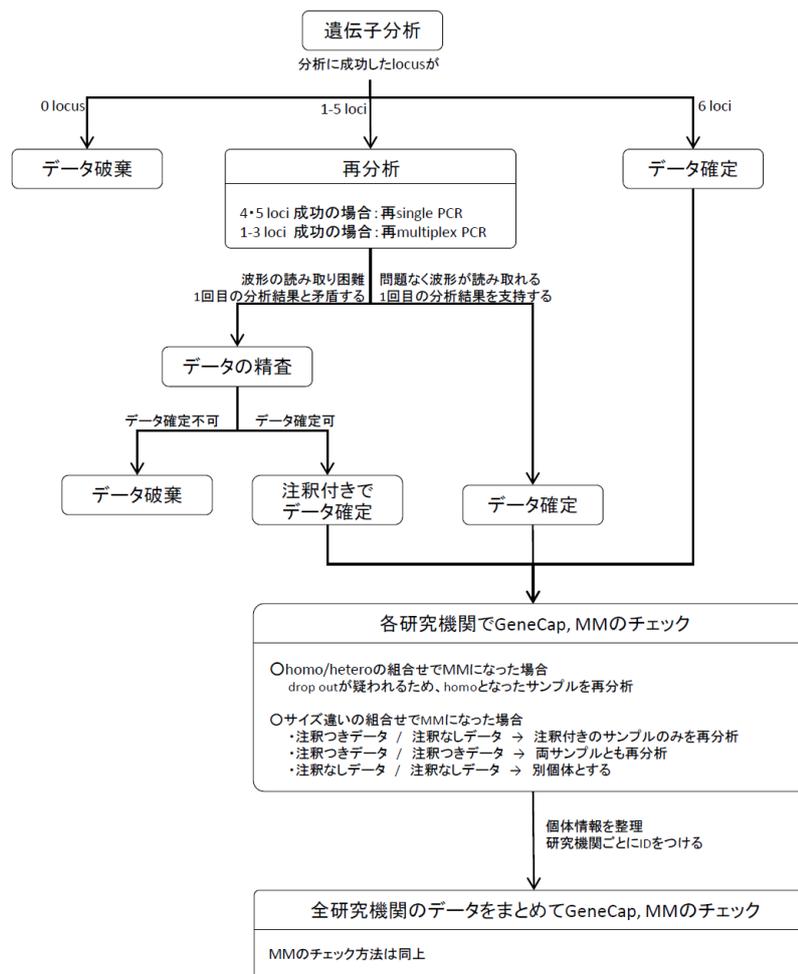


図2-1 判定困難な試料に関する再分析の手順

第1セッションの全試料の識別個体データから、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トラップのうち33基では識別個体が1個体であった。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が示唆された。

全セッションの10本以上の全試料を分析した結果、遺伝子型が決定された試料数は280で、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試料/1トラップの分析で遺伝子型が決定された試料数と、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本以上の試料のうち遺伝子型が決定された試料数の合計は342となり、その内で、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。

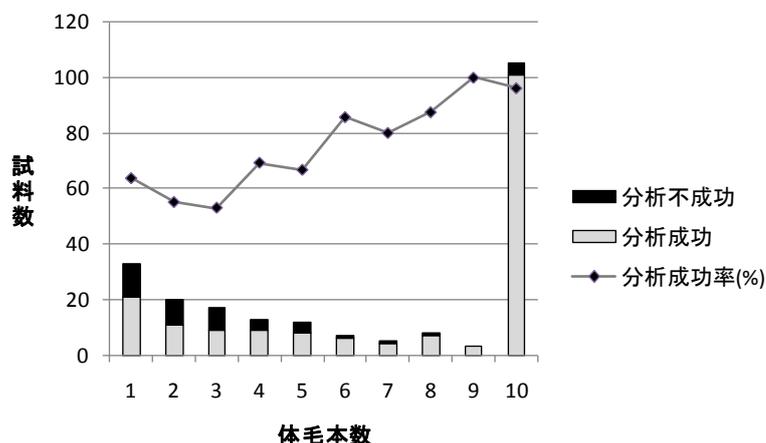


図2-2 体毛本数と分析成功・不成功試料数(第1セッション)

(4) ヒグマのヘア・トラップの体毛回収率と遺伝子分析成功率の季節変動

トラップ利用数は全体として少なく、期間を通して大きな変動は見られなかった。試料数の変動についても、明確な傾向を読み取ることはできなかった。ヒグマにおいては、トラップ利用と試料数に関して、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い可能性が示唆された。ただし、今回の調査地域はヒグマの生息密度が低い地域であったことにより、利用トラップ数および試料数が低い値で推移した可能性も考えられた。

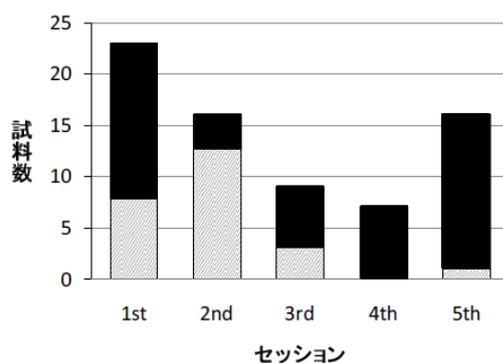


図2-3 体毛1～6 本分の毛根試料における分析成功数の推移

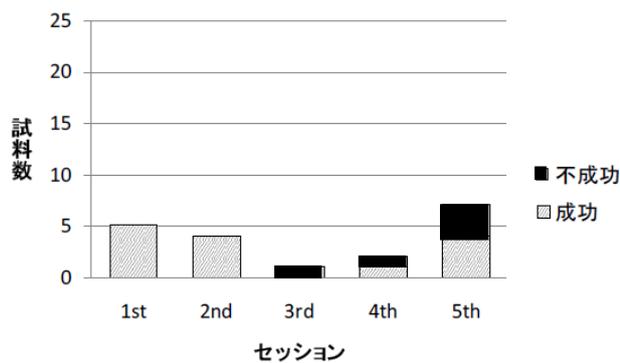


図2-4 体毛7～10 本分の毛根試料における分析成功数の推移

分析結果に関しては、セッションを重ねて季節が進む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見られた。7～10本の毛からなる試料は、そのほとんどで分析に

成功したが、1～6本の試料で分析に成功したものは少なかった（図2-3、図2-4）。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、その傾向は1～6本分の試料においてより顕著であった。

5. 本研究により得られた成果

（1）科学的意義

本研究では、わが国のクマ類ヘア・トラップ調査としては最多の試料を得て、複数の試験研究機関が関わる広域的な分析体制を構築し、大規模なDNA分析を実施した。これにより、大規模調査で得られる多数の試料の遺伝子型を効率的に照合する手順を確立することができた。また、識別個体データをヘア・トラップ班と個体群モデル班に提供することで、従来の小規模調査では検証することが難しかった、DNA個体識別に基づくクマ類の個体数推定のための材料を提供した。

（2）環境政策への貢献

本研究の成果は、自治体等が実施するヘア・トラップ調査におけるDNA分析の効率の向上に資するものである。特にDNA分析の費用対効果に関する新たな知見が得られた。具体的には、分析費用が限られる場合は10本以上の試料を優先的に分析することが効率的であることが示された。また、分析精度に影響を及ぼすミスマッチ（遺伝子型データの一部不一致）を減少させるための効率的な分析手順が得られた。さらに、複数の分析機関で試料を分割分析する場合には対立遺伝子サイズのずれ等を補正したうえで再照合する必要があることが、実地データで確認された。以上の知見は、自治体等がヘア・トラップ調査の計画を策定する上で直接に参考となるものである。

6. 引用文献

- 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. *J. Wildlife Management*, 68: 439-448.
- 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.
- Paetkau, D. and Strobeck, C. 1994. Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations. *Molecular Ecology*, 3: 489-495.
- Paetkau, D., Calvert, W., Stirling, I. and Strobeck, C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Paetkau, D. 2003. An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories. *Molecular Ecology*, 12: 1375-1387.
- 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.
- Waits, L. P. and Paetkau, D. 2005. Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of

applications and recommendations for accurate data collection. *J. Wildlife Management*, 69: 1419-1433.

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.

7. 国際共同研究等の状況

特に記載すべき事項はない

8. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表

<論文（査読あり）>

特に記載すべき事項はない

<その他誌上発表（査読なし）>

特に記載すべき事項はない

(2) 口頭発表（学会）

- 1) 近藤麻実・山内貴義：DNAマーカーによる個体識別法 分析成功率に何が影響するか。日本哺乳類学会2010年度大会、岐阜大学。2010.9.17-20.
- 2) 鶴野レイナ・玉手英利・釣賀一二三・湯浅卓・山内貴義・近藤麻実：DNAマーカーによる個体識別法 精度管理をどうするか。日本哺乳類学会2010年度大会、岐阜大学。2010.9.17-20.
- 3) 鶴野レイナ・玉手英利：ツキノワグマ(*Ursus thibetanus*)の親仔判定に必要となる遺伝子座数の検討。日本哺乳類学会2010年度大会、岐阜大学。2010.9.17-20.

(3) 出願特許

特に記載すべき事項はない

(4) シンポジウム、セミナーの開催（主催のもの）

北上山地モデル調査地の地域住民を対象に、現地説明会を2010年7月25日に開催した。

表題：「クマの毛からわかること」、場所：岩手県岩泉町町民会館、参加者：約70名。

(5) マスコミ等への公表・報道等

特に記載すべき事項はない

(6) その他

特に記載すべき事項はない

S2-10- クマ類の個体数推定法の開発に関する研究

(3) 補完法・代替法の開発に関する研究

早稲田大学

人間科学部

三浦 慎悟

岩手大学

農学部

青井 俊樹

研究協力者（院生研究員）

新潟大学大学院

東出 大志

平成21～22年度累計予算額：2,857千円（うち、平成22年度予算額：1,349千円）

予算額は、間接経費を含む。

[要旨] クマ類の個体数推定法としてヘア・トラップ法が定着しつつあるが、この方法には試料採取およびDNA分析過程に多くの問題点が指摘されてきた。補完法・代替法では、カメラトラップと生体標識を用いた個体数推定手法の開発を進めており、今年度は3つのサブ・サブテーマについて研究を行った。(i) 個体識別における胸部斑紋パターン有用性の検討では、クマ牧場飼育個体を対象に、画像解析を用いた定量的な検討とブラインドテストによる識別精度の検討を実施した。その結果、ツキノワグマの胸部斑紋は、96%の個体が有する特徴であり、別個体が同じパターンを持つ確率が極めて低く、目視でも峻別可能であるなど、普遍性、唯一性、簡便性を満たす優れた生体標識であることが確認された。(ii) カメラトラップによる胸部斑紋の野外個体の安定的な撮影手法開発では、北上山地モデル調査地の一部において、2010年6月から8月にかけて、タイプAとタイプBの2つのタイプの撮影手法を考案した。この2つの手法を用いて得られたツキノワグマの動画は361にのぼり、そのうち179の動画で斑紋の撮影に成功した。斑紋の撮影率は約80%と高い確率であった。特にタイプAは正確に斑紋を捉えることができるだけでなく、個体の全身を撮影できるため、性判別や体サイズによる年齢級区分が可能である。(iii) 試験的な密度推定は、手法開発において実施した調査の後半2セッションのデータを基に行った。第5、6セッションでは、20地点の調査地それぞれに2タイプのカメラトラップを設置して実施した。これによって得られた動画は272であり、そのうち132の動画で斑紋が撮影され、10個体を識別することに成功した。標識再捕獲法から求めた推定個体数は12頭であり、複数回撮影個体の撮影場所を基にした、1/2MMDM法（平均最大距離法）による推定生息密度は0.15頭/km²となった。以上の結果から、動画を用いたカメラトラップによる斑紋撮影率は高く、また胸部斑紋による個体識別は簡便で高精度な手法であるため、ヘア・トラップ法の代替法としても十分有効であることが示唆される。

[キーワード] カメラトラップ、クマ類、斑紋パターン、個体識別、保護管理

1. はじめに

科学的で的確な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。そして標識再捕獲法の原理を用いた正確な個体数推定の実施に際しては、対象とする動物の個体を識別する

技術が要求される。近年、個体識別に際しては非侵襲的手法の利用が一般的であり、クマ類の生息数推定にはヘア・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, Miura and Oka 2003など）。だが、この方法には、体毛サンプルの採取過程やDNA分析過程において様々な課題点も報告されている（佐藤・湯浅 2008, 湯浅・佐藤 2008）。加えて、DNA分析における金銭的成本が、調査実施に際して障壁となる場合も多い。したがって、クマ類の正確な個体数推定法の確立には、ヘア・トラップ法にまつわるこれらの課題点を解決すると同時に、それに替わる新たな手法の開発が求められる。一方ヘア・トラップと同様の非侵襲的な調査手法として、生体標識（natural-marking）を用いたカメラトラップによる個体識別手法が知られている。この手法は、ネコ科哺乳類をはじめとする様々な動物の個体数推定において広く用いられており（Karanth and Nichols 1998, O'Connell et al. 2011など）、安価で簡便であるという利点がある。そこで本サブテーマでは、ツキノワグマの個体数推定における新たな方法として、生体標識を用いたカメラトラップによる調査手法の開発を実施した。

2. 研究目的

生体標識とカメラトラップを用いた手法の確立に向けて、(i) 個体識別における胸部斑紋パターン有用性の検討、(ii) カメラトラップによる胸部斑紋の安定的な撮影手法開発、(iii) 試験的な密度推定、の3点を具体的な目的とした。

3. 研究方法

(1) 個体識別における胸部斑紋パターン有用性の検討

秋田県の阿仁熊牧場と岐阜県の奥飛騨クマ牧場において、2009年と2010年に延べ6回の撮影を実施し、これによって得られた飼育個体98頭の斑紋画像を基に検討を行った。検討項目は普遍性、唯一性、永続性および簡便性の4項目である。唯一性と永続性に関しては、画像処理によって作成した正規化画像から斑紋の大きさ、傾き、位置および形状に関する特徴量を抽出し、これを基に画像解析を用いて定量的な検討を行った。また、目視による個体識別の精度を検討することを目的とした簡便性の検討においては、新潟大学の学生と教員20名、本プロジェクトの研究者14名の計34名を対象にブラインドテストを実施した。

(2) カメラトラップによる胸部斑紋の安定的な撮影手法開発

大規模ヘア・トラップ調査地として選定した北上山地モデル調査地域の北東部において、2タイプのカメラトラップ（図3-1）を適宜設置し、野生個体を対象とした撮影手法の開発を行った。調査は2010年の6月から8月に6セッション（約10日間/1セッション）実施した。前半の4セッションは2タイプ（A1,B1）の撮影手法の試験を実施し、これを受けて改良した2タイプ（A2,B2）のカメラトラップについて、後半の2セッションで検討を行った。最も重要な検討項目は、斑紋が撮影されるかどうかであるが、同一個体が複数回連続して撮影される場合、少なくとも1回で斑紋が撮影されていれば個体識別は可能である。そこで、便宜的に30分以内の連続した撮影を同一イベントとみなし、各イベントにおける撮影枚数、斑紋撮影率および撮影画像の特徴について検討を行った。

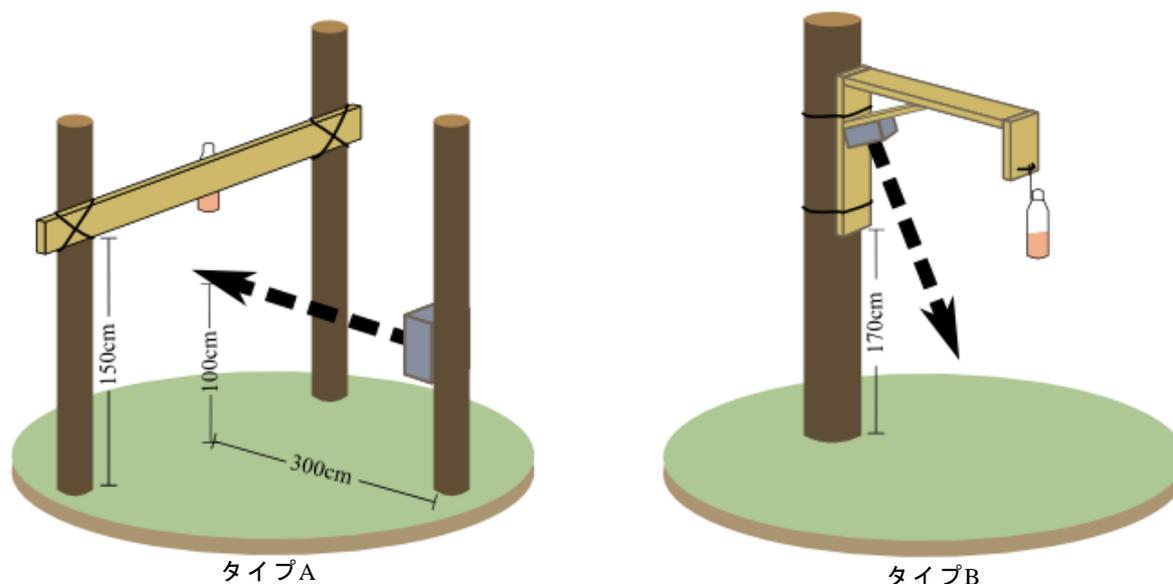


図3-1 カメラトラップイメージ

(3) 試験的な密度推定

撮影手法の開発において実施した後半2セッションのカメラトラップのデータを用いた。後半の2セッションは、面的に連続した調査地点20箇所タイプAとタイプBのカメラトラップを併設して行っている。この撮影動画から得られた個体識別データを基に、標識再捕獲法による個体数推定と、密度推定を実施した。密度推定に際しては、複数回確認個体の撮影地点から1/2MMDM法（Mean Maximum Distance Moved；平均最大距離法）を用いてトラップ有効面積の算出を行った。

4. 結果・考察

(1) 個体識別における胸部斑紋パターン有用性の検討

クマ牧場で飼育されている98個体のツキノワグマのうち、96%の個体で胸部斑紋が確認された。100%ではないものの、ほぼすべての個体が有する特徴であるため、普遍的な標識と考えられる。画像解析を基に、斑紋の大きさ、傾き、位置および形状から唯一性に関して定量的な検討を行った結果、ツキノワグマの胸部斑紋は個体ごとに特有な形状であり、他個体と同じ特徴を有する可能性は0.004%と極めて低いことがわかった。識別に際しては、特に形状が有効な指標となる。永続性に関しては、1年間の時間経過で僅かに形状が変化する個体を確認されたため、今後も引き続き検討を行う必要があるものの、以上の検討から胸部斑紋は優れた生体標識である事が明らかとなった。また、ブラインドテストの結果から、目視による識別精度も非常に高い事が示されており（平均95%・中央値100%）、特にクマに関する知識をもたない学生でも実施が可能のため、胸部斑紋を用いた個体識別は非常に簡便で高精度な手法であると考えられた。しかし、識別に用いる画像の質が悪い場合、つまり撮影時の角度や、個体の姿勢に大きな変化があるときには識別率が低下するため注意が必要である。

(2) カメラトラップによる胸部斑紋の安定的な撮影手法開発

北上山地モデル調査地域における前半4セッションにおけるタイプAとタイプB、2タイプのカメラトラップの延べ設置数は、A1で30TS（トラップ・セッション）、B1で15TSであり、改良を加えた後半2セッションではA2、B2とも40TSである（表3-1）。全調査を通して撮影されたツキノワグマの動画数は361であり、そのうち179の動画で斑紋の撮影に成功した（表3-2）。これらを撮影イベントで整理し、斑紋撮影率を算出したところ、タイプA2で87%、タイプB2で95%とどちらも非常に高い値を示した。トラップタイプごとに比較を行うと、撮影枚数、斑紋撮影率ともにタイプBの設計においてタイプAよりも高い結果であった。これは、タイプBのほうが餌を取りにくかったために撮影枚数が増えたことと、これによって斑紋の撮影機会が増加したためと考えられる。また、いずれの値も改良後（A2, B2）の設計において、改良前（A1, B1）より高くなっているため、改良により性能が向上した事がわかる。

次に、撮影された動画の質とそこから得られる情報について検討を行った。タイプAは個体の全身を正面から安定的に撮影できるのに対し、タイプBは撮影距離が近く、斑紋の形状を細部まで確認できる利点はあるが形状の変化が著しいため、安定的撮影の面ではタイプAが優れていると考えられる（図3-2）。また、全身が撮影できるタイプAは、性判別や体サイズからの年齢級区分が可能な利点もある。本研究により、高確率でツキノワグマの胸部斑紋を撮影するための手法が概ね確立され、野外調査における有効性が示された。今後はタイプAをベースに、餌の固定方法を改良するなど、より安定的な撮影に向けた検討を行う予定である。

表3-1 カメラトラップタイプと設置数

CTタイプ	セッション						計
	S1	S2	S3	S4	S5	S6	
A1	10	10	5	5			30
A2					20	20	40
B1			8	7			15
B2					20	20	40

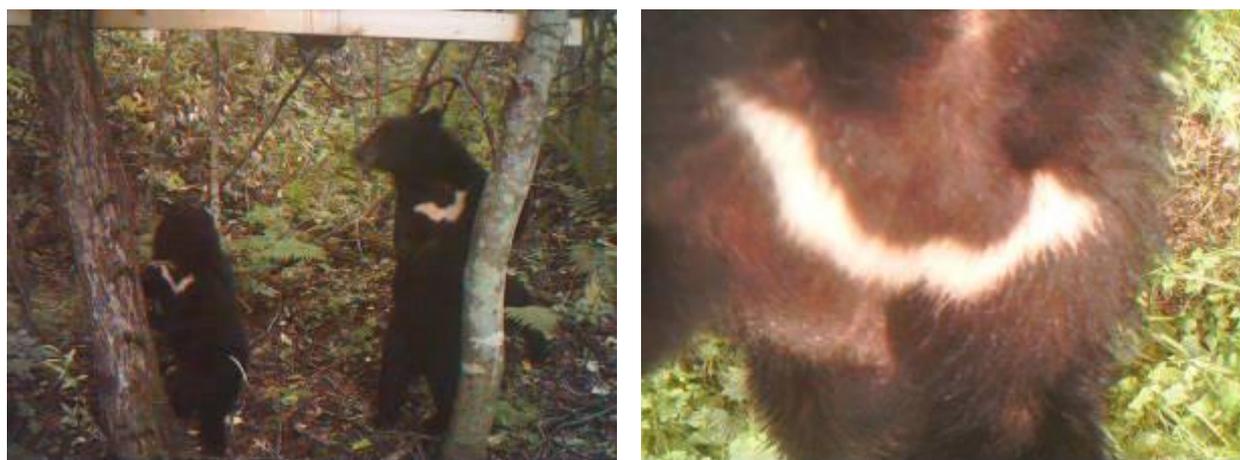
表3-2 カメラトラップタイプと撮影状況

CTタイプ	クマ動画数	斑紋撮影動画数	撮影イベント数	*撮影枚数/イベント	斑紋撮影率
A1	39	27	12	1.5	67%
A2	97	43	15	3.0	87%
B1	50	20	10	2.0	80%
B2	175	89	20	4.0	95%
計	361	179	57		

*すべて中央値

（3）試験的な密度推定

20地点に設置した2タイプのカメラトラップによって、後半2セッションで得られた動画は272であり、そのうち132の動画で斑紋が撮影された。これを基にツキノワグマの個体識別を行った結果10個体が識別された。第5セッションでは4個体、第6セッションでは9個体が識別され、うち3個体が再確認であった。これにより標識再捕獲法を用いて推定された個体数は12頭である。1/2MMDM法を用いて算出されたトラップの有効面積は80km²であり、推定生息密度は0.15頭/km²となった。



タイプA

タイプB

図3-2 カメラトラップの撮影画像例（動画から静止画を抽出）

この値は、同地域で実施されたヘア・トラップ法を基にした推定値よりも低いものであった。これは推定値の算出に用いたモデルが異なることに加え、調査規模が小さく、再確認個体が多い事も影響していると考えられる。特に再確認個体に関しては、ヘア・トラップと異なり餌を利用可能な状態にしていることによる、トラップハッピー個体の増加が懸念される。今後トラップハッピーに関しては、推定モデルと餌の固定手法の両面から対応が必要である。一方で、本調査により、野生個体においても斑紋の形状には多様性があることと、自動撮影装置による撮影画像から個体識別が可能である事が示された。

5. 本研究により得られた成果

(1) 科学的意義

これまで定量的に評価されることのなかったツキノワグマの胸部斑紋に対して、画像解析を用いた検討により、個体識別における生体標識としての有効性を提示することができた。加えて、目視による識別でも容易に高精度の判別が可能である事が示された。また、野生個体を対象とした調査において、カメラトラップを用いた斑紋パターンの安定的な撮影に概ね成功しており、新たな調査手法が確立された。

(2) 環境政策への貢献

鳥獣保護法に基づく第11次鳥獣保護事業計画や、特定鳥獣保護管理計画策定に向けて、鳥獣生息状況調査等を行うことが都道府県には求められている。カメラトラップと生体標識を用いた本調査手法は、都道府県等が実施するクマ類の個体数調査や、長期の個体群動向モニタリングに際して、簡便で安価な手法としての活用が期待される。

6. 引用文献

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.

O'Connell, A. F., Nichols, J. D. and Karanth, K. U. 2011. *Camera trap in animal ecology*. Springer, 271pp.

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.

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.

7. 国際共同研究等の状況

特に記載すべき事項はない

8. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表

<論文（査読あり）>

特に記載すべき事項はない

<その他誌上発表（査読なし）>

特に記載すべき事項はない

(2) 口頭発表（学会等）

東出 大志・三浦 慎悟・箕口 秀夫・青井 俊樹. 2010. 斑紋パターンによるツキノワグマの個体識別と野外撮影手法の検討. 2010年度日本哺乳類学会（2010年9月、岐阜）。

(3) 出願特許

特に記載すべき事項はない

(4) シンポジウム、セミナーの開催（主催のもの）

北上山地モデル調査地の地域住民を対象に、現地説明会を2010年7月25日に開催した。

表題：「クマの毛からわかること」、場所：岩手県岩泉町町民会館、参加者：約70名。

(5) マスコミ等への公表・報道等

特に記載すべき事項はない

(6) その他

特に記載すべき事項はない

S2-10 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究

(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

横浜国立大学

環境情報研究院 自然環境と情報部門

松田 裕之

独立行政法人森林総合研究所

東北支所 生物多様性研究グループ

堀野 眞一

研究協力者

財団法人自然環境研究センター 第一研究部

深澤 圭太

横浜国立大学環境情報学府 環境リスクマネジメント専攻

太田 海香

平成21~22年度累計予算額：997千円（うち、平成22年度予算額：458千円）

予算額は、間接経費を含む。

[要旨] 生息密度の推定において、客観的かつ精度の高い統計手法を用いることは非常に重要である。本研究においては、標識再捕獲データに基づく3つの生息密度推定手法、(i) 平均最大距離法、(ii) Inverse Prediction、(iii) ベイズ空間明示型標識再捕獲モデル、について、ダミーデータと実データを用いた精度評価を行った。ダミーデータを用いた評価においては、ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルで最も真の値に近い推定値が得られ、Inverse Predictionも95%CI coverageでは97%と高い値を示した。平均最大距離法はダミーデータを用いた解析では、生息密度を過小評価する可能性が高いことが明らかとなり、そのような傾向は実データを用いた解析においても一貫していた。クマ類のヘア・トラップ調査に基づく生息密度推定においても、今後はベイズ空間明示型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。

[キーワード] ツキノワグマ、標識再捕獲法、生息密度推定、行動圏、有効トラップ面積

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受け、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。

2. 研究目的

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。それにより、それぞれの手法の推定バイアスを明らかにすることを目的とした。

3. 研究方法

(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4-1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。

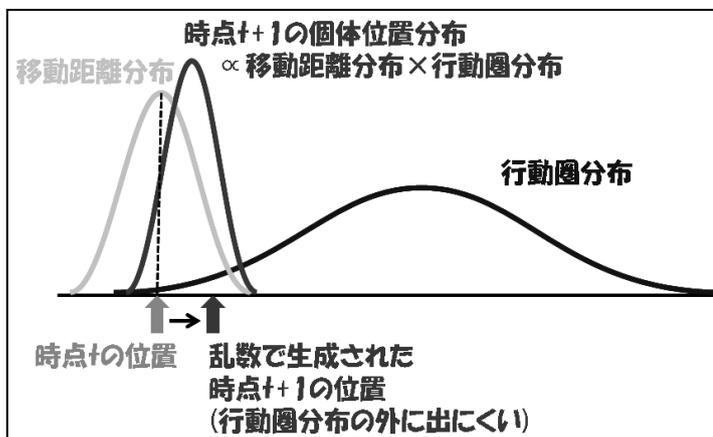


図4-1 行動圏分布と移動距離分布による行動シミュレーションの模式図

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 $p_h(s)$ ：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。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。なお、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た。

(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による個体識別を行った結果、176個体が識別された。

(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複数回を行い、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。

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\lambda} + \mathbf{B}\mathbf{x} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

$$\boldsymbol{\varepsilon} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \boldsymbol{\Sigma})$$

$\boldsymbol{\lambda}$ 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。

$$\mathbf{x} = \mathbf{B}^{-1}(\mathbf{y} - \boldsymbol{\lambda}) + \mathbf{B}^{-1}\boldsymbol{\varepsilon}$$

$$\mathbf{B}^{-1}\boldsymbol{\varepsilon} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \mathbf{B}^{-1}\boldsymbol{\Sigma}\mathbf{B}^{-T})$$

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 et al. (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。

4. 結果・考察

ダミーデータによる推定結果を図4-2、それぞれのモデルの95%CI幅、相対バイアスと95%CI coverageを表4-1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とベイズ空間明示型標識再捕獲モデルではほぼ同等の評価となった。

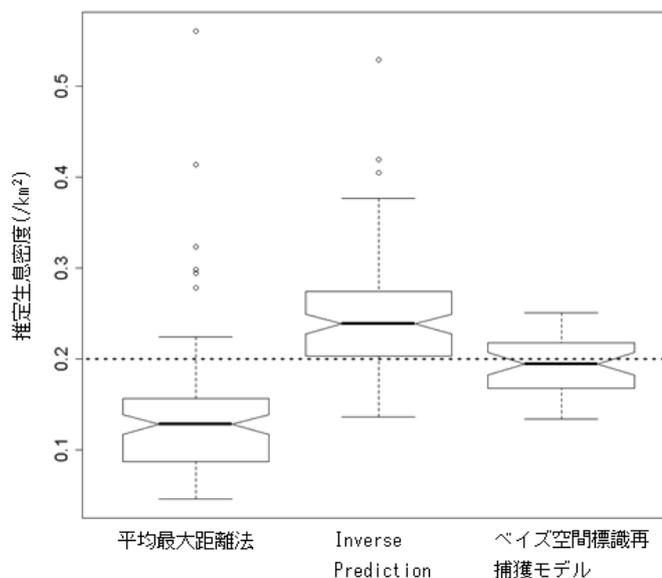


図4-2 ダミーデータによる生息密度推定モデルの推定結果。箱ひげ図は、内側から中央値、四分位点、四分位点 $\times 1.5$ の範囲の最大値を示し、 \circ はそれより外側の値を示している。破線は真の生息密度 0.2 頭/ km^2 を示す。

表4-1 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4-2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とベイズ空間明示型標識再捕獲モデルではほぼ同程度の値を示した。95%CI幅はベイズ空間明示型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4-2 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明示型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るれば、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、ベイズ空間明示型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。計算時間に制約がある場合には、Inverse Predictionは比較的良好な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、ベイズ空間明示型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。ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルはフリーの統計解析環境Rのパッケージ”SPACECAP”(<http://cran.r-project.org/web/packages/SPACECAP/index.html>)で実装されており、GUI上での操作で推定を実行することが可能である。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。

5. 本研究により得られた成果

(1) 科学的意義

標識再捕獲法に基づく生息密度推定手法はこれまでにいくつか開発されているが、手法間の推定精度の違いが結果に与える影響については十分に評価されていなかった。本研究では、真の値が既知のダミーデータと、野外において得られたデータの両面で各手法の精度比較を行うことで、ベイズ空間明示型標識再捕獲モデルが最も高い精度であることを示した。また、Inverse Predictionは計算時間の制約がある中での次善の策であることを示した。

(2) 環境政策への貢献

生息密度の情報はクマ類の保護管理政策に対して大きな影響をもつ。これまで、都道府県単位のクマ類の生息密度の推定には標識再捕獲法が主に用いられてきたが、有効トラップ面積の決め方によって生息密度推定値が計算者の主観に左右されてしまうという問題があった。本研究では、客観的に生息密度を推定するための統計手法の精度を比較することにより、今後推奨すべき推定方法を提示した。

6. 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.

7. 国際共同研究などの状況

特に記載すべき事項はない。

8. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表

<論文（査読あり）>

特に記載すべき事項はない。

<その他誌上発表（査読なし）>

特に記載すべき事項はない。

(2) 口頭発表

- 1) 深澤圭太・太田海香・松田裕之：第16回野生生物保護学会・日本哺乳類学会2010年度合同大会、自由集会F-10「クマ類の個体数を推定する：DNAマーカ個体識別の有効性と課題」（2010）
「空間明示型Capture-Recaptureモデル：個体密度はどのように計算すべきか」

(3) 出願特許

特に記載すべき事項はない

(4) シンポジウム、セミナーの開催（主催のもの）

北上山地モデル調査地の地域住民を対象に、現地説明会を2010年7月25日に開催した。

表題：「クマの毛からわかること」、場所：岩手県岩泉町町民会館、参加者：約70名。

(5) マスコミ等への公表・報道等

特に記載すべき事項はない

(6) その他

特に記載すべき事項はない

Research on Estimating Population Size of Bears in Japan

Principal Investigator: Masaaki YONEDA (myoneda@jwrc.or.jp)

Institution: Japan Wildlife Research Center (JWRC)

Cooperated by: Forestry and Forest Products Research Institute (FFPRI), Hokkaido Research Organization (HRO), Iwate University, Yamagata University, Yokohama National University, Waseda University, Research Institute for Environmental Sciences and Public Health of Iwate Prefecture, and Wildlife Management Office Inc (WMO)

[Abstract]

Key Words: Bear, Hair trap, DNA marker, Camera trap, Bayesian spatially explicit model

Careful management is necessary for both Asian black bear (*Ursus thibetanus*) and brown bear (*U. arctos*) in Japan, from view points of status of the animals as international endangered species and social demand for minimizing bear-human conflict. Population size and their trends are essential information for scientific management of the bears; however, no accurate estimation method of the bear population size with high cost performance has yet been developed. We started this study to provide suitable methods for estimating population size of the bears in landscape of Japan for local governments which take on bear management. We focus four subjects, (i) hair trapping design, (ii) DNA marker analysis from small quantities hair samples for individual identification, (iii) development of alternative and additional study methods, and (iv) population modeling and monitoring for estimating population size of the bears from the hair trapping and DNA analysis. We conducted large scale hair trapping study with 245 traps for 6 sessions in a 606 km² study area in Kitakami Mountain in 2010, and collected a total of 2,071 hair samples of the black bears from 339 trap-sessions. We also carried out hair trapping in Jouzankei area in Hokkaido for the brown bear. We demonstrated suitable six genetic markers, G10C, UarMU05, UarMU23, UamD118, UamD2, and UamD103, for individual identification of the black bear from the hair samples. Amelogenin gene was used for sex determination. A procedure for DNA re-analysis of samples which showed uncertain data and mismatch of one or two alleles was developed to reduce genotyping error and dropout. The DNA analysis of the hair samples collected in Kitakami study area identified minimum 173 individual bears. We confirmed that upper breast "moon marker" of the black bear is a good natural marking. Two types of camera traps were designed to take picture of the breast markers of the black bears in the Kitakami study area in 2010. The camera traps in the last 2 sessions recorded 132 effective movie pictures from which 10 individuals were identified. We developed three population models, (i) average maximum movement distance method, (ii) inverse prediction method, and (iii) Bayesian spatially explicit model, for estimating bear population size. The Bayesian spatially explicit model showed the most accurate estimation using dummy data for the Kitakami study area. But, the difference of the estimation between the Bayesian spatially explicit model and inverse prediction method was small under a large scale study.