

## 知床半島ヒグマ個体数推定にかかわる提案について

平成 30 年（2018 年）8 月 21～26 日の日程で、国立環境研究所の深澤圭太主任研究員が知床に来訪され、知床の地形や自然環境、現地で行われている調査研究の実際も見ていただいた上で、別紙の「知床半島ヒグマ個体数推定に向けてのメモ」を提案いただいた。

これは、従来型の空間明示標識再捕モデルによる個体数密度推定に用いられていた大規模なヘアトラップネットワークの構築とそれを用いたサンプリングではなく、2018 年度から開始した長期トレンド調査のためのルートセンサスや出沒対応時に得られた糞 DNA サンプル、現行でも行われている背こすり木・ヘアトラップから識別された個体のリスト、捕獲個体からの DNA 分析情報などを用いるという手法である。すなわち、従来型の手法に比べて、ヘアトラップの設置やサンプリングに係わる労力や費用が大幅に軽減される可能性がある。

提案の中で指摘された以下のデータについて、コメントなどを記す。

### 1) 出沒対応時に得られた糞 DNA サンプルから識別された個体のリスト

出沒対応時の糞 DNA 試料採取は従来も行っている。採取努力を強化。

### 2) 背こすり木・ヘアトラップから識別された個体のリスト

背擦り木やヘアトラップの調査は従来も行っている。採取努力を強化。

### 3) ルートセンサス調査で得られた糞 DNA サンプルから識別された個体のリスト

長期トレンド調査のための広域ルートセンサスは既に開始されている。知床財団の担当コースのみで採取していた糞 DNA 資料を全域で採取するように変更することで対応できる。また、空白地域である先端部や縦走路などには別途調査コースの設定は必要。

### 4) 上記調査の調査努力

上記 1) ～ 3) のような調査の努力量を記録する一定の様式を定め、記録を残していく必要がある。

### 5) 捕殺個体リスト

知床半島の捕獲個体はほぼ 100%把握され、サンプリングされている。

### 6) 識別個体の性別、その他個体情報

上記の様な糞試料、体毛試料、捕獲個体からの組織試料など数百以上のサンプルの遺伝子分析を行う費用と体制が必要。

### ・環境要因の GIS データ

各試料の採取地点の環境情報、GIS 分析が可能な位置データなどを記録する必要がある。

## 知床半島ヒグマ個体数推定に向けてのメモ

深澤圭太

Ver.0 2018/8/26

### 1. はじめに

知床半島ヒグマ個体数推定にあたっての基本戦略、データの取りまとめ方、今後サンプリング努力量を増やせる場合の戦略についてとりまとめた。あくまでたたき台であるため、今後これをもとに実現可能かつ効果的な戦略についてご相談していければと考えています。

### 2. 知床半島ヒグマ個体数推定にあたっての基本戦略

個体数推定においては、空間明示標識採捕モデル(Spatially-Explicit Capture Recapture: SECR,SCR)を用いる。この手法は、複数個所で実施される標識再捕獲データから、行動圏サイズ、検出率、個体密度を同時推定する方法である。この手法はこれまでさまざまな発展形が考えられているが、知床においては様々なレベルで空間的不均一性を考慮する必要があるため、「行動圏の推定にあたって地理的障壁を考慮できるもの」「個体分布に空間的不均一性を考慮できるもの」「手法・時期による検出率の違いを考慮できるもの」を用いる必要がある。さらに、捕殺データを入れて tag-recovery 的な構造を入れて捕殺率の空間的不均一性まで考慮するとなるとおそらく既存研究が存在しないため、新たな手法の検討が必要である。

推定に用いるデータは下記のとおりである。

- ・ 出沒対応時に得られた糞 DNA サンプルから識別された個体のリスト
- ・ 背こすり木・ヘアトラップから識別された個体のリスト
- ・ ルートセンサス調査で得られた糞 DNA サンプルから識別された個体のリスト
- ・ 上記調査の調査努力
- ・ 捕殺個体リスト
- ・ 識別個体の性別、その他個体情報
- ・ 環境要因の GIS データ

これらのデータは、最終的にはメッシュ単位に集計して解析に用い、密度もメッシュ単位で出力される。メッシュサイズは3次メッシュ～ハンターメッシュ4分割くらいがちょうどよさそうだが、今後検討する必要がある。

今後推進費など予算が確保できてより全域網羅的なサンプリングができるのであればそれが本解析になるが、そのデータがそろってから統計解析手法の検討をするのでは推進費のスケジュール的に無理がある。したがって、まずは2015～2018年度のデータを整理して、それを用いて手法の検討を進めておくことになると思われる。

解析に用いるデータの時間スケールは単年度を基本とする。一般には密度推定のための

標識再捕獲調査はより短期間で行うのがよいとされるが、ヒグマ個体のターンオーバーは他の動物に比べて大きくないので、年度内ならそこまで気にしないでもよいと思われる。また、短期間だと個体の移動範囲に限られるため、知床のようにアクセス困難地が広い場合は有効サンプリング範囲が狭くなってしまいうという問題が生じる。また、通年の行動圏を反映したデータを用いるほうが、サケマス遡上時期のルシャなど、一時的に高密度化することの影響も緩和できるはず。

### 3. データの取りまとめ方

- ・ 識別された個体のリスト

- 1 行 1DNA サンプル

- 年度、日付、個体番号、サンプリング手法、調査番号、(緯度経度)

- ・ 調査努力リスト

- 1 行 1 サンプリング回(ゼロデータも含むすべて)

- 年度、日付、サンプリング手法、調査番号、緯度経度 (ルートセンサス以外)

- ※ルートセンサスは別途ポリラインの shp ファイルで surveyID ごとのルート位置をデータ化する

- ・ 捕殺個体リスト

- 1 行 1 個体

- 年度、日付、個体番号、方法、狩猟 or 有害、緯度経度

- ・ 性別リスト

- 1 行 1 識別個体

- 個体番号、性別、(もしあれば) 齢など個体の属性情報

- ・ 環境要因の GIS データ

- 考慮したほうがよさそうな要因

- 標高、傾斜、土地利用別面積 (市街地、普通畑 (デントコーン含む)、牧草畑&放牧地、森林)、可猟区、サケ類遡上河川区間からの距離

### 4. 今後サンプリングおよび個体識別の努力量を増やせる場合

空間標識再捕獲モデルでは、データがないところは周囲の密度が外挿される。今後サンプリング努力量が増やせる場合、クマの密度勾配が大きい空白地帯を埋めるようにサンプリング努力量を投入していくと効率的に精度向上を図れると思われる。下記の場所が候補になると考えられる。

- ① 半島先端部  
知床岬、ルシヤより先の斜里側海岸部（船）、崩浜から先の羅臼側海岸部（船）、  
知床岳
- ② ラインセンサスの糞 DNA 未収集ルート
- ③ カムイワッカ-硫黄山-羅臼岳-岩尾別縦走路