

クマ剥ぎ被害を起こすツキノワグマの個体識別

久保田将之・新井一司

(緑化森林科)

【要 約】クマ剥ぎ被害木等に残された体毛を使用して個体識別を行ったところ、5頭のクマ個体が識別できた。5月～8月にかけてクマ剥ぎ跡等に残された体毛からの遺伝子解析が可能である。

【目 的】

ツキノワグマはクマ剥ぎによりスギやヒノキの造林木に被害を与える。多摩地域周辺の造林地においてもクマ剥ぎ被害が起きており(図1)、造林木の保護と合わせてクマ剥ぎを行うクマ個体の特定が必要である。本研究ではクマ剥ぎ跡に残されたクマの体毛を使用してクマ個体の識別が可能か明らかにする。

【方 法】

1. 体毛の採取：2021年5月～8月に東京都水道水源林内の造林地において、クマ剥ぎ被害木や道標のクマによる削り跡から体毛を採取し、実験室に持ち帰った。体毛サンプルは、被害木1本につき1サンプルとして扱った。
2. DNA抽出：回収された体毛はシリカゲルで乾燥させ、常温で保存した。体毛の毛根部分を、実体顕微鏡を用いながら0.5cm～1cm程度切り取り、DNAを抽出した。毛根がない場合には毛根に近い部分を切り取って抽出を行った。
3. 個体識別：抽出したDNAを8座のマイクロサテライト(SSR)領域(G10B, G10C, UamB5, UamD2, UarMU05, UarMU23, UarMU50, UarMU61)を増幅し、得られた断片長をもとに個体の識別を行った。
4. 過年度識別個体との比較：2018年度と2020年度に多摩地域において行われたヘアトラップにより得られた計265の体毛サンプルからDNAを抽出し、同様に8座のSSRマーカーにより遺伝子型を決定してクマ剥ぎ被害木等において識別された個体と比較した。

【成果の概要】

1. クマ剥ぎ被害木と道標から計11サンプルを採取し、そのうち5サンプルについて遺伝子型が決定でき、それぞれ別個体と識別された(表1, 図2)。したがって、5月～8月にかけてクマ剥ぎ跡等に残された体毛からの遺伝子解析が可能であることが示された。
2. 過年度識別個体においては、2018年度ヘアトラップサンプルからは21個体、2020年度ヘアトラップサンプルについては60個体が識別されたが、クマ剥ぎを起こした個体と同一の個体は見つからなかった。

【残された課題・成果の活用・留意点】

今後マーカーを増やし、識別された個体が親子関係にないか解析する。



図1 クマ剥ぎの様子

表1 識別された個体の遺伝子型

サンプルID	サンプル採取日	各SSR遺伝子座の断片長 (bp)															
		G10B	G10C	UamB5	UamD2	UarMU05	UarMU23	UarMU50	UarMU61								
2021_wa3	2021/6/18	166	170	112	119	174	174	223	223	194	203	133	137	228	234	220	220
2021_wa6	2021/6/10	155	170	112	127	174	174	219	223	203	203	129	131	236	236	220	233
2021_wa8	2021/6/25	155	170	119	119	170	174	219	227	196	203	135	137	232	234	233	233
2021_wa9	2021/7/6	170	170	112	119	158	158	219	223	196	203	135	139	224	234	220	221
2021_wa10	2021/8/5	155	170	123	127	174	174	219	227	203	203	129	131	234	236	220	233

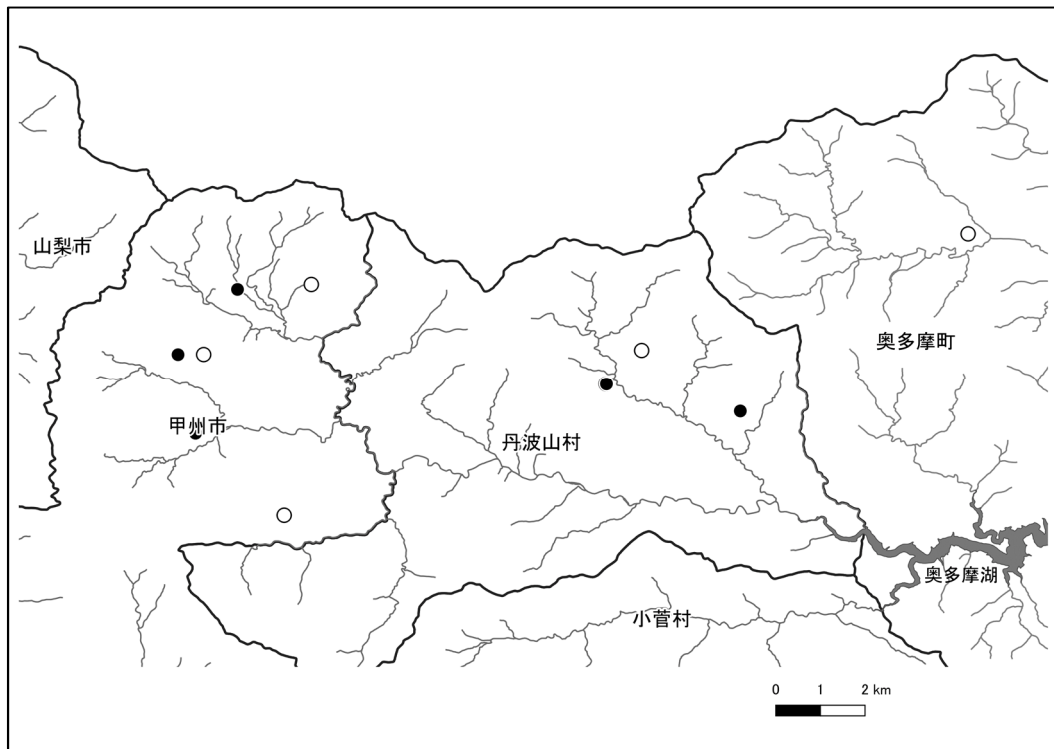


図2 識別個体の体毛の採取位置
 ※丸はクマ個体の体毛採取地点を示し、黒が個体識別できた地点、白が個体識別できなかった地点を示す