

平成 24 年度
ツキノワグマ生息実態調査
報告書

平成 25 年 3 月

株式会社 野生動物保護管理事務所

目次

1. はじめに	1
2. 現地調査	
2-1. サンプル採取	3
2-2. サンプリング結果	8
3. 遺伝解析	
3-1. 分析サンプルの選別と DNA 抽出	11
3-2. 捕獲個体のサンプル	11
3-3. DNA 分析	11
3-4. ヘア・トラップサンプルの DNA 分析の結果	13
3-5. 捕獲個体サンプルの DNA 分析の結果	13
4. 生息数の推定	
4-1. 生息密度の推定法	23
4-2. 調査地の生息密度推定値	26
4-3. 管理ユニットごとの推定生息数	27
5. 基礎情報の分析	
5-1. 目撃情報	31
5-2. 捕獲情報	34
5-3. 被害情報	36
6. 引用文献	38
7. 巻末資料	
資料 1 山梨県内の市町村位置図	42
資料 2 目撃地点 (2001~2012 年)	43
資料 3 捕獲地点 (2000~2012 年)	46
資料 4 各市町村の累積捕殺頭数 (2000~2012 年)	50

1. はじめに

山梨県は、北部には八ヶ岳から秩父・奥多摩へ至る関東山地、西部には 3,000 メートル級の山々からなる南アルプス、南部には御坂山地および富士山から丹沢山地へと至る山塊と 3 つの大きな山塊を有する。森林面積は県土の 78%を占め、その大部分にツキノワグマ（以下、クマとする）が生息し、山塊によって関東山地地域個体群、南アルプス地域個体群、富士・丹沢地域個体群に区分されている（環境省 2000）。

県内の大部分が森林であり、潜在的にクマが生息し得る条件を持つにもかかわらず、クマの推定生息数はそれほど多くなく、過去に行われた調査では 1985 年（昭和 60 年）に 150 頭程度、1992 年（平成 4 年）には 330 頭程度と推定されている。また、1999 年から 2000 年（平成 11 年から平成 12 年）にかけて行われた山梨県ツキノワグマ生息実態調査においても、3 つの地域個体群を合わせて 400 頭程度と推定されている。

こうした状況から、1997 年（平成 9 年）11 月から 2002 年（平成 14 年）3 月までは狩猟による捕獲が禁止され、有害鳥獣駆除等で捕獲された個体の奥山放獣が進められたほか、2000 年度（平成 12 年度）からは市町村が放獣を実施する際にかかる経費に対する補助制度を創設するなどの保護管理の施策が進められてきた。また、2001 年度（平成 13 年度）には、人間とクマの共生、生息数の維持、人身および農林業被害対策の推進を目的とする“山梨県ツキノワグマ保護管理指針”が策定され、有害駆除と狩猟を合わせて年間捕獲数の上限を 40 頭とすることが決められ、同時に、錯誤捕獲の抑制、被害防除対策や生息環境の整備などが進められてきた。

2006 年（平成 18 年）は、全国各地でクマの大量出没が発生したが、山梨県でもクマの目撃が相次ぎ（173 件）、捕獲数も 1961 年（昭和 36 年）以降最大で、捕獲数上限を大きく上回る 97 頭（有害駆除 95 頭；狩猟 2 頭）となった。こうした事態を受け、県では、“山梨県ツキノワグマ保護管理指針”に基づき、クマによる人身被害および農林業被害を防止・軽減するための基本的な措置を明記した“山梨県ツキノワグマ出没対応マニュアル”を作成し、県民の安全および活動の安全を図ると同時に、クマの適切な保護管理を推進することに努めている。

こうした中、2010 年（平成 22 年）には目撃件数が 166 件、2012 年（平成 24 年）には目撃件数が 198 件となる大量出没が繰り返し発生している現状は、現在のクマの生息状況を把握し、適切なクマの保護管理を実施していくことの重要性・必要性がより高まっていることを物語っている。

山梨県ツキノワグマ保護管理指針は 2012 年（平成 24 年）3 月に改定されたが、ツキノワグマの生息状況については 1999 年から 2000 年（平成 11 年から平成 12 年）にかけて行われた山梨県ツキノワグマ生息実態調査の情報を元としている。そこで、本業務は、現在の生息状況を把握することを目的とし、ヘア・トラップ法による現地調査によってクマの生息状況

を明らかにするとともに、これまでに県で収集された出沒・捕獲・被害に関する情報の解析を行うものである。

本調査の実施に当たっては、数多くの方々に協力をいただいた。特に、関連の林務環境事務所、市町村、森林組合の皆さまをはじめ、鳥獣保護員、地元の土地所有者の方々にはトラップの設置に際し、ご協力をいただいた。これらお世話になった方々に心より御礼申し上げます。

2. 現地調査

ヘア・トラップ法、すなわち有刺鉄線を用いたトラップでクマの毛を自動的に採取し、採取した体毛を DNA 分析によって個体識別し、生息数を推定するという方法は 1999 年に初めて報告され (Woods *et al.* 1999)、その後、北米を中心にクマ類の個体数を推定する標準的な方法として確立され定着してきた。この方法の利点としては、1) 直接観察法などに比べ個体識別の精度が高いこと、2) DNA が個体の永久標識となること、3) 非侵襲的な方法でサンプル採取ができること、4) 生け捕り法に比べ低コストで多くのトラップを広域に設置できることなどが挙げられる。

日本では、2000 年頃からヘア・トラップ法によるクマの生息数推定が試行され始め、全国各地で様々な試行錯誤が繰り返される中で、山岳地形や高温多湿な気候、あるいは予算規模や調査体制といった日本特有の環境下でヘア・トラップ法を用いるための課題が整理され (佐藤・湯浅 2008 ; 湯浅・佐藤 2008)、2009 年度 (平成 21 年度) から 3 年間にわたり、日本版ヘア・トラップ法の早期確立を目的として、環境研究総合推進費によるヘア・トラップ法の標準化および個体数推定精度の向上を目指す研究プロジェクトが進められた。そして、ヘア・トラップによるサンプリングから DNA 分析による個体識別、モデルを用いた生息数推定までの標準的な方法が整理された (環境研究総合推進費 クマ類の個体数推定の開発に関する研究チーム 2012)。そこで、本事業では、ヘア・トラップ法を用いてクマの生息状況を明らかにすることとした。

2-1. サンプル採取

(1) 調査地

平成 23 年度に引き続き、山塊が小規模で道路や林道が多く調査が行いやすいという理由から、調査地は、御坂山地のうち笛吹市・甲府市・富士河口湖町にかかる範囲とした。当地域はコナラやクリなどの落葉広葉樹のまとまった森林と、パッチ状に存在するヒノキ、スギ、カラマツなどの人工林で構成されている。

(2) トラップの設置

平成 23 年度調査では、御坂山地の広い範囲でサンプリングし、識別個体を増やすことを狙い、鳥獣保護区等位置図の 5km メッシュに 2 トラップを目安として、都留市・大月市・富士河口湖町・笛吹市・甲府市・身延町にかかる 13 メッシュに計 25 基のヘア・トラップを設置した。しかし、調査時期のクマの行動圏に対してトラップ密度が低かったためか、識別個体ならびに、繰り返し確認される個体（再識別個体）も、生息密度推定の算出に十分な数が得られなかった。

そこで、今年度は、生息数推定を可能にするために再識別個体を増やすことを意図し、より狭い範囲に数多くのトラップを配置するようトラップ設置のデザインを修正した。すなわち、鳥獣保護区等位置図の 5km メッシュのうち笛吹市・甲府市・富士河口湖町にかかる 5 メッシュを対象とし、この範囲に 30 基のトラップ (No. 001~No. 030) を設置した (図 2-1)。

トラップ設置場所の選定に際しては、図面から路網と地形を条件に候補地を挙げた後、下見による現場確認によって設置候補地を絞り込み、トラップ設置について土地所有者と合意が得られた場所を最終的にトラップ設置場所として決定した。土地所有者ならびに県・市町の関係部署へは、みどり自然課より調査実施の旨を通知していただいた。

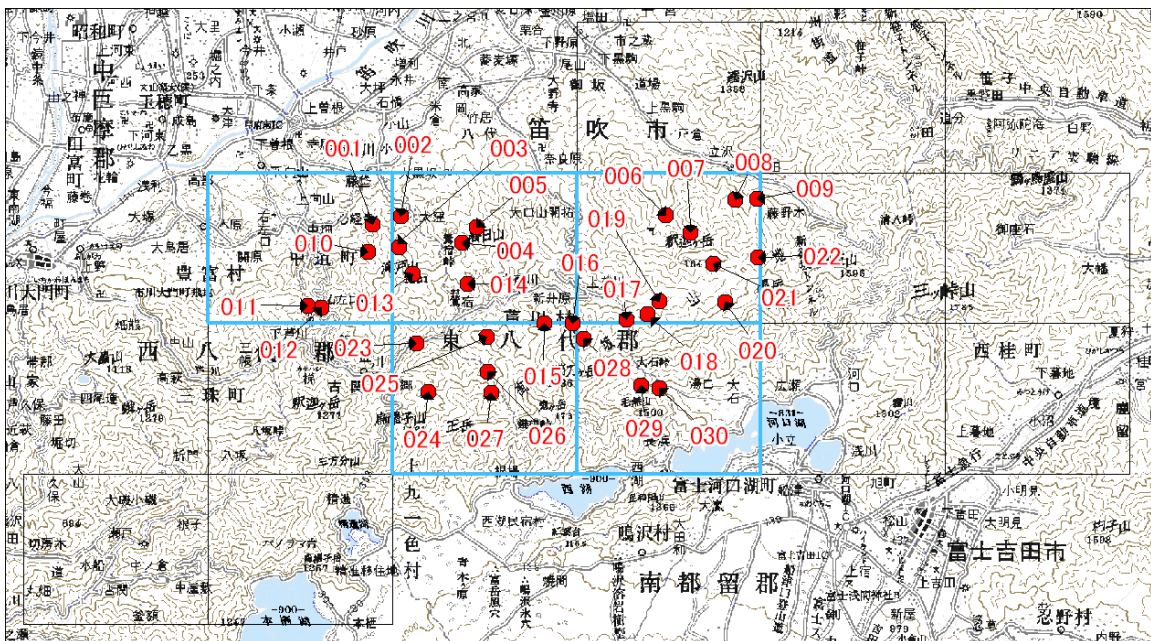


図 2-1 調査地

(灰色の枠線は平成 23 年度調査の調査範囲を、水色の枠線は今年度の調査範囲を、赤丸はトラップ位置をそれぞれ表す.)

(3) トラップの構造

トラップの構造は、基本的に立木を支柱とし、一辺の長さが2~3mの多角形になるように有刺鉄線を張ったもので、多角形の中心付近に誘引餌である蜂蜜を地上高約2mに吊り下げている(図2-2, 写真2-1)。有刺鉄線の高さはクマの体高を考慮し、下をくぐる際、もしくは上を乗り越える際に体毛がかかることを狙って地上高40~50cmとした。また、クマがトラップ内に侵入した際に毛を採る機会を増やすため、多角形の対角線上にも有刺鉄線を張った。

立木へ有刺鉄線を巻きつける際、特に人工林内では樹皮に傷が付かないよう枯れ枝などを嚙ませて巻き付けた。周辺に立木がない場所は、杭を打って代用した。また、トラップ周辺には、有刺鉄線の構造物を設置していることに注意喚起を促すための看板を取り付けた。

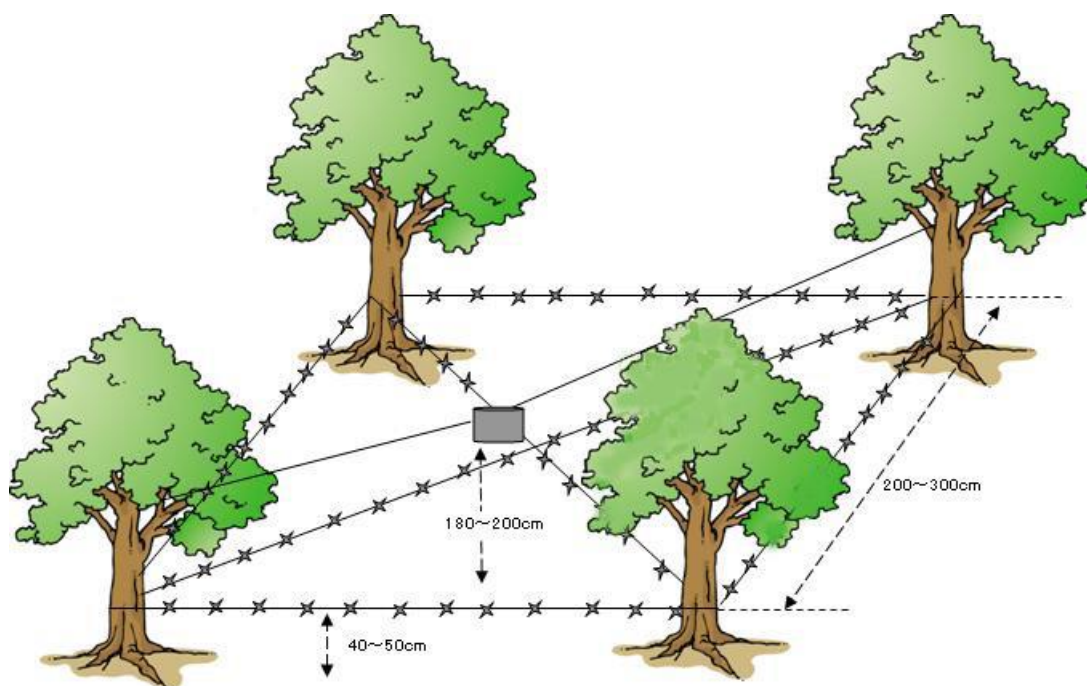


図2-2 ヘア・トラップの模式図



写真 2-1 ヘア・トラップの設置状況（トラップ No. 009）

(4) 調査期間

2012年7月2日から7月6日までの日程でトラップを設置した後、原則として1週間を1セッションとして、計4回のサンプリングセッションを実施した。第1セッションのサンプリングを7月10日～12日、第2セッションを7月17日～20日、第3セッションを7月24日～26日、第4セッションを7月31日～8月2日で実施した。第4セッション終了時に全てのトラップを撤収した。

(5) サンプルの採集ならびに保存方法

有刺鉄線に付着したクマの体毛は1棘分を1サンプルとして採取した。体毛はピンセットを用いて棘から外した後、1サンプルごとに紙封筒に入れ、封筒には日付・トラップ番号、サンプル番号を記録した。体毛を入れた封筒は、まとめてシリカゲル入りのチャック付きビニール袋に入れ乾燥状態で保存し、実験室へ持ち帰った。

また、体毛が採取された場合には、サンプリングの記録として、トラップごとに日付・トラップ番号・トラップ内での位置などを記録用紙に記入した。体毛採取後は、トラップ1周をガスバーナーで焼却して次回に体毛を残存させないように注意した。さらに、必要に応じてトラップの補修とベイトの交換も適宜行った。

実験室に持ち帰った体毛サンプルは、DNA分析を行うまで -20°C にて冷凍保存した。

2-2. サンプルング結果

7月上旬から8月初旬までの4回のサンプルングセッションで採取されたサンプル数は、第1セッションで2トラップ5サンプル、第2セッションで6トラップ38サンプル、第3セッションで9トラップ148サンプル、第4セッションで7トラップ91サンプルとなり、延べ24トラップにて282サンプルとなった(表2-1)。サンプルが採れたトラップの様子を写真2-2に、サンプルの採れたトラップ位置を図2-3に示した。



写真2-2 クマが訪れたトラップの様子(第3回サンプルングトラップNo.007)

(封筒の位置は体毛がかかっていた棘の位置を表す.)

表 2-1 サンプリング結果

トラップ番号	トラップ設置	採取サンプル数				採取回数
		第1回	第2回	第3回	第4回	
		7/10~7/12	7/17~7/20	7/24~7/26	7/31~8/2	
001	7月2日	0	0	0	0	0
002	7月2日	0	0	0	0	0
003	7月2日	0	0	3	0	1
004	7月2日	0	0	0	0	0
005	7月2日	0	0	0	0	0
006	7月6日	0	0	1	0	1
007	7月6日	0	1	36	28	3
008	7月4日	0	0	10	12	2
009	7月4日	0	0	37	0	1
010	7月2日	0	0	0	0	0
011	7月3日	0	0	0	0	0
012	7月3日	1	0	0	0	1
013	7月2日	0	0	0	0	0
014	7月2日	0	0	0	0	0
015	7月3日	0	0	15	10	2
016	7月3日	4	13	0	12	3
017	7月4日	0	0	0	0	0
018	7月4日	0	0	0	0	0
019	7月4日	0	0	0	0	0
020	7月4日	0	3	0	0	1
021	7月3日	0	11	0	0	1
022	7月4日	0	0	0	0	0
023	7月3日	0	0	0	0	0
024	7月2日	0	8	11	8	3
025	7月3日	0	0	15	10	2
026	7月3日	0	0	0	0	0
027	7月2日	0	2	0	0	1
028	7月3日	0	0	0	0	0
029	7月6日	0	0	20	0	1
030	7月6日	0	0	0	11	1
サンプル数合計		5	38	148	91	

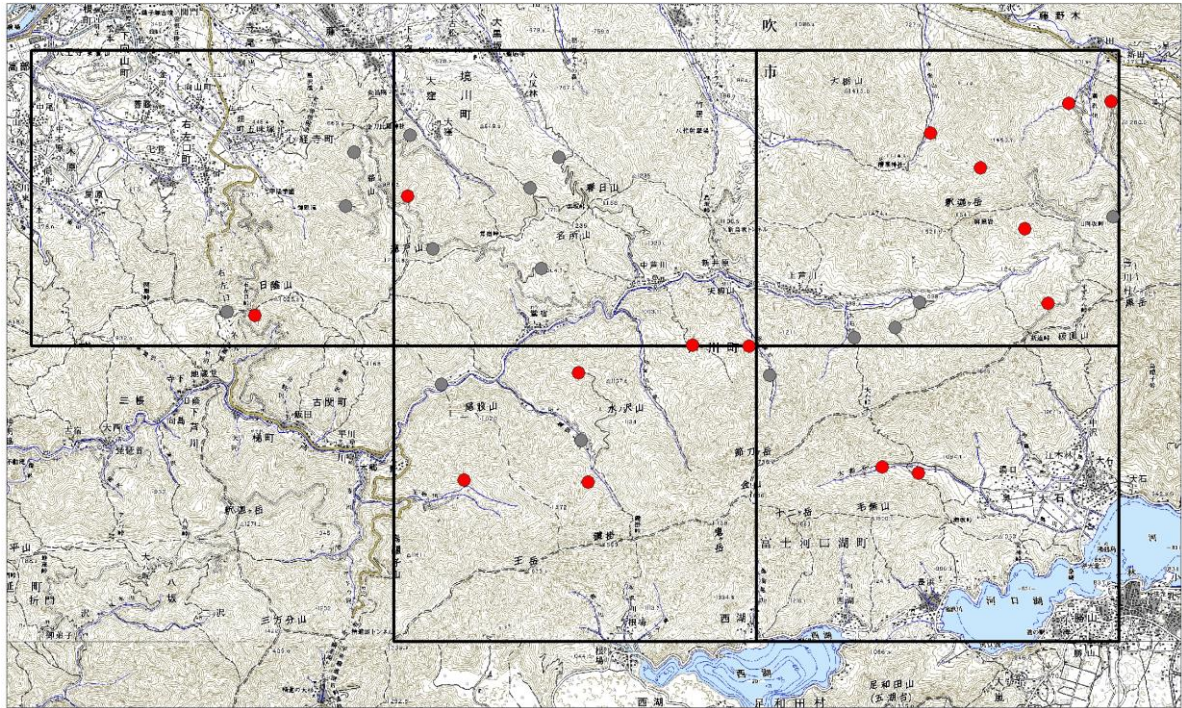


図 2-3 今年度調査におけるサンプル採取位置

(枠線は 5km メッシュを、赤丸はサンプルが採取されたトラップ位置を表す.)

設置した 30 基のトラップのうち 15 基でクマの体毛が採取された (図 2-3)。また、これら 15 基のトラップのうち 6 基のトラップ (No. 007, 008, 015, 016, 024, 025) では、複数回のサンプリングセッションにわたり繰り返しくマの体毛が採取された (表 2-1)。

平成 23 年度調査では、5km×5km のメッシュで 13 メッシュに 25 基のトラップを配置した (トラップ密度：約 13km² に 1 基) のに対し、今年度調査では、5km×5km のメッシュで 5 メッシュに 30 基のトラップを配置した (トラップ密度：約 4.2km² に 1 基)。トラップ設置後 4 回のサンプリングセッションで採取されたサンプル数は、平成 23 年度が延べ 8 トラップ 49 サンプルであったのに対し、今年度は延べ 24 トラップ 282 サンプルであった。

第 5 章で後述するとおり、今年度は平成 23 年度よりもクマの目撃件数をはるかに多く、平成 23 年度と比べ、クマが活発に動き回っていた可能性は否定できないが、平成 23 年度調査と今年度調査のサンプリング結果を比較すると、サンプルを効率よく採取するためには、ある程度高密度 (4km² に 1 基程度) にトラップを配置することが有効と考えられた。

3. 遺伝解析

3-1. 分析サンプルの選別と DNA 抽出

ヘア・トラップにて採取した 282 個の体毛サンプルは、実体顕微鏡を用いて毛根部分の有無を確認し、毛根部的に見られないサンプルは分析対象から除外した。毛根部的の確認されたサンプルの中から、10 本以上の体毛を分析に使えることと、毎回のサンプリングごとに 1 トラップにつき最低 1 サンプルを分析に供することを原則としてサンプルを選別した。ただし、毛根部的の確認できる体毛が 10 本未満のサンプルしかない場合は、そうしたサンプルも分析対象とした。

分析に用いたサンプルは実体顕微鏡下で毛根部分を切り分けた。各サンプルについて、できるだけ多くの毛根部的を DNA 抽出に用いた。体毛からの DNA 抽出には、法医学研究用の DNA 抽出キット DNA Extra FM KIT (Wako) を使用した。

3-2. 捕獲個体のサンプル

今年度、調査地である御坂山地にて捕獲された 2 個体について、笛吹市より試料提供を受けたため、ヘア・トラップにて採取したサンプルと同様に DNA 分析を行った。分析したサンプルは、2012 年 8 月 9 日に笛吹市一宮町にて捕獲されたオスと、2012 年 9 月 7 日に笛吹市御坂町にて捕獲されたオスの体毛サンプルである。

3-3. DNA 分析

DNA 分析による個体識別にはマイクロサテライト遺伝子座を使用した。マイクロサテライト遺伝子座は主に 2~4 塩基を基本単位とする短い繰り返し配列で（例えば CACA…のような塩基配列）、核 DNA 上に数多く存在する。そして、繰り返し数の違いが対立遺伝子として扱われる。対立遺伝子の違いは、DNA 断片長の違いとして電気泳動によって読み取ることができる。

個体識別には G1A、G10B、G10X (Peatkau et al. 1995)、MSUT2、MSUT6 (Kitahara et al. 2000)、UarMU05、UarMU23 (Taberlet et al. 1997) の 7 座位のマイクロサテライト遺伝子座を使用した。PCR 増幅したマイクロサテライト遺伝子座は塩基配列自動分析装置 Genetic Analyzer MODEL3130 (Applied Biosystems) を用いて電気泳動を行なった。泳動結果はコンピュータソフトウェア GeneMapper v3.7 を用いて DNA 断片長の解析を行い、試料ごとに遺伝子型（対立遺伝子の組み合わせ）を決定した。

体毛サンプルのような DNA 含量の少ないサンプルを PCR 増幅した場合、一般的に分析エラーの発生は不可避と認識されている (Taberlet et al. 1999)。そこで、分析に際しては、Paatkau (2003) の勧めに従い、分析エラーを極力除くよう努力した。まず、分析した 7 遺伝

子座すべてで遺伝子型を決定できたサンプルのみを個体識別に用いた。その上で、1 ないし 2 遺伝子座でのみ対立遺伝子の組み合わせに不一致が見られるサンプルについては、それらの遺伝子座で分析エラーが生じている可能性が高いため、再分析を行った。

遺伝子型を決定できた全ての遺伝子座で対立遺伝子の組み合わせが一致したサンプルは、同じ個体に由来するサンプルと判断した。一方、原則として 3 遺伝子座以上で対立遺伝子の組み合わせが異なる遺伝子型をそれぞれ別個体として識別した。ただし、2 遺伝子座以下で対立遺伝子の組み合わせが異なる場合でも、それぞれの遺伝子型が複数回確認された場合は別個体として識別した。サンプル DNA 型に基づく個体識別には、フリーのコンピュータプログラムである GENECAP (Wilberg and Dreher 2004) を用いた。

体毛サンプルの雌雄判定には、アメロゲニン遺伝子座を使用した。アメロゲニン遺伝子は歯のエナメル質を形成するタンパク質をコードする遺伝子で、X 染色体上と Y 染色体上に存在し、X 染色体上の対立遺伝子と比べて Y 染色体上の対立遺伝子の塩基配列が短いという特徴を持つ。したがって、対立遺伝子の組み合わせによって雌雄判別が可能となる。アメロゲニン遺伝子座の PCR 増幅は、Yamamoto et al. (2002) の方法に従った。

3-4. ヘア・トラップサンプルの DNA 分析の結果

全サンプルの状態を実体顕微鏡下で確認し、分析対象として 14 トラップ 46 からサンプルを選別した(表 3-1)。46 サンプルについて、マイクロサテライト 7 遺伝子座の分析を行った結果、全サンプルで 7 遺伝子座全ての遺伝子型が決定された。

これらの 46 サンプルについて個体識別を行った結果、14 個体(オス 9 個体, メス 5 個体)が識別された(表 3-2)。識別個体は 12YN01 から 12YN14 と表記した。14 頭の識別個体のうち、12YN04(♂)は、平成 23 年度ツキノワグマ生息実態調査にて確認された 11YN06(♂)と 7 遺伝子座の遺伝子型が完全に一致し、同一個体であることが確認された(表 3-2)。この個体は、平成 23 年度はトラップ No. 142-2(平成 24 年度のトラップ No. 024 とほぼ同じ地点)で確認され、今年度はトラップ No. 027 で確認された。

今年度の識別された 14 個体のうち、4 個体は複数のトラップで確認された。4 個体の確認地点は、それぞれ以下の通りである。12YN06(♂)はトラップ No. 007・No. 020。12YN07(♀)はトラップ No. 007・No. 008・No. 020。12YN08(♂)はトラップ No. 007・No. 008。12YN13(♂)はトラップ No. 015・No. 016・No. 024・No. 029。識別個体の確認位置は、図 3-1 から図 3-14 にそれぞれ図示した。

今年度は、繰り返し確認される個体(再識別個体)を増やす目的でトラップ密度を高める工夫をした。その結果、平成 23 年度調査では、全 7 個体を識別し、再識別が 1 個体であったのに対し、今年度は、全 14 個体を識別し、再識別が 6 個体となった。また再識別個体のうち 4 個体は近隣のトラップでも確認され、狙い通りの結果となった。

3-5. 捕獲個体サンプルの DNA 分析の結果

2 頭の捕獲個体の体毛サンプルについても、ヘア・トラップサンプルと同様にマイクロサテライト 7 遺伝子座の分析を行ったが、2012 年 9 月 7 日に笛吹市御坂町にて捕獲された個体のサンプルについては、残念ながら遺伝子型を決定することが出来なかった。分析に成功した個体の遺伝子型情報については、識別番号 YN12-C1 としてヘア・トラップサンプルの結果とともに表 3-2 に記載した。YN12-C1 と 12YN01~12YN14 の遺伝子型を照合した結果、遺伝子型が一致する個体は存在せず、YN12-C1 はヘア・トラップで確認された個体とは別個体であることがわかった。

表 3-1 DNA 分析による個体識別の結果

通し 番号	サンプル No.	日付	トラップ No.	トラップ内 番号	分析 成否	通し 番号	サンプル No.	日付	トラップ No.	トラップ内 番号	分析 成否
1	YN12-01	2012/7/10	012	1	○	24	YN12-24	2012/7/25	008	8	○
2	YN12-02	2012/7/11	016	3	○	25	YN12-25	2012/7/25	009	9	○
3	YN12-03	2012/7/17	024	7	○	26	YN12-26	2012/7/25	009	13	○
4	YN12-04	2012/7/17	027	2	○	27	YN12-27	2012/7/25	009	28	○
5	YN12-05	2012/7/18	016	3	○	28	YN12-28	2012/7/25	009	35	○
6	YN12-06	2012/7/18	020	2	○	29	YN12-29	2012/7/25	024	3	○
7	YN12-07	2012/7/18	021	1	○	30	YN12-30	2012/7/25	024	5	○
8	YN12-08	2012/7/20	007	1	○	31	YN12-31	2012/7/26	029	14	○
9	YN12-09	2012/8/2	007	4	○	32	YN12-32	2012/7/26	029	18	○
10	YN12-10	2012/8/2	007	16	○	33	YN12-33	2012/7/26	029	17	○
11	YN12-11	2012/8/2	007	2	○	34	YN12-34	2012/7/31	015	2	○
12	YN12-12	2012/7/25	007	4	○	35	YN12-35	2012/7/31	015	6	○
13	YN12-13	2012/7/25	007	2	○	36	YN12-36	2012/7/31	025	1	○
14	YN12-14	2012/7/25	009	8	○	37	YN12-37	2012/7/31	025	4	○
15	YN12-15	2012/7/24	003	3	○	38	YN12-38	2012/8/1	016	5	○
16	YN12-16	2012/7/24	015	2	○	39	YN12-39	2012/8/1	016	11	○
17	YN12-17	2012/7/24	015	3	○	40	YN12-40	2012/8/1	024	8	○
18	YN12-18	2012/7/24	025	2	○	41	YN12-41	2012/8/2	007	22	○
19	YN12-19	2012/7/24	025	3	○	42	YN12-42	2012/8/2	008	3	○
20	YN12-20	2012/7/25	007	14	○	43	YN12-43	2012/8/2	008	10	○
21	YN12-21	2012/7/25	007	15	○	44	YN12-44	2012/8/2	030	7	○
22	YN12-22	2012/7/25	007	28	○	45	YN12-45	2012/8/2	030	8	○
23	YN12-23	2012/7/25	008	3	○	46	YN12-46	2012/7/18	016	5	○

表 3-2 DNA 分析による個体識別の結果

識別番号	性別	サンプル番号	日付	トラップ番号	G1A	MSUT2	MSUT6	G10B	G10X	UarMU05	UarMU23
12YN01	♀	YM12-01	2012/7/10	012	201 201	86 90	186 194	167 167	151 151	142 146	123 129
12YN02	♂	YM12-02	2012/7/11	016	203 203	86 90	188 192	153 167	151 160	146 154	129 129
12YN03	♂	YM12-03	2012/7/17	024	201 203	86 92	194 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-29	2012/7/25	024	201 203	86 92	194 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-30	2012/7/25	024	201 203	86 92	194 194	153 167	151 151	146 154	123 129
12YN04	♂	YM12-04	2012/7/17	027	201 201	90 92	194 194	167 167	151 160	154 154	123 129
(11YM06)	♂	YM11-32	2011/8/11	142-2	201 201	90 92	194 194	167 167	151 160	154 154	123 129
		YM11-37	2011/8/11	142-2	201 201	90 92	194 194	167 167	151 160	154 154	123 129
		YM11-38	2011/8/11	142-2	201 201	90 92	194 194	167 167	151 160	154 154	123 129
12YN05	♂	YM12-05	2012/7/18	016	201 217	86 90	188 194	153 167	151 160	124 154	123 123
		YM12-46	2012/7/18	016	201 217	86 90	188 194	153 167	151 160	124 154	123 123
12YN06	♂	YM12-06	2012/7/18	020	191 201	90 92	186 186	153 169	151 160	154 154	123 129
		YM12-12	2012/7/25	007	191 201	90 92	186 186	153 169	151 160	154 154	123 129
		YM12-21	2012/7/25	007	191 201	90 92	186 186	153 169	151 160	154 154	123 129
		YM12-22	2012/7/25	007	191 201	90 92	186 186	153 169	151 160	154 154	123 129
12YN07	♀	YM12-07	2012/7/18	021	201 201	80 92	186 194	167 167	137 137	146 154	127 129
		YM12-09	2012/8/2	007	201 201	80 92	186 194	167 167	137 137	146 154	127 129
		YM12-11	2012/8/2	007	201 201	80 92	186 194	167 167	137 137	146 154	127 129
		YM12-23	2012/7/25	008	201 201	80 92	186 194	167 167	137 137	146 154	127 129
		YM12-24	2012/7/25	008	201 201	80 92	186 194	167 167	137 137	146 154	127 129
12YN08	♂	YM12-08	2012/7/20	007	201 201	86 92	186 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-10	2012/8/2	007	201 201	86 92	186 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-13	2012/7/25	007	201 201	86 92	186 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-20	2012/7/25	007	201 201	86 92	186 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-41	2012/8/2	007	201 201	86 92	186 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-42	2012/8/2	008	201 201	86 92	186 194	153 167	151 151	146 154	123 129
		YM12-43	2012/8/2	008	201 201	86 92	186 194	153 167	151 151	146 154	123 129
12YN09	♀	YM12-14	2012/7/25	009	191 221	86 90	194 194	163 167	151 160	154 154	121 129
		YM12-25	2012/7/25	009	191 221	86 90	194 194	163 167	151 160	154 154	121 129
		YM12-26	2012/7/25	009	191 221	86 90	194 194	163 167	151 160	154 154	121 129
		YM12-27	2012/7/25	009	191 221	86 90	194 194	163 167	151 160	154 154	121 129
		YM12-28	2012/7/25	009	191 221	86 90	194 194	163 167	151 160	154 154	121 129
12YN10	♂	YM12-15	2012/7/24	003	201 203	84 92	186 194	153 167	151 151	154 154	123 129
12YN11	♂	YM12-16	2012/7/24	015	201 201	90 90	188 194	153 167	151 151	146 154	123 125
		YM12-17	2012/7/24	015	201 201	90 90	188 194	153 167	151 151	146 154	123 125
12YN12	♀	YM12-18	2012/7/24	025	201 203	86 90	188 194	153 153	151 151	142 146	123 129
		YM12-19	2012/7/24	025	201 203	86 90	188 194	153 153	151 151	142 146	123 129
		YM12-36	2012/7/31	025	201 203	86 90	188 194	153 153	151 151	142 146	123 129
		YM12-37	2012/7/31	025	201 203	86 90	188 194	153 153	151 151	142 146	123 129
12YN13	♂	YM12-31	2012/7/26	029	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
		YM12-32	2012/7/26	029	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
		YM12-33	2012/7/26	029	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
		YM12-34	2012/7/31	015	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
		YM12-35	2012/7/31	015	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
		YM12-38	2012/8/1	016	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
		YM12-39	2012/8/1	016	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
		YM12-40	2012/8/1	024	201 221	90 90	186 188	153 167	151 151	124 154	129 129
12YN14	♀	YM12-44	2012/8/2	030	203 203	84 92	186 188	167 169	137 151	144 146	127 129
		YM12-45	2012/8/2	030	203 203	84 92	186 188	167 169	137 151	144 146	127 129
YN12-C1	♂	捕獲個体	2012/8/9	笛吹市	203 225	86 90	186 186	167 169	151 160	142 154	127 129

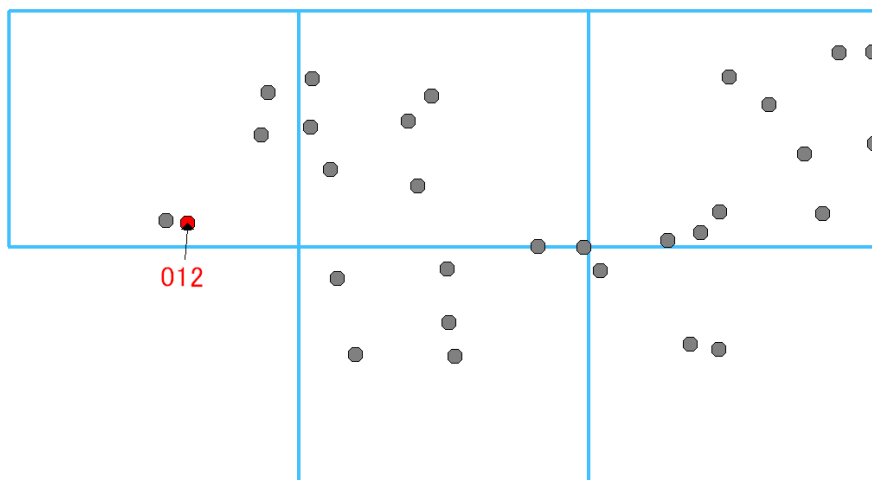


図 3-1 識別個体 12YN01 (♀) の確認位置 (●)
 (□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

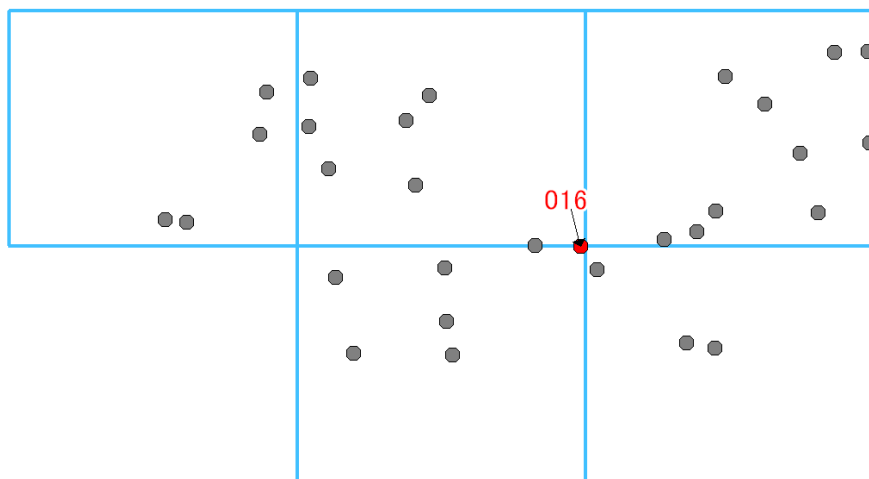


図 3-2 識別個体 12YN02 (♂) の確認位置 (●)
 (□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

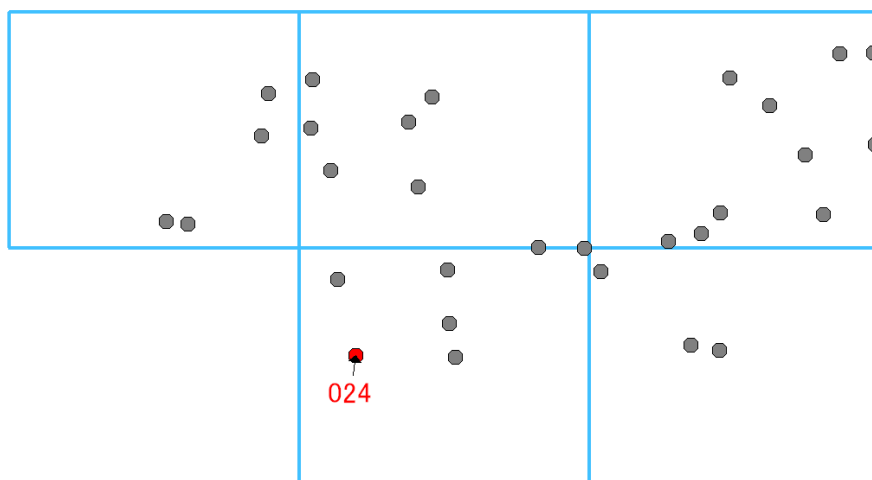


図 3-3 識別個体 12YN03 (♂) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

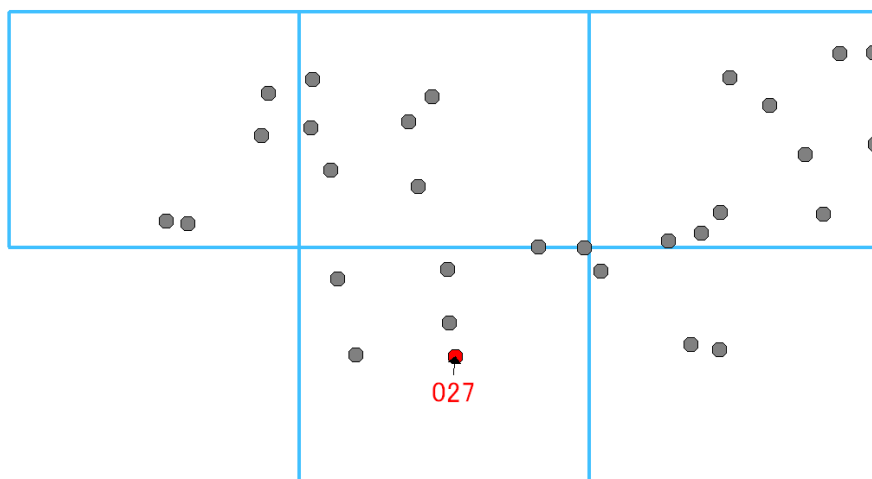


図 3-4 識別個体 12YN04 (♂) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

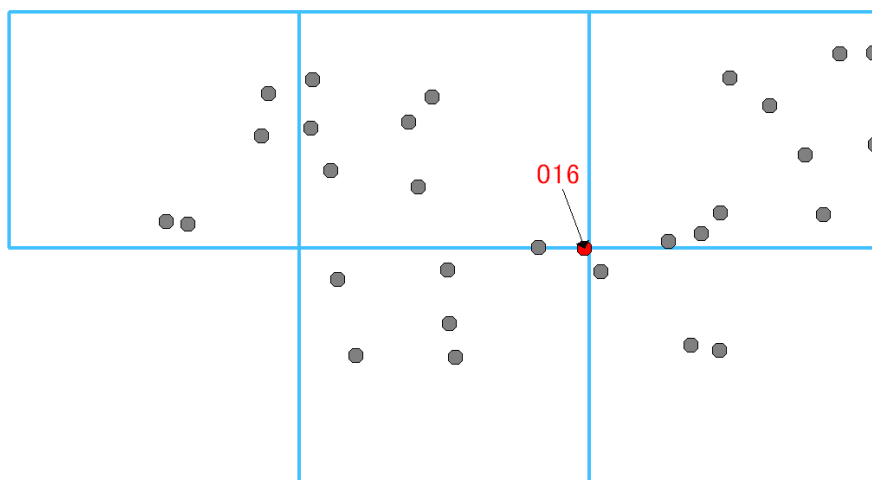


図 3-5 識別個体 12YN05 (♂) の確認位置 (●)
 (□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

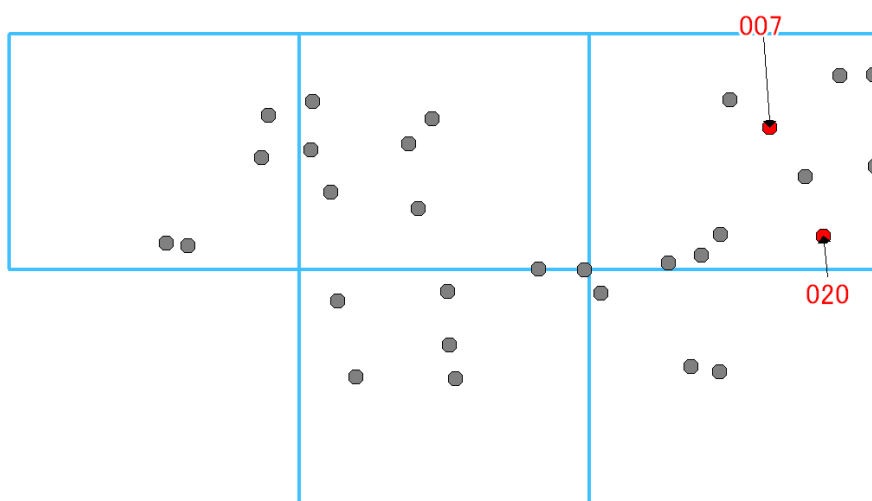


図 3-6 識別個体 12YN06 (♂) の確認位置 (●)
 (□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

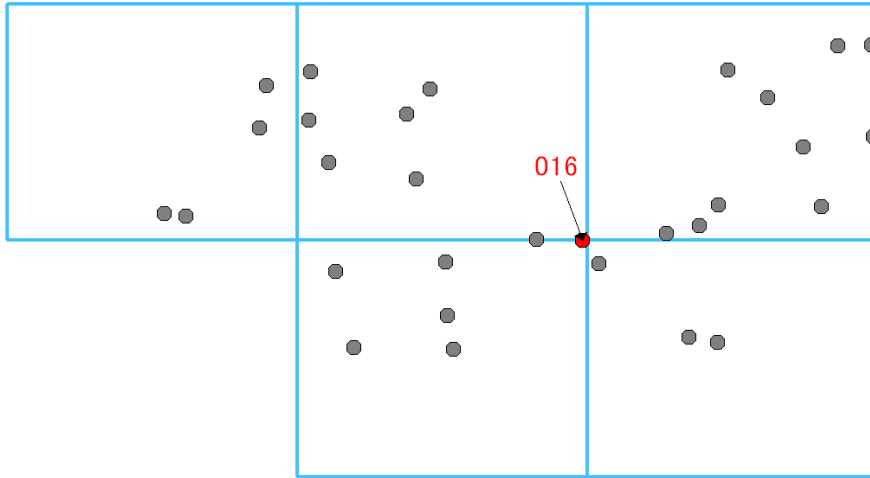


図 3-7 識別個体 12YN07 (♀) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

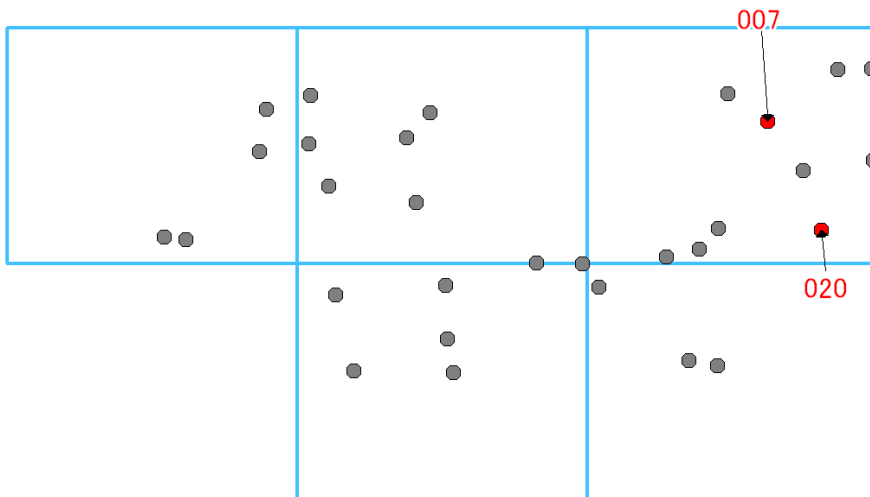


図 3-8 識別個体 12YN08 (♂) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

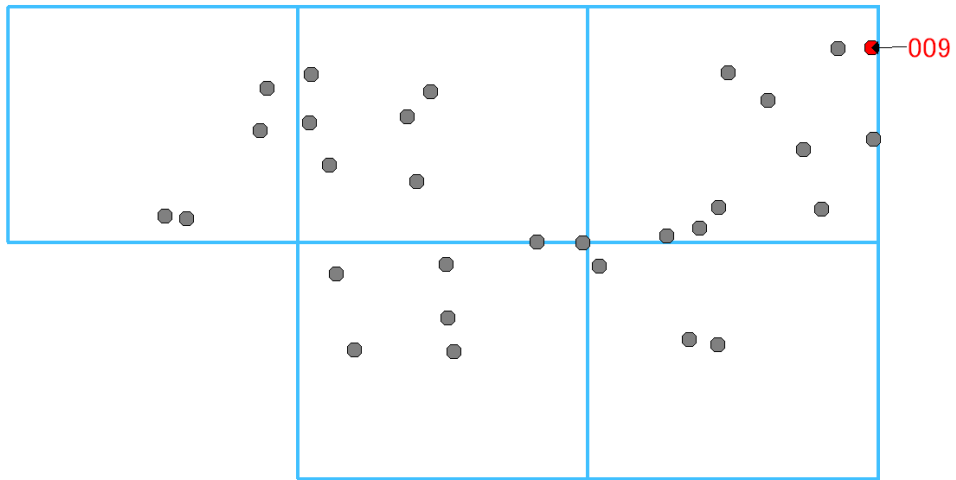


図 3-9 識別個体 12YN09 (♀) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

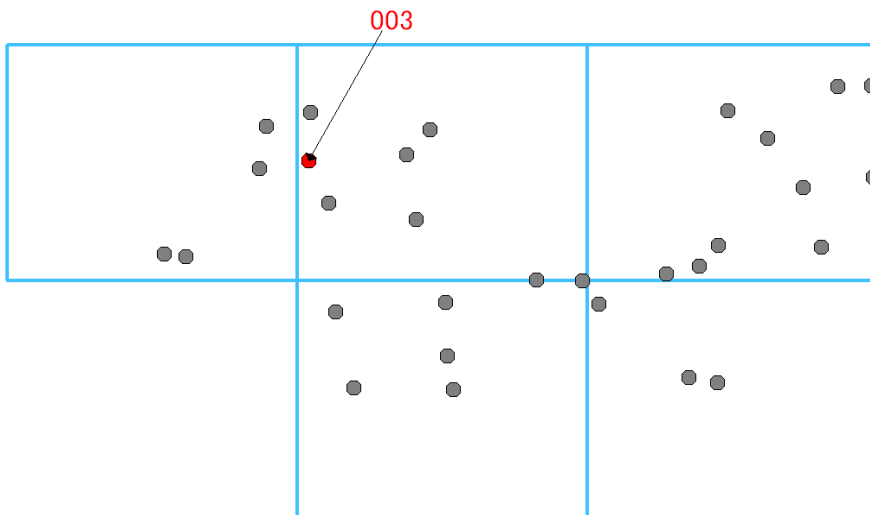


図 3-10 識別個体 12YN10 (♂) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

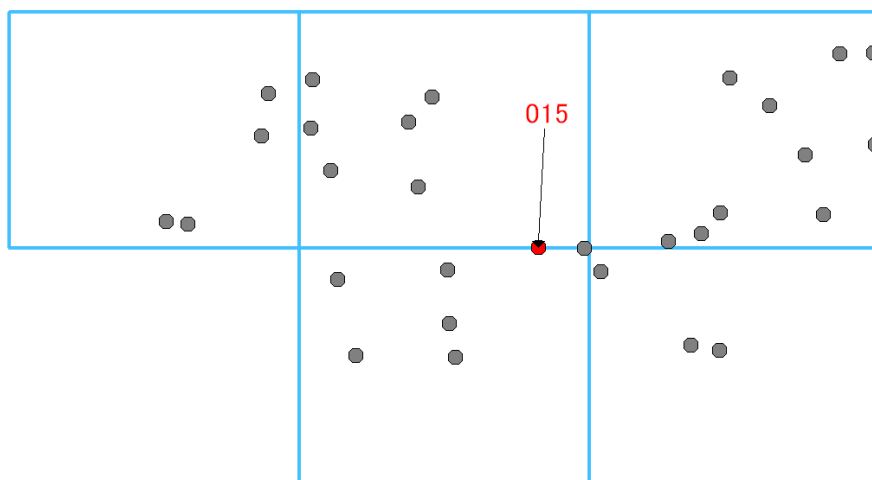


図 3-11 識別個体 12YN11 (♂) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

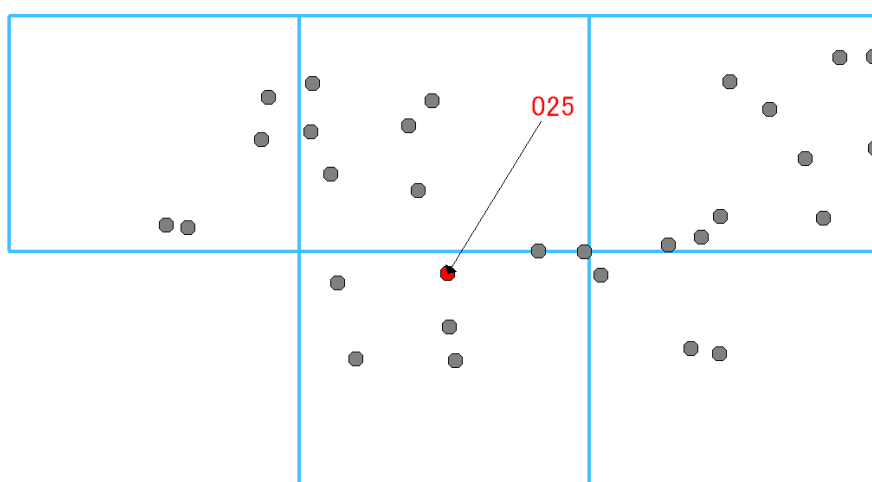


図 3-12 識別個体 12YN12 (♀) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

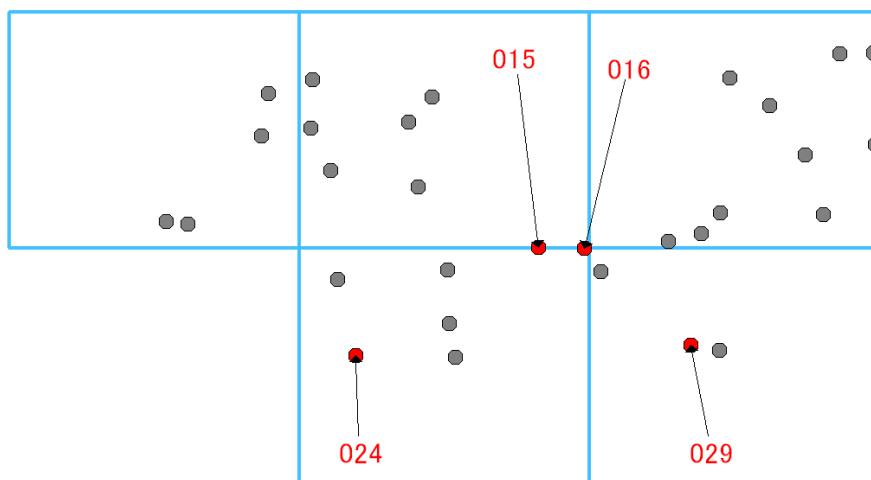


図 3-13 識別個体 12YN13 (♂) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

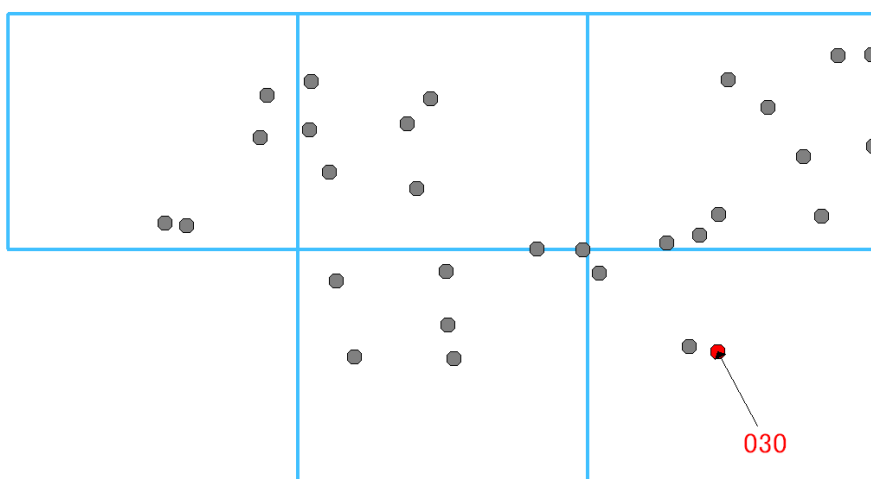


図 3-14 識別個体 12YN14 (♀) の確認位置 (●)

(□は 5km メッシュを, ●はトラップ位置を表す.)

4. 生息数の推定

4-1. 生息密度の推定法

ヘア・トラップ法による生息密度の推定においては、従来は Lincoln-Petersen モデルなど、全てのトラップで捕捉率が一定という仮定に基づく方法が用いられていた。しかし、調査地内にクマが一様に分布しているとは限らず、また、トラップ配置の不均一性などにより、各個体での捕捉率が異なるといった状況が実際のヘア・トラップ調査では起こりえることから、現実の状況を反映しきれていなかった（図 4-1）。また、生息密度を算出する際に設定する有効トラップ面積の決め方が、従来の方法だと恣意的となり、有効トラップ面積の設定方法により算出される生息密度が変化してしまうといった問題も指摘されていた。

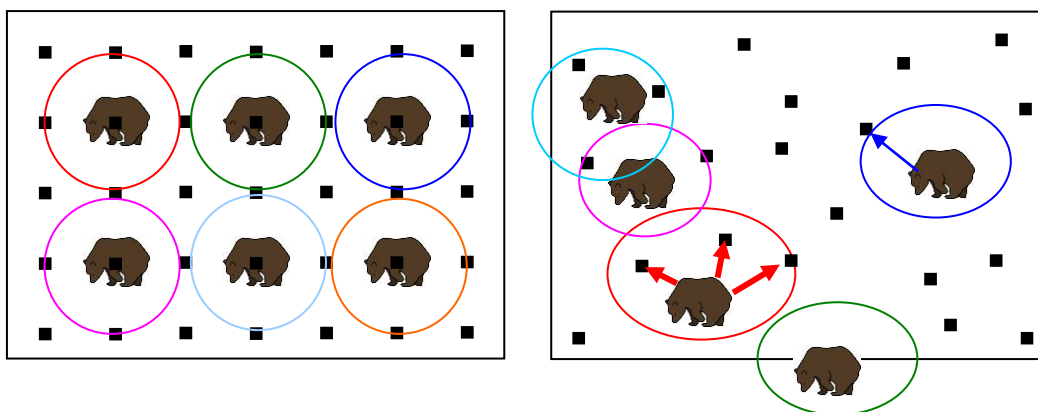


図 4-1 標識再捕獲法におけるクマの分布・トラップ配置・捕捉率の概念図

（左側が Lincoln-Petersen モデルなどの古典的モデルでのイメージを、右側が現実のイメージを表す。空間明示型標識再捕獲モデルは、より右側に近い状況を仮定している。図中の枠線は調査地の境界を、■はトラップ位置を楕円はクマの行動圏を表す。右図で表したとおり、行動圏内のトラップではクマを捕獲しやすく、トラップ位置が行動圏から離れるほどクマを捕獲しにくくなる。）

こういった状況をうけ、近年、実際に調査で得られたデータから必要な情報を抜き出し、上記の問題点を考慮しながら生息密度を推定する方法として、空間明示型標識再捕獲モデルが開発された（例えば Royle et al. 2009）。空間明示型標識再捕獲モデルは、クマを捕獲したトラップの位置情報などを計算に取り込み、実データに合った生息数を推定する、ベイズ推定と呼ばれる統計手法に基づいている。ベイズ推定とは、事後分布を推定する統計手法であり、“事後分布 \propto 実データが得られる確率 \times 事前分布”という関係式が成り立つ。ここ

で、事前分布とは調査地に生息している可能性のあるクマの生息頭数となる。

“実データが得られる確率”は以下の計算式で算出される。

$$\text{“実データが得られる確率} \cong \lambda 0 + \sigma \times \text{dist}(s(i), u(j))\text{”}$$

空間明示型標識再捕獲モデルでは、各クマは活動の中心点を持っており、各クマの活動中心からトラップまでの距離が遠くなればなるほどそのトラップでの捕捉率が低くなると想定している。 $\lambda 0$ はクマの活動中心とトラップの位置が一致する場合の捕捉率、 $\sigma \times \text{dist}(s(i), u(j))$ は活動中心 $s(i)$ からトラップ $u(j)$ までの距離に応じて減少する捕捉率となっている。

ベイズ推定では、マルコフ連鎖モンテカルロ法 (MCMC) と呼ばれる方法で、繰り返し乱数を発生させて $\lambda 0$ や σ を変化させ、実データが得られる確率を繰り返し計算する。そして、実データが得られる確率と事前分布を掛け合わせることで、事後分布である“推定生息数の分布”が導き出され、平均値を取ることで対象地域内の生息数が推定される。すなわち、検出率 (捕捉率) と距離の関係、個体数、個体の位置を同時に推定する方法といえる (図 4-2)。

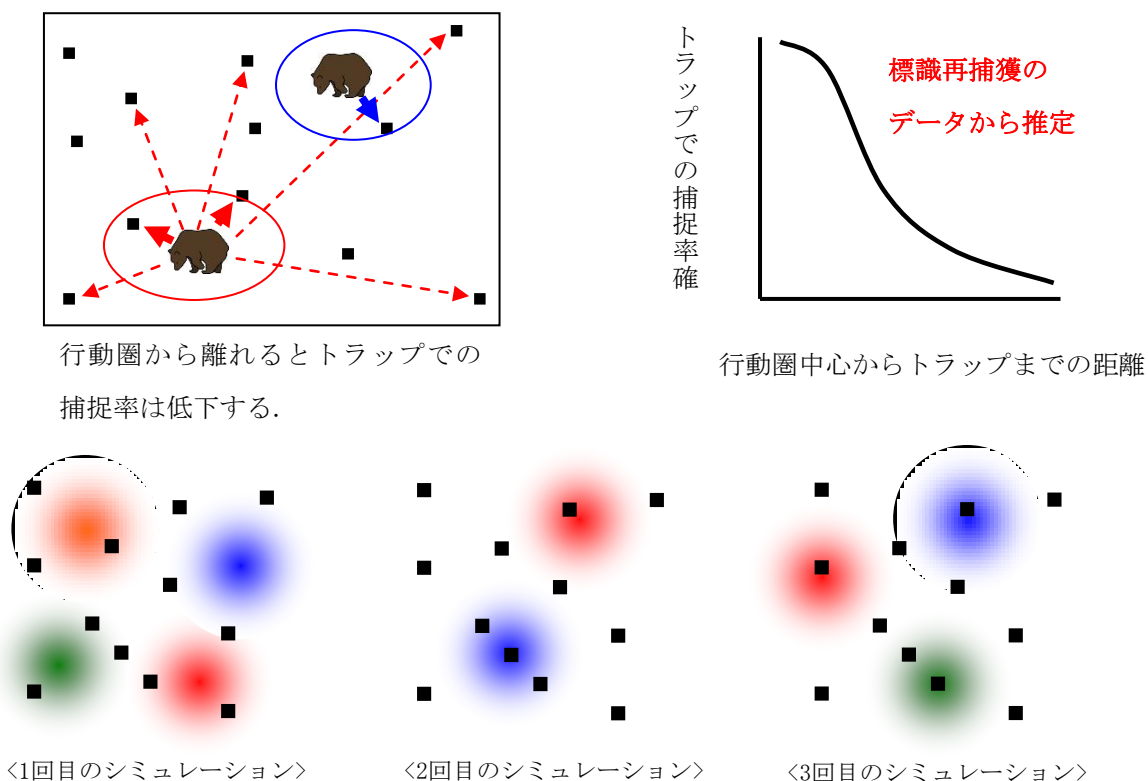


図 4-2 空間明示型標識再捕獲モデルの概念図

(個対数・個体の位置・距離と捕捉率の関係を変化させながらシミュレーションを繰り返す.)

実際の計算には、フリーの統計解析ソフト R のパッケージである SPACECAP (Gopaldaswamy et al. 2012) を用いた。計算に際しては、事前分布である調査地に生息している可能性のあるクマの生息頭数を最大 1000 頭と仮定し、最小値 0、最大値 1000 の一様分布とした。また、シミュレーション範囲は、トラップから 10km 圏内、かつ市街地が広がる甲府盆地を越えない範囲とし、国道 52、138、139、140、411 号線で囲まれた区画とした。

解析に使用するクマの活動中心は、国土交通省国土数値情報土地利用 3 次メッシュ (1km × 1km) の中心点とし、都市・農地・水域などが 5 割以上を占めるメッシュはクマの生息地に適さないとして除外した (図 4-3)。その結果、シミュレーション範囲を 631 メッシュ (631km²) とした。MCMC の回数は 30 万回とし、数値の不安定な初期の 3000 回は焼き捨て、3 ステップごとに結果をサンプリングした。

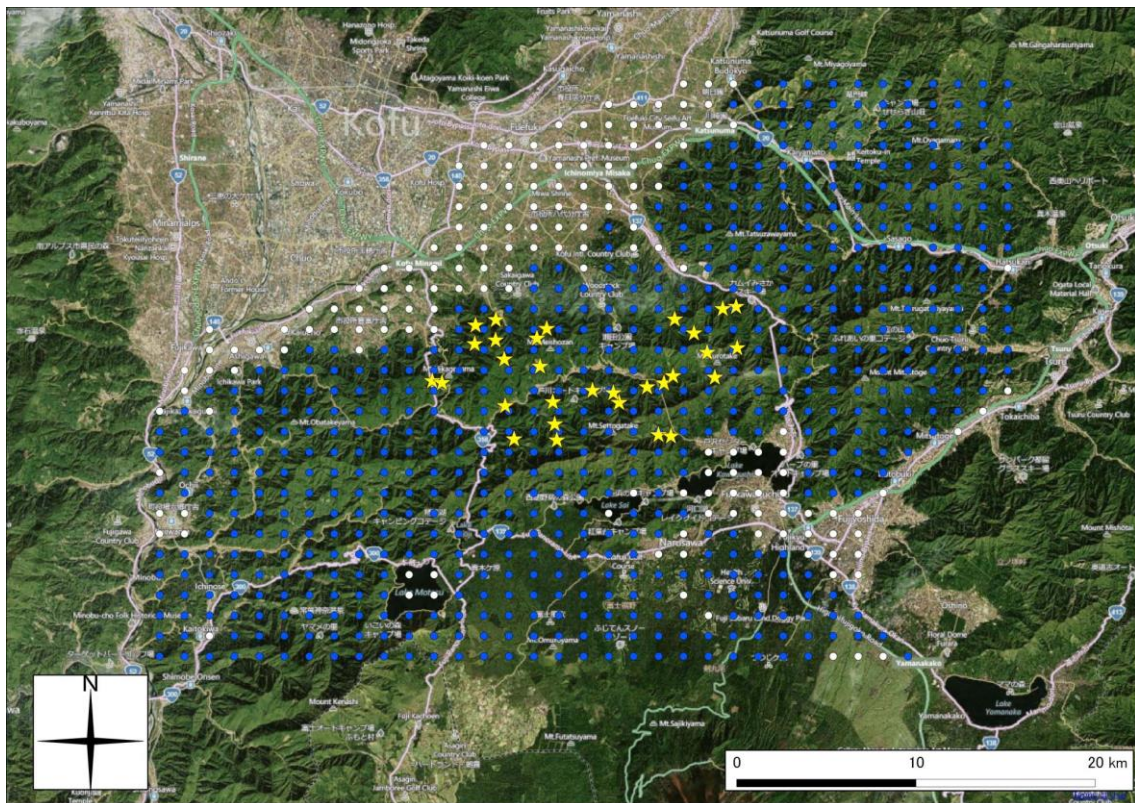


図 4-3 生息数推定のために発生させた活動中心点と設置したトラップの位置関係

(図中の●は活動中心点, ★は活動中心候補, ○は除外したメッシュ中心を表す. 背景図にはbing mapを使用した.)

4-2. 調査地の生息密度推定値

30万回のMCMCによって得られた推定生息数の事後分布を図4-4に示した。分布の平均を取ると調査地内の生息数は123頭と推定された。また、推定生息数を活動中心となりうるメッシュ面積631km²で除することで、生息密度は0.20頭/km²（95%信頼区間：0.04–0.40）と推定された。

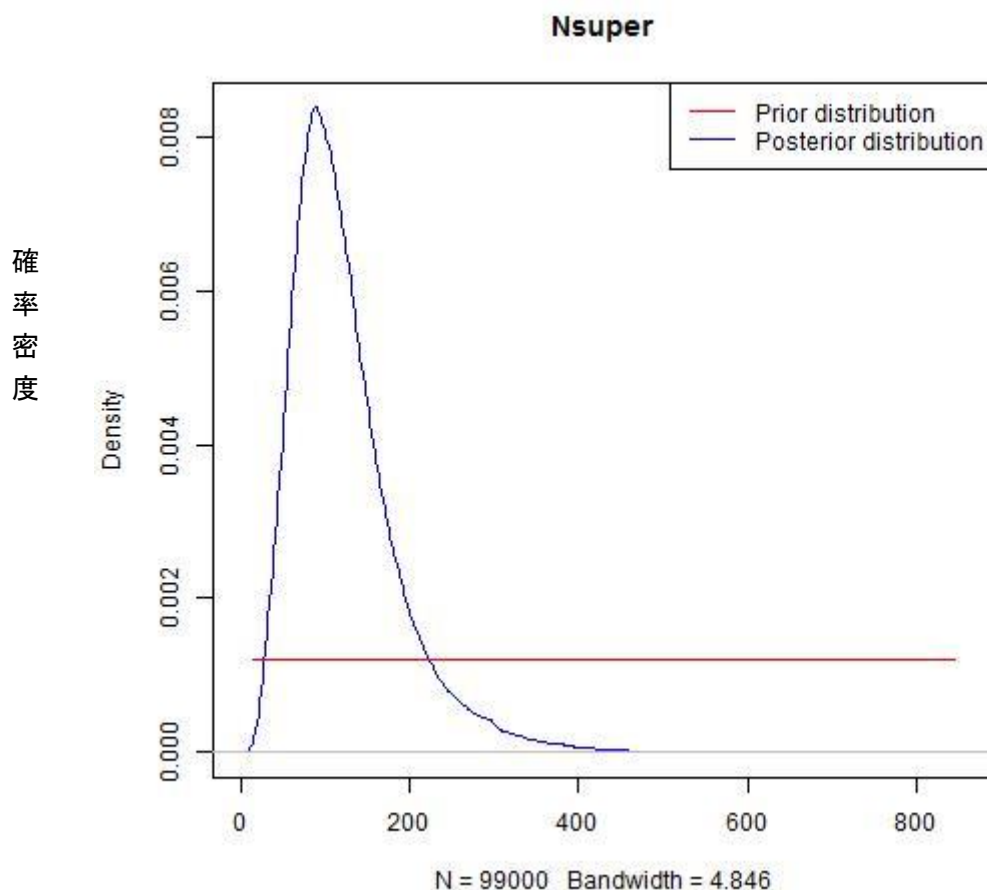


図 4-4 推定生息数の分布

今年度調査の結果、御坂山地周辺におけるクマの生息密度は平均 0.20 頭/km²、95%信頼区間は 0.04–0.40 頭/km²と推定された。平成 23 年度調査では、採取されたサンプル数が少なく、うまく生息数を推定することができなかったが（山梨県・野生動物保護管理事務所 2012）、本年度調査では 14 頭のクマが合計 25 回トラップに捕捉されたことに加え、トラップの設置密度をおよそ 4km²あたり 1 基まで高めたことにより、複数のトラップで同一個体が確認され、トラップの有効範囲が算出することができたためと考えられる。

一方で、95%信頼区間の幅が広い結果となったが、これは再識別個体数が少なかったことに起因していると考えられる。本年度調査での再識別個体数は6頭であったが、空間明示型標識再捕獲モデルでは、最低10頭、理想的には20頭の再識別個体が必要であると報告されている(Efford et al. 2004)。したがって、クマの生息密度が御坂山地程度の場合に、より精度の高い結果を得るための調査デザインとしては、トラップ密度を4km²あたり1基程度とした上で、可能な限りトラップ設置範囲を広げ、設置台数を増やすことが必要だろう。

4-3. 管理ユニットごとの推定生息数

山梨県には、地形および幹線交通網によって区分された、関東山地地域個体群、南アルプス地域個体群、富士・丹沢地域個体群の3つのクマの地域個体群が県境にまたがって分布している。各地域個体群の県内の範囲はそれぞれ、関東山地管理ユニット、南アルプス管理ユニット、富士・丹沢管理ユニットと区分され、クマの保護管理が進められてきた。そこで、今年度調査で得られた生息密度推定値に基づき、管理ユニットごとに生息数の推定を行うこととした。

生息数の推定は、平成12年度山梨県ツキノワグマ生息実態調査報告書(山梨県・野生動物保護管理事務所2001)に記載の方法に概ね準じた。すなわち、各ユニットにおけるクマの生息域を各ユニット内の森林面積と仮定し、各ユニットの密度推定値を乗ずることで、生息数推定値とした。第6回自然環境保全基礎調査(1999~2004年度)の哺乳類分布調査では、山梨県内のほぼ全域でクマの生息が確認されている。クマは森林性の動物であることから、各管理ユニットにおけるクマの生息域は、各管理ユニット内の森林面積とほぼ等しいと推測される。

また、現地調査を行っていない関東山地および南アルプスの各管理ユニットの密度推定値は、今年度調査で得られた生息密度推定値を富士・丹沢ユニットにおける密度推定値とした上で、各ユニットの天然林の面積比によって重み付けをして算出した。森林面積の算出には、環境省生物多様性センターで公開されている、第2回から第5回(1978~1998年度)までの植生調査の結果を統合したデータ(1/50,000縮尺)を用いた。

環境省が定義する植生自然度による分類で、6:植林地・7:二次林(代償植生地区)・8:二次林(自然林に近いもの)・9:自然林に該当する面積を合計したものを森林面積とし、7:二次林・8:二次林・9:自然林に該当する面積を合計したものを天然林面積とした。各ユニットにおける天然林面積および森林面積を表4-1に、クマの生息域とした山梨県の森林概況図を図4-5に示した。

表 4-1 各管理ユニットの森林面積と天然林面積比

管理ユニット	人工林面積 (km ²)	天然林面積 (km ²)	全森林面積 (km ²)	天然林 面積比
富士・丹沢	432.16	567.49	999.65	1.00
関東山地	519.38	689.98	1209.35	1.22
南アルプス	336.38	654.12	990.50	1.15

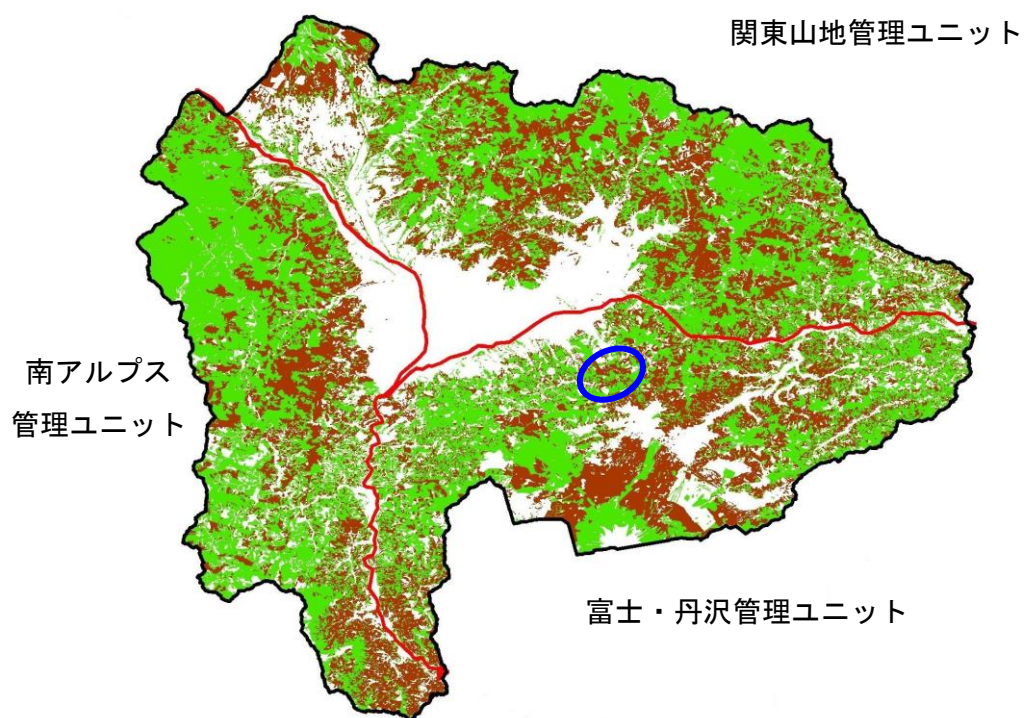


図 4-5 各管理ユニットの森林の概況図

(緑色の部分が天然林を、茶色の部分が人工林を、赤線は管理ユニットの境界を青色の楕円は現地調査の調査地をそれぞれ表す。)

管理ユニットごとの森林面積は、富士・丹沢管理ユニットで 999.65km²（うち天然林が 567.49km²）、関東山地管理ユニットで 1209.35km²（うち天然林が 689.98km²）、南アルプス管理ユニットで 990.50km²（うち天然林が 654.12km²）となった。富士・丹沢管理ユニットの天然林面積を 1 とした場合、関東山地管理ユニットの天然林面積比は 1.22、南アルプス管理ユニットの天然林面積比は 1.15 となった（表 4-1）。

今年度調査で得られた生息密度推定値、すなわち富士・丹沢管理ユニットの生息密度推定値（0.20 頭/km²，95%信頼区間：0.04-0.40 頭/km²）を天然林面積比で重み付けすることで、生息密度推定値は、関東山地管理ユニットで 0.24 頭/km²（95%信頼区間：0.05-0.49 頭/km²）、南アルプス管理ユニットで 0.23 頭/km²（95%信頼区間：0.05-0.46 頭/km²）と推定された。各管理ユニットの生息密度推定値に、各管理ユニットの全森林面積を乗ずることで、各管理ユニットの生息数推定値は、富士・丹沢管理ユニットで約 200 頭（95%信頼区間：40-400 頭）、関東山地管理ユニットで約 300 頭（95%信頼区間：59-590 頭）、南アルプス管理ユニットで約 230 頭（95%信頼区間：46-456 頭）となった（表 4-2）。

表 4-2 各管理ユニットのクマの生息数推定値

管理ユニット	生息密度 推定値 (頭/km ²)	95%信頼区間 (頭/km ²)	全森林面積 (km ²)	生息数 推定値 (頭)	95%信頼区間 (頭)
富士・丹沢	0.20	0.04-0.40	999.65	200	40-400
関東山地	0.24	0.05-0.49	1209.35	295	59-590
南アルプス	0.23	0.05-0.46	990.50	228	46-456

今年度調査に基づく推定生息数は、平成 12 年度山梨県ツキノワグマ生息実態調査報告書に記載されている推定生息数と比べると、全ての管理ユニットで数値が大きくなった。富士・丹沢管理ユニットでは推定生息数が約 120 頭から約 200 頭へ、関東山地管理ユニットでは約 150 頭から約 300 頭へ、南アルプス管理ユニットでは約 130 頭から約 230 頭へと 1.6 倍から 2 倍に変化した。

次章で述べるように、2006 年以降、大量出没が繰り返し発生し、それに伴い捕獲数もたびたび増加している。こうした状況からクマが増加した可能性は否定できないが、推定生息数の数値の変化から、この 12 年間でクマの生息数が約 2 倍に増加したと結論づけることは短絡的である。

平成 11・12 年度調査では、生け捕り放獣による標識再捕獲法で生息数を推定しているが、この場合、生息数推定値が過少となっていた可能性が高い。クマが捕獲檻を忌避する可能性と、ヘア・トラップを忌避する可能性を考えた場合、捕獲檻を忌避する可能性のほうが高いだろう。生け捕り放獣での捕獲個体・再捕獲個体が、ヘア・トラップでの識別個体・再識別個体より少なくなった場合、生け捕り放獣による生息数推定値は、ヘア・トラップによる生息数推定値よりも過少となる。

例えば、岩手県ではヘア・トラップ法を導入後、推定生息数は大幅に増加しているが（約 1,100 頭から約 1,720 頭）、第 2 次ツキノワグマ保護管理計画（岩手県 2007）では、ただし書きとして、「この結果は DNA 個体識別調査の結果等を加味した、より精度の高い調査方法により推定したものであり、本県のクマの生息数が平成 13・14 年度から平成 18 年度までの間に大幅に増加したことを意味するものではない」という旨の記載をしている。

今年度調査では、ヘア・トラップによるサンプリングと空間明示型標識再捕獲モデルによる密度推定という、クマの生息数推定に用いられる方法としては、現時点で最良の方法により生息数推定を行った。第 4 章で述べたとおり、空間明示型標識再捕獲モデルは、ベイズ推定の原理に基づく方法であり、平成 11・12 年度調査で用いられたリンカーン・インデックス法（Lincoln-Petersen モデル）とは全く異なる理論・計算法に基づく推定法である。こうした最新の方法を用いているにもかかわらず、生息数推定値の幅（95%信頼区間）が広く、必ずしも高精度の推定値が得られたわけではない。

したがって、今後も出没や捕獲の動向把握を継続することに加え、過去に現地調査の行われていない関東山地管理ユニットや南アルプス管理ユニットでのモニタリング調査を実施することで、クマの生息数の増減傾向を確認しつつ、クマの保護管理を進めていくことが必要だろう。

5. 基礎情報の分析

2000年（平成12年）以降の、山梨県内のクマの生息状況の変化について調べるため、昨年度に引き続き、山梨県森林環境部みどり自然課にて収集されていた、目撃情報、捕獲情報、被害情報について整理した。

5-1. 目撃情報

まずは、2000～2012年度の間に寄せられたクマの目撃情報を整理し、山梨県内のクマの出没状況を把握した。

県内の各市町村から集計した2000～2012年度の目撃情報の推移を図5-1に示した。2000～2005年度までは50件以内を推移していた目撃件数は、2006年に173件に達し、その後2007～2009年にかけては再び減少しおよそ50件程度の目撃情報が寄せられていたが、2010年の目撃件数は166件に達し、そして2012年には過去最多となる198件の目撃情報が寄せられている。このように、2000～2012年の過去13年間、山梨県においては、目撃件数が50件以内の年と、2006、2010、2012年のように目撃件数が150件を上回る年が混在しており、特に近年、目撃件数の多い年が出現するようになってきている。

クマは冬眠に備えるために、ミズナラやブナなどの堅果を秋季に大量に摂取することが知られており、堅果の凶作年には、行動圏が拡大し、人里への出没も増加する傾向にあることが報告されている（Kozakai et al. 2011）。山梨県北部の4地域（須玉、甲府北部、増穂・鵜沢、八ヶ岳）で2001～2010年の間実施されたミズナラ堅果落下量調査によると、2006および2010年は堅果落下数が少なく、凶作年であったと考えられ、山梨県内でのクマ目撃情報の増加とよく一致する（長池 2011）。こういった堅果類の豊凶調査結果から秋に発生するクマの出没予測を立てることも可能であり、ウェブ上で出没予測を公開している自治体も少なくない。山梨県近隣の長野県や群馬県においても堅果類の豊凶調査が毎年実施され、クマの出没予測に役立てるよう公開されている。

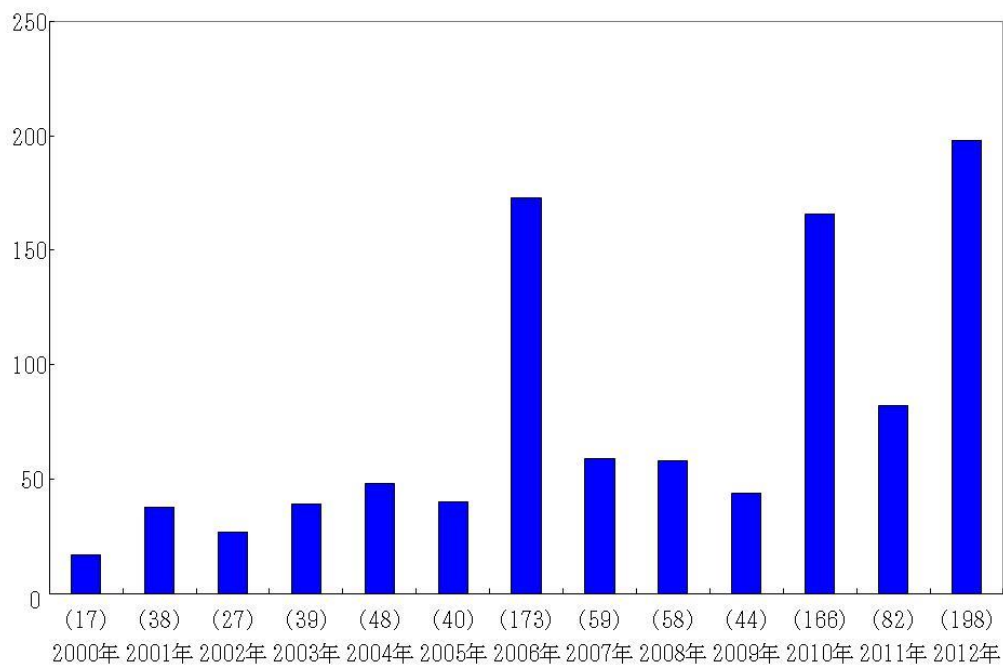


図 5-1 各年度の目撃件数の推移

(括弧内の値は各年度の目撃件数を表す.)

さらに、目撃情報のうち、基準地域メッシュコードが記されている情報について、基準地域メッシュをクマの目撃地点として集計し、山梨県におけるクマの目撃地点の分布を図化した(図 5-2)。2001 年～2012 年度の間、山梨県内の全市町村においてクマの目撃情報が報告されているが、2012 年度は特に北杜市や大月市で多数の目撃情報が寄せられている(巻末資料 2)。

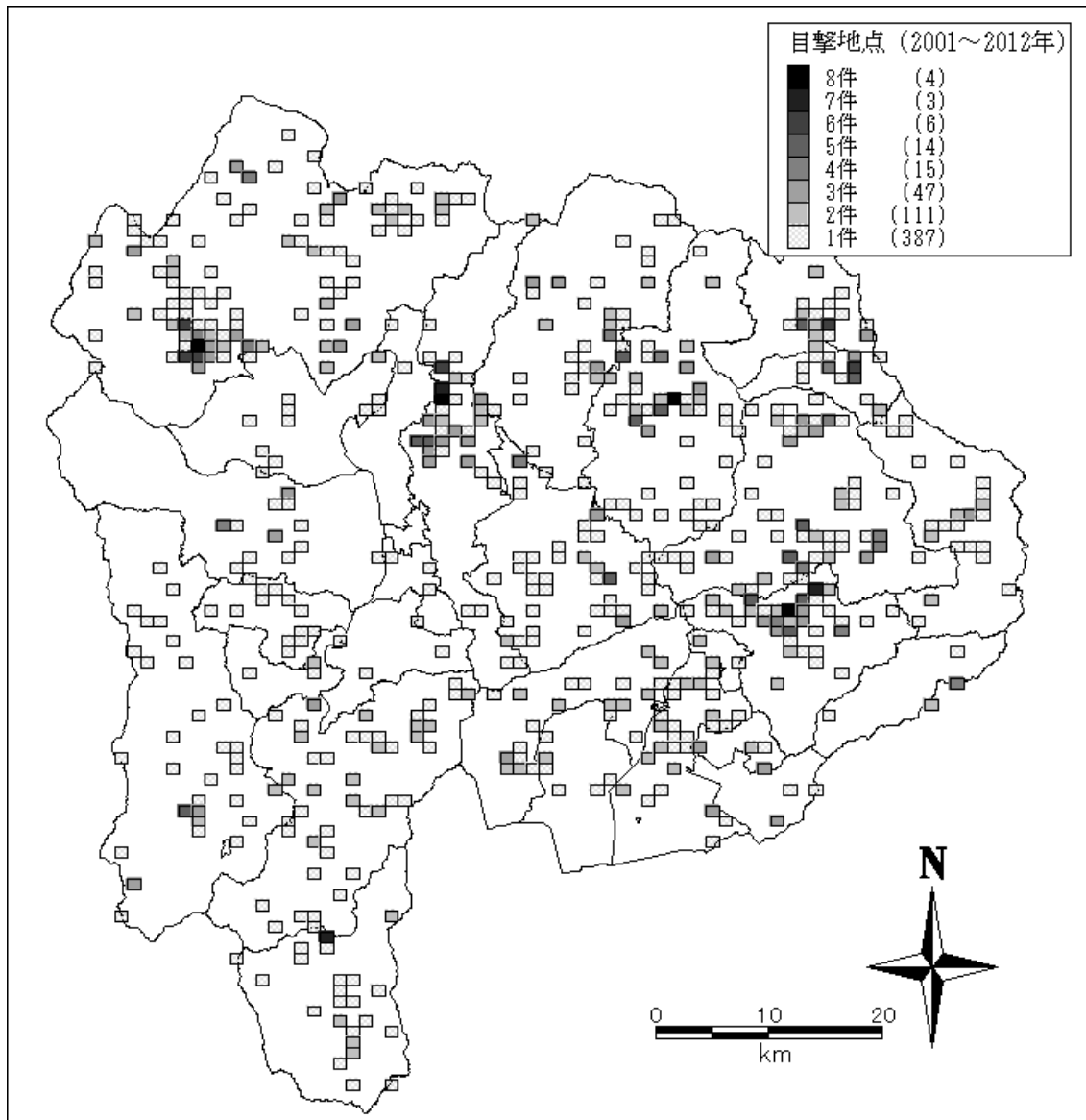


図 5-2 目撃地点の分布

(各市町村名は巻末資料 1 を参照.)

5-2. 捕獲情報

2000～2012 年度に実施されたクマの狩猟および有害捕獲における捕殺（有害）、そして、有害および錯誤捕獲における放獣頭数（放獣）の推移を図 5-3 に示した。1999、2000 年度に実施された生息実態調査から算出された山梨県内のクマの推定生息数が 400 頭であったことを受け、山梨県ツキノワグマ保護管理指針の中で、狩猟と有害捕獲を合わせて、年間捕獲数の上限は 40 頭と設定されている。年間捕獲数は、2000～2005 年度の間で、50 件以内を推移していたものの、大量出沒が発生した 2006 年には、有害捕獲のみで 95 頭が捕殺された。2006 年の大量出沒を受け、翌 2007 年には、クマによる人身被害および農林業被害の防止および軽減を目的とした山梨県ツキノワグマ出沒対応マニュアルが作成され、錯誤捕獲のクマや有害捕獲でも捕獲経験の少ないクマを奥山に移動し放獣する奥山放獣が取り入れられた。2010、2012 年には多数の目撃情報が寄せられ、比較的多くのクマが捕獲されたものの、奥山放獣を実施することにより捕殺数が抑えられている。

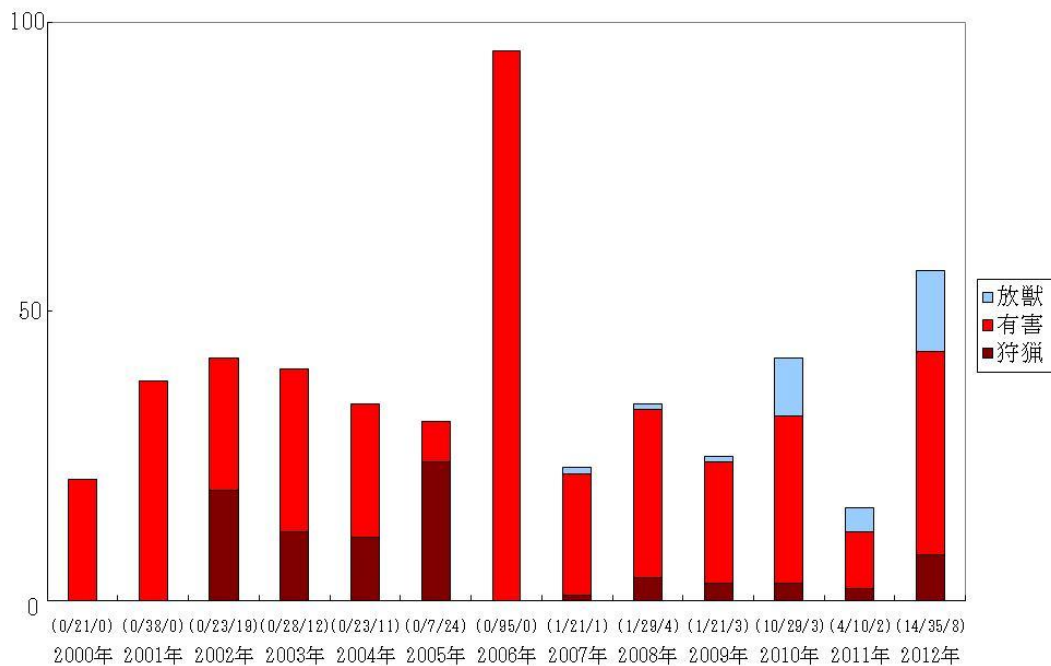


図 5-3 各事業年度の捕獲頭数の推移

(括弧内の値は、順に各年度の放獣/有害/狩猟頭数を表す.)

続いて、目撃情報と同様に、基準地域メッシュコードが記されている捕獲情報について、基準地域メッシュをクマの捕獲地点として集計し、山梨県におけるクマの捕獲地点の分布を図化した（図 5-4）。2000～2012 年の間、山梨県内のほとんどの市町村でクマが捕獲されており、2012 年は北杜市、大月市、小菅村での捕獲が多く（巻末資料 3）、また、13 年間の累積捕獲数では、甲州市（71 件）、大月市（58 件）、北杜市（54 件）の順で多い（巻末資料 4）。

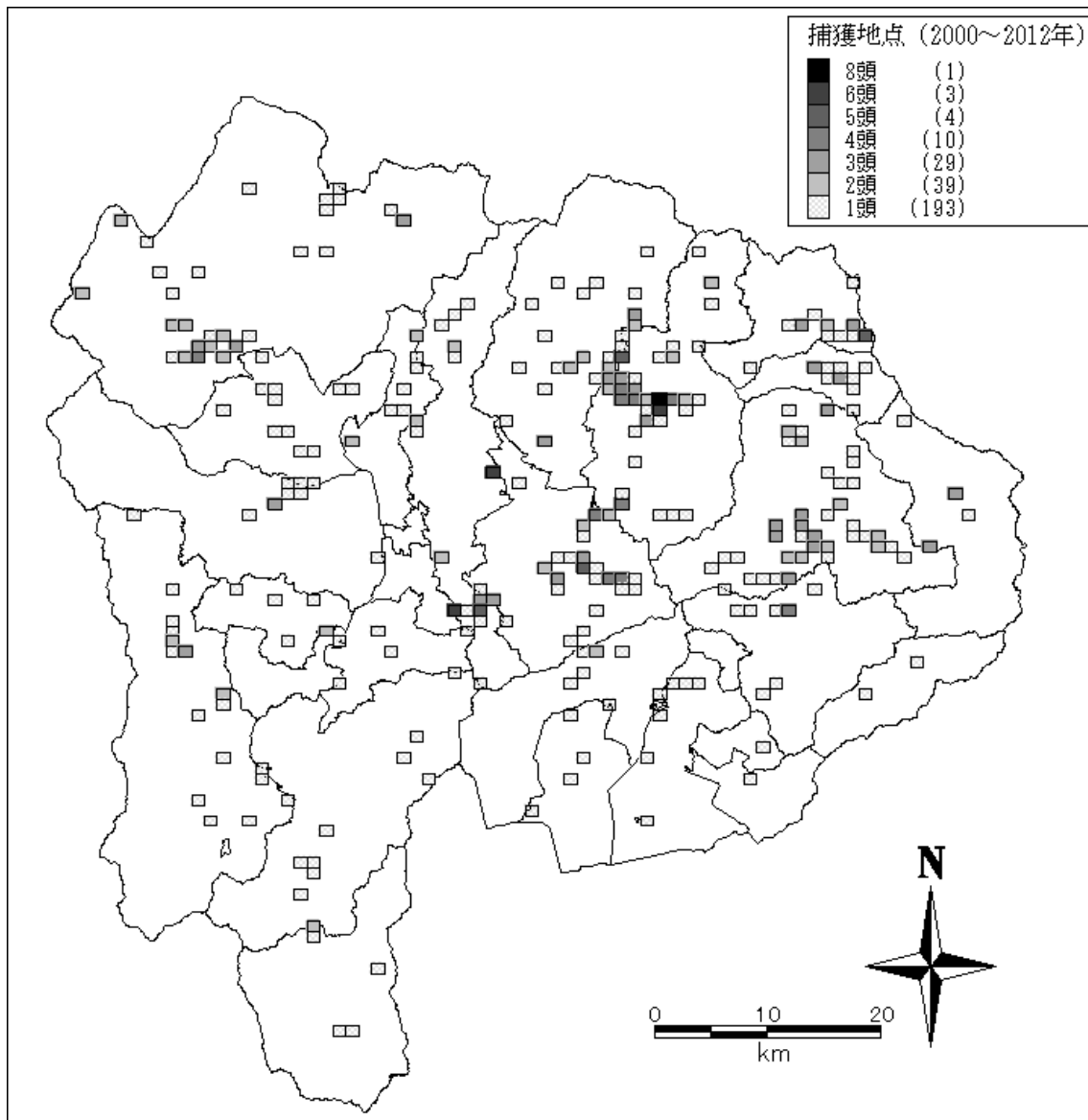


図 5-4 捕獲地点の分布

(各市町村名は巻末資料 1 を参照.)

5-3. 被害情報

山梨県においても、農業、林業、人身被害といったクマによる被害が発生している。ここでは、山梨県が県内の各市町村から集計した 2002～2012 年度の目撃情報、捕獲情報の中で、被害に関する記載のある報告を抜き出して整理した。

2002～2012 年度の被害件数を図 5-5 に示した。2002～2005 年度の間は 10 件以内を推移していた被害件数は 2006 年には 22 件と増加し、その後、2009 年までは減少するものの、2010 年には再び増加し、2011 年に一旦減少するものの、2012 年にはさらに増加し、最多となる 51 件に達した。

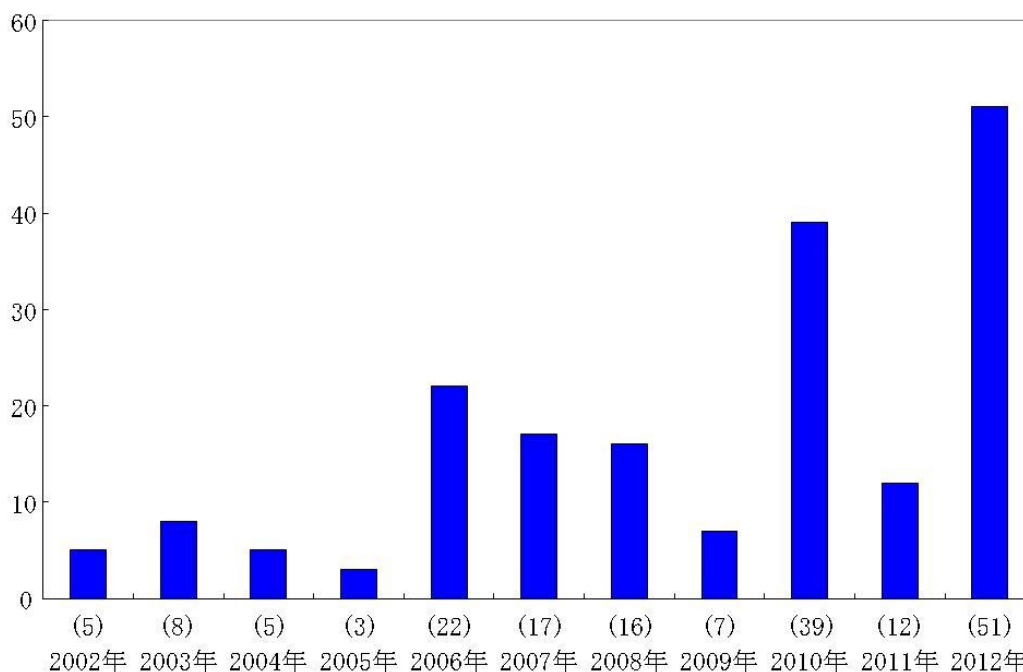


図 5-5 各年度の被害件数の推移

(括弧内の値は各年度の被害件数を表す.)

2006、2010、2012 年は山梨県内で多くの目撃情報が寄せられており、クマの出没に合わせ、被害が増減している。さらに、クマによる被害の内容について目を向けると、昨年報告したのと同様、4 分の 3 近くを農畜産被害が占め、続いて人身被害、建造物侵入や破壊などの被害の順となっている (図 5-6)。

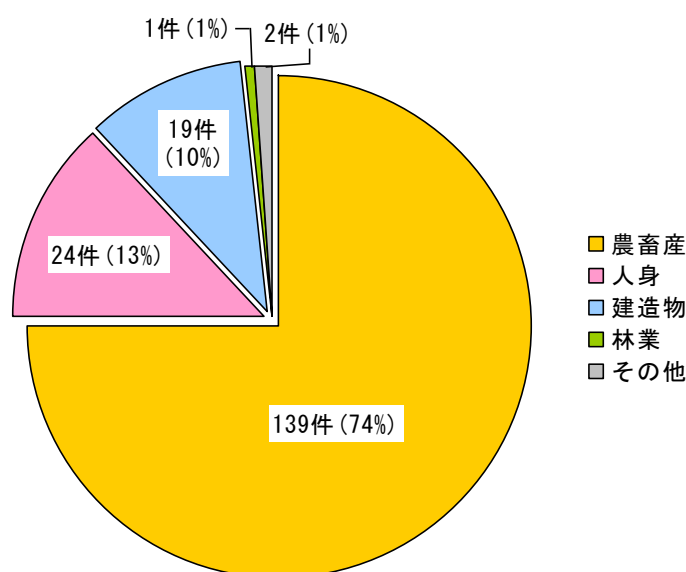


図 5-6 被害の内訳

さらに、最も被害件数の多い、農畜産被害について、被害の内訳を調べた。表 5-1 は、2002～2012 年の間、クマによる被害を受けた農畜産物を被害報告が多い順に並べたものである。昨年度までと同様、過去 13 年間では、養蜂、カキ、モモ、スモモといった作物が恒常的な被害を受けている。2012 年度では、養鶏被害が特に目立っているが、この養鶏被害では、特定の養鶏場が繰り返し被害を受けていたものであり、クマをおびき寄せる誘引物の存在が疑われる。例え、追い払いや捕獲を実施したとしても、誘引物を除去しない限りは、被害を食い止めることは難しく、まずは誘引物の除去を目指し、併せて電気柵等による防除を行っていく必要があるだろう。

表 5-1 農畜産物別の被害件数

年度	養蜂	カキ	モモ	スモモ	ブドウ	飼料	養鶏	クリ	リンゴ	ネギ	養魚	梨	トウモロコシ	ウサギ
2002	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
2003	2	0	2	4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
2004	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
2005	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2006	6	3	1	0	4	0	0	0	1	1	0	0	0	0
2007	1	0	8	3	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
2008	7	3	2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
2009	1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2010	7	19	4	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0
2011	2	1	4	0	0	2	2	1	0	0	1	0	0	0
2012	10	3	2	1	0	0	12	3	0	0	4	0	1	1
合計	39	29	26	9	5	4	16	6	3	1	5	1	1	1

6. 引用・参考文献

- Efford MG, Dawson DK and Robbins CS 2004. DENSITY: software for analysing capture-recapture data from passive detector arrays. *Animal Biodiversity and Conservation* 27: 217-228.
- Gardner, B.; Royle, J. A.; Wegan, M. T. (2009) Hierarchical models for estimating density from DNA mark-recapture studies. *Ecology* 90(4):1106-1115.
- Gopalaswamy, A. M., Royle, J. A., Hines, J. E., Singh, P., Jathanna, D., Kumar, N. S. and Karanth, K. U. 2012. Program SPACECAP: software for estimating animal density using spatially explicit capture-recapture models. *Methods in Ecology and Evolution* 3: 1067-1072
- 岩手県. 2007. 第2次ツキノワグマ保護管理計画.
- 環境研究総合推進費 クマ類の個体数推定の開発に関する研究チーム. 2012. クマ類の個体数を調べる ヘア・トラップ法とカメラトラップ法の手引き (統合版).
- 環境省. 2000. 特定鳥獣保護管理計画技術マニュアル (クマ類編).
- 環境省・野生動物保護管理事務所. 2002. 平成13年度自然再生技術調査業務報告書.
- Kitahara, E., Y. Isagi, Y. Ishibashi T. Saitoh. 2000. Polymorphic microsatellite DNA markers in the Asiatic black bear *Ursus thibetanus*. *Molecular Ecology* 9: 1661-1662.
- Kozakai, C., Yamazaki, K., Nemoto, Y., Nakajima, A., Koike, S., Abe, S., Masaki, T. and Kaji, K. (2011), Effect of mast production on home range use of Japanese black bears. *The Journal of Wildlife Management*, 75: 867-875.
- 長池卓男 2011. 山梨県北部におけるミズナラ堅果落下量の年変化. 山梨県森林総合研究所研究報告 30: 11-13
- Paetkau, D., W. Calvert, I. Stirling C. Strobeck. 1995. Microsatellite analysis of

- population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Paetkau, D. 2003. An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories. *Molecular Ecology* 12: 1375-1387.
- Royle, J. A. ; Karanth, K. U. ; Gopalaswamy, A. N. Kumar, S. N. (2009) Bayesian inference in camera trapping studies for a class of spatial capture-recapture models. *Ecology* 90(11): 3233-3244.
- 佐藤喜和・湯浅卓. 2008. ヘア・トラップを用いたクマ類の個体数推定のための方法論について. *哺乳類科学*, 48: 101-107.
- Taberlet, P., J.-J. Camarra, S. Griffin, E. Uhres, O. Hanotte, L.P. Waits, C. Dubois-Paganon, T. Burke J. Bouvet. 1997. Noninvasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular Ecology* 6: 869-876.
- Taberlet, P. L.P Waits, G Luikart. 1999. Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology and Evolution*, 14: 323-327
- Yamamoto, K., T. Tsubota, T. Komatsu, A. Katayama, T. Murase, I. Kita, T Kudo. 2002. Sex identification of Japanese black bear, *Ursus thibetanus japonicus*, by PCR based on Amelogenin gene. *The journal of veterinary medical science*, 64: 505-508.
- 山内貴義・近藤麻実. 2010. クマ類体毛サンプルからの DNA 抽出と分析成功率の季節性. 平成 21 年度環境研究・技術開発推進費 クマ類の個体数推定法の開発に関する研究 平成 21 年度報告書 : 82-93.
- 山梨県・野生動物保護管理事務所. 2001. ツキノワグマ生息実態調査報告書.
- 山梨県・野生動物保護管理事務所. 2012. 平成 23 年度 ツキノワグマ生息実態調査 調査報告書.
- 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 ～

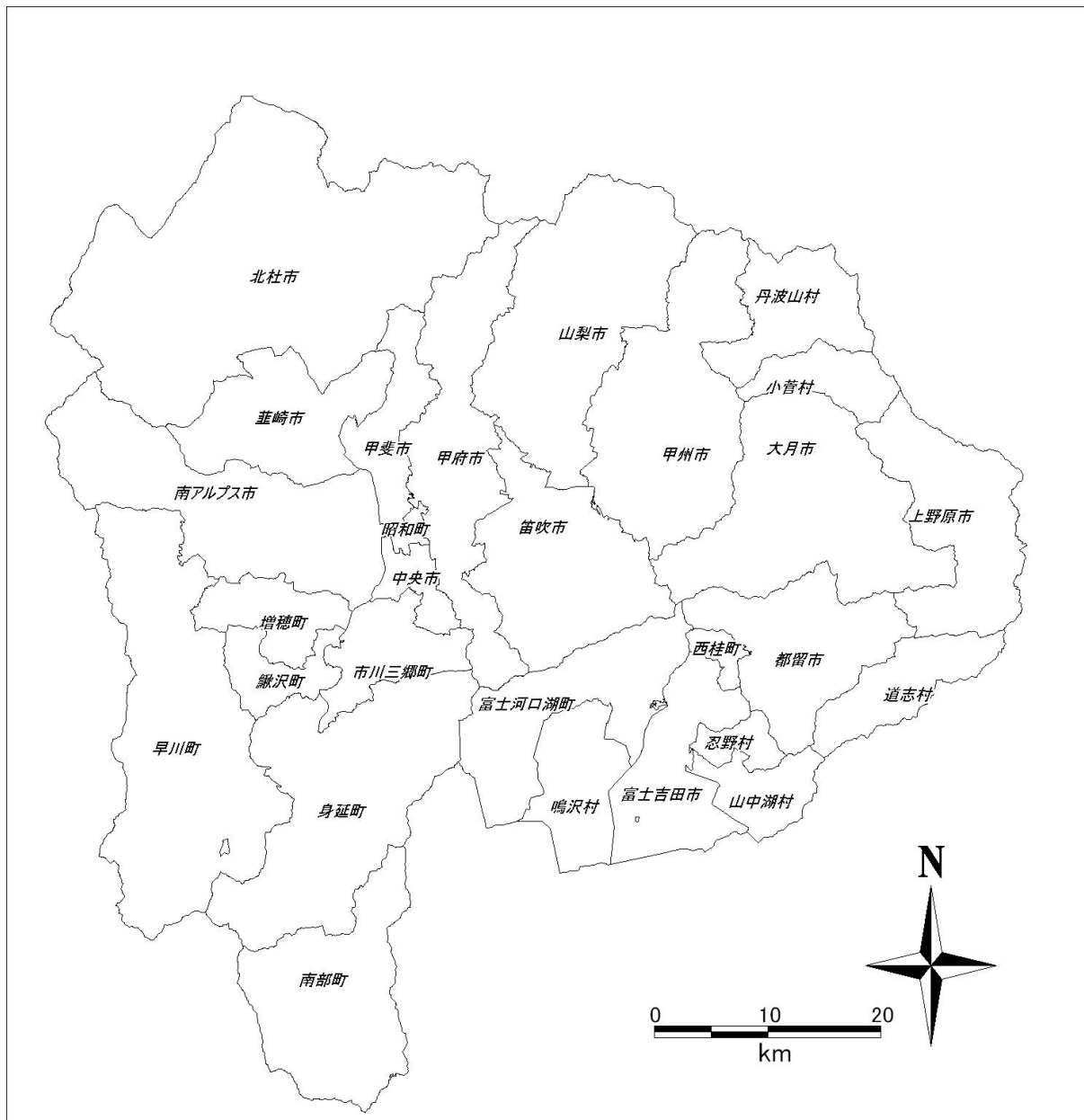
国内外の事例の比較検討～. 哺乳類科学 48 : 109-118.

米田政明・間野勉. 2011. クマ類の個体数推定および動向把握方法の現状と課題. 哺乳類科学 51 : 79-95.

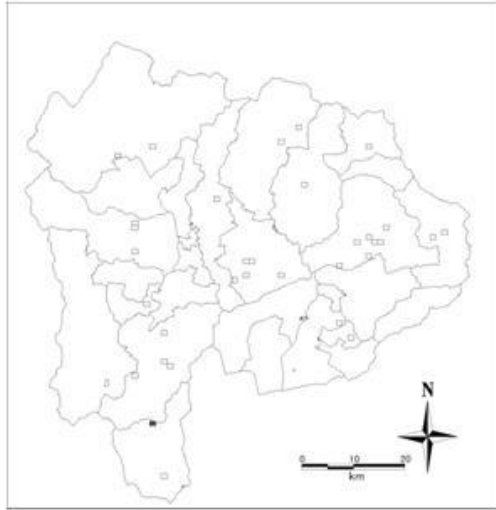
Wilberg, M. J., B. P Dreher . 2004. GENECAP: a program for analysis of multilocus genotypes data for non-invasive sampling and capture-recapture population estimation. Molecular Ecology Notes 4: 783-785.

Woods J. G., B. N. Mclellan, D. Paetkau 1999. Genetic tagging free ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin* 27: 616-627.

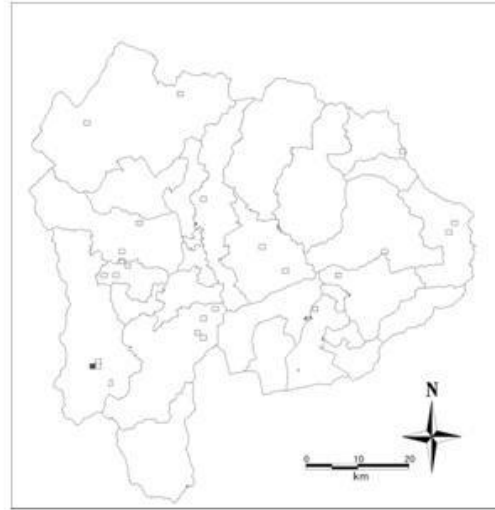
7. 卷末資料



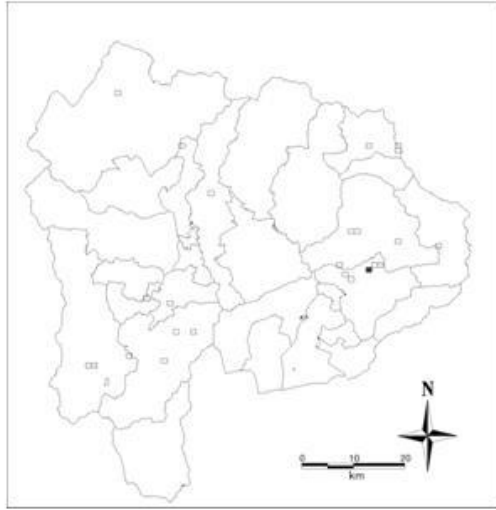
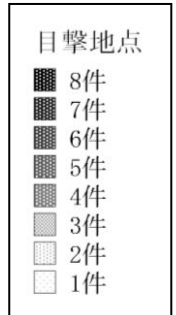
資料 1 山梨県内の市町村位置図



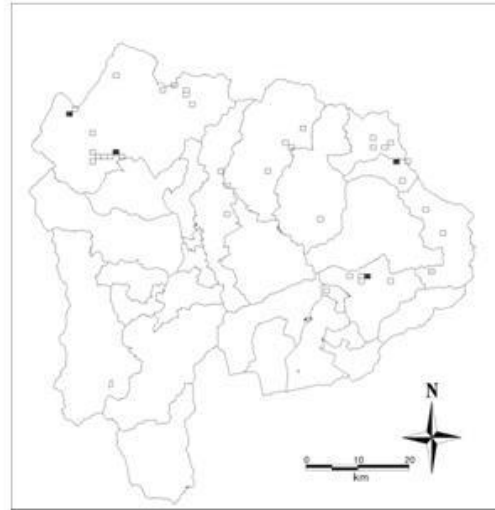
目撃地点 (2001年)



目撃地点 (2002年)

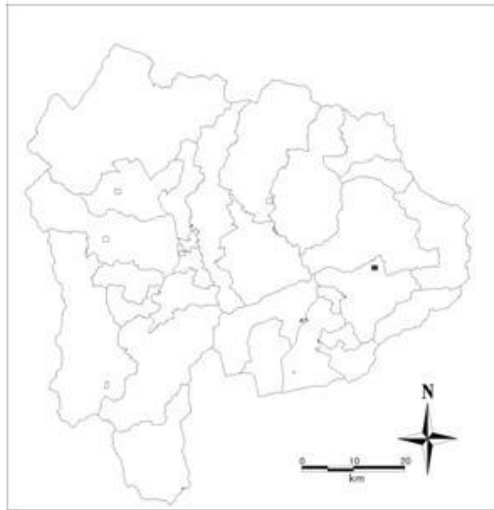


目撃地点 (2003年)

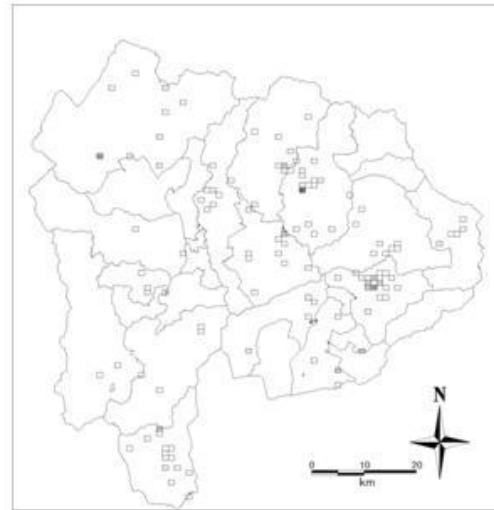


目撃地点 (2004年)

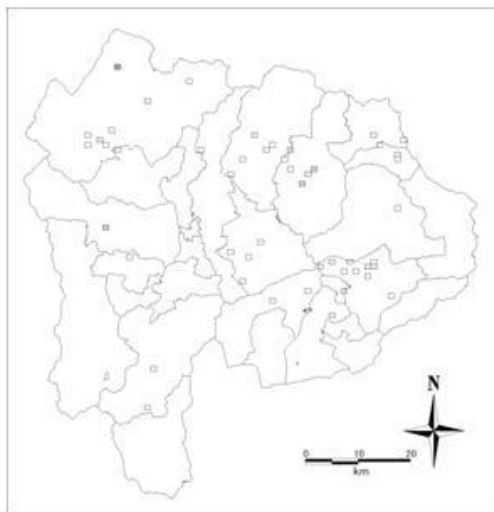
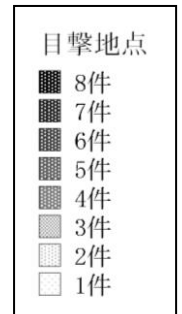
資料 2 目撃地点 (2001~2004 年)



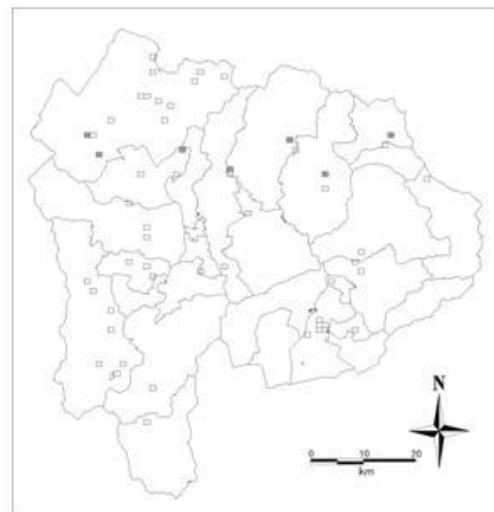
目撃地点 (2005年)



目撃地点 (2006年)



目撃地点 (2007年)

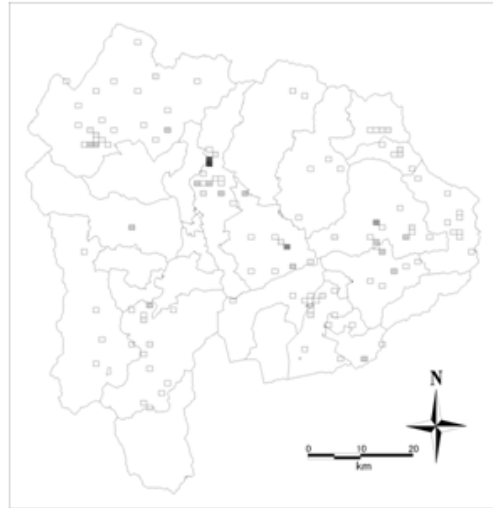


目撃地点 (2008年)

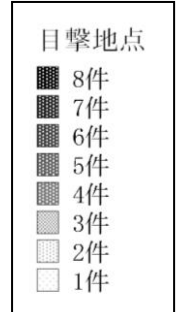
資料 2 つづき 目撃地点 (2005～2008 年)



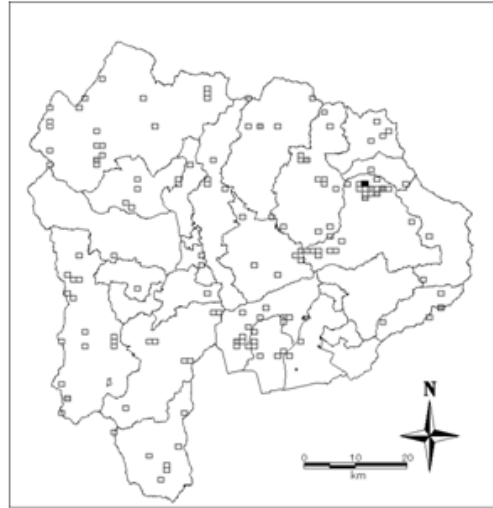
目撃地点 (2009年)



目撃地点 (2010年)

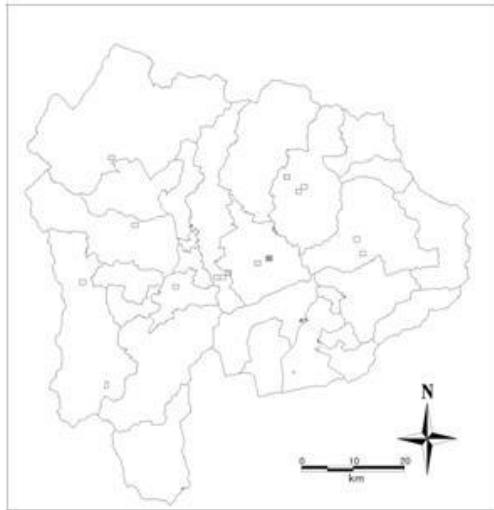


目撃地点 (2011年)

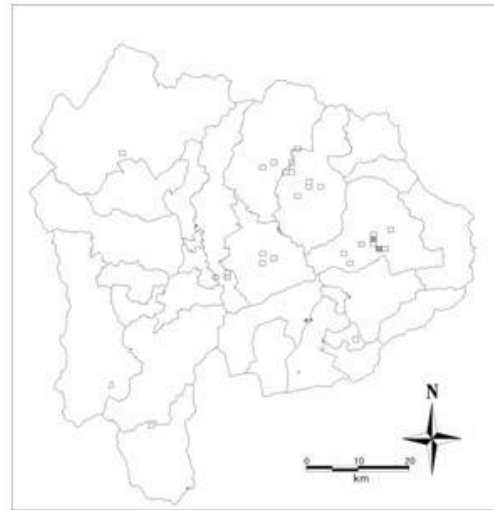


目撃地点 (2012年)

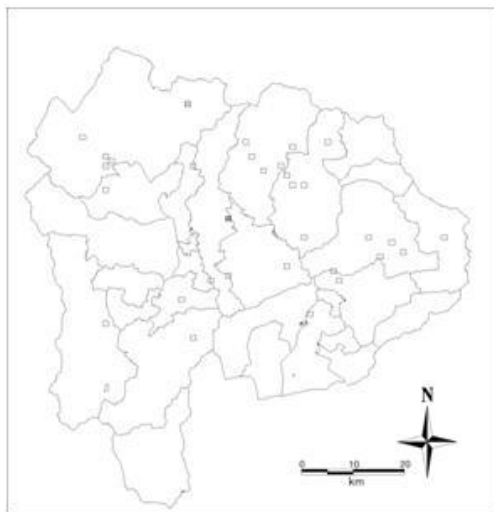
資料 2 つづき 目撃地点 (2009～2012 年)



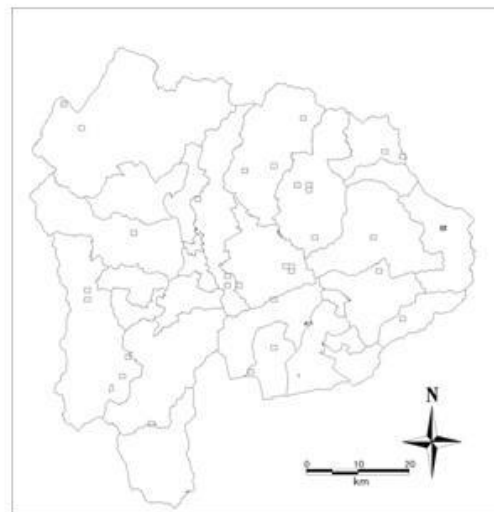
捕獲地点 (2000年)



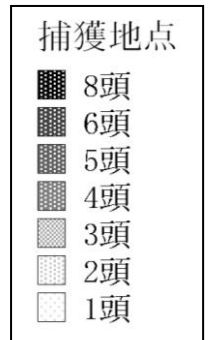
捕獲地点 (2001年)



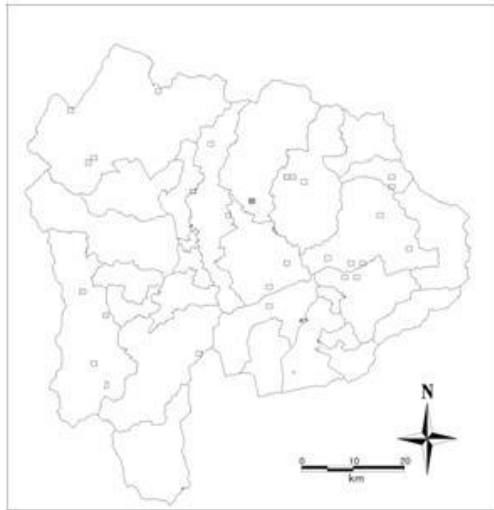
捕獲地点 (2002年)



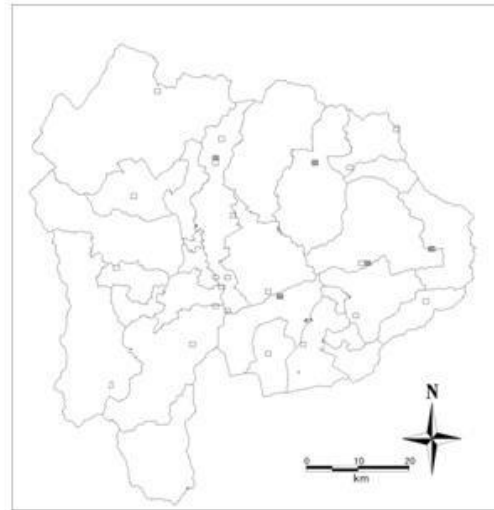
捕獲地点 (2003年)



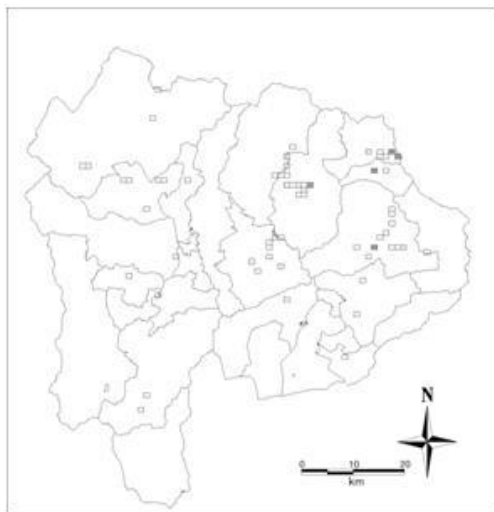
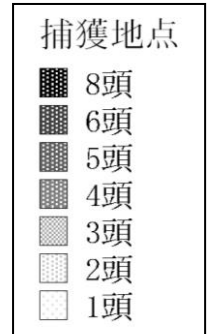
資料 3 捕獲地点 (2000~2003 年)



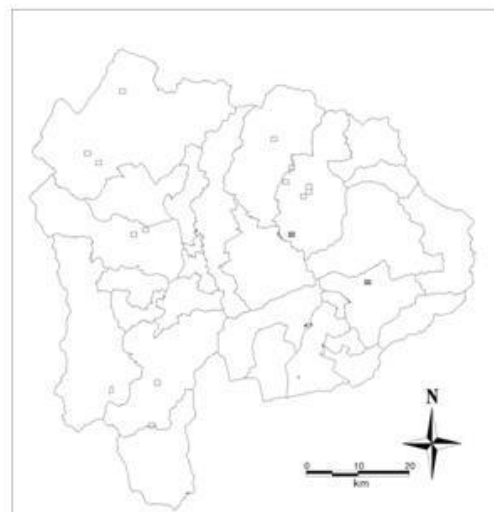
捕獲地点 (2004年)



捕獲地点 (2005年)

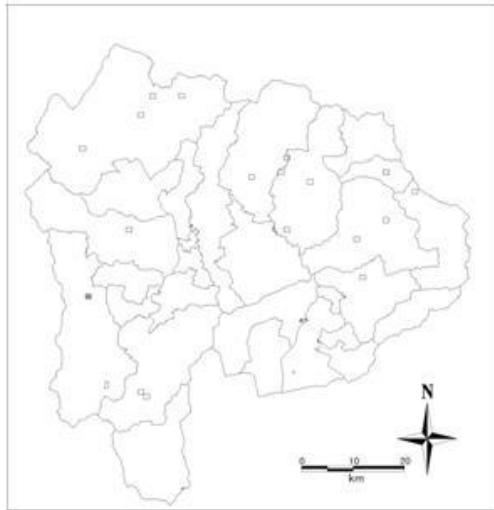


捕獲地点 (2006年)

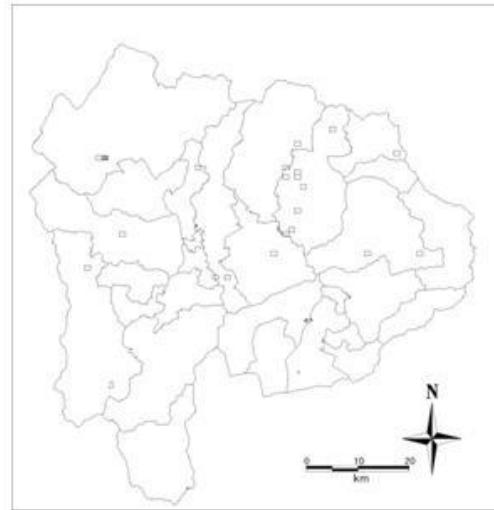


捕獲地点 (2007年)

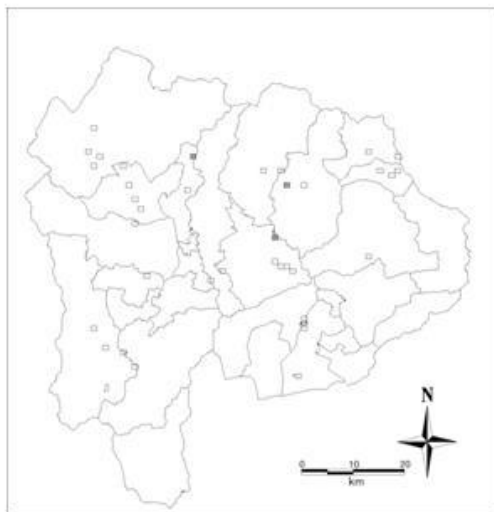
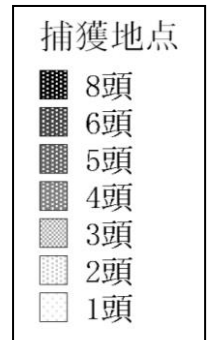
資料3 つづき 捕獲地点 (2004~2007年)



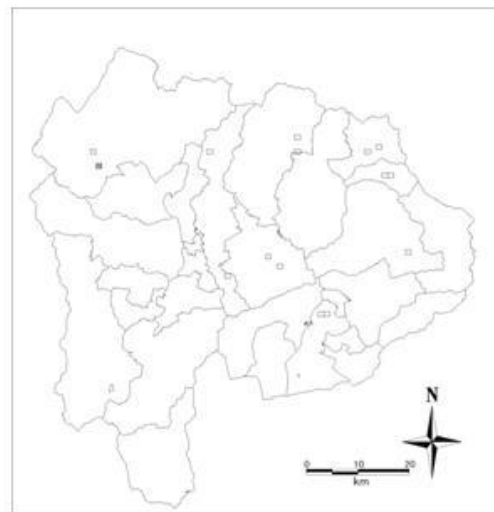
捕獲地点 (2008年)



捕獲地点 (2009年)

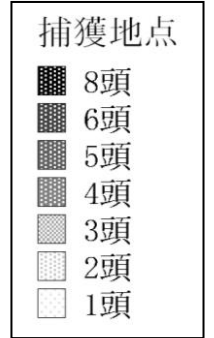


捕獲地点 (2010年)

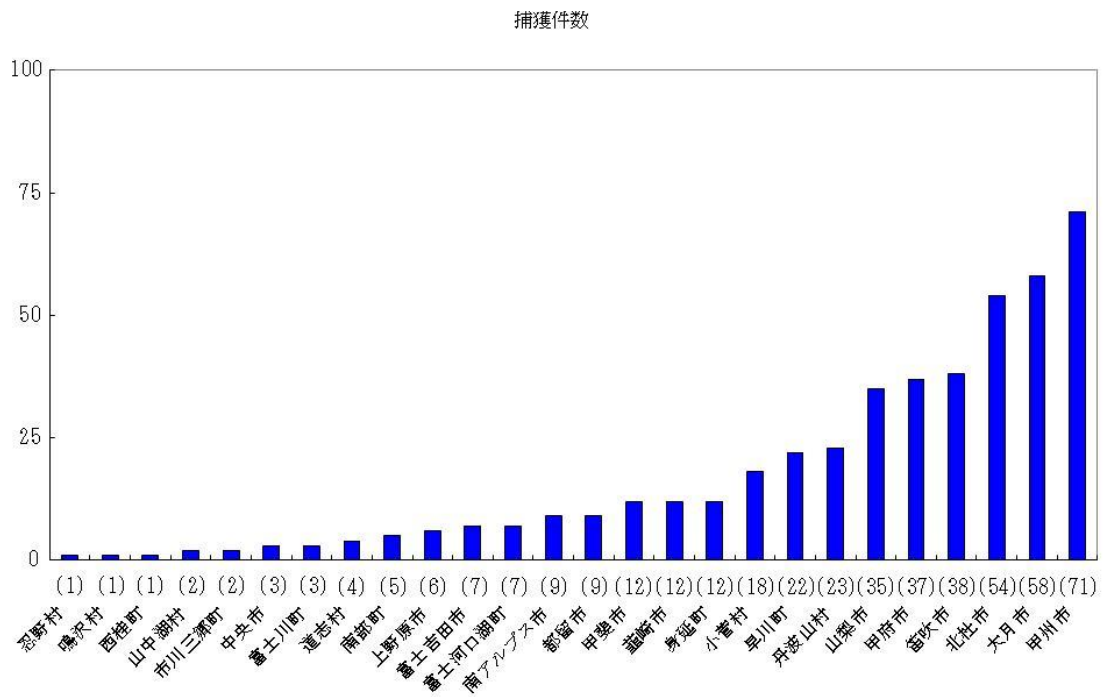


捕獲地点 (2011年)

資料3 つづき 捕獲地点 (2008~2011年)



捕獲地点 (2012年)



資料 4 各市町村の累積捕殺頭数 (2000～2012 年)

(括弧内の値は累積捕殺頭数を表す.)