

平成 20 年度 自然環境保全基礎調査
種の多様性調査（宮城県） 報告書

平成 21(2009)年 3 月

環境省自然環境局 生物多様性センター

はじめに

環境省自然環境局生物多様性センターは、全国的な観点からわが国における自然環境の現況及び改変状況を把握し、自然環境保全の施策を推進するための基礎資料を整備することを目的とし、「自然環境保全基礎調査」を実施している。調査範囲は陸域、陸水域、海域を含む国土全体を対象としている。

「自然環境保全基礎調査」は、環境庁（当時）が昭和 48（1973）年より自然環境保全法に基づき行っているものであり、今回で 7 回を数える。一方、近年の生物多様性の重要性に対する認識の高まりにあわせ、平成 6 年(1994)年度より「生物多様性調査」が新たな枠組みとして開始された。

本調査は、「生物多様性調査」の一環である「種の多様性調査」という位置づけで実施され、国内の生物多様性保全施策の基礎となる資料を得ることを目的とし、環境省からの委託を受け、宮城県が実施したものである。

本報告書は平成 20(2008)年度に行われた「種の多様性調査（宮城県）」についての調査結果をとりまとめたものである。なお、本報告書において、環境省レッドデータブックに記載のある種の詳細なデータについては非公開とした。

環境省自然環境局生物多様性センター

要 約

近年、ツキノワグマの人里への出没増加による農林業への被害、人間との遭遇による事故等が社会問題となっており、保護管理施策を講じる必要性が高まっている。保護管理施策を講じるにあたって、個体数管理・個体数情報が重要となるが、科学的知見に基づく生息個体数は把握されていない。そこで本業務は、適切な保護管理施策を講じるために、宮城県内のツキノワグマ生息個体数の推定を目的に実施した。具体的には、ヘアートラップ調査、遺伝子解析、痕跡調査を実施し、これらの調査結果を受けて推定個体数を試算した。

ヘアートラップ調査では、主にハチミツを誘因餌とした 2 段構造のヘアートラップを 30 地点に設置した(2km メッシュを 1 区画とし、10 区画に配置)。9 月下旬から 11 月下旬までの約 8 週間設置し、週に 1 回の割合で見回りを行った。その結果、167 の体毛サンプルを採取した。次に、採取した体毛サンプルを試料として遺伝子解析を行った。体毛から DNA を抽出し、MultiPlex PCR を行い、その PCR 産物からフラグメントサイズを読み取った。その結果、23 個体のツキノワグマが識別された。痕跡調査は、ヘアートラップ調査を実施した 10 区画と痕跡調査のみの 40 区画、合計 50 区画で実施し、全部で 34 の痕跡を確認した。

以上の結果を受け、個体数を推定した。まず、識別個体数及び痕跡数の関係性を把握した。次に、各痕跡調査区画の痕跡数は、識別個体数と痕跡数の関係を反映していると仮定してモンテカルロシミュレーションを行い、痕跡調査を実施した 50 区画分の個体数を算出した。また、宮城県内のツキノワグマ生息域を文献や出没情報等から抽出した後、50 区画分の個体数をツキノワグマ生息域に拡張することにより個体数を推定した。宮城県内の東北自動車道以西の森林環境をツキノワグマ生息域とした場合、推定個体数は 1,173～1,729(中央値:1,436)と試算された。また、同様のツキノワグマ生息域について、ヘアートラップ調査の 10 月データのみを抽出して個体数を推定した結果、401～896(中央値:633)と試算された。更に、同一区画内でヘアートラップ調査の複数セッション(見回り回)で重複して確認された個体のみを抽出して個体数を推定した結果、417～988(中央値:695)と試算された。

SUMMARY

In recent years, increased encroachment of the Japanese black bear (*Ursus thibetanus*) into areas of human habitation has become a social problem, with damage being caused to the farming industry and accidents occurring as a result of encounters with humans. Hence, there is a pressing need for discussion of suitable measures for conservation and management. Population management and population numbers are vital when planning conservation and management measures; however, no estimate of population size of the Japanese black bear on the basis of scientific knowledge has been conducted to date. Hence, the aim of this research was to estimate the population size of the Japanese black bear in Miyagi prefecture in order to facilitate planning of appropriate measures for conservation and management. Population size was estimated on the basis of results obtained using bear hair traps, gene analysis and investigation of bear traces.

In the hair trap study, 2-level hair traps containing a honey lure were set at 30 locations (a 2-km mesh was defined as 1 section; traps were set in 10 sections). The traps were set over the period of approximately 8 weeks beginning late September and ending late November; patrols were conducted once a week. As a result, 167 hair samples were obtained. The samples were then used as material for genetic analysis. DNA extracted from the hair samples was subjected to MultiPlex PCR, and fragment size was determined from the PCR products. As a result, 23 Japanese black bears were identified. In the bear trace study, 34 traces were found in the 50 sections in which investigation was conducted, namely, the 10 sections in which the hair trap study was conducted and the 40 sections in which only the trace study was conducted.

Population size was estimated on the basis of the above results. Firstly, the relationship between population size and number of traces was determined. Secondly, assuming the number of traces found in the sections in which trace studies were carried out to be reflective of the relationship between population size and number of traces, a Monte Carlo simulation was conducted, and population size in the 50 sections in which the trace studies were carried out was calculated. In addition, after determining the habitat range of the Japanese black bear in Miyagi prefecture on the basis of the literature, sightings and other data, the population in this area was estimated by expanding the population size estimated for the 50-section area. When taking the forest area west of the Tohoku Expressway in Miyazaki prefecture to be the habitat range of the Japanese black bear, the population size was estimated to be between 1,173 and 1,729 (median: 1,436). Furthermore, a figure of between 401 and 896 (median: 633) was obtained when estimating population size on the basis of the hair trap study data for October only. Moreover, a figure of between 417 and 988 (median: 695) was obtained when estimating population size using only hair trap study data taken in cases where individual bears were confirmed repeatedly in the same section during different sampling patrols.

目 次

1. 目的と実施内容	1
(1) 目的	1
(2) 実施項目	1
(3) 実施期間	1
(4) 実施体制	2
(5) 実施フロー	3
2. 調査内容	4
(1) テレメトリー調査	4
① 調査目的	4
② テレメトリー調査の位置づけ	4
③ 調査方法	5
④ 調査結果	6
(2) ヘアートラップ調査	7
① 調査目的	7
② ヘアートラップ調査の位置づけ	7
③ 調査方法	8
④ 調査結果	20
(3) 遺伝子解析	25
① 解析目的	25
② 遺伝子解析の位置づけ	25
③ 解析方法	26
④ 解析結果	29

(4) 痕跡調査	35
① 調査目的	35
② 痕跡調査の位置づけ	35
③ 調査方法	36
④ 調査結果	38
(5) 個体数の推定	40
① 個体数推定目的	40
② 個体数推定までの流れ	40
③ 個体数推定方法	41
④ 個体数推定結果	57
(6) 検討会の開催	70
① 検討会開催目的	70
② 検討委員	70
③ 検討会実施日時及び場所	70
④ 協議内容	71
3. 考察	75
(1) ヘアートラップ調査	75
① 体毛採取状況	75
② トラップの誘因餌の違いによる体毛採取数の比較	75
③ トラップの構造の違いによる体毛採取数の比較	76
(2) 遺伝子解析	77
① 遺伝子解析成功率	77
② 遺伝的変異の地理的分布	78
③ 遺伝的多様性	79

(3) 痕跡調査	79
① 痕跡調査方法について	79
(4) 生息個体数の推定	80
① パターン A による推定個体数	80
② パターン B による推定個体数	80
③ パターン C による推定個体数	81
4. まとめ	82
5. 引用文献	84

【資料編】

・ 資料-I：テレメトリー調査 解析結果と考察	資-1
・ 資料-II：ヘアートラップ設置に関する森林管理署への許可申請資料	資-8
・ 資料-III：各体毛サンプルのフラグメントサイズ	資-15
・ 資料-IV：モンテカルロシミュレーションの R 及びエクセルでのプログラム	資-19
・ 資料-V①：第 1 回検討会配布資料	資-21
・ 資料-V②：第 2 回検討会配布資料	資-31
・ 資料-VI：学識経験者 聞き取り記録簿	資-39
・ 資料-VII：写真票	資-51

1. 目的と実施内容

(1) 目的

近年、シカやイノシシ、ツキノワグマ等一部の哺乳類の人里への出没増加、分布拡大等による農林業や生態系等への被害が社会問題となっている。これらの哺乳類について科学的知見に基づく適切な保護管理施策を講じるため、生息状況及び個体群動態を迅速かつ的確に把握することが求められている。

一方、これまで「種の多様性調査」として我が国に生息する哺乳類の分布調査を実施してきたが、特定種の生息密度及び個体数推定など個体数管理等の施策実施に必要とされるデータを収集するためには、こうした従来の分布調査のみでは不十分である。このことから、本委託業務は、宮城県内におけるツキノワグマを対象とした生息情報の収集、生息密度・個体数推定のための情報収集を目的に調査を実施した。なお、個体数等の情報は、今後の保護管理施策に反映することを念頭に収集した。

(2) 実施項目

本業務の検討項目は、以下に示すとおりである。

- ◆ テレメトリー調査
- ◆ ヘアートラップ調査
- ◆ 遺伝子解析及び遺伝子情報のデータベース化
- ◆ 痕跡調査
- ◆ 宮城県内のツキノワグマの個体数推定
- ◆ ツキノワグマ生息状況検討会の実施

(3) 実施期間

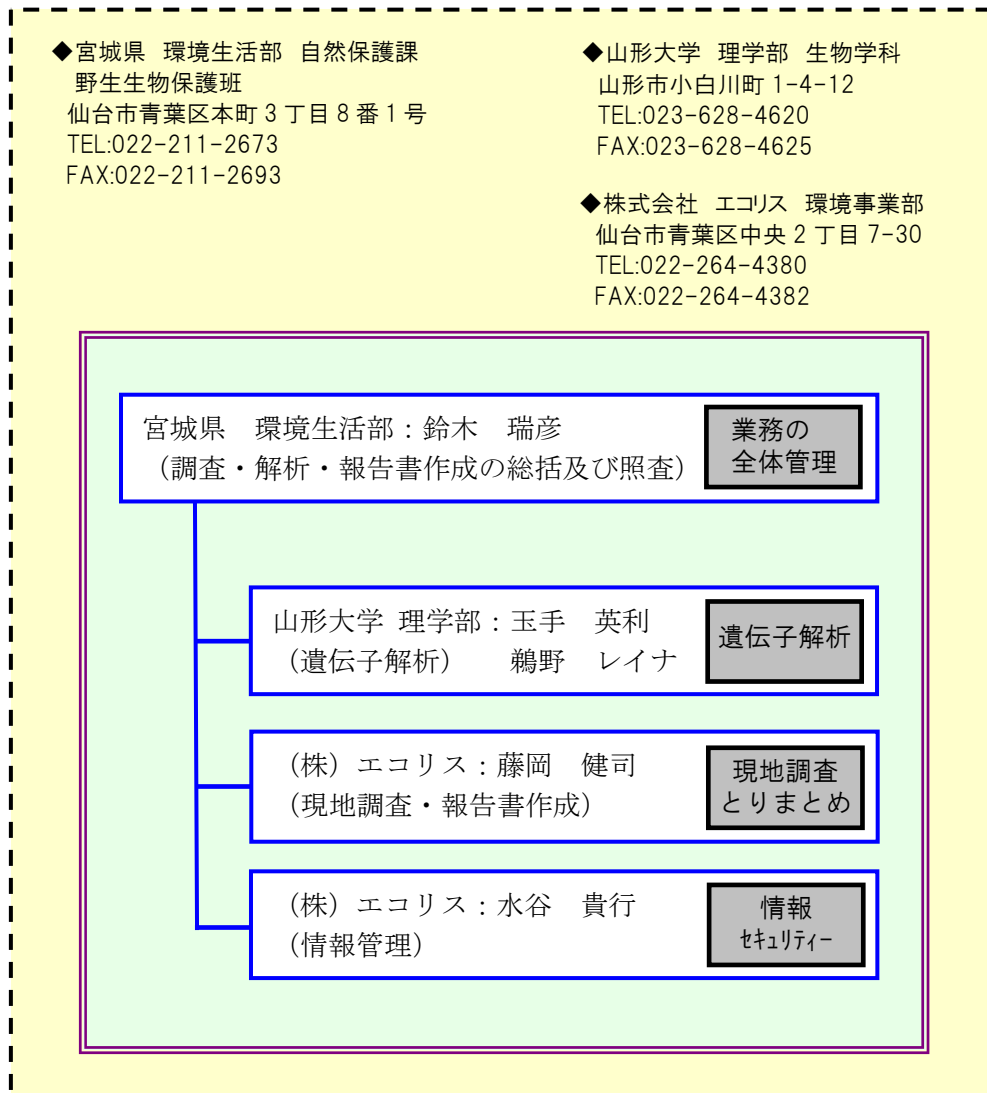
本業務は、平成 20 年 8 月 29 日から平成 21 年 2 月 27 の期間で実施した。業務実施工程は表 1.1-1 に示す。

表 1.1-1 業務実施工程

項目	業務期間								
	平成20年					平成21年			
	8月	9月	10月	11月	12月	1月	2月	3月	
計画準備									
ツキノワグマ生息状況調査									
テレメトリー調査									
ヘアートラップ調査									
遺伝子解析									
痕跡調査									
生息数の推定									
検討会の実施									
報告書の作成									
打合せ協議									

(4) 実施体制

本業務は、以下に示すとおり、宮城県 環境生活部 自然保護課の管理・指導のもと、山形大学 理学部 生物学科で遺伝子解析を、株式会社 エコリスで現地調査及び報告書作成、並びに情報管理を実施した。本業務は、以下の担当者、実施体制で進めた。



(5) 実施フロー

本業務の実施フローは、図 1.1-1 に示すとおりである。

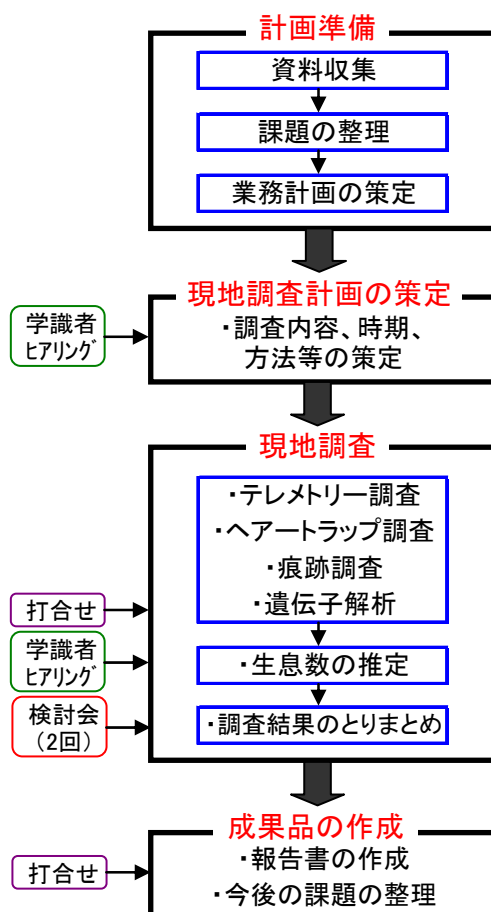


図 1.1-1 業務の実施フロー

2. 調査内容

(1) テレメトリー調査

① 調査目的

テレメトリー調査の目的は、以下に示すとおりである。

- ✚ 学習放獣の効果の把握
 - ・特に、平成 19 年度の放獣個体を対象に、2 年目も学習放獣の効果は継続しているのか？を把握する。
- ✚ 生息(利用)環境の把握
 - ・ツキノワグマはどのような環境を利用するのか？

② テレメトリー調査の位置づけ

「学習放獣の効果の把握」及び「生息(利用)環境の把握」までの流れとテレメトリー調査の位置づけを図 2.1-1 に示す。

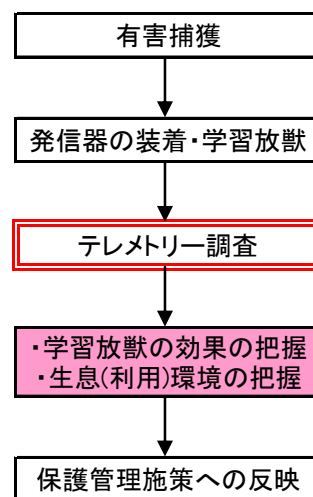


図 2.1-1 テレメトリー調査の位置づけ

③ 調査方法

1) 電波発信機の装着等

仙台市及びその近郊において有害捕獲を実施した(図 2.1-2)。捕獲された際は、個体の状況(雌雄・各部位計測値(体重・体長・推定年齢等)・捕獲地点等)を記録するとともにサンプル(血液・体毛等)を採取する。

捕獲個体は、当該市町村等地元関係者の合意を得た上で、イヤータグ及び電波発信機(電池寿命 2～3 年程度;図 2.1-3)を装着し、学習放獣(唐辛子スプレーの噴射)する。



図 2.1-2 捕獲用の罠



図 2.1-3 電波発信機(ATS 製)

2) テレメトリー調査

「1) 電波発信機の装着等」で学習放獣する 1 個体及び宮城県(2008a)において、平成 19 年度に学習放獣した個体(以後、「A 個体」とする)を対象に、テレメトリー調査を実施し(図 2.1-4 及び図 2.1-5)、行動範囲を把握した上で学習放獣の効果を検証する。テレメトリー調査の位置確認の度数は 30(回/個体)程度とした。なお、今年度放獣する個体については、放獣直後は移動距離が大きく、確認位置を失する可能性が高いため、最初の 10 日間は毎日、位置を特定することとした。



図 2.1-4 追跡用ホイップアンテナ



図 2.1-5 追跡用八木アンテナ

3) 解析方法

ツキノワグマの生息(利用)環境の把握を目的に、テレメトリー調査で得られた確認位置情報と「植生」及び「標高」、「住宅地からの距離」の重ね合わせをし、これら3つのパラメーターそれぞれについて、高頻度で利用されている環境要素を把握した。

植生は「第5回自然環境保全基礎調査-植生調査-(環境庁, 1999)」、標高は「国土地理院 基盤地図情報(<http://www.gsi.go.jp/kiban/index.html>)」のGISデータを使用した。また、住宅地からの距離は、植生図で示されている「市街地」と確認位置との距離をGISで算出した。なお、解析にはArc View(Ver. 9/ESRI 社製)を使用した。

4) 調査期日

表 2.1-1 に示す期間で捕獲を試みた。また、表 2.1-1 に示す期日にテレメトリー調査を実施し、位置情報の収集に努めた。

表 2.1-1 捕獲期間及びテレメトリー調査実施日・体制

調査内容	調査実施日	
捕獲	平成20年9月19日～10月2日	
テレメトリー調査 (平成20年)	9月	29～30日(1)
	10月	14日(1)
	11月	1日(3), 2日(1), 3日(2), 4～5日(1), 10～11日(1), 17～20日(1), 26日(1), 28日(1)
	12月	3～5日(1), 15～16日(2), 17～19日(1)

()内の数値は調査人員数を示す

④ 調査結果

表 2.1-1 に示す期間に捕獲を試みたが、捕獲されなかった。また、平成19年度に放獣したA個体を対象に、表 2.1-1 に示す期日にテレメトリー調査を実施したが、位置情報は得られなかった。したがって、学習放獣の効果は把握することができなかった。

生息(利用)環境の把握については、今年度に新たな個体が捕獲されなかったこと、また、今年度のA個体の位置情報が得られなかったことから、平成19年度のA個体の確認位置情報を用いて、生息(利用)環境解析を行った。生息(利用)環境の解析結果及び考察については、A個体の個体情報や確認位置情報はいずれも宮城県(2008a)で既に整理されていること、また、解析の基となる情報(テレメトリーによる確認位置情報)が本業務とは異なる業務(宮城県, 2008a)で得られていることから、本篇で整理せず、資料編の資料-Iに示すこととした。

(2) ヘアートラップ調査

① 調査目的

ヘアートラップ調査の目的は、以下に示すとおりである。

- ✚ 個体数推定に資するデータの収集
 - ・ (5) 個体数の推定 に示す個体数推定法に用いるデータの収集
(体毛による個体識別のためのサンプル収集)
- ✚ 効率的なヘアートラップ設置方法の検討
 - ・ ヘアートラップの誘因餌及び構造の違いによる、体毛サンプル採取数の比較

② ヘアートラップ調査の位置づけ

「個体数の推定」及び「効率的なヘアートラップ設置方法の検討」までの流れとヘアートラップ調査の位置づけを図 2.2-1 に示す。

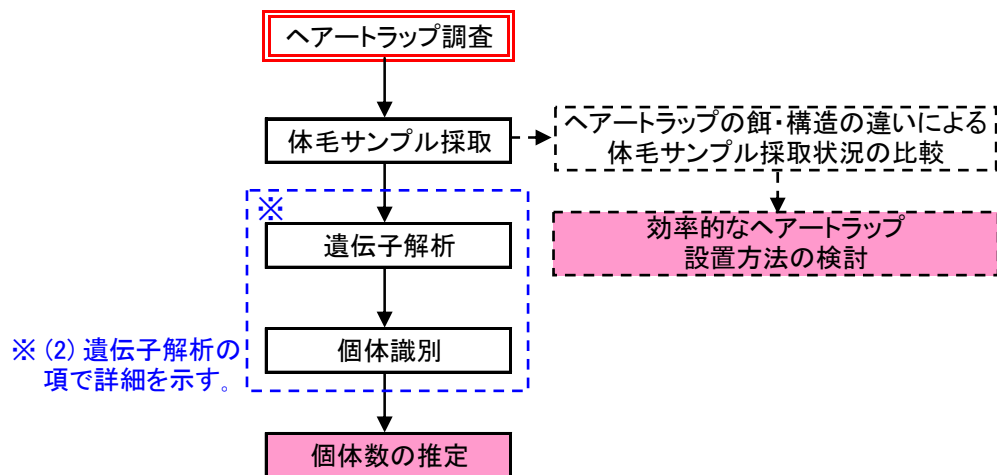


図 2.2-1 ヘアートラップ調査の位置づけ

③ 調査方法

1) 体毛サンプルの採取

I. ヘアトラップの基本構造

ヘアトラップの構造を図 2.2-2 に示す。環境省(2007a)を参考に 3～5m×3～5m の方形区を有刺鉄線で設定した。有刺鉄線は 2 段構造とし、下段は高さ 30～50cm、上段は 50～70cm に設定した。誘引餌(図 2.2-3)はツキノワグマが有刺鉄線をまたぐように、方形区の中央部に配置した。ネットに蜜ろうを入れ、雨よけの蓋で覆った後、周囲の樹木に張ったロープに高さ 2～3m の位置に吊るした。

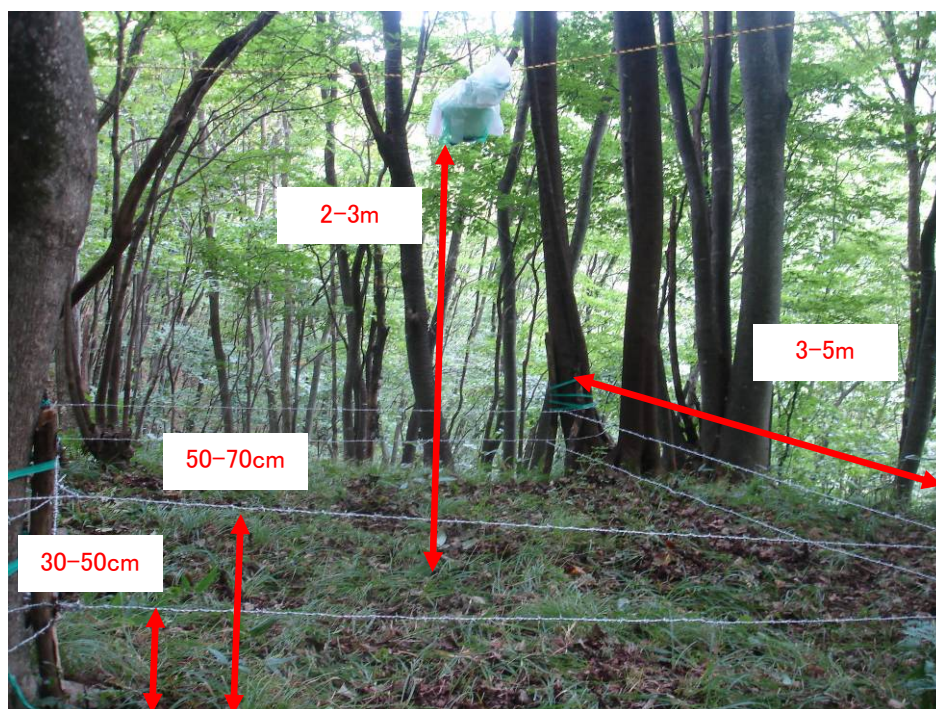


図 2.2-2 ヘアトラップの基本構造



図 2.2-3 誘引餌内容(蜜ろう)

Ⅱ. ヘアートラップ設置地点

仙台市及びその近郊のツキノワグマ生息地内の 30 地点に 34 基のヘアートラップを設置した（34 基のうち、4 基は「Ⅳ. 効率的なヘアートラップ設置方法の検討」に示すように、実験的な比較のために設置した。）。3 次メッシュ*により、2km 四方を 1 区画として、その 1 区画に 2～5 基のヘアートラップを包含するように配置し、合計 10 区画にヘアートラップを設置した。トラップ設置地点は以下に示す観点で選定した。また、トラップ設置地点は図 2.2-4(1)～(4)に示すとおりである。

*：標準地域メッシュ・システム(昭 48.7.12 行政管理庁告示第 143 号「統計に用いる標準地域メッシュ及び標準地域メッシュコード」)に基づくもので、一定の経線、緯線で地域を網の目状に区画したものである。第 1 次地域区画は、経度差 1 度、緯度差 40 分で区画された範囲を指す。第 2 次地域区画は第 1 次地域区画を縦横 8 等分したもので、第 3 次地域区画は第 2 次地域区画を縦横 10 等分したものである。一般にこの第 3 次地域区画のことを「3 次メッシュ」と呼ぶ。

【ヘアートラップ設置地点の選定】

-  ツキノワグマの主な生息環境である落葉広葉樹林を中心に設置。
-  落葉広葉樹林の中でも、ツキノワグマの生息に適した成熟した樹林が連続して広がる国有林を中心に設定。
-  農林業及び生活環境被害を誘発しないために、トラップ設置地点の同一集水域内の耕作地や民家と 1km 以上の離隔がある。
-  体毛採取効率を考慮し、傾斜の緩い地形に設定。
-  学識経験者のアドバイスを考慮して決定。

ヘアートラップ調査を実施するにあたり、一つの課題として、ヘアートラップ設置地点の選定が挙げられる。危険動物として認識されてしまうツキノワグマを餌により誘引することが、土地所有者や管理者にヘアートラップの設置を敬遠させる。本調査では図 2.2-4(2)～(4)に示すとおり、主に国有林内にヘアートラップを設置した。今後、ヘアートラップを設置する研究者や地方自治体、自然環境調査会社等の一助となるよう、国有林使用の許可が得られるまでの経緯を以下に示す。

【第1回許可申請】

- ✚ 資料編の資料-Ⅱ(P. 資-8~9)に示す計画書を持参し、仙台森林管理署の業務課に15地点のヘアートラップ設置許可の申請を行った。
- ✚ 1週間後、15の申請地点のうち、6地点の使用許可が得られ、9地点は使用許可が得られなかった(資料-Ⅱの資-図-6に示すA~Fで許可が得られた)。使用許可が得られなかった事由は以下の2点であった。
 1. キノコ採りのために、住民が入林する可能性があり、危険である。
 2. 周辺で林道の改修や伐採などの作業が行われるため、危険である。
- ✚ 使用許可通知の際、周辺地域の入林可/不可の林班名も提示いただいた。
- ✚ 当初予定では、3次メッシュ1区画につき、1基のヘアートラップを設置予定であったが、入林が制限されたため、上記条件(1地点/1メッシュ)は解除し、入林可の林班を中心に密集させてヘアートラップを設置することとした(図2.2-4(4)のMT-3, MT-4, KT-3~KT-9, MI-1, MI-2; 11地点)。
- ✚ 近傍に県有林が存在したため、宮城県に許可申請し、許可が得られ、県有林にもトラップを設置することとした(図2.2-4(4)のMT-1, MT-2, KT-1, KT-2; 4地点)。
- ✚ 15地点の選定が完了。

【第2回許可申請】

- ✚ 契約変更に伴い、ヘアートラップ設置地点が15から30に増加した。
- ✚ 未設置である残りの15地点の設置のため、資料-Ⅱの資-図-7(1)~(2)の黒線で囲まれた範囲(林班)の許可申請を行った。
- ✚ 1週間後、資料-Ⅱの資-図-8(1)~(2)の黒斜線で囲まれた範囲において許可が得られなかった。許可が得られなかった事由は、第1回許可申請と同様であった。
- ✚ 許可が得られた林班内である、図2.2-4(3)に示す9地点(M-1~3, K-1~6)に設置することとした。
- ✚ 24地点の選定が完了。

【第3回許可申請】

- ✚ 30地点のうち、残り6地点の設置のため、資料-Ⅱの資-図-9の黒線で囲まれた範囲(林班)の許可申請を行った。
 - ✚ 1週間後、資料-Ⅱの資-図-9の黒線で示す範囲内の全ての林班で許可が得られ、図2.2-4(2)に示す6地点(Y-1~6)に設置することとした。
 - ✚ 30地点全ての選定が完了。
- ◆ 30のヘアートラップ地点の許可申請に、3週間要した。この申請期間に加え、許可が得られた林班の下見や地点の選定を含めると、設置するまでに約1ヶ月程度要した。
 - ◆ 今回の反省として、初回に広域な使用許可を申請し、広域に調査可能林班の情報を収集することにより、申請手続きの時間短縮が可能になると考えられた。
 - ◆ なお、仙台森林管理署には、本業務に対して理解を示して頂き、真摯に対応して頂いた。

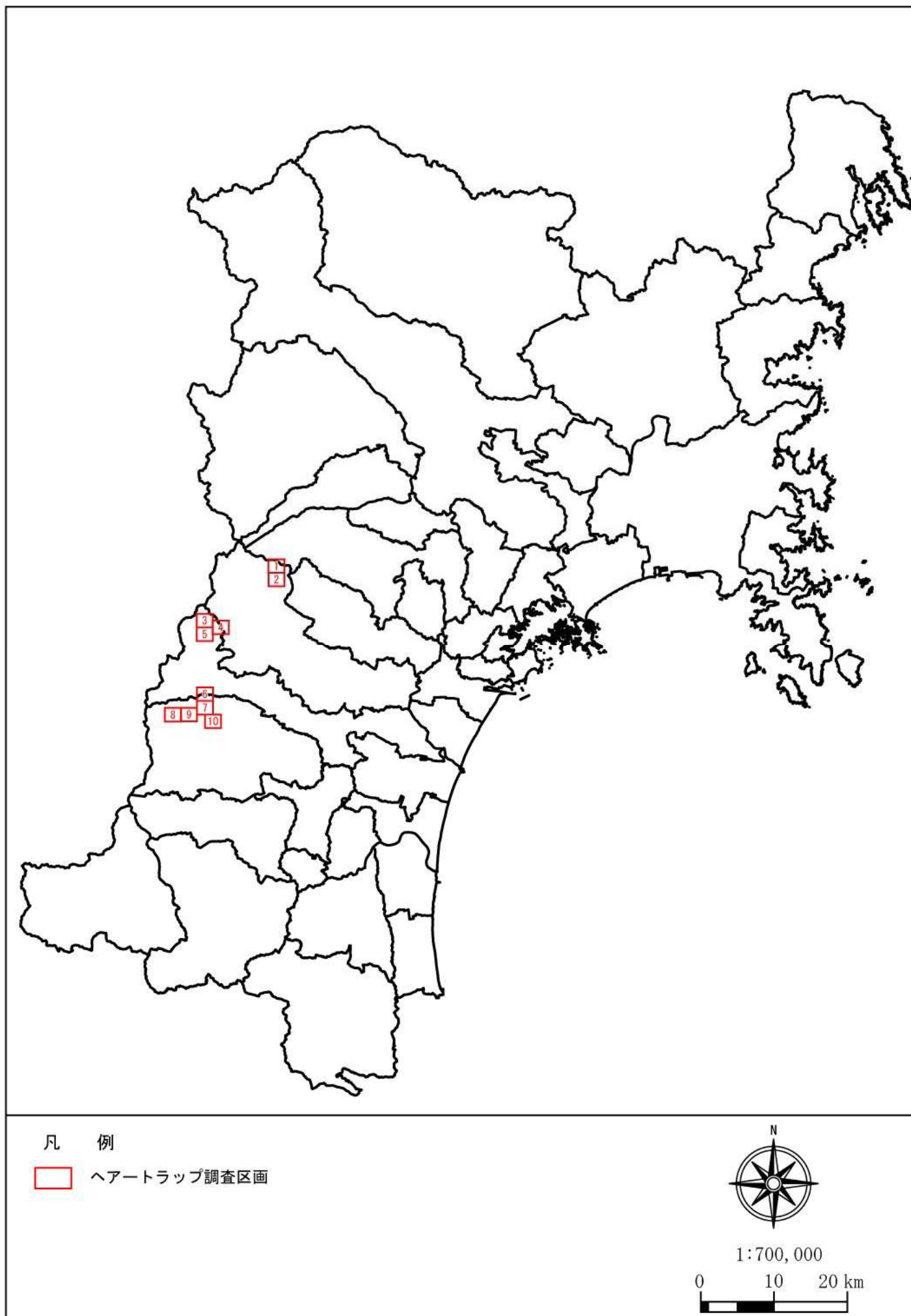


図 2.2-4(1) ヘアートラップ設置区画位置

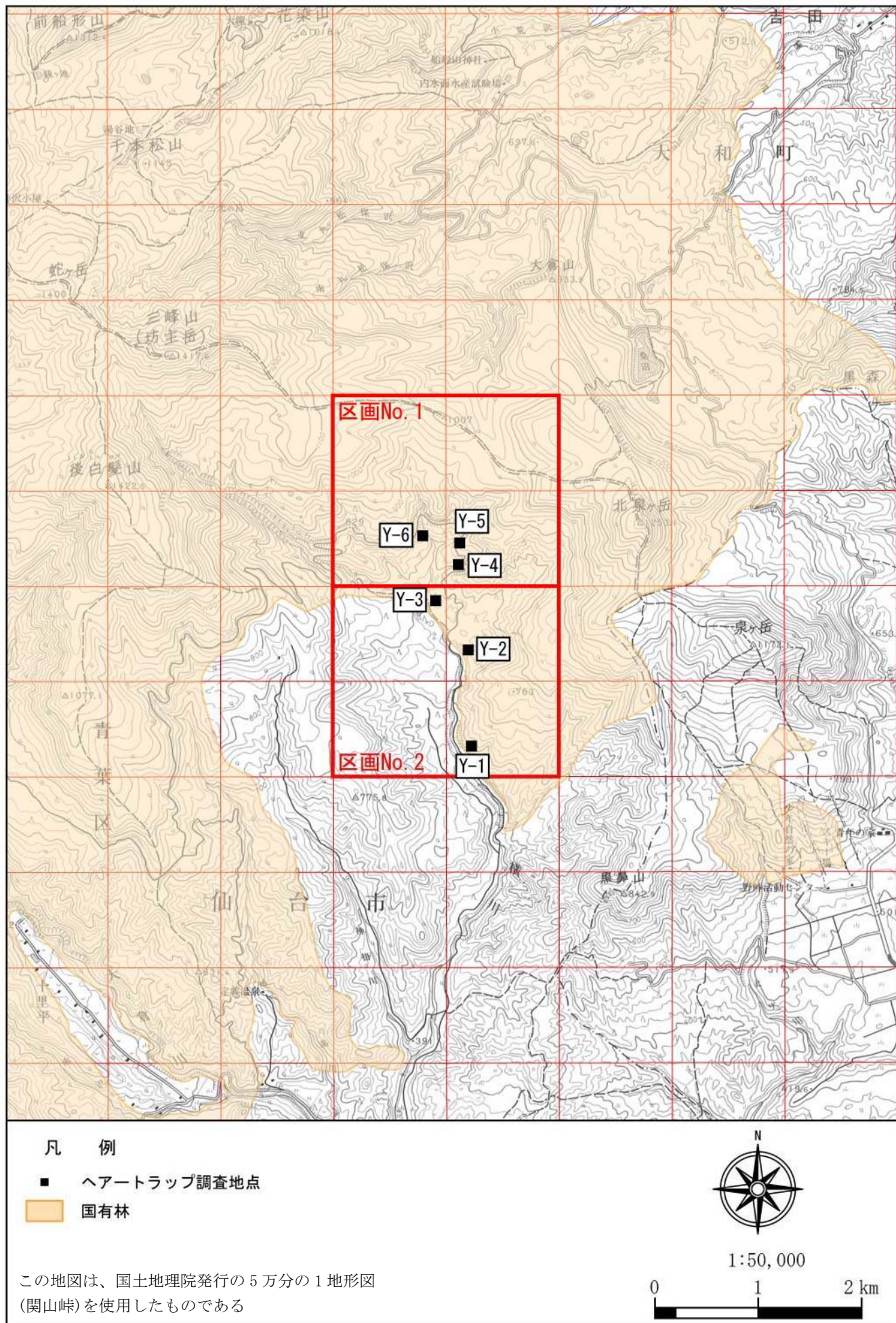


図 2. 2-4(2) ヘアートラップ設置地点位置

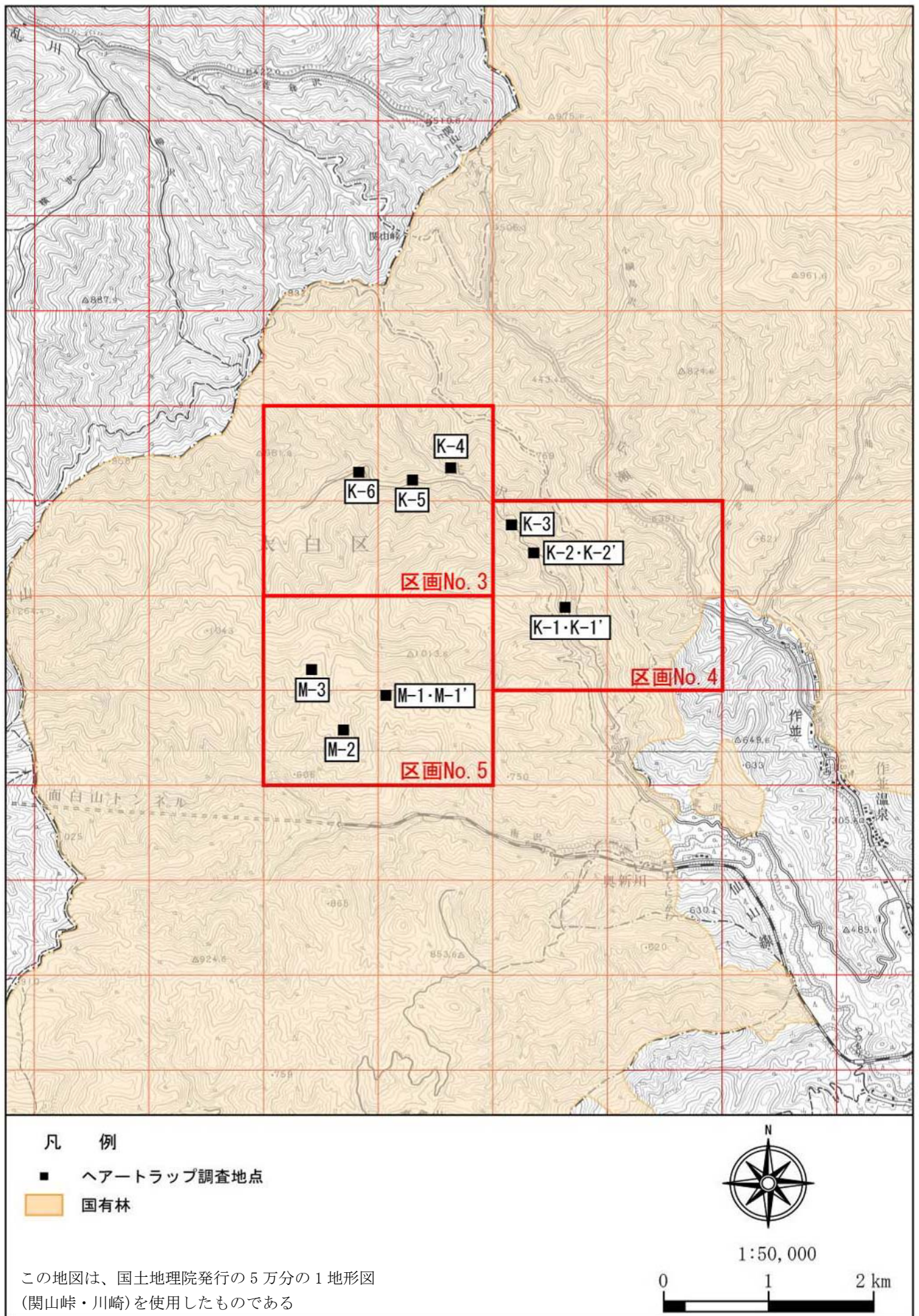


図 2.2-4 (3) ヘアートラップ設置地点位置

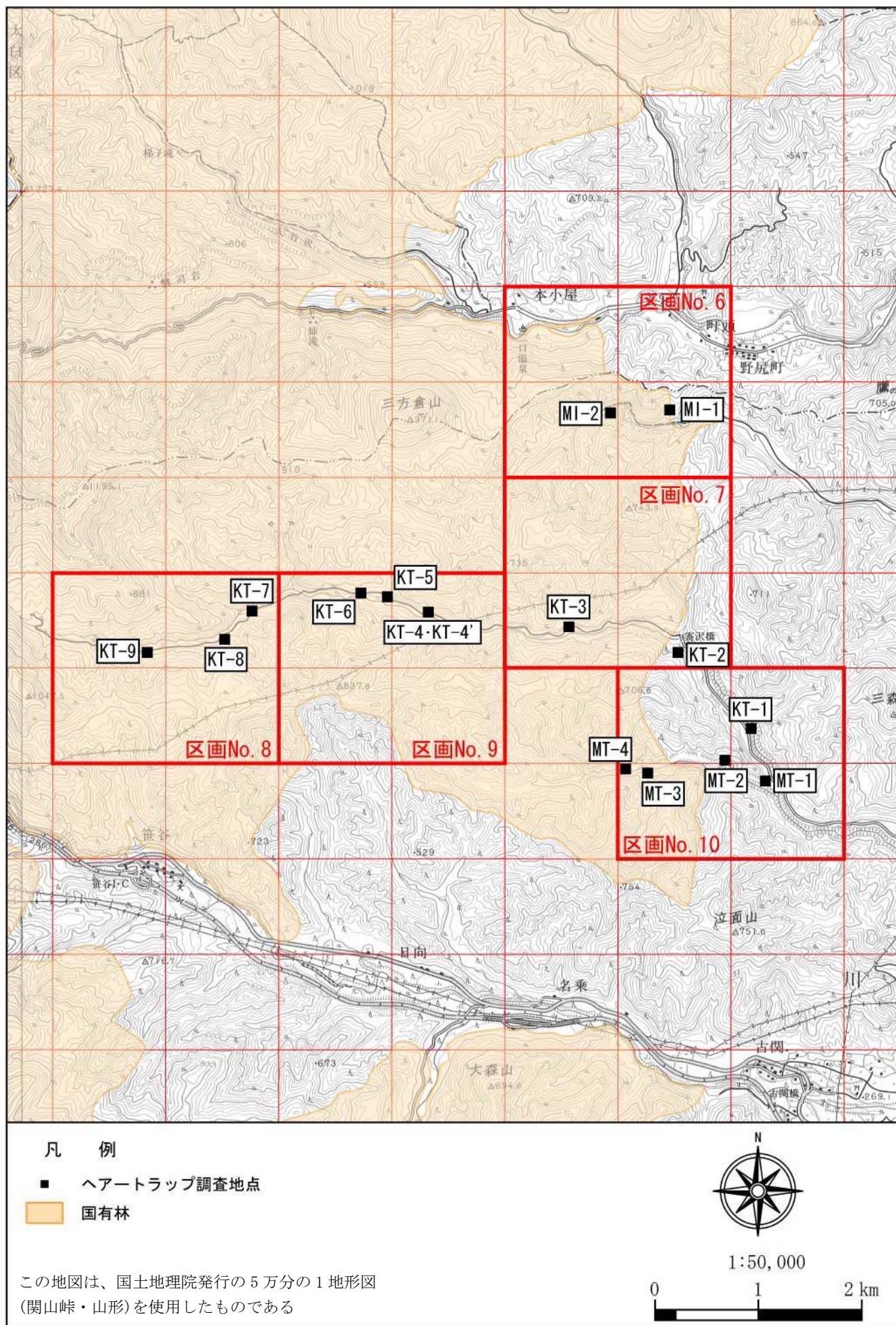


図 2. 2-4 (4) ヘアートラップ設置地点位置

Ⅲ. 体毛サンプルの回収

トラップ設置期間は概ね8週間程度とし、1週間に1回程度の頻度で見回りを行った(表 2.2-1, 図 2.2-5)。体毛サンプルの回収にあたっては、サンプルの劣化等を防止するため、ピンセットで封筒に入れ、実験室に持ち帰り、-20℃で冷凍保存した。体毛サンプル回収後の有刺鉄線はガスバーナー等で燃焼消毒した。回収されたサンプルは遺伝子解析を行い、解析により個体識別された区画ごとの個体数を個体数推定の際のデータとして用いた。



図 2.2-5 サンプル回収状況

Ⅳ. 効率的なヘアートラップ設置方法の検討

効率的に体毛を採取するために、誘因餌及び構造の観点からヘアートラップの設置方法を検討した。具体的には、以下のようにヘアートラップを設置し、比較検討した(図 2.2-6)。

【ヘアートラップの設置方法】

- 「Ⅱ. ヘアートラップの設置地点」で設置した 30 のトラップ地点のうち、4 地点で誘因餌及びトラップの構造の違いによる体毛採取数を比較した。
- 具体的には、①「ハチミツ×トウモロコシ」、②「ハチミツ×リンゴ」、③「Ⅰ. の 2 段構造×図 2.2-7(1)」、④「Ⅰ. の 2 段構造×図 2.2-7(2)」で比較した。
(①及び②の形状は「Ⅰ. ヘアートラップの構造」で示す 2 段構造のヘアートラップである)。
- 比較検討のための設置地点は、体毛サンプルの回収状況により決定した。①は KT-4、②は M-1、③は K-1、④は K-2 を比較検討地点とし、比較対象となる各トラップ名を KT-4'、M-1'、K-1'、K-2' とした。
- 上記 4 地点では、1 地点にヘアートラップを 2 つ併設した(トラップ間の距離は概ね 5~10m とした)。

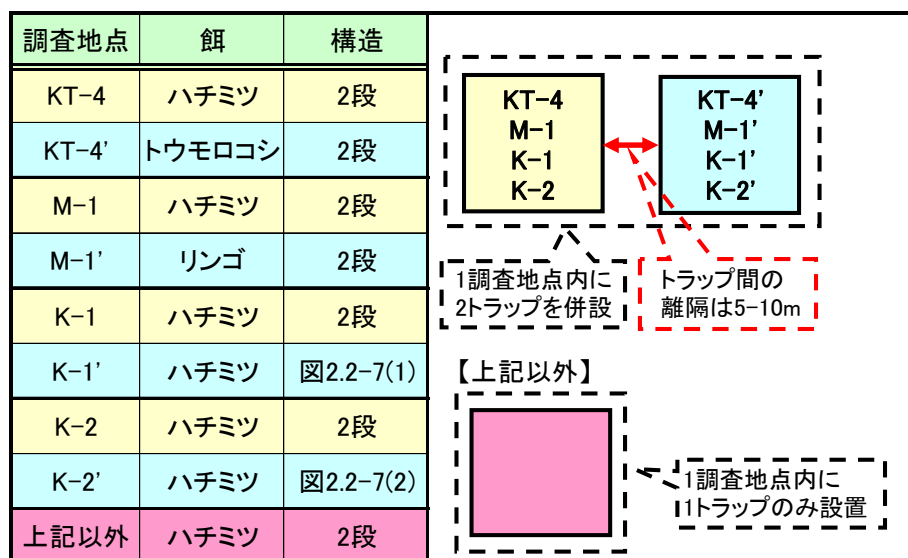


図 2.2-6 ヘアートラップの比較方法

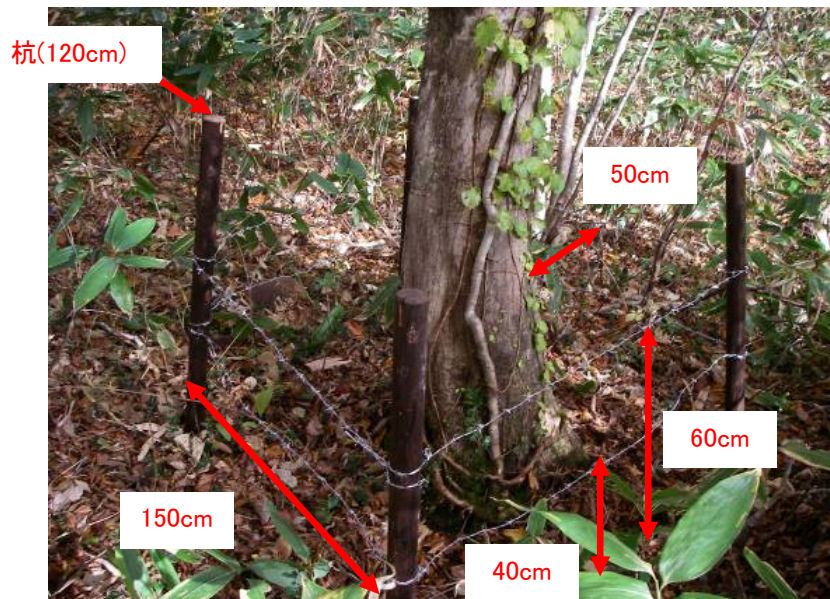


図 2.2-7(1) ヘアトラップ設置状況(以後、簡易版 A とする)

樹木の周囲に長さ 120cm の木杭で 1 辺 150cm 程度となるように方形区を設定し、その杭の周囲に有刺鉄線を 2 段で巻きつけた。下段は高さ 40cm、上段は高さ 60cm に設定し、有刺鉄線と囲んだ樹木までの離隔は少なくとも 50cm 程度とした。誘因餌はネットに蜜ろうを入れ、雨よけの蓋で覆った後、有刺鉄線で囲まれた樹木の高さ 3m 程度の位置の横枝に吊るした。



図 2.2-7(2) ヘアトラップ設置状況(以後、簡易版 B とする)

樹木の周囲に地上から高さ 2m 程度まで約 50cm 間隔で有刺鉄線を巻きつけた。誘因餌はネットに蜜ろうを入れ、雨よけの蓋で覆った後、有刺鉄線を巻きつけた樹木の高さ 3m 程度の位置の横枝に吊るした。

V. ヘアトラップ設置期間と回収日

表 2.2-1 にヘアトラップ設置期間及びサンプル回収日を示す。なお、数値は採取されたサンプル数を示す。

表 2.2-1 ヘアトラップ設置期間及びサンプル回収日

[illegible]

●：設置
数値は採取した体毛サンプル数を示す。

ヘアトラップ回収

2) 自動撮影調査

ツキノワグマの画像の取得及びヘアートラップ調査の情報の補完を目的に、自動撮影調査を実施した(図 2. 2-8)。ヘアートラップ調査では、有刺鉄線で形成された方形区の中にツキノワグマが入ったにもかかわらず、体毛が採取されない場合がある (Miura and Oka, 2003)。このような状況の有無を確認するために、補完的に自動撮影装置*を設置した。

自動撮影装置は全部で 10 台使用した。設置地点は、体毛サンプルの採取状況を考慮し、サンプルが多く採取される地点を優先的に設置し、表 2. 2-2 に示す 16 地点に設置した。

*: 赤外線センサーとカメラのシャッターを連動させて、センサーの前を通過する動物を自動的に撮影する機器。



図 2. 2-8 自動撮影設置状況

表 2. 2-2 自動撮影設置地点

自動撮影設置地点	
Y-1	M-2
Y-2	M-3
Y-4	KT-4
Y-5	KT-6
K-2	KT-7
K-4	KT-8
K-6	KT-9
M-1	MT-4

④ 調査結果

1) 体毛サンプル採取状況

ヘアートラップ調査で採取された地点別及び区画別の体毛サンプル採取数を表 2.2-3 に示す。

今回の調査で、ツキノワグマの体毛と判断されたサンプル数は、167 であった。表 2.2-3 に示すとおり、34 基のヘアートラップのうち、22 基で採取され、採取率は 64.7% であった。

見回り回(以後、「セッション」とする)ごとの体毛採取率は 0～38.2% の値を示した。平成 20 年 10 月 27 日～28 日のセッションで 34 基のトラップのうち、13 基で体毛が採取され、38.2% (最大値) を示した(表 2.2-1)。

区画別では、区画 No. 9 で最も多く、48 サンプル採取され、次いで、区画 No. 5 で 35 サンプル、区画 No. 1 で 24 サンプル採取された。区画 No. 6 及び区画 No. 7、区画 No. 10 の 3 区画では体毛サンプルは採取されなかった。



図 2.2-9 体毛付着状況

表 2.2-3 地点別(左)及び区画別(右)の体毛採取数

区画 No.	トラップ 地点	採取 サンプル数	区画 No.	トラップ 地点	採取 サンプル数	区画 No.	採取 サンプル数
2	Y-1	7	5	M-3	5	1	24
	Y-2	0	6	MI-1	0	2	21
	Y-3	14		MI-2	0	3	18
1	Y-4	12	10	MT-1	0	4	15
	Y-5	9		MT-2	0	5	35
	Y-6	3		MT-3	0	6	0
4	K-1	6		MT-4	0	7	0
	K-1'	0		KT-1	0	8	6
	K-2	6	7	KT-2	0	9	48
	K-2'	0		KT-3	0	10	0
	K-3	3	9	KT-4	6	合計:167	
3	K-4	13		KT-4'	4		
	K-5	4		KT-5	15		
	K-6	1		KT-6	23		
5	M-1	18	8	KT-7	1		
	M-1'	1		KT-8	2		
	M-2	11		KT-9	3		
34基中、22基でツキノワグマの体毛サンプルが採取された。 採取率:22/34×100=64.7%							

2) 時期別の体毛採取状況

表 2.2-1 において、9 月 30 日までを 9 月後半、10 月 16 日までを 10 月前半、10 月 28 日までを 10 月後半、11 月 11 日までを 11 月前半、11 月 27 日までを 11 月後半として区分し、時期別のトラップあたりの平均体毛採取数を比較した。その結果、図 2.2-10 に示すとおり、ヘアートラップ設置直後の 9 月下旬では体毛サンプルは採取されなかった。その後、10 月前半から 11 月前半にかけて平均体毛採取数は増加し、11 月前半で最も大きな値を示したが、冬眠直前の 11 月後半では、平均体毛採取数は減少した。なお、11 月後半のデータは、一部、積雪した状態のデータも含んでいる。

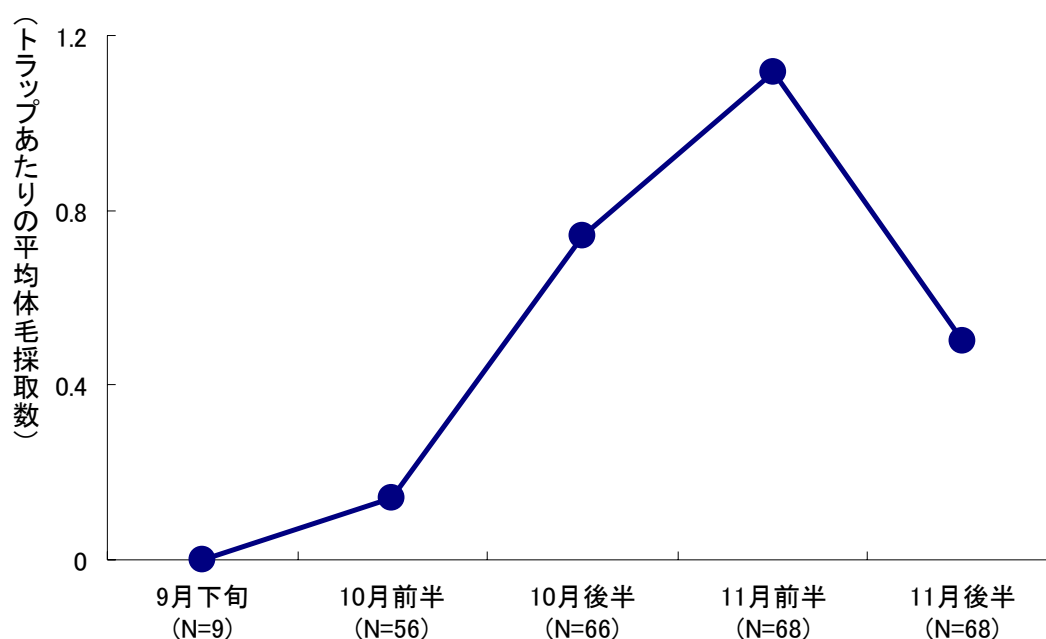


図 2.2-10 時期別のトラップあたりの平均体毛採取数

3) ヘアートラップの違いによる体毛採取数の比較

I. 誘因餌の違いによる比較

表 2.2-1 に示す 10 月 15 日以降のセッション(6 セッション分)において、ハチミツ(M-1)とトウモロコシ(M-1')のトラップ間で平均体毛採取数(=合計体毛採取数/セッション)を比較した結果を図 2.2-11(1)に、表 2.2-1 に示す 10 月 16 日以降のセッション(6 セッション分)において、ハチミツ(KT-4)とリンゴ(KT-4')のトラップ間で平均体毛採取数(=合計体毛採取数/セッション)を比較した結果を図 2.2-11(2)に示す。ハチミツ×トウモロコシ、ハチミツ×リンゴにおいて、いずれも有意な差はみられなかった(ハチミツ×トウモロコシ: Wilcoxon 符号化順位検定, $z_0=0.405$, $p>0.05$ 、ハチミツ×リンゴ: Wilcoxon 符号化順位検定, $z_0=1.753$, $p>0.05$)。

しかしながら、ハチミツ×トウモロコシにおいて、ハチミツでは平均体毛採取数が 2.33 であったのに対し、トウモロコシでは 0.17 と小さな値を示した。また、M-1(ハチミツ)とM-1'(トウモロコシ)は5m程度と近接してトラップを設置していたにもかかわらず、M-1(ハチミツ)のみで体毛が採取されることはあったが、M-1'(トウモロコシ)のみで採取されることはなかった。

一方、ハチミツ×リンゴにおいては、平均体毛採取数がハチミツでは 0.83、リンゴでは 0.67 と同程度の値を示した。また、KT-4(ハチミツ)とKT-4'(リンゴ)は同じセッションで体毛が採取されることが多かった。

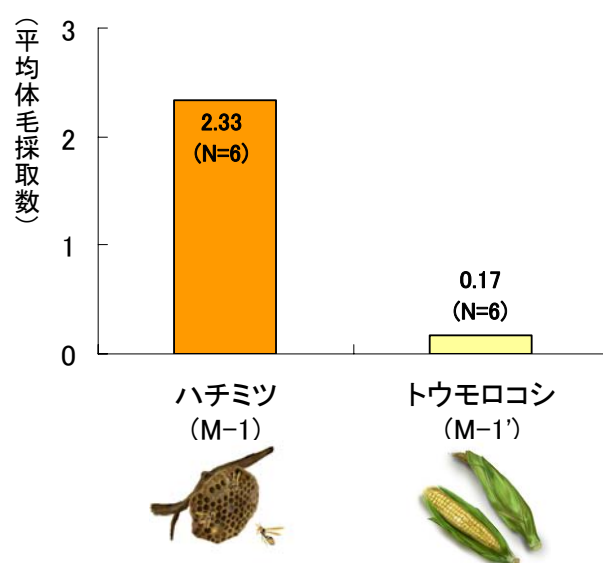


図 2.2-11 (1) 誘引餌の違いによる平均体毛採取数の比較(ハチミツ×トウモロコシ)

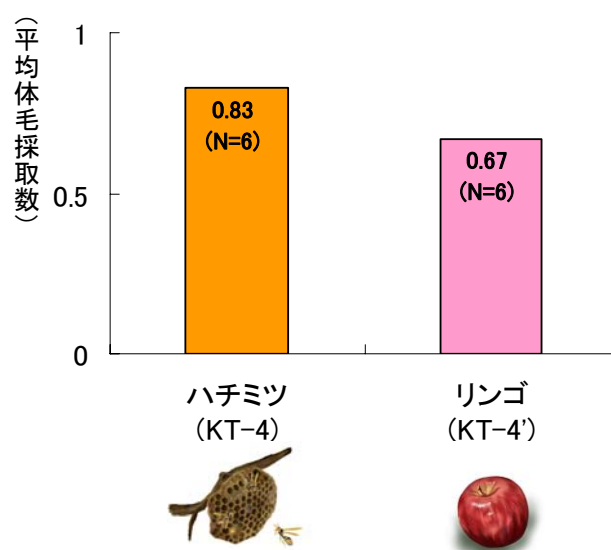


図 2.2-11 (2) 誘引餌の違いによる平均体毛採取数の比較(ハチミツ×リンゴ)

Ⅱ. 構造の違いによる比較

表 2.2-1 に示す 10 月 21 日以降のセッション(5 セッション分)において、2 段構造 (K-1) と簡易版 A(K-1') のトラップ間で平均体毛採取数(=合計体毛採取数/セッション)を比較した結果を図 2.2-12(1)に、表 2.2-1 に示す 10 月 21 日以降のセッション(5 セッション分)において、2 段構造(K-2) と簡易版 B(K-2') のトラップ間で平均体毛採取数(=合計体毛採取数/セッション)を比較した結果を図 2.2-12(2)に示す。2 段構造×簡易版 A、2 段構造×簡易版 B において、いずれも有意な差はみられなかった(2 段構造×簡易版 A:Wilcoxon 符号化順位検定, $z_0=1.461$, $p>0.05$ 、2 段構造×簡易版 B:Wilcoxon 符号化順位検定, $z_0=0.365$, $p>0.05$)。

しかしながら、いずれの地点においても、従来のヘアートラップである 2 段構造では体毛が採取されたのに対し、簡易版 A 及び簡易版 B においては、体毛が採取されなかった。

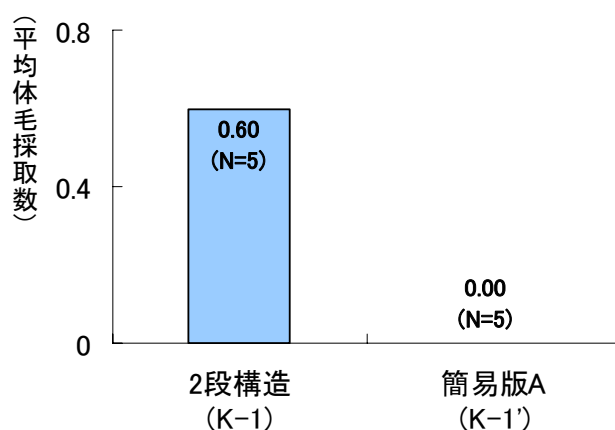


図 2.2-12(1) 構造の違いによる平均体毛採取数の比較(2 段構造×簡易版 A)

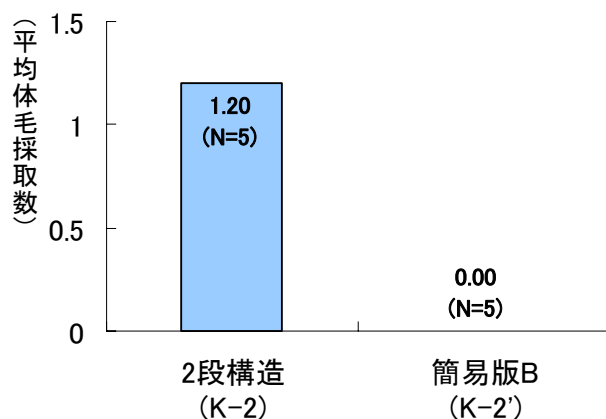


図 2.2-12(2) 構造の違いによる平均体毛採取数の比較(2 段構造×簡易版 B)

4) 自動撮影による写真撮影状況

体毛の採取状況を考慮し、表 2.2-4 に示す 16 地点に自動撮影装置を設置した結果、M-1、KT-4、KT-8 の 3 地点でツキノワグマが撮影された(表 2.2-4, 図 2.2-13)。いずれの地点においても、ツキノワグマが撮影されたセッションで体毛が採取された。Miura and Oka(2003)はヘアトラップ内にツキノワグマが入ったにもかかわらず、体毛が採取されない場合がある、と報告している。しかしながら、今回の自動撮影調査結果では、撮影されたセッションと体毛が採取されたセッションが同調していることから、撮影地点数が 3 と少ないものの、ツキノワグマがトラップ周辺を利用した際は(撮影された際は)、問題なく体毛が採取されたものと考えられる。

表 2.2-4 自動撮影設置地点及びツキノワグマ撮影地点

自動撮影設置地点	
Y-1	M-2
Y-2	M-3
Y-4	KT-4
Y-5	KT-6
K-2	KT-7
K-4	KT-8
K-6	KT-9
M-1	MT-4

ツキノワグマが撮影された地点に着色した。

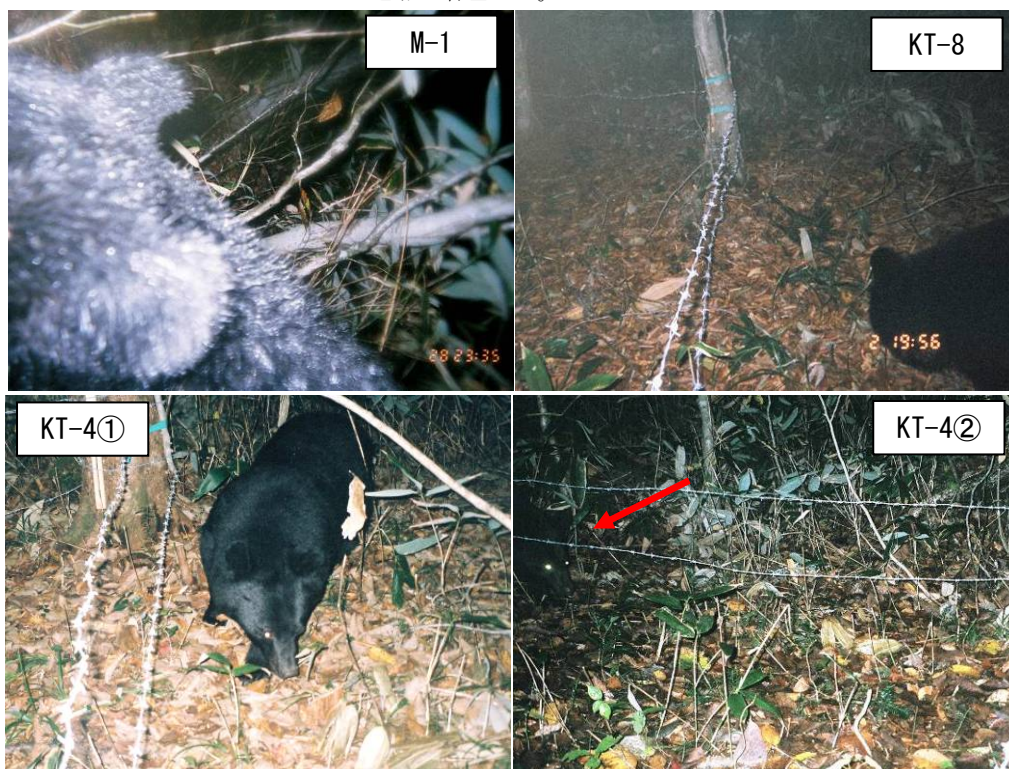


図 2.2-13 撮影されたツキノワグマ

(3) 遺伝子解析

① 解析目的

ヘアートラップで採取された体毛サンプルや有害捕獲で得られた筋肉サンプルの遺伝子解析を実施する目的は、以下に示すとおりである。

- ✚ 個体数推定に資するデータの収集
 - ・ (5) 個体数の推定 に示す個体数推定法に用いるデータの収集
(体毛サンプルによる個体識別の実施)
- ✚ 宮城県内のツキノワグマの遺伝的情報の蓄積及びデータベース化
 - ・ 宮城県内にみられる遺伝的変異の地理的分布に関する基礎的情報の収集
 - ・ 宮城県内に生息するツキノワグマの遺伝的多様性の現状把握

② 遺伝子解析の位置づけ

「個体数の推定」及び「遺伝的情報の蓄積・データベース化」までの流れと遺伝子解析の位置づけを図 2.3-1 に示す。

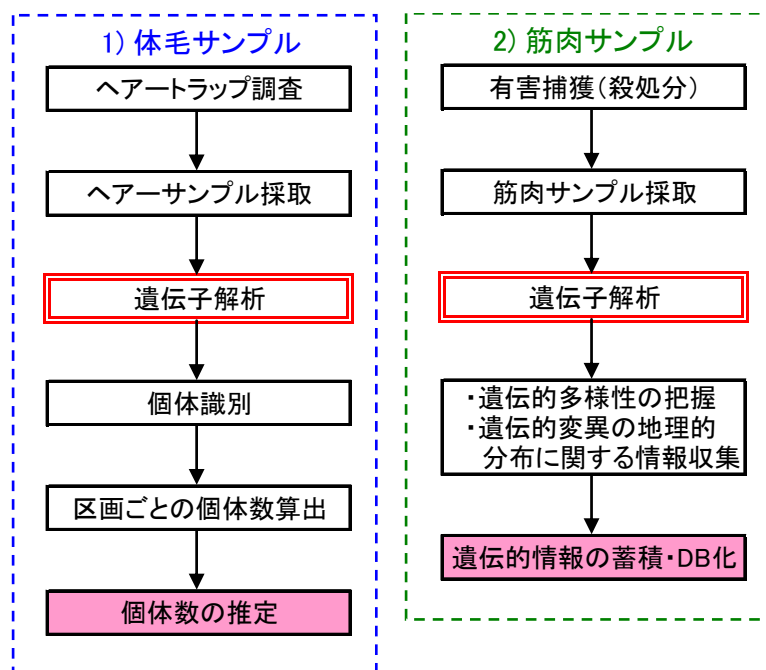


図 2.3-1 遺伝子解析の位置づけ

③ 解析方法

1) 体毛サンプルの解析

I. 解析試料

解析に用いた試料は、「2. 調査内容 (2) ヘアトラップ調査」で得られた体毛 167 サンプルを対象とした。

II. DNA の抽出

体毛サンプルはニッポンジーン社製の ISOHAIR を用い、添付のマニュアルに従って毛根部分または毛根に近い部分を材料として、DNA の抽出を行った。

III. PCR による増幅

プライマーは、Paetkau and Strobeck(1994)、Paetkau et al. (1995)及び Kitahara et al. (2000)によって報告されている 6 種類のマイクロサテライト DNA(表 2.3-1)を増幅するプライマーセットを用いて Multiplex PCR を行った。PCR 反応は、97℃ 3 分間の加熱後、変性 97℃ 30 秒、アニーリング 53～63℃ 1 分 30 秒、伸長 72℃ 30 秒を 15 サイクル行い、変性 90℃ 30 秒、アニーリング 55～63℃ 1 分 30 秒、伸長 72℃ 30 秒を 30 サイクル行って、最後に 60℃で 30 分間伸長させた。

表 2.3-1 使用したプライマーの塩基配列

遺伝子座	プライマー塩基配列	
G1A	5'-GACCCTGCATACTCTCCTCTGATG-3'	5'-GCACTGTCCTTGCGTAGAAGTGAC-3'
G10L	5'-GTACTGATTTAATTCACATTTCCC-3'	5'-GAAGATACAGAAACCTACCCATGC-3'
G10M	5'-TTCCCCTCATCGTAGGTTGTA-3'	5'-GATCATGTGTTTCCAAATAAT-3'
G10P	5'-GGAGGAAGAAAGATGGAAAAC-3'	5'-TCATGTGGGGAAATACTCTGAA-3'
G10X	5'-CCCTGGTAACCACAAATCTCT-3'	5'-TCAGTTATCTGTGAAATCAAAA-3'
MSUT-1	5'-CCTTGGGATTCTGGGATTGT-3'	5'-AGTCCTCACCCCTCCCTTTT-3'

IV. マイクロサテライト・フラグメント解析

PCR 産物は ABI PRISM 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems)を用いてフラグメントサイズの読み取りを行った。バンドのピークが極端に低いサンプルは、再度シングルで PCR を行った。PCR を 2 回行ってピークが低く、フラグメント解析が困難な場合には、その DNA は個体識別の解析には用いなかった。

2) 筋肉サンプルの解析

I. 解析試料

今年度、解析に用いた試料は、2006～2008 年に捕獲された 48 個体(表 2.3-2)のうち、2008 年に捕獲された 17 個体(No. 32～48)である。2006 年から 2007 年にかけて捕獲された 31 個体(No. 1～31)については、宮城県が 2007 年度に解析を実施している(宮城県, 2008a)。

表 2.3-2 捕獲個体サンプル一覧 (2006 年～2008 年)

No.	捕獲年月日	捕獲地点	No.	捕獲年月日	捕獲地点
1	2006/6/6	仙台市青葉区芋沢苦地	25	2007/8/27	白石市弥治朗
2	2006/8/15	仙台市青葉区宮城地区	26	2007/8/31	蔵王町遠刈田七日原
3	2006/8/24	仙台市太白区秋保地区滝原	27	2007/9/4	色麻町小栗山
4	2006/9/ ?	仙台市太白区秋保地区森安	28	2007/9/4	川崎町溜水
5	2006/9/16	仙台市太白区秋保地区	29	2007/9/8	川崎町支倉殿上山
6	2006/9/18	仙台市青葉区宮城地区	30	2007/9/9	七ヶ宿町滑津島木野
7	2006/9/22	仙台市青葉区宮城地区芋沢松葉沢	31	2007/9/16	蔵王町東集団
8	2006/9/22	仙台市青葉区宮城地区大倉中和泉	32	2008/8/4	仙台市青葉区新川中村地区
9	2006/9/29	仙台市青葉区宮城地区芋沢宅地	33	2008/8/23	大和町宮床字笹倉
10	2006/10/5	仙台市青葉区宮城地区新川中屋敷	34	2008/8/23	秋保町馬場字新田町
11	2006/10/12	仙台市青葉区宮城地区芋沢字宅地	35	2008/8/29	栗原市栗駒文字地区
12	2006/10/13	仙台市太白区秋保地区	36	2008/9/9	大和町吉田南川上地区
13	2006/10/22	仙台市青葉区宮城地区上愛子赤生木	37	2008/9/10	栗原市一追姫松地区
14	2006/10/31	仙台市太白区秋保地区野尻	38	2008/9/11	村田町菅生地区
15	2006/11/1	仙台市青葉区宮城地区大倉北谷地	39	2008/9/11	大崎市川渡上原地区
16	2006/11/5	仙台市青葉区宮城地区新川鹿野	40	2008/9/13	蔵王町東集団地区
17	2006/11/5	仙台市青葉区宮城地区新川	41	2008/9/13	蔵王町七日原地区
18	2006/11/8	仙台市青葉区宮城地区上愛子上十三枚田	42	2008/9/13	川崎町大字川内天神地区
19	2006/11/9	仙台市太白区秋保地区役場近く	43	2008/9/14	白石市深谷三住地区
20	2006/11/11	仙台市太白区秋保地区野尻	44	2008/9/19	加美町深田鹿原下合地区
21	2006/11/17	仙台市太白区秋保地区町南	45	2008/10/9	色麻町王城寺地区
22	2006/11/17	仙台市青葉区宮城地区上愛子大森	46	2008/11/14	色麻町平沢地区
23	2007/8/11	富谷町志戸田	47	2008/11/28	栗原市一追狐崎地区
24	2007/8/26	仙台市青葉区宮城地区十里	48	2008/12/9	気仙沼市細尾地区

No. 1～No. 31 は宮城県(2008a)から引用した。

II. DNA の抽出

筋肉サンプルを細切し、600 μ l の extraction buffer (10mM Tris-HCl, 10mM EDTA, 0.1M NaCl, 1% (w/v) SDS, 0.2mg/ml Proteinase K) を加えてホモジナイズしてから数時間 56°C で酵素処理を行った。その後、フェノール・クロロフォルム法を用いてゲノム DNA を抽出した (Sambrook et al. 1989)。抽出した DNA を滅菌水で溶解して濃度を調整し、遺伝子増幅反応用の DNA サンプル溶液とした。

III. PCR による増幅

PCR では、ミトコンドリア DNA D-loop の約 700bp の調節領域を特異的に増幅するプライマーとして以下の 2 種類を用いた (Matsushashi et al., 1999)。

CB-Z ; 5' -ATGAATTGGACAACCAGT-3'

D4 ; 5' -AGGCATTTTCAGTGCCTTGCTTG-3'

PCR 反応溶液 20 μ l 中に 50mM KCl、1.5mM MgCl₂ 10mM Tris-HCl、0.2mM ExTaq (TaKaRa biosystem) に加え、20ng 鋳型 DNA を加えた。反応条件は、95°C 15 分の後、95°C 1 分、60°C 30 秒、72°C 1 分を 30 サイクル行い、最終的に 72°C 10 分の伸長反応を行うように設定した。PCR 終了後、アガロースゲル電気泳動により PCR 産物を確認してから、Sephacryl S-400HR spin column (Amersham Pharmacia Biotech) を用いて、低分子のプライマー等を除去した。

IV. 塩基配列の決定

DYEnamic ET Terminator Cycle Sequencing Kit (Amersham Pharmacia Biotech) を用いたダイターミネータ法によるダイレクトシーケンスを行った。シーケンス反応用のプライマーとして、以下の 2 種類を用いた。

BED1 ; 5' -AGCAACAGCTCCACTACCAG-3' (Matsushashi et al., 1999)

UT1 ; 5' -TGATCACCAGGCCTCGAGAAA-3' (Ishibashi and Saito, 2004)

塩基配列は ABI PRISM3100 (PE Biosystem) を使用して決定し、Clustal W1.8 を用いてアラインメントを行った後、データベース等で相同性を検索して、ミトコンドリア DNA のハプロタイプを決定した。

V. P(ID) の算出

P(ID) は [Probability of identity] で、ランダムサンプリングした 2 個体が偶然同じ遺伝子型をもつ確率である。湯浅・佐藤 (2008) は P(ID) を事前に算出することで、

shadow effect*(Mills et al., 2000)により生じる問題を回避し得ると報告している。本調査においても、「1) 体毛サンプルの解析」で使用する遺伝マーカー(表 2.3-1)が、個体識別を実施するにあたり、適切なマーカーであるのかを確認するために、P(ID)を算出した。P(ID)の算出に使用したサンプルは、表 2.3-2 に示す筋肉サンプルのうち、2008 年に捕獲された No. 32～No. 48 である。P(ID)の算出には GENECAP(Wilberg and Dreher, 2004)のフリーのプログラムを使用した。

*: shadow effect とは、十分な個体識別力を持たない遺伝マーカーを用いることで、他個体を同一個体と誤判定してしまい、個体数推定の際に、過小評価してしまう問題である。

④ 解析結果

1) 体毛サンプル解析結果

I. P(ID)算出結果

表 2.3-2 の No. 32～48 の 17 個体を用いて算出した P(ID)は表 2.3-3 に示すとおりである。P(ID)は 0.107～0.336 であり、個体識別を行うにあたり、問題ない値であると考えられた。

表 2.3-3 P(ID)算出結果

遺伝子座	k	N	P(ID)
G1A	6	17	0.149
G10L	3	17	0.196
G10M	5	17	0.153
G10P	7	17	0.107
G10X	3	17	0.336
MSUT-1	3	17	0.335

k:対立遺伝子数, N: サンプル数

P(ID): probability of identity

II. DNA 判明状況

ヘアートラップ調査で得られた 167 サンプルのうち、個体識別されたサンプル数は 92 であり、解析成功率は 55%であった。

Ⅲ. 時期別の解析成功率

表 2.2-1 において、9 月 30 日までを 9 月後半、10 月 16 日までを 10 月前半、10 月 28 日までを 10 月後半、11 月 11 日までを 11 月前半、11 月 27 日までを 11 月後半として区分し、時期別の遺伝子解析成功率を比較した。その結果、図 2.3-2 に示すとおり、10 月前半で 62.5%、10 月後半で 63.3%、11 月前半で 61.8%、11 月後半で 26.5% であった。なお、9 月後半は体毛が採取されなかったことから欠損データとして扱った。また、11 月後半のデータは、一部、積雪した状態のデータも含んでいる。

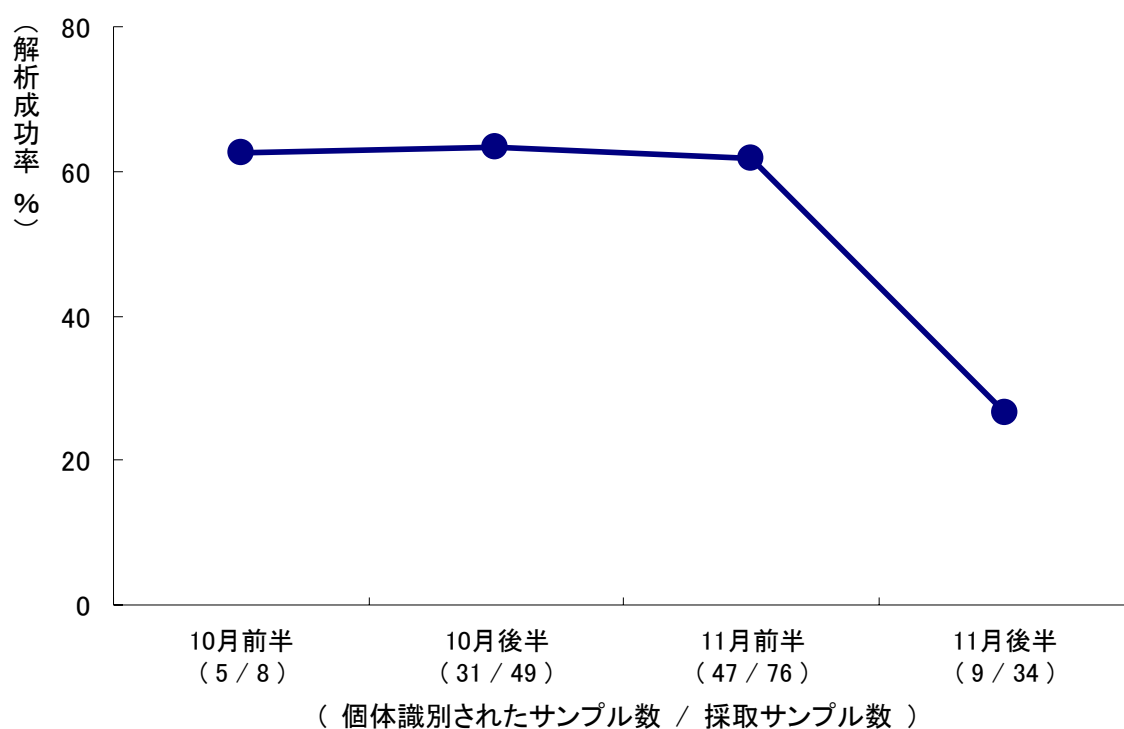


図 2.3-2 時期別の解析成功率

Ⅳ. 個体識別結果

表 2.3-4 に示すとおり、体毛により識別された個体数は 23 であった。地点及び区画別の識別個体数・個体 No. は表 2.3-5 に、各体毛サンプルのフラグメントサイズの一覧は資料-Ⅲの資-表-1(1)～(4)に示す。

表 2.3-4 体毛サンプルにより識別された個体及びフラグメントサイズ

個体No.	遺伝子座のフラグメントサイズ												備考
	G1A		G10L		G10M		G10P		G10X		MSUT-1		
個体No.1	188	190	125	139	205	213	140	150	128	128	166	166	
個体No.2	188	188	125	139	211	213	140	144	128	128	166	170	
個体No.3	190	190	125	139	211	213	144	150	128	140	166	166	
個体No.4	188	190	125	139	207	213	140	150	128	128	166	166	No.1と1遺伝子座違う
個体No.5	190	190	125	127	205	211	144	144	128	128	166	166	
個体No.6	188	208	127	139	205	207	144	144	140	140	166	166	
個体No.7	188	190	125	139	207	213	144	144	128	128	166	170	
個体No.8	188	190	125	127	205	213	144	144	128	128	166	170	
個体No.9	188	190	125	125	207	213	140	140	128	140	166	166	
個体No.10	188	188	125	139	207	211	144	150	140	140	166	166	
個体No.11	188	188	139	139	207	213	144	144	128	140	166	166	
個体No.12	188	212	125	139	205	207	144	144	128	128	166	170	
個体No.13	190	210	125	127	207	213	140	144	140	140	166	166	
個体No.14	188	190	127	127	213	213	140	144	128	140	166	170	
個体No.15	188	188	125	139	207	207	140	140	128	140	166	166	
個体No.16	188	208	127	127	207	213	150	152	128	128	166	170	
個体No.17	188	208	125	125	207	213	150	152	128	128	166	170	
個体No.18	190	190	125	127	205	207	140	140	128	128	166	170	
個体No.19	188	188	125	125	207	213	140	144	128	140	166	166	
個体No.20	188	188	125	139	207	213	144	144	128	128	166	166	
個体No.21	190	190	125	127	205	211	144	156	128	128	166	166	No.5と1遺伝子座違う
個体No.22	188	190	125	139	205	211	144	144	128	128	166	170	
個体No.23	188	212	125	139	207	207	144	144	128	128	166	166	

表 2.3-5 地点別(左)及び区画別(右)の個体識別数・個体 No.

地点 No.	区画 No.	識別 個体数	個体No.	地点 No.	区画 No.	識別 個体数	個体No.	区画 No.	識別 個体数	個体No.
Y-1	2	1	No.23	M-3	5	1	No.19	1	4	No.13,14,15,16
Y-2		—	—	MI-1	6	—	—	2	5	No.12,16,17,18,23
Y-3		4	No.12,16,17,18	MI-2		—	—	3	2	No.3,4
Y-4	1	3	No.13,14,15	KT-1	10	—	—	4	2	No.1,2
Y-5		2	No.14,16	KT-2	7	—	—	5	5	No.9,10,11,19,20
Y-6		1	No.16	KT-3		—	—	6	0	
K-1	4	1	No.1	KT-4	9	2	No.5,6	7	0	
K-1'		—	—	KT-4'		1	No.5	8	1	No.8
K-2		1	No.2	KT-5		3	No.5,7,21	9	5	No.5,6,7,21,22
K-2'		—	—	KT-6		3	No.5,7,22	10	0	
K-3	3	1	No.1	KT-7	8	—	—			
K-4		1	No.3	KT-8		1	No.8			
K-5		1	No.4	KT-9		1	No.8			
K-6		—	—	MT-1		—	—			
M-1	5	3	No.9,10,20	MT-2	10	—	—			
M-1'		1	No.11	MT-3		—	—			
M-2		2	No.9,11	MT-4		—	—			

2) 筋肉サンプル解析結果

I. 遺伝的変異の地理的分布

ミトコンドリア DNA 解析により、宮城県内においては、表 2.3-6 に示すとおり、少なくとも4種類のハプロタイプの存在が確認された(表 2.3-6 のNo. 1～31については、宮城県(2008a)より引用した)。宮城県(2008a)では、「宮城 1」及び「宮城 2」の2種類のハプロタイプのみが確認されていたが、今回の調査において、「宮城 1」及び「宮城 2」に加え、新たに「宮城 3」と「宮城 4」の2種類のハプロタイプが確認された。各ハプロタイプの分布状況については、図 2.3-3 に示すとおり、「宮城 1」は仙台市を中心に広域で多数確認され、「宮城 2」は蔵王町を北限として県南部で確認された。「宮城 3」は県北沿岸部に位置する気仙沼地域で確認され、「宮城 4」は県北部の大崎市で確認されている。ハプロタイプのネットワーク図は図 2.3-4 に示すとおりである。

表 2.3-6 採取サンプル別のハプロタイプ

No.	ハプロタイプ	捕獲年月日	捕獲地点	No.	ハプロタイプ	捕獲年月日	捕獲地点
1	宮城1	2006/6/6	仙台市青葉区芋沢苦地	25	宮城1	2007/8/27	白石市弥治朗
2	宮城1	2006/8/15	仙台市青葉区宮城地区	26	宮城2	2007/8/31	蔵王町遠刈田七日原
3	宮城1	2006/8/24	仙台市太白区秋保地区滝原	27	宮城1	2007/9/4	色麻町小栗山
4	宮城1	2006/9/?	仙台市太白区秋保地区森安	28	宮城1	2007/9/4	川崎町溜水
5	宮城1	2006/9/16	仙台市太白区秋保地区	29	宮城1	2007/9/8	川崎町支倉殿上山
6	宮城1	2006/9/18	仙台市青葉区宮城地区	30	宮城1	2007/9/9	七ヶ宿町滑津島木野
7	宮城1	2006/9/22	仙台市青葉区宮城地区芋沢松葉沢	31	宮城2	2007/9/16	蔵王町東集団
8	宮城1	2006/9/22	仙台市青葉区宮城地区大倉中和泉	32	宮城1	2008/8/4	仙台市青葉区新川中村地区
9	宮城1	2006/9/29	仙台市青葉区宮城地区芋沢宅地	33	宮城1	2008/8/23	大和町宮床字笹倉
10	宮城1	2006/10/5	仙台市青葉区宮城地区新川中屋敷	34	宮城1	2008/8/23	秋保町馬場字新田町
11	宮城1	2006/10/12	仙台市青葉区宮城地区芋沢宅地	35		2008/8/29	栗原市栗駒文字地区
12	宮城1	2006/10/13	仙台市太白区秋保地区	36	宮城1	2008/9/9	大和町吉田南川上地区
13	宮城1	2006/10/22	仙台市青葉区宮城地区上愛子赤生木	37	宮城1	2008/9/10	栗原市一追姫松地区
14	宮城1	2006/10/31	仙台市太白区秋保地区野尻	38	宮城1	2008/9/11	村田町菅生地区
15	宮城1	2006/11/1	仙台市青葉区宮城地区大倉北谷地	39	宮城4	2008/9/11	大崎市川渡上原地区
16	宮城1	2006/11/5	仙台市青葉区宮城地区新川鹿野	40	宮城1	2008/9/13	蔵王町東集団地区
17	宮城1	2006/11/5	仙台市青葉区宮城地区新川	41	宮城1	2008/9/13	蔵王町七日原地区
18	宮城1	2006/11/8	仙台市青葉区宮城地区上愛子上十三枚田	42	宮城1	2008/9/13	川崎町大字川内天神地区
19	宮城1	2006/11/9	仙台市太白区秋保地区役場近く	43	宮城2	2008/9/14	白石市深谷三住地区
20	宮城1	2006/11/11	仙台市太白区秋保地区野尻	44		2008/9/19	加美町深田鹿原下合地区
21	宮城1	2006/11/17	仙台市太白区秋保地区町南	45	宮城1	2008/10/9	色麻町王城寺地区
22	宮城1	2006/11/17	仙台市青葉区宮城地区上愛子大森	46	宮城1	2008/11/14	色麻町平沢地区
23	宮城1	2007/8/11	富谷町志戸田	47		2008/11/28	栗原市一追狐崎地区
24	宮城1	2007/8/26	仙台市青葉区宮城地区十里	48	宮城3	2008/12/9	気仙沼市細尾地区

灰色で着色したサンプルは、ヘテロプラズミの可能性があるため、ハプロタイプが決定できなかった。

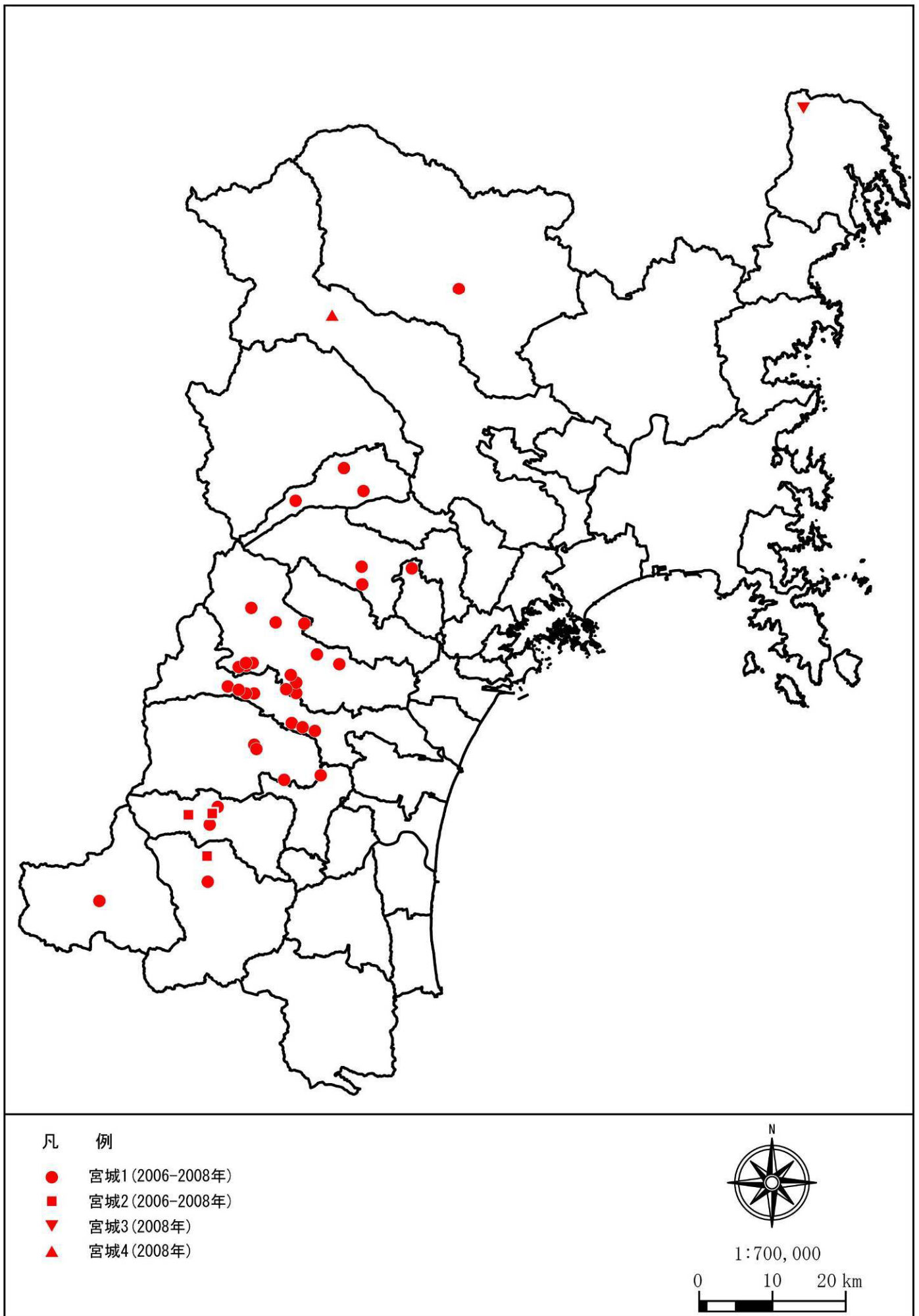


図 2.3-3 宮城県内のハプロタイプ分布図

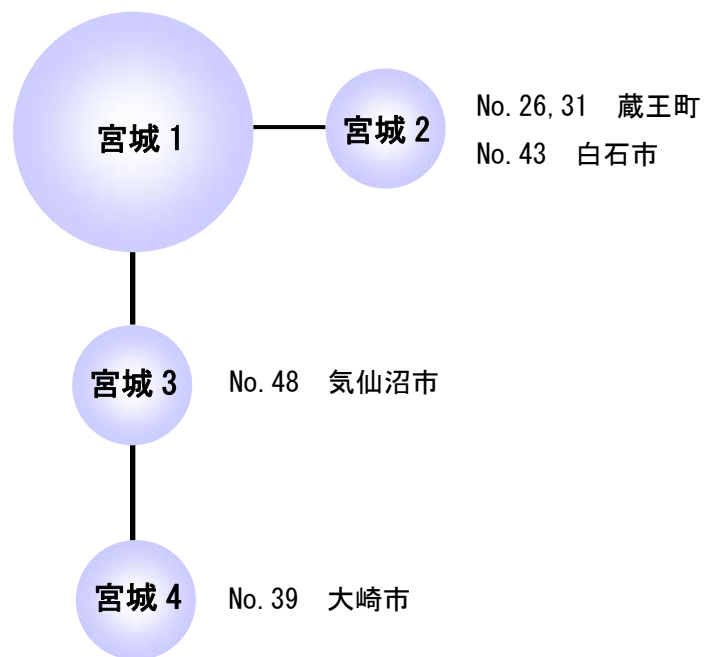


図 2.3-4 ハプロタイプネットワーク図

Ⅱ. 遺伝的多様性

表 2.3-6 に示す No. 1～No. 48 (ハプロタイプを決定できなかった No. 35、No. 44、No. 47 を除く) の個体を対象に、ハプロタイプ多様度及び遺伝子多様度を算出した結果、表 2.3-7 に示すとおり、ハプロタイプ多様度は 0.58 ± 0.060 、遺伝子多様度は 0.11 ± 0.090 の値を示した。

表 2.3-7 宮城県におけるハプロタイプ多様度及び遺伝子多様度

個体群	サンプル数	k	ハプロタイプ多様度	遺伝子多様度
宮城県	45	5	0.58 ± 0.060	0.11 ± 0.090

k : 検出されたハプロタイプ数 (T-repeat 変異含)

チミン塩基リピートの扱いを先行研究と統一して比較したため、表 2.3-7 では、ハプロタイプが 5 種類とされている。

(4) 痕跡調査

① 調査目的

痕跡調査の目的は、以下に示すとおりである。

- 📌 個体数推定に資するデータの収集
- ・ (5) 個体数の推定 に示す個体数推定法に用いるデータの収集
(体毛サンプルから明らかになった個体識別情報と痕跡調査結果から、宮城県内のツキノワグマの個体数を推定する)

② 痕跡調査の位置づけ

「個体数の推定」までの流れと痕跡調査の位置づけを図 2. 4-1 に示す。

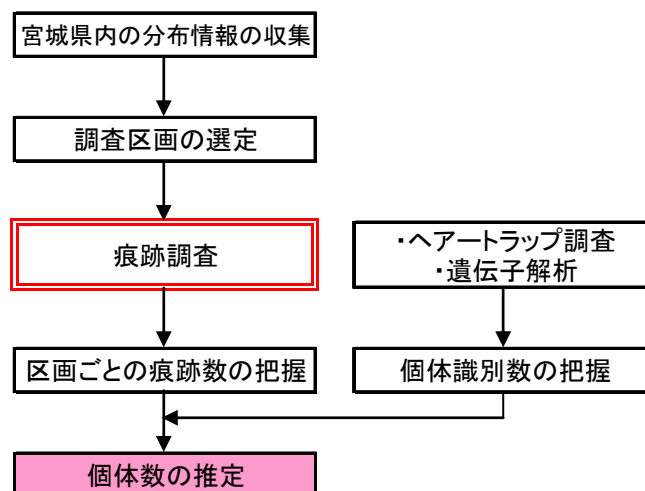


図 2. 4-1 痕跡調査の位置づけ

③ 調査方法

1) 調査区画

3次メッシュにより、2km四方を1区画とし、50区画を調査対象区画として選定した。50区画のうち、10区画は「2. 調査内容 (2) ヘアートラップ調査」の項に示した、ヘアートラップを設置した区画(図 2. 2-4(1))を対象とした。残りの40区画は、文献や出没情報、有害捕獲状況からツキノワグマが生息していると考えられる区画から選定した。図 2. 4-2 には文献や出没情報、有害捕獲状況によりツキノワグマが生息していると考えられるエリア(以後、ツキノワグマ生息域とする)とともに、痕跡調査区画を示した。なお、宮城県内のツキノワグマ生息域は、以下に示す資料を用いて抽出した。

- ◆ 第5回自然環境保全基礎調査 動植物分布調査報告書 哺乳類(環境省, 2002)
- ◆ 第6回自然環境保全基礎調査 種の多様性調査 哺乳類分布調査報告書
(環境省, 2004)
- ◆ 平成7～20年度 宮城県有害鳥獣駆除情報、出没・交通事故情報
(<http://www.pref.miyagi.jp/sizenhogo/seibutu/honyurui/kuma/kuma.htm>)
- ◆ 平成14年度 宮城県ツキノワグマ生息状況調査委託業務 報告書(宮城県, 2003)

2) 踏査方法

「1) 調査区画」で設定した1区画内を2人1組で踏査し、ツキノワグマの痕跡の確認に努め、痕跡数をカウントした。「2. 調査内容 (5) 個体数の推定」における推定方法では、最近のツキノワグマの生息情報を用いる必要があるため、対象とした痕跡は足跡と糞のみとし、クマ棚や爪痕は用いなかった(図 2. 4-3)。なお、足跡が1個所に多数確認された際、その大きさなどから同一個体のものと判断された場合は痕跡数 1、2個体分の足跡が混在していると判断された場合は痕跡数 2 とカウントした。調査時間は、努力量を一定にするため、1区画2時間とした。踏査ルートは当該区画の地形、野生動物の利用が考えられるけもの道の状況等により任意に設定した。全50区画の踏査は、ヘアートラップ設置期間中である10月20日～31日の期間に実施した。



図 2. 4-3 不採用の痕跡(左側2枚)及び採用した痕跡(右側2枚)

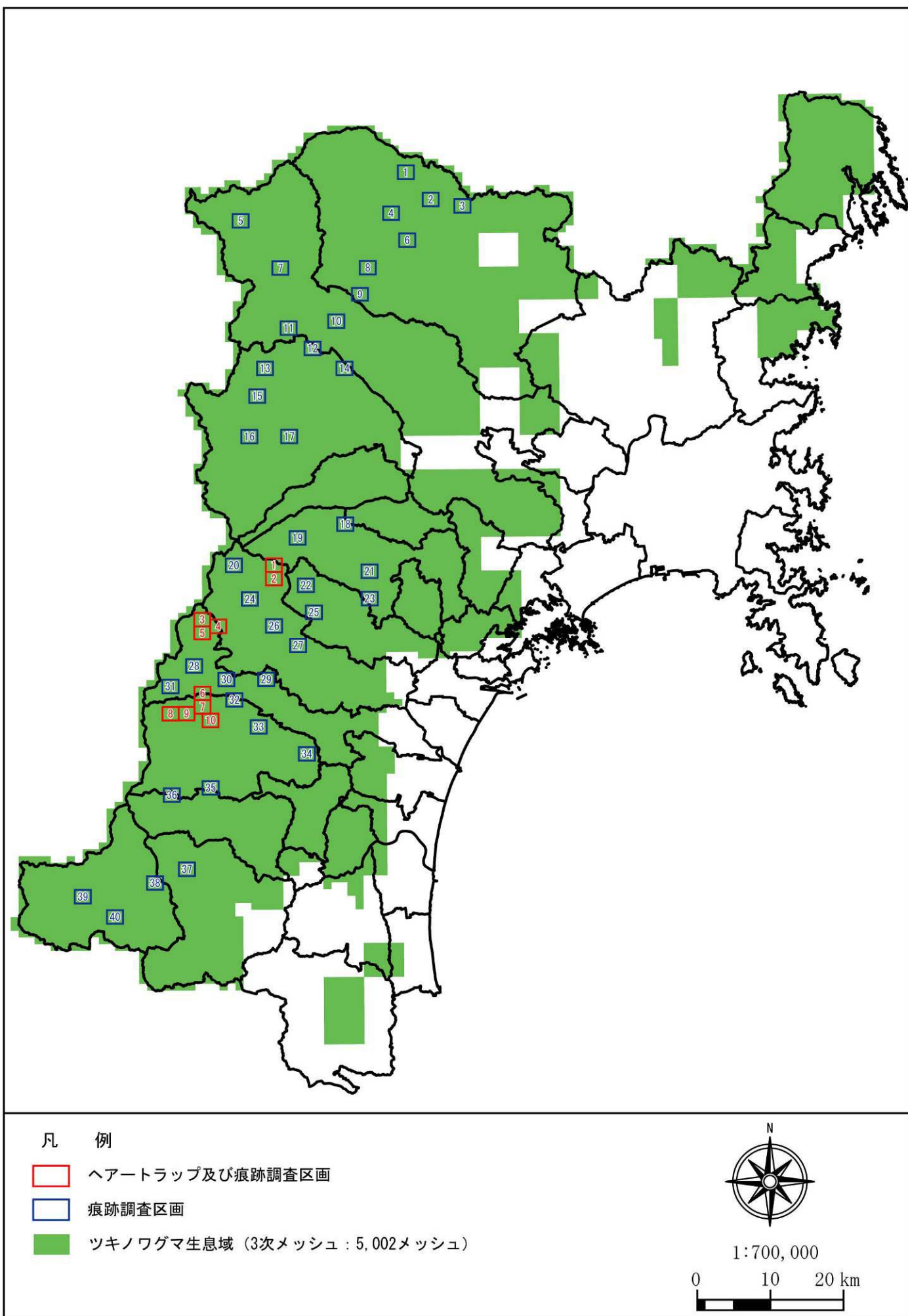


図 2.4-2 痕跡調査区画位置

④ 調査結果

1) 痕跡確認状況

ヘアートラップ及び痕跡調査が対象となっている区画の痕跡調査結果を体毛採取数とともに表 2.4-1 に、痕跡調査のみが対象となっている区画の痕跡調査結果を表 2.4-2 に示す。

ヘアートラップ及び痕跡調査が対象の区画では、合計痕跡数が 9 で平均痕跡数は 0.90 であった。区画 No. 4 で痕跡数が 3 と最も多く、次いで区画 No. 5 及び No. 9 で 2、区画 No. 1 及び No. 2 で 1 であり、その他の区画では痕跡は確認されなかった。

痕跡調査のみが対象の区画では、合計痕跡数が 25 で平均痕跡数は 0.63 であった。確認された痕跡数は 0～4 で、痕跡数が 0 だった区画数が 27 と最も多く、次いで、痕跡数が 1 の区画数が 6 であった。また、痕跡数が 2 の区画数は 4、痕跡数が 3 の区画数は 1、痕跡数が 4 の区画数は 2 であった。

ヘアートラップ及び痕跡調査対象の区画、痕跡調査のみ対象の区画をあわせた結果を表 2.4-3 に示す。表 2.4-3 には、痕跡数別の区画数を示した。痕跡数が 0 であった区画数は 32 であり、全体の 64% を占め、次いで痕跡数が 1 であった区画数は 8 で、全体の 16% であった。また、痕跡数が 2 の区画数は 6、痕跡数が 3 及び 4 の区画数は 2 であった。

表 2.4-1 ヘアートラップ及び痕跡調査対象の区画あたりの痕跡数及び体毛採取数

ヘアートラップ＋痕跡調査区画		
区画No.	痕跡数	体毛サンプル
1	1	24
2	1	21
3	0	18
4	3	15
5	2	35
6	0	0
7	0	0
8	0	6
9	2	48
10	0	0
合計	9	167

表 2.4-3 痕跡数別の区画数(全体)

痕跡数	区画数	割合(%)
0	32	64
1	8	16
2	6	12
3	2	4
4	2	4
合計	50	100

表 2.4-2 痕跡調査対象の区画あたりの痕跡数

痕跡調査のみの区画			
区画No.	痕跡数	区画No.	痕跡数
1	0	21	0
2	0	22	1
3	0	23	0
4	0	24	2
5	0	25	1
6	0	26	0
7	0	27	0
8	0	28	1
9	2	29	2
10	0	30	4
11	3	31	0
12	0	32	1
13	1	33	0
14	0	34	0
15	0	35	0
16	1	36	2
17	0	37	0
18	0	38	0
19	0	39	0
20	4	40	0
合計:25			

2) 痕跡数及び体毛採取数の関係

表 2.4-1 に示す区画別のデータを基に、各セッションにおけるトラップあたりの体毛採取数(=区画内の合計体毛採取数/区画内のトラップ数/セッション)と痕跡数の関係を解析した結果、図 2.4-4 に示すように、有意な正の相関関係がみられた($N=10$, $r=0.677$, $t=2.599$, $p=0.032$)。痕跡数が多く確認された区画では、体毛も多く採取される傾向にあった。

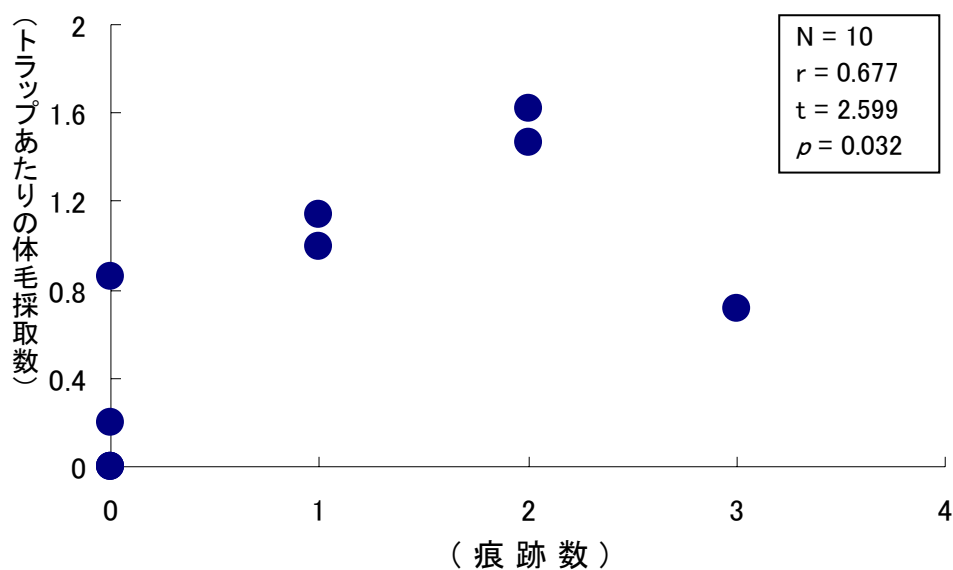


図 2.4-4 痕跡数と体毛採取数の関係

(5) 個体数の推定

① 個体数推定目的

個体数推定の目的は、以下に示すとおりである。

- ✚ 適切な保護管理施策を策定するために、宮城県内のツキノワグマ個体数を把握する。
- ・ 現在の推定個体数は 300～800 と試算されている。バラツキを小さくし、推定個体数の確度を上げ、保護管理施策に反映する。

② 個体数推定までの流れ

個体数推定までの流れを、図 2.5-1 に示す。

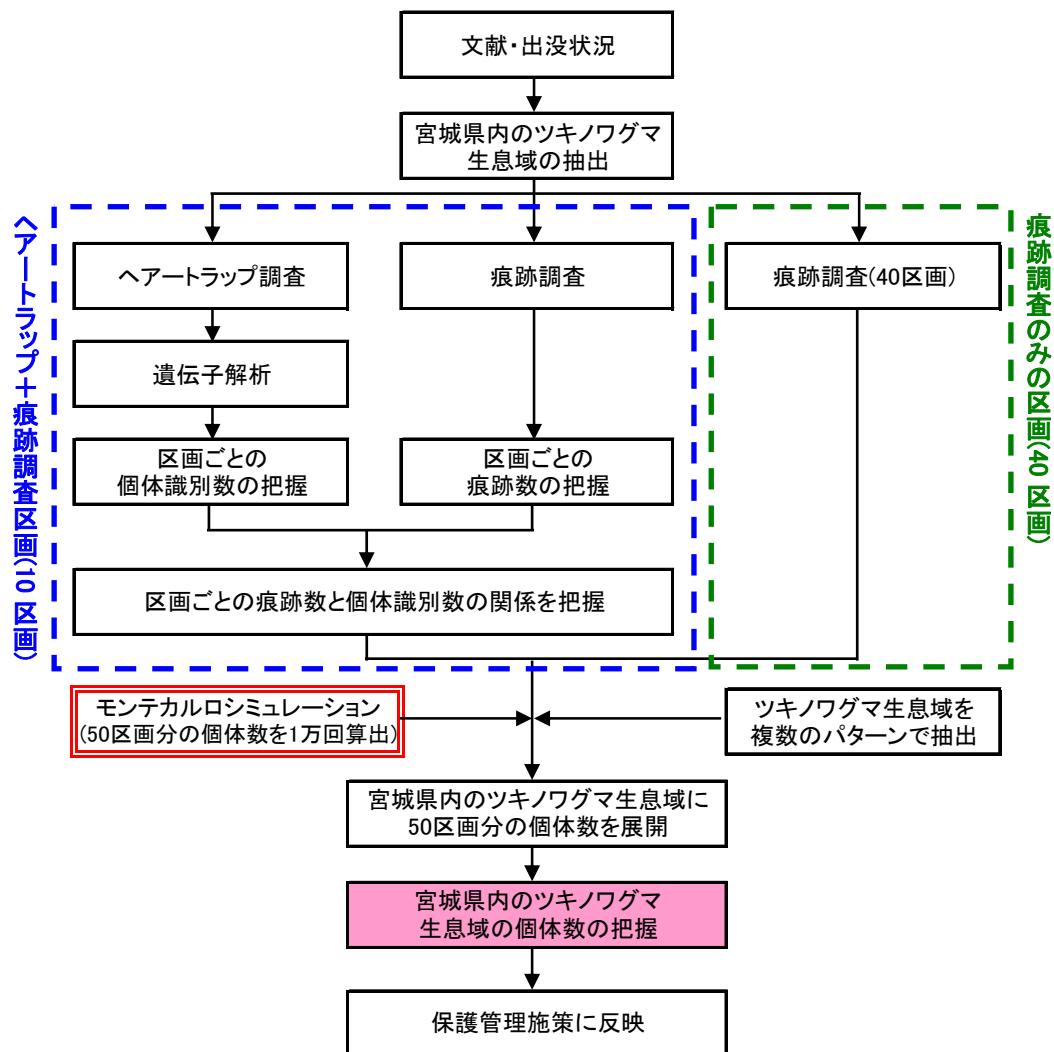


図 2.5-1 個体数推定までの流れ

③ 個体数推定方法

1) 個体数推定方法

個体数の推定は岡ほか(2007)を参考に以下の方法により行った。

まず、ヘアートラップ調査及び痕跡調査を対象とした区画(10 区画)において、各区画の痕跡数及び識別個体数のデータを用い、表 2.5-1 に示すような関係性を把握した(表 2.5-1 は参考例である)。次に文献や出没情報、有害駆除地点情報などを基に、宮城県内のツキノワグマ生息域を複数のパターンで抽出した(次項の「3) ツキノワグマ生息域の抽出」を参照；図 2.5-3(1)～(12))。次いで、痕跡調査を実施した区画(50 区画)において、各区画の痕跡数は、表 2.5-1 に示す関係性を反映していると仮定して、モンテカルロシミュレーション*を行い、50 区画分の個体数を 10,000 回算出した。最後に、算出された 50 区画分の個体数を、宮城県内のツキノワグマ生息域として抽出されたエリア全域について拡張(面積換算)し、ツキノワグマの個体数を推定した。

今回、岡ほか(2007)の提案する手法を用いた理由として、岩手県で保護管理計画を立案する際に本手法を用いており(岩手県, 2007)、実績があること、また、同様な手法を用いることによって、隣県である岩手県と推定個体数の比較が可能になることが挙げられる。更に、本手法は、痕跡数と識別個体数の関係が十分に明らかとなった場合、個体数の見直しは痕跡調査のみ実施することで可能となる、といった利点があることも適用した理由である。

表 2.5-1 痕跡数と個体識別数の関係（参考例）

		識別された個体数			
		0個体	1個体	2個体	3個体
区画あたりの痕跡数	0	1	1	—	—
	1	1	1	2	—
	2	—	1	1	—
	3	—	—	1	1

表内の数値は区画数を示す。

*モンテカルロシミュレーション

今回の調査で実施したモンテカルロシミュレーションは、具体的には、以下に示す方法を用いた(調査対象区画：50、試行回数 10,000 とする)。

表 2.5-1 痕跡数と個体識別数の関係(参考例)

区画あたりの 痕跡数		識別された個体数			
		0個体	1個体	2個体	3個体
の 痕 跡 数	0	1	1	—	—
	1	1	1	2	—
	2	—	1	1	—
	3	—	—	1	1

表内の数値は区画数を示す。

- ◆ 1/2 の確率で 0 個体、1/2 の確率で 1 個体となるようにランダムに配分
- ◆ 1/4 の確率で 0 個体、1/4 の確率で 1 個体、1/2 の確率で 2 個体となるようにランダムに配分
- ◆ 1/2 の確率で 1 個体、1/2 の確率で 2 個体となるようにランダムに配分
- ◆ 1/2 の確率で 2 個体、1/2 の確率で 3 個体となるようにランダムに配分

計算 回数	区画No.(上段)/痕跡数(下段)							合計
	1	2	3	4	5	...	50	
	0	2	1	0	3	...	0	
1	0	1	0	1	2		1	n_1
2	1	2	1	1	3		0	n_2
3	1	2	2	0	3		1	n_3
4	1	1	2	0	3		0	n_4
5	0	1	0	0	2		0	n_5
...	...	...	...	...	...		...	...
10,000	0	2	2	1	2		1	$n_{10,000}$

宮城県内のツキノワグマ生息域が仮に 1,000 区画分あったとすると、宮城県内の推定個体数 N は...

$$N_1 = n_1 \times 1,000 / 50$$

$$N_2 = n_2 \times 1,000 / 50$$

$$N_3 = n_3 \times 1,000 / 50$$

⋮

⋮

⋮

⋮

$$N_{10,000} = n_{10,000} \times 1,000 / 50 \quad \text{で表せる}$$

表内の数値は識別された個体数を示す。

$N_1 \sim N_{10,000}$ の値を用いてヒストグラムを作成し、分布のバラツキや中央値を算出し、宮城県内のツキノワグマの推定個体数を試算する。

実際のシミュレーションは、フリーの統計解析ソフト R(Ver. 2.8.1)を用いて行ったが、表計算ソフトのエクセル上でマクロ(プログラム)を組むことでも実施可能である。R 及びエクセル上で組んだプログラムを資料編の資料-IVに示す。

2) ツキノワグマ生息域の抽出

ツキノワグマの生息域は以下及び図 2.5-2 に示す方法により、1km メッシュとヘアー
トラップ及び痕跡調査区画の規格に合わせた 2km メッシュで各 6 パターン、合計 12 パ
ターンで抽出した。各パターンのツキノワグマ生息域位置は図 2.5-3(1)～(12)に示す
とおりである。

【ツキノワグマ生息域抽出文献】

- 第 5 回自然環境保全基礎調査 動植物分布調査報告書 哺乳類(環境省,2002)
- 第 6 回自然環境保全基礎調査 種の多様性調査 哺乳類分布調査報告書
(環境省,2004)
- 平成 7～20 年度 宮城県有害鳥獣駆除情報、出没・交通事故情報
(<http://www.pref.miyagi.jp/sizenhogo/seibutu/honyurui/kuma/kuma.htm>)
- 平成 14 年度 宮城県ツキノワグマ生息状況調査委託業務 報告書(宮城県,2003)

【ツキノワグマ生息域抽出方法】

- パターン 1: 上記文献の生息情報、宮城県で収集した出没状況・有害駆除情報がメッシュ
内に少しでも含まれれば、生息域メッシュとして抽出
- パターン 2: パターン 1 から生息情報が非常に少ない、宮城県内の北上高地、阿武隈山地
に分布する生息域メッシュを削除
- パターン 3: パターン 2 から恒常的な生息地となっていない東北自動車道以東の生息域メ
ッシュを削除
- パターン 4: パターン 3 の生息域メッシュ図と宮城県森林図(宮城県,2008b)を重ね合わ
せ、メッシュ内の市街地や耕作地、牧草地(森林以外の環境)といったツキノ
ワグマの生息環境として不適な環境の面積が 75%以上を占めるメッシュをパ
ターン 3 から削除
- パターン 5: 加藤・加藤(1987)によると宮城県のツキノワグマの分布は標高 1,000～
1,200m までであると記載されているため、パターン 4 の生息域メッシュ図と宮
城県現存植生図(宮城県,1981)を重ね合わせ、メッシュ内の亜高山帯植生
(亜高山帯落葉広葉樹低木林・ハイマツ低木林・火山及び硫気高原植物群
落)の面積が 75%以上を占めるメッシュをパターン 4 から削除
- パターン 6: Hazumi and Maruyama(1987)や米田(2005)にツキノワグマの主な生息環境は
落葉広葉樹林であると示されているため、パターン 5 の生息域メッシュ図と宮
城県現存植生図(宮城県,1981)を重ね合わせ、メッシュ内の人工林(植林
地:クロマツ植林・アカマツ植林・ヒノキ植林・スギ植林・カラマツ植林)の面積が
75%以上を占めるメッシュをパターン 5 から削除

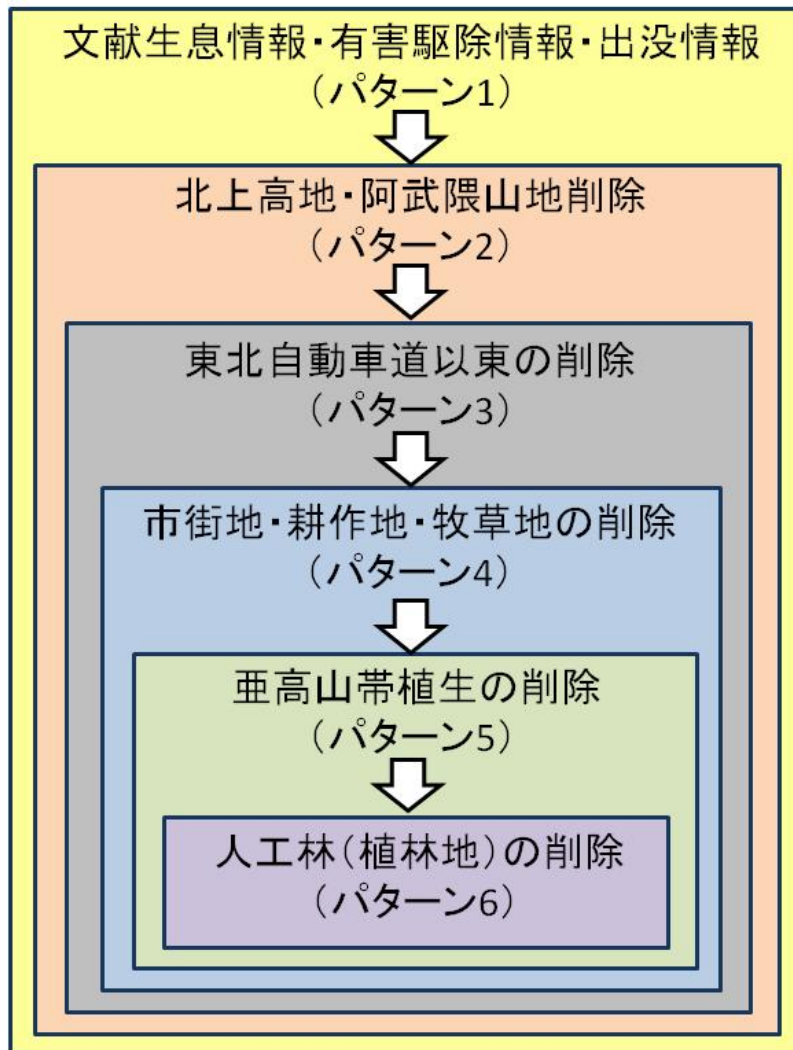


図 2.5-2 ツキノワグマ生息域抽出方法

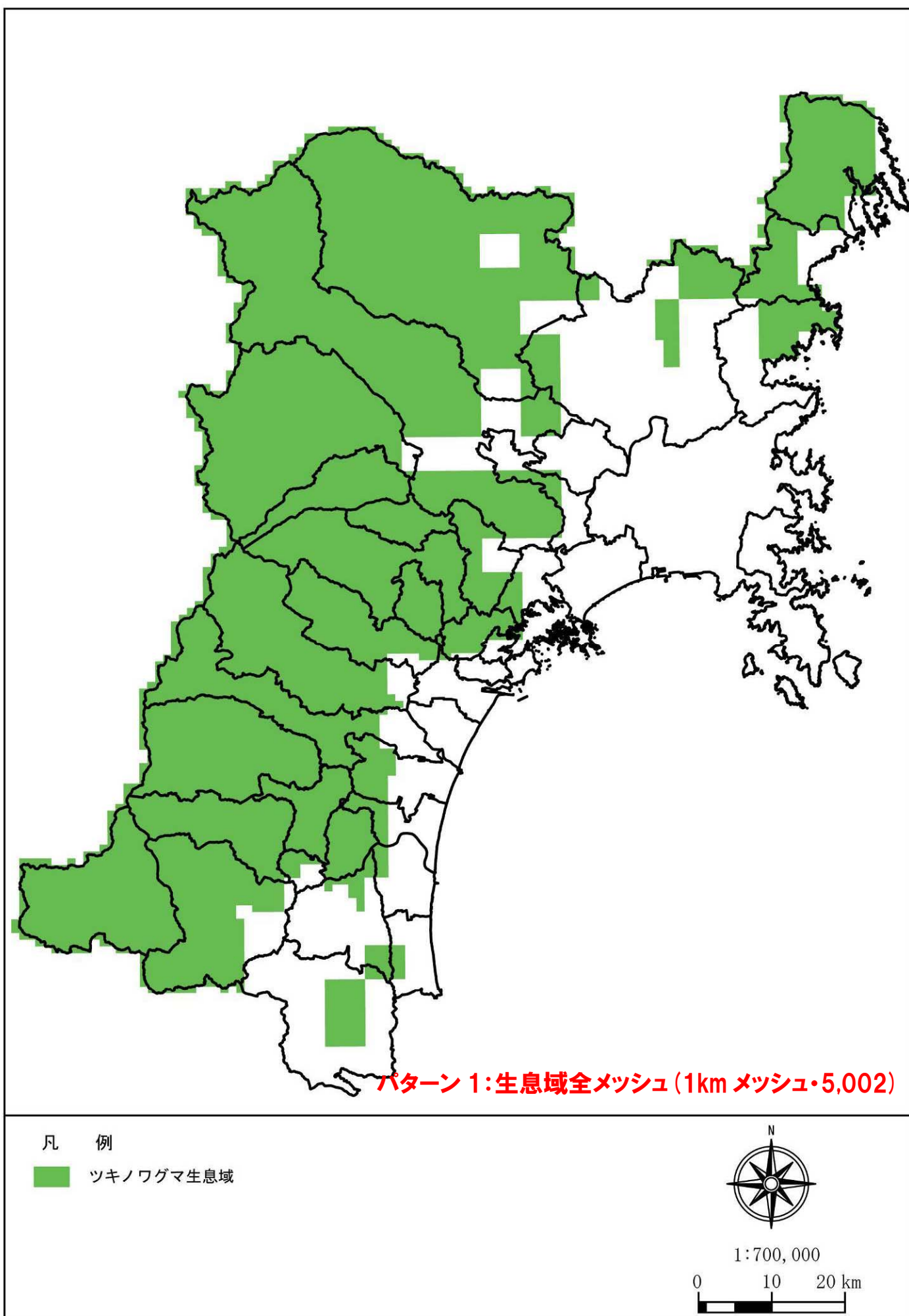


図 2.5-3(1) ツキノワグマ生息域(パターン1)

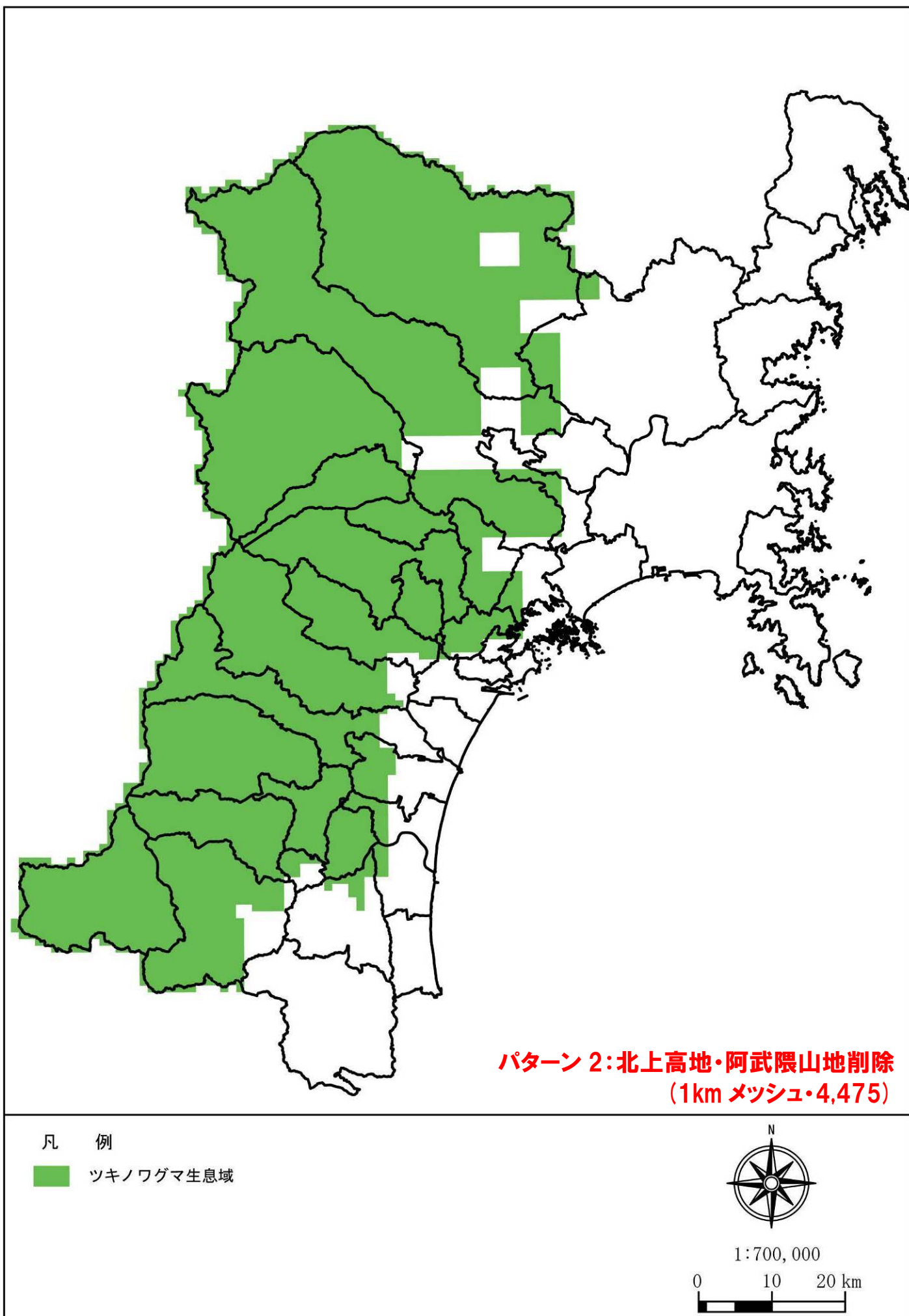


図 2.5-3(2) ツキノワグマ生息域(パターン 2)

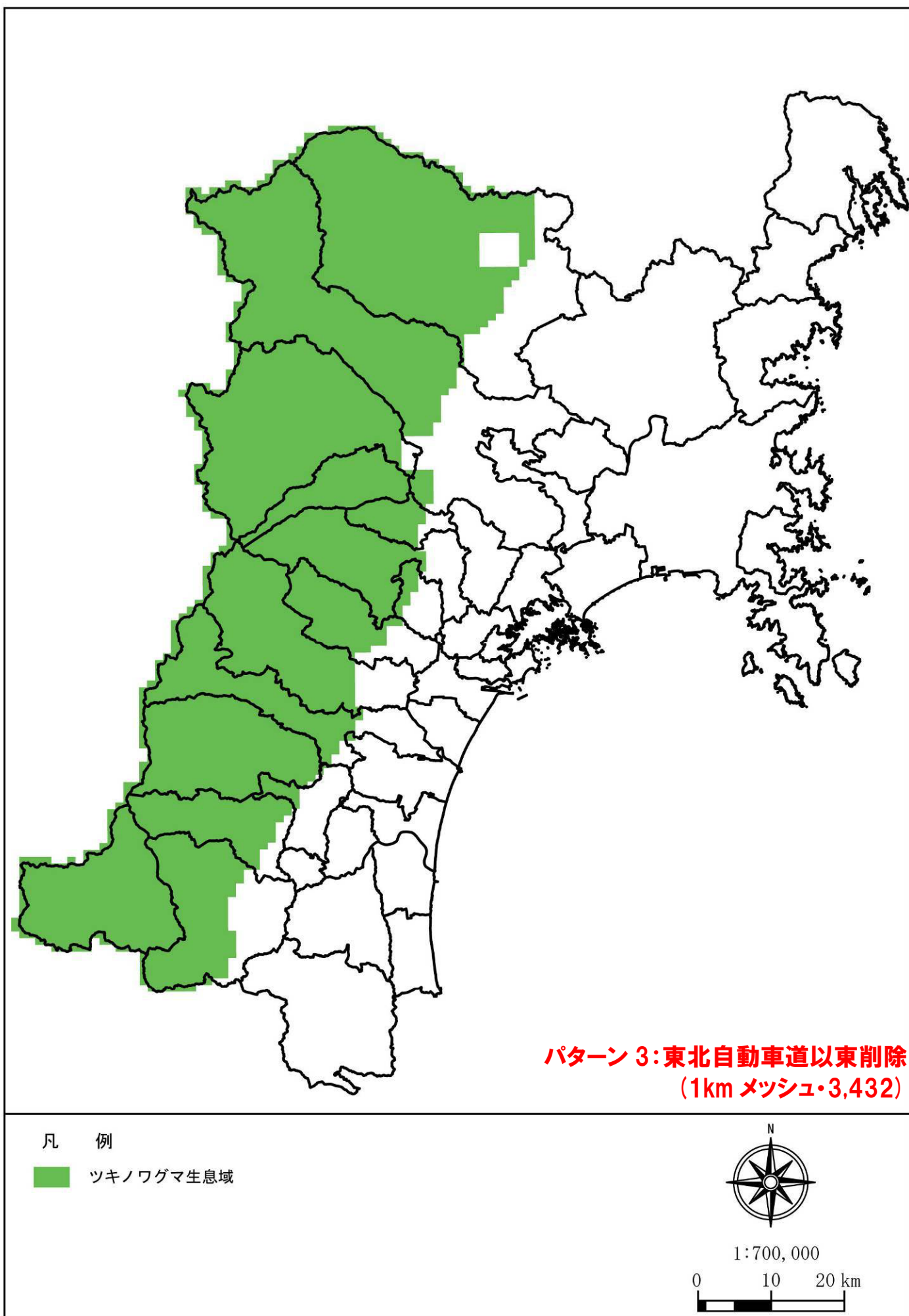


図 2.5-3(3) ツキノワグマ生息域(パターン 3)

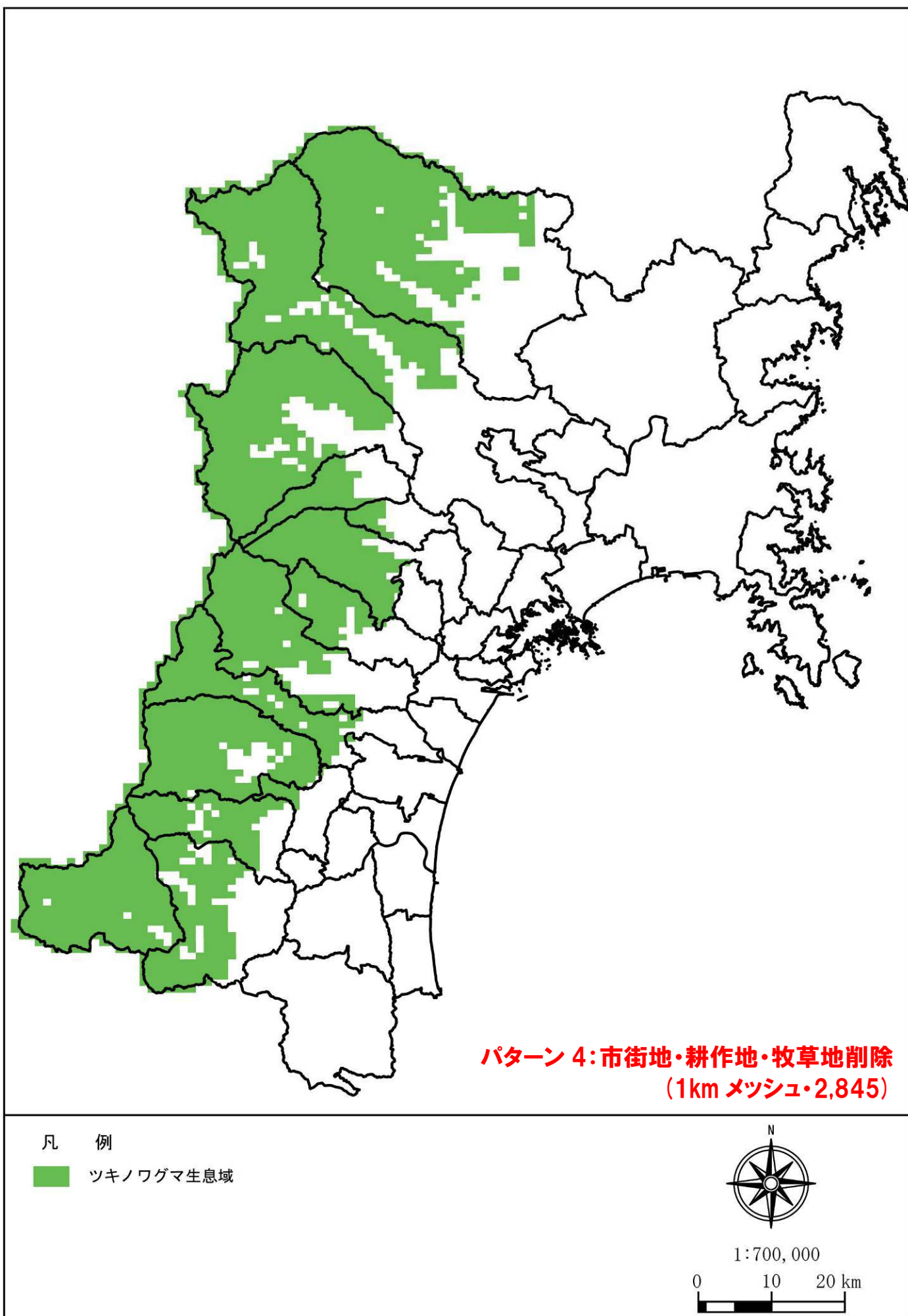


図 2. 5-3 (4) ツキノワグマ生息域 (パターン 4)

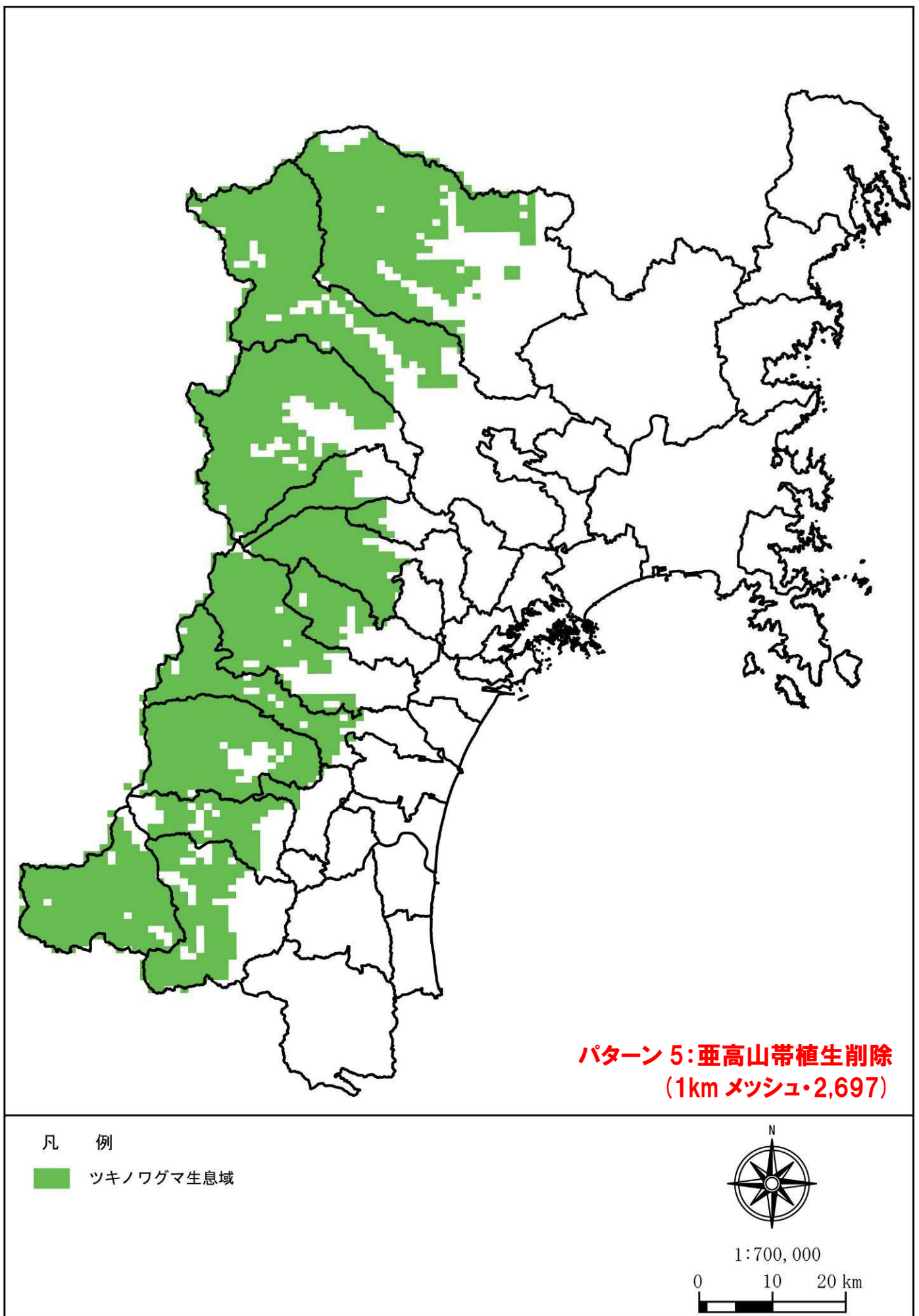


図 2.5-3(5) ツキノワグマ生息域(パターン5)

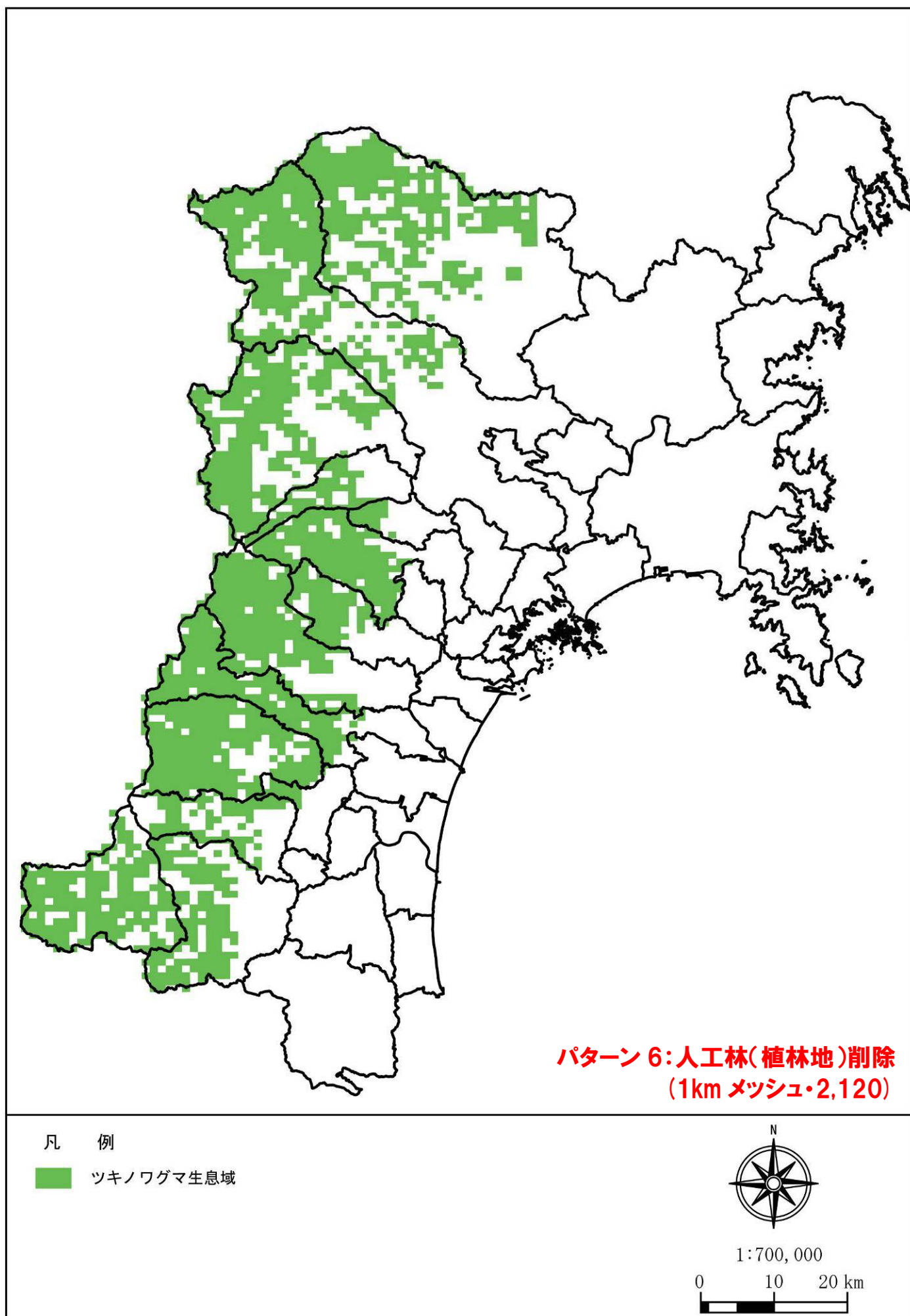


図 2.5-3(6) ツキノワグマ生息域(パターン 6)

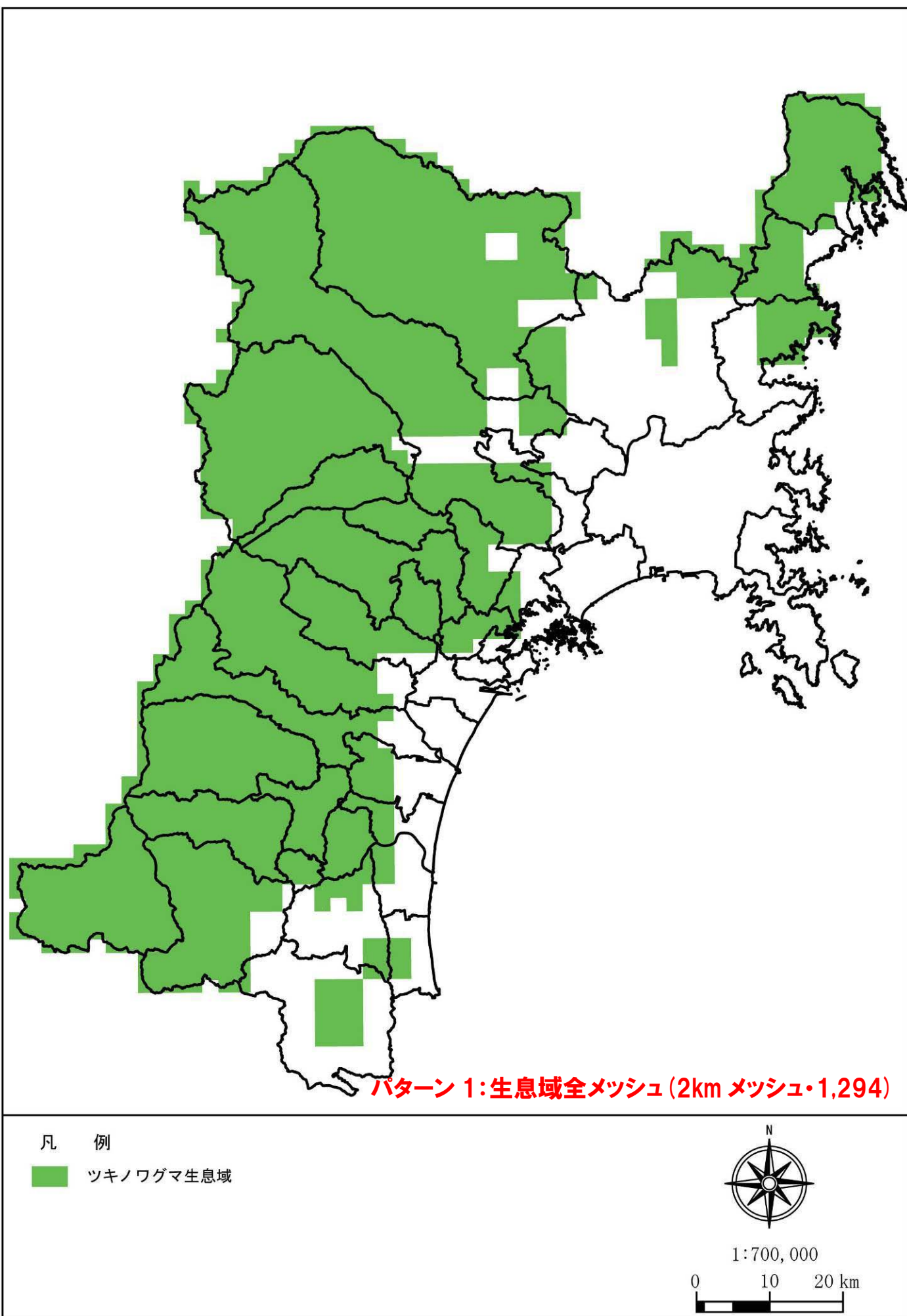


図 2.5-3(7) ツキノワグマ生息域 (パターン 1)

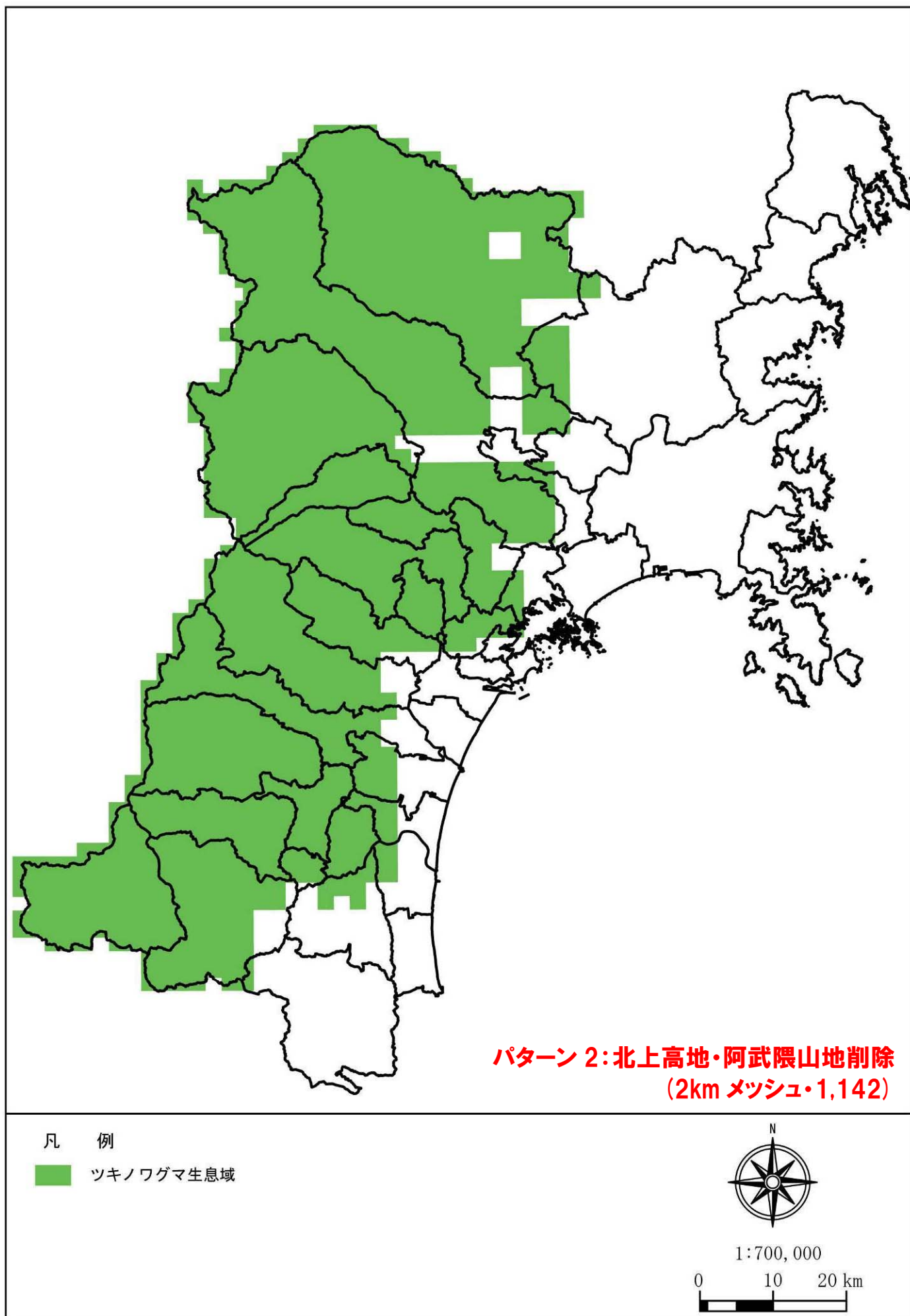


図 2.5-3(8) ツキノワグマ生息域(パターン2)

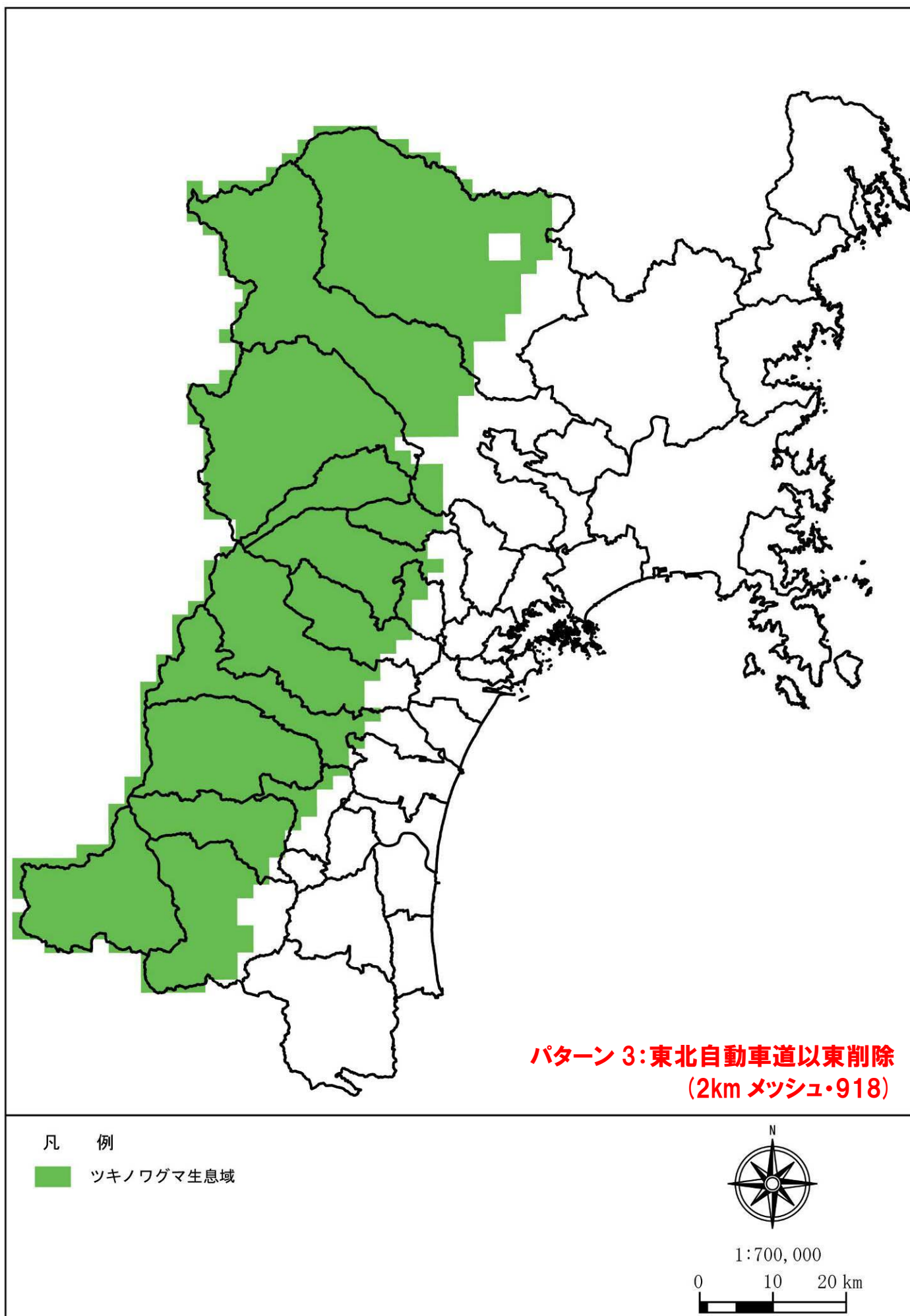


図 2.5-3(9) ツキノワグマ生息域(パターン3)

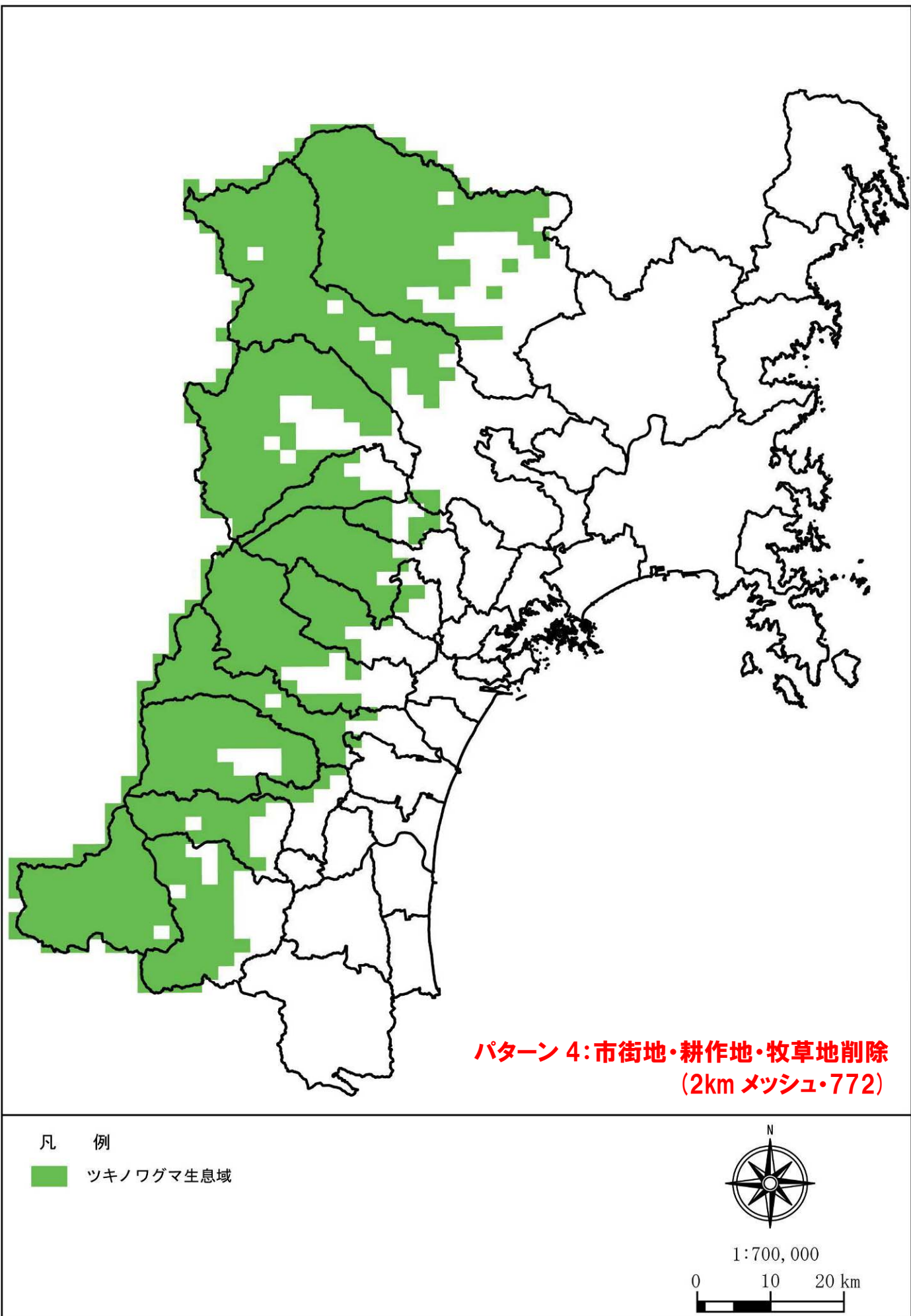


図 2. 5-3(10) ツキノワグマ生息域(パターン 4)

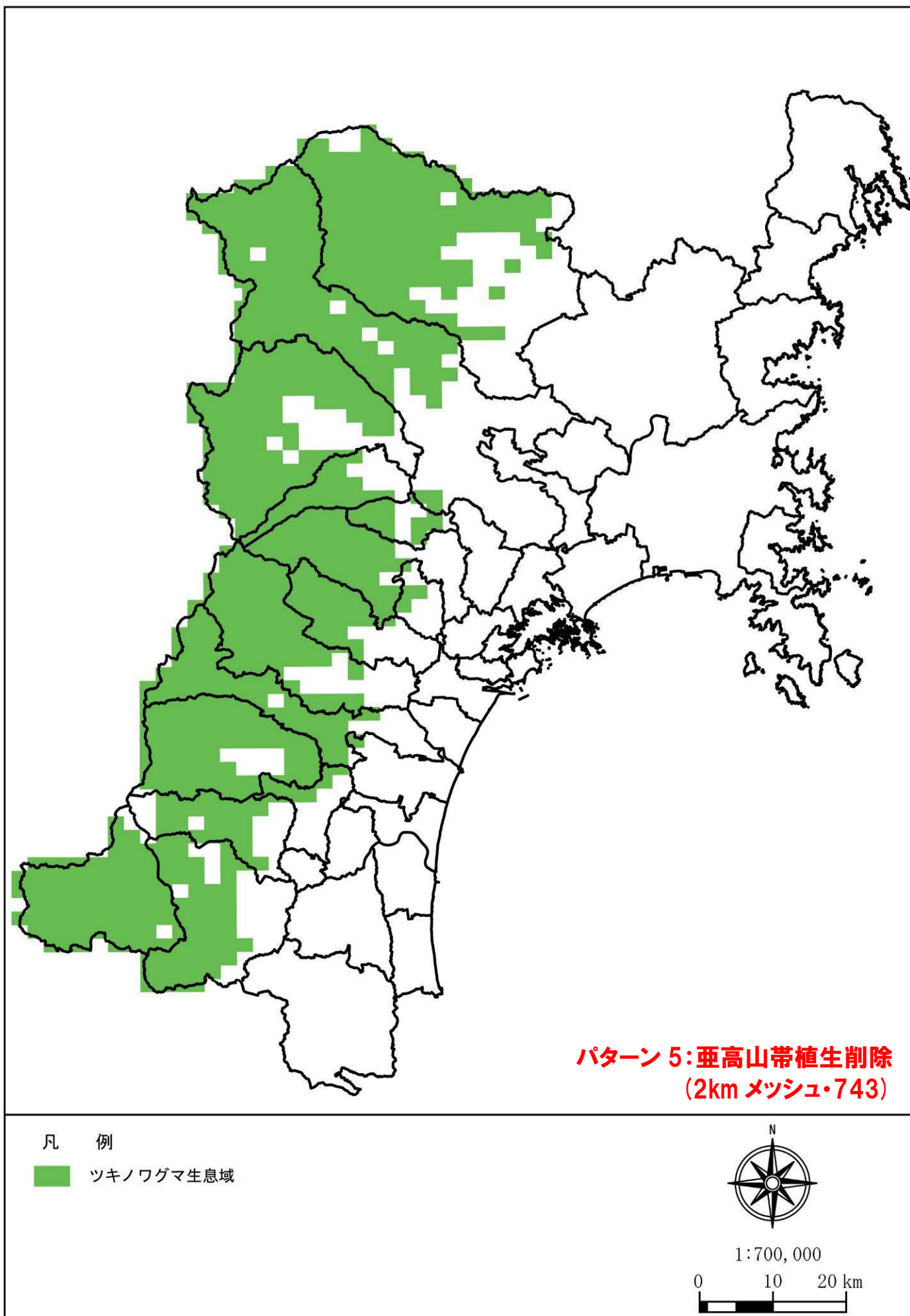


図 2.5-3(11) ツキノワグマ生息域(パターン 5)

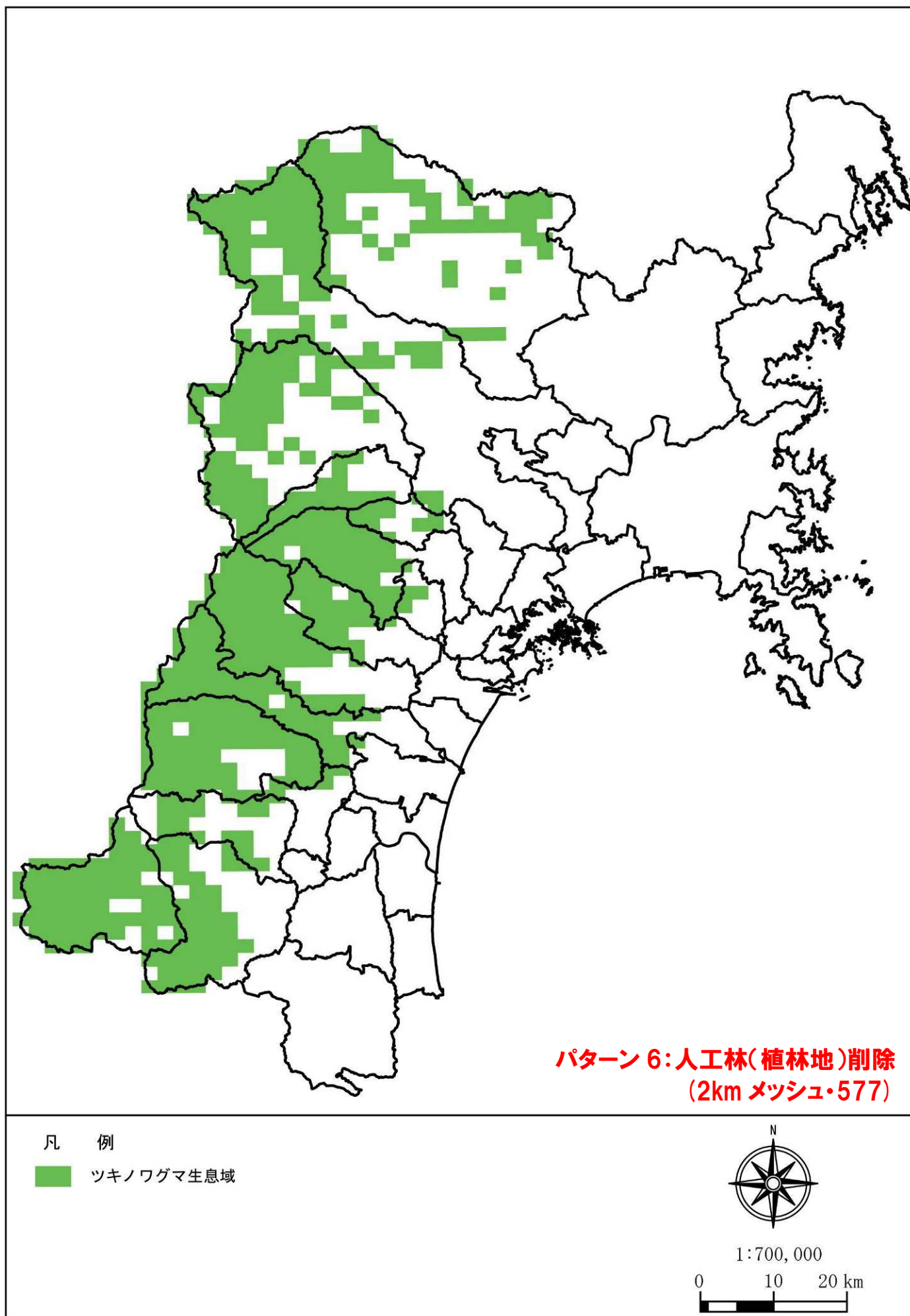


図 2.5-3(12) ツキノワグマ生息域(パターン 6)

④ 個体数推定結果

1) 痕跡数と識別個体数の関係

区画あたりの痕跡数と体毛サンプルから得られた識別個体数の関係は表 2.5-2(1)及び表 2.5-2(2)に示すとおりである。区画あたりの痕跡数と識別個体数との間に有意な正の相関関係が得られた(パラメトリックな Pearson の積率相関係数は $r=0.623$, $t=2.254$, $p=0.054$ となったが、ノンパラメトリックな Kendall の順位相関係数は $\tau=0.621$, 統計量=2.501, $p=0.012$ となった)。したがって、痕跡調査を実施した 50 区画において、各区画の痕跡数は表 2.5-2(1)の関係性を反映していると仮定してモンテカルロシミュレーションを行い、その後、宮城県内のツキノワグマ生息域に拡張して個体数を推定した。

表 2.5-2(1) 区画あたりの痕跡数に対する識別個体数別の区画数

		識別個体数					
		0	1	2	3	4	5
区画あたりの痕跡数	0	3	1	1	—	—	—
	1	—	—	—	—	1	1
	2	—	—	—	—	—	2
	3	—	—	1	—	—	—

表 2.5-2(2) 区画別の痕跡数及び識別個体数

区画No.	痕跡数	識別個体数
1	1	4
2	1	5
3	0	2
4	3	2
5	2	5
6	0	0
7	0	0
8	0	1
9	2	5
10	0	0

2) 複数のパターンでの推定個体数

ツキノワグマ生息域 1km 及び 2km メッシュ評価で各 6 パターン、合計 12 パターンで個体数を推定した結果を図 2.5-4(1)～(12)及び表 2.5-3(1)～(2)に示す。なお、ヘアートラップ及び痕跡調査区画(10 区画)において、確認痕跡数 4 の区画がなかったため、表 2.5-2(1)に痕跡数 4 の識別個体数のパターンを示すことができない。一方、痕跡調査のみ実施した区画(40 区画)では痕跡数 4 の区画があり、その区画は表 2.5-2(1)を用いてシミュレーションすることができない。そのため、シミュレーションの際、痕跡数が 4 の区画には、表 2.5-2(1)の区画あたりの痕跡数 3 の識別個体数のパターンを使用してシミュレーションした。

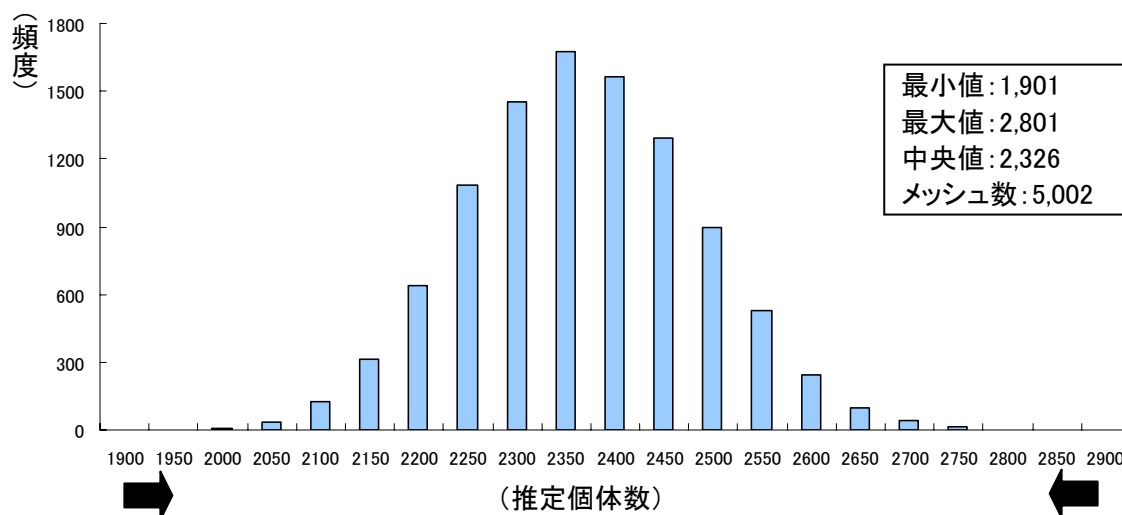


図 2.5-4(1) パターン 1(生息情報のある全てのメッシュ ; 1km メッシュ)の推定個体数

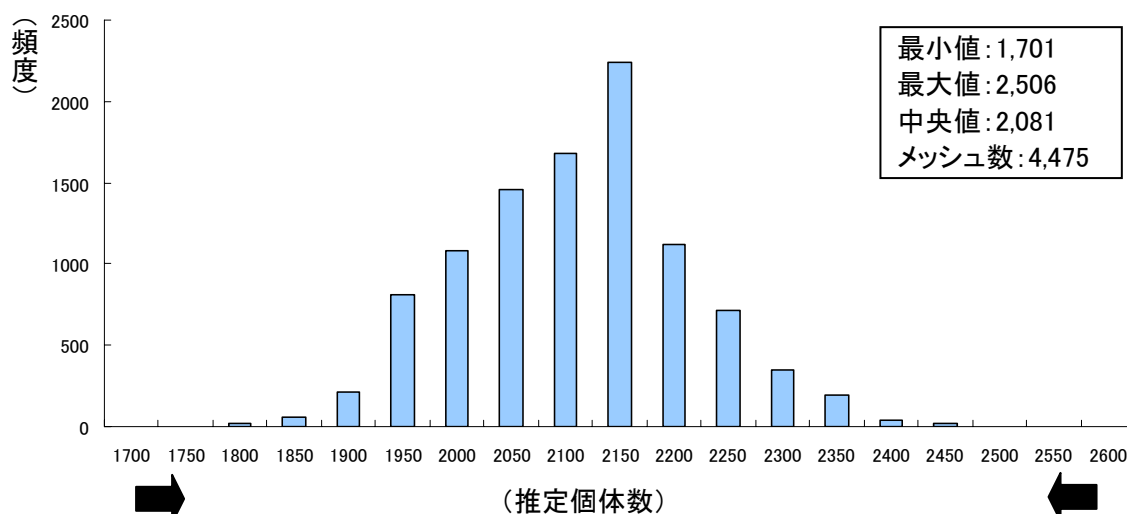


図 2.5-4(2) パターン 2(北上高地・阿武隈山地削除 ; 1km メッシュ)の推定個体数

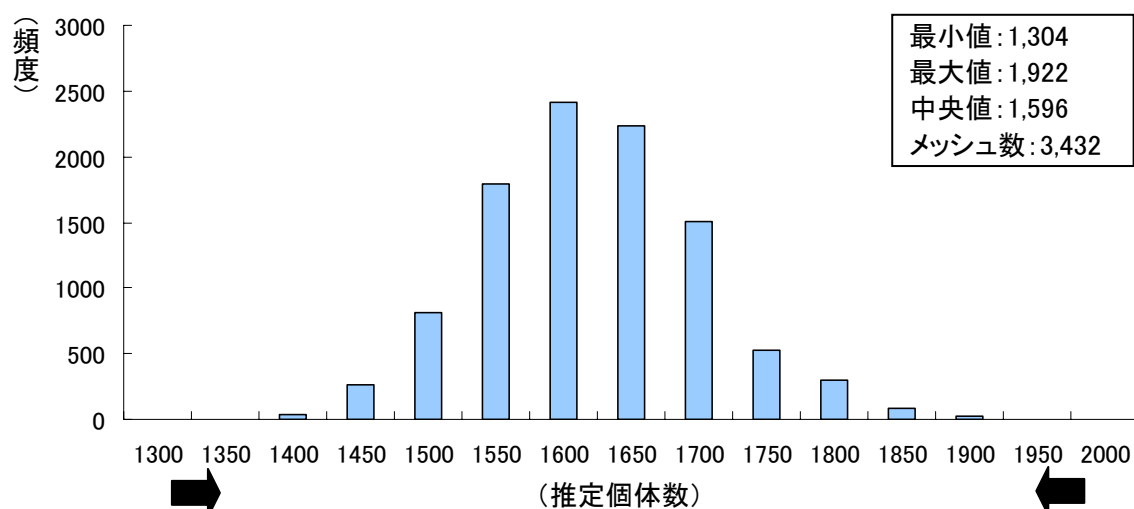


図 2.5-4(3) パターン 3(東北自動車道以東削除; 1km メッシュ)の推定個体数

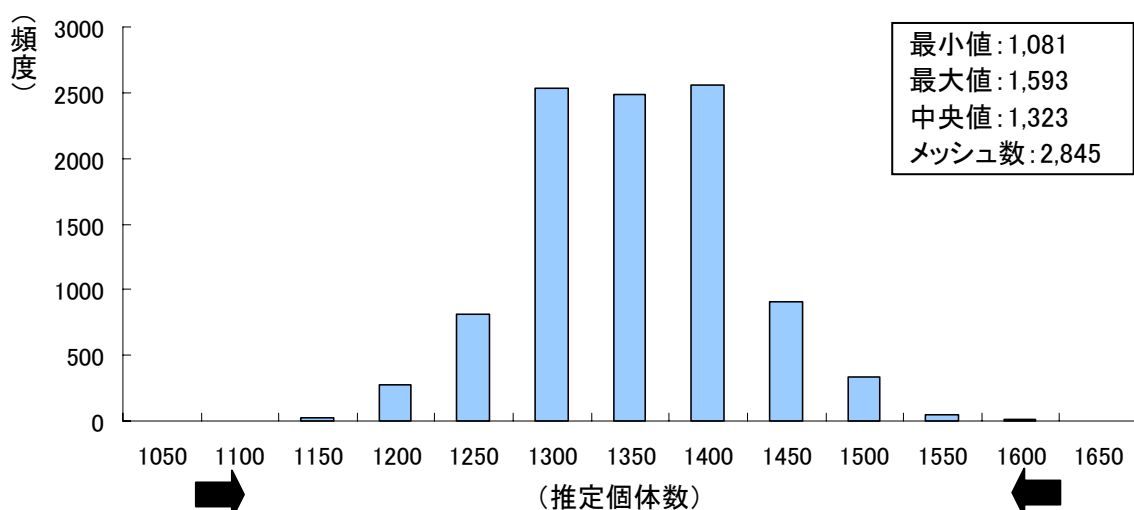


図 2.5-4(4) パターン 4(市街地・耕作地・牧草地削除; 1km メッシュ)の推定個体数

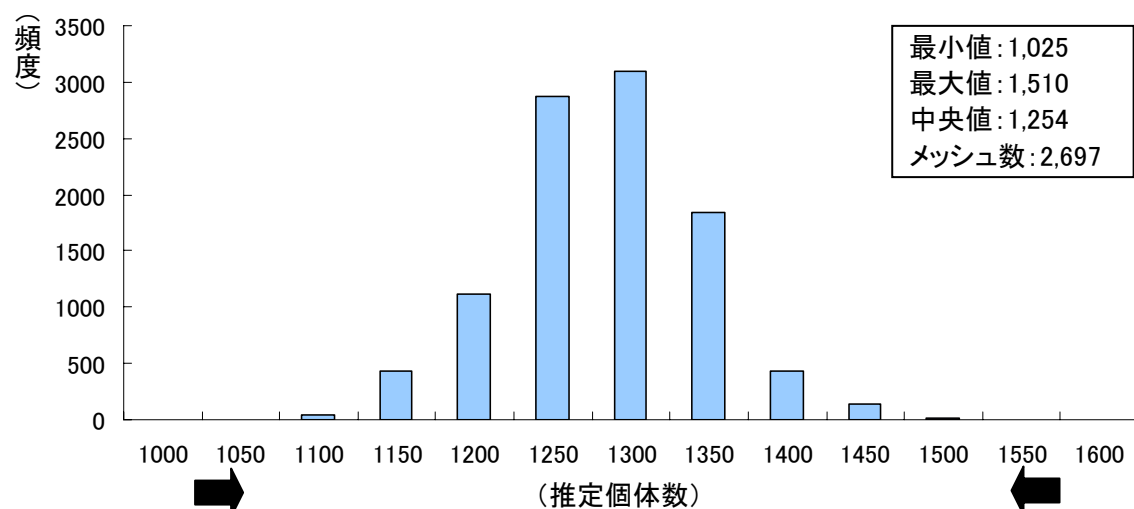


図 2.5-4(5) パターン 5(亜高山帯植生削除; 1km メッシュ)の推定個体数

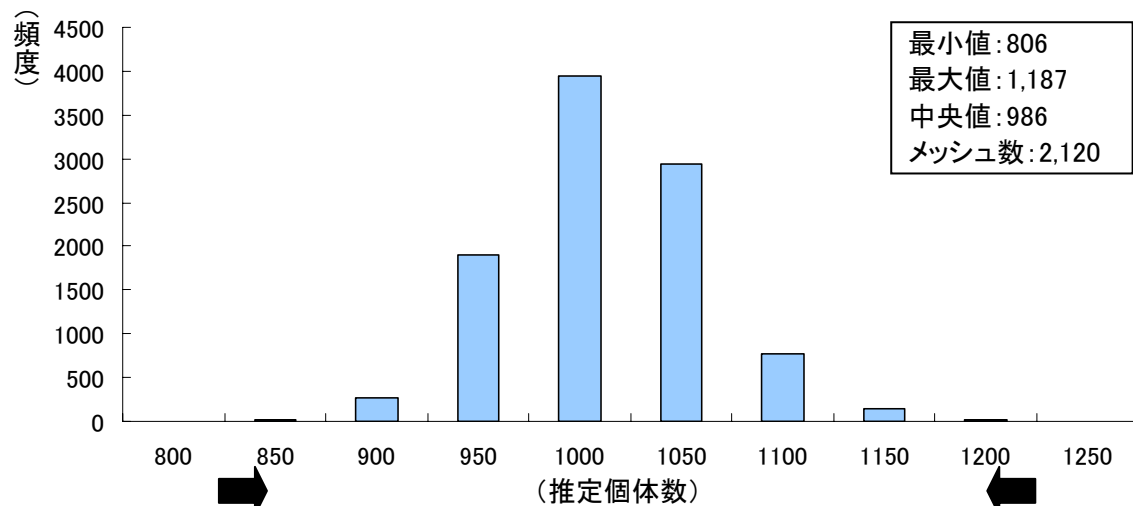


図 2.5-4 (6) パターン 6 (人工林 (植林地) 削除 ; 1km メッシュ) の推定個体数

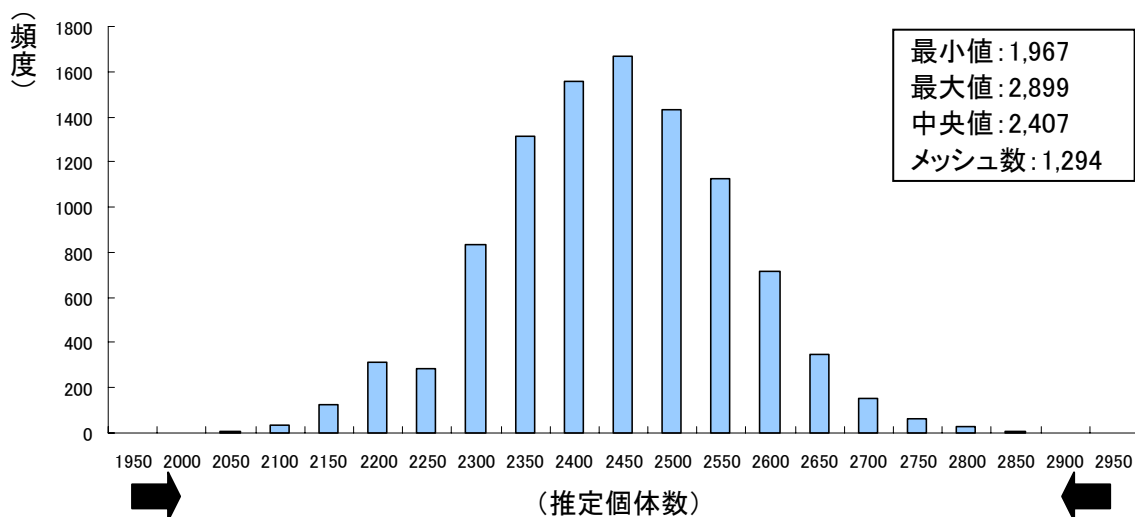


図 2.5-4 (7) パターン 1 (生息情報のある全てのメッシュ ; 2km メッシュ) の推定個体数

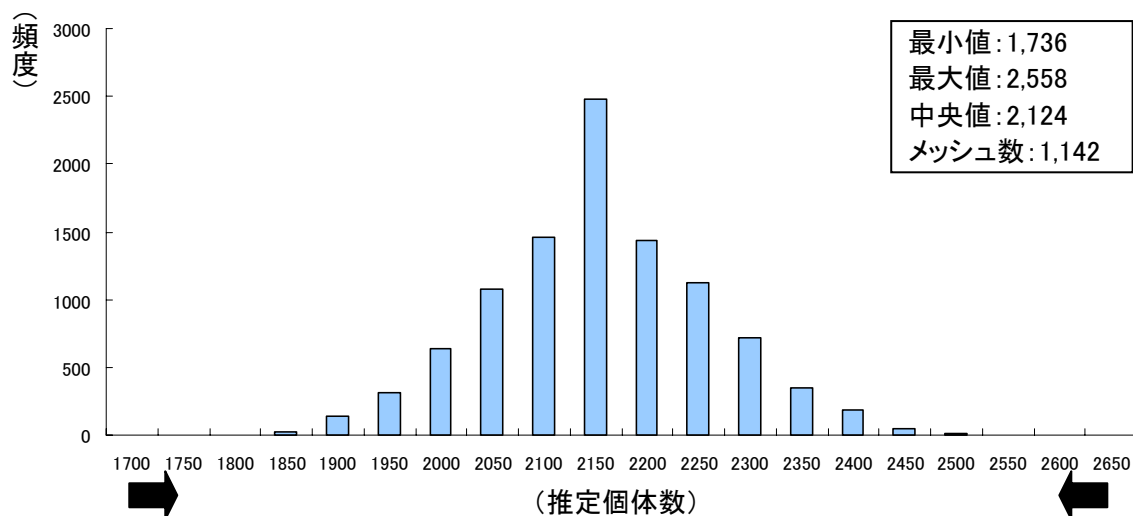


図 2.5-4 (8) パターン 2 (北上高地・阿武隈山地削除 ; 2km メッシュ) の推定個体数

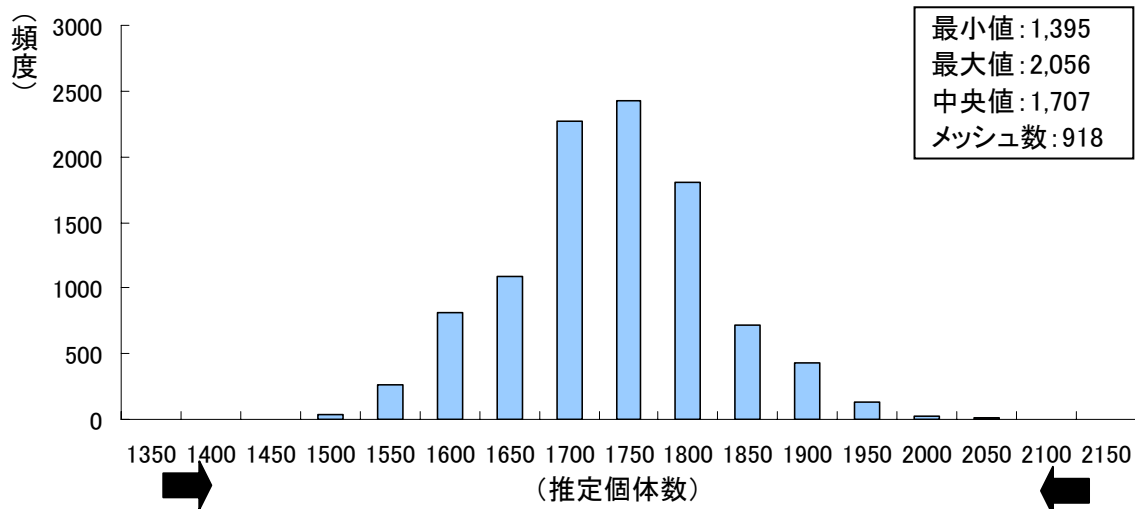


図 2.5-4(9) パターン 3(東北自動車道以東削除; 2km メッシュ)の推定個体数

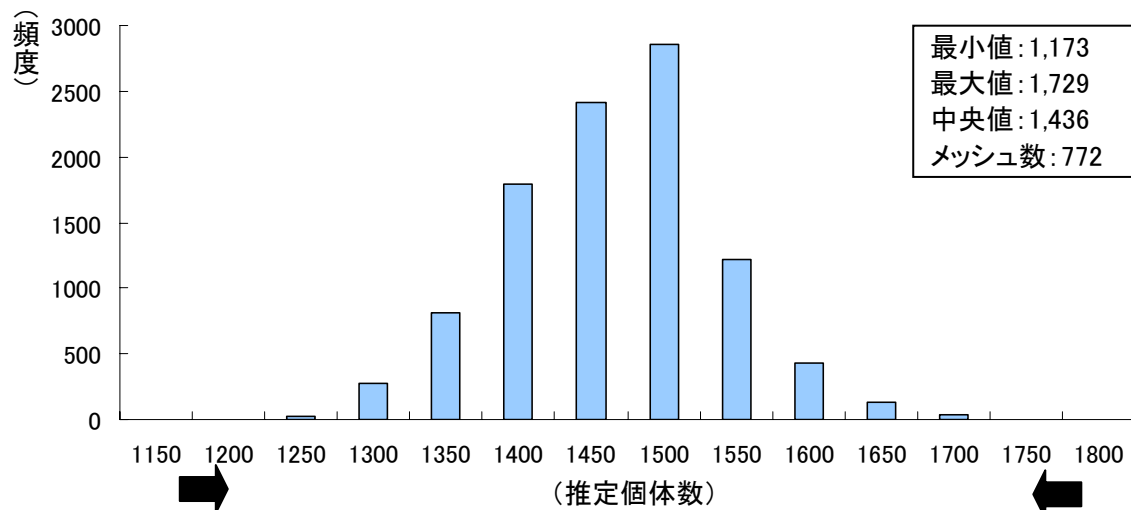


図 2.5-4(10) パターン 4(市街地・耕作地・牧草地削除; 2km メッシュ)の推定個体数

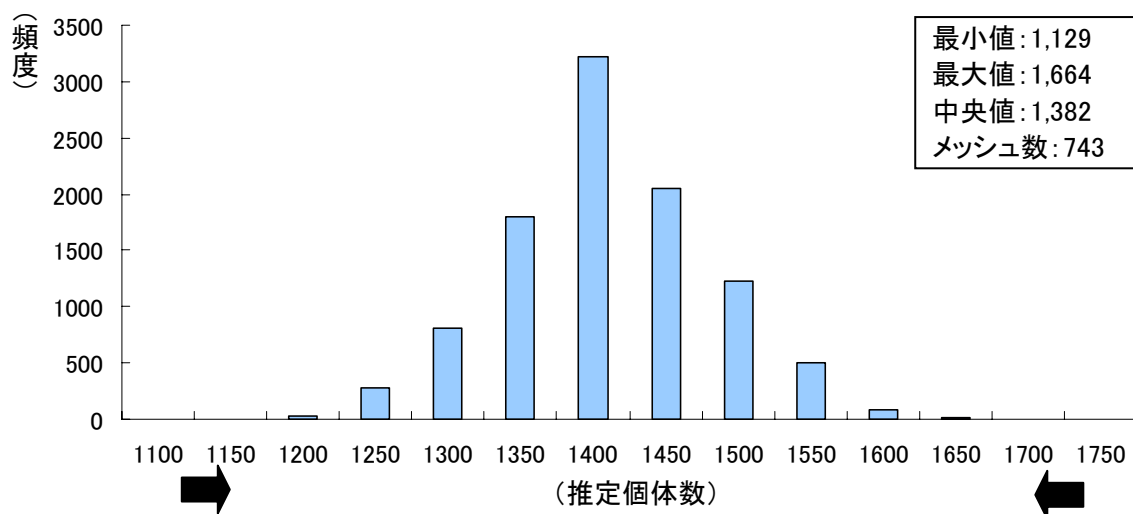


図 2.5-4(11) パターン 5(亜高山帯植生削除; 2km メッシュ)の推定個体数

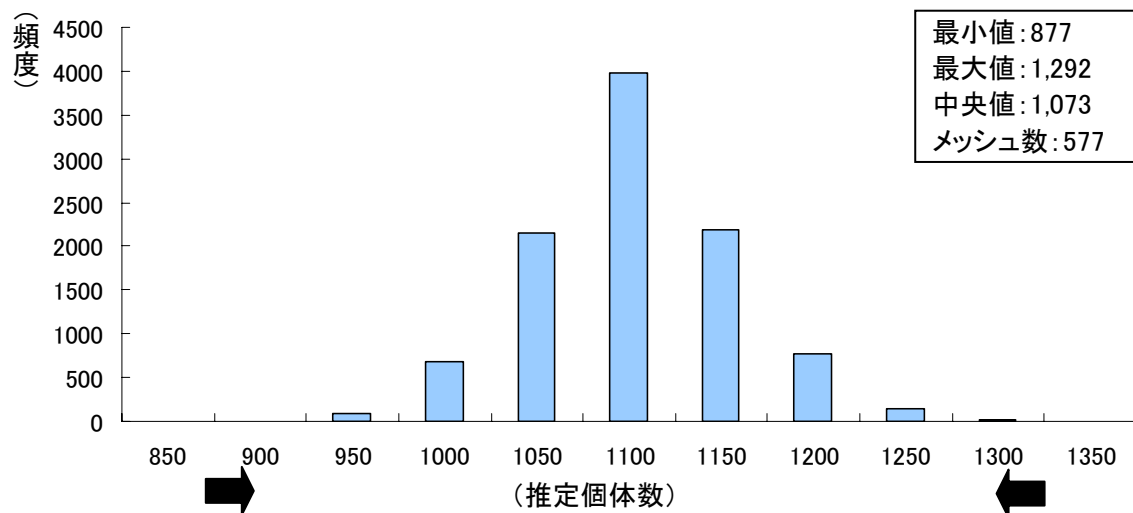


図 2.5-4(12) パターン 6(人工林(植林地)削除；2km メッシュ)の推定個体数

表 2.5-3(1) ツキノワグマ生息域を 1km メッシュで評価した際の各パターンの推定個体数

生息域: 1km メッシュ (パターン/メッシュ数)		推定個体数		
		最小値	最大値	中央値
パターン1	5,002	1,901	2,801	2,326
パターン2	4,475	1,701	2,506	2,081
パターン3	3,432	1,304	1,922	1,596
パターン4	2,845	1,081	1,593	1,323
パターン5	2,697	1,025	1,510	1,254
パターン6	2,120	806	1,187	986

表 2.5-3(2) ツキノワグマ生息域を 2km メッシュで評価した際の各パターンの推定個体数

生息域: 2km メッシュ (パターン/メッシュ数)		推定個体数		
		最小値	最大値	中央値
パターン1	1,294	1,967	2,899	2,407
パターン2	1,142	1,736	2,558	2,124
パターン3	918	1,395	2,056	1,707
パターン4	772	1,173	1,729	1,436
パターン5	743	1,129	1,664	1,382
パターン6	577	877	1,292	1,073

3) 生息域評価単位(メッシュの規格)及び生息域評価パターンの選定

図 2.5-4(1)～(12)及び表 2.5-3(1)～(2)に示すように、ツキノワグマ生息域を 1km メッシュ及び 2km メッシュの 2 パターンで評価した。これらのうち、いずれで評価すべきか専門家による検討会で協議した。その結果、以下に示す観点から 2km メッシュを選定した。

【メッシュ規格選定根拠】

- 対象種がツキノワグマという大型哺乳類であり、行動圏が非常に大きいため、1km メッシュでは評価単位が小さいと考えられる。
- シミュレーションの基準となるヘアートラップ及び痕跡調査を 2km メッシュで実施しており、その規格にあわせる必要がある。



以上のことから、2km メッシュを生息域の評価単位とした。

ツキノワグマ生息域 2km メッシュ評価では、図 2.5-4(7)～(12)及び表 2.5-3(2)に示すように、6 パターンで個体数を推定した。これらのうち、いずれのパターンで生息個体数を算出すべきか専門家による検討会で協議した。その結果、以下に示す観点から パターン 4を選定した。

【パターン選定根拠】

- 恒常的な生息地という観点からパターン 3～6 が適当と考えられる。
- パターン 3 には、ツキノワグマの生息域とするには不適な大崎市や栗原市、加美町の市街地や大面積の水田地帯が含まれるため、不適と考えられる。
- パターン 5 については、高山植物を採食する事例や岩手山の山頂(2,038m)などにも生息情報があるため亜高山帯植生を削除するのは不適であると考えられる。
- パターン 6 については、植林地の林床に生育する広葉樹の液果などを採食していること、テレメトリー調査で人工林の利用が確認されていることより、人工林を削除するのは不適であると考えられる。



以上のことから、パターン 4 で個体数を推定した。

以上のことから、2km メッシュ評価のパターン 4(ツキノワグマ生息域：772 メッシュ分)(以下、パターン Aとする)により、宮城県内のツキノワグマの個体数は、1,173～1,179(中央値：1,436)個体と推定された。

4) その他の方法による推定個体数

上記の「3) 生息域評価単位及び生息域評価パターンの選定」において、生息域評価単位は 2km メッシュ、生息域評価パターンはパターン 4 を選定した。このメッシュ規格及びパターンで以下に示す 2 つのデータを用いて、再度、個体数を推定した。

I. ヘアートラップ調査の 10 月データを抽出して算出する方法(パターン B とする)

II. 同一区画内でヘアートラップ調査の複数セッションで重複して出現した個体を抽出して算出する方法(パターン C とする)

なお、これらの方法は検討会において、森林総合研究所の岡委員にご提案頂いた手法である。

I. パターン B による個体数推定

(a) 10 月出現個体の抽出

表 2.5-4 に、区画ごとの識別された個体 No. 及びその個体の体毛サンプル採取日を示す。表 2.5-4 から、10 月と 11 月では同一区画内において、ヘアートラップを利用している個体の大部分が異なっており、入れ替わっている様子が伺える。また、痕跡調査は 10 月 20 日～31 日の期間で実施しており、痕跡調査で確認した痕跡は、少なくとも 11 月に確認されている個体の痕跡ではない。したがって、10 月調査のデータのみ抽出し、区画あたりの痕跡数と識別個体数の関係を把握した上で、モンテカルロシミュレーションを行い、個体数の推定を行った。

10 月出現個体に着色し、それらの個体のみを用いてパターン B では個体数を推定した。

表 2.5-4 区画及び日付別の個体 No.

区画No.	日付	個体No.
1	10月16日	No.13
	10月21日	No.13
	11月5日	No.14
	11月5日	No.15
	11月11日	No.14
	11月11日	No.15
2	11月17日	No.16
	10月28日	No.16
	10月28日	No.17
	11月5日	No.12
	11月17日	No.18
3	11月17日	No.23
	10月21日	No.3
	10月28日	No.3
4	11月17日	No.4
	10月21日	No.1
	10月28日	No.1
	10月28日	No.2
	11月5日	No.2
5	11月11日	No.1
	10月15日	No.10
	10月15日	No.19
	10月15日	No.20
	10月21日	No.11
	10月28日	No.11
	11月5日	No.11
6	11月5日	No.9
	11月11日	No.9
	11月17日	No.9
7	識別された個体なし	
8	識別された個体なし	
9	11月3日	No.8
	11月4日	No.8
	10月27日	No.5
	11月4日	No.21
	11月4日	No.22
	11月4日	No.5
	11月4日	No.7
	11月10日	No.5
10	11月10日	No.7
	11月18日	No.6
	識別された個体なし	

11 月以降 No.13 は確認されていない

11 月以降 No.16,17 は確認されていない

11 月以降 No.3 は確認されていない

11 月以降 No.10,19,20 は確認されていない

11 月では、10 月に確認されている No.5 と異なる多数の個体が確認されている。

(b) 10 月出現個体の痕跡数と識別個体数の関係

パターン B における、区画あたりの痕跡数と識別個体数の関係は表 2.5-5(1) 及び表 2.5-5(2) に示すとおりである。区画あたりの痕跡数と識別個体数との間に有意な正の相関関係が得られた ($N=10$, $r=0.714$, $t=2.885$, $p=0.020$)。したがって、痕跡調査を実施した 50 区画において、各区画の痕跡数は表 2.5-5(1) の関係性を反映していると仮定してモンテカルロシミュレーションを行い、その後、宮城県内のツキノワグマ生息域(772 メッシュ分(2km メッシュ))に拡張して個体数を推定した。

表 2.5-5(1) 区画あたりの痕跡数に対する識別個体数別の区画数

		識別個体数				
		0	1	2	3	4
区画あたりの痕跡数	0	4	1	–	–	–
	1	–	1	1	–	–
	2	–	1	–	–	1
	3	–	–	1	–	–

表 2.5-5(2) 区画別の痕跡数及び識別個体数

区画No.	痕跡数	識別個体数
1	1	1
2	1	2
3	0	1
4	3	2
5	2	4
6	0	0
7	0	0
8	0	0
9	2	1
10	0	0

(c) パターン B による推定個体数

パターン B において、ツキノワグマ生息域を 2km メッシュ評価・パターン 4(772 メッシュ分)で個体数を推定した。なお、ヘアートラップ及び痕跡調査区画(10 区画)において、確認痕跡数 4 の区画がなかったため、表 2.5-5(1)に痕跡数 4 の識別個体数のパターンを示すことができない。一方、痕跡調査のみ実施した区画(40 区画)では痕跡数 4 の区画があり、その区画は表 2.5-5(1)を用いてシミュレーションすることができない。そのため、シミュレーションの際、痕跡数が 4 の区画には、表 2.5-5(1)の区画あたりの痕跡数 3 の識別個体数のパターンを使用してシミュレーションした。

この結果、図 2.5-5 及び表 2.5-6 に示すとおり、パターン B で試算した宮城県のツキノワグマの推定個体数は **401~896**(中央値：**633**)となった。

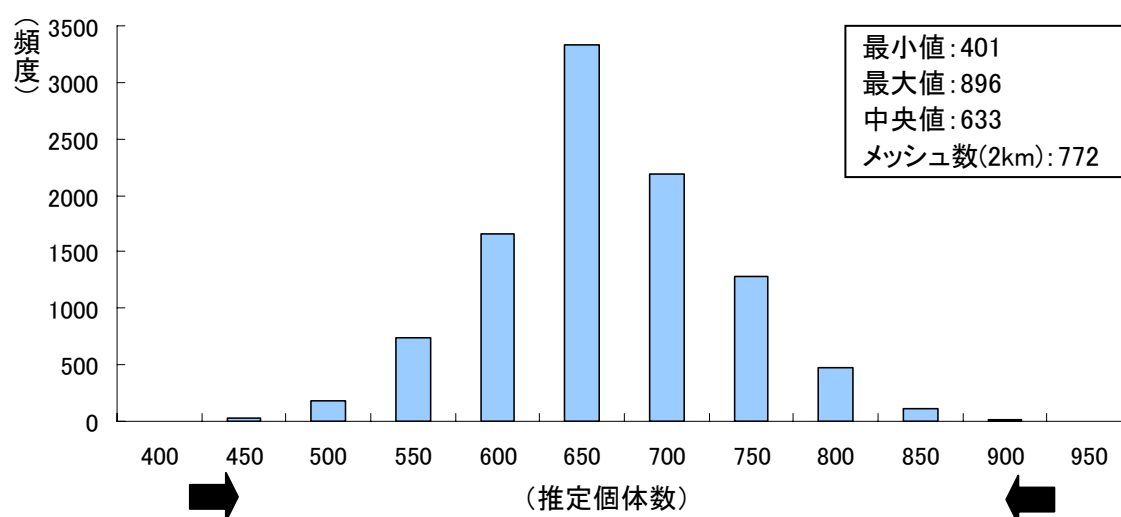


図 2.5-5 10 月データによる推定個体数(パターン B)

表 2.5-6 10 月データによる推定個体数(パターン B)

生息域: 2km メッシュ (パターン/メッシュ数)		推定個体数		
		最小値	最大値	中央値
パターン4	772	401	896	633

Ⅱ. パターンCによる個体数推定

(a) 複数回出現個体の抽出

表 2.5-7 に、区画ごとのセッション別の識別された個体 No. を示し、同一区画において、複数セッションで確認された個体 No. を太字で示し、セルを着色した。複数セッションで確認された個体は、周辺地域を主要な生息地として利用している個体、一方、1 回のみの出現個体は周辺地域を一時的に利用した個体と仮定した。このような仮定のもと、周辺地域を一時的にしか利用していないと判断された個体のデータを削除し、主要な生息地として利用していると判断された個体のデータを抽出した。この抽出されたデータを用い、区画あたりの痕跡数と識別個体数の関係を把握し、その関係性を用いてモンテカルロシミュレーションを行い、個体数の推定を行った。

表 2.5-7 区画及びセッション別の個体 No.

区画No.	日付	個体No.	区画No.	日付	個体No.
1	10月16日	No.13	5	10月15日	No.10
	10月21日	No.13		10月15日	No.19
	11月5日	No.14		10月15日	No.20
	11月5日	No.15		10月21日	No.11
	11月11日	No.14		10月28日	No.11
	11月11日	No.15		11月5日	No.11
	11月17日	No.16		11月5日	No.9
2	10月28日	No.16		11月11日	No.9
	10月28日	No.17		11月17日	No.9
	11月5日	No.12	6	識別された個体なし	
	11月17日	No.18	7	識別された個体なし	
	11月17日	No.23	8	11月3日	No.8
3	10月21日	No.3		11月4日	No.8
	10月28日	No.3	9	10月27日	No.5
	11月17日	No.4		11月4日	No.21
4	10月21日	No.1		11月4日	No.22
	10月28日	No.1		11月4日	No.5
	10月28日	No.2		11月4日	No.7
	11月5日	No.2		11月10日	No.5
	11月11日	No.1		11月10日	No.7
				11月18日	No.6
			10	識別された個体なし	

同一区画内において、複数セッションで確認された個体 No. を太字で示し、セルを着色した。パターンC では、太字で示された個体のみを用いて個体数を推定した。

(b) 複数回出現個体の痕跡数と識別個体数の関係

パターン C における、区画あたりの痕跡数と識別個体数の関係は表 2.5-8(1) 及び表 2.5-8(2) に示すとおりである。区画あたりの痕跡数と識別個体数との間に有意な正の相関関係が得られた ($N=10$, $r=0.651$, $t=2.428$, $p=0.041$)。したがって、痕跡調査を実施した 50 区画において、各区画の痕跡数は表 2.5-8(1) の関係性を反映していると仮定してモンテカルロシミュレーションを行い、その後、宮城県内のツキノワグマ生息域(772 メッシュ分(2km メッシュ))に拡張して個体数を推定した。

表 2.5-8(1) 区画あたりの痕跡数に対する識別個体数別の区画数

		識別個体数				
		0	1	2	3	4
区画あたりの痕跡数	0	3	2	—	—	—
	1	1	—	—	1	—
	2	—	—	2	—	—
	3	—	—	1	—	—

表 2.5-8(2) 区画別の痕跡数及び識別個体数

区画No.	痕跡数	識別個体数
1	1	3
2	1	0
3	0	1
4	3	2
5	2	2
6	0	0
7	0	0
8	0	1
9	2	2
10	0	0

(c) パターンCによる推定個体数

パターンCにおいて、ツキノワグマ生息域を2kmメッシュ評価・パターン4(772メッシュ分)で個体数を推定した。なお、ヘアートラップ及び痕跡調査区画(10区画)において、確認痕跡数4の区画がなかったため、表2.5-8(1)に痕跡数4の識別個体数のパターンを示すことができない。一方、痕跡調査のみ実施した区画(40区画)では痕跡数4の区画があり、その区画は表2.5-8(1)を用いてシミュレーションすることができない。そのため、シミュレーションの際、痕跡数が4の区画には、表2.5-8(1)の区画あたりの痕跡数3の識別個体数のパターンを使用してシミュレーションした。

この結果、図2.5-6及び表2.5-9に示すとおり、パターンCで試算した宮城県のツキノワグマの推定個体数は417~988(中央値：695)となった。

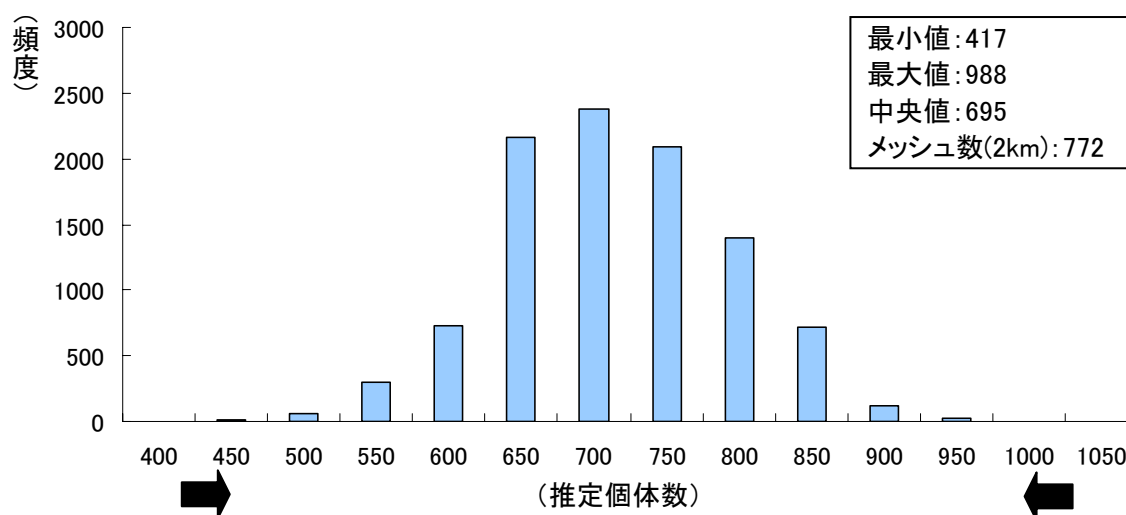


図 2.5-6 複数回出現個体のデータによる推定個体数(パターンC)

表 2.5-9 複数回出現個体のデータによる推定個体数(パターンC)

生息域: 2km メッシュ (パターン/メッシュ数)		推定個体数		
		最小値	最大値	中央値
パターン4	772	417	988	695

(6) 検討会の開催

① 検討会開催目的

検討会の開催目的は、以下に示すとおりである。

- ✚ 本業務で実施した項目について、調査結果の妥当性を検討
- ・ヘアートラップ調査、遺伝子解析、痕跡調査、個体数の推定結果の妥当性について、専門家による協議を行う。

② 検討委員

検討会は表 2.6-1 に示す、ツキノワグマの生態や遺伝子解析に関する専門家により構成されている。

表 2.6-1 検討会構成員

氏名	所属
青井 俊樹	岩手大学環境科学系所属農学部共生環境課程担当 教授
土屋 剛	石巻専修大学理工学部基礎理学科 教授
岡 輝樹	(独)森林総合研究所野生動物研究領域野生動物管理担当 チーム長
山内 貴義	岩手県環境保健研究センター地球環境部 主任専門研究員
鵜野 レイナ	慶應義塾大学先端生命科学研究所 研究員 兼 山形大学理学部生物学科生物多様性講座 研究生

③ 検討会実施日時及び場所

検討会は2回実施した。各検討会の実施日時及び場所は以下に示すとおりである。

【第1回検討会】

- ◆ 平成21年1月19日(月) 14:00～16:30
- ◆ ハーネル仙台 5F かえでの間

【第2回検討会】

- ◆ 平成21年2月6日(金) 13:00～16:00
- ◆ ハーネル仙台 5F 多目的ホール

④ 協議内容

1) 第1回検討会

事務局からヘアートラップ調査、遺伝子解析、痕跡調査、個体数の推定の4項目の調査結果を報告した。各項目の調査手法及び調査結果の妥当性について検討した後、課題を抽出した。主な協議内容は以下に示すとおりである。なお、第1回検討会の配布資料は資料編の資料-V①に示す。

I. ヘアートラップ調査

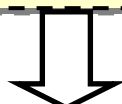
- ✚ ヘアートラップの構造:2段構造のヘアートラップが適当。簡易版のヘアートラップは体毛サンプルの採取率が悪い。
- ✚ サンプル採取間隔:2週間から1ヶ月間隔で見回している事例もある。1週間に1回の頻度で見回っているので問題ない。
- ✚ 調査時期:時期的には晩秋であり、サンプルが多く採取されないと予想されたが、結果的には比較的多くの体毛サンプルが採取されたと考えられる。



✚ 概ね 妥当な調査 であったと考えられる。

II. 遺伝子解析

- ✚ 遺伝子解析結果:
 - ① 体毛サンプルの個体識別について、欠損状態となっている遺伝子座の再解析を実施する必要がある。
 - ② 個体識別の精度を確保する必要がある。プライマーを1~2増やして再解析すると精度が上がると考えられるが、時間的に非常に厳しいので、P(ID)を算出するなどして精度を確保する必要がある。
 - ③ 有害駆除で殺処分となった個体の筋肉サンプルを用いて、県内の遺伝的変異の地理的分布状況に関する情報も収集する必要がある。



【次回までの課題】

- ① 欠損データを再解析して、個体識別数を把握する。
- ② 筋肉サンプルから各遺伝子座のP(ID)を算出し、解析精度の確保に努める。
- ③ ミトコンドリアDNAから県内のハプロタイプ情報を収集する。

Ⅲ. 痕跡調査

- ✚ 調査時期：残雪のある春季に実施することにより足跡が多く確認される。
- ✚ 調査対象痕跡：今回の調査では、クマ棚を対象外としているが、秋季に実施しているものであるならば、そのクマ棚が今年のクマ棚であるのか、過年度のクマ棚であるのかは分かるはずである。痕跡調査の際、クマ棚も対象とした方が良いと考えられる。



- ✚ 調査時期及び対象痕跡については、今後の痕跡調査の際の課題とする。

Ⅳ. 個体数の推定

- ✚ 生息個体数の推定：
 - ① 痕跡数 × 識別個体数に有意な相関関係が検出されていない。有意な相関関係があることがモンテカルロシミュレーションの前提となるので、最終的な識別個体数と痕跡数で再解析する必要がある。
 - ②-1 既往調査(宮城県,2006)と比較して個体数が多い。
 - ②-2 恒常的なツキノワグマの生息域となっているエリアのみを再抽出する必要がある。複数のパターンで生息域を抽出し、個体数を推定する。
 - ③ ツキノワグマの生息域が 1km メッシュで評価されているが、痕跡調査区画である 2km メッシュに合わせて、生息域を評価する必要がある。



【次回までの課題】

- ① 遺伝子解析終了後、痕跡数 × 識別個体数の関係を再度解析する。
- ② ツキノワグマ生息域を複数のパターンで抽出し、個体数を推定する。
- ③ ツキノワグマ生息域を 2km メッシュで再評価した後、②同様、複数のパターンで個体数を推定する。

2) 第2回検討会

第1回の検討会で抽出された課題に対し、再解析・再計算した結果を事務局から報告し、その内容について検討した。主な協議内容は以下に示すとおりである。なお、第2回検討会の配布資料は資料編の資料-V②に示す。

I. 遺伝子解析

【識別個体数について】

- ✚ 欠損データを再解析した結果、個体識別数が16から23へ増加した。
- ✚ 1locusしか変わらない個体が存在するが、違いの少ないサンプルについては繰り返し、詳細に検討したので、23個体で問題ない。

【解析精度の確保について】

- ✚ P(ID)の数値に関しては、適切な数値であると考えられる。

【ハプロタイプについて】

- ✚ 宮城県内のハプロタイプは概ね把握されたと考えられる。今後、ハプロタイプが増えるとしても1タイプ程度の増加であると考えられる。
- ✚ 今後の解析の必要性としては、データの少ない県北部及び阿武隈山地でデータが得られた場合に実施すればよいと考える。
- ✚ 南東北のツキノワグマ個体群のハプロタイプについては、宮城県のみ結果ではその分布状況は不明である。隣県との比較が必要になると考えられる。



- ✚ 概ね妥当な解析であったと考えられる。

II. 個体数の推定

【痕跡数×識別個体数について】

- ✚ 最終的な識別個体数と痕跡数の関係については、ノンパラメトリックの解析で有意な正の相関関係が得られた。

【ツキノワグマ生息域について(メッシュ規格の選定)】

- ✚ ツキノワグマ生息域の抽出メッシュの規格は痕跡調査区画と同じ規格の2kmメッシュが適当だと考える。
- ✚ 行動圏の大きな大型獣であるツキノワグマを対象とした生息域メッシュが1kmでは小さいと考える。岩手県では、5kmメッシュで実施することも検討している。

【ツキノワグマ生息域について(パターンの選定)】

- ✚ 恒常的な生息地という観点からパターン3~6が適当と考えられる。
- ✚ 東北自動車道以東では、出没情報や目撃情報はあがるが、恒常的な生息地になっていないと考えられる。今年度、気仙沼地域で1個体有害駆除されたが、10年ぶりの有害駆除であった。

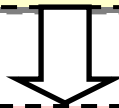
- ✚ パターン 3 には、ツキノワグマの生息域とするには不適な大崎市や栗原市、加美町の市街地や大面積の水田地帯が含まれるため、不適と考えられる。
- ✚ パターン 5 について、高山植生を利用しないわけではない。
- ✚ 岩手山の山頂や北アルプスにも出没例がある。
- ✚ パターン 6 については、植林地の林床に生育するヤマグワやキイチゴを採餌している。
- ✚ テレメトリー調査から人工林を利用していることが明らかになっている。
- ✚ 岩手県では、市街地は削除するが、森林が含まれるメッシュは抽出する方向で考えている。
- ✚ 以上のことからパターン 4 が適当であると考えられる。

【ツキノワグマ生息個体数について (2km メッシュ・パターン 4)】

- ✚ 既往調査より推定個体数が多く見積もられている。また、岩手県を始め、他県より多い推定個体数となった。
- ✚ 他県を気にする必要はない。宮城県に 1,000 個体以上生息している可能性は十分ある。
- ✚ 今回は生息数の多い場所で調査を実施し、その結果、モンテカルロシミュレーションによる試算では、こういう個体数になった、と報告書には記載する。

【その他のパターンでの生息個体数の推定】

- ✚ 識別された 23 個体全てを用いてシミュレーションすると個体数が過剰に見積もられる。
- ✚ 痕跡調査で確認した痕跡は、どの個体によるものであるのかを検討する必要がある。
- ✚ 痕跡調査を実施した 10 月と実施していない 11 月とにデータ分けて、痕跡数と識別個体数の関係をみてみると、10 月では有意な正の相関関係が得られるが、11 月では有意とならない。これを 1 つの科学的根拠として、10 月のみのデータを用いて個体数を推定しても良いと考える。
- ✚ ツキノワグマの痕跡数は非常に少ない。その少ない痕跡数と識別個体数の相関関係の有無を論拠とする必要はないと考える。
- ✚ 識別個体数 23 個体を用いると個体数が過剰に試算されるので、ヘアートラップ調査において複数セッションで重複して確認している個体のみを抽出し、1 回だけしか確認されていない個体は移動や一時的に周辺を利用した個体として削除し、重複個体のみを用いて個体数を推定してみる方法もあるのではないか。
- ✚ 上記の 2km メッシュ・パターン 4 による推定個体数に加えて、10 月のみのデータによる推定個体数、重複個体のみのデータによる推定個体数の 3 つの手法別の推定個体数を報告書には記載し、それぞれの方法で得られた推定個体数をそれぞれ示すこととする。



- ✚ 手法別に 3 つの個体数を推定することとした。
- ✚ 今後の保護管理施策に反映可能な推定個体数であるのか？どの手法の推定個体数を用いて保護管理施策に反映するのか？については、別途議論が必要であり、報告書では手法別の推定個体数の記載のみとする。

3. 考察

(1) ヘアートラップ調査

① 体毛採取状況

Miura and Oka(2003)のサンプル採取率(=体毛が採取されたトラップ数/設置したトラップ数)は、調査時期によって異なるが、8.73~35.3%であった。特に、秋季(9~10月)に実施したヘアートラップ調査ではサンプル採取率が8.73%と小さな値を示した。また、本調査と同様に晩秋(10月中旬~11月中旬)にヘアートラップ調査を石川県で実施した上馬・中谷内(2006)では、サンプル採取率は50%であった。本調査では、設置した34基のトラップのうち、22基のトラップでサンプルが採取され、サンプル採取率は64.7%であった。先行研究とサンプル採取率を比較しても大きな違いはみられず、本調査におけるサンプル採取率は比較的高いと考えられた。

② トラップの誘因餌の違いによる体毛採取数の比較

ハチミツ×トウモロコシ、ハチミツ×リンゴにおいて、セッションの反復回数(N=6)が少なかったため、誘因餌の違いによる体毛採取数に有意な差はみられなかった。しかしながら、比較対照としているトラップはそれぞれ近接して設置しており(トラップ間の離隔:5~10m程度)、ツキノワグマの好みの餌が近傍に存在したら、「どちらの餌も一遍に採餌しようとする」と仮定すると、対照トラップと実験トラップの体毛の採取され方(例えば、サンプル採取数や採取されたセッション)が、「同調する」と考えられる。

そこで、対照トラップと実験トラップのセッションごとの採取サンプル数の相関関係をみたところ、ハチミツ×トウモロコシに有意な相関関係はみられなかった(N=6, $r=0.610$, $t=1.540$, $p=0.198$)。また、サンプル採取数をみてみると、ハチミツに比べてトウモロコシでは、サンプル採取数は少なく、更に、ハチミツのみでサンプルが採取されることはあったが、トウモロコシのみで採取されることはなかった。このような状況から推測すると、トウモロコシはハチミツと比べてヘアートラップに適した誘因餌ではないと考えられた。

一方、ハチミツ×リンゴについては、対照トラップと実験トラップのセッションごとの採取サンプル数に有意な正の相関関係がみられた(N=6, $r=0.942$, $t=5.601$, $p=0.005$)。したがって、リンゴはハチミツと同程度、ヘアートラップに適した効果的な誘因餌であると考えられる。

③ トラップの構造の違いによる体毛採取数の比較

2 段構造×簡易版 A、2 段構造×簡易版 B において、セッションの反復回数(N=5)が少なかったため、構造の違いによる体毛採取数に有意な差はみられなかった。しかしながら、2 段構造のトラップでは体毛が採取されたのに対し、今回の調査で試用した簡易版のトラップでは体毛が採取されなかった。このような結果より、通常の 2 段構造のトラップの方が簡易版と比べて体毛採取数は高いと考えられた。したがって、今後のヘアートラップ調査では、2 段構造のトラップを使用した方が効果的と考えられるが、2 段構造のヘアートラップには、「地形が急峻な場所や凸凹な地面では設置できず、その汎用性は小さい。」という欠点がある。今回の調査では、簡易なヘアートラップを開発することができなかったが、山内ら(2008a)が考案した、ヘア・トラッパー(図 3.1-1)のような地形的要素に左右されず、比較的簡便に設置可能なヘアートラップの開発が今後は必要になると考えられる。



図 3.1-1 ヘア・トラッパー
(写真は山内貴義氏から提供)

(2) 遺伝子解析

① 遺伝子解析成功率

山内・齊藤(2008b)は、9月以降はしっかりと皮膚と結合している剛毛(冬毛)を採取するため、体毛が毛根から引き抜かれずに途中でちぎれる可能性があり、遺伝子解析成功率が低下すると考察している。そのため、9月後半から実施した本調査においては、遺伝子解析成功率が非常に小さくなると予想されたが、体毛サンプルの遺伝子解析成功率は55%と比較的高かった。また、時期別の遺伝子解析成功率は、10月前半で62.5%、10月後半で63.3%、11月前半で61.8%、11月後半で26.5%であった。長野県で実施された事例では、遺伝子解析成功率が26.3%であったと報告されている(森光, 2008)。岩手県では解析成功率を月別に算出しており、7月では7~8割、8月では5~6割、9月では2~3割程度と報告している(山内・齊藤, 2008b)。このように他県と比較しても、本調査で実施した遺伝子解析の成功率は同程度もしくは比較的高いものであったと考えられる。

しかしながら、11月後半は26.5%と低下した。11月後半のデータには、11月25日~27日に回収した体毛が含まれるが、これらのサンプルの遺伝子解析成功率が0%であったことが、11月後半の解析成功率を低下させた要因となった。この原因として、風雪及び積雪の影響が考えられた。本調査地において、11月19日~21日にかけて積雪があり、図3.2-1に示すように有刺鉄線が雪に埋まっている地点もあった。体毛に含まれるDNAは時間の経過とともに温度や湿度、紫外線などの影響でDNAの損傷や断片化が促進されると考えられている(湯浅・佐藤, 2008)。そのため、11月25日~27日に回収したサンプルは、風雪に曝され、DNAの損傷・劣化が原因となり、解析成功率が0%になったと考えられる。



図 3.2-1 雪に埋まるヘアトラップ

② 遺伝的変異の地理的分布

本調査によって、宮城県内には「宮城 1」「宮城 2」「宮城 3」「宮城 4」の 4 つのハプロタイプが確認された。

「宮城 1」について、45 サンプルのうち、40 サンプルが「宮城 1」であったこと、仙台市近郊を中心に広域で確認されたこと、また、複数の県にわたり広い範囲に存在していることが最近明らかになったハプロタイプと同一であること(大西, 私信; 宮城県, 2008a) より、宮城県に生息しているツキノワグマの主要なハプロタイプは「宮城 1」であると考えられる。

蔵王町を北限として県南部で確認されている「宮城 2」及び沿岸県北部の気仙沼地域で確認された「宮城 3」については、東北南部のツキノワグマの系統地理学的解析を行っている研究者の解釈によれば、以下のことを示唆するものとされる。「宮城 2」は福島県北部で検出されている Fmt02(福島県, 2006)とハプロタイプが一致していること、また、宮城県では県南部に限定されて少数のみ確認されていることより、福島県を中心として分布しているハプロタイプが宮城県内に広がってきた可能性が考えられる。「宮城 3」については、北上高地に属し、北上川や東北自動車道、東北新幹線などにより奥羽山脈とはツキノワグマの移動が分断されている。したがって、「宮城 3」は「宮城 1」や「宮城 4」のように奥羽山脈を中心に広がるハプロタイプとは異なり、岩手県に広がる北上高地の個体群のハプロタイプと同一の可能性が考えられる(鶴野, 未発表データ)。

「宮城 4」は県北部で確認された。1 サンプルのみの確認であるため、詳細は不明である。「宮城 4」はその確認地点から奥羽山脈を中心に広がるハプロタイプであると考えられるが、「宮城 1」との明確な地理的境界は見受けられないため、県北部においては、今後、サンプルを収集する必要があると考えられる。また、隣県の山形県や岩手県の奥羽山脈を中心に生息している個体群のハプロタイプと比較する必要があると考えられる。

以上のように、宮城県のツキノワグマ個体群は、奥羽山脈を中心として、広域に分布している「宮城 1」が主な個体群として広がっており、その中に「宮城 2」及び「宮城 4」が混在し、また、奥羽山脈とは連続していない北上高地に分布する「宮城 3」によって構成されていると考えられた。

③ 遺伝的多様性

ツキノワグマは西日本にも生息しているが、環境省のレッドリストに「絶滅のおそれのある地域個体群(LP)」として掲載されている(環境省, 2007b)。この西日本の個体群と遺伝的多様性を比較した結果を表 3. 2-1 に示す。

表 3. 2-1 宮城県と西日本個体群におけるハプロタイプ多様度の比較

個体群	サンプル数	k	ハプロタイプ多様度	遺伝子多様度
宮城県	45	5	0.58±0.060	0.11±0.090
西中国地方(WC)	33	7	0.58±0.094	0.19±0.133
東中国地方(EC)	22	4	0.62±0.077	0.14±0.107

西日本個体群のデータは Ishibashi and Saito (2004) より引用した。

k：検出されたハプロタイプ数(T-repeat 変異含)

チミン塩基リピートの扱いを先行研究と統一して比較したため、表 3. 2-1 では、ハプロタイプが 5 種類とされている。

宮城県内に生息するツキノワグマのミトコンドリア DNA 配列と西日本個体群と同様の領域を比較した結果、遺伝的多様性はレッドリストに掲載されている西日本個体群と同程度もしくは低い値を示した。この結果は直ちに宮城県のツキノワグマの遺伝的多様性が危機的なレベルまで低下していることを意味するものではないが、少なくとも、今後の保護管理施策を策定する際には、遺伝的多様性の保全に関して配慮する必要性を示唆していると考えられる。

(3) 痕跡調査

① 痕跡調査方法について

今回の調査では、調査努力量を一定にするため、踏査時間を 2 時間で統一した。一方、踏査ルートは、調査区画の地形や「けもの道」の状況などにより任意に設定した。しかしながら、調査区画によって地形的に急峻な区画、平坦な区画と様々であった。その場合、調査時間のみを統一しても調査努力量が一定とならないと考えられる。今後の課題として、痕跡調査の際の調査努力量の統一、痕跡数の定量的評価手法の検討が必要であると考えられた。

その他、区画ごとの痕跡数とトラップあたりの体毛採取数に有意な正の相関関係がみられた。つまり、痕跡数の多い区画では、ヘアートラップ調査で多くのサンプルが得られることを示唆している。今後、ヘアートラップ調査を実施する際は、準備段階で痕跡の有無や痕跡数の多さを把握した後、ヘアートラップ設置地点の選定を行うことにより、効率的なヘアートラップ調査を実施することが可能になると考えられる。

(4) 生息個体数の推定

① パターン A による推定個体数

これまで、宮城県内のツキノワグマの生息個体数は約 300～800 個体と試算されていた(宮城県, 2006)。今回の調査結果では、パターン A においては個体数が 1,173～1,729 と推定され、宮城県(2006)で試算されていた個体数より多い結果となった。その要因としては、ヘアートラップ調査で餌によりツキノワグマを誘引した上で個体数を推定していることが挙げられる。また、今回の調査では、体毛サンプルを多く収集する必要があったことから、有害駆除や出没情報の非常に多い仙台市及びその近郊でヘアートラップを設置した。もともと個体数の多い地域でヘアートラップ調査を実施し、そこで得られた識別個体数を用いて個体数を推定したため、推定個体数が多く試算された可能性が考えられる。その他、区画あたりの痕跡数と識別個体数の関係性について、有意な正の相関関係が得られたものの、ヘアートラップ及び痕跡調査区画が 10 区画と少なく、痕跡数と識別個体数の関係が正しく表されなかった可能性も考えられる。

今後、宮城県内のツキノワグマの推定個体数の見直し、精査の際には、ヘアートラップ及び痕跡調査区画を広域に多数、ランダムに配置した上で調査を実施し、生息個体数を推定する必要があると考えられる。

② パターン B による推定個体数

10 月末に実施した痕跡調査で確認した痕跡は、10 月のヘアートラップ調査で識別された個体の痕跡であると仮定し、10 月の識別個体データを抽出して個体数を推定した(パターン B)。その結果、401～896 個体と試算され、宮城県(2006)に示されていた個体数(約 300～800 個体)と同程度であった。パターン B の区画あたりの痕跡数と識別個体数の相関係数(r)は 0.714 を示し、パターン A の識別個体数と痕跡数の相関係数(r)は 0.623、パターン C の識別個体数と痕跡数の相関係数(r)は 0.651 であり、パターン B で算出した相関係数が最も高い値を示した。したがって、これら 3 つのパターンのうち、パターン B が、モンテカルロシミュレーションの前提となる痕跡数と識別個体数の関係を最も適切に表現するパターンである可能性が高く、実状に則した個体数を表しているかもしれない。しかしながら、パターン B の課題として、足跡や糞といった痕跡がどの程度の期間、残存しているのか不明であることが挙げられる。今回、10 月の識別個体数のデータを扱って個体数を推定したが、痕跡が仮に 1 週間程度で消失してしまう場合は、その推定個体数は過剰に見積もることになる。一方、痕跡が仮に 2 ケ月程度残存する場合は、その推定個体数は過少に見積もられる。したがって、デー

タの括り方(データ抽出対象期間、今回は10月分)を定める際に、季節ごとの痕跡残存期間を実験レベルで算出した上で本手法を用いる必要があると考えられた。

③ パターンCによる推定個体数

ヘアートラップ調査において、同一個体が複数セッションで確認されている場合、その個体が周辺地域を主な生息地として利用していると仮定した。一方、1回のみの出現個体は周辺地域を一時的にしか利用していない個体と仮定した。このような仮定のもと、ヘアートラップ調査で複数回出現した個体のみを抽出して個体数を推定した(パターンC)。その結果、417～988個体と試算され、宮城県(2006)に示されていた個体数(約300～800個体)と同程度であった。しかしながら、今回の調査では、周辺地域を主な生息地としている個体と一時的な利用の個体であるかの明確な判断ができなかったことが課題として挙げられる。これは、ヘアートラップ調査区画が10と少なかったことに起因していると考えられる。今後は、調査対象区画数を増やし、識別個体ごとの動向を詳細にみることで、主な生息地としている個体と一時利用の個体との判別が可能になるかもしれない。

4. まとめ

本業務においては、ヘアートラップ調査、遺伝子解析、痕跡調査、個体数の推定の 4 項目が主な実施項目となっており、この 4 項目の調査結果の妥当性を 2 回の検討会で協議した。ヘアートラップ調査、遺伝子解析、痕跡調査のいずれも主な調査目的は宮城県内のツキノワグマの個体数の推定であった。また、その他にヘアートラップの効率的な設置方法の検討や宮城県内の遺伝的変異の地理的分布の把握も副次的な目的とした。

個体数推定について、今回、基本的にモンテカルロシミュレーションにより 3 つのパターンで個体数を推定した。1 つめは、痕跡調査を行った 50 区画の推定個体数をツキノワグマ生息域の 772 メッシュ (2km メッシュ) に拡張して評価した方法 (パターン A)、2 つめは、パターン A から 10 月分の識別個体数データのみ抽出して推定した方法 (パターン B)、3 つめは、パターン A から調査地域周辺を主な生息地として利用していると考えられる個体を抽出して推定した方法 (パターン C) である。それぞれの方法によって推定された個体数は、パターン A では 1,173~1,729 (中央値 : 1,436)、パターン B では 401~896 (中央値 : 633)、パターン C では 417~988 (中央値 : 695) であった。それぞれ算出する際のデータが異なるので、推定された個体数は異なった値を示した。本業務では、どの方法による個体数が適切な値であるかの検証は行わず、それぞれの方法で得られた推定個体数をそれぞれ示すだけにした。これは、いずれの方法においても、「3. 考察」の項に示すように、課題が残るためである。

算出方法が異なるからとはいえ、パターン A とパターン B・C の推定個体数に大きな違いがみられ、今後は、より精度の高い個体数を推定する必要があると考えられる。今回、いずれの推定方法においても、ツキノワグマ生息域を重み付けすることなく評価している。天然林も落葉広葉樹二次林も人工林も、平坦な地形も急峻な地形も同じ価値として、全て面積換算して個体数を推定している。しかしながら、ツキノワグマには、その生息に好適な環境や不適な環境が存在する。今後、精度の高い個体数を推定する場合、ツキノワグマの生息環境の観点から、宮城県内のツキノワグマ生息域を類型化し、その類型ごとに個体数を推定する必要があると考える。

ヘアートラップの効率的な設置方法の検討については、誘因餌とヘアートラップの構造の 2 点に着目した。ヘアートラップ調査における誘因餌について、ハチミツとリングでは同程度の効果をもたらすと考えられたが、トウモロコシは効果が得られないと推察された。構造については、今回考案した簡易型のヘアートラップでは、体毛サンプルが採取されなかったことから、今まで使用されている 2 段構造がヘアートラッ

ブ調査には有効であると考えられた。しかしながら、今回の調査では、それぞれの比較を 1 地点、5～6 反復しか実施していない。そのため、効果的な誘因餌及び構造を明らかにすることができなかった。明確に効果的な誘因餌や構造を把握するためには、地点数及び反復回数の増加に加え、ツキノワグマがどのようにヘアトラップを利用しているのか、どの餌を最も早く利用するのか、といった映像等による解析も必要になると考えられる。

遺伝子解析においては、宮城県内の遺伝的地理的分布は概ね把握されたものと考えられる。しかしながら、「宮城 3」に代表される県北部のハプロタイプのデータが不足している。また、宮城県伊具郡丸森町などの阿武隈山地に属する地域でのサンプルが収集されていない。したがって、今後は、県北部や阿武隈山地のデータを補完した上で、宮城県で確認された 4 つのハプロタイプと隣接県におけるハプロタイプの地理的分布を比較することによって、南東北におけるツキノワグマの広域的な保護管理ユニットを定める科学的根拠が得られるものと考えられる。更に、次のステップとして核遺伝子解析により雌雄両性の遺伝的交流などを把握することによって、ツキノワグマの地理的な構造や動態がさらに解明されるものと考えられる。

5. 引用文献

- 福島県. 2006. 平成 18 年度 ツキノワグマ生息状況調査. 福島県生活環境部自然保護課, 福島. 51pp.
- Hazumi, T. and Maruyama, N. 1987. Movements and habitat use of Japanese black bear in Nikko. International Conference on Bear Research and Management 7:275-279
- Ishibashi, Y. and Saito, T. 2004. Phylogenetic relationships among fragmented Asian black bear (*Ursus thibetanus*) populations in western Japan. Conservation Genetics 5:311-323.
- 岩手県. 2007. 第 2 次ツキノワグマ保護管理計画. 岩手県自然保護課, 盛岡. 40pp.
- 環境庁. 1999. 第 5 回自然環境保全基礎調査 植生調査分布図. 環境省自然保護局生物多様性センター, 富士吉田.
(http://www.biodic.go.jp/kiso/map/sy_map_f.html)
- 環境省. 2002. 生物多様性調査 第 5 回自然環境保全基礎調査 動植物分布調査報告書 (哺乳類). 環境省自然保護局生物多様性センター, 富士吉田. 111pp.
- 環境省. 2004. 第 6 回自然環境保全基礎調査 種の多様性調査 哺乳類分布調査報告書. 環境省自然保護局生物多様性センター, 富士吉田. 57pp
- 環境省. 2007a. 特定鳥獣保護管理計画技術マニュアル II 種別編 (クマ類). 92pp. 環境省自然保護局生物多様性センター, 富士吉田. 92pp
- 環境省. 2007b. 【報道発表資料】哺乳類、汽水・淡水魚類、昆虫類、貝類、植物 I 及び植物 II のレッドリストの見直しについて 哺乳類のレッドリスト. 環境省自然環境局野生生物課, 東京.
(http://www.env.go.jp/press/file_view.php?serial=9941&hou_id=8648)
- 加藤 多喜雄, 加藤 陸奥雄. 1987. ふるさと宮城の自然. 宝文堂, 仙台. 212pp.
- Kitahara, E., Isagi, Y., Ishibashi, Y., and Saitoh, T. 2000. Polymorphic microsatellite DNA markers in the Asiatic black bear *Ursus thibetanus*. Molecular Ecology Notes 9:1661-1662.
- 国土地理院. 基盤地図情報. 国土交通省国土地理院, つくば.
(<http://www.gsi.go.jp/kiban/index.html>)
- Matsuhashi, T., Masuda, R., Mano, T., Yoshida, M.C. 1999. Microevolution of the mitochondrial DNA control region in the Japanese brown bear (*Ursus actos*) population. Molecular Biology and Evolution. 16:676-684.
- Mills, L. S., Citta, J. J., Lair, K., Schwartz, M.K. and Tallmon, D.A. 2000. Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls. Ecological Applications 10:283-294.
- Miura, S. and Oka, T. 2003. Evaluation of apple bait hair-traps for genetic tagging of Asiatic black bear in the Kitakami Highland, northern Honshu, Japan. Mammal Study 28:149-152

- 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. 48:133-138.
- 宮城県. 1981. 宮城県現存植生図. 宮城県環境生活部環境保全課, 仙台.
- 宮城県. 平成 7~20 年度 宮城県有害鳥獣駆除情報、出没・交通事故情報. 宮城県環境生活部自然保護課, 仙台.
- (<http://www.pref.miyagi.jp/sizenhogo/seibutu/honyurui/kuma/kuma.htm>)
- 宮城県. 2003. 平成 14 年度 宮城県ツキノワグマ生息状況調査委託業務 報告書. 宮城県環境生活部自然保護課, 仙台. 5pp.
- 宮城県. 2006. 平成 17 年度 宮城県ツキノワグマ生息状況調査委託業務 報告書. 宮城県環境生活部自然保護課, 仙台. 66pp.
- 宮城県. 2008a. 平成 19 年度 宮城県ツキノワグマモニタリング調査 完了報告書. 宮城県環境生活部自然保護課, 仙台. 62pp.
- 宮城県. 2008b. 宮城県森林図. 宮城県農林水産部, 仙台.
- 岡 輝樹, 工藤 雅志, 山内 貴義, 平野 陽, 堀野 眞一, 安藤 薫. 2007. 水晶玉にクマは映るか?. 日本哺乳類学会 2007 年度大会要旨集, 97pp.
- 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.
- Sambrook, J., Fritsch, E. S., and Maniatis, T. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- 上馬 靖生, 中谷内 修. 2006. 石川県におけるツキノワグマのヘアートラップ調査(2006 年). 石川県白山自然保護センター研究報告 第 33 集:33-40.
- Wilberg, M. J. and Dreher, B. P. 2004. GENECAP: a program for analysis of multilocus genotypes data for non-invasive sampling and capture-recapture population estimation. *Molecular Ecology Notes* 4:783-785.
- 山内 貴義, 齊藤 正恵, 小山田 智彰. ツキノワグマ(*Ursus thibetanus*)の新たな体毛回収装置の開発. 2008a. 日本哺乳類学会 2008 年度大会要旨集, 168pp.
- 山内 貴義, 齊藤 正恵. 2008b. 岩手県におけるヘア・トラップの実施状況と今後の課題. 哺乳類科学. 48:125-131.
- 米田 政明. 2005. 日本の哺乳類[改訂版] 阿部 永(監). 東海大学出版会, 東京. 78pp.
- 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. 48:109-118.

