

機関番号：32665

研究種目：若手研究 (B)

研究期間：2007～2010

課題番号：19780122

研究課題名 (和文) ソース・シンクモデルによるヒグマ個体群の構造・遺伝子流動の解明と被害管理への応用

研究課題名 (英文) Source-sink structure and gene flow within a population of brown bears and its application to human-bear conflict management.

研究代表者

佐藤 喜和 (SATO YOSHIKAZU)

日本大学・生物資源科学部・講師

研究者番号：60366622

研究成果の概要 (和文) : ヒグマの生息環境は均質ではなく、質の高低、死亡リスクの高低がある。分布中心部で人間の活動が少ない奥山と辺縁部で農地や集落などと接する里山を比較すると、秋の奥山は里山より痕跡密度が高いが、夏には低下し、逆に里山の痕跡密度が増加した。また夏には奥山から里山へ多くのオスが移動していた。夏の里山は生息地の質が高く(農作物や駆除されたシカの死体など)、同時に出没や農業被害の結果駆除されるリスクが高いことが示唆された。

研究成果の概要 (英文) : Habitats of brown bears consist of mosaic of heterogeneous in terms of its quality and mortality risk. Scat density of bears in population core was higher than in periphery in fall, whereas the density in core decreased in summer. We confirmed the movement of males from the core to the periphery in summer. We considered that, in population periphery in summer, habitat quality is high because of high availability of agricultural crops and deer carcasses derived from nuisance control and mortality risk is also high because of nuisance control caused by invasion into villages and crop depredation, which is known as attractive sink-like habitat.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2007年度	1,800,000	0	1,800,000
2008年度	600,000	180,000	780,000
2009年度	600,000	180,000	780,000
2010年度	300,000	90,000	390,000
年度			
総計	3,300,000	450,000	3,750,000

研究分野：林学

科研費の分科・細目：林学，林学・森林工学

キーワード：ヒグマ，個体群構造，遺伝子流動，生息密度，性比，移動・分散，ヘア・トラップ，遺伝的多様性

1. 研究開始当初の背景

ヒグマの自然死亡率は低く、狩猟や駆除など人間による死亡の割合が全死亡率の約90%を占めるとされる。北海道におけるヒグマの生息密度はほとんどの地域で環境収容力に達していないため、人間による捕獲圧が弱ければヒグマの生息数は増加する。一方ヒ

グマの繁殖率はシカやイノシシに比べて小さく、人間による捕獲圧が高ければ生息数は減少する。ヒグマの分布中心である奥山における狩猟圧は、狩猟人口の減少と高齢化により低下している。また1990年代後半以降、北海道ではヒグマによる人里への出没や農作物被害、その対策としての有害駆除が増加

しており、ヒグマの分布周縁部である里地里山における駆除圧は増加していると考えられる。したがってヒグマ個体群の構造は、分布中心で繁殖による新規補充が死亡を上回る population-source, 分布周縁で死亡率が高い population-sink となっていることが予想される。

Source から sink への個体供給と、sink における死亡との動的平衡が保たれているときに個体群動態は安定する。しかしこの仮定は、雌雄の分散パタンの違いを考慮すると実現が難しい。ヒグマの一般的な生態として、個体の移動には雌雄による差があることが知られている。すなわち、出生後母親と1年半ほど行動をとともにした幼獣は、母親から離れ単独生活を開始するが、その際メスは出生地付近に留まるのに対し、オスは出生地から離れた場所へ分散する。このことは、source から sink への個体供給は主にオス個体の分散によってまかなわれることを意味する。一方、sink における個体の死亡は、雌雄の区別のない無差別駆除である。これは、現在北海道で広く見られるように、有害駆除は被害農地付近に箱ワナを設置して捕獲するためである。その結果、農作物被害が深刻で多数の有害駆除が実施されているヒグマの分布周縁部では、中心部からの個体の移入により見かけ上生息数が保たれていても、集団構造は駆除により定着的なメスの数が減少し移入オスの数が増加するという質的变化が生じる。見かけ上の生息数に変化がないため、農作物被害も減少せず、有害駆除が継続される。集団構造の変化は、やがて地域における繁殖メスの絶滅を招き、ヒグマの分布縮小の発端となる可能性がある。これは、ツキノワグマやヒグマについて、拡散的絶滅過程と呼ばれた過程に類似している。

2. 研究の目的

これまでの研究では、ヒグマ個体群の主に sink 集団の情報をもとに解析を進めてきた。source 部の情報がなかったために、sink 集団との違いを定量的に比較し個体群レベルでの保全と被害管理に応用することができなかった。そこで本研究では、これまでの研究蓄積がある北海道東部白糠丘陵地域のヒグマ個体群を対象に、sink 集団に加え source 集団における生息密度、繁殖率、性比、遺伝的多様性、両集団間の遺伝子流動を生態学的、および集団遺伝学的な視点から明らかにすることを目的とした。

3. 研究の方法

(1) 調査対象は、北海道東部白糠丘陵に位置するヒグマ個体群とする。このうち sink 集団として北海道十勝郡浦幌町の集団(以下、UH とする)を、source 集団として北海道白糠

郡白糠町北部の集団(以下、SN とする)を対象とした。

(2) UH および SN における生息密度、および食性の比較を行なうため、痕跡調査を行なった。

(3) UH および SN における遺伝的空間構造、集団間の移動実態、sink 地域における農作物被害との関係を明らかにするため、DNA 解析のためのサンプル回収、効率的な DNA 解析法の検討、DNA 解析とまとめを行った。

4. 研究成果

(1) 生息密度、および食性の比較

2007-2008 年度に現地調査を行い、その結果を解析した。生息密度は、初夏および秋には SN 地域の方が高かったが、晩夏の農業被害発生時期には減少し、逆に UH 地域で痕跡密度が増加した。農業被害発生時期における source から sink への個体の移動の可能性が考えられた。食性については、SN 地域では農作物の利用は見られず草本・アリ・ベリーを主に利用しており、一方 UH 地域では農作物の利用が多く、食害を通じた人間との軋轢が駆除による死亡率を高める原因となっていた。

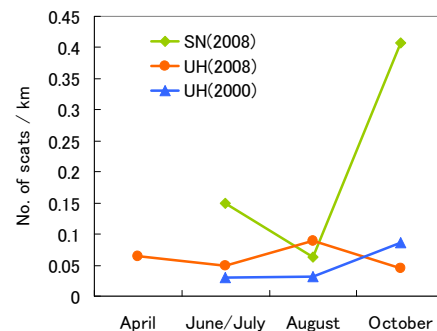


図. ヒグマ個体群の分布周縁部(UH)および中心部(SN)における糞密度の比較. 北海道東部阿寒白糠地域, 2000, 2008年.

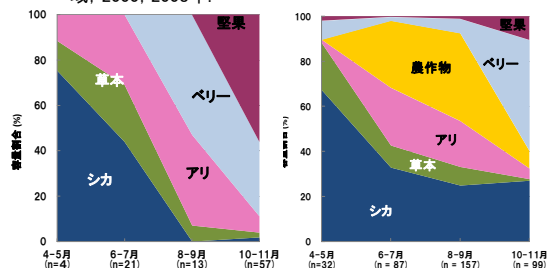


図. ヒグマ個体群の分布周縁部(UH, 右)および中心部(SN, 左)における食性の比較. 北海道東部阿寒白糠地域, 2007-2008年

一つの地域個体群の分布中心部と周縁部における痕跡密度や食性の違いを比較する研究は少なく、一連の分布域内に生息環境の質の異質性があることを示した点で価値が高い。このことは、繁殖率や生存率に影響を与えていることが予想され、その結果個体群

内でソース・シンク構造を発生させていると考えられる。今後は、分布中心部と周縁部における繁殖や死亡に関する指標を直接取得するような研究が必要になる。

この成果については、2009 年度に日本哺乳類学会にて発表を行った。現在学術雑誌への投稿論文執筆中である。

(2) 遺伝的空間構造, 集団間の移動実態と sink 地域における農作物被害との関係

①調査対象地域における遺伝解析に最適なマーカーセットの選択

核ゲノム中のマイクロサテライトマーカーを用いて調査対象地域におけるヒグマ個体群の遺伝的多様性の解析や、個体識別、および血縁関係解析を行うため、駆除個体の試料を用いて最適なマーカーセットの検討を行なった。24 座位を検討した結果、多型の多い6 座位を用いることで十分な精度の個体識別ができること、また 19 座位を用いることで十分な精度の血縁関係推定を実施できることが明らかとなった。

本研究結果は基礎的ではあるが、こうした検討無しに分析を行なうと、その分析精度を判断できない。本研究は、今後当地域における解析をすすめる根拠となるだけでなく、他地域における研究の規範となるだろう。

本研究の成果は、日本哺乳類学会にて発表され、また日本森林学会英文誌に掲載された。

②mtDNA 多型解析による分布中心部と周縁部間の個体の移動実態

UH および SN において狩猟または駆除で捕獲された個体の試料を基に mtDNA 多型解析を行ない、両地域間の個体の移動実態を検討し、さらに UH 地域で発生している農業被害との関連性について検討した。その結果、分布中心部に位置する SN 地域で生まれたオスが、分布周縁部である UH 地域に移動し、多数駆除されているという実態が明らかとなった。

浦幌町のヒグマ駆除記録によれば、1990 年代後半から交尾期にあたる初夏にオス成獣が駆除される傾向が見られた。

これと mtDNA 多型解析の結果、さらに(1)で示した生息密度と食性の違いを合わせると、現在のヒグマ個体群が分布する生息環境の空間配置は、当初想定していたものとは異なる可能性が出てきた。すなわち、分布中心部がソース的生息地(生息環境の質が高く、高繁殖率・低死亡率の地域)、周縁部がシンクの生息地(生息環境の質が低く、低繁殖率・高死亡率の地域)であるというよりは、相対的に分布周縁部は、生息環境の質が高く(周辺農地における農作物、および農業被害対策のためのシカの駆除死体が分布)、さらに農地や周辺集落への出没対策として積極

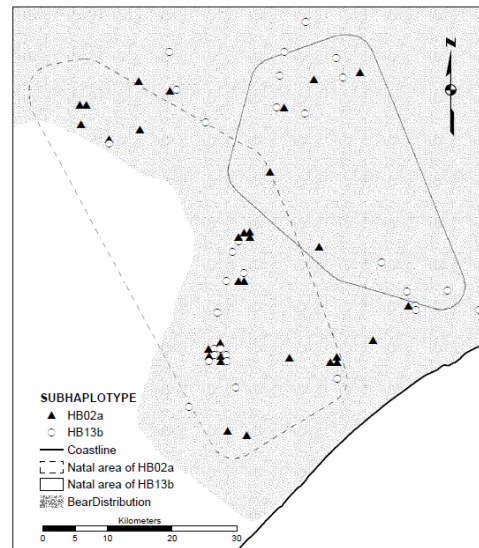


図. mtDNA 多型解析による分布周縁部(サブハプロタイプ HB02a の natal area, UH に相当)および中心部(サブハプロタイプ HB13b の natal area, SN に相当)で捕殺された個体のサブハプロタイプ, 北海道東部阿寒白糠地域, 1996-2008 年

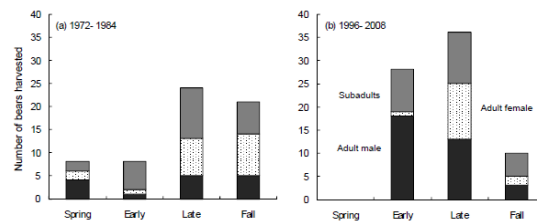


図. 北海道十勝郡浦幌町におけるヒグマの季節別年齢クラス別駆除数の年代別比較, 1972-1984 年(左)と 1996-2008 年(右).

的に駆除が行なわれるために死亡率が高いという、アトラクティブ・シンク的な生息環境にある可能性がある。また有害駆除は主に箱ワナを用いて行なわれているため、ヒグマが分布周縁部における高い死亡リスクを感知せず、分布中心部から周縁部へ非適応的な分散をしていると考えられた。

ヒグマの生息地解析におけるアトラクティブ・シンク概念はすでに知られているが、農業被害との関係で論じられたことはなかった。これは、北海道のヒグマ管理を進める上で非常に重要な知見である。今後、両地域間の個体の移動実態や両地域における生息地利用、両地域における繁殖率・死亡率に関する直接的指標の取得が必要である。また広域的には、こうした現象が他地域でも起こっているかどうかを確かめる必要がある。

この研究の成果は、現在学術雑誌に投稿し、査読中である。

③mtDNA 多型解析およびマイクロサテライトマーカーを用いた、分布中心部と周縁部間の個体の繁殖実態

②で用いた試料をもとにマイクロサテライト多型解析に基づく血縁関係解析を行ない、mtDNA 多型解析の結果とあわせて、分布中心部と周縁部における繁殖実態を調べた。

その結果、分布周縁部であるUH地域では、中心部のSN地域から移入してきたオスが、UH地域で生まれたメスとの間により多くの子を残していることが明らかとなった。このことから、分布中心部と周縁部では、mtDNAハプロタイプに違いが見られるものの、遺伝的な交流は維持されていること、中心部から周縁部へのgene flowがより多く起こっていること、中心部から周縁部へ分散した個体の多くは繁殖に成功していると考えられた。

こうした研究成果は国内ではいまだ例のない新たな知見である。今後ヒグマ個体群内の遺伝的な空間構造および繁殖実態を明らかにするために重要な知見となるだろう。

この研究の成果は、クマ類研究と保護管理のための国際会議、日本生態学会で発表し、また現在学術雑誌への投稿論文を執筆中である。

(3)ヘア・トラップ法を用いた個体数推定法に関するレビュー

ヒグマ個体群の適切な保護管理のためには、(1)、(2)で示したようなヒグマの生態の理解および軋轢発生原因の検討に関する研究のほか、個体群の動向や、現在被害対策のために行なわれている有害駆除が健全な個体群の存続に与える影響についても研究する必要がある。クマ類のような低密度、低繁殖率、長寿命の動物においては、個体数や生息密度およびその動態を把握するのは難しく、これまで捕獲標識個体の追跡や再捕獲などによる方法が行なわれてきたが、予算や労力の点からどの地域でも実施できるものではなかった。特に日本国内では十分な研究成果が上げられてこなかった。

近年、分子遺伝学的手法の発展と、野外における痕跡情報の採取方法の発展により、捕獲を伴わずに体毛や糞などの痕跡からDNAを採取して個体識別を行ない、これに基づいて個体数や密度、およびその動態を調べる研究が実用化されつつある。そこで、体毛回収トラップ(ヘア・トラップ)法を日本で用いる際の問題点や課題を整理した。

信頼できる個体数推定を行なうために必要なトラップの配置、セッションの繰り返し数、遺伝分析法、個体数推定モデルなど様々な局面で十分な検討が必要であり、この手法の安易な導入によっても信頼できる推定値を得ることは困難であることが確認された。

今後、ここで明らかとなった課題に関する検討が必要となる。本研究の成果は、日本哺乳類学会で発表し、また学術雑誌に掲載された。さらに、ここで明らかとなった課題を解

決すべく、環境省からの環境研究総合推進費による受託研究が実施されている。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計3件)

- ① 伊藤哲治・佐藤喜和・間野勉・岩田隆太郎. Estimating a suitable microsatellite marker set for individual identification and parentage tests of brown bear (*Ursus arctos*) in the Akan-Shiranuka Region, eastern Hokkaido, Japan. *Journal of Forest Research*. 査読有, 14巻, 2009年, 117-122 ページ.
- ② 佐藤喜和・湯浅卓. ヘア・トラップを用いたクマ類の個体数推定法: 概要と注意点. *哺乳類科学*. 査読有, 48巻, 2008年, 101-107 ページ.
- ③ 湯浅卓・佐藤喜和. 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*. 査読有, 48巻, 2008年, 109-118 ページ.

[学会発表] (計8件)

- ① 佐藤喜和. ヒグマによる農作物への被害とその発生要因: 富良野市および浦幌町における事例から. 日本生態学会, 2011年3月8日, 札幌.
- ② 佐藤喜和・小林喬子・西山幸之介・ほか3名. 分布中心部と周縁部におけるヒグマの痕跡密度と食性の比較. 日本哺乳類学会, 2009年11月22日, 台湾大学.
- ③ 山田幸・堀口未央・佐藤喜和・ほか3名. DNA 個体識別法によるヒグマの農地侵入実態と駆除の効果. 日本哺乳類学会, 2008年9月13日, 山口大学.

[図書] (計1件)

- ① 佐藤喜和. 東京大学出版会. 日本のクマ. ヒグマとツキノワグマの生物学. 2010. 37-58.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

佐藤 喜和 (SATO YOSHIKAZU)

日本大学・生物資源科学部・講師

研究者番号: 60366622