

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21-23年度)

研究代表者: 米田 政明

(財)自然環境研究センター

クマ類は狩猟獣の中でも生物的・社会的に特異な種 — 保護管理と被害対策 —

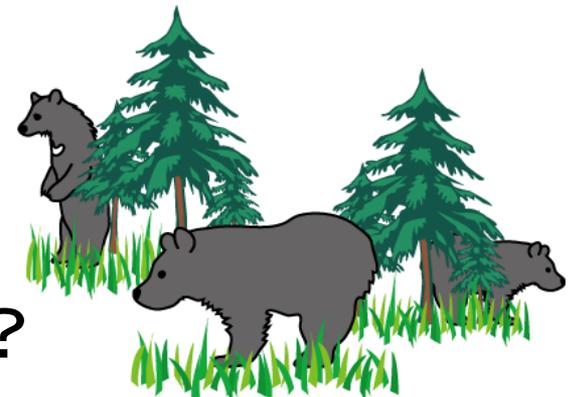
- 全国20府県がクマ類を対象とした特定鳥獣保護管理計画策定(2012年2月末現在)
 - 捕獲数上限設定
- クマ類では8地域個体群を「絶滅のおそれのある地域個体群」に指定(環境省レッドリスト)
 - 地域個体群のステータス評価



個体数推定・評価が不可欠



クマの個体数をどのように測るか？



研究概要

ビジョン:クマ類の科学的・計画的な保護管理の推進

ミッション:日本のランドスケープに適した、地方自治体で実施可能な、クマ類の個体数推定及びモニタリングのための標準法開発

4つのサブテーマ

1. ヘア・トラップ法による個体数推定法の確立
2. 個体数推定に関わるDNA分析法の確立
3. 補完法・代替法の開発
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

研究体制(H23):13名、10機関 + 1PD + 1院生フェロー

ヘアトラップ班

米田 政明((財)自然環境研究センター)
常田 邦彦((財)自然環境研究センター)
間野 勉((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((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)
近藤 麻実((独)北海道研究機構;H23から)

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

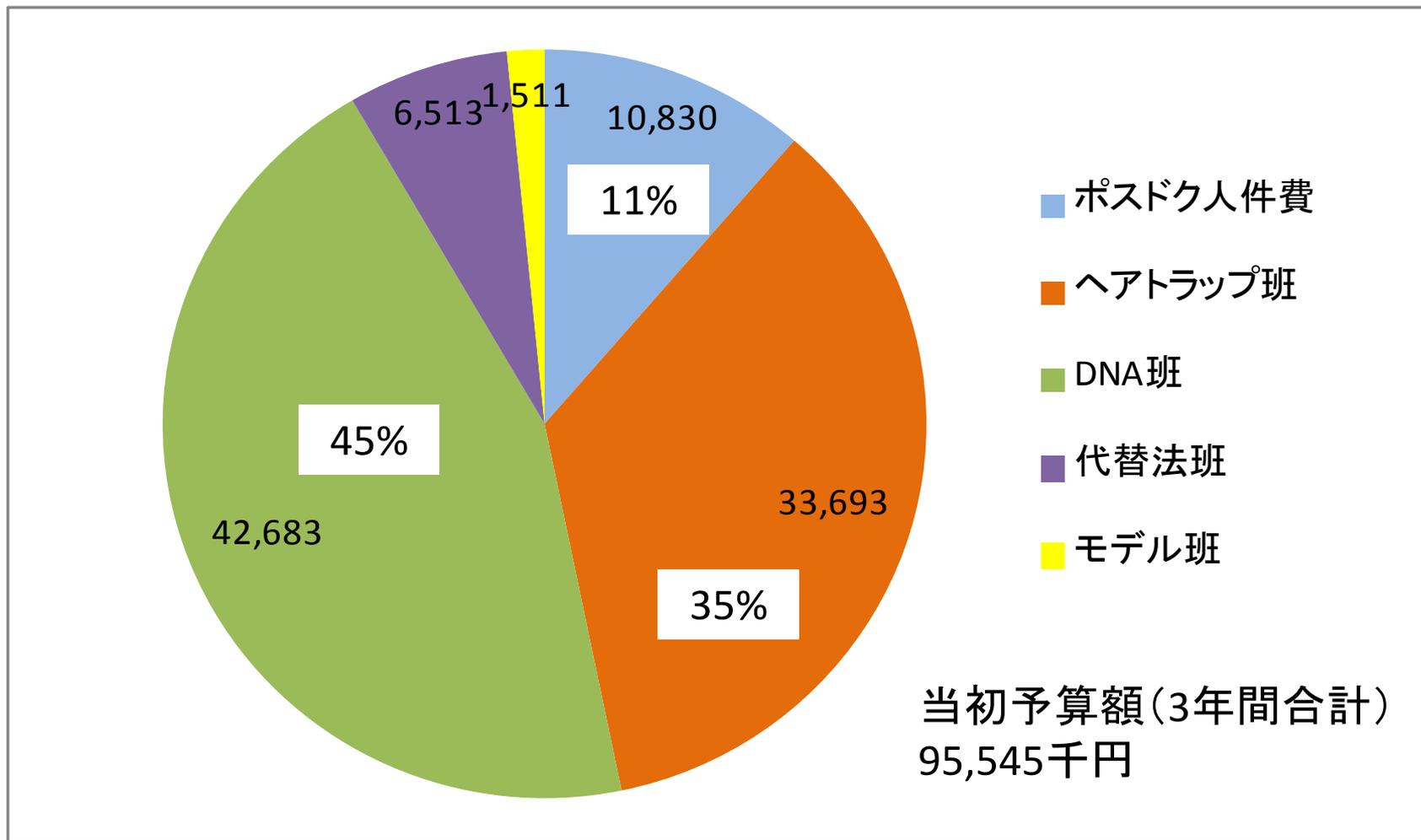
研究協力者

深澤 圭太、諸澤 崇裕、太田 海香

アドバイザー

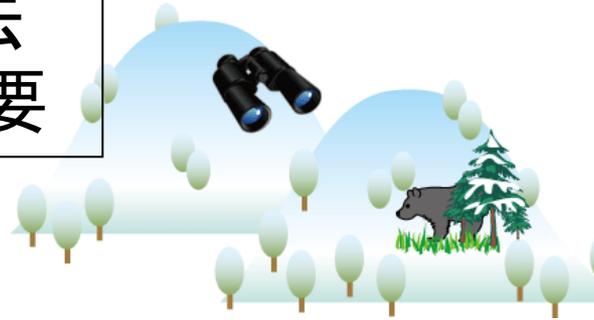
大井 徹、梶 光一、山村 光司

サブテーマ別予算額(H21-23合計)



クマ類の個体数推定：研究開始時点の課題

直接観察法・標識再捕獲法
に代わる高精度手法が必要



遺伝的標識
法＝ヘア・ト
ラップ法

効果的なトラップ設置は？
微量DNAを効率的に分析
しエラーをどう減らすか？



代替法＝カメ
ラトラップ法

生体標識、撮影をどのよう
に行うか？

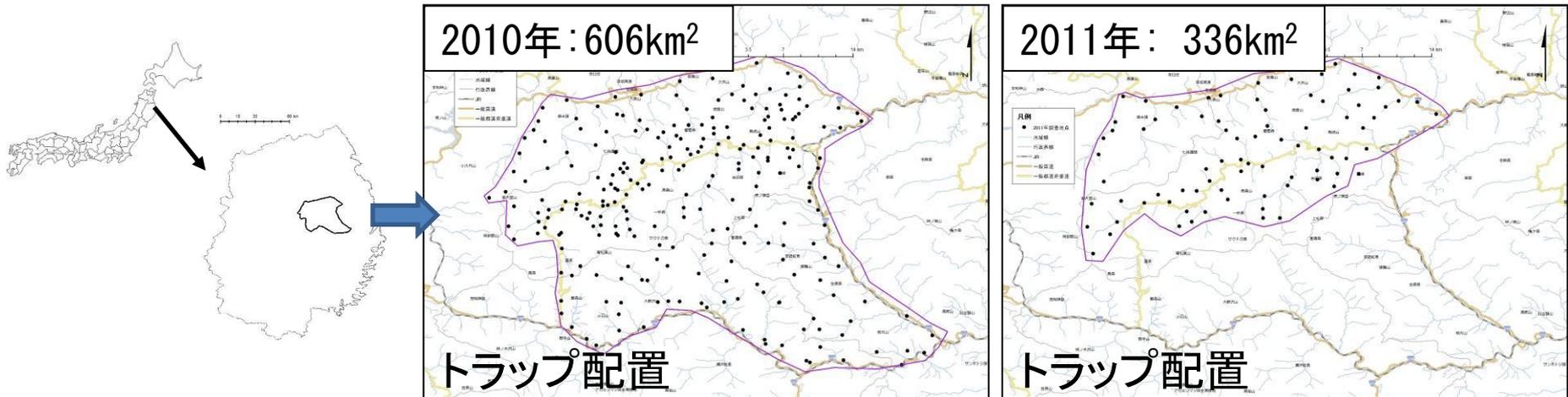


個体数推定
法の改良

等間隔トラップ配置でない
場合の個体数推定は？

サブテーマ1 (ヘア・トラップ班) : 大規模調査結果

大量の試料(約3,000)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)

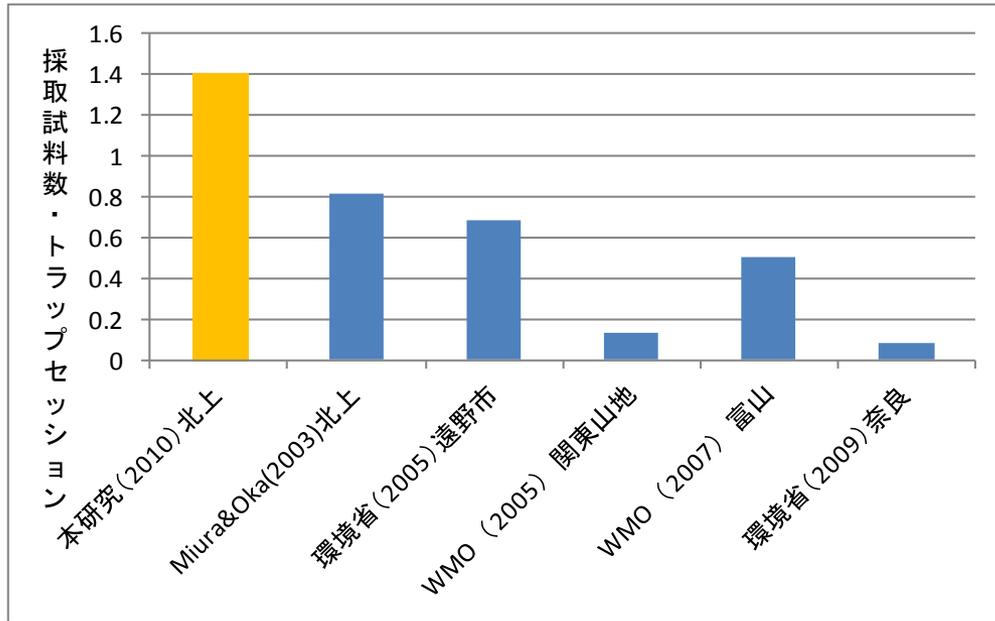


トラップ設置と試料採取成績

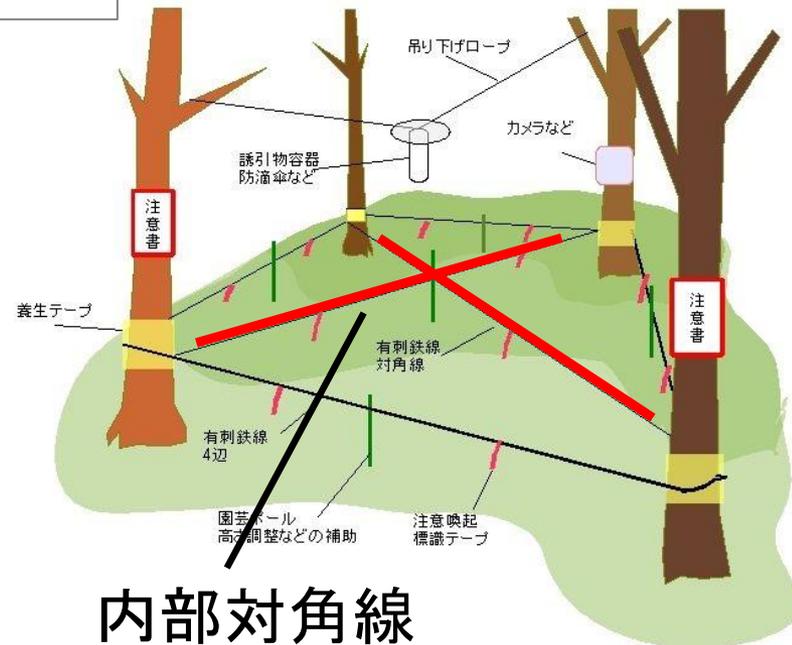
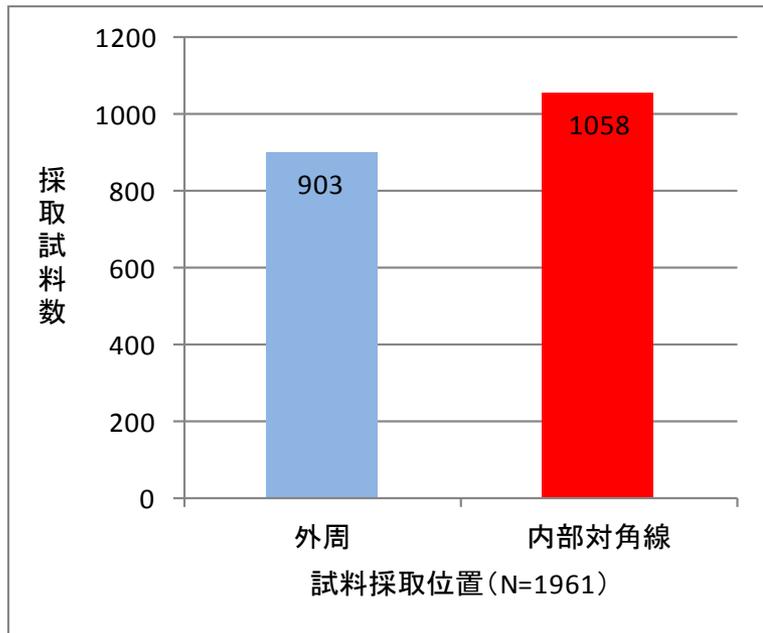
調査年	トラップ数(T)	セッション数(S)	のべTS	採取試料数	採取試料トラップ数
2010	245	6	1470	2,071	339
2011*	80	5	400	1,120	130

* 2011年は調査手法検証のためカメラトラップ法と並行して実施

ヘア・トラップ班:トラップ構造開発と試料採取成果



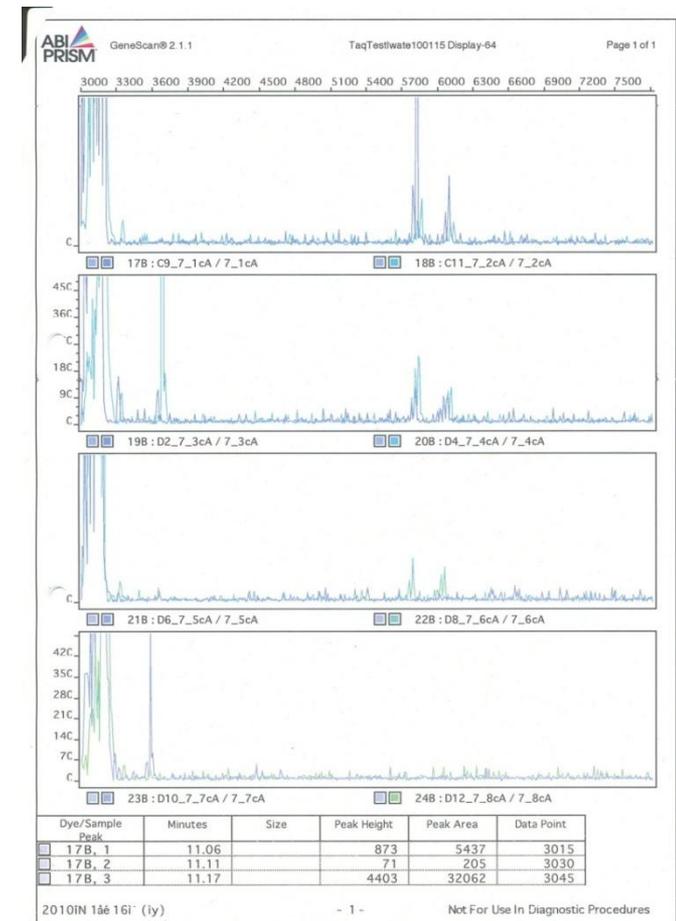
- 本研究による試料採取率は、先行研究に比べて良い成績。
- 内部対角ありトラップにより、試料採取効率を高めることができた。



サブテーマ2 (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

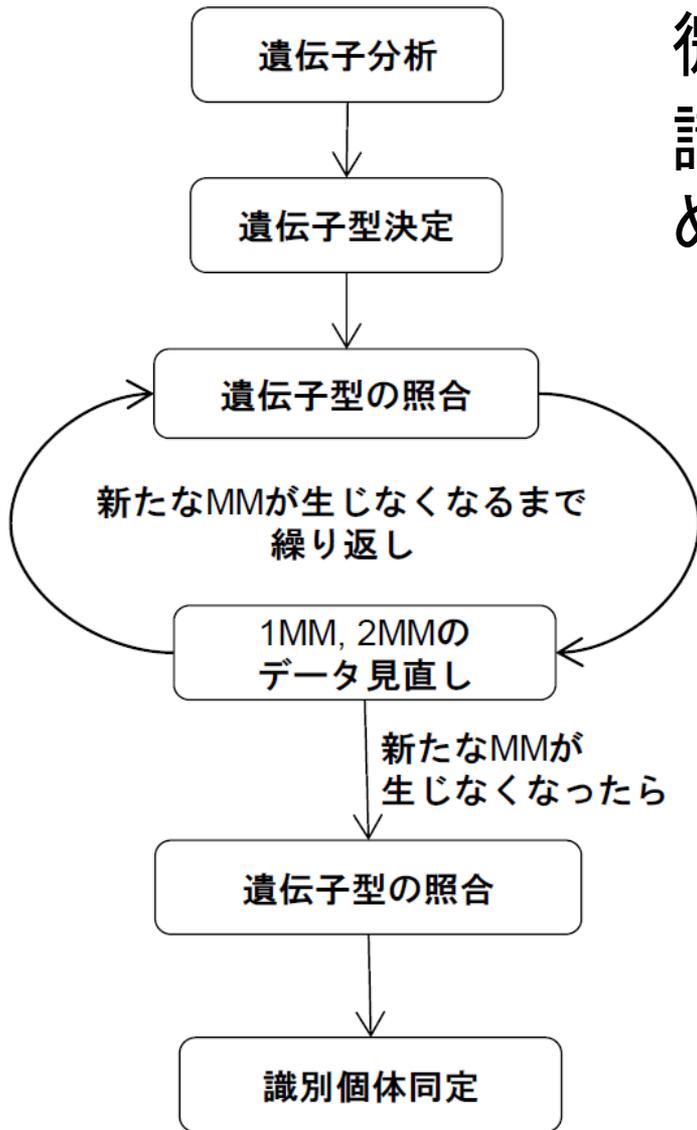
- 遺伝マーカ(マイクロサテライト): 51種類の遺伝子検索から、Pid(遺伝子型同一確率)の低い6遺伝子を特定した
- 分析プロトコル: 3遺伝子座を1セット(+性判別1セット)とするマルチプレックスPCRの最適条件等を求めた
- 標準試料: 標準試料による複数機関間のデータ較正を行った



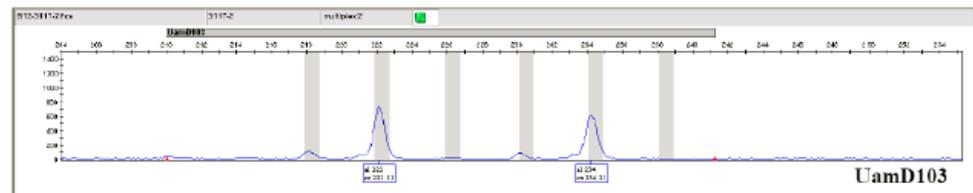
酵素によるPCR増幅率の違い

DNA分析班: 遺伝子型 (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. 基本波形 (リファレンス) との照合で遺伝子型を判別する
2. 分析した全遺伝子座のうち1 対立遺伝子のみ不一致 (1MM) および2 MM 対立遺伝子のみ不一致についてデータの見直しを行う

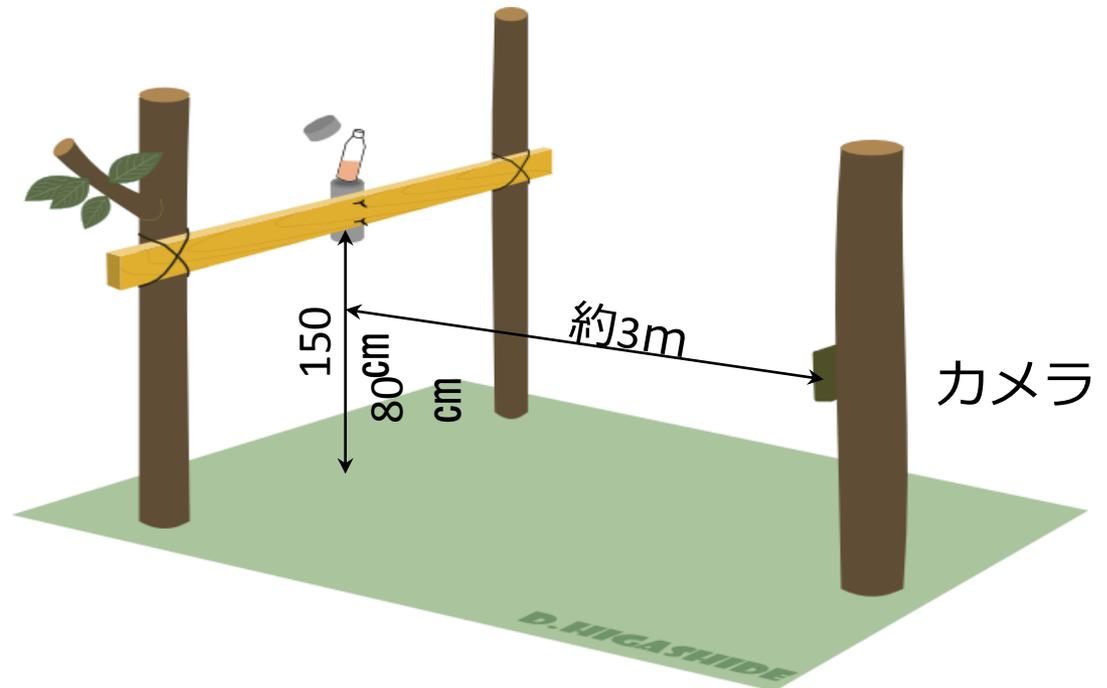
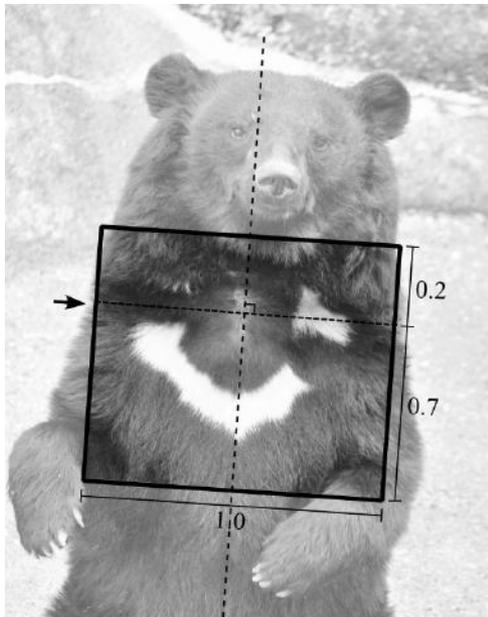


識別個体同定方法フローチャート

遺伝子分析ピークパターン例 (リファレンス)

サブテーマ3(代替法・補完法班):カメラトラップ法開発

- 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(ツキノワグマ)
- 生体標識の効率的な撮影方法を開発した(調査地はヘア・トラップ法と同じ北上山地)





2011年カメラトラップ撮影例(北上調査地)

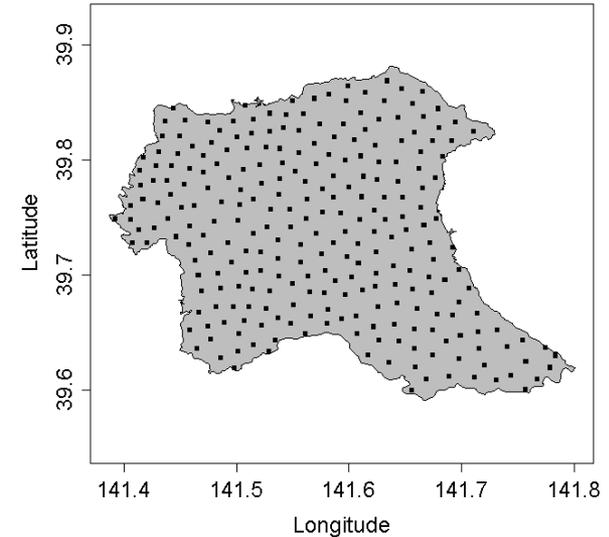
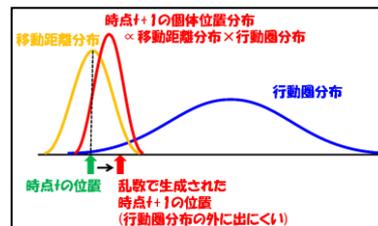
サブテーマ4(個体群モデル班):空間明示モデル開発

- 不均一なトラップ配置に適用できる空間明示モデルによる生息密度推定法を開発した
- ヘア・トラップ法とカメラトラップ法の調査結果に適用した

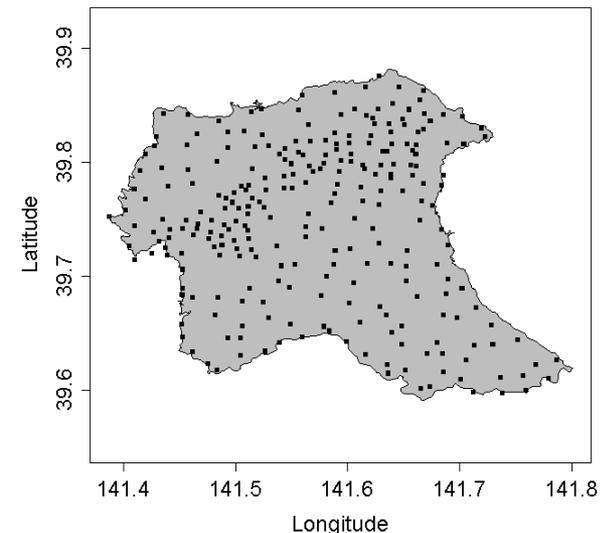
空間明示モデル:クマの行動圏中心からの距離によりトラップごとの捕獲確率が決まると仮定

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

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



トラップ均一配置



実際のトラップ配置(北上2010年)

モデルの精度比較

- 空間明示モデルは非空間明示モデルに比べ、高精度

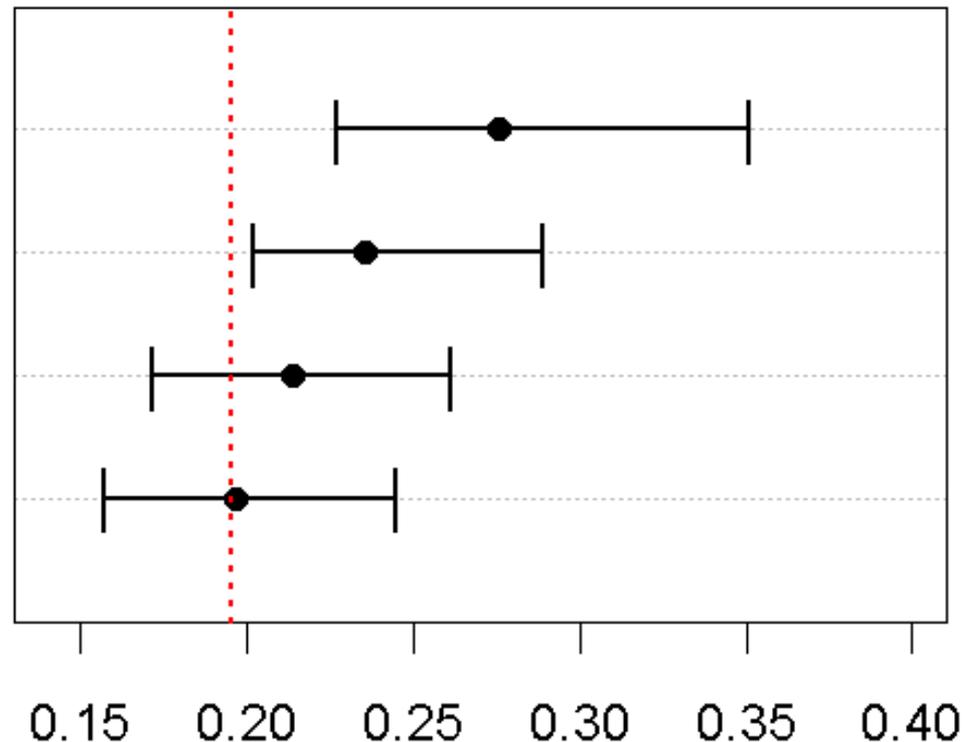
ダミーデータによるシミュレーション結果

均一トラップ配置, 非空間明示

トラップ設置予定地, 非空間明示

均一トラップ配置, 空間明示

トラップ設置予定地, 空間明示



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

ヘア・トラップ班・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

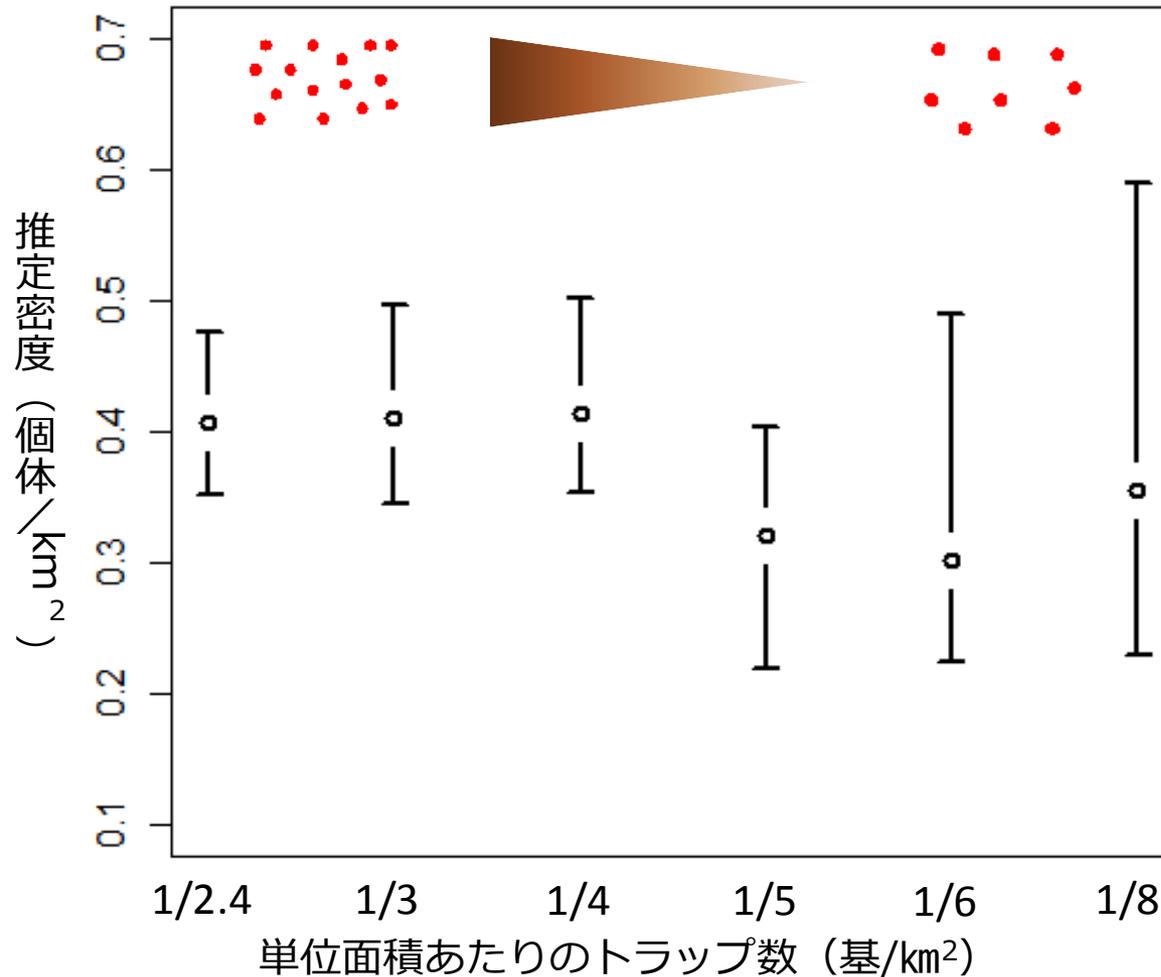
	生息密度 (頭/km ²)	95% CI	北上山地生息 数(頭)*	推定幅 (頭)
岩手県 (2007)	0.196	0.157-0.236	1,267	1,018～ 1,535
本研究 (2010年)	0.436	0.359-0.518	2,828 **	2,328～ 3,360

* 北上山地の生息域面積: 1,018区画 × 600ha/区画 = 6,486 km² (岩手県2007)

** モデル調査地生息密度を生息域面積全体に単純拡大した推定数

モデル版:トラップ設置密度と推定精度の関連分析

トラップ密度 > 0.25 基/ km^2 (1基/ 4km^2) までは、
推定密度の幅の変動は少なかった

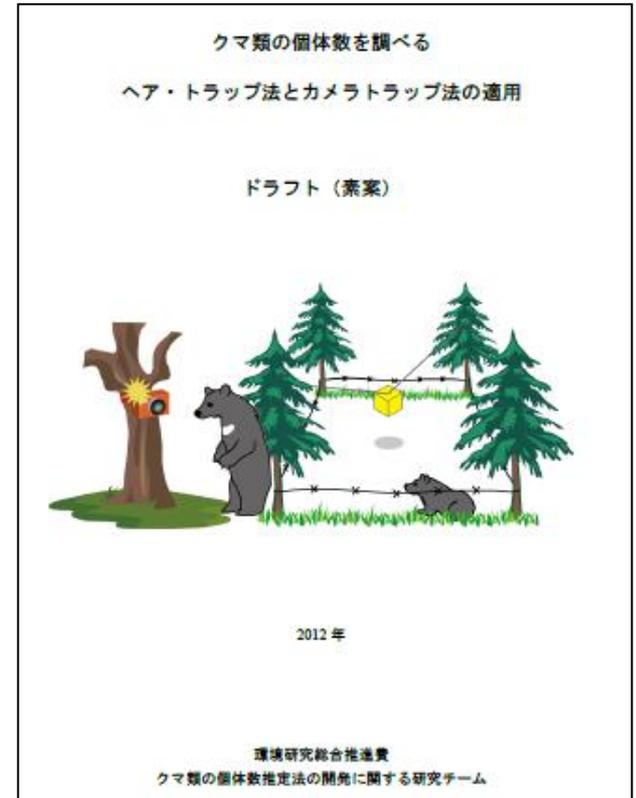
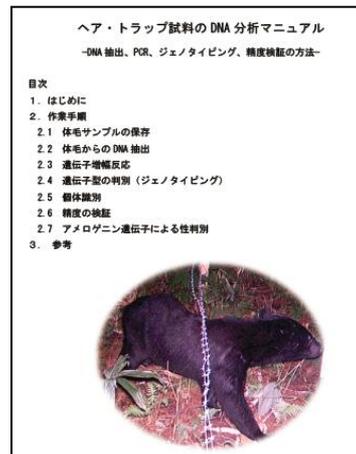


調査マニュアルの作成

■ 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

■ 個別マニュアル(電子版のみ)

1. 安全管理
2. ヘアトラップ法
3. DNA分析
4. カメラトラップ法
5. 食跡DNA分析



ウェブサイト提供情報例：DNA分析と精度管理



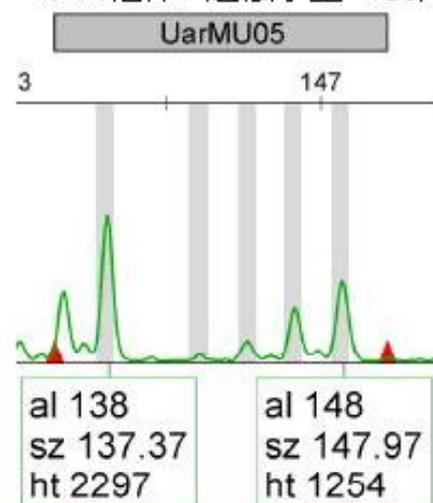
クマ類の個体数推定法の開発に関する研究

表2 多型性が高いマーカーを組み合わせたマルチプレックスPCRセットおよび遺伝子型判別用参考図

遺伝子座	対立遺伝子サイズ	アニーリング温度	マルチプレックスセット	遺伝子型判別用ピークパターン参考図
G10C	110-122	55°C	A	画像
UarMU05	143-153	55°C	A	画像
UarMU23	114-130	55°C	A	画像
UamD118	182-199	55°C	B	画像
UamD2	210-226	55°C	B	画像
UamD103	210-238	55°C	B	画像
G1A	199-227	65°C	C	
G10B	147-165	65°C	C	
MSUT-1	175-179	58°C	C	
G10M	199-209	54°C	D	
G10X	186-202	54°C	D	
UT35	198-218	64°C	D	

- トップページ
- 研究概要・会議録
- 調査手引き
- 報告書・論文
- DNA分析 
- 現地調査
- リンク・関連資料
- アーカイブ
- Contact
- 研究チーム資料

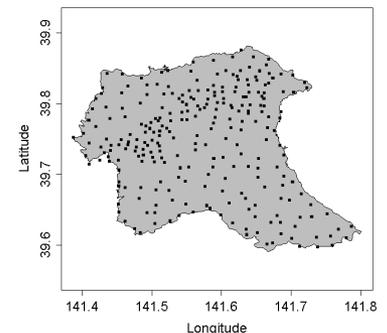
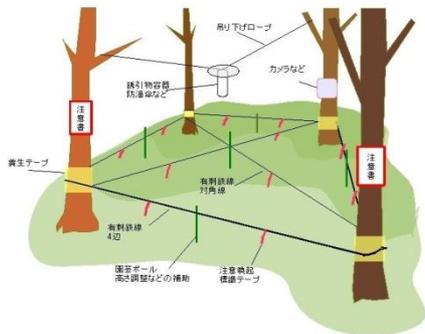
ヘテロ個体：遺伝子型 138/148



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

成果のまとめ(全体)

- ヘア・トラップ(HT)法の標準手法提示(構造、設置密度、時期、試料採取方法)
 - DNA分析プロトコルと、エラー最小化手順提示
 - 代替法としてのカメラトラップ(CT)法の実用化
 - 密度推定のための空間明示モデル開発
 - 調査マニュアル編集(ウェブサイトで提供)
- ➡ 個体数を測る精度を高めた(科学的保護管理)



ご静聴ありがとうございます。これまでの
支援に感謝いたします

研究代表者連絡先：米田政明
myoneda@jwrc.or.jp

プロジェクトのURL
<http://www.bear-project.org/>