

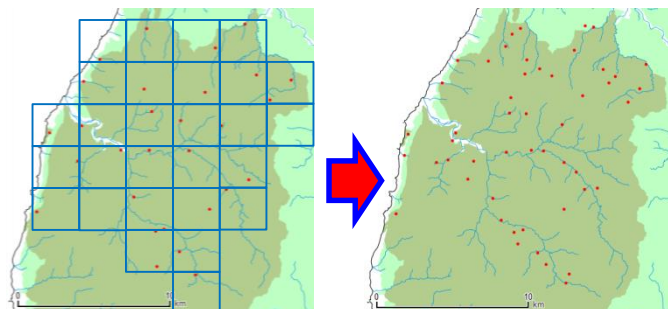
被毛の遺伝子分析・個体識別によって、従来よりも高い精度でヒグマの生息密度を推定します

背景

- 近年、ヒグマによる農業被害等が増加し、捕獲数も増加傾向にあるが、生息数とその動態（増減）は不明。
- 渡島半島地域をはじめ、全道のヒグマの保護管理には高精度で効率的な生息密度推定手法の確立が必要。

成果

1 適切な被毛採取装置の数と配置の検討



グリッドデザイン(従来手法)

- 調査地域を格子状に分割、各格子に装置を配置
- 装置数少→少数の被毛試料
- 推定精度低

ランダム配置(新しい手法)

- 調査地域内に装置をランダムに配置
- 装置数増→被毛試料増加
- 推定精度高

○過去のデータ解析の結果、正確な生息密度推定には、多くの被毛試料を採取し、より多くの個体を識別する事が重要でした。

○適切な被毛採取装置の数と配置を検討し、ランダム配置が有効であることを確認しました。

期待される効果

- 信頼性の高い生息密度推定法の開発によって、ヒグマの生息数の動態（増減）を把握。
- 北海道全域のヒグマの保護管理を推進。

共同研究機関：林業試験場、横浜国立大学、国立環境研究所

2 被毛を採取する環境条件の検討



ササが密生

ササが中程度・疎

○被毛採取装置へのヒグマ訪問頻度に、ササの生育密度が関係している事が明らかになり、装置の設置場所は、生育密度が中・疎の場所が適していました。

3 マニュアル作成と成果の活用



○ヒグマ生息密度を推定するためのマニュアルを作成し、関係自治体等に配布しました。
また、本研究成果を活用した調査が北海道生物多様性保全課によって実施されています（富良野市）。