

令和 6年 6月 10日現在

機関番号：30109

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2021～2023

課題番号：21K05637

研究課題名（和文）保全遺伝学的手法とGPSテレメトリー法を用いた人の生活圏に定着化したヒグマの研究

研究課題名（英文）Research of brown bear using human living areas using conservation genetics and GPS telemetry methods.

研究代表者

伊藤 哲治 (Itoh, Tetsushi)

酪農学園大学・農食環境学群・講師

研究者番号：70751931

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,200,000円

**研究成果の概要（和文）**：本研究は、クマ類のアーバン化の要因について明らかにすることを目的として、ヒグマを対象に遺伝子情報およびGPSテレメトリー法によって、アーバン化と個体間の血縁は関係、分集団の分布と個体の移動傾向、アーバン化した個体の季節的な環境利用と行動圏を明らかにする。これらの結果から、人の生活圏への定着と移動分散の傾向について明らかにする。

占冠村において、2021-2023年に実施されたヘアトラップ調査では約1990試料を採取し、個体識別および血縁関係解析のためのDNA解析を行っている。2021-2023年度の期間に6頭のヒグマにGPS首輪発信器を装着し、追跡および測位点の環境調査を行っている。

#### 研究成果の学術的意義や社会的意義

これまで明確な知見を得ることが難しかったクマ類のアーバン化の要因について、遺伝子情報から、アーバン化と個体間の血縁は関係しているか、生息密度とアーバン化の関係性、そして分集団の分布と個体の移動傾向を明らかにできるだろう。GPSテレメトリーの情報からは、アーバン化した個体の季節的な環境利用と行動圏、行動や活動パターンを明らかにし、遺伝的情報と組みさせて解析することにより、人の生活圏への定着と移動分散の傾向について新たな知見を得ることを可能とするだろう。

大型哺乳類のアーバン化の発生要因についての知見を得られることから、科学的な根拠に基づく野生動物管理において重要な情報となるだろう。

**研究成果の概要（英文）**：The objective of this study was to reveal the factors that cause urbanization in bears. Using genetic data and GPS telemetry, we will determine the relationship between urbanization and kinship among individuals, the distribution of subpopulations, individual migration trends, and the seasonal environmental use and activity zones of urbanized individuals. The results obtained will be used to determine the trends of settlement and dispersal of migration to human habitats.

In Shimukappu village, about 1990 samples were collected for DNA analysis for identification and kinship analysis during the hair-trap survey conducted from 2021 to 2023. 6 brown bears were equipped with GPS collar transmitters from 2021 to 2023 for tracking and environmental survey at the location points.

研究分野：野生動物管理学

キーワード：ヒグマ 保全遺伝学 個体間関係 アーバンペア GPSテレメトリー 農業被害 野生動物管理

## 1. 研究開始当初の背景

近年、人の生活圏に繰り返して出没・定着（アーバン化）したクマ類の出没と被害が増加している。しかし、クマ類のアーバン化に関しては、その要因は明らかとなっていない。本研究は、これまで明確な知見を得ることが難しかったクマ類のアーバン化の要因について明らかにすることを目的として、ヒグマを対象に遺伝子情報から、アーバン化と個体間の血縁は関係しているか、生息密度とアーバン化の関係性、そして分集団の分布と個体の移動傾向を明らかにする。また、GPS テレメトリーの情報から、アーバン化した個体の季節的な環境利用と行動圏、行動や活動パターンを明らかにし、遺伝的情報と組みわせて解析することにより、人の生活圏への定着と移動分散の傾向について新たな知見を得る。本研究により、クマ類のアーバン化について、要因解明が期待できる。また、科学的根拠に基づく野生動物の管理の促進およびアーバン化したクマ類への現地対策のための有益な情報となるだろう。

ヒグマ (*Ursus arctos*) は、日本では北海道にのみ生息する大型哺乳類である。近年、人間の活動が活発的な地帯、人里および市街地（以後、人の生活圏）に出没と定着が増加傾向にあり、人との軋轢が大きな問題となっている。特に、人間の存在や活動に対して警戒心や恐怖心が薄く、人の生活圏に頻繁に出没し、定着するようになった個体を「アーバンベア」や「新生代クマ」と呼んでおり、北海道のヒグマだけでなく、本州のツキノワグマ (*Ursus thibetanus*) にも同様の問題が発生している。

クマ類が人の生活圏に頻繁に出没する要因として、母グマの行動圏が人の生活圏にあり、親離れしたクマも同様の行動圏となった、母グマやきょうだい関係がある個体との行動の中で培われた学習行動により人間への恐怖心が薄くなったり、競争や子殺しを避けるために人の生活圏近くに行動圏を移行したり、生息数の増加により分布が拡大したり、人の生活圏近くの餌資源（農作物、ゴミなど）の利用、生息環境の変化、などが複合的に関係していると推測されている。人の生活圏に繰り返してアーバン化したクマ類に関する、行動パターンや利用環境の研究例は国内では少ない。また、アーバン化したクマ類に関して、個体間の関係性や個体数および生息密度とアーバン化した個体の関係性について明らかにした研究はない。今後、クマ類だけでなく大型哺乳類のアーバン化の発生要因について明らかにすることは、科学的根拠に基づく野生動物管理において重要な情報である。

アーバン化した大型哺乳類の研究や調査は、地方行政や地域レベルでの協力体制が構築されないと難しい。特に人の生活圏でのクマ類の生態捕獲や GPS (Global Positioning System) を内蔵した首輪（以降、GPS 首輪）の装着後の放獣は、放獣後の安全性の懸念から地域住民に強く反対される。よって、クマ類のアーバン化に関する研究や調査は実施が困難な状況にある。北海道勇払郡占冠村は北海道のほぼ中央に位置しており、北は大雪山系、南から東は日高山脈、西は夕張山地と四方を山々と森林に囲まれ、ヒグマやエゾシカ (*Cervus nippon yesoensis*) の恒常的な生息地である。この豊かな自然により、占冠村は北海道を代表する観光地となっている。しかし、近年、村内やリゾートホテル敷地内のヒグマの出没や定着する件数が増加し、ヒグマのアーバン化が懸念されている。その対策として、占冠村役場は野生鳥獣専門員を配置し、先進的なヒグマの管理を行っている。その成果により、占冠村のヒグマの管理に対しての地域住民の理解は深い。よって、北海道においてアーバン化したヒグマの研究を実施するには最適な地域といえる。

## 2. 研究の目的

本研究は、これまで明確な知見を得ることが難しかったクマ類のアーバン化の要因について明らかにすることを目的として、ヒグマを対象に以下の研究を行った。

- 1.局所的・広域的な遺伝子情報を用いた個体間関係と生息密度の解析
- 2.アーバン化した個体の GPS テレメトリーによる移動および行動様式の解析

本研究では、人の生活圏において得られた局所的な個体識別情報と、生息域全域における広域的な個体識別情報を統合して血縁関係解析を行うことを試みる。このことにより、アーバン化したクマ類に血縁が関係しているかを明らかにする。また、広域的な遺伝子情報から、生息密度とアーバン化の関係性と分集団の分布や個体の移出入を解析して、局所的なヒグマの問題を広域的な観点で明らかにしたい。ヒグマの GPS 首輪装着による調査に関しては、圃場に出没するヒグマについて釣賀・石田（2011）にて行われているが、本研究では圃場を含めた村内やリゾート付近のアーバン化したヒグマの行動を明らかにすることを試みるので、アーバン化したクマ類の詳細な行動パターンを得ることができる初めての研究となるだろう。また、近年の GPS 首輪による調査から、オスの移動距離は 100km<sup>2</sup> を超える広範囲に及ぶことが明らかになっている。よって、1.の保全遺伝学的研究の項目と併せて、行動範囲を解析することで、採食および冬

眠のための行動だけでなく、広範囲に及ぶ分集団からの移動分散の傾向、および繁殖のための移動・定着について明らかにする。

### 3 . 研究の方法

#### 1. 局所的・広域的な遺伝子情報を用いた個体間関係と生息密度の解析

アーバン化しているヒグマの遺伝子情報を得るために、占冠村において人の生活圏への出没や被害の頻度が多い3地区で、局所的に集中してヘア・トラップを設置して、体毛試料を得る。設置時期は、各年度の圃場の被害や村内への出没が頻繁になる6~9月とする。新鮮な体毛試料を得るために2週間以内に1回の見回りを行う。

占冠村の全域のヒグマについての遺伝子情報を得るために、占冠村の森林全域約537km<sup>2</sup>内に、約40基のヘア・トラップを設置して体毛試料を得る。設置時期および見回りの頻度は、<sup>1</sup>と同様とする。

占冠村および周辺地域のヒグマの遺伝子情報を得るために、2014~2023年の期間で捕獲されたヒグマの肝臓試料約500試料の遺伝子分析を行った。

以上の調査により得られた試料は、以下の遺伝子分析を行った。

マイクロサテライトDNA18座位の個体識別情報を解析した。

アメロゲニン遺伝子の分析による性判別：体毛試料のみ行う。Yamamoto et al. (2002) の方法に従い雌雄を決定した。

各試料の遺伝子情報から、以下の項目を解析する。

##### I. アーバン化が確認された個体間の関係および確認されなかった個体との関係

Itoh et al. (2012) および鶴野ら (2019) の方法に準じて、各個体間の血縁関係を推定する。得られた血縁関係から、アーバン化は血縁個体と共に行動した期間における学習によるものなのか・血縁に関係が無い各個体の特徴なのかを明らかにする。

##### II. 生息密度とアーバン化との関係

血縁関係の結果を用いた個体数推定 (Creel and Rosenblatt 2013) および空間明示型標識再捕獲モデル (Gardner et al. 2009; Royle et al. 2009) による個体数推定を行い、占冠村内のヒグマの個体数と生息密度を推定する。そして、占冠村内全域のヒグマの生息密度およびアーバン化したヒグマが認められた地域での生息密度の違いを比較し、一定の地域内のヒグマの生息地に、アーバン化したヒグマがどれくらい含まれるかを試算する。

##### III. 分集団からの移出入とアーバン化との関係

本調査地におけるヒグマの広域的な分集団の空間構造を得て、各分集団の構成・空間分布・遺伝的変異・集団間の遺伝子流動の程度・各分集団からの移出入の傾向を明らかにする。解析方法は、Itoh et al. (2013) の方法に準じて、STRUCTURE 解析 (Pritchard et al. 2000) により、分集団の構造を解析する。得られた分集団からの移出入の状況と傾向を明らかにするとともに、占冠村内のアーバン化したヒグマの出生地および分集団からの移動傾向について、後述の2.の研究のデータも用いて明らかにする。

#### 2. アーバン化した個体へのGPSテレメトリーによる移動および行動様式の解析

人の生活圏に出没・定着しているヒグマの移動および行動パターンを明らかにするために、人の生活圏への出没や被害の頻度が多い占冠村の2地区にて、目視と自動撮影カメラにより個体識別されたヒグマを、調査期間中に捕獲檻(ドラム缶式)を用いて生体捕獲を行った。捕獲したヒグマは麻酔で不動化後に活動量センサー付きのGPS首輪を装着した。この時、外部計測や年齢査定のための臼歯の採取、体毛と血液試料の採取、および耳標の装着を行った。GPS首輪を装着する個体は、オス3頭およびメス3頭とした。GPS首輪は、1時間毎に測位するように設定した。測位データの回収は、衛星通信によるものに加え、首輪の脱落装置の作動、または再捕獲によりGPS首輪を直接的に回収する方法で行う。捕獲から1~2年間の測位データを用いて、スイッチング状態空間モデル (Jonsen et al. 2007) により、観察誤差の補正および移動滞在の行動区分の処理を行う。処理された測位データを、ArcGIS (Esris社) により空間分布と情報の整理を行い、調査個体のアーバン化が、季節的な餌資源によるものなのか・出没する地区が恒常的な行動圏であるからなのかを明らかにするために、人里への出没経路と行動範囲、出没時間帯、年間の利用環境、行動区分(探餌・休息・移動)について解析を行う。また、前述の1.の研究により明らかになった遺伝的な分集団からの移出入の情報も用いて、「アーバン化」したヒグマの移出入はどの分集団から、どのような移動範囲で行われているかを明らかにする。

### 4 . 研究成果

#### 1. 局所的・広域的な遺伝子情報を用いた個体間関係と生息密度の解析

2021~2023年のヘア・トラップ調査により、約1990試料を採集した。また、占冠村および占冠村周辺の地域のヒグマ駆除個体の試料は約494個体分を採集した。マイクロサテライトDNA18座

位を解析した結果、2020 年度に実施されたヘア・トラップ調査の解析結果と併わせると 2021 年度までに、約 60 個体のヒグマが占冠内にて確認された。今後、2022-2023 年度の試料の解析を進めていき、個体数の推定および個体間関係についての解析を行う。また、STRUCTURE 解析により広域的には道央に大きく 2 つの遺伝的に分けられる集団が確認され、さらにこの 2 つの集団を分けて、STRUCTURE 解析を実施した結果 5 つの集団に細分化された。この遺伝的構造から、ヒグマの移動・分散は、森林の連續性や地形、そして人間が利用している環境（町・村・圃場等の平野部）が影響していることが示唆された。今後、各集団内外におけるクマの移動・分散による遺伝子流動について解析を進めていく。また、ミトコンドリア DNA (mtDNA) の調節領域（約 700 塩基）の解析によるハプロタイプの決定： Matsuhashi et al. (1999) により、個体の出生地からの分散を、マイクロサテライト DNA の遺伝情報と併せて情報を得る。

## 2. アーバン化した個体への GPS テレメトリーによる移動および行動様式の解析

2021 ~ 2023 年度に、オス 3 頭およびメス 3 頭を生体捕獲し、GPS 首輪を装着して放猟した。そのうち、オス 2 頭は測位更新がされなくなった。メス 2 頭は首輪が脱落したのでを回収した。現在、オス 1 頭およびメス 1 頭を追跡している。オスおよびメスの行動圏は従来の報告の通りに、オスは広域的に移動し、メスは局所的な環境利用を繰り返しながら季節によって異なる場所を利用していた。一部の個体では、人が利用している環境を通る・利用するなどの行動が見られた。現在、各個体の測位点の環境利用について解析を進めている一方で、より詳細な移動経路を明らかにするための研究を継続的に行う。また、測位点が集中した場所についての環境利用要因を明らかにするための調査を実施している。

## 引用文献

- Creel, S., Rosenblatt, E. 2013. Using pedigree reconstruction to estimate population size: Genotypes are more than individually unique marks. *Ecology and Evolution* 3:1294-1304.
- Gardner, B., J. Royle and Wegan, M. 2009. Hierarchical models for estimating density from DNA mark-recapture studies. *Ecology* 90(4): 1106-1115.
- Itoh, T., Sato, Y., Tsuruga, H., Mano, T., Kohira, M., Yamanaka, M., Kasai, S., Kobayashi, K. and Iwata, R. 2013. Estimating the population structure of brown bears in eastern Hokkaido based on microsatellite analysis. *Acta Theriol* 58: 127-138.
- Jonsen, I. D., Myers, R. A. and James, M. C. 2007. Identifying leatherback turtle foraging behavior from satellite telemetry using a switching state-space model. *Marine Ecology Progress Series* 337: 255-264 Jonsen et al. 2007
- Matsuhashi, T., Masuda, R., Mano, T. and Yoshida, M. C. 1999. Microevolution of the mitochondrial DNA control region in the Japanese brown bear (*Ursus arctos*) population. *Molecular Ecology* 9: 53-60.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. and Donnelly, P. (2000): Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- Royle, J., J. Nichols, K. Karanth and Gopalaswamy, A. 2009. A hierarchical model for estimating density in camera trap studies. *Journal of Applied Ecology* 46(1): 118-127.
- 釣賀ニニ三・石田千晶 . 2011 . GPS 装置を用いた農地周辺を利用するヒグマの行動追跡。「ヒグマとのあっべき回避のための研究—ヒグマ出没ハザードマップ作成に関する研究—」（北海道立総合研究機構環境・地質研究本部環境科学研究センター自然環境部編） 23-33.
- Yamamoto, K., Tsubota, T., Komatsu, T., Kitayama, A., Murase, T., Kita, I. and Kudo, T. 2002. Sex Identification of Japanese Black Bear, *Ursus thibetanus japonicus*, by PCR based on Amelogenin Gene. *Journal of Veterinary Medical Science* 64(6): 505-508.

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 伊藤哲治、根本唯、下鶴倫人、坪田敏男、浦田剛
2. 発表標題 北海道占冠村における圃場で捕獲されたヒグマのGPS追跡
3. 学会等名 日本哺乳類学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

## 6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	浦田 剛  (Urata Tsuyoshi)		
研究協力者	根本 唯  (Nemoto Yui)		
研究協力者	坪田 敏男  (Tsubota Toshio)		
研究協力者	下鶴 倫人  (Shimozuru Michito)		

## 7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------