2013 年 2 月 20 日　講演要旨

ヘア･トラップを用いた個体数推定方法

米田 政明（一般財団法人 自然環境研究センター）

１．これまでの生息数調査

クマの個体数を調べるため、直接観察法、標識再捕獲法、捕獲統計からの推定など、さまざまな試みがされてきました。しかし、気候条件や作業条件の制約、里地への出没状況による捕獲数の変動といった要因から、これらの方法では推定誤差の大きいことも指摘されています。

２．DNA とカメラトラップによる調査

森林に生息し残雪期を除いて観察が困難であり、従来法では個体数推定に必要な情報量を十分に得ることが難しいのがクマの生息数推定の課題です。この情報量ギャップをうめ、個体数推定のブレークスルーとして考えだされたのが DNA を使った情報入手です。もう一つが、カメラトラップを使う方法です。直接観察やワナでの捕獲は大変ですが、野外に残された体毛など容易に得られる試料から DNA を抽出し個体識別を行うことで、より正確な個体識別を行うとともに、時間・空間あたりより多くの情報を入手できます。カメラトラップでは、電子画像として多くの情報を得ることができます。

３．研究結果

環境研究総合推進費による「クマ類の個体数推定法の開発」（平成 21～23 年度）では、ヘア・トラップ法を中心に次の 4 つの課題に取り組みました。

<u>ヘア・トラップ法</u>

ヘア・トラップの課題は、体毛の採取効率を高めることと、生息数推定精度との関連で必要なトラップ設置密度や調査セッション数を明らかにすることです。周囲だけでなく内部対角線にも有刺鉄線を張る工夫で、体毛採取効率を高めることができました。ツキノワグマでは、1 基/4 km^2 の密度でトラップを設置し 4 セッション以上の調査を行えば、生息密度推定誤差は少ないことがわかりました。

<u>DNA による個体識別</u>

ヘア・トラップ法では、毛根から抽出した微量 DNA から効率的にかつ間違いなく個体識別を行うことが重要です。個体識別精度の高い遺伝子座を明らかにし、標準試料による異なった分析機関間のデーター較正を含む DNA 分析手順を定めました。北上山地における 2010 年の調査では、採取したツキノワグマの試料のうち体毛数が 10 本以上あった 765 試料の分析から 157 個体を識別しました。

<u>カメラトラップ法</u>

ヘア・トラップ法は有効な方法ですが、費用がかかること、現場で個体識別ができないことが欠点です。代替法としてカメラトラップによる個体識別法の改良を行いました。ツキノワグマの月輪紋を野外で効率的に撮影するため、クマを立たせて撮影する方法を開発しました。カメラトラップを使った北上山地における 2011 年の調査では、80 基のカメラトラップを設置し 53 頭を識別しました。

<u>個体数推定法</u>

識別個体数から、生息数（密度）を推定するため、トラップと識別個体の位置情報に基づく「ベイズ空間明示型モデル」を開発しました。このモデルはトラップを等間隔で設置しなくても適用可能で、また従来の個体数推定よりも精度が高いことを確認しました。北上山地における 2010 年のヘア・トラップ法調査では、ツキノワグマの生息密度は 0.4 頭/km^2（95% CI: 0.33-0.49）との推定結果を得ました。

（カメラトラップマニュアルで R パッケージの"SPACECAP"による生息密度推定法を紹介しています）

http://www.bear-project.org/pdf/Tebiki/Camera_trap_manual(rev).pdf

４．成果の普及

本研究で開発した調査方法をまとめた手引きを都道府県に提供し、ウェブサイトでも方法を紹介しています（http://www.bear-project.org/）。本研究を通じて開発した手法を使って、より正確な個体数推定が行われ、その結果に基づきよりより科学的なクマ類の保護管理が行われることを期待します。

ヘア・トラップを用いたクマ類の個体数定方法

環境研究総合推進費研究成果の紹介

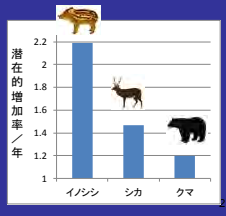
クマ類の個体数推定法の開発に関する研究
（平成21-23年度）

米田 政明
（一財）自然環境研究センター

なぜクマの個体数推定が重要か？

伝統的狩猟対象、ただし、他の狩猟獣に比べ
- 個体群成長率が低い
- 捕獲数が相対的に少ない
- 西日本は絶滅のおそれのある地域個体群指定

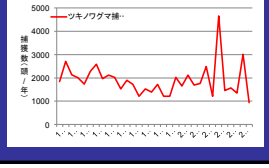
春グマ捕獲（あるくみるきく、1987.3）



なぜクマの個体数推定が重要か？（続き）

- 農林業被害・人身被害の増加
- 大量出没-大量捕獲（2006年、2010年）
- 地域的絶滅のおそれ

生息数推定に基づく、科学的・計画的保護管理へ

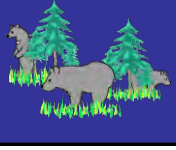


測ることができれなければ管理できない

野生動物保護管理でも同じ

クマの個体数をどのように~~測るか？~~

都道府県でも測れるようにするか？



測る：データーの種類と入手方法の課題

＜行政データー＞
- 捕獲数、出没情報、被害情報、堅果類結実予測
  - 個体群動向予測に必要な、繁殖、死亡率データーがない

＜研究（生態）データー＞
- ラジオトラッキングによる生息地利用調査
  - 多くのデーターを入手できるが対象個体少ない
- 食性分析
  - 個体数推定には結びつかない

クマ類の個体数推定のためのデーター
- 情報密度が低い（← 生息密度が低い）

クマ類の生息数をどのように測るか？いくつかの生息数推定法

調査法	内容
1. 捕獲数アプローチ	捕獲－出生数均衡仮説に基づく生息数推定／捕獲数データ統計的解析
2. 直接観察法	1）区画内追い出し法、2）定点観察法、3）航空機センサス
3. 痕跡調査法	1）足跡個体識別法、2）相対的密度指標
4. 標識・再捕獲法	標識個体の再捕獲、ラジオトラッキング（行動圏、生息地利用）を兼ねた調査
5. カメラトラップ法	個体識別による個体数推定
6. ヘアートラップ法	1999年北米で実用化、日本では2001年に岩手県で開始

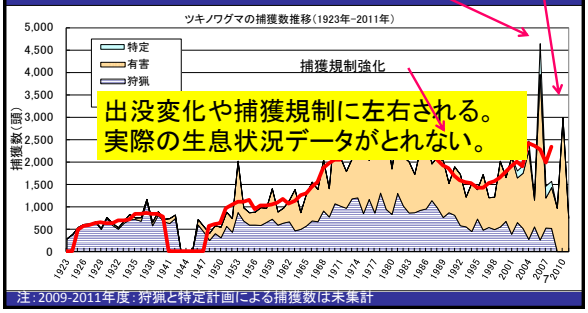
1～4：従来法、5～6：手法開発・改良

従来法(1)

捕獲数に基づく個体数推定

2010年度、有害・特定のみで2996頭

2006年度:4656頭＝過去最高



注:2009-2011年度:狩猟と特定計画による捕獲数は未集計

従来法(2)

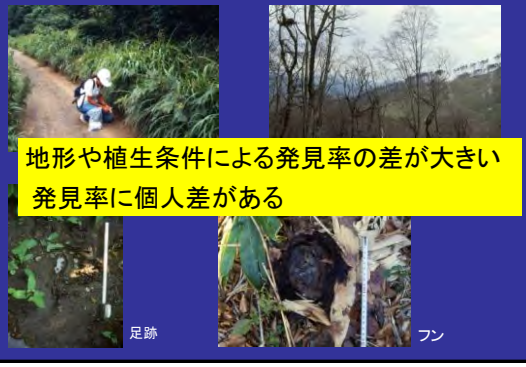
直接観察法(春季)

従来法(3)

標識再捕獲法(バレルトラップ法)

従来法(4)

痕跡調査法



クマの個体数推定法研究のミッション・目標

- 目的(環境政策への貢献)　地方公共団体等で実施可能なクマ類の個体数推定法の開発
- 技術開発目標
  - (1) ヘア・トラップ-DNA標識による個体数推定法開発
  - (2) 費用対効果の高い代替法:補完法開発

従来法には、作業量-精度に課題がある

研究課題:4つのサブテーマ設定

11

研究課題:4つのサブテーマ

1. ヘア・トラップ法の確立:
   - 標準法確立(構造、配置、設置密度、調査セッション数、調査時期)
2. DNA分析法の確立:
   - 微量試料からのDNA個体識別・標準分析法確立(手法、精度管理、分析効率向上)
3. 補完法・代替法の開発:
   - 生体標識法(カメラトラップ)と食痕DNA個体識別法開発
4. 個体群モデルの確立
   - 空間明示モデルによる個体数推定・モニタリング手法開発

12

研究体制（H23）

ヘアトラップ班	米田 政明（（一財）自然環境研究センター） 常田 邦彦（（一財）自然環境研究センター） 間野　勉（（地独）北海道研究機構） 佐藤 喜和、日本大学生物資源科学部
DNA班	玉手 英利（山形大学理学部） 釣賀 一二三（（地独）北海道研究機構） 近藤 麻実（（地独）北海道研究機構） 山内 貴義（岩手県環境保健研究センター） 湯浅　卓（（株）野生動物保護管理事務所
代替法・補完法班	三浦 慎悟（早稲田大学人間科学部） 青井 俊樹（岩手大学農学部）
モデル班	松田 裕之（横浜国立大学） 堀野 眞一（（独）森林総合研究所）
ポスドク・院生フェロー	鵜野 レイナ、東出 大志
アドバイザー	大井 徹、梶 光一、山村 光司

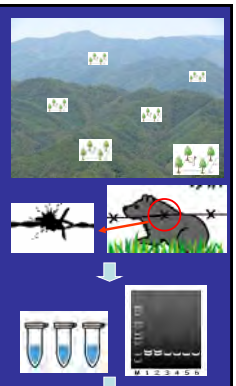
13

（1）ヘア・トラップ班の課題

ヘア・トラップ（HT）法：手順

1. 有刺鉄線トラップ設置、体毛回収
2. 毛根の微量DNA分析-個体識別
3. 統計処理：個体別捕獲歴から個体数推定

➢ 従来の国内HT調査は手法がまちまち。推定精度、調査効率を高めるため、各手順の見直し・標準化が必要



$N = \Sigma, \quad \sqrt{}$

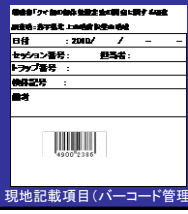
14

ヘアトラップの設置は簡単。課題は、体毛採取効率、設置数、設置密度、設置時期

撮影：鵜野・玉手

15

方法：試料（体毛）採取・記録

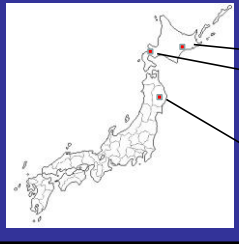


DNA分析

現地記載項目（バーコード管理）

ヘア・トラップ班：調査研究概要（2009-2011年）

- 2009年：調査手法のレビューとモデル調査地予備調査
- 2010年：大規模HT調査（ツキノワグマ）、HT試料採取率の季節性調査（ヒグマ）
- 2011年：HT法の検証（ツキノワグマ）、背こすりHT調査（ヒグマ）



調査地

浦幌地域（ヒグマ）

定山渓地域（ヒグマ）

主要調査地

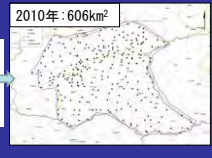
北上山地モデル調査地（ツキノワグマ）

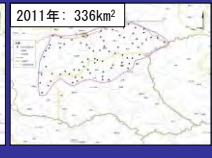
17

ヘア・トラップ班：大規模調査結果

大量の試料採取、DNA班分析に供与、モデル班による個体数推定法開発に提供した（ツキノワグマ北上調査地）

トラップ配置



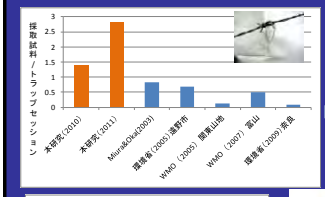


トラップ設置と試料採取成績

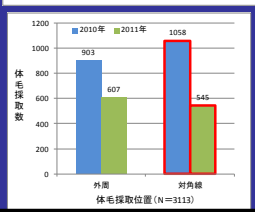
調査年	トラップ数（T）	セッション数（S）	のべTS	採取試料数	採取試料トラップ数
2010	245	6	1470	2,071	339
2011	80	5	400	1,120	130

18

ヘア・トラップ班：トラップ構造開発と試料採取成果



- 本研究による試料採取率は、先行研究に比べて良い成績。
- 内部対角ありトラップにより、試料採取効率を高めることができた。

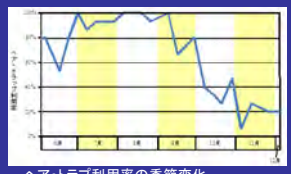


19

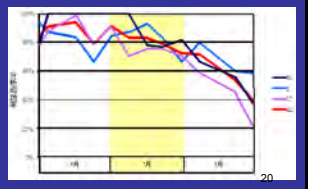
ヘア・トラップ班：調査時期と試料採取成果

方法：岩手大学御明神演習林、トラップ数15、23セッション調査（2010年4-12月）

結果：採取率、DNA分析成功率とも6-8月の成績がよかった



ヘア・トラプ利用率の季節変化

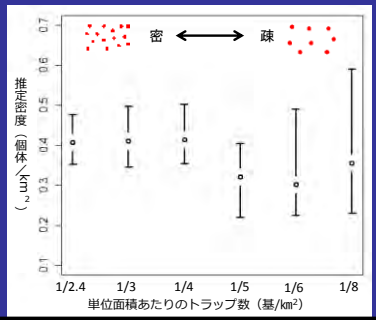


体毛種別DNA分析成功率の季節変化

20

トラップ設置密度と推定精度の関連分析（シミュレーション）

トラップ密度、＞0.25基/km²までは、推定密度の幅の変動は少なかった（0.2基/km²より低い密度では誤差大）



ヘア・トラップ班：ヒグマのヘア・トラップ開発

- ヒグマでは、魚類など動物性のものが誘引物と有効なことを確かめた。
- 体毛試料回収に明確な季節差は認められなかった。
- 背こすり行動を利用したヘア・トラップで体毛試料採取が可能なことを確認した。

22

ヘア・トラップ（HT）法研究：まとめ

1. 日本の自然環境に適したHT法開発
   - HT構造、トラップ設置密度、調査時期などに関する標準法を提示（ツキノワグマ）
   - 背こすりトラップの有効性確認（ヒグマ）
2. 大面積HTによる高精度生息数推定法の開発
   - H22に大面積HT実施、大量の体毛試料をDNA班に提供、空間明示モデルによる生息数推定のためのデータとした

23

（2）DNA班の課題

ヘア・トラップ法では体毛微量DNAによる高精度の個体識別が必要

ツキノワグマでは、効果的な遺伝子マーカの検討、複数機関の分析結果の照合、エラーチェック法が不十分だった

- 遺伝マーカ、DNA分析プロトコルの確立、大量試料の分析と精度管理方法の開発

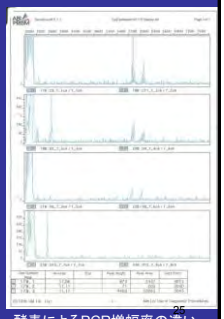
24

DNA班：標準プロトコル開発と精度管理

分析材料：ヘア・トラップ班が採取した約3,000試料（ツキノワグマ）および有害駆除捕獲試料

- 遺伝マーカ：51種類の遺伝子検索から、Pidの低い6遺伝子を特定した
- 分析プロトコル：3遺伝子座を1セット（＋性判別1セット）とするマルチプレックスPCRの最適条件を求めた
- 標準試料：標準試料による複数機関間のデータ較正を行った

Pid：分析対象の2個体が同一の遺伝子型を持つ確率



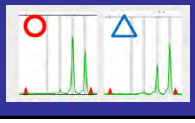
酵素によるPCR増幅率の違い

25

DNA分析班：データ（Genotype）確定の流れ

微量DNAに基づく遺伝子型（個体識別）判別エラーを最小化するための手順を定めた。

1. マイクロサテライト分析データの読み方：波形は基本形に従う（参照波形データ作成）
2. Only one フィルター：Only one個体のうち、4～6ホモ個体は不確実データとして削除する。



26

効果的なDNA分析法研究：まとめ

1. HT法におけるDNA分析プロトコルの確立
   - エラーチェックを入れた改良プロトコル法を確立した
2. データの精度管理とデータ解析環境の開発
   - 標準サンプルを用いた精度管理及び大量データのマッチング手法を開発した

27

（3）代替法・補完法班の課題

ヘア・トラップ法は高精度だが、作業量・経費がかかる

↓

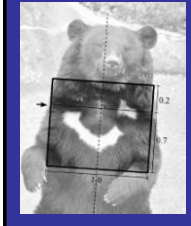
簡便な代替法・補完法として、カメラトラプ（CT）法がある

↓

➢ CT法における個体識別部位の確認、撮影方法、個体数推定法を開発する

28

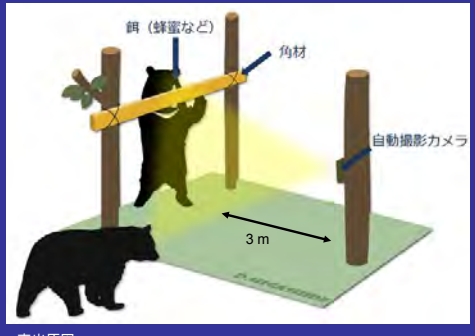
カメラトラップ法



- 普遍性、唯一性の観点から胸部斑紋が生体標識として有効であることを確認した（ツキノグマ）
- 生体標識の効率的な撮影方法を開発した（調査地はHT法と同じく、北上山地）
- 食跡DNAによる個体識別法をレビューした

29

カメラトラップ法：効果的な胸部斑紋の撮影法開発



東出原図

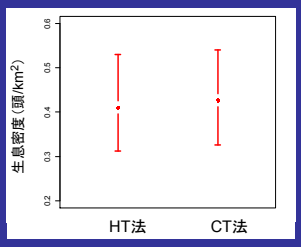
30

2011年CT撮影例（北上調査地）

31

HT法とCT法の空間明示モデルによる推定精度比較

- 累積識別数は、ヘアトラップ法に比べ少なかった
- しかし、空間明示モデルによる生息密度推定ではほぼ同じ密度と推定された



2011年：CT法による個体識別結果（北上山地：336km²）

トラップ数（T）	セッション数（S）	有効トラップTS	撮影トラップ数	総識別個体数	累積新規識別個体数
80	5	330	94（28%）	96頭	53頭

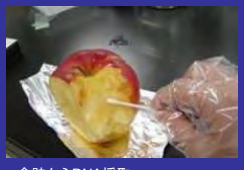
32

食痕DNAによる加害個体識別（レビュー）

- 方法：農作物被害地で食跡採取、DNA分析（遠野市、N=143）
- 結果：食跡からのDNA分析成功率＝48%、最少識別個体数＝48頭、加害個体性比＝5.0（オス：メス）

➡ 食痕DNA分析マニュアルを作成した

トウモロコシ被害



食跡からDNA採取

33

補完法・代替法の開発：まとめ

1. カメラトラップ（CT）画像識別精度向上
   - CT法による、有効な識別部位を確定し、個体識別法と撮影法を開発した
2. 生活痕跡密度調査法等とHT法の対応の確立
   - 食跡DNA分析による加害個体数推定のレビューを行った

34

補足：クマ類のDNA分析から得られる情報

- 種判別
- 個体識別
- 性判別
- 親子鑑定
- 個体群の遺伝的特性（遺伝子フロー、系統）
- 遺伝的多様性

DNAの採取試料（生体、体毛、フン、食跡）

35

（4）モデル班の課題

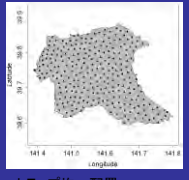
従来モデル：トラップ等間隔配置、どのトラップでもサンプル採取率一定と仮定した、標識-再捕獲法による個体数推定

↓

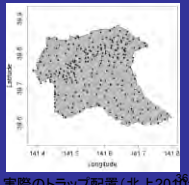
トラップ均一配置困難、クマの行動圏中心ではHT法によるサンプル採取率が高く、周辺では低い

↓

➢ 不均一なトラップ配置に適用できる空間明示モデルの開発（捕獲位置と再捕獲による密度推定）



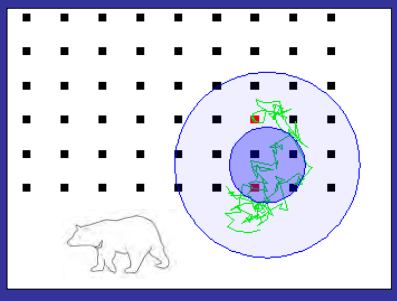
トラップ均一配置



実際のトラップ配置（北上2010年）

36

空間明示モデル：考え方



同心円の行動圏仮定とランダムウォーク（緑線）。
■ はトラップ位置（ここでは等間隔配置として図示）

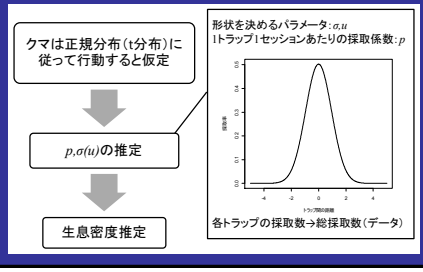
37

空間明示モデル：密度推定方法

ベイズ空間明示標識再捕獲モデル：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ル、生息密度推定を同時に推定する

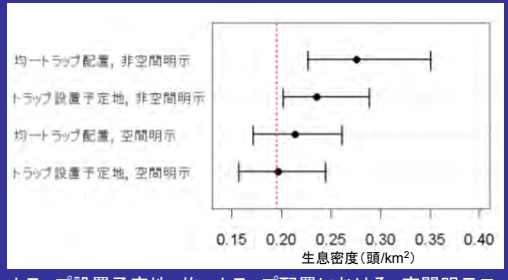
$$p = p_0 \times \exp(-(r/\sigma)^2)$$

p: 捕獲確率、r：行動圏中心からの距離、σ：変曲点までの距離



38

モデル班：空間明示と非空間明示の精度比較



トラップ設置予定地、均一トラップ配置における、空間明示モデルと空間非明示モデルの生息密度推定値。黒点は事後分布中央値、エラーバーは95%信用区間を示す。赤破線は真の個体密度(0.195/km²)を示す

39

モデル班：生息密度推定結果

北上山地モデル調査地におけるツキノワグマ生息密度推定結果（2010年）は、従来報告より高くなった

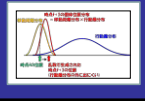
北上山地におけるツキノワグマ生息密度・生息数推定比較

	生息密度（頭/km²）	95% CI（頭/km²）	北上山地生息数（頭）*
岩手県（2007）	0.196	0.157-0.236	1,018～1,535
本研究（2010年）	0.403	0.329-0.493	2,133～3,197

* 北上山地の生息域面積約6,500km²（岩手県2007）。全域が同じ生息密度と仮定した場合の総推定生息数

個体群モデルによる生息数推定法のまとめ

1. 生息数推定の精度比較による生息数推定法の確度管理
   - 既存方法との比較から、空間明示モデルの精度が高いことを明らかにした。
2. HT法による個体数推定法の改良
   - 空間明示モデルによる個体数推定法を開発した。
3. 個体群パラメータ及び捕獲数動向による個体群モデル構築
   - HT法とCT法のトラップ数などのパラメータと個体数推定確度の関連を明らかにした。



41

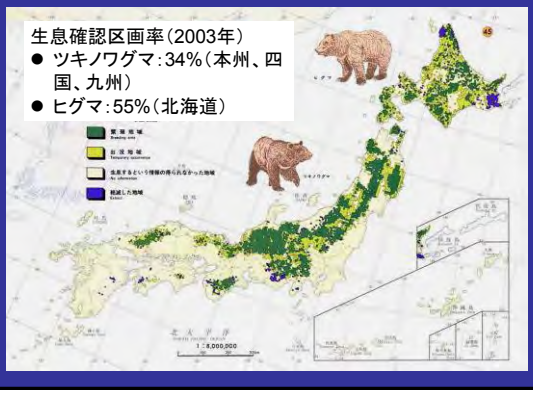
研究成果の普及

1. ターゲット：
   - 地方自治体（都道府県）の鳥獣行政担当部局（狩猟獣としてのクマの保護管理とモニタリング・生息数調査）
2. 対象都道府県数：
   - クマ類を対象とした特定鳥獣保護管理計画策定府県（20府県）、その他の府県（14都道府県）
3. 方法：
   （1）調査マニュアルの配布（統合版）
   （2）ウェブサイトからの情報発信
   （3）生息数推定法（計算方法）と推定値の考慮事項提示

42

クマ類の全国分布

生息確認区画率（2003年）
- ツキノワグマ：34%（本州、四国、九州）
- ヒグマ：55%（北海道）



43

クマ類：特定鳥獣保護管理計画策定府県

特定計画：20府県作成

任意計画・出没指針：12都道府県作成

生息数推定に基づく、科学的・計画的管理へ

44

調査マニュアル作成：統合版

- 統合版マニュアル（印刷版）と個別マニュアル（電子版：webでのみ提供）の2種類作成
- 統合版マニュアルの構成（16ページ）
  1. クマ類一般知識と生息数
  2. これまでの個体数推定法
  3. ヘア・トラップ（HT）法
  4. DNA分析
  5. カメラトラップ（CT）法
  6. 個体数推定法
  7. 現地調査の安全管理と住民説明
- 個別マニュアル（電子版のみ）
  1. 安全管理　2. HT法
  3. DNA分析　4. CT法
  5. 食跡DNA分析　6. 個体数推定法

45

調査マニュアル作成：個別

安全管理

HT法マニュアル

CT法マニュアル

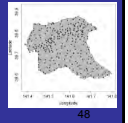
46

ウェブサイト提供情報例：DNA分析と精度管理

http://www.bear-project.org/

ヘアトラップ法のまとめ（全体）（1/3）

- HT法の標準手法提示（構造、設置密度、時期）
- DNA分析プロトコルと、エラー最小化手順提示
- 代替法としてのCT法の実用化
- 空間明示モデル開発



48

ヘアトラップ法のまとめ（全体）（2/3）

生息数・密度推定に成果をどのように利用するか

- 本研究で開発した手法に基づき適切な調査設計を行えば、HT法、CT法のどちらを採用してもよい
- ただし、HT法は、CT法に比べ個体数識別能がよいため特定個体群の精密調査に適している【要検討】
- 初期のCT購入費を除くと、コストはHT法＞CT法
- HT法の採用では、DNA判別エラー最小化を行う
- 空間明示モデル適用では専門家助言を受ける

49

ヘアトラップ法のまとめ（全体）（3/3）

クマ類保護管理と生息数推定

- 従来の推定生息数は、多くの県で過小推定の可能性大
- 従って、捕獲数上限（生息数の12%（＋3%：里山特別枠）；ツキノワグマ）も過小設定の可能性
- 大量出没、大量捕獲にともなう、捕獲数設定への不信感

↓

- 捕獲数上限割合（捕獲数/生息数）の見直しでなく、本研究成果を踏まえた、生息数見直しが重要

50

HT法とCT法比較（経費・精度）

HTは経費が高いが個体識別精度もCTに比べやや高い。ただし、空間明示モデルを使えば推定密度の差は少ない

- 識別個体数精度とデータ採取率はHT≧CT
- 経費もHT＞CT

トラップ100基あたりの経費（千円）と識別個体比較

	資材費	人件費	DNA分析費	直接経費計	データ採取率/TS	累積識別個体数
HT法	350	3,250	1,500	5,100	0.37	55
CT法	625	3,250	―	3,857	0.30	47

- CT法：自動撮影カメラ（25,000円/台）は、3年間使用可能とする
- 人件費：25,000/人日として計算、5セッション実施
- DNA分析：平均2試料採取/TS、体毛数>10本の試料のみ（全試料の1/3＝500TSで333試料仮定）分析（4,500円/試料）
- データ採取トラップ/トラップセッションと、累積識別個体数は、2011年北上調査結果より第2～第5セッションのみで比較

今後の課題（1/2）：クマ類の保護管理提案

（1）個体数推定法（本研究から）

1. HT法/CT法による全県/地域個体群レベルの生息数推定（サンプリング調査地結果の広域拡大）
2. 費用対効果の高いDNA分析のための採集体毛の二次サンプリング方法（sub-sampling）（個体識別精度の高い良質な試料のみ分析する）
3. CT法における画像解析による個体識別の効率化/高精度化
4. 空間明示モデル適用による個体数推定におけるアドバイザー体制の構築

52

今後の課題（2/2）：クマ類の保護管理提案

（2）クマ類個体群管理

1. 都道府県/地域個体群における定期的な個体数モニタリング体制の構築
2. モニタリング経費の確保
3. 推定個体数に基づく捕獲数管理の実施（人材確保）

（3）モニタリングサイト1000

1. 自然環境の長期的変化の観測を目的とした「モニ1000」にクマ類（キーとなる種）観測を加える

（森林・草原のモニタリングサイトとして全国に48サイト。植生、毎木調査、陸生鳥類調査が行われている）

53

測ることができなければ管理できない

↓

測る＋適切な計画・体制をつくることができれば管理できる

ご清聴ありがとうございます

URL　http://www.bear-project.org/

54