

絶滅のおそれのある四国のツキノワグマ个体群の 個体数推定とポテンシャルマップの作成

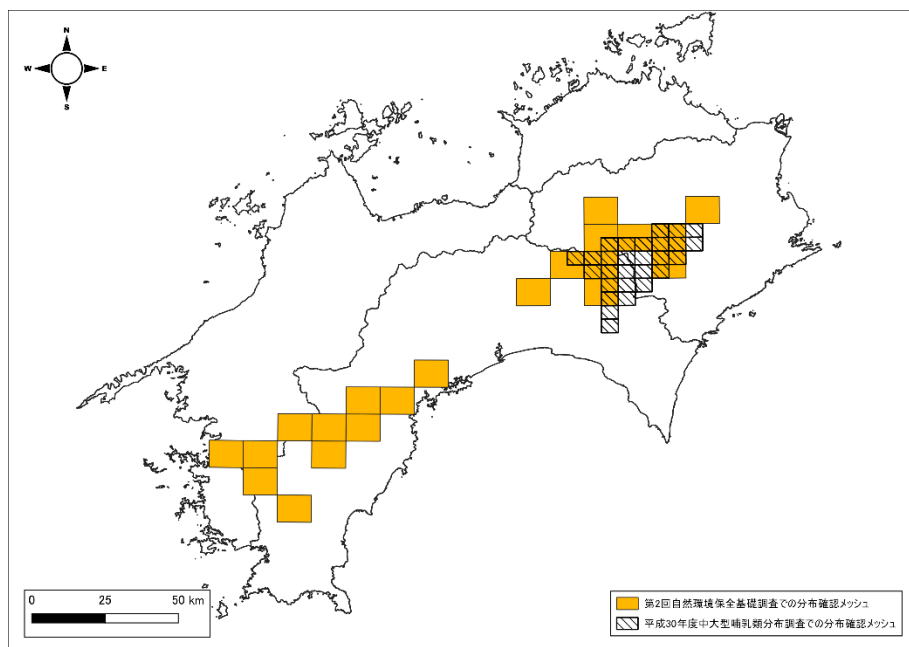
認定特定非営利活動法人 四国自然史科学研究センター

四国

はじめに

近年、本州ではツキノワグマ (*Ursus thibetanus*) の分布拡大や個体数の増加によって、ツキノワグマの人里への出没や人身被害件数が増加し、人との軋轢が大きな社会問題となっている。しかし、四国のツキノワグマは、国内で分布が縮小している唯一の個体群であり（環境省自然環境局生物多様性センター 2019）、2017 年時点の推定個体数も 16–24 頭（鵜野ら 2019）と非常に少なく、絶滅の危険性が高い状況にある（ツキノワグマ四国地域個体群の保全に係る広域協議会 2020）。

1970 年代には四国西部と東部の 2 地域でツキノワグマの分布が確認されていたが、現在は四国東部にある剣山地及びその周辺でのみ分布が確認されている（図 1）。四国の個体群の適切な保全のためには、科学的根拠に基づいた個体数のモニタリングと血縁関係を踏まえた繁殖状況の把握、生息地管理が不可欠である。しかし、保全を行ううえで最も基礎的な情報である生息数及び分布域についても 2017 年以降は把握されていない。そこで、四国の個体群の保全に必要な基礎資料を得ることを目的とし、2018 年以降の生息頭数と繁殖状況の把握、分布域の変化の把握と潜在的な生息可能域（ポテンシャルマップ）を推定した。



方 法

個体識別、親子判定及び個体数推定

本研究では捕獲個体由来のサンプルと非侵襲的方法により採取されたサンプルを使用した。捕獲個体由来のサンプルは、2018 年以降に新たに捕獲された個体 9 頭（メス 6 頭、オス 3 頭）について、国立環境研究所が血液から抽出した DNA を使用した。2017 年以前のサンプルは鶴野ら（2019）で用いた DNA 抽出液の残りを使用した。非侵襲的方法により採取されたサンプルは、2011 年から 2024 年にかけて回収された体毛サンプル 16 点、2017 年から 2020 年にかけて採取された糞サンプル 17 点を使用した。DNA の抽出には体毛は DNeasy Blood & Tissue Kit（QIAGEN）、糞は QIAamp DNA Stool Mini Kit（QIAGEN）を用いた。

遺伝解析は、親子判定及び非侵襲的サンプルの個体識別のために、次の 4 種類の遺伝マーカーを用いて解析を行った。1) 核ゲノム上のマイクロサテライト DNA マーカー：15 遺伝子座（ABB4, ABB8, D103, G10J, G10P, G1D, MSUT1, MSUT2, UT35, UT38, UT4, UamD2, UarMU23, UarMU51, UarMU59）を使用し、個体識別、親子推定、血縁度推定を行った。解析手法は大西ら（2008）、鶴野ら（2019）に準じた。2) ミトコンドリア DNA：母系遺伝マーカーとして使用し、Ohnishi et al.（2009）の方法に従い D-koop 領域約 706bp の塩基配列を決定した。3) Y 染色体マイクロサテライト DNA マーカー：父系遺伝マーカーとして、新たに開発した 18 遺伝子座（兼子ら 未発表）を使用し、ハプロタイプを決定した。4) 性判別：アメログニン遺伝子領域の増幅により性判別を行った（Yamamoto et al. 2002）。遺伝解析時のタイピングエラーを防ぐために、複数回捕獲されている個体は、それぞれの捕獲時に採取した血液由来の DNA で遺伝子型が一致することを確認した。1 回しか捕獲されていない個体については、同一サンプルで 2 回以上 PCR を行い、遺伝子型が一致することを確認した。

非侵襲的方法により採取されたサンプルについて、CERVUS ver. 3.0.7 を用いて、13 遺伝子座以上を使用して個体識別を行った。1 遺伝子座でもミスマッチがあるペアは同一個体とみなさず除外した。親子推定は CERVUS ver. 3.0.7 を用いて、13 遺伝子座以上を使用し、confidence level は relax (80%以上) を適用して解析した。親子推定の補助情報として、個体の年齢推定を実施した。捕獲個体については、上または下の第一小臼歯を用い、歯根部分の切片をヘマトキシリン染色し、セメント質の年輪を数えることによって年齢を推定した（八谷・大泰司 1994）。小臼歯を用いて年齢推定ができていない個体については、捕獲時の体重及び臼歯の摩耗の程度から、およそ 6 歳未満または 4 歳未満とした。また、年齢推定の結果、年齢差が 2 歳未満の個体は親候補から除外した。

個体数推定は 1997 年以降を 7 年間で区切った I 期から IV 期までの 4 期間で行った。捕獲された個体数（Ns）、捕獲個体の親子判定で繁殖が分かった未捕獲の個体数（Nin）、捕獲個体中に子が見つかった親個体の数（Bs）の値を求め、Creel and Rosenblatt（2013）の式に当てはめ、個体数（N）を推定した。

$$N = Ns + 2Nin - (Nin \times Bs) / (Ns + Nin)$$

捕獲個体数（Ns）には実際の捕獲した個体数に加え、期間中に実際に捕獲されなくても年齢推定及び親子推定により期間中に生存が確認された個体も含めた。

分布確認地域と重要保全地域（コアエリア）の可視化

2010–2024 年までの四国内のツキノワグマの生息情報を使用し、GIS（地理情報システム）を用いて、頻繁に利用するエリア（重要保全地域＝コアエリア）と一度でも利用したことのあるエリア（分布確認地域）の 2 種類に分けて可視化した。ツキノワグマの生息情報は、これまでに設置していた自動撮影カメラによって把握したツキノワグマの確認情報及び環境省等が実施しているツキノワグマのモニタリング調査によって得られた情報を使用した。また補足として、2018 年以降の生息情報が不足していた、生息域の南縁の地域で新たに自動撮影カメラを 3 台設置して調査を行い、得られた生息情報も追加した。

2 km メッシュごとに生息情報を集計し、3 年以上生息が確認されているメッシュを重要保全地域（コアエリア）とした。それ未満の 1 年もしくは 2 年しか生息が確認されていないメッシュを分布確認地域とした。2017 年以前と 2018 年以降に分けて、ツキノワグマの重要保全地域及び分布確認地域の変化を比較した。

ポテンシャルマップの作製

ツキノワグマが実際に利用（used）した環境と利用可能（available）な環境を比較し、各要因の影響と生息に適した環境を推定した。利用に関する情報は、ツキノワグマのオス 6 頭、メス 7 頭に GPS 首輪を装着し、2012 年から 2024 年の期間の位置情報を用いた。解析には GPS 測位の状態が 3D かつ DOP が 10 以下の測位点を利用し、捕獲後の 1 週間と冬眠期間中の測位情報は解析から除外した。冬眠開始は、1 週間以上連続して測位情報が途絶えた日または、測位位置が固定された最初の日とし、冬眠終了は冬眠後、1 週間以上連続して測位情報の移動が確認できた最初の日とした。さらに、位置情報の測位間隔が 1 時間となる位置情報のみ抽出して解析に使用し（ $n = 66,260$ ）、除外した位置情報は推定したポテンシャルマップの精度評価に使用した（ $n = 8,197$ ）。

利用可能性に関する情報については、収集した位置情報から最外郭法（Minimum Convex Polygon）により行動圏を定義し、ツキノワグマが利用した資源と比較するため、個々の行動圏から利用点と同数のランダムな地点を抽出したものを利用可能な環境の情報とした。

利用に影響する変数として、第 6・7 回自然環境保全基礎調査現存植生図の凡例を再分類した植生被覆タイプ（表 1）、道路からの最短距離、市街地・耕作地からの最短距離、10 m 解像度のデジタル標高モデル（DEM）から生成した標高、地形湿潤指数（TWI）、植生被覆から作成した植生多様度、半径 500 m 以内の森林面積、半径 500 m 以内の人工林面積、半径 500 m 以内の落葉広葉樹林面積を用いた。各変数については、共線性の確認を行い、半径 500 m 以内の森林面積、人工林面積、落葉広葉樹林面積は相関係数が $r > 0.85$ であったため、半径 500 m 以内の人工林面積と落葉広葉樹林面積の 2 変数を解析から除外した（表 2）。

ツキノワグマが利用した環境に対する環境要因の応答について、個体差を考慮した一般化線形混合モデル（GLMM）によるロジスティック回帰を行い、AIC（Akaike information criterion）を用いてモデル選択を行った。推定された回帰係数を基に次式によりユニット毎（1 ユニット 10m 四方）の相対利用確率（RSF 値）を算出して地図化を行った。

$$\text{RSF} = \frac{\exp(\beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \cdots \beta_k x_k)}{1 + \exp(\beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \cdots \beta_k x_k)}$$

ここで、 β_i ：回帰係数、 χ_i ：変数を示す。

地図化は、ツキノワグマの分布が確認された 5 km メッシュを基準に外接する長方形を対象とした。算出した RSF 値を 10 クラスに再分類（等量分類）し、ポテンシャルマップを推定した。推定したポテンシャルマップの精度を評価するため、モデルに使用しなかった精度評価用のデータを用いた、面積当たりの頻度法（Johnson et al. 2006）によって予測精度を評価した。

推定したポテンシャルマップの RSF 値が 0.8 以上となったエリアを好適生息地とし、重要保全地域に隣接する好適生息地を積極的保全地域と分類した。さらに、植林地を落葉広葉樹林に転換した場合に好適生息地に置き換わる場所（転換後好適地）を推定した。以上の解析には、ArcGIS 10.0、QGIS3.34.5、R 4.0.0 及び STATA14 を用いた。

表 1. 再分類した植生区分

植生カテゴリー	植生図大区分
植林	植林地
落葉広葉樹林	亜高山帯広葉樹林
	落葉広葉樹林（太平洋型）
	溪畔林
	河辺林
	落葉広葉樹林二次林（V）
	落葉広葉樹林
	落葉広葉樹二次林（VII）
常緑広葉樹林	常緑広葉樹林
	常緑広葉二次林
	針葉樹林
針葉樹林	亜高山帯針葉樹林
	冷温帯針葉樹林
	常緑針葉樹二次林（V）
	暖温帯針葉樹林
	常緑針葉樹二次林（VII）
	落葉広葉低木群落
	伐採跡地群落（V）
低木群落	自然低木群落
	伐採跡地群落（VII）
	高茎草原及び風衝草原
	自然草原
草原群落	二次草原（V）
	二次草原（VII）
	市街地・耕作地等
市街地・耕作地等	竹林
	耕作地
	市街地等（自然裸地・造成地・開放水域除く）
その他	市街地等（自然裸地・造成地・開放水域）

表 2. 解析に使用した環境要因

変数	データ範囲	説明
植生被覆 (vg)		
植林	0 or 1	第6・7回自然環境保全基礎調査植生図から作成
落葉広葉樹林	0 or 1	
常緑広葉樹林	0 or 1	
針葉樹林	0 or 1	
低木群落	0 or 1	
草原群落	0 or 1	
市街地・耕作地等	0 or 1	
その他	0 or 1	
標高 (ele)		
900–1,100	0 or 1	基盤地図情報10mDEMから作成
0–700	0 or 1	
700–900	0 or 1	
1,100–1,300	0 or 1	
1,300–1,500	0 or 1	
1,500–2,000	0 or 1	
地形湿潤指数 (twi)	0.99–20.62	Topographic Wetness Index、基盤地図情報10mDEMから作成
植生多様度 (var)	1–7	植生被覆データから作成（半径300m内の植生区分数）
道路からの距離 (road)	0–2,600	数値地図情報から作成
市街地・耕作地からの距離 (town)	0–4,369	植生被覆データから作成
半径500m以内の森林面積 (f_50)	133–7,845	植生被覆データから作成（半径500m内の落葉広葉樹林・常緑広葉樹林・針葉樹林のセル数）

結 果

遺伝解析及び個体識別

解析に用いた全捕獲個体でマイクロサテライト DNA15 遺伝子座中、14 遺伝子座以上の対立遺伝子を決定した。ミトコンドリア DNA は既知の 3 ハプロタイプが確認されたものの、Y 染色体マイクロサテライト DNA では 1 ハプロタイプのみが確認された。

非侵襲的サンプル 33 点のうち、マイクロサテライト DNA マーカー13 遺伝子座以上の解析に成功したのは 4 点だった。そのうちの 3 点は既知個体 M170801 (カンジ) に一致した。TS081_hair は性判別からオスと判定されたものの、遺伝子型が一致する個体が確認されなかったため新規個体だと推定された（表 3）。

親子推定

体毛による新規個体を加えた 23 頭のうち、14 頭で親を推定できた（表 3、図 2）。両親を推定できたのは F200901 (カエデ) のみで、母親のみ推定できた個体は 9 頭、父親のみ推定できた個体は 4 頭だった。F120902 (ミズキ) は 2009 年に 1 頭、2015 年に 2 頭の出産が推定され、F0509 (ショウコ) は 2 頭の出産、M0509 (ゴンタ) は 2 頭の父親となってい

た。また、F0509（ショウコ）は 2023 年の捕獲時点で 23 歳、M0509（ゴンタ）は 26 歳となっていた。

表 3. 全識別個体を用いた親子推定の結果

ID	愛称	雌雄	推定誕生年	推定母	推定父
M0807	テング	オス	1993	-	-
M0509	ゴンタ	オス	1997	-	-
M0507	カンバ	オス	1997	-	-
F120902	ミズキ	メス	1998	-	-
F0509	ショウコ	メス	2000	-	-
F120901	クルミ	メス	2004	F0509(ショウコ)	-
M0608	リュウ	オス	2004	-	M0807(テング)
F0908	コナラ	メス	2007	-	-
F1008	ミヤマ	メス	2009	F120902(ミズキ)	-
M1409	ショウジ	オス	2013	-	-
M1508	ショウヘイ	オス	2013	F0509(ショウコ)	-
M170802	ヘイジ	オス	2014	F0908(コナラ)	-
F1909	カスミ	メス	2015	F120902(ミズキ)	-
M170801	カンジ	オス	2015	F120901(クルミ)	-
M1809	ヒサオ	オス	2015	F120902(ミズキ)	-
F180901	サクラ	メス	2016	-	M0509(ゴンタ)
M220901	テンジ	オス	2018	-	-
F200901	カエデ	メス	2019	F180901(サクラ)	M0509(ゴンタ)
M240801	サゲオ	オス	2018以降	F1008(ミヤマ)	-
F240501	ウメ	メス	2020以降	-	-
F240801	アケビ	メス	2020以降	-	M220901(テンジ)
F240901	ツバキ	メス	2020以降	-	M240801(サゲオ)
TS081_hair	未捕獲オス	オス	不明	F1008(ミヤマ)	-

※誕生年は上または下の第一小臼歯を用いた齢査定から推定した。同推定ができていない個体については、捕獲時の体重及び臼歯の摩耗の程度から 6 歳未満または 4 歳未満と推定した。

個体数推定

捕獲個体数（Ns）、未捕獲親個体数（Nin）、捕獲個体中に子が確認された親個体数（Bs）を用いて Creel and Rosenblatt（2013）の方法で推定した（表 4）。1997 年から 7 年ごとに区切って推定したところ、推定個体数は増加傾向にあった。直近の IV 期（2018–2024 年）では 19.3 頭と推定された。鵜野ら（2019）が個体数推定に用いた 2005–2017 年では 19.4 頭と推定されたが、捕獲個体数（Ns）で生存期間を考慮せずに真に捕獲された個体のみを用いた場合は、Ns = 13、Bs = 4 となり、推定個体数は 16.5 だった。全期間（1997–2024 年）の推定個体数は 29.9 だった。

個体ID	個体愛称	I 期					II 期					III 期					IV 期																
		1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024
F120902	ミズキ					B															C												
F0509	ショウコ					B														C	C	ショウハイ			C								C
F120901	クルミ										クルミ B										C		ヘイジ	カンジ									
F0908	コナラ															B					C												C
F1008	ミヤマ																C																C
F1909	カスミ																B							B			C						
F180901	サクラ																																
F200901	カエデ																							B		C							
F240501	ウメ																																
F240801	アケビ																																
F240901	ツバキ																																
M0807	デンク	B									リュウ																						
M0509	ゴンタ											C						C															
M0507	カンバ						B						C		C																		
M0608	リュウ													C																			
M1508	ショウハイ																																
M1409	ショウジ																				B												
M170802	ヘイジ																																
M170801	カンジ																																
M1809	ヒサオ																																
M220901	デンジ																																
M240801	サザオ																																
Kukuri	ククリ																																
TS081 hair	未捕獲オス																																

図 2. 全識別個体の捕獲履歴，親子推定，および生存確認期間．生存期間は網掛けで示し，ピンクはメス，水色はオスを意味する．B は誕生，C は捕獲，D は死亡，H は体毛採取を意味する．b は体重および臼歯の摩耗から年齢推定をした個体が生まれた可能性がある年を意味する．生存確認期間中の愛称は推定仔であり，メスでは推定仔が生まれた年，オスではその前年（＝交尾をした年）に記入した．そこから派生する矢印は推定仔を指している．推定仔の出生年が不正確（b）の場合，その矢印の末端は出生年を意味しない．F120902（ミズキ）は 2013 年以降捕獲されていないが，2016 年に 2 頭出産していることが推定され，その 2 頭とも 6

表 4. 個体数推定のためのパラメータと推定結果

	I期 1997–2003年	II期 2004–2010年	III期 2011–2017年	IV期 2018–2024年	全期間	2005–2017
Ns	5	9	13	16	24	16
Nin	2	2	2	2	4	2
Bs	0	2	6	6	15	5
推定個体数	9.0	12.6	16.2	19.3	29.9	19.4

Ns：捕獲個体数，Nin：捕獲個体の親子判定で繁殖が分かった未捕獲の個体数，Bs：捕獲個体中に子が見つかった親個体の数。

分布確認地域と重要保全地域（コアエリア）の可視化

クマの生息が確認されたメッシュを 2017 年以前、2018 年以降に分けて図 3 に示した。2018 年以降、分布確認地域と重要保全地域（コアエリア）ともに剣山系の北側及び東側へ拡大した。メッシュ数にすると 2017 年以前は分布確認地域が 38 メッシュ、重要保全地域が 47 メッシュだったのが、2018 年以降はそれぞれ 70 メッシュと 60 メッシュに増加した。2017 年以前は高知県香美市と徳島県那賀町を中心に生息が確認されており、それ以外の市町村での生息情報はほぼ無かった。それに対し、2018 年以降はこれまでの分布確認地域の北側に位置する三好市やつるぎ町、東側の神山町や上勝町でも生息が確認されるようになり、分布確認地域のメッシュ数が大きく増加した。

重要保全地域（コアエリア）については、2017 年以前と 2018 年以降で大きく場所が変わらず、高知県と徳島県の県境周辺が中心となっていた。2018 年以降はそれに加えて、県境から東側へと拡大し、その他にも、つるぎ町や上勝町などコアエリアの中心から少し離れた場所で複数年生息が確認されたメッシュが見られた。

ポテンシャルマップの作製

一般化線形混合モデル（GLMM）によるロジスティック回帰分析の結果、全変数を用いたモデルが最適モデルとなった（表 5）。選択されたモデルによって算出された回帰係数及びオッズ比を表 6 に示す。

植生被覆は、落葉広葉樹林、常緑広葉樹林、針葉樹林、低木林を選択的に利用していた。オッズ比から、植林と比べて落葉広葉樹林は 1.7 倍、常緑広葉樹林は 1.5 倍、針葉樹林は 1.9 倍高い確率で選択されていた。標高は、900 m から 1,300 m の地域を選択する確率が高く、その区間から離れるほどオッズ比が低くなった。TWI は値が低い際に選択する確率が高く、急斜面地や斜面上部、尾根などの地形を選択する確率が高い傾向が見られた。植生多様度は値が 2 の際に最も高く、3 以降は（半径 300 m 内に植生タイプが多くなるほど）選択確率が低くなった。人為的な環境への反応では、道路からの距離が 1,000 m から 1,500 m 程度の地域を利用する確率が最も高く、1,000 m 未満や 1,500 m 以上は選択する確率が低くなった。市街地・耕作地からの距離については、距離が離れるほど選択確率が高まった。半径 500 m 内の森林面積では、値が高いほど選択性が高まる結果となった。算出した RSF 値を 10 のクラスに再分類（等量分類）し、分布域周辺のポテンシャルマップを作成した（図 4）。さらにモデルに使用しなかった独立した測位情報（n = 8,197）を使

用して、ポテンシャルマップの精度を評価したところ、調整済み R^2 が 0.5 以上と高い値を示した（線形回帰分析： $\beta = 0.30$, 調整済み $R^2 = 0.648$, $P < 0.01$ ；適合度検定 $\chi^2 = 40637$, $df = 9$, $P < 0.001$ ）。

RSF 値が 0.8 以上となったエリアを好適生息地とし、分布確認地域に隣接する好適生息地を積極的保全地域と分類した結果、分布確認地域の外側にもポテンシャルが高い地域が大きなパッチとして残されていた。さらに、スギやヒノキの人工林となっている植生被覆を落葉広葉樹林に転換した場合に好適生息地となる場所を推定した結果、現在ある好適生息地の辺縁にそうした地域が多く確認され、分布確認地域に存在する好適生息地と積極的保全地域間の分断を繋ぐ箇所も確認された（図 5）。

表 5. モデル選択の結果（上位 5 モデル）

Model	LL	AIC	Δi
road+road ² +ele+vg+town+town ² +twi+twi ² +var+var ² +f_50	-81510	163066	0
road+road ² +ele+vg+town+town ² +twi+twi ² +var+var ²	-81532	163108	42
road+road ² +ele+vg+town+town ² +twi+twi ² +f_50	-81544	163130	65
road+road ² +ele+vg+town+town ² +twi+twi ²	-81566	163133	68
road+road ² +ele+vg+town+town ² +var+var ²	-81895	163172	106

LL：対数尤度， Δi ：AIC の差分。

表 6. 最適モデルの解析結果

変数	回帰係数	標準誤差	P	オッズ比	95%信頼区間	
					下限	上限
植生被覆						
落葉広葉樹林	0.512	0.017	<0.001	1.668	1.615	1.724
常緑広葉樹林	0.393	0.090	<0.001	1.481	1.242	1.767
針葉樹林	0.651	0.024	<0.001	1.917	1.828	2.011
低木群落	0.180	0.057	0.002	1.197	1.071	1.338
草原群落	-0.323	0.102	0.002	0.724	0.593	0.884
市街地・耕作地他	-2.095	0.584	<0.001	0.123	0.039	0.387
その他	-0.268	0.115	0.019	0.765	0.611	0.958
標高						
0- 700	-0.978	0.037	<0.001	0.376	0.350	0.405
700- 900	-0.365	0.021	<0.001	0.694	0.666	0.723
1,100-1,300	-0.052	0.017	0.002	0.949	0.919	0.981
1,300-1,500	-0.226	0.020	<0.001	0.798	0.767	0.830
1,500-2,000	-1.740	0.034	<0.001	0.176	0.164	0.187
TWI	-0.178	0.014	<0.001	0.837	0.815	0.860
TWI^2	0.006	0.001	<0.001	1.006	1.004	1.009
植生多様度	0.161	0.036	<0.001	1.174	1.094	1.261
植生多様度^2	-0.035	0.006	<0.001	0.966	0.955	0.977
道路からの距離	0.003	4.58.E-05	<0.001	1.003	1.003	1.003
道路からの距離^2	-1.09E-06	2.54.E-08	<0.001	1.000	1.000	1.000
市街地・耕作地からの距離	4.79.E-04	3.58.E-05	<0.001	1.001	1.000	1.001
市街地・耕作地からの距離^2	-6.54.E-08	1.06.E-08	<0.001	1.000	1.000	1.000
半径500m以内の森林面積	2.89.E-05	4.33.E-06	<0.001	1.000	1.000	1.000
切片	-3.410	0.425				
Observation						
	132520					
Log Likelihood						
	-81509.8					
Wald χ^2						
	16416.1					
Prob > χ^2						
	<0.001					
df						
	23					
AIC						
	163065.7					

※植生被覆は「植林」，標高は「900-1,100」のカテゴリーがリファレンスとなる。

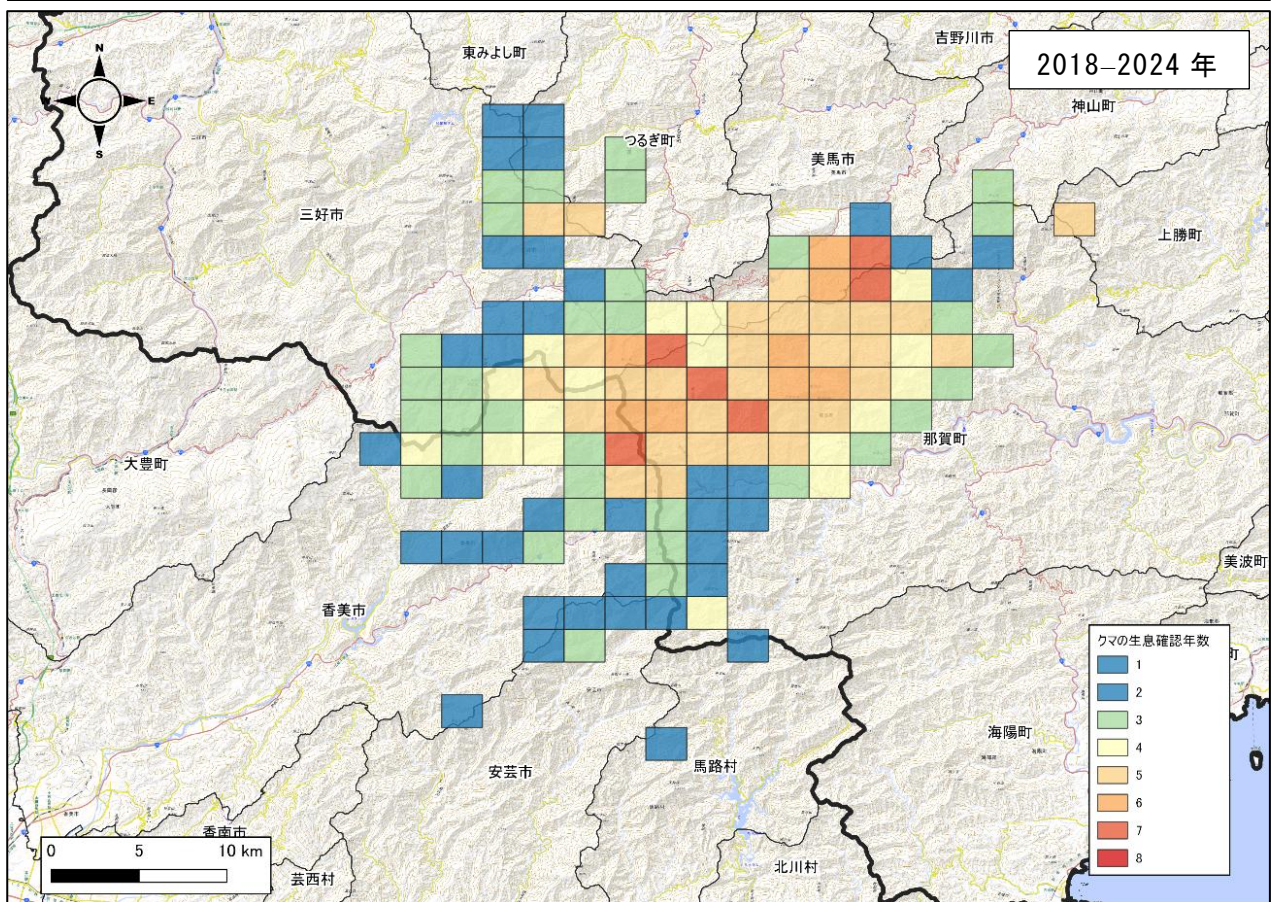
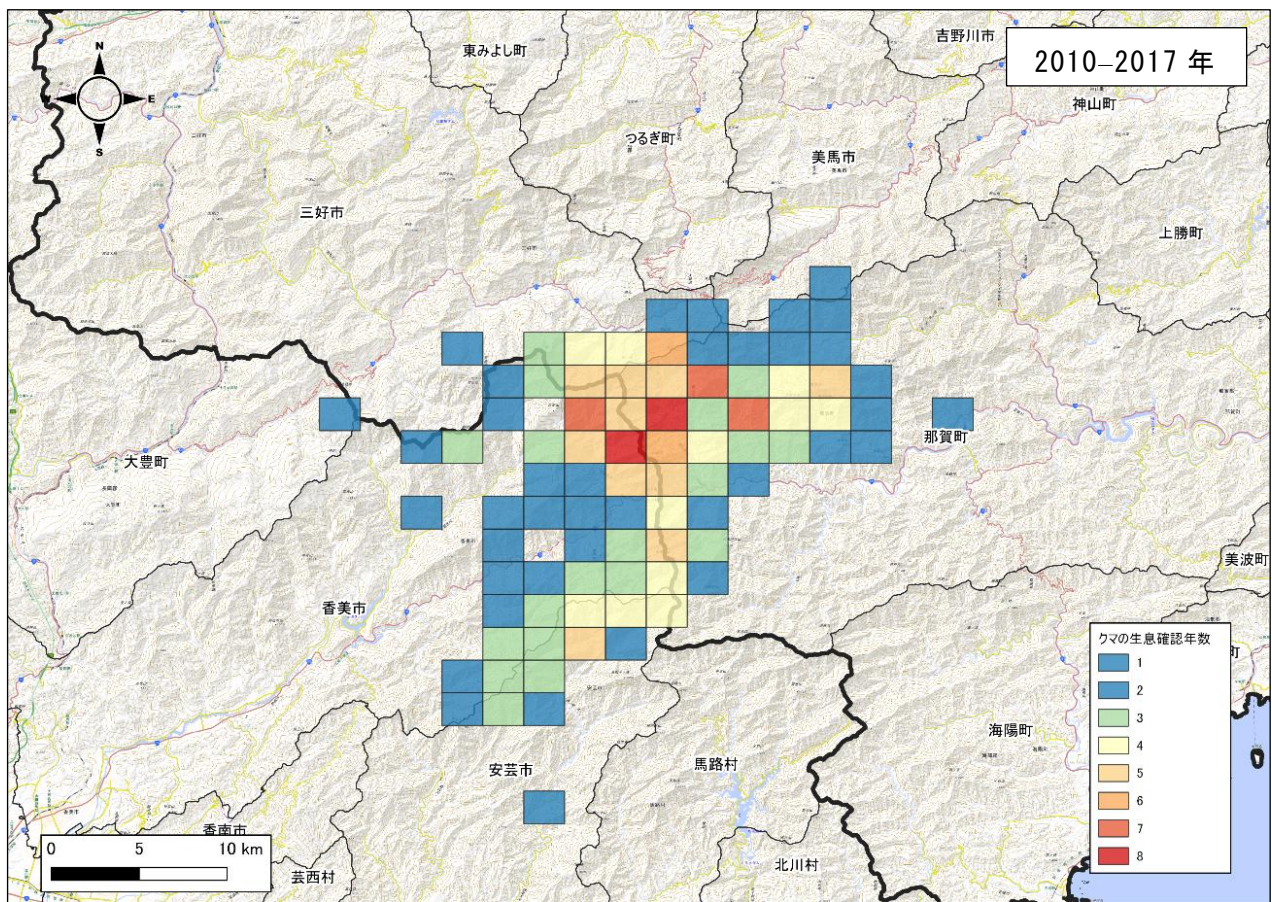


図 3. 分布確認地域と重要保全地域（コアエリア）. 生息確認年数が 3 年以上のメッシュを重要保全地域, 1・2 年のメッシュを分布確認地域と区分した.

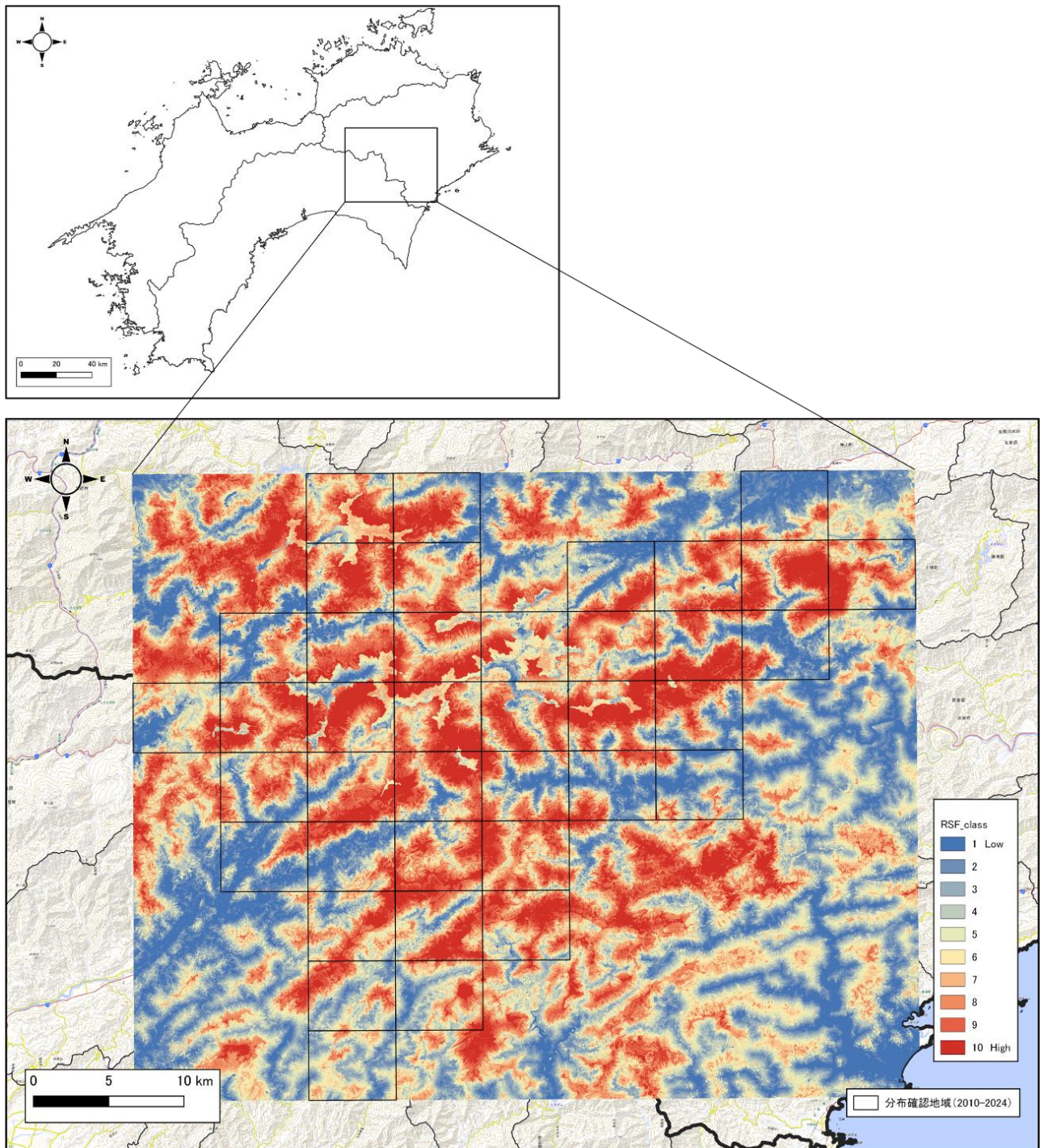


図 4. 分布確認地域周辺のポテンシャルマップ.

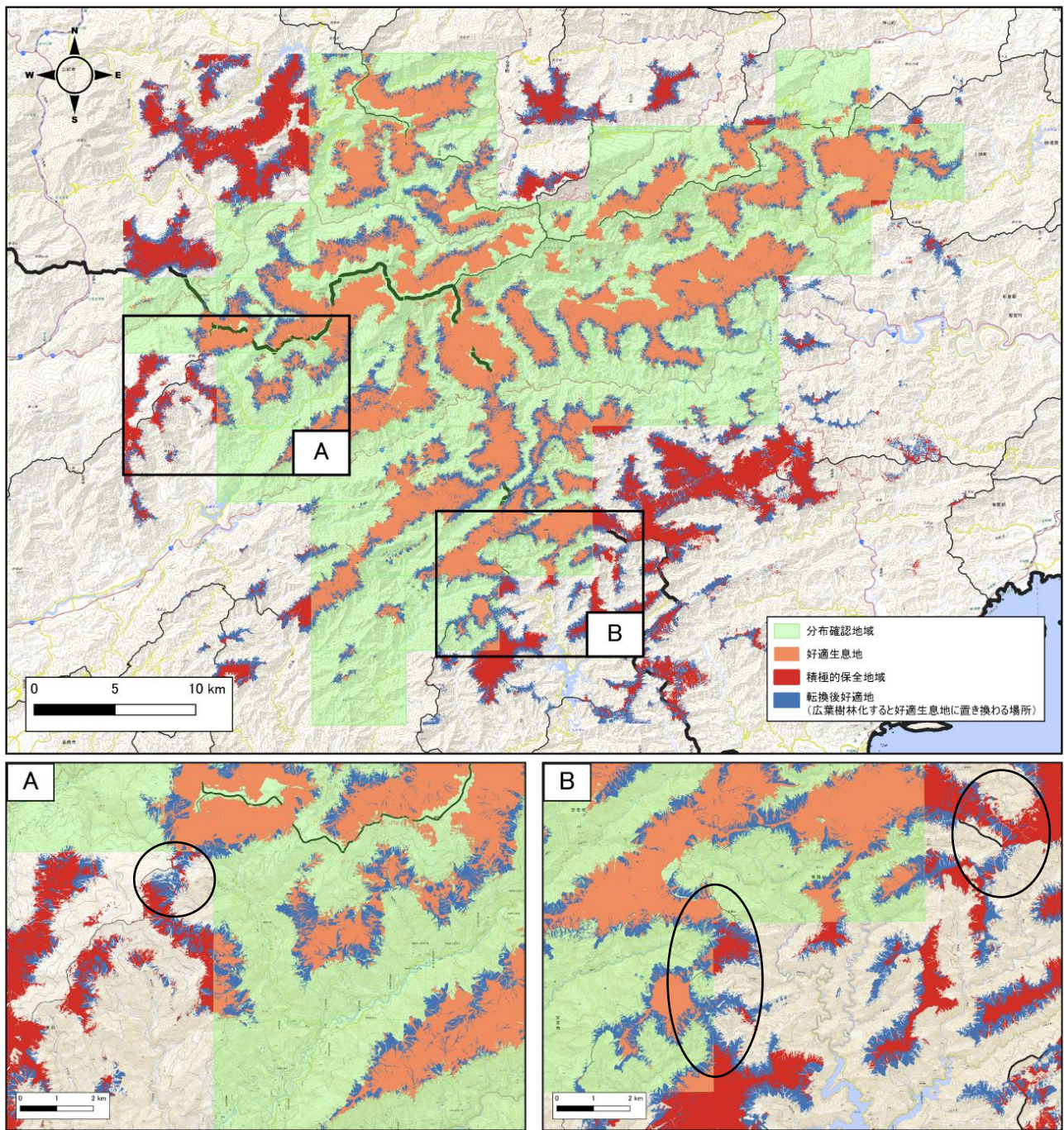


図 5. 積極的保全地域と転換後好適地. 下図 A, B 内の丸印は好適生息地と積極的保全地域のコリドーとなりうる場所を示す.

考 察

個体数の推移と遺伝的多様性

推定個体数の推移は、1997 年以降概ね 10 頭前後の極小個体群が維持されてきたことを示しているが、近年の推定個体数は若干の増加傾向も見られた。これは、近年の捕獲努力やモニタリング強化の効果であり、調査網の充実によって従来把握できなかった個体が検出された結果とも考えられる。捕獲個体数が充実している III 期と IV 期では、16.3 頭から 19.3 頭に増加していた。IV 期では少なくとも 4 個体の出生が確認されており、死亡した個体の存在を考慮すると概ね妥当なところと考えられる。この結果から、7 年間の増加率は 1.20、1 年間の増加率は 1.02 と推定された。鵜野ら（2019）では 2005–2017 年の個体数を 16.1 と推定している。今回、同じ期間で推定を行ったところ、19.4 だった。しかし、本解析では未捕獲でも解析期間中に生存が確認されている場合は捕獲個体（Ns）に含んでいたため、鵜野ら（2019）と同様に真に捕獲された個体のみを用いた場合、推定個体数は 16.5 となり、概ね同等の推定精度であることが確認された。個体数推定の計算に用いる未捕獲の親個体数（Nin）は、母親・父親ともに 1 ずつとしている。しかし、親が推定できなかった個体の全てが同一の親に由来しているとは考えづらく、この Nin の値は実際には過小評価であると考えられる。鵜野ら（2019）においても $Nin = 2$ としたときの個体数推定値は 16.1 だが、 $Nin = 7$ とした場合は 23.8 となっている。このことから、本課題で推定された個体数も実際には数頭分過小評価となっている可能性が高い。

本課題では新たに開発された Y 染色体マイクロサテライト DNA マーカー 18 遺伝子座（兼子ら 未発表）を用いて解析を行った。その結果、解析に用いた 13 のオス個体中、ハプロタイプは 1 タイプしか確認されなかった。予備解析では、岩手県で 5 ハプロタイプ（ $N = 5$ ）、石川県で 4 ハプロタイプ（ $N = 4$ ）、広島県で 3 ハプロタイプ（ $N = 5$ ）が確認出来ていることから、本州の個体群に比べ四国個体群の多様性が低いことが確認された。また、母系遺伝するミトコンドリア D-loop 領域では 3 ハプロタイプが確認されており、父系遺伝マーカーである Y 染色体マイクロサテライトマーカーの方が多様性が失われていることも確認された。これは、一夫多妻または乱婚という繁殖形態に起因すると考えられる。一般的に一夫多妻または乱婚の場合、オスの繁殖成功度はメスに比べ個体差が大きいため、有効集団サイズが小さくなり、遺伝的多様性が失われやすい。その結果、父系の多様性が失われたのだと考えられる。

本課題において既知個体の捕獲履歴を整理したところ、メスでは 23 歳、オスでは 26 歳の高齢個体が 2023 年に捕獲されていることが確認できた（図 2）。ツキノワグマの寿命は正確には研究されていないが、飼育個体でも 20 歳を超えることは珍しく、野生下においては極めて稀であると考えられる。

今回、Y 染色体マーカー解析において四国個体群の多様性の劣化が再確認された。また次世代シーケンサーを用いた全ゲノムシーケンス解析においても多様性の損失は示唆されている（遠藤・大西 2025）。一方、遺伝解析技術は進歩しており全ゲノムシーケンス解析に加え、血液から抽出した DNA を用いた年齢推定手法が今年発表された（Shimozuru et al. 2025）。このような精度の高い最新の技術は同個体群の保全に有効なツールになり得ると考えられる。

分布確認地域と最重要保全地域（コアエリア）の変化

ツキノワグマの分布確認地域と重要保全地域のいずれにおいてもメッシュ数は増加した。これはツキノワグマの分布域やコアエリアの中心が移動したわけではなく、これまで分布が確認されていた地域を中心に、その周辺へと拡大したようだった。ただし、過去の調査地点や調査努力量は一定ではないため、実際にツキノワグマの分布域が拡大したのか、あるいは人為的要因による変化であるのかは明らかでない。したがって、分布の動向を把握するためには継続的かつ標準化された方法での調査の実施が必要である。

ポテンシャルマップと積極的保全地域

ツキノワグマの利用に影響を与える変数のうち、標高と道路からの距離について、低標高域（900 m 未満）及び道路からの距離が 1,000 m 未満の地域は、市街地等の人間の生活エリアに近くなるため選択確率が低くなったと考えられる。高標高域（1,500 m 以上）及び道路からの距離が 1,500 m 以上の地域の選択確率が低くなった要因としては、道路から最も遠い地域は四国山地の稜線部の高標高域となり、そうした場所は、植生被覆がウラジロモミ群落やササ草原であることが多く、登山道も整備されており登山者の利用もある。ツキノワグマにとって食物資源量が低く、身を隠すカバーも少ないため、そうした環境の選択確率が低くなったのではないかと考えられた。

ポテンシャルマップについては、一定の精度で生息地の予測ができたと考えられる。低標高域や道路付近はポテンシャルが低く、900–1,500 m の標高帯にある落葉広葉樹林や針葉樹林のポテンシャルが高かった。林野庁が公表している都道府県別森林率・人工林率（URL：<https://www.rinya.maff.go.jp/j/keikaku/genkyou/r4/attach/pdf/1-1.pdf>；2025 年 6 月 24 日確認）から四国地方の人工林率を計算すると人工林率は 60%となり全国で最も高い値である。植生に対する選択性は自然林（落葉広葉樹林、常緑広葉樹林及び針葉樹林）に対して、人工林が低いことが確認されたため、スギ・ヒノキ人工林の管理は四国のツキノワグマの生息地管理を考えるうえで重要な問題となる。積極的保全地域（分布確認地域に隣接する好適生息地）のいくつかの場所は、人工林から落葉広葉樹林に転換後、好適生息地と変わることが予測される地域（転換後好適地）を介して分布確認地域内の好適生息地と連続していた（図 5 -A、図 5 -B）。このような分布確認地域の外側にある好適生息地とのコリドーとなりうる場所（図 5 -A 及び図 5 -B 内の丸印部分）で優先して生息環境の復元・回復を図り、効率的な保全施策を実施することが望まれる。

謝 辞

本研究で使用したサンプル及びツキノワグマの位置情報の一部は、環境省中国四国地方環境事務所から提供を受けた。ここに記して感謝申し上げる。

引用文献

- Creel, S. and Rosenblatt, E. 2013. Using pedigree reconstruction to estimate population size: Genotypes are more than individually unique marks. *Ecology and Evolution* 3: 1294-1304
- 遠藤 優・大西尚樹. 2025. 全ゲノムデータに基づく日本のツキノワグマ個体群の遺伝的多様性の評価. 日本生態学会大会講演要旨 72: E02-18.
- 八谷 昇・大泰司紀之. 1994. 骨格標本作製法. 北海道大学図書刊行会, 北海道, 146pp.
- Johnson, C. J., Nielsen, S. E., Merrill, E. H., Trent, L., and Boyce, M. S. 2006. Resource selection functions based on use-availability data: Theoretical motivation and evaluation methods. *The Journal of Wildlife Management*, 70(2), 347-357.
- 環境省自然環境局生物多様性センター. 2019. 平成 30 年度中大型哺乳類分布調査 調査報告書 クマ類 (ヒグマ・ツキノワグマ)・カモシカ. https://www.biodic.go.jp/youchui/reports/h30_chuogata_houkoku.pdf. (2025 年 6 月 24 日確認)
- 大西尚樹・金澤文吾・長久保義紀. 2008. 四国におけるツキノワグマの個体情報の収集－体毛をもちいた遺伝学的手法による個体識別－. *保全生態学研究* 13: 129-135.
- Ohnishi, N., Uno, R., Ishibashi, Y., Tamate, H. B. and Oi, T. 2009. The influence of climatic oscillations during the Quaternary Era of the genetic structure of Asian black bears in Japan. *Heredity* 102: 579-589.
- Shimozuru, M., Nakamura, S., Yamazaki, J., Yanagawa, Y., Tamatani, H., Kuroe, M., Yamazaki, K., Koike, S., Goto, Y., Naganuma, T., Tochigi, K., Inagaki, A., Takekoshi, N., Baek, S., Sato, N., Honda, Y., Tsubota, T. and Ito, H. 2025. Epigenetic clock in bears: A simple cost-effective blood DNA methylation-based age estimation method applicable to multiple bear species. *Ecology and Evolution* 15: e71424.
- ツキノワグマ四国地域個体群の保全に係る広域協議会. 2020. ツキノワグマ四国地域個体群広域保護指針. https://chushikoku.env.go.jp/SBC_shishin.pdf. (2025 年 6 月 24 日確認)
- 鵜野-小野寺レイナ・山田孝樹・大井 徹・玉手英利. 2019. 四国で捕獲されたツキノワグマの血縁関係と繁殖履歴. *保全生態学研究* 24: 61-69.
- Yamamoto, K., Tsubota, T., Komatsu, T., Katayama, A., Murase, T., Kita, I. and Kudo, T. 2002. Sex identification of Japanese black bear, *Ursus thibetanus japonicus*, by PCR based on Amelogenin Gene using amelogenin gene. *Journal of Veterinary Medicine Science* 64: 505-508.