口頭発表

A会場　宮崎観光ホテル「日向」　第１部　11:00 ～ 12:00

11:00　A1-1　**タイに生息するインドヒオドシコウモリ*Kerivoula picta*の生態と社会について**

○船越公威[1]・山本輝正[2]・水野昌彦[3]・大沢夕志[3]・大沢啓子[3]・福井 大[4]・吉倉智子[5]・峰下 耕[6]・松村澄子[7]・三笠暁子[3] ([1]鹿児島国際大・国際文化・ 生物学研究室, [2]岐阜県立土岐紅陵高等学校, [3]コウモリの会, [4]National Institute of Biological Resources, Korea・[5]筑波大・院・生命環境科学, [6]自然動物研究所・[7]山口大・理工学）

11:15　A1-2　**中国産*Mogera insularis*の分類**

○本川雅治[1]・李 玉春[2]・原田正史[3]・呉 毅[4]・林 良恭[5]（[1]京都大・総合博, [2]山東大威海分校・海洋, [3]大阪市大・医, [4]広州大・生命科学, [5]東海大・生命科学）

11:30　A1-3　**ミャンマー北部で捕獲されたアッサムモグラ*Parascaptor leucura*について**

○川田伸一郎（国立科学博物館動物研究部）

11:45　A1-4　**飼育下カワネズミ*Chimarrogale platycephalus*の出産育仔と妊娠の成功例**

○菊地文一[1]・森部絢嗣[2]（[1]多摩動物公園飼育展示課, [2]朝日大・歯・口腔解剖）

A会場　宮崎観光ホテル「日向」　第２部　13:00 ～ 15:00

13:00　A2-1　**FISH 法を用いたアカネズミ(*Apodemus speciosus*)のロバートソン型転座染色体の同定と構造解析**

○山岸 学[1]・松原和純[2]・松田洋一[3]・酒泉 満[1]（[1]新潟大学・院・自然科学, [2]名市大・院・システム自然科学, [3]名古屋大学・院・生命農学）

13:15　A2-2　***Apodemus draco*, *A. peninsulae*と*A. latronum*の地理的（水平と垂直）分布**

○金子之史（香川大名誉教授：香川県坂出市在住）

13:30　A2-3　**九州における二ホンハタネズミ（*Microtus montebelli*）の個体群構造**

○松浦宜弘[1]・本川雅治[2]・疋田 努[1]（[1]京都大学・院・理学, [2]京都大学総合博物館）

13:45　A2-4　**沖縄島北部地域で捕獲された全身黒色型クマネズミの系統学的背景**

○鈴木 仁[1]・乃美大佑[1]・神戸嘉一[1,2]・安田俊平[3]・中田勝士[4]（[1]北大院環境科学・[2]イカリ消毒・[3]北大院医学病原微生物・[4]環境省やんばる野生生物保護セ）

14:00　A2-5　**台湾馬祖列島のヒガシシナアジサシ*Thalasseus bernsteini*保護地におけるコキバラネズミ*Rattus losea*の分布と食性**

○矢部辰男[1]・余 維道[2]・高 婉瑄[2]（[1]熱帯野鼠対策委員会・[2]中華鳥会）

14:15　A2-6　**沖縄島北部におけるオキナワトゲネズミ*Tokudaia muenninki*の2009年調査以降に確認された新たな生息地**

○山田文雄[1]・中田勝士[2]・村田知慧[3]・木戸文香[3]・黒岩麻里[3]・城ヶ原貴通[4]・越本知大[5]・三谷 匡[6]・阿部愼太郎[2]・河内紀浩[7]・小高信彦[1]・高嶋敦史[8]（[1]森林総研, [2]環境省那覇, [3]北大, [4]岡山理科大, [5]宮崎大, [6]近畿大, [7]島嶼生物研, [8]琉大）

14:30　A2-7　**絶滅のおそれのある九州のヤマネ　ー分布と生態の特徴ー**

○安田雅俊[1]・坂田拓司[2]（[1]森林総研九州・[2]熊本市立千原台高校）

14:45　A2-8　**ヤマネの冬眠に関係する環境要因**

○大野愛子[1]・安田雅俊[2]・井上昭夫[1]（[1]熊本県立大・環境共生学, [2]森林総研・九州支所）

B会場　宮崎観光ホテル「紅」　第１部　11:00 ～ 12:00

11:00　B1-1　**低密度状況下におけるアライグマの探索・捕獲技術開発**

○池田 透[1]・中井真理子[1]・島田健一郎[1]・山下國廣[2]・福江佑子[3]・小谷栄二[4]・川崎綾子[4]

（[1]北大文学研究科, [2]軽井沢ﾄﾞｯｸﾞﾋﾞﾍｲﾋﾞｱ, [3]あーすわーむ, [4]ﾌｧｰﾑｴｲｼﾞ）

11:15　B1-2　**北海道野生生物観測ネットワーク ― 観測から何がわかるのか**

○平川浩文（森林総合研究所・北海道支所）

11:30　B1-3　**スマートセンサーを用いた新型捕獲技術の開発**

○阿部 豪[1,2]・坂田宏志[1,2]・室山泰之[1,2]・田口 彰[2]・和倉慎治[3]・長瀬一彦[3]・臼井義美[4]・

那須義弘[4]（[1]兵庫県立大・自然・環境科学研究所, [2]兵庫県森林動物研究センター,

[3]（株）アサヒ電子研究所, [4]NPO情報セキュリティ研究所）

11:45　B1-4　**野生動物の画像情報収集システム・バイオロギングの開発**

○森光由樹[1,2]・阿部 豪[1,2]・中村幸子[1,2]・横山真弓[1,2]・室山泰之[1,2]

（[1]兵庫県立大学, [2]兵庫県森林動物研究センター）

B会場　宮崎観光ホテル「紅」　第２部　13:00 ～ 15:00

13:00　B2-1　**中大型哺乳類による牧場利用実態**

○塚田英晴[1]・石川圭介[1]・竹内正彦[2]・福江佑子[3]・南 正人[4]・深澤 充[5]・清水矩宏[6]

（[1]畜草研, [2]中央農研, [3]NPO法人あーすわーむ, [4]麻布大, [5]東北農研, [6]神津牧場）

13:15　B2-2　**安定同位体分析に基づく御崎馬の生態学的研究**

○覚張隆史・米田 穣（東京大学大学院・新領域）

13:30　B2-3　**東シベリアにおける野生トナカイの季節移動：気候変動の影響と保全上の課題**

○立澤史郎[1,2]・I. M. Okhlopkov [3]・E. V. Kirillin [3]・E. A. Nikolaev [3]・

N. G. Solomonov [3]（[1]北大・文・地域, [2]総合地球環境学研究所,

[3]ロシア科学アカデミー寒冷地生物問題研究所）

13:45　B2-4　**霧島山地におけるニホンジカの生息地利用**

○矢部恒晶[1]・柳田蓉子[2]（[1]森林総研・九州, [2]環境省えびの自然保護官事務所）

14:00　B2-5　**林床の目立たない餌、落葉を利用するニホンジカ**

○高橋裕史[1]・梶 光一[2]（[1]森林総研関西, [2]東京農工大）

14:15　B2-6　**シカによる下層植生衰退防止に向けた必要捕獲数の算出**

○岸本康誉[1,2]・藤木大介[1,2]・坂田宏志[1,2]

（[1]兵庫県立大学自然・環境科学研究所, [2]兵庫県森林動物研究センター）

14:30　B2-7　**誘引狙撃によるシカ捕獲手法の検証**

○八代田千鶴[1]・小泉 透[2]・榎木 勉[3]（[1]森林総研九州, [2]森林総研, [3]九州大学）

14:45　B2-8　**エゾシカ増加の初期段階における森林への影響**

○明石信廣[1]・雲野 明[1]・寺澤和彦[1]・宇野裕之[2]（[1]道総研林試, [2]道総研環境研）

B会場　宮崎観光ホテル「紅」　第３部　15:15 ～ 17:00

15:15　B3-1　**北海道東部の湿原におけるエゾシカの生息環境評価と密度水準の予測**

○稲富佳洋（道総研環境科学研究センター）

15:30　B3-2　**コストパス解析を用いた札幌市街地へのエゾシカ侵入経路の推測手法の検討**

○立木靖之・赤松里香（特定非営利活動法人EnVision環境保全事務所）

15:45　B3-3　**オスのヒグマによる分布周縁部への非適応的分散**

○佐藤喜和[1]・伊藤哲治[2]・森 洋輔[2]・佐藤友香[3]・間野 勉[4]

（[1]日大生物資源, [2]日大院生物資源, [3]北大獣医, [4]北海道総研）

16:00　B3-4　**九州のクマ情報を整理する～噂話から科学的情報へ～**

○栗原智昭（MUZINA Press）

16:15　B3-5　**ヘア・トラップ法を用いた岩手県北奥羽地域個体群に生息する ツキノワグマの生息数推定**

○山内貴義[1]・鞍懸重和[1]・深澤圭太[2]・米田政明[3]

（[1]岩手県環境保健研究センター, [2]国立環境研, [3]自然環境研究センター）

16:30　B3-6　**ツキノワグマの採食品目の栄養学的特徴**

○杉浦里奈[1]・加藤 真[1]・古賀桃子[2]・日紫喜文[2]・内山幸紀[1]・鈴木敏章[2]・加藤春喜[3]・日野輝明[2]・新妻靖章[2]（[1]名城大・院・農, [2]名城大・農, [3]NPO法人白川郷自然共生フォーラム）

16:45　B3-7　**堅果類凶作年に捕獲されたツキノワグマの栄養状態と繁殖状況**

○中村幸子[1,2]・横山真弓[1,2]・斉田栄里奈[2]・森光由樹[1,2]

（[1]兵庫県立大学, [2]兵庫県森林動物研究センター）

C会場　宮崎観光ホテル「初雁」　第１部　11:00 ～ 12:00

11:00　C1-1　**半月板の形態と走行**

○後藤 慈[1]・和田直己[2]・川田 睦[3]・板本和仁[2]・宇根 智[3]

（[1]山口大・院・連合獣医学研究科, [2]山口大・農学部, [3]ネオベッツVRセンター）

11:15　C1-2　**哺乳類椎骨の比較機能形態学的解析**

○犬塚則久（東京大・医）

11:30　C1-3　**進化要因の解析―歯の組織形成と体制の原則―**

○小澤幸重（歯と骨の訪問研究室）

11:45　C1-4　**下顎骨形態の変異からみた富山県産イノシシにおける遺伝子流動**

○古橋芳輝[1,2]・安田 暁[1]・宮部慎吾[1]・山崎裕治[1]・横畑泰志[1]

（[1]富山大院･理工 , [2]現, 名古屋市在住）

C会場　宮崎観光ホテル「初雁」　第２部　13:00 ～ 15:00

13:00　C2-1　**根絶間近な和歌山タイワンザル交雑個体群のモニタリング手法の試行（GPSテレメと自動撮影カメラの併用）**

○白井 啓[1,2]・高野彩子[1,3]・清野紘典[1,2]・萩原 光[1,4]・岡野美佐夫[1,2]・鳥居春己[1,3]

（[1]和歌山タイワンザルワーキンググループ, [2]野生動物保護管理事務所,

[3]奈良教育大学自然環境教育センター, [4]房総自然博物館）

13:15　C2-2　**タイ王国・ロッブリー市における人間とカニクイザルとの軋轢**

○吉田 洋・北原正彦（山梨県環境科学研究所・動物生態）

13:30　C2-3　**ニホンザルの生息適地評価と野生生物保護管理**

○土居理雅[1]・サンガ・ンゴイ・カザディ[2]

（[1]三重大・院・生物資源学部, [2]立命館アジア太平洋大学）

13:45　C2-4　**ニホンザル雌における体重・体長・出産率の年齢変化様式の個体群間比較ー高崎山と幸島ー**

○栗田博之[1]・鈴村崇文[2]・冠地富士男[2]

（[1]大分市教育委員会, [2]京都大学野生動物研究センター）

14:00　C2-5　**野生ニホンザルメスにおける発情の同調と交尾戦略**

○藤田志歩[1]・杉浦秀樹[2]・清水慶子[3]

（[1]鹿児島大学農学部, [2]京都大学野生動物研究センター, [3]岡山理科大学理学部）

14:15　C2-6　**霊長類の反芻行動の発見：テングザルの事例**

○松田一希[1]・村井勅裕[1]・Marcus Clauss[2]・山田朋美[3]・Tuuga Augustine[4]・Bernard Henry[5]・東 正剛[6]（[1]京都大学霊長類研究所, [2]University of Zurich , [3]株式会社ジーンデザイン, [4]Sabah Wildlife Department, [5]University Malaysia Sabah, [6]北海道大学大学院）

14:30　C2-7　**インドネシア、リンジャニ山高地に棲むカニクイザルの温泉浴行動**

○渡邊邦夫[1]・ハディ イスラムル[2]・田中俊明[3]・木場礼子[1]・香田啓貴[1]
（[1]京都大霊長類研究所, [2]マタラム大理学部, [3]梅光学院大子ども学部）

14:45　C2-8　**キタオットセイ胃内容物データに基づく餌生物相の長期変動傾向の復元**

○清田雅史・米崎史郎（水産総合研究センター遠洋水産研究所）

C会場　宮崎観光ホテル「初雁」　第３部　15:15 ～ 17:00

15:15　C3-1　**北海道厚岸地域におけるゼニガタアザラシの採餌と上陸の関係**

○羽根田貴行[1]・田村善太郎[1]・小林万里[1,2]
（[1]東農大・生物産業, [2]NPO北の海の動物センター）

15:30　C3-2　**採餌行動の多様性から考えるゴマフアザラシの生息環境**

○小林万里[1, 2]・加藤美緒[1]・木内政寛[1]・羽根田貴行[1]・増渕隆仁[1]・片貝耕輔[1]
（[1]東農大・生物産業, [2]NPO北の海の動物センター）

15:45　C3-3　**北太平洋産ミンククジラにおける骨盤および後肢痕跡の形態とその変異**

○宮川尚子[1]・加藤秀弘[1]・伊藤春香[2]・安永玄太[3]・坂東武治[3]・木白俊哉[4]
（[1]東京海洋大学, [2]中央水産研究所, [3]日本鯨類研究所, [4]遠洋水産研究所）

16:00　C3-4　**北西太平洋の大型鯨類におけるブルセラ菌の血清疫学調査**

○阿部瑛理香[1,2]・大石和恵[2]・坂東武治[3]・藤瀬良弘[3]・丸山正[1,2]
（[1]東京海洋大学大学院, [2]独立行政法人海洋研究開発機構, [3]財団法人日本鯨類研究所）

16:15　C3-5　**抗シロイルカ白血球モノクローナル抗体の作製と血液細胞の分類**

○齋藤千明[1, 2]・大石和恵[1]・中村欽光[1]・本郷悠貴[1, 2]・柿添裕香[3]・中澤正年[4], 丸山 正[1,2]([1](独)海洋研究開発機構, [2]東京海洋大学大学院, [3]名古屋港水族館, [4]横浜市立大学・医学部)

16:30　C3-6　**ダニ媒介性感染症のリスク評価への小型哺乳類の生態学的研究からのアプローチ**

○中本 敦[1,2]・木田浩司[1]・森光亮太[2]・小林秀司[2]・岸本壽男[1]
（[1]岡山県環境保健センター, [2]岡理大・理）

16:45　C3-7　**キタキツネと狂犬病　ー北海道における森林型流行の可能性ー**

○浦口宏二（北海道立衛生研究所）

D会場　宮崎観光ホテル「大虹」　第１部　11:00 ～ 12:00

11:00　D1-1　**糞中DNAを用いたキタキツネ（*Vulpes vulpes schrencki*）の食性解析**

○多田智記[1]・松井遥沙[2]・近藤 慧[3]・和田健太[2]・白木彩子[2]・横濵道成[1,2]・吉川欣亮[1,4]
（[1]東農大院・生産, [2]東農大・生産, [3]知床財団, [4]都医学研・哺乳類遺伝）

11:15　D1-2　**韓国におけるユーラシアカワウソ *Lutra lutra* のポテンシャル・ハビタット・マップ作成**

○金 炫稹[1]・増澤 直[2]・伊勢 紀[2]・安藤元一[1]・小川 博[1]（[1]東農大, [2]株式会社地域環境計画）

11:30　D1-3　**鹿児島市に生息するフイリマングースの水晶体重量に基づく年齢構成と繁殖サイクルについて**

○新井あいか・船越公威（鹿児島国際大・国際文化研究科）

11:45　D1-4　**イタチ科2種における体毛の微細構造の違いによる種判別の試み**

○永里歩美・船越公威（鹿児島国際大・国際文化研究科）

D会場　宮崎観光ホテル「大虹」　第２部　13:00 ～ 15:00

13:00　D2-1　**スミソニアン自然史博物館に収蔵されている明治期の日本産哺乳類標本～P. L. Jouy コレクションについて～**

○河合久仁子[1,2]・Kristofer M. Helgen[2]
（[1]北海道大学北方生物圏フィールド科学センター・
[2]スミソニアン国立自然史博物館哺乳類部門）

13:15　D2-2　**Gastrointestinal passage time of seeds ingested by captive Japanese martens *Martes melampus***

○Yamato Tsuji[1]・Sayako Miura[2]・Toshiaki Shiraishi[2]
（[1]Primate Research Institute, Kyoto University,
[2]Toyama Municipal Family Park Zoo ）

13:30　D2-3　**The difference of pelvic shape between terrestrial and semiaquatic carnivores**

○Keiko Fukuoka[1], Masaharu Motokawa[2]
（[1]Grad. sch. of Sci. Kyoto Univ, [2]The Kyoto University Museum）

13:45　D2-4　**Sexual dimorphism of skull allometry in the Japanese weasel *Mustela itatsi***

○Satoshi Suzuki[1], Masaharu Motokawa[2]（[1]Dept. Zool., Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.,
[2]Kyoto University Museum, Kyoto Univ.）

14:00 D2-5 **Testing heterochrony for dietary adaptations in skull morphology of canids**

○Masakazu Asahara[1]・Masaharu Motokawa[2]（[1]Graduate School of Sciences, Kyoto University, [2]Kyoto University Museum, Kyoto University）

14:15 D2-6 **Allometry of masticatory muscles of the order Carnivora**

○Kaoru Furuuchi[1]・Hideki Endo[2]（[1]Department of Earth and Planetary Science, The University of Tokyo, [2]The University Museum, The University of Tokyo）

14:30 D2-7 **Morphological diversity and functional significance of the ossicles among lipotyphlans**

○Misato Hosojima[1]・Daisuke Koyabu[2]・Hideki Endo[1]（[1]The University Museum, The University of Tokyo , [2]The Kyoto University Museum）

14:45 D2-8 **Heterochrony of cranial ossification sequence in Boreoeutherian mammals**

○Daisuke Koyabu[1]・Marcelo R. Sánchez-Villagra[2]・Hideki Endo[3]（[1]The Kyoto University Museum, [2]Paleontological Institute and Museum, University of Zürich, [3]The University Museum, The University of Tokyo）

D会場　宮崎観光ホテル「大虹」　第３部　15:15 ～ 17:00

15:15 D3-1 **Elbow extensor, flexor, and adductor moment arms as an indicator of forelimb posture and scansorial ability in quadrupedal tetrapods**

○Shin-ichi Fujiwara[1,2]・John R. Hutchinson[2]（[1]The University Museum, The University of Tokyo, [2]Royal Veterinary College）

15:30 D3-2 **Macroscopic observation of male and female reproductive organ in Korean water deer (*Hydropotes inermis*)**

○JoonHyuk Sohn[1] ・ YungKun Kim[1] ・ Sang-In Kim[1] ・ Peter Wooding[2] ・ Junpei Kimura[1]（[1]College of Veterinary Medicine, Seoul National University, Seoul, Korea,[2]College of Physiology, Development and Neuroscience, University of Cambridge, UK）

15:45 D3-3 **Geographic variation in cranial shape of the greater Japanese shrew-mole (*Urotrichus talpoides*) reflects chromosomal variation patterns**

○Laura A. B. Wilson[1]・Masaharu Motokawa[1]・Masashi Harada[2]・Norman MacLeod[3]・Eugenie Barrow[4]・Marcelo R. Sánchez-Villagra[5]（[1]The Kyoto University Museum, [2]Osaka City University Medical School, [3]Natural History Museum, [4]University of Oxford, [5]University of Zürich）

16:00 D3-4

CRANIOMETRIC VARIATION AMONG THE RACCOON DOG POPULATIONS IN EURASIA

◯Sang-In Kim[1,2]・Kaarina Kauhala[4]・ Hang Lee[2,3]・ Mi-Sook Min[2,3]・Junpei Kimura[1] ([1]Lab. of Vet. Anatomy, [2]Conservation Genome Resource Bank for Korean Wildlife, Research Inst. for Vet. Sci., [3]Coll. of Vet. Med. Seoul Nat'l Univ., Korea, [4]Finnish Game and Fisheries Research Inst., Finland)

16:15 D3-5

The origin of the sable in Hokkaido inferred from mitochondrial NADH dehydrogenase subunit 2 gene sequences

◯Jun J. Sato[1]・Tetsuji Hosoda[2]・Alexey P. Kryukov[3]・Irina V. Kartavtseva[3]・Hitoshi Suzuki[4] ([1]Dept. Biotech., Fukuyama Univ., [2]Taikyu High School, [3]Inst. Biol. Soil Sci.,FEB, Russ. Acad. Sci., [4]Grad. Sch. Env. Earth Sci., Hokkaido Univ.)

16:30 D3-6

Organization analysis of the mitochondrial DNA control region in the genus *Naemorhedus* and *Capricornis* in the tribe Caprini (Bovidae)

◯Junghwa An[1,3]・Hideo Okumura[2]・Yun-Sun Lee[1]・Kyung Seok Kim[1]・Mi-Sook Min[1]・Hang Lee[1] ([1]CGRB, Research Institute for Veterinary Science, College of Veterinary Medicine, Seoul National University, [2]FFPRI, [3]NEI, Ministry of Environment, South Korea)

16:45 D3-7

Population genetic structure and evolutionary history of Eurasian red squirrels, *Sciurus vulgaris*, from East Asia

◯Lee, Mu-Yeong[1]・Lee, Seo-Jin[1]・Inna Voloshina[2]・ Bayarlkhagva, Damdingiin[3]・Min, Mi-Sook[1]・Lee, Hang[1] ([1]Conservation Genome Resource Bank for Korean Wildlife,College of Veterinary Medicine, Seoul National University, [2]Lazovsky State Nature Reserve, [3]Department of Molecular Biology, National University of Mongolia)

口頭発表

	A会場：日向	B会場：紅
第１部		
11:00	A1-1　タイに生息するインドヒオドシコウモリ*Kerivoula picta*の生態と社会について	B1-1　低密度状況下におけるアライグマの探索・捕獲技術開発
11:15	A1-2　中国産*Mogera insularis*の分類	B1-2　北海道野生生物観測ネットワーク ― 観測から何がわかるのか
11:30	A1-3　ミャンマー北部で捕獲されたアッサムモグラ*Parascaptor leucura*について	B1-3　スマートセンサーを用いた新型捕獲技術の開発
11:45	A1-4　飼育下カワネズミ*Chimarrogale platycephalus*の出産育仔と妊娠の成功例	B1-4　野生動物の画像情報収集システム・バイオロギングの開発
第２部		
13:00	A2-1　FISH 法を用いたアカネズミ(*Apodemus speciosus*)のロバートソン型転座染色体の同定と構造解析	B2-1　中大型哺乳類による牧場利用実態
13:15	A2-2　*Apodemus draco*, *A. peninsulae*と*A. latronum*の地理的（水平と垂直）分布	B2-2　安定同位体分析に基づく御崎馬の生態学的研究
13:30	A2-3　九州における二ホンハタネズミ（*Microtus montebelli*）の個体群構造	B2-3　東シベリアにおける野生トナカイの季節移動：気候変動の影響と保全上の課題
13:45	A2-4　沖縄島北部地域で捕獲された全身黒色型クマネズミの系統学的背景	B2-4　霧島山地におけるニホンジカの生息地利用
14:00	A2-5　台湾馬祖列島のヒガシシナアジサシ*Thalasseus bernsteini*保護地におけるコキバラネズミ*Rattus losea*の分布と食性	B2-5　林床の目立たない餌：落葉を利用するニホンジカ
14:15	A2-6　沖縄島北部におけるオキナワトゲネズミ*Tokudaia muenninki*の2009年調査以降に確認された新たな生息地	B2-6　シカによる下層植生衰退防止に向けた必要捕獲数の算出
14:30	A2-7　絶滅のおそれのある九州のヤマネ　―分布と生態の特徴―	B2-7　誘引狙撃によるシカ捕獲手法の検証
14:45	A2-8　ヤマネの冬眠に関係する環境要因	B2-8　エゾシカ増加の初期段階における森林への影響
第３部		
15:15		B3-1　北海道東部の湿原におけるエゾシカの生息環境評価と密度水準の予測
15:30		B3-2　コストパス解析を用いた札幌市街地へのエゾシカ侵入経路の推測手法の検討
15:45		B3-3　オスのヒグマによる分布周縁部への非適応的分散
16:00		B3-4　九州のクマ情報を整理する ～噂話から科学的情報へ～
16:15		B3-5　ヘア・トラップ法を用いた岩手県北奥羽地域個体群に生息するツキノワグマの生息数推定
16:30		B3-6　ツキノワグマの採食品目の栄養学的特徴
16:45		B3-7　堅果類凶作年に捕獲されたツキノワグマの栄養状態と繁殖状況

C会場：初雁	D会場：大虹	
		第1部
C1-1 半月板の形態と走行	D1-1 糞中DNAを用いたキタキツネ（*Vulpes vulpes schrenki*）の食性解析	11:00
C1-2 哺乳類骨骼の比較解剖学的解析	D1-2 韓国におけるユーラシアカワウソ *Lutra lutra* のポテンシャル・ハビタット・マップ作成	11:15
C1-3 造礁サンゴの解析―骨の微細形成と骨格の調節―	D1-3 鹿児島市に生息するフイリマングースの水晶体重量に基づく年齢構成と繁殖サイクルについて	11:30
C1-4 下顎骨形態の変異からみた遺伝的イノシシにおける遺伝子流動	D1-4 イタチ科2種における体色の個体間変異の違いによる種判別の試み	11:45
		第2部
C2-1 [illegible]山タイワンザル交尾器体重のモニタリング手法の試行（GPSテレメと自動撮影カメラの併用）	D2-1 スタリニアン自然史博物館に収蔵されている明治期の日本産哺乳類標本―P.L. Jouyコレクションについて―	13:00
C2-2 タイ王国・ロッブリー市における人間とカニクイザルとの軋轢	D2-2 Gastrointestinal passage time of seeds ingested by captive Japanese martens *Martes melampus*	13:15
C2-3 ニホンザルの生息地利用と野生生物保護管理	D2-3 The difference of pelvic shape between terrestrial and semiaquatic carnivores	13:30
C2-4 ニホンザル雄における体重・体長・出歯率の年齢変化様式の個体群間比較―高崎山と幸島―	D2-4 Sexual dimorphism of skull allometry in the Japanese weasel *Mustela itatsi*	13:45
C2-5 野生ニホンザルメスにおける発情の抑制と交尾戦略	D2-5 Testing heterochrony for dietary adaptations in skull morphology of canids	14:00
C2-6 [illegible]の反芻行動の発見：テングザルの事例	D2-6 Allometry of masticatory muscles of the order Carnivora	14:15
C2-7 インドネシア、リンジャニ山周辺に棲むカニクイザルの温泉浴行動	D2-7 Morphological diversity and functional significance of the cecicles among lipotyphlans	14:30
C2-8 キタオットセイ胃内容物データに基づく海生哺乳類の長期変動傾向の復元	D2-8 Heterochrony of cranial ossification sequence in Boreoeutherian mammals	14:45
		第3部
C3-1 [illegible]地域におけるゼニガタアザラシの採餌と上肢の関係	D3-1 Elbow extensor, flexor, and adductor moment arms as an indicator of forelimb posture and scansorial ability in quadrupedal tetrapods	15:15
C3-2 採餌行動の多様性から考えるゴマフアザラシの生息環境	D3-2 Macroscopic observation of male and female reproductive organ in Korean water deer (*Hydropotes inermis*)	15:30
C3-3 北太平洋産タンククジラにおける骨盤および[illegible]の形態とその変異	D3-3 Geographic variation in cranial shape of the greater Japanese shrew-mole (*Urotrichor talpoides*) reflects chronosomal variation patterns	15:45
C3-4 北西太平洋の大型海洋[illegible]におけるブルセラ菌の血清疫学調査	D3-4 CRANIOMETRIC VARIATION AMONG THE RACCOON DOG POPULATIONS IN EURASIA	16:00
C3-5 抗シロイルカ白血球モノクローナル抗体の作製と血液細胞の分類	D3-5 The origin of the sable in Hokkaido inferred from mitochondrial NADH dehydrogenase subunit 2 gene sequences	16:15
C3-6 ダニ媒介性感染症のリスク評価への小型哺乳類の生態学的研究からのアプローチ	D3-6 Organization analysis of the mitochondrial DNA control region in the genus *Naemorhedus* and *Capricornis* in the tribe Caprini (Bovidae)	16:30
C3-7 キタキツネと紅大病 ―北海道における森林開発行の可能性―	D3-7 Population genetic structure and evolutionary history of Eurasian red squirrels, *Sciurus vulgaris*, from East Asia	16:45

A1-1 タイに生息するインドヒオドシコウモリ *Kerivoula picta* の生態と社会について

○船越公威[1]・山本輝正[2]・水野昌彦[3]・大沢夕志[3]・大沢啓子[3]・福井 大[4]・吉倉智子[5]・峰下 耕[6]・松村澄子[7]・三笠暁子[3]
(鹿児島国際大国際文化学部生物学研究室[1]・岐阜県立土岐紅陵高等学校[2]・コウモリの会[3]・National Institute of Biological Resources, Korea[4]・筑波大学大学院生命環境科学研究科[5]・自然動物研究所[6]・山口大学理工学研究科[7])

インドヒオドシコウモリ *Kerivoula picta* は，インド南部から東南アジアにかけて広く分布し，乾燥した森林や雑木林ばかりでなく，人為的撹乱を受けている農村地帯まで生息している（Brosset, 1962; Medway, 1978; Francis, 2008）．また，主に枯葉やバナナの葉の裏をねぐら場所に利用し，単独かペア（雌雄）で見つかっており，一般的な食虫性コウモリ類とは異なる社会構造や生態的特徴を持っていると考えられる．そこで，タイ北東部の Khon Kaen の農村地域で 2004～2010 年に年 1 回（2009 年のみ 2 回)、生態調査を行った．捕獲した個体は，性・年齢のチェックと外部計測を行い，標識用バンドを装着して放獣した．また，2008 年 9 月，2009 年 2 月と 12 月に発信器を装着して，夜間の行動とねぐら場所の利用を追跡した．その結果，調査度に単独または雌雄のペアが観察されたが，11 月下旬から 2 月の乾季には親子のコロニー（3 個体：雌雄と子）が見られなかった．ペアは一定期間維持されるようであるが，翌年には多くのペアが解消して新たなペアが形成された．夜間における個体別の最大移動距離は 200~700m（n=8）であった．また，ねぐら場所は頻繁に替え，数日間におけるねぐらの最大移動距離は 140~330m（n=6）であった．バナナの葉ばかりでなく，サトウキビの群葉内もねぐら場所として利用していた．

A1-2 中国産 *Mogera insularis* の分類

○本川雅治[1]・李玉春[2]・原田正史[3]・呉毅[4]・林良恭[5]
(京都大・総合博[1]・山東大威海分校・海洋[2]・大阪市大・医[3]・広州大・生命科学[4]・東海大・生命科学[2])

中国南部には *Mogera insularis* が台湾，福建，広東，広西，貴州，海南に分布するとされる．しかし，その種分類については問題がある．台湾をタイプ産地とする *M. insularis* から，中国の大陸産を *latouchei*, 海南島産を *hainana* として，別種や別亜種を認める見解も見られる．一方で，十分な分類学的検討はこれまでに行われていない．本研究では，すでに報告されている台湾産核型に加えて，海南島，広東省からの核型を新たに調査した．また，標本が限られていることから，形態比較が不十分であった *latouchei* と *hainana* について，野外調査により収集された標本，および広東省昆虫研究所，大英自然史博物館，アレキサンダーケニッヒ動物学博物館，アメリカ自然史博物館に収蔵されている標本 35 点を調査した．調査結果を総合すると，大陸産 *latouchei* は，海南島産 *hainana*, 台湾産 *insularis* いずれからも顕著な違いが認められた．一方で，海南島産 *hainana* と台湾産 *insularis* はサイズなどで類似点が見られた．したがって，大陸産 *latouchei* は独立種である可能性が高く，タイプ産地である福建省産標本の核型を今後調査する必要がある．一方で，海南島産 *hainana* の分類地位については，台湾産 *insularis* とのより詳細な比較が必要である．また，今後の遺伝子解析も有効な情報になるであろう．

A1-3 ミャンマー北部で捕獲されたアッサムモグラ *Parascaptor leucura* について

○川田伸一郎
（国立科学博物館動物研究部）

アッサムモグラはインドのアッサム地方からミャンマー北部を経て中国の雲南省西部に分布するモグラである。本種は独特の歯式（I3/3, C1/1, P3/4, M3/3=42）を持つことから、独立属 *Parascaptor* に分類されている。少数の博物館標本を用いた本種の研究は、形態学的分析（特に独特な耳小骨の形態）などがあるが、実際に捕獲して観察したという報告がほとんどない、謎のモグラである。演者はミャンマー北部で本種を捕獲する機会を得たので、その調査の様子と核型を含む形態学的特徴について述べる。

調査は 2010 年 12 月 6 日から 7 日にかけてカチン州プタオと、12 月 8 日から 9 日にかけてマンダレー管区ピンウールィンで行われ、各 1 個体の本種を捕獲した。プタオでの捕獲地点は標高約 450mの畑地で、同じ場所で半地中性のモグラジネズミ *Anourosorex squamipes* と地上性のジャコウネズミ *Suncus murinus* も捕獲した。ピンウールィンでの捕獲地点は標高 1100mのホテル内緑地である。一般に東南アジア産のモグラ類は標高が高い場所での記録が多く、本種も標高 2000m 以上の場所での分布が確認されている。ミャンマーでは比較的低地から高地まで広く分布する種のようである。

アッサムモグラは小型のモグラで、尾は比較的長い。吻の上面にある裸出部は縦に凹みがあり、この特徴は日本のミズラモグラ *Euroscaptor mizura* にも観察されるものである。陰茎は基部に多数の棘状突起がある点はアジアのモグラに共通するが、全体が丸く先端部がくびれている点が独特である。頭骨全長は 29.5 から 30.0mmで、アジア産モグラの中ではミズラモグラに次いで小型である。頭骨の全体的な形状はミズラモグラに似ている。一方で骨盤背面には 1 つの孔があり、他の *Euroscaptor* 属の種に類似している。染色体数は 2n=34 で、一対の大型メタセントリック染色体をもつために、一見ヒミズ類に類似する。

以上の特徴は本種がモグラ類の中できわめて独特であることを示している。

A1-4 飼育下カワネズミ *Chimarrogale platycephalus* の出産育仔と妊娠の成功例

○菊地文一[1]・森部絢嗣[2]
（多摩動物公園飼育展示課[1]・朝日大 歯 口腔解剖[2]）

多摩動物公園では，食虫類の飼育展示にも力を入れており，その一環としてカワネズミ *Chimarrogale platycephalus* の飼育・展示も試みている．本発表では，①捕獲したカワネズミ雌が飼育下で出産し，その後育仔を行ったケースと②捕獲した雄 1，雌 2 頭をペアリングし，妊娠に成功したケースの報告を行う．

①2009 年 10 月 5 日に愛知県北設楽郡設楽町で捕獲したカワネズミ雌 1 頭を園内「モグラの家」のバックヤードで飼育し，同年 10 月 19 日に背面に体毛が生えた状態の 2 仔を育仔している状態を確認した（推定出産年月日は 10 月 16 日）．飼育ケースはコンテナ（W36cm×D 25cm×H24cm）3 個を連結したもので巣箱エリア，餌場エリア，水浴びエリアに分けた．2 仔のうち，1 仔は出生から 102 日後，事故によって死亡した．2010 年 2 月 17 日からは，カワネズミ雌 2 頭（母仔同居）の一般展示を開始した．展示エリアのケース（W120cm×D44cm×H60cm）内部はアクアテラリウムとし，その上部に巣穴エリア（W30cm×D22cm×H34cm）と餌場エリア（W60cm×D22cm×H34cm），乾燥エリア（W30cm×D22cm×H34cm）を連結し，2 段組みの飼育システムとした．その後，母獣は飼育開始から 231 日後に肺炎によって死亡し，残りの仔も 634 日後に肺炎によって死亡した．

②2010 年 7 月 7 日に東京都奥多摩で雄 1 頭，雌 2 頭を捕獲した．園内の環境に順応させた後，同年 9 月 1 日から同 3 頭で繁殖に向けたペアリングを開始した．その際①で用いた飼育システムの上部に 3 個の巣穴エリア（W20cm×D10cm×H20cm）を増設した．同居翌日には 3 頭が別々の巣穴に入り，棲み分けている状態であった．しかし，7 日後から小競り合いが始まり，12 日後に雌 1 頭の尾から出血が確認された．雌 2 頭中 1 頭は，同年 12 月 15 日に肺炎で死亡した．もう 1 頭の雌は 2011 年 1 月 7 日に事故によって死亡したが剖検の結果，飼育下妊娠に成功しており，正常胎仔 2 仔と子宮内胎仔死亡 1 仔を確認した．

A2-1 FISH 法を用いたアカネズミ(*Apodemus speciosus*)のロバートソン型転座染色体の同定と構造解析

○山岸 学[1]・松原 和純[2]・松田 洋一[3]・酒泉 満[1]
(新潟大学・院・自然科学[1]、名市大・院・システム自然科学[2]、名古屋大学・院・生命農学[3])

ロバートソン型転座は、動原体部位での融合あるいは開裂をもたらす染色体再構成の一つで、ヘテロ接合個体の適応度の低下やヘテロ型染色体動原体付近の組換え抑制を生じることが知られる。したがって、集団内あるいは集団間にロバートソン型転座の多型を持つ種では、融合型ホモと開裂型ホモの間の遺伝的交流の制限を通じて転座染色体上の遺伝子の進化に影響を及ぼし得る。このような遺伝子を明らかにしていくためには、転座染色体の正確な同定と染色体上の遺伝子の把握が不可欠である。アカネズミにおいては、開裂型ホモ、融合型ホモがそれぞれ東日本集団、西日本集団を形成し、ヘテロ型がその境界部に出現する。これまで、転座染色体の同定は G-分染法によるものにとどまり、融合染色体長腕のテロメア側の一部の領域以外の構造は明らかになっていない。そこで、FISH 法を用いて転座染色体を同定し、さらに、その染色体全体の構造を近縁のモデル生物のゲノムとの対応関係から推定することを試みた。そのために、目的の染色体との相同性が見込まれるマウス染色体領域に存在する遺伝子のマウス BAC クローンを用いて、ヘテロの核型を持つアカネズミ個体の中期核板への染色体マッピングを行った。その結果、まず、マウス1番、10 番染色体由来のクローンが、融合染色体の長腕、短腕のマーカーになることが確認された。さらに、これらのクローンのマウス染色体上の近傍にある別のいくつかのクローンのシグナルが転座染色体上から得られた。アカネズミ染色体上でのクローンのシグナルの位置とマウス染色体上の位置との対応と、その領域におけるマウス、ラット間での遺伝子のシンテニー保存性の程度から、融合染色体の長腕の大部分がマウス 1 番染色体のテロメア側約 100Mbp の領域に、そして短腕の大部分がマウス10番染色体のテロメア側約 90Mbp の領域に対応していると推定された。このように、アカネズミのロバートソン型転座染色体とマウス染色体との対応関係が単純であることは、転座染色体上の遺伝子を探索し、その進化過程を明らかにする上で有利な条件となることが見込まれる。

A2-2 *Apodemus draco, A. peninsulae* と *A. latronum* の地理的(水平と垂直)分布

○金子之史
(香川大名誉教授：香川県坂出市在住)

ロシア，モンゴル，朝鮮，中国，台湾，ミャンマー，インド，サハリンおよび北海道産 180 地点 1354 頭の博物館標本を用いて，頭骨測定値により *Apodemus draco (Ad), A. peninsulae (Ap)*と *A. latronum (Al)* の 3 種を同定し(Kaneko, 2010 の方法)，水平（小・大縮尺）・垂直分布図を作成した。 3 種は主に落葉樹林や針葉樹林で捕獲された。採集標高相対頻度分布図(500m 間隔)では *Ap* は 500m のピーク以降 3500m まで徐々に減少，*Ad* は 2000～3000m ピークの 1 凸型(500～4500m)，*Al* は 1500m 以降徐々に増加し 5000m でピークであった。*Al* と *Ap* はミャンマー北部に，*Ad* は河北省にも分布した。中国科学院中国自然地理編集委員会(1979)の 9 分布類型では， *Ap* は北方系哺乳類の北方型，*Al* は北方系哺乳類の高地型，*Ad* は南方系哺乳類の南中国型＋横断山脈型を示した。四川省中心の大縮尺分布図は，*Al* が東では東経 104°沿いの岷江まで，南では東経 101°～104°の金沙江までの分布であった。河北省の *Ad* の分布は最終氷期以降の歴史時代に山西・河南省の山地に森林地帯があったことに由来するであろう。*Ad* の河北省以外の寧夏・青海・西蔵・広西省の既報告は北・西・南限に重要であるが種同定に問題があり，*Ap* の雲南省・西蔵東部の既報告も今後の検討課題である。

A2-3 九州におけるニホンハタネズミ（*Microtus montebelli*）の個体群構造

○松浦 宜弘[1]・本川 雅治[2]・疋田 努[1]
（京都大学大学院 理学研究科[1]・京都大学総合博物館[2]）

ニホンハタネズミは、本州・九州・佐渡島・能登島に分布している小型哺乳類である。生息地は、低地から高山帯にかけての農耕地・若い人工林・草地で、日本の哺乳類の中で唯一の草原性哺乳類である。このハタネズミであるが、東日本に比べ西日本で生息数が少ないことが言われている。九州においても、生息が確認されている場所は少なく、全県でレッドリストの対象種とされている。このように九州全域で生息数が少ないと言われているが、過去の分布変遷や気候変動などの要因によって起こったものなのか、近年における環境破壊によって起こったことなのか、その理由について議論した研究は少ない。そこで、本研究では、九州産ハタネズミの遺伝構造を解析することで、九州における分布の変遷や個体数が少ない理由などを明らかにすることを目的とした。

調査地は、九州全域から 4 地点を設定し、1 地点に付き 9～25 頭、合計 79 頭の採集を行った。これらについて、ミトコンドリア・チトクロム b 領域 1079bp の解析を行った。その結果、ハタネズミの遺伝的多様性は、どの地点においても低いことが示唆された。また、中部山岳地帯を境界に二つのクラスターが構築された。これらの結果と現在進めているマイクロサテライト遺伝子座による集団解析をもとに、九州におけるハタネズミの変遷について、生態的特徴をもとに議論していく。

A2-4 沖縄島北部地域で捕獲された全身黒色型クマネズミの系統学的背景

○鈴木仁[1]・乃美大佑[1]・神戸嘉一[1,2]・安田俊平[3]・中田勝士[4]
（[1]北大院環境科学・[2]イカリ消毒・[3]北大院医学病原微生物・[4]環境省やんばる野生生物保護セ）

野生哺乳類の中には毛色多型を示すものが存在し、その責任遺伝子の探索や多型の進化的意義が注視されるところとなっている。クマネズミ（*Rattus rattus*, *R. tanezumi* を含む系統群）においては、背部茶褐色型（アグーチ型）に加え、全身黒色型も存在することが知られている。当研究室において、黒色化の責任遺伝子が melanocortin 1 receptor gene (*Mc1r*)であり、責任 SNP として 280 番目のサイトの G から A の優性変異であることを明らかにした。*R. tanezumi* と称されるアジア型のクマネズミにおいては、調査した限りすべて 280G であり、*R. rattus* と称されるインド・ヨーロッパ型においてのみ、毛色の茶褐色と黒色に関する G280A の多型が存在することをこれまで報告してきた。

沖縄島北部地域（やんばる）で行われているマングース防除事業で混獲されたクマネズミでは、通常の背部アグーチ型の個体のうち、首回り部分に白斑を持つものが 9%程度含まれていることが明らかとなった。*Mc1r* 配列(954 bp)を調べたところ、すべてアジア型であり、また、*Mc1r* は白班の責任遺伝子ではないことが示唆された。さらにミトコンドリア DNA チトクローム *b* 遺伝子（1140 bp）の解析でもアジア型であることが示された。2010 年に入ってから、これまで観察記録のなかった全身黒色型のクマネズミが 5 個体捕獲された。解析した 4 個体中 2 個体は首回りに白斑を持っていた。この 4 個体を用いて、ミトコンドリア DNA チトクローム *b* 遺伝子および *Mc1r* の塩基配列の解析を行ったところ、どちらの遺伝子においてもアジア型であることが判明し、*Mc1r* においては 280 番目のサイトは G であり、野生色由来の配列との違いは認められなかった。これにより、やんばるで初めて観察された全身黒色型のクマネズミは *Mc1r* 以外の遺伝子に沖縄固有の黒色化変異を持つ可能性が示唆された。

A2-5 台湾馬祖列島のヒガシシナアジサシ *Thalasseus bernsteini* 保護地におけるコキバラネズミ *Rattus losea* の分布と食性

○矢部辰男[1]・余　維道[2]・高　婉瑄[2]
(熱帯野鼠対策委員会[1]・中華鳥会[2])

台湾の馬祖列島には 8 つの無人島(0.7 – 3.1 ha)から成るヒガシシナアジサシ(*Thalasseus bernsteini*)の保護地がある．この保護地に生息するネズミがこの海鳥の脅威になるかどうかを明らかにし，またその根絶作業を実施するための基礎調査を行った．調査はアジサシ類の繁殖期（6 – 8 月）を避け，2010 年 4 月と 10 月に実施した．その結果 2 つの島（中島，進嶼）にはコキバラネズミ(*Rattus losea*)が生息し，他の 3 つにはネズミが生息しないことがわかった（残り 3 つは急峻または波浪の障害により未調査）．胃内容物分析の結果，植物質のほかにフジツボもなどの動物質も食べていることがわかった．したがって，コキバラネズミはアジサシ類の脅威になると推測された．レスリー法による生息数推定（中島：4 月 ＝4.0/ha，10 月 ＝11.9/ha），臼歯の成長・摩滅状況による齢構成（中島：4 月は若齢少ない，10 月は若齢多い），および妊娠状況（中島：4 月は妊娠多い，10 月には妊娠なし）から判定し，繁殖活動は 4 月頃に始まり 10 月頃まで続くと推測された．したがって，ネズミの根絶作業は 2 – 3 月頃が適期であると考えられた．

A2-6 沖縄島北部におけるオキナワトゲネズミ *Tokudaia muenninki* の 2009 年調査以降に確認された新たな生息地

○山田文雄[1]・中田勝士[2]・村田知慧[3]・木戸文香[3]・黒岩麻里[3]・城ヶ原貴通[4]・越本知大[5]・
三谷　匡[6]・阿部愼太郎[2]・河内紀浩[7]・小高信彦[1]・高嶋 敦史[8]
（[1]森林総研・[2]環境省那覇・[3]北大・[4]岡山理科大・[5]宮崎大・[6]近畿大・[7]島嶼生物研・[8]琉大）

トゲネズミ属 *Tokudaia* はわが国の固有属で沖縄島（オキナワトゲネズミ *T. muenninki*），徳之島（トクノシマトゲネズミ *T. tokunoshimensis*）及び奄美大島（アマミトゲネズミ *T. osimensis*）に生息する．本属は国指定天然記念物で，オキナワトゲネズミは絶滅危惧ＩＡ類(CR)，アマミトゲネズミとトクノシマトゲネズミは絶滅危惧 IB 類（EN）である．特にオキナワトゲネズミの生息情報は 2001 年の調査以降になく，絶滅が懸念されていた．そこで，オキナワトゲネズミの生息実態調査を 2007-2011 年に行った．方法は，聞き取り調査，自動カメラ調査，捕獲調査などである．その結果，2008 年-2009 年調査によって，30 年ぶりの捕獲（24 頭）で生息を確認した．生息地は広葉樹老齢林や二次林などを含む面積 1-3 平方 km 程度の極めて狭い範囲であった．さらに，2010 年 2-3 月にカメラ調査を，2011 年 2-3 月にカメラ調査及び捕獲調査を実施した結果，従来確認された生息地を中心にその外側で捕獲とカメラ調査によって新たな生息地を確認した．これらの生息地を結んだ外郭面積（生息域）は 5 平方 km 以上と推定され，前回に比べ若干拡大したが狭い範囲に変わりはなかった．調査中に生息地内でノネコやイヌの生息が確認され，また聞き取り調査によってノネコによるオキナワトゲネズミなどの捕食情報も得られた．希少種保護のために，生息地保全や外来種対策などの総合的な対策が一層求められる．

A2-7 絶滅のおそれのある九州のヤマネ ―分布と生態の特徴―

○安田雅俊[1]・坂田拓司[2]
(森林総研九州[1]・熊本市立千原台高校[2])

国の天然記念物ヤマネ *Glirulus japonicus*(齧歯目ヤマネ科)について，過去の生息記録に基づき，九州本島における分布や生態の特徴と保全上の課題を検討した．62 件の文献資料から，時期と場所がおおむね特定可能なヤマネの生息記録 54 件を抽出した．ヤマネは低標高の照葉樹林から高標高の落葉広葉樹林まで垂直的に幅広いハビタットに生息するが，その一方で森林地域に一様には分布しなかった．主要な生息地として，英彦山地(1200 m)，多良岳(996 m)，九重山(1791 m)，九州山地(1756 m)，阿蘇外輪山(1119 m)，鰐塚山地(1118 m)，霧島山(1573 m)および肝属山地(稲尾岳 959 m)の 8 ヵ所が認められた(括弧内は当該地域の最高標高)．森林ハビタットの分布や移動障壁となりうる農耕地や都市の分布からみて，九州本島中央部に位置する九州山地はコア個体群，残りの 7 ヵ所はコア個体群からある程度孤立した周辺個体群と考えられた．すなわち，九州本島のヤマネはメタ個体群構造を持つことが示唆された．また，本種の生息／非生息には，森林の現況だけでなく，過去の利用履歴も関係すると推察された．さらに，生態的特徴として，少なくとも秋から冬にかけて 3―5 頭を出産すること，11 月下旬から 4 月下旬に冬眠することが明らかとなった．九州のヤマネ個体群は，本州等の他個体群と比較して遺伝的に大きく異なっていることが知られており，本種の遺伝的多様性の保全において重要な位置を占めている．そのなかでも，英彦山地，九重山，多良岳および肝属山地の 4 ヵ所の周辺個体群は，地理的にも遺伝的にも孤立している可能性が高く，保全には特に配慮する必要がある．県境に位置する孤立個体群の保全には，隣県が連携して取り組むことが不可欠である．今後，周辺個体群の遺伝的分化や個体群間の移動分散の程度を明らかにするとともに，ヤマネと共存可能な森林管理技術を開発することが求められる．

A2-8 ヤマネの冬眠に関係する環境要因

○大野愛子[1]・安田雅俊[2]・井上昭夫[1]
(熊本県立大学環境共生学研究科[1]・森林総合研究所九州支所[2])

国の天然記念物ヤマネ *Glirulus japonicus*(齧歯目ヤマネ科)は，本州，四国，九州，隠岐島後に分布し，冬眠する習性をもつ。本種の冬眠の開始には，気温の低下，食物資源の欠乏，脂肪の蓄積量，食物の質の変化等の要因が関係していると考えられている。本州個体群では，気温 12～13℃を境に呼吸速度が大きく変化すること，冬眠の開始と終了の閾値は平均気温で 8.8℃であることが知られている。一方，九州個体群は，その他の個体群と比べて遺伝的に大きく異なっていることが知られているが，冬眠に関する研究はこれまでほとんど行われていない。そこで本研究では，九州個体群において冬眠と関係する環境要因を検討した。調査は，2010 年 10 月～2011 年 5 月，熊本県北部の天然生針広混交林(標高 700～850 m)において行った。樹洞あるいは樹上 2～4 m に仕掛けた巣箱に，デジタルタイプのセンサーカメラ(麻里府商事製)を向け，活動中のヤマネを多地点で撮影することで個体群の活動期間を把握した。同時に，調査地の植物季節(開花，結実，開葉，落葉)を記録した。気温は小型温度ロガーを用いて毎正時に記録した。5 日間を単位として，カメラによって確認されたヤマネの活動の有無と冬眠開始時期(2010 年 9 月～2011 年 1 月)ならびに冬眠終了時期(2011 年 1 月～2011 年 5 月)における日平均気温，日最低気温および日最高気温を集計し，それらの関係をロジスティック回帰により分析した。本調査地における冬眠期間は 11 月上旬～3 月下旬の約 4.7 ヶ月間であった。回帰式のパラメーターが有意であった気温および冬眠の閾値の推定値は，開始時期については平均気温 8.8℃，最低気温 5.1℃，最高気温 13.6℃で，終了時期については平均気温 5.3℃，最高気温 11.4℃であった。九州と本州の個体群を比較すると，冬眠の開始時期の気温は両者でほぼ等しいが，終了時期の気温は九州で低いことが明らかとなった。早春の食物資源としてヤブツバキの花が重要と考えられた。

B1－1　低密度状況下におけるアライグマの探索・捕獲技術開発

○池田透[1]・中井真理子[1]・島田健一郎[1]・山下國廣[2]・福江佑子[3]・小谷栄二[4]・川崎綾子[4]
（北大文学研究科[1]・軽井沢ﾄﾞｯｸﾞﾋﾞﾍｲﾋﾞｱ[2]・あーすわーむ[3]・ﾌｧｰﾑｴｲｼﾞ[4]）

アライグマの侵入は全国に拡大し、現在各地で防除事業が進められている。事業が積極的に進められている地域の一部では生息数の減少も確認されてきているが、個体数が減少しても混獲による在来動物への影響を軽減するための対策コストと誘引餌設置労力は変わることがないために、低密度状況下で効果的かつ効率的なアライグマの探索・捕獲技術の開発が急務となっている。こうした状況を打開するために、本研究では低密度状況下で有効な手法として、嗅覚に優れたアライグマ探索犬の育成とアライグマの樹洞営巣習性を利用した誘引餌を必要としない巣箱型ワナによる捕獲システムの開発を進めてきた。

アライグマ探索犬の育成プログラムでは、狩猟犬として用いられている日本犬（甲斐犬）を用い、動物行動学及び学習理論に基づいたモティベーショントレーニング法を適用して訓練を継続している。オペラント条件付けを用いた臭気選別実験では、高い正解率で選別できるまでに訓練は進んでいる。高所にセットしたアライグマ臭に関してもハンドラーとの協働によって浮遊臭を探知することも可能となっている。

巣箱型ワナについては、誘引餌を用いなくてもアライグマが巣箱型ワナに関心を示すことが野外観察で確認された。また、飼育個体を用いた実験によってアライグマの好む巣箱の大きさと出入り口の形状を決定した。捕獲センサーについては振動反応型と赤外線反応型のセンサーを開発し、中継機を介することによって捕獲情報を遠隔探知できるローカルシステムを構築することができた。今後は、電信会社との共同開発によって、汎用通信システムを利用した全国各地で捕獲情報が把握可能な汎用システムの開発を計画している。

なお、本研究は平成 21～23 年度環境省生物多様性関連技術開発等推進費の助成を受けて実施したものである。

B1－2　北海道野生生物観測ネットワーク － 観測から何がわかるのか

○平川浩文
（森林総合研究所・北海道支所）

北海道野生生物観測ネットワークの観測結果について紹介したい。このネットワークは公式には昨年春、発足したばかりである（昨年度大会でポスター発表）が、早いところでは 2006 年から観測が始まっており、本年春にはこれまでの観測結果をまとめ、初めての公表を行った。本講演では、観測結果をいくつか紹介し、観測の有効性や問題点、今後の展望や課題について報告する。

観測は、フィルムカメラ式の自動撮影装置 YoyShot を用い、林道を通過する動物を検知・撮影する方法で行った。1回の調査期間は2～4週間、装置は6～12台を使用、調査は秋に1回あるいは春と秋に1回ずつ行った。データはエクセルのフォーマットに入力後、マクロ（プログラム）により集計・図化・地図化を行った。種ごとに撮影頻度（24 時間あたりの撮影枚数）を算出し、生息状況の指標（観測データ）とした。

観測は量の比較に意味がある。本観測では、装置・調査法・データ処理法を統一することにより、これを可能とした。地域間の比較も可能だが、最も有効なのは定点観測による時系列の比較である。観測開始後、年数を経たところでは、すでにさまざまな示唆が得られている。

例えば、札幌近くの大規模な都市近郊林、野幌森林公園では、長年アライグマの駆除が行われてきたが、撮影頻度から見る限り少なくともこの4年間明確な減少傾向は見られない。一方、増加傾向にあると言われるシカについても少なくとも観測データで見る限りここ4年間でその傾向は見られないなどである。

自動撮影技術は昨今野生生物調査に広く使用されているが、多くは出没の確認、行動観察など映像利用にとどまり、量的データを得て観測に使おうとする試みは初めてのように思われる。データの特性把握、継続性の確保などが課題である。観測ネットワークと観測結果について詳しくは、次を参照。

http://cse.ffpri.affrc.go.jp/hiroh/photo-survey/WildlifeMonitoring/　（「野生生物観測」で検索）

B1－3 スマートセンサーを用いた新型捕獲技術の開発

○阿部 豪[12]・坂田宏志[12]・室山泰之[12]・田口彰[2]・和倉慎治[3]・長瀬一彦[3]・臼井義美[4]・那須義弘[4]
(兵庫県立大学自然・環境科学研究所[1]・兵庫県森林動物研究センター[2]・(株)アサヒ電子研究所[3] ・NPO 情報セキュリティ研究所[4])

野生動物による農作物や生態系への被害は全国的に深刻化している。現在、国内では、さまざまな被害対策が実施されているが、代表的なものとして檻などの捕獲装置による捕獲や威嚇刺激等による追い払い、防護柵などがある。捕獲や追い払いを効果的に実施するには、対象とする動物種が捕獲装置に進入したときや追い払い装置に接近したときに、適切なタイミングで、捕獲動作を起こしたり威嚇刺激を呈示したりすることが重要である。しかしながら、既存の捕獲装置や威嚇装置は、動物種や頭数を特定する機能をもっておらず、目的外の動物種の錯誤捕獲が発生したり、十分な被害軽減効果が得られていない状況にある。とくに、西日本においては、絶滅危惧種であるツキノワグマの錯誤捕獲が問題となっており、その回避は重要な課題となっている。

こうした状況を受けて、本研究では、捕獲装置に接近した動物種や頭数などを判定するスマートセンサーの開発を行ったので報告する。獣種判別センサーについては、実際に捕獲装置に接近するツキノワグマとイノシシの画像を蓄積し、顔による種判別が可能になった。また、頭数カウントセンサーについては、捕獲装置に進入する動物の頭数をカウントし、設定頭数に達した時点で装置を稼動させることが可能になった。

なお、本研究は、農林水産省の「新たな農林水産政策を推進する実用技術開発事業」において実施した。

B1－4 野生動物の画像情報収集システム・バイオロギングの開発

○森光由樹[1,2]・阿部豪[1,2]・中村幸子[1,2]・横山真弓[1,2]・室山泰之[1,2]
([1]・兵庫県立大学 [2]兵庫県森林動物研究センター)

野生動物の行動の研究は、これまで直接観察法が主体であった。しかし、多くの野生動物は人間を忌避し、観察が困難な場合が多い。近年、無人自動撮影技術の向上により センサー付きカメラを生息地に設置することで動物観察が容易となった。しかし、センサー付きカメラは一定の箇所でしか情報を収集することができず、限界がある。そこで本研究では野生動物に超小型撮影装置を装着し、動物側から撮影し情報を収集することに着目した。動物側の目線で撮影された画像を解析することで動物の生態を解明する。ツキノワグマ、ニホンジカに装着する小型カメラの開発を実施した。小型の赤外線照明内蔵のカメラを、電源とともに防水ケースに収納し、脱落機能の付いた GPS 発信器首輪 に取り付けた。カメラは、長時間連続録画及び静止画撮影が可能なものを選択した。超小型タイマーを取り付けて、録画時間の設定、赤外線照 明のオンオフの設定を可能とした。この機能を設けることで小型、省電力が可能となった。録画媒体は、小さく軽度で記録容量が多い SD カードを採用した。カメラ、録画媒体、バッテリーを収容するケースは、耐衝撃性にすぐれたポリカーボネイト製を用いた。電源 は、軽量で高容量の塩化チオニル-リチウム電池を採用し、DC/DC コンバータ （入力 8-40V 出力 5V3A） で降圧・定電圧化してカメラに供給するように設計した。開発したカメラは、撮影時間を１週間とするとバッテリー重量が５kg と大きくツキノワグマやシカに装着することは困難であった。

B2－1　中大型哺乳類による牧場利用実態

○塚田英晴[1]・石川圭介[1]・竹内正彦[2]・福江佑子[3]・南正人[4]・深澤充[5]・清水矩宏[6]
（畜草研[1]・中央農研[2]・NPO 法人あーすわーむ[3]・麻布大[4]・東北農研[5]・神津牧場[6]）

【目的】畜産物の生産にとどまらない牧場の新たな価値を検討するため、中大型哺乳類の牧場利用実態を把握し、中大型哺乳類の生息地としての価値、ならびにその資源化の可能性について検討した。
【方法】群馬県と長野県の県境の山間部に位置する牧場において、牧場に出没する中大型哺乳類相をカメラトラップ法により把握した。さらに、牧場内の土地利用区分の違い（放牧地、採草地、林地）、草地や保護区の割合、季節や年次などの要因が確認種数や各種の出没頻度に及ぼす効果を一般化線型モデルにより解析した。
【結果および考察】牧場を利用する中大型哺乳類は 10 種確認され、群馬県における中大型哺乳類生息種の大半が牧場を利用していた。種毎の出没頻度は、土地利用区分や草地の割合によって異なる影響を受けていた。これらの要因との関係から、放牧地を好む種（イノシシ・アナグマ・タヌキ）、採草地を好む種（シカ・キツネ）、林地を好み草地を忌避する種（ツキノワグマ）、牧場内の土地利用区分にあまり影響を受けない種（ノウサギ・テン・ハクビシン）に大別された。牧場内の異なる土地利用区分に対する選好性の種間差は、食性や採食行動の違いによるものと考えられた。さらに、保護区の割合、季節および年次といった要因も種内での牧場内の出没のばらつきに影響していた。以上の結果から、山間部に立地する牧場は、多くの中大型哺乳類の生息地として利用されており、こうした生息種をグリーンツーリズムや狩猟資源として利活用する可能性が示唆された。今後、牧場に生息する中大型哺乳類と人間との軋轢を回避しつつ、新たな牧場資源として積極的に活用するための手法の開発が望まれる。

B2－2　安定同位体分析に基づく御崎馬の生態学的研究

○覚張隆史・米田穣
（東京大学大学院・新領域）

宮崎県串間市都井岬に半野生的に生息する御崎馬は長い間、都井岬の丘陵地帯に広がる半自然草原に適応した行動生態を持つことが知られている。特に、食生態に関する研究は採食植物の内容や飲水の利用状況などを調査することが多くを占めている。それらの追跡記録の多くは目視や草地学的な研究で得られた情報に基づくため、御崎馬が利用する栄養源の寄与は間接的に評価されてきた。

一方、これらの研究は御崎馬が実際に半野生草原の植生から栄養源としてどの種類の植物をどの程度摂取していたかを精確に見積もることは困難な場合がある。そのため、実際に御崎馬が依存している食資源がどの様な植物かを調査することは、今後の半自然草原と御崎馬の維持管理に対して重要な位置づけといえる。

そこで我々は都井岬で半野生的に生息していた馬歯骨標本から御崎馬が実際に吸収した植物のタンパク質の由来を定量的に評価するために、馬歯骨のコラーゲンの炭素・窒素安定同位体分析を実施した。その結果、御崎馬は都井岬で優占するシバ類などの C4 植物に大きく依存していない可能性が示唆された。

御崎馬で得られたこれらの同位体生態学的な情報を、他地域の半自然草原で生息する半野生馬の情報と比較し、御崎馬の食生態の特徴を評価した。

B2－3 東シベリアにおける野生トナカイの季節移動：気候変動の影響と保全上の課題

○立澤史郎[1,2]・I. M. Okhlopkov[3]・E. V. Kirillin[3]・E. A. Nikolaev[3]・N. G. Solomonov[3]
（北大・文・地域[1]・総合地球環境学研究所[2]・ロシア科学アカデミー寒冷地生物問題研究所[3]）

北極圏に広域分布し、大規模な季節移動で知られるトナカイ*Rangifer tarandus*は、近年分布域や個体数が縮小しているとされるが、アジア地域、特に東シベリアでの生息状況は不明である。著者らが2008年から2009年にかけて主にサハ共和国において既存情報の収集と地方行政区担当者および狩猟組合への聞き取りを行ったところ、ツンドラトナカイについては大きく5個体群に別れ、うち1群はほぼ消滅、2群は縮小、ユーラシア最大と思われるタイミール個体群は分布域が大きく変動し（他の1群は不明）、これらとは別に新たな分布域（オレニョク地方；アナバル川上流域集団）が出現していることがわかった。そこで2010年8月に、このアナバル川水系の野生トナカイ15頭（成オス7、成メス8）に衛星発信機（Argos方式）を装着し、その移動と土地利用状況の調査を行った。Argosシステムは精度においてGPSシステムに劣るものの、高緯度地方では精度が上がる、電池の持ちがよい、政治的制約を受けないなどのメリットがあり、一方、電波発信機の共通課題として極低温（−50度以下）で作動しなくなるという問題があった。このため8−11月には10分間隔測位に成功したが、12月以降は1日平均1点以下となりその後発信しないものが多かった。これらの結果（2011年6月時点で約2万ポイント）では、夏にアナバル川上流域を利用する集団は、2方向（南北）の季節移動を示し、約800km移動してレナ川河口域で越冬した北上集団に対し、南下集団は200km程度移動してタイガ地帯で越冬し、後者は2月以降に逆ルートの移動も示した。新たに出現したアナバル川上流域集団は、変動の激しい2大個体群（タイミールとレナ川）の双方からの流入個体が越夏することで形成され、温暖化による移動ルートの変化と植生の好転が原因していると思われる。よって、分布域シフトの原因解明、南下集団とシンリントナカイ（亜種）との交雑状況把握、それらを踏まえた管理方策の策定が、保全上の緊急課題となっている。

B2－4 霧島山地におけるニホンジカの生息地利用

○矢部恒晶[1]・柳田蓉子[2]
（森林総研・九州[1]・環境省えびの自然保護官事務所[2]）

近年九州でも国有林や国立公園等も含む自然植生域において、ニホンジカの増加による植生への影響が深刻化している。霧島屋久国立公園霧島地域でもえびの高原地区などいくつかの区域でシカが高密度化しており、森林の更新阻害や希少植物の減少が起きている。今後のシカ管理手法の検討のため、えびの高原地区および周辺地域におけるニホンジカの移動範囲や生息地利用について、オス2頭、メス6頭のGPS追跡や定期調査路における個体カウント等によって調査した。その結果、えびの高原地区を利用する個体数には季節変動があり、オス成獣の多くと、メス・若齢個体からなる群れの一部が季節移動またはホームレンジのシフトをしていると考えられた。また、オス追跡個体は5km程度移動し、霧島火山群の脊梁部を含む区域を利用していたこと、メス追跡個体の一部は積雪期にえびの高原地区から 2～3km 離れた標高が低い場所へ移動したことなどが明らかとなった。シカの移動距離や利用分布等を考慮したスケールでの管理区域の想定が必要と考えられた。

B2－5　林床の目立たない餌、落葉を利用するニホンジカ

○高橋裕史[1]・梶光一[2]
(森林総研関西[1]・東京農工大[2])

ニホンジカ（*Cervus nippon*、以下シカ）の採食による林床植生の衰退が全国各地で進行し、低嗜好植物に偏った群落が形成されたり、裸地化したりしている。このような場所では、一見してシカの餌資源がまだ豊富にあるとは考えにくいが、シカは依然として高密度を維持している例が少なくない。そこで、あまり目立たないがシカの餌となっている落葉の利用について概観し、シカの生物学や管理をめぐる今後の課題を考えたい。Ditchkoff & Servello (1998) は、オジロジカの冬期の重要な餌となっていたリターフォールを見逃されていた餌資源だと指摘した。この頃より国内でもシカの餌としてリターフォール、とくに落葉の重要性が指摘されてきている。餌資源制限の厳しい洞爺湖中島では、1990 年代以降、通年にわたり広葉樹の落葉がシカの主食となっており (Takahashi & Kaji, 2001)、1994 年 7 月には利用可能な資源量の 92.4%をリターが占めたと推定された (Miyaki & Kaji, 2004)。夏に強風などで生じる広葉樹落葉の栄養価は草本類に匹敵し、一方枯葉でさえ、成長に必要なタンパク含有量は下回るレベルながら、生存に必要な熱量は確保できると考えられた (山本ら 2009 ; 竹田ら 2011)。低質な餌を摂取すると反芻時間が長くなり、一頭あたりの摂取量が低下して環境収容力は高まる可能性が指摘されている (Oikawa et al. 2011)。また屋久島や金華山島では、ニホンザルが樹冠から落としたリターの「落ち穂拾い (gleaning)」が頻繁にみられ (Majolo and Ventura, 2004; Agetsuma et al. 2011)、他の餌の利用可能量が低下した時期に重要な資源となっている (Tsuji et al. 2007)。さらには枝打ちによって生じたスギ・ヒノキの生枝もシカの餌になる (佐野 2009)。リターは、シカにとって重要な（代替）資源となっている。

B2－6　シカによる下層植生衰退防止に向けた必要捕獲数の算出

○岸本康誉[12]・藤木大介[12]・坂田宏志[12]
(兵庫県立大学自然・環境科学研究所[1]・兵庫県森林動物研究センター[2])

シカの過度な採食による下層植生の衰退と、それに伴う表層土壌の流出などにより、森林の公益的機能の低下が顕在化している。森林生態系保全の観点からも、シカの適切な個体群管理が急務である。これらの状況の改善に向けて、筆者らは、県域スケールでシカによる森林生態系への被害を把握するために、低木層の被度を用いた簡便かつ効率的な評価手法を開発し(Fujiki et al. 2009)、その指標とシカ密度との関係解析結果に基づいて、下層植生衰退防止のためのシカ管理目標値を設定してきた(Kishimoto et al. 2010)。しかし、下層植生の衰退や回復などの変化は、下層植生の状態や林分周辺での捕獲の強度により、その様式が異なるものと考えられる。下層植生の衰退を防止するための効果的・効率的な捕獲を実施するには、下層植生の時系列的な変化に影響する捕獲数の定量化が必要である。そこで、本研究では、2006 年度と 2010 年度に兵庫県の本州部 317 地点で得られた下層植生衰退度(6 段階の順序付カテゴリカルデータ)と、複数の密度指標を用いた階層ベイズモデルによるシカの推定密度、狩猟と有害による捕獲数を用いて、下層植生衰退度の時系列的な変化に影響を及ぼす捕獲数を定量化した。

下層植生の衰退状況に関する調査の結果、317 地点のうち 169 地点(53%)で変化がなく、126 地点(40%)で衰退の進行が確認され、回復した林分は、わずか 22 地点(7%)であった。これらの下層植生の衰退程度の時系列的な変化を説明する要因分析の結果、下層植生衰退度の変化は、2006 年の生息密度に対する 2010 年までの期間中の累積捕獲数と相関しており、その効果が定量化できた。発表では、これらの結果に基づいて、下層植生の衰退を防止するために必要なシカの捕獲数が設定や、効果的な対策実施のための捕獲数の空間的配分について議論する。

B2－7 誘引狙撃によるシカ捕獲手法の検証

○八代田千鶴[1]・小泉透[2]・榎木勉[3]
（森林総研九州[1]・森林総研[2]・九州大学[3]）

近年、ニホンジカによる農林業被害が急増しており、適切な個体数管理の実施が重要課題とされている。一方で、捕獲を担ってきた狩猟者は減少の一途を辿っており、新たな体制と技術の確立が急務である。欧米では専門家が捕獲事業を請け負う体制が確立しており、個体数削減に成果を上げている。その中で実施されている給餌による誘引と熟練した射手による狙撃を組み合わせた手法は、捕獲効率の向上だけでなくコスト削減などの効果も期待できることから、日本への導入が検討されている。そこで、本研究は誘引狙撃による捕獲の実施に向けて、誘引および捕獲成功に必要な条件を検証することを目的とした。

調査は、宮崎県東臼杵郡椎葉村に位置する九州大学宮崎演習林内において実施した。演習林内に約 1km^2 の捕獲区域を設定し、区域内に給餌場および狙撃場を含む捕獲サイトを 6 カ所設置した。餌は全ての期間でヘイキューブを用いた。餌付け調査を2010年7月（夏）、10月（秋）、2011年2月（冬）に約1週間ずつ実施し、給餌場に設置した自動撮影カメラを用いてシカの出没状況を記録した。銃器による捕獲調査は、餌付け調査終了後の 2011 年 4 月（1 回目）および 6 月（2 回目）に実施した。

餌付け調査では季節およびサイトによる違いはなく、給餌開始翌日からシカによる採食が確認された。本調査地は、シカの高密度生息地域であり利用できる下層植生がほぼ消失していることから、餌による誘引効果が非常に高かったと考えられる。また、餌付け開始から数日後には給餌直後にシカの出没が集中する傾向がみられ、誘引効果が高い状況下では出没時間帯を誘導できる可能性が示唆された。餌付け調査終了後に実施した捕獲調査では、それぞれ 5 頭および 4 頭のシカを捕獲した。発砲の機会は 1 回目調査時の 16 回から 2 回目には 6 回へと減少し、発砲によるシカの警戒心の高まりが出没を抑制した可能性が考えられた。

B2－8 エゾシカ増加の初期段階における森林への影響

○明石信廣[1]・雲野明[1]・寺澤和彦[1]・宇野裕之[2]
（道総研林試[1]・道総研環境研[2]）

エゾシカが森林植生に及ぼす影響は不可逆的であり、エゾシカの影響が一定のレベルを超えると、森林の下層植生は急速に衰退し、もとの状態に回復させるのが困難となる。そのため、エゾシカの影響が顕著になる前にエゾシカの増加を把握し、個体数管理を実行する必要がある。そこで、北海道・道央地域で定期的にライトセンサスが実施されているルート沿いに、エゾシカの生息状況の異なる 19 カ所に調査区を設定し、樹木・稚樹を 2 年間継続調査することにより、森林への影響を検討した。

胸高直径 1cm 以上で高さ 2m 以下に枝葉のある樹木、胸高直径 1cm 未満で高さ 50cm 以上の稚樹について、エゾシカの食痕が確認された割合（枝葉食痕率、稚樹 50 食痕率）は、ライトセンサスによるエゾシカ目撃数と相関があったが、積雪の多い空知地域で食痕が少ない傾向があった。多雪地では稚樹が積雪下に埋没するために、食痕が少なくなることが考えられる。また、稚樹の食痕はササの被度が高い調査地で低下する傾向があった。稚樹本数は、ライトセンサスと明瞭な相関が認められなかった。

2 年間の稚樹や胸高直径 1～5cm の小径木の本数、稚樹の平均樹高成長は、稚樹 50 食痕率と相関が認められた。稚樹 50 食痕率が 30～50%を超えると、稚樹や小径木の本数が減少し、稚樹の平均樹高成長もマイナスとなっていた。このような状態が継続すると、やがて稚樹の消失に至ると考えられる。

稚樹や樹木枝葉の食痕率は、エゾシカの生息状況を示す指標として利用できる可能性があるが、積雪やササの影響についてさらに検討が必要である。また、食痕率は稚樹や小径木の増減と相関があり、森林の更新動態におけるエゾシカの影響レベルを示す良い指標となると考えられる。

B3－1　北海道東部の湿原におけるエゾシカの生息環境評価と密度水準の予測

○稲富佳洋
（道総研環境科学研究センター）

近年におけるエゾシカの過増加は、森林植生や高山植生にとどまらず、湿原植生に対しても多大な影響を及ぼしていると思われる。しかし、北海道の湿原は面積が広大である上、道路が少なく、アクセスが困難であるという理由などから、エゾシカの密度水準や生息地利用を報告した知見は、非常に限られている。2011 年 2 月、北海道東部に位置する 3 箇所の湿原においてヘリコプターを利用したエゾシカの航空機調査を実施した。3 箇所の湿原を複数のユニットに分割し、ユニットごとに上空から観察されたエゾシカの位置や頭数、足跡の状況などを記録した。

調査の結果、釧路湿原北部、走古丹・春国岱及び別寒辺牛湿原北部におけるエゾシカの観察密度は、釧路湿原北部で最も高かった。また、各ユニットの観察密度を算出したところ、釧路湿原北部では、10 頭/km^2 を超えるユニットがあり、エゾシカの代表的な越冬地である阿寒地域と同水準の観察密度を示した。本発表では、航空機調査によって明らかにされた 1km メッシュごとのエゾシカ観察頭数と複数の環境要因との関係を一般化線形モデルによって解析し、北海道東部の湿原におけるエゾシカの生息環境を評価するとともに、最適モデルを調査の未実施地域に外挿することによって、釧路湿原及び別寒辺牛湿原におけるエゾシカの密度水準を予測することを試みる。

B3－2　コストパス解析を用いた札幌市街地へのエゾシカ侵入経路の推測手法の検討

○立木　靖之・赤松　里香
（特定非営利活動法人 EnVision 環境保全事務所）

近年、全国的にシカの生息頭数が増加し、地域の生物多様性の健全性への影響や、交通事故等の社会的影響が懸念されている。こうした中、札幌市では近年市街地へエゾシカが頻繁に出没するようになり、場合によっては私有地、建物内、繁華街、高速道路等への侵入など市民の生活にしばしば大きな影響を及ぼすようになってきた。こうしたことから、札幌市では対策を検討することを目的に、市街地へのエゾシカの侵入経路を予測する試みを行った。

本研究では GIS を用いた野生動物のコリドー等を推測するための手法として知られているコストパス解析を用いた。札幌市周辺の ALOS（陸域観測技術衛星）画像を判読し、「森林」「緑地」「農地」「市街地」「開放水面」に区分した。それぞれに対して一定のコストを与え、札幌市の東部、南部、西部に出発地点（Source）があると仮定し、過去の出没情報があった地点を目的地（Destination）とした。さらに市民を対象に目撃情報収集のためのヒアリング調査、カメラトラッピングにより実際の利用情報を収集し、コストパス解析結果と比較して解析結果の信頼性を検証した。

解析の結果、エゾシカの市街地への侵入経路は河川敷（河畔林）、防風林、公園等の緑地が主に利用されていると推測された。市街地への侵入に河川を利用していることはこれまでも言われてきたが、多く利用される河川（豊平川、厚別川など）と、ほとんど利用されないと判断された場所もあった。ヒアリング調査の結果、コストパス解析で多く利用されていると判断された河川周辺で多くの目撃情報が得られた。またカメラトラップによって、実際に河川を利用しているエゾシカを確認した。これらの結果、本研究で実施したコストパス解析の結果は、ある程度、確度の高い結果を示しているものと思われた。

B3－3 オスのヒグマによる分布周縁部への非適応的分散

○佐藤喜和[1]・伊藤哲治[2]・森 洋輔[2]・佐藤友香[3]・間野 勉[4]
（日大生物資源[1]・日大院生物資源[2]・北大獣医[3]・北海道総研[4]）

北海道東部阿寒白糠地域のヒグマ(*Ursus arctos*)の分布周縁部では，ヒグマによる農地周辺への出没が増加しており，その対策としての駆除数も増加しているが，出没が減少する傾向が見られない。この現象を説明するため，農地や人里に隣接する分布周縁部は人間由来の質の高い資源が分布し，かつ人間由来の死亡率が高いアトラクティブ・シンク的な生息地となっているという仮説を立てた。本調査地ではメスのヒグマの mtDNA ハプロタイプが異所的に分布することを利用し，分布中心部と周縁部をそのハプロタイプを持つ個体の出生地域とみなした。周縁部のメスの人間由来の死亡数は，中心部よりも約 2 倍多かった。中心部で生まれたオスが周縁部で駆除される数は，周縁部で生まれたオスが中心部で駆除される数よりも有意に多かった。周縁部で駆除が行われる季節は，オスでは初夏(交尾期)，メスでは晩夏(農作物食害最盛期)に最も多かった。分布周縁部におけるオスの駆除数は1990年代後半から増加していた。分布周縁部の駆除個体のうち，中心部から周縁部に分散してきた個体は周縁部で生まれた個体よりも体サイズが大きかった。オスが駆除される季節や体サイズから，オスは，駆除による高い死亡リスクがあるにもかかわらず，非適応的な生息地選択の結果，交尾機会と農作物など豊富な人間由来の資源の両方を求めて分布周縁部に惹きつけられていることが示唆された。調査地域における増加率の空間的異質性に関するデータがないため推測の域を出ないが，繁殖による補充が十分でなければ，今後も分布周縁部で高い駆除圧をかけ続けることで，オスの数を減少させ，被害が減少したときには分布中心部を含む個体群が衰退している可能性がある。

B3－4 九州のクマ情報を整理する～噂話から科学的情報へ～

○栗原智昭
（MUZINA Press）

九州のツキノワグマ個体群は、国の RDB では「絶滅のおそれのある地域個体群」に区分されているものの、地元熊本・宮崎・大分の 3 県の RDB では「絶滅」ないし「野生絶滅」に区分されており、一般には絶滅説が有力である。しかし、大分・宮崎県境の祖母山系を中心に今もクマの噂が絶えない。私は2000年以降、祖母山系の宮崎県側において調査を行ってきたが、今までの所、クマの生息を裏付ける写真等の確実な証拠は得られておらず、絶滅説を覆すには至っていない。しかしながら、この間、多くの目撃等の情報が得られた。そのなかには他の動物の誤認の疑いが濃厚な事例も多くあったが、一方で信頼性が高いと考えられる事例も含まれていた。これら玉石混淆の情報を整理するため、7つの基準を設定し、それらすべてを満たす事例のみを科学的議論の対象たりえる情報として扱うこととした。2000 年 5 月から 2010 年 4 月の 10 年間に得られた情報のうち、祖母山系宮崎県側における 6 件（のべ 8 頭）の目撃情報がこれに該当した。その中には、繁殖を示唆する親子連れと思われる目撃事例や一時的な捕獲事例が含まれた。これらの結果から、ただちにツキノワグマの生息を断定することはできないが、野生のクマ類の生息が強く示唆された（栗原 2010）。1987 年に祖母山系大分県側で銃により捕獲された個体（雄、推定4才）は、「過去に檻わなに入った経験がある」と推察されるなど、その出自が疑問視されてきたが、最近になりDNA 解析で東日本産の系統であることが示唆された（大西・安河内 2010）。このような移入個体の可能性と、九州個体群の生き残りの可能性の双方を視野に入れつつ、目撃された「クマ類」の正体を今後突き止める必要がある。ツキノワグマの生息が広く認知されている四国とは異なり、3 県の行政が絶滅を公認している九州では、継続的な学術調査が行われていないなど、現場対応の面で大きく遅れている。より詳細な調査に向けた体制の構築が急務である。

B3－5　ヘア・トラップ法を用いた岩手県北奥羽地域個体群に生息するツキノワグマの生息数推定

○山内貴義[1]・鞍懸重和[1]・深澤圭太[2]・米田政明[3]
(岩手県環境保健研究センター[1]・国立環境研[2]・自然環境研究センター[3])

クマ類の個体数推定法として，ヘア・トラップを用いた手法が欧米を中心として取り入れられており，我が国においても多くの地域で実施されている。そこでこの手法を広域個体群に応用するため，岩手県北奥羽地域に広くヘア・トラップを設置してツキノワグマの体毛を回収し，遺伝子解析と個体数推定を行った。まず岩手県北奥羽地域を 5km×5km メッシュに区切り，クマが生息しているメッシュを任意に 22 メッシュ選択した。そして 2009 年 6 月上旬に各メッシュ 8～10 基のヘア・トラップを設置した。雫石町にある岩手大学御明神演習林には個体数推定法の検討を行うため，24 基のトラップを設置した。ヘア・トラップは有刺鉄線を 2 段張りにし，誘因餌はリンゴとハチミツを用いた。そして 2～3 週間間隔で 3 回の餌の交換と体毛回収を行った（全 3 セッション）。体毛は 1 サンプルあたり 30 本までを用い，毛根のみを抽出した。マイクロサテライト部位（G10C, G10L, G10B, G10X, G10P, G10M）を増幅する Multiplex PCR と，アメロゲニン部位を増幅する PCR をそれぞれ行い，その後フラグメント解析を実施した。GENECAP による対立遺伝子の不一致(mismatch; MM)の検索を行い，2MM の座位は再分析を実施してその後の個体数推定用解析データとした。個体数推定には空間明示型標識再捕獲モデルである”SPACECAP”を用いた。北奥羽地域全域を 500m×500m メッシュに区切り，生息域と住宅地などの非生息域に分け，生息メッシュにおける頭数を推定した。さらに他のシミュレーションモデルとの結果比較や，演習林で実施したトラップ数を減少させた場合のシミュレーションによる影響などについても考察した。

B3－6　ツキノワグマの採食品目の栄養学的特徴

○杉浦里奈[1]・加藤真[1]古賀桃子[2]日紫喜文[2]内山幸紀[1]鈴木敏章[2]加藤春喜[3]日野輝明[2]新妻靖章[2]
(名城大学大学院・農[1]・名城大学・農[2]NPO 法人白川郷自然共生フォーラム[3])

雑食性の動物の食物選択は食物の質と量に大きく影響を受ける．そのなかでも食物の栄養学的特徴を明らかにすることは各地域個体群での食性を理解する上で非常に重要な基礎的情報である．

本研究では，ツキノワグマの採食品目の栄養学的価値を明らかにすることを目的として，岐阜県大野郡白川村において 2008 年から 2010 年の 4 月から 11 月のツキノワグマの食性を糞分析法により，その採食品目を対象として食物資源の栄養成分を分析した．水分は加熱乾燥法，粗灰分は直接灰分法，粗脂肪はソックスレー抽出法，粗タンパク質はケルダール法，エネルギーはカロリーメーター，粗繊維はプロスキー法で定量を行った．

その結果，ミズナラ・コナラ堅果の豊凶に対応して食性は変化していた．豊作の年はほぼ 1 年を通してミズナラ・コナラ堅果を利用していたが，凶作年は春期にザゼンソウを中心とした草本類，初夏にササ属を中心とした草本類，晩夏にウワミズザクラやミズキの果実やクリ堅果，秋期にクリ堅果を利用していた．ミズナラ・コナラ堅果は草本類やベリー類，液果類と比較してエネルギー，粗脂肪，粗タンパク質含量が低かった．

クマ類は繊維質を消化する能力が低いため，粗繊維含量が増えると消化率は下がることが知られている．そこで，栄養成分の消化率，水分量も総合的に解析することで，クマにとって質の高い採食品目を明らかにし，堅果類の豊凶や食性との関係について考察を行った．

B3－7 堅果類凶作年に捕獲されたツキノワグマの栄養状態と繁殖状況

○中村幸子[1,2]・横山真弓[1,2]・斉田栄里奈[2]・森光由樹[1,2]
（兵庫県立大学[1]・兵庫県森林動物研究センター[2]）

2010 年度は近畿地区を中心に、クマの出没が相次いだ。兵庫県においても、過去に例がない目撃件数（1628 件）および捕獲件数（212 件）となった。2010 年度に大量出没が生じた背景には、堅果類の凶作が大きな一因として挙げられ、良好な食物資源が里にあることを学習した個体が出没した可能性が高い。加えて、クマは冬眠期を絶食で過ごすため、秋の食料摂取とそれに伴う脂肪蓄積が自身の生命維持に必要不可欠であること、また冬眠中に出産する雌グマに対する繁殖の成否に大きな影響を及ぼすことといった、エネルギー要求量の増加が秋以降の出没増加に大きく関与していると考えられる。そこで本研究では、出没個体の生理的特徴を明らかにすることを目的とし、堅果類が凶作であった年に捕獲されたクマの栄養状態と雌グマの繁殖状況を示した。2010 年度に兵庫県を中心とする近畿圏にて捕獲されたクマを用いた。栄養状態は体重、腎周囲脂肪指数（KFI）および体脂肪率により評価した。雌グマの繁殖状況は卵巣内の黄体および子宮内腔面の胎盤痕の観察により判定した。雌雄ともに多くの個体が 9 月以降、体重を増加させ、体脂肪を順調に蓄積していることが確認された。繁殖状況については、4 歳から 14 歳の個体については全てが黄体または胎盤痕のいずれかを保有しており、隔年での繁殖が成立している可能性が高いことが示された。従って、堅果類が凶作の年であっても、代替食物を得られた個体は、良好な栄養状態を維持しており、出産の可能性を保持している雌グマが多いことが確認された。

C1－1　半月板の形態と走行

○後藤　慈[1]・和田　直己[2]・川田　睦[3]・板本　和仁[2]・宇根智[3]
（山口大学大学院連合獣医学研究科[1]・山口大学農学部[2]・ネオベッツ VR センター[3]）

半月板は四足および二足の陸生脊椎動物が共通して持つ原始的な膝関節の構成要素である。半月板は内側および外側の一対からなり、脛骨頭に付着し、本来は脛骨頭が持つはずの凹状の関節面を大腿骨に与えている。後肢の主力筋の作用の中心である膝関節は、骨格のみでは力学的な弱点を持っており、その克服を半月板・靭帯・筋に大きく頼っているという特徴がある。半月板の機能は、膝の潤滑を改善させ大腿顆部の安定ある支柱の役割を担っていると考えられている。 半月板の形態は、それぞれの動物が自らの活動の中で起こり得る最強度の力、つまり高速走行に対応するデザインであるといえる。したがって半月板の形態を理解することは、その動物の走行時に、膝にどのような力がどの程度掛っているかを知る手掛かりとなる。

陸生四足哺乳類は、捕食者と非捕食者が追うものと追われるものという関係の中で走行に長けた進化を遂げてきた。それぞれの動物種によって重心の位置（体型）、地面との接触部位の形態、体サイズが異なり、走行のスタイルに多様性がある。半月板の機能を考慮すると、「半月板の形態には動物種の走行の特徴が反映される」という仮説が提示できる。この調査の目的は、半月板の形態的特徴を体系化し、さまざまな哺乳類の走行性を横断的に理解することである。そのために、本研究ではまず肉食獣と有蹄類に着目し半月板の形態と走行の特徴の関係について検討を行なった。

C1－2　哺乳類椎骨の比較機能形態学的解析

犬塚則久
（東京大・医）

古生物の骨格のうち頭蓋と歯牙は系統解析や食性推定，体肢骨格は生息地や運動様式の推定におもに使われてきた．ところが椎骨はあまり形態解析の対象とされていない．そこで形態機能相関を使って椎骨の適応形質を抽出した．骨の形態は体格，系統，適応因子などで決まる．まず最も影響が大きい体格因子による形態をとり除くために系統や生活様式が近く体格だけが異なる種類を比べる．ここではネコ科を用いた．全椎骨を比較・計測し，椎体と椎孔の比，胸椎の副突起の太さと長さ，腰椎棘突起の形と傾き，仙骨の乳頭突起と仙骨翼の形にその影響を見いだした．たとえば大型獣ほど椎弓根が太く，それだけ椎孔は小さくなる．ついで，偶蹄目，奇蹄目，食肉目の3系統で原始的ないし一般的（イノシシ・バク・ジェネット），走行型（ラクダ・ウマ・チーター），重量型（カバ・サイ・ヒグマ）を代表する種を選び，それぞれの比較から系統因子と適応因子による形態を見いだした．奇蹄目の椎窩は凹湾し後凹型椎体で，軸椎には腹稜がある．腰椎の関節面はやや前傾した水平位の胸椎型である．偶蹄目の最終胸椎関節突起の関節面には前後に稜と溝が走り後からみるとＳ字形をしている．食肉目の最終胸椎では横突起がなく副突起の発達がよい．そして別系統の同じ適応型の比較で適応因子による形態を抽出した．走行型有蹄類のラクダとウマの頚椎はいずれも椎体の幅や高さに比べてきわめて前後に長く，棘突起は未発達である．草食獣の頚椎と胸椎の幅はほぼ一定なのに対して肉食獣では頚椎の横突起が幅広く後位胸椎に向かって狭まる．頚椎の長い有蹄類の環椎前関節窩は深く，頭の背腹運動は制限されるが，頚椎の短い長鼻類や海牛類，鯨類の前関節窩は浅くて運動範囲が広く，頚の短さを補っている．前位(第1～5)胸椎の棘突起が前後に太くて隙間がないのは体のわりに大きな重い頭を支えるための適応と思われる．四肢型水生ないし両生型哺乳類の中位(第5～8)胸椎の棘突起は同系統の陸生のものに比べてより強く後に傾く．

C1－3 進化要因の解析―歯の組織形成と体制の原則―

○小澤幸重
（歯と骨の訪問研究室）

背景：歯は哺乳類の種の特徴を示す器官であり進化理論が提起されている。しかし歯の形態による分類を超え進化に至るとこれまでの学説に疑問を呈せざるを得ない。それは臼歯、そして歯冠を捉えるに止まり、歯系全体、歯の歯根や臼歯以外の歯の形質など全体的な理論がないためである。演者は化石を含む約200種の歯の形態と組織、約30種の発生を検討し、歯は体制ないし体の分化法則により理解すべきであるという結論に達した。その結果は「歯の形態形成原論」（わかば出版2011年）として発表した。今回は、体制の原則が歯の形態と共に歯の組織細胞分化に及ぶことについて、エナメル質を形成するエナメル器およびエナメル芽細胞を免疫組織化学的手法によって報告する。結果と検討：エナメル質を形成するエナメル器、エナメル芽細胞は一定集団を形成し、様々に分化成長しつつエナメル質を形成する。細胞集団は歯冠形成に沿ってアクチンやケラチンの局在が周期的に変化する。これを「エナメル芽細胞の Grouping and Dancing」と呼ぶ。この周期性を持つ変化は哺乳類の特徴的なエナメル質組織であるシュレーゲル条の形態と一致する。則ちエナメル芽細胞、エナメル器が歯胚を含む組織全体と関連を持ちつつ律動的に周期的に変化してエナメル質を形成する。この周期性は体制とも連動する。Grouping and dancing は哺乳類の種特有のものであり、同時に、エナメル質が対称性を持つ放散（変異性）と収斂（安定性）によるエナメル芽細胞の分化によって形成されルことを示す。則ち、体制と同じ原則的な制御機構が働いていることを示している。組織細胞形態は体制と関連して矛盾なく理解でき、その連続性により進化の基礎となるのである。

C1－4 下顎骨形態の変異からみた富山県産イノシシにおける遺伝子流動

○古橋芳輝[12]・安田　暁[1]・宮部慎吾[1]・山崎裕治[1]・横畑泰志[1]
（富山大院・理工[1]・現、名古屋市在住[2]）

近年、富山県ではイノシシ（*Sus scrofa*）が著しく増加し、農業被害や生態系への影響が問題化している。演者らは、富山県自然保護課から提供された 211 個体の県内産イノシシの下顎骨から晒骨標本を作成し、形態計測と齢推定を行った。山崎（2008、2009、2010）は DNA 分析から、それらの個体が 4 種類のミトコンドリア DNA ハプロタイプ（J01、J03、J08、J09；以下ハプロタイプ）のいずれかを持つことを明らかにし、複数の経路による周辺他県からの侵入と、県内での交雑過程を推定した。本研究では、下顎骨計測値の多変量解析によってその過程を検証した。

下顎骨形態の分析には、正準判別分析を用いた。成長曲線により成熟時期の推定を試みたところ、雄において最高齢群まで連続的な成長が見られたので、まず齢群を目的変数、19 部位の計測値を説明変数とする分析を行い、判別を行った。その結果、臼歯の萌出に基づく齢群 0 および I が他の齢群から明瞭に判別されたので、この 2 群を幼獣、以降を成獣とした。次に成獣のみを用い、ハプロタイプを目的変数とした判別を行った。各個体を、捕獲年月と推定齢から推定した出生年によって、2003～05 年出生集団と 2006～08 年出生集団に分けた。これらの 2 群を一括して分析し、散布図上で比較したところ、2003～05 年集団では J01、l08 群が他の 2 群から明瞭に区別されるのに対して 2006～08 年出生集団では J03 群を除く各群があまり区別されず、ハプロタイプの異なる群間の形態的な差異の減少が示された。これは県内での交雑の進行に伴う変化であると考えられる。J03 群は DNA 分析から、長野～新潟に分布していたものが県東部に侵入し、一部が県中央部に侵入しているものの、県南部や西部から侵入して互いに交雑の進んでいる他のハプロタイプの群ほど他群との交雑が進んでいないと考えられ、今回の結果もこれに一致した。

C2－1　根絶間近な和歌山タイワンザル交雑個体群のモニタリング手法の試行（GPS テレメと自動撮影カメラの併用）

○白井啓[1,2]・高野彩子[1,3]・清野紘典[1,2]・萩原光[1,4]・岡野美佐夫[1,2]・鳥居春己[1,3]
（和歌山タイワンザルワーキンググループ[1]・野生動物保護管理事務所[2]・奈良教育大学自然環境教育センター[3]・房総自然博物館[4]）

和歌山県北部において 1950 年代にタイワンザルが野生化し、ニホンザルとの交雑個体群が存在している。1999 年約 200 頭、2001 年 300 頭近くだった個体数は、和歌山県の捕獲事業により、2011 年 3 月末には約 20 頭にまでに減少している。

しかし、残存個体は捕獲が容易でない「トラップシャイ」個体であり、捕獲が困難であると同時に、その数の把握が困難である。今後、捕獲が進んでも、残存個体数の把握ができないと、捕獲作業継続の必要性の判断、ひいては根絶達成か否かの判断ができない。

そこで、2011 年 8 月から、GPS テレメおよび自動撮影カメラを併用したモニタリング手法を考案し試行している。

C2－2　タイ王国・ロッブリー市における人間とカニクイザルとの軋轢

○吉田洋・北原正彦
（山梨県環境科学研究所・動物生態）

タイ王国中部に位置するロッブリー市（Mueang Lopburi：北緯 14° 47’53”，東経 100° 39’13”）の旧市街地には，5 群 900～1,150 個体のカニクイザル（*Macaca fascicularis*）が生息している（Malaivijitnond et al.：2010）。本研究ではカニクイザルの現状と保全に関する課題を把握するため，2009 年 10 月 3 日～8 日に野生カニクイザル群を計 60 時間にわたり追跡し，カニクイザルの行動と，それに関わる住民の行動を観察した。

調査の結果，San Phra Kan 寺院とその周辺の路上において，カニクイザルへの餌付けを確認した。給餌は不特定多数の人が，ココナッツやスイカ，マンゴーなどの果物，ハクサイやラッキョウ，ヨウサイなどの野菜，ラッカセイやタロイモ，ダイズなどの穀物，鶏卵，乳飲料，かき氷シロップ，ゼリーなどを大量に与えており，その質と量は管理されていなかった。そのためカニクイザルは，短時間で高カロリーの食物を摂取することが可能であり，肥満体の個体が複数生息していた。さらに市街地では，人間への威嚇，人間の頭髪や持ち物の略奪，商店への侵入と略奪，路上での糞尿などの被害が発生しており，カニクイザルは夜間でも市街地にいるため，被害は日没後にも発生していた。これらの被害に対して住民は，ゴムパチンコやモデルガンなど日本とほぼ同じ手法で自衛していたが，追払いは住民にとって後ろめたい行為であるようで，群れの位置が変わるような強度の追払いは実施していなかった。以上のことから人との軋轢を減らす方策として，カニクイザルに与える食物の管理と，実効的な被害管理の実施が必要であると考える。動物への給餌はタムブン（布施をする，功徳を積む）という仏教観念が関係しているため，これらカニクイザルの保護管理の実施には，宗教関係者の協力が不可欠である。

C2－3 ニホンザルの生息適地評価と野生生物保護管理

○土居理雅[1]・サンガ・ンゴイ・カザディ[2]
（三重大学大学院生物資源学部[1]・立命館アジア太平洋大学[2]）

その土地に生息する野生動物の生態を調べることは、間接的に自然環境を調べることである。なぜなら彼らは自然とともに進化し適応し順応してきたからだ。野生動物が異常に頭数を増やしたり、行動域を拡大したりと言った以前とは違う行動を取り始めた場合、その裏にあるのは自然環境の変異であり、動物と人との関係性の変化である。野生生物との様々な関係を持続的に保ち，かつ多様性を維持していくことが本来の野生生物保護管理（Wildlife Management）であり，言いかえれば自然資源の保護管理を担うことにほかならない。

近年問題となっている猿害の被害金額は年間16億円を超えており、効果的な対策の一つとして生息環境の把握が挙げられる。本研究ではGISを用いてサルにとって必要な環境要因を抽出し、生息適地をモデリングした。方法としては紙地図ベースのサルの位置情報を数値化し、衛星画像を教師付き分類することで土地被覆図を得た。アメダスより月平均気温を従属変数、標高を独立変数とした回帰分析を行うことで温量指数を算出した。またDEM（Digital Elevation Model）を利用した。相互に関連する網目状のシステムである生態系を再現するためには、サル：植生と言った1：1の関係性ではなく、サル・植生・温量指数・標高等を多角的に捉える必要がある。生物多様性の高い地域を把握し、重点的に保全すべき地域の効果的な評価は日本ではまだ馴染みの少ないGAP解析によって可能となった。生息環境と野生動物をセットにした野生生物保護管理（Wildlife Management）を、自然環境を壊す前に先行型で行えるならば人間と動物が共存する社会にとって有益なものと言えるだろう。

C2－4 ニホンザル雌における体重・体長・出産率の年齢変化様式の個体群間比較 －高崎山と幸島－

○栗田博之[1]・鈴村崇文[2]・冠地富士男[2]
(大分市教育委員会[1]・京都大学野生動物研究センター[2])

霊長類では、出産率や体重の変化を横断的に調べた研究はいくつかあるが、体重や体長の縦断的な変化を長期間にわたって調べた研究はほとんどない。私たちは、共に餌付け群であるが個体群パラメータが大きく異なる2個体群（大分県高崎山と宮崎県幸島のニホンザル個体群）において、体重・体長・出産成績のデータ収集と分析を行ってきた。本発表では、まだ標本数が充分でないものもあるが、2個体群の雌の体重・体長・出産率の年齢変化について、特に老齢期に着目した比較結果を発表する。本発表では、2011年8月の調査結果を反映させる予定であるが、2010年までの主な結果は次のとおりである。

1. 高崎山雌の体重は18歳頃から急激に減少するが、幸島雌では老齢期に明瞭な減少は認められなかった。
2. 高崎山雌の体長は老齢期になってもほとんど変化を示さないが、幸島雌では短縮する傾向が示唆された。
3. 高崎山雌は6歳で初産を経験する個体が多く、23歳までは高い出産率を示すが、幸島雌の初産は高崎山雌より少し遅く、老齢期に出産率が0％になるのは高崎山雌よりも早い傾向があった。また、ほとんどすべての年齢で幸島雌の方が高崎山雌よりも低い出産率を示した。

出産可能な年齢が高崎山個体群よりも幸島個体群で短く、ほとんどの年齢で幸島の方が低出産率を示したことは、幸島の方で給餌量が少ないことに起因していると推測される。その一方で、老齢期における減少パターンが、体重と体長の間で、かつ2個体群間で異なる傾向が示唆されたことは興味深い新知見である。今後標本数を増やし、より詳しい分析を行うことで実態を明らかにしたい。

C2－5　野生ニホンザルメスにおける発情の同調と交尾戦略

○藤田志歩[1]・杉浦秀樹[2]・清水慶子[3]
（鹿児島大学農学部[1]・京都大学野生動物研究センター[2]・岡山理科大学理学部[3]）

【目的】性選択理論では、片方の性（多くの場合、メス）との限られた繁殖機会を巡って他方の性（オス）の間で競争が起こる。そのような競争においては、最も強いオスが高い繁殖成功を得ると予想されるが、ニホンザルではオスの繁殖成功は必ずしも順位と相関しないことが知られている。優位なオスが受胎可能なメスを独占できるかどうかは、ニホンザルのような季節繁殖動物ではとくに、メスの発情の同調によって影響を受けると考えられる。また、交尾の際、メスは単に受動的な存在ではなく、交尾相手を積極的に選ぶことが多くの動物種において確かめられている。本研究は、野生ニホンザルにおいて、メスの発情の同調がオスによるメスの独占に影響を及ぼすのか、また一方で、オスの交尾戦略に対してメスはどのように振る舞うのかについて調べた。【方法】対象は宮城県金華山に生息するニホンザルとし、調査は 1997 年と 1999 年の交尾季（10 月～12月）に行った。当歳仔をもたない（受胎可能な）オトナメスのべ 12 頭について、各メスにつき隔日で2～6時間個体追跡を行い、全ての性交渉を記録した。同時に糞便を採取し、糞中生殖関連ホルモンの動態から排卵日を推定した。【結果】1997 年と 1999 年の実効性比（交尾可能なオスの数：発情メスの数、日あたり平均）はそれぞれ1:0.60 および1:0.17 であった。いずれの年も、排卵日から算出した受胎可能性の高い期間に交尾頻度は増加した。また、この期間における交尾相手頭数は 1999 年より 1997 年の方が有意に多く、1997 年ではメスはより多くのオスと交尾したのに対し、1999 年ではどのメスも同じ1頭のオスとの交尾が 60% 以上を占めた。さらに、両年のデータを用いて、発情メスの数あるいは実効性比（メス数／オス数）と交尾相手頭数との関連を調べたところ、いずれも有意な正の相関が得られた。以上より、メスの発情の同調程度によって雄間競争の強さは変化し、その結果、独占可能性が決まると考えられた。また、独占がない場合、メスはより多くのオスを交尾相手として求めることが示唆された。

C2－6　霊長類の反芻行動の発見：テングザルの事例

○松田一希[1]・村井勅裕[1]・Marcus Clauss[2]・山田朋美[3]・Tuuga Augustine[4]・Bernard Henry[5]・東正剛[6]
（京都大学霊長類研究所[1]・University of Zurich[2]・株式会社ジーンデザイン[3]・Sabah Wildlife Department[4]・University Malaysia Sabah[5]・北海道大学大学院）

我々は、テングザルというボルネオ島に固有のサルにおいて、食べ物を飲み込んだり、吐き戻したりするという「反芻」に類似した行動を発見した。牛、鹿、キリン、ラクダなどの哺乳類における反芻行動は、古くから知られていたが、霊長類において観察されたのは、世界で初めてであった。テングザルは、霊長類の中でもコロブス亜科に属している。コロブス亜科に属するサルの胃の構造は、牛などの反芻動物の胃と類似しており、胃は 4 つにくびれている。その特殊化した胃は、葉を消化するのに適している一方で、その消化には多大な時間を要するという欠点も有している。この欠点を補うため、牛などの動物は、反芻行動によって食べ物をより小さな断片にして、効率のよい消化を実現させている。今回、テングザルで観察された反芻に類似した行動も同様に、消化効率を上げることに役立っていると考えられる。事実、テングザルで反芻行動が観察された日と、観察されなかった日の採食行動を比較してみると、観察された日では、より多くの時間を採食行動に費やしていた。しかし、テングザルのこの行動は、牛などで見られる反芻行動に比べれば、その観察される頻度が極めて低いことから、完全な反芻行動だとは言い切れない。また、限られた個体群で発見された行動であり、ボルネオ島全域に生息するテングザル個体群に共通の行動であるとも結論できない。しかし、我々は、テングザルのオトナからコドモ個体に至るまでの 23 例で、この行動を観察しており、単なる偶発的、病的な行動ではないと考えている。
Matsuda et al. in press (Biol Lett)

C2－7 インドネシア、リンジャニ山高地に棲むカニクイザルの温泉浴行動

○渡邊邦夫[1]・ハディ イスラムル[2]・田中俊明[3]・木場礼子[1]・香田啓貴[1]
（京都大霊長類研究所[1]・マタラム大理学部[2]・梅光学院大子ども学部[3]）

哺乳動物や鳥類の温泉浴は、民間伝承の中では頻繁に見いだされる行動である。しかし、実際に温泉が野生動物によって利用されているという例はきわめて稀で、長野県志賀高原地獄谷温泉のサルが常習的に温泉を利用するようになったというのが知られているだけである。ロンボク島にそびえるリンジャニ山（3726m）はインドネシア有数の高山であり、活発に活動する火山としても知られている。リンジャニ山のカルデラ湖近くには温泉が湧き出している区域があり、古くからロンボク島住民が 8 月に行う祭日の時に、身を清めるものとして利用されてきた。リンジャニ山が 1997 年に国立公園に指定されて以降、外国人を中心に登山客が急増し、それにともなって宿営地には生ゴミが大量に残されるようになった。高度 2000m 近くにある温泉地帯は火山性の土壌であるためもあって、植生が非常に貧困である。それにもかかわらず生ゴミを求めて、若干のカニクイザルの群れが次第にこの地に定着しだしている。その中の 1 群が最近になって、この温泉の流れ下る川を利用して、温水浴をするようになった。カニクイザルは通常 500m 以下の低地を好んで生息する種であり、海岸や河川沿いの環境を利用している。またよく水に入って泳ぐことも知られている。カニクイザルの温泉浴行動が獲得されてきた過程と、水浴び、あるいは温泉浴がはたしているであろう体温調節の役割について議論したい。

C2－8 キタオットセイ胃内容物データに基づく餌生物相の長期変動傾向の復元

○清田雅史・米崎史郎
（水産総合研究センター遠洋水産研究所）

漁業や気候変動が海洋生態系に及ぼす影響が懸念されており，海生哺乳類など高次捕食者の摂餌情報は，海洋生態系の食物網構造を反映する指標として期待されている。本研究では，東日本の太平洋岸沖合で捕獲されたキタオットセイの長期胃内容データを一般化線形モデルを用いて解析することにより，魚類，イカ類の経年変動傾向を復元し得るか検討した。使用したデータは，1968-2006 年に東北沖で捕獲されたキタオットセイ約 5000 頭分の胃内容物情報である。主要な餌生物種ごとに，キタオットセイ各個体の胃内容への出現の有無を 1-0 で表わす 2 項応答変数とし，出現確率をロジスティック・モデルにより推定した。餌生物の出現確率には，年だけでなく，捕獲条件や海洋環境，キタオットセイの成熟段階などが関係すると予想されたため，これらを説明変数とする次のモデル：[魚種別出現確率]～[年]＋[捕獲場所（陸棚上，大陸斜面上，外洋域）]＋[季節]＋[表面水温]＋[表面水温]^2＋[緯度]＋[季節]×[捕獲場所]＋[季節]×[水温]＋[成熟段階]＋[捕獲時刻]をフルモデルとし，赤池情報量規準（AIC）を用いて最適モデルを選択した。餌生物種別の最適モデルを用いて，年以外の説明変数の効果を標準化し，各種餌生物の出現確率の経年変化を推定した。

その結果，マイワシは 1980 年代に，サバ類は 1970 年代に出現確率が上昇しており，これら浮魚類の豊度変動（いわゆる魚種交代）と一致する長期変化が確認された。また，ハダカイワシ類やホタルイカ類の出現確率にも長期変動傾向が認められ，これら中深層性の非漁獲対象生物も大幅な豊度変化を示す可能性が示唆された。ただし，餌生物の出現確率は捕食者の食物選択性や，分布の時空間重複度の影響も受けるため，餌生物豊度を種間比較するためには，捕食者以外の情報を導入する必要がある。

C3－1　北海道厚岸地域におけるゼニガタアザラシの採餌と上陸の関係

○羽根田貴行[1]・田村善太郎[1]・小林万里[1,2]
(東農大・生物産業[1]・NPO 北の海の動物センター[2])

北海道内で2番目に大きなゼニガタアザラシの上陸場である大黒島の上陸個体数は、1970年代と比較すると3倍以上に増加している。それに伴い、大黒島の近くの水深が浅く小さな魚の集まる厚岸湾では漁業被害が深刻化している。そこで本研究では、厚岸湾を利用しているゼニガタアザラシに GPS 発信機を装着し、湾内の利用頻度や行動範囲、湾内の環境との関係性や上陸場の利用頻度との関係を把握することを目的とした。

厚岸湾内で生態捕獲したゼニガタアザラシ2頭にGPS発信機(Wildlife Computers 社、MK10-AF)を装着後、放獣した。1番目の個体(No.1)は2010年4月10日から6月7日までの59日間、2番目の個体(No.2)は2010年4月16日から5月28日までの43日間追跡することができた。No.1とNo.2とも、放獣後から4月下旬から5 月初旬まで、厚岸湾内の刺し網や定置網のある場所と上陸場である大黒島を数日間隔で訪れていた。そのため、厚岸湾内は餌場と考えられ、漁業に依存している可能性が伺えた。その後、No.1は5月6日から大黒島沖へ、No.2 は 4 月 28 日から釧路地方に行き先を変えたため、この時期アザラシの餌となる魚の分布が、厚岸湾内から湾外に移動している可能性が推察された。No.1 は、大黒島沖に 18 時以降から翌日明け方にかけて移動していたが、No.2 は釧路地方への移動に、時間帯による行動の違いは見られず、大黒島と釧路地方を数日おきに行き来していることが明らかになった。大黒島沖は魚が多く集まる海底の勾配が急な場所であり、日が沈んだ後、魚が光を求めて海面付近に来て捕食しやすい夜中に採餌行動を行っていたか、アザラシが漁業操業の時間帯を学習してそれよりも早い時間に餌を食べていた可能性が考えられた。釧路地方はかなり沿岸寄りであり、上陸場である大黒島と行き来していることから、長時間採餌できる餌場であり、厚岸湾内と似たような環境であると推測された。

C3－2　採餌行動の多様性から考えるゴマフアザラシの生息環境

○小林万里[1,2]・加藤美緒[1]・木内政寛[1]・羽根田貴行[1]・増渕隆仁[1]・片貝耕輔[1]
(東農大・生物産業[1]・NPO 北の海の動物センター[2])

近年、冬季に北海道日本海側に来遊するゴマフアザラシ(*Phoca largha*)の個体数は激増し、生息海域を南下・拡大、さらには来遊時期の早期化、退去時期の遅延化も起こっており、それに伴いこれらの地域では、彼らの餌や上陸場競争が激化していると考えられる。しかもこの時期は、亜成獣個体が寒い時期を生き伸びるためにも、成獣個体が3月中旬以降の繁殖期を乗り越えるためにも、効率良く採餌し、エネルギーを蓄えることが重要である。ゴマフアザラシは、一般に餌選択性が低く、広食性の採餌をしており、実際に胃内容分析の結果から、魚類・頭足類・甲殻類・ワレカラ類などの捕食が確認されている。魚類の中では、底生魚類やその海域で多く生息する回遊魚が利用されていることが多いが、捕食する魚の生態(群れ性・底生・回遊等)や生息場所(深度等)によって、どのように採餌行動を変化させているかは不明である。そこで本研究では、採餌行動を採餌の頻度、餌場の深度、上陸場所からの距離、上陸頻度の関係から推察し、ゴマフアザラシの採餌の現況を考察することを目標とした。

北海道日本海側に位置する稚内市抜海港にて、冬季2009年2月(n＝2)・12月(n＝5)、2010年3月(n=2)・12 月(n=4)、2011 年 2 月(n=2)に捕獲した合計 15 頭のゴマフアザラシに、衛星発信器(SRDL＠SMRU)を装着した。衛星回線を介して回収した位置情報、行動(上陸か遊泳)情報、潜水深度情報から、採餌の頻度、餌場の深度、上陸場所からの距離、上陸頻度を算出しその関係を調べた。その結果、大きく分けて 3 つの採餌行動に分類され、水深が浅い餌場では長時間採餌しており、上陸頻度はかなり低く、逆に水深が深い餌場を利用している場合は短期間の採餌で、上陸頻度も高い傾向が伺えた。さらに、餌場の水深の深さと上陸場から餌場までの距離は反比例の関係にあったことから、餌競争の激化が考えられ、採餌行動を変化・多様化にすることによりそれらを和らげているものと推察された。

C3－3 北太平洋産ミンククジラにおける骨盤および後肢痕跡の形態とその変異

○宮川尚子[1]・加藤秀弘[1]・伊藤春香[2]・安永玄太[3]・坂東武治[3]・木白俊哉[4]
（東京海洋大学[1]・中央水産研究所[2]・日本鯨類研究所[3]・遠洋水産研究所[4]）

現生鯨類では外観から後肢を確認することはできないが、体内には後肢を支える骨盤骨が痕跡的に存在している(以下、骨盤痕跡とする)。鯨種によってはさらに後肢の痕跡を保有するケースもある。過去の研究事例から現生鯨類の骨盤痕跡は成長に伴い軟骨から硬骨に化骨することや分類形質として利用できる可能性が示唆されている。しかし、現生鯨類の骨盤痕跡の情報は極めて限定的で、その形状や鯨体内での位置や配置についても不明な点が多い。また、過去の研究では硬骨のみを対象としており、軟骨を留意していない。そこで本研究では第二期北西太平洋鯨類捕獲調査で採集された北太平洋産ミンククジラについて軟骨部を含む骨盤痕跡の観察を行い、鯨体内での位置やその形態など基本的特性を明らかにした。

北太平洋産ミンククジラの骨盤痕跡は鯨体の尾側から体長の約 28%に場所に位置し、雌雄による違いは見られなかった。骨盤痕跡の形状は、頭部側では棒状であり、尾部側では側部に張り出しが見られ、三角形を呈する。小型個体では雌雄問わず板状の扁平な骨であり、体軸に平行に体内に存在していた。しかし、大型の雄個体では骨の中央部から“ねじれ”が生じ、側部の張り出しが背側に立ち上がる。“ねじれ”が生じない場合は、成長に伴い厚さを増し、尾部側は板状ではなく柱状になる。雌では大型個体であっても小型個体同様の扁平な骨のままであった。また、側部の張り出しの位置には雌雄差が見られ、雌では雄よりも尾部側に位置していた。これは Hosokawa(1951)で報告されたナガスクジラ、シロナガスクジラと共通の形質であった。既報情報との比較から側部の張り出しの位置には鯨種による差も認められ、ナガスクジラが最も尾側、シロナガスクジラが頭側、ミンククジラはその中間に位置した。ミンククジラの骨盤痕跡の長さは体長との間に強い正の相関があり、成長に伴う伸長率の増加が認められた。また、これまでミンククジラには存在しないとされてきた大腿骨が本研究では見出された。

C3－4 北西太平洋の大型鯨類におけるブルセラ菌の血清疫学調査

○阿部瑛理香[1,2]・大石和恵[2]・坂東武治[3]・藤瀬良弘[3]・丸山正[1,2]
（東京海洋大学大学院[1]・独立行政法人海洋研究開発機構[2]・財団法人日本鯨類研究所[3]）

【目的】グラム陰性細胞内寄生性の細菌であるブルセラ菌の感染が、世界のさまざまな海域に棲息する多くの種類の海棲哺乳類で報告されている。本研究では、最近の北西太平洋の大型鯨類におけるブルセラ菌の感染実態を明らかにするために、血清疫学調査を行なうとともに、血清中の抗体の特異性と性状を解析した。
【材料と方法】材料として、2010 年の北西太平洋鯨類捕獲調査（JARPNⅡ）により得た沖合ミンククジラ 14 個体、沿岸ミンククジラ 83 個体、ニタリクジラ 50 個体、イワシクジラ 100 個体、マッコウクジラ 3 個体、ならびに 2006 年に得たミンククジラ 99 個体、2009/2010 年の南極海鯨類捕獲調査（JARPAⅡ）により得たクロミンククジラ 100 個体の血清サンプルを使用した。*Brucella abortus* の不活化菌体を抗原として用い、凝集テストにより抗ブルセラ菌抗体の保有率を調べた。さらに、不活化 *B.abortus* と *B.canis* の可溶化抗原を用いて、Western Blot 法と ELISA 法により、血清サンプル中の抗ブルセラ抗体の特異性を調べた。二次抗体として HRP(Horseradish Peroxidase)標識した ProteinA/G、抗ミンククジラ IgG、IgM ポリクローナル抗体を用いた。
【結果・結論】*B. abortus* を用いた凝集テストによる抗ブルセラ菌抗体の保有率は、2010 年の沖合ミンククジラ 14%、沿岸ミンククジラ（鮎川：10%、釧路：31%）、ニタリクジラ 12%、イワシクジラ 4%、マッコウクジラ 0%、2006 年のミンククジラ 33%であった。調べた北西太平洋の大型鯨類では、抗ブルセラ菌抗体保有率が安定していることがわかった。さらに、Western Blot 法と ELISA を用いた解析では、ミンククジラの血清中の抗ブルセラ抗体は *B.abortus* の可溶化抗原に対し強い反応性を示したが、*B.canis* では弱いことが明らかになった。一方、クロミンククジラは、今回の凝集テストによる抗体保有率は 0%であり、過去のデータを合わせると 792 個体の血清の凝集テストが行われたが、全て陰性だった。しかし、南半球の海域では、抗ブルセラ菌抗体を有する海棲哺乳類の集団も報告されており、継続的な血清のモニタリングが重要である。

C3－5　抗シロイルカ白血球モノクローナル抗体の作製と血液細胞の分類

○齋藤　千明[1,2],大石　和恵[1],中村　欽光[1],本郷　悠貴[1,2],柿添　裕香[3],中澤　正年[4],丸山　正[1,2]
([1](独)海洋研究開発機構、[2]東京海洋大学大学院、[3]名古屋港水族館、[4]横浜市立大学・医学部)

【目的】鯨類は完全な水棲適応を遂げたユニークな哺乳類である。その免疫機構を明らかにする基盤を構築するため，白血球を更に細分化できるような特異的モノクローナル抗体の作製を試みた。
【材料と方法】成熟雄シロイルカ（*Delphinapterus leucas*）の末梢血液より分離した白血球を 7 週齢雌マウス(BALB/c)に 14 日間隔で 3 回免疫した。3 回目の免疫の 4 日後に脾臓を摘出し，同系統マウスの NS-1 細胞と細胞融合を行った。融合細胞を HAT 培地で選択し，37℃，$CO_2$5%の条件で培養した。シロイルカの 2%パラホルムアルデヒドで固定した白血球を抗原，融合細胞培養上清を一次抗体とする免疫染色により抗体をスクリーニングした。免疫染色の結果，陽性であった抗体産生細胞は限界希釈法によりクローニングした。得られたモノクローナル抗体を用いて，シロイルカ由来の皮膚や脾臓等のホルマリン固定組織を抗原とした免疫染色を行った。
【結果】得られたモノクローナル抗体の抗原特異性を調べたところ，顆粒球(分核球)のみ，単核球のみ，顆粒球と単核球の両方を認識するクローンのあることがわかった。顆粒球を標的とするクローンは、細胞内顆粒あるいは細胞膜を特異的に認識した。また、単核球を標的とするクローンは、細胞全体あるいは細胞膜を特異的に認識した。一部のモノクローナル抗体は，皮膚等の組織においても，局在する血球に対して陽性の反応を示した。
【結論】作製したモノクローナル抗体の多くは顆粒球を認識し，一部単核球を認識した。今後，より多くのクローンの性状を解析するとともに，全身の組織における標的血球の分布とその機能を明らかにし，鯨類の免疫機構の解明に役立てたい。

C3－6　ダニ媒介性感染症のリスク評価への小型哺乳類の生態学的研究からのアプローチ

○中本　敦[1,2]・木田浩司[1]・森光亮太[2]・小林秀司[2]・岸本壽男[1]
(岡山県環境保健センター[1]・岡理大・理[2])

近年、野生動物由来の新興・再興感染症による健康被害が増加している。1984 年に発見された日本紅斑熱は、リケッチアの一種 *Rickettsia japonica* を保有するマダニ類に咬まれることによって人体に感染、発症する熱性発疹性疾患である。現在、その発生は西日本を中心とした地域で拡大傾向にある。流行地域がスポット状であることから、病気の発生や伝播にはマダニ類を運搬する哺乳類（小型齧歯類やニホンジカ）の移動や生息密度が関与していると考えられているが、その実態は明らかでない。本研究は、従来の哺乳類の生態研究に新たに疫学的な視点を加えることで動物媒介性の感染症の発生メカニズムの解明とリスク評価を行うことを目的としている。野外調査は 2009 年に最初の患者が確認された岡山県の全域を対象とし、2010 年 10 月～2011 年 6 月の期間に毎月 5 ヶ所程度行った。小型哺乳類の生息調査はシャーマントラップによる捕獲を山地、河川敷、休耕地のいずれかの環境で実施し、種と繁殖状態を記録した。同時に旗振り法によってマダニ類を捕獲し、一部の個体については L929 細胞を用いた細菌分離と遺伝子検索によってリケッチアの保有状況を確認した。食虫目 2 種（ジネズミ、ヒミズ）、齧歯目 6 種（スミスネズミ、ハタネズミ、カヤネズミ、ヒメネズミ、アカネズミ、ハツカネズミ）、計 104 個体を捕獲した。捕獲個体の半数以上（61.5%）がアカネズミ *Apodemus speciosus* であった。アカネズミの捕獲率のピークは 11 月と 3 月に見られ、年 2 回の繁殖によって個体数が季節変動すると思われた。それぞれの種には標高（または自然度）とハビタットに対する選択性が見られたが、アカネズミは県内全域の様々な環境で見られた。マダニ類は山地で多く採集された。これまでのところリケッチアは検出されていないが、山地部におけるアカネズミの生息密度の高まりと周辺への移動が人の生活圏にマダニ類及びリケッチアを浸潤させている可能性も疑われる。さらに調査を継続し、生態学的視点からのリケッチア感染のリスク評価に繋げたい。

C3－7 キタキツネと狂犬病 ―北海道における森林型流行の可能性―

○浦口宏二（北海道立衛生研究所）

狂犬病は、我が国の動物では50年以上も発生がない。しかし、島国や北欧などごく一部を除いて現在も世界中で発生し続けており、海外から我が国に狂犬病に感染した動物が持ち込まれる可能性が繰り返し指摘されてきた。特に北海道には年間数千隻のロシア船が寄港し、その約６割にイヌが乗せられているという報告もある。これらのイヌがしばしば日本の埠頭に不法に上陸していることが知られている。万一、これらのイヌが狂犬病に感染していて、日本の人や動物を咬めば、我が国に狂犬病の再発生も起こり得る。狂犬病には２つの流行パターンがあり、アジアではイヌが主な感染動物（都市型流行）であるのに対し、欧米などでは主に野生動物が感染動物となっている（森林型流行）。特にヨーロッパではキツネが主な感染動物であり、北海道にはヨーロッパと同種のキツネが多数生息しているという特徴がある。キツネに関して北海道の特殊性を明らかにするため、北海道、本州、四国、九州の100km^{2}あたり狩猟頭数とハンター100人あたり狩猟頭数を比較した。その結果、北海道では本州、四国、九州の数倍から数十倍以上のキツネが捕獲されていることが明らかになった。また、国内高速道路におけるキツネの事故死体数も北海道が圧倒的に多く、北海道のキツネ個体数は、日本の他の地域よりも桁違いに多いと考えられた。次に、ロシア船の寄港の多い北海道の４つの港において、冬期に埠頭上の足跡調査を行った結果、３つの港でキツネの侵入が確認された。以上の結果から、北海道には多数のキツネが生息し、外国犬が不法上陸する埠頭にも侵入しており、万一狂犬病感染犬と接触した場合には、狂犬病に感染する可能性を否定できないと考えられた。今後は、北海道のキツネが狂犬病に感染した場合、どのような速度で流行が拡散するのか、しないのか、どのような対策をどの範囲で行えば早期の撲滅に有効なのかなど、北海道の港湾の位置や周辺の環境情報、キツネの個体群密度情報も含めたシミュレーションが必要になると思われた。

D1－1　糞中 DNA を用いたキタキツネ（*Vulpes vulpes schrencki*）の食性解析

○多田智記[1]・松井遥沙[2]・近藤　慧[3]・和田健太[2]・白木彩子[2]・横濱道成[1, 2]・吉川欣亮[1, 4]
（[1]東農大院　生産・[2]東農大　生産・[3]知床財団・[4]都医学研　哺乳類遺伝）

糞便を用いた野生動物の食性分析には、糞中に残留した未消化物を顕微鏡下により同定する手法が一般的であった。しかし、それらを同定するためには熟練した技術と長時間の観察を要することから近年では、糞中に含まれる DNA から分子遺伝マーカーを用いて食性解析を行った研究が報告されており、その有用性が示されつつある。我々は、北海道に生息するキタキツネをモデルとして糞中 DNA を用いた食性分析および個体識別法の確立を目指している。本発表では、キタキツネ集団の糞中 DNA を指標とし食性分析を試み、さらに顕微鏡下において同定された食性プロフィールとの比較を行った結果について報告する。東京農業大学オホーツクキャンパスファイントレール周辺において回収された 273 個の糞からゲノム DNA を抽出し、キタキツネを特異的に検出する mtDNA マーカーにより種同定を行った。その結果、260 個（95.2%）の糞便においてはキタキツネゲノム由来の mtDNA 断片が検出され、我々が採取した糞便はキタキツネ由来であることが確認された。次に、キタキツネの糞と同定されたゲノム DNA を用いて、キタキツネの高頻度な捕食が予測されるエゾヤチネズミ、ヒメネズミおよびドブネズミの mtDNA をそれぞれ特異的に増幅するプライマーセットを設計し、フラグメント解析による食性分析を行った。その結果、キタキツネ糞中から、エゾヤチネズミ、ヒメネズミ、ドブネズミがそれぞれ 41.7%、2.9%、6.7%の割合で検出され、キタキツネはこれらのうちエゾヤチネズミを最も多く捕食することが示された。この結果は、顕微鏡下により同定された食性プロフィールとよく一致したが、糞中 DNA に基づく食性分析は、顕微鏡下においては検出されなかったドブネズミの検出が可能であったことから、本法のキタキツネ食性分析への有用性が確認された。現在、キタキツネの捕食が予測される他の動物種について、糞中 DNA を用いた食性解析を進めている。

D1－2　韓国におけるユーラシアカワウソ *Lutra lutra* のポテンシャル・ハビタット・マップ作成

○金　炫稹[1]・増澤　直[2]・伊勢　紀[2]・安藤　元一[1]・小川　博[1]
（東農大[1]・株式会社地域環境計画[2]）

韓国に生息するユーラシアカワウソ *Lutra lutra* は絶滅の危機に瀕しているとされていたが、近年の調査では痕跡数や目撃事例が増加するなど回復傾向も見られる。また社会的にも希少種としてのランクを絶滅危機種 1 級から 2 級に変更するこや、同国四大河川の巨大改修工事におけるカワウソへの影響についてもさまざまな論議がまきおこっている。しかし、韓国におけるカワウソの個体数調査例は少ない。そこで本研究では地理情報システム(GIS)を用いて生息可能な環境を抽出し、現時点の環境下における韓国全域の生息個体数の推定を試みた。既に糞の痕跡調査が行われている地域を対象に 15×2km^2 の区域 4 ヶ所、4×4km^2 の区域 48 ヶ所および韓国全域の区域を設定し、痕跡のある場所と様々な環境要素との関わりを調べた。用いた環境要素は上記の 15×2km^2 区域では 6 項目、4×4km^2 区域では 6 項目を細分化した 19 項目および韓国全域では 4 項目とした。GIS の空間分析により痕跡の場所を調べると、排泄された環境は田畑 24.1%、湿地 15.8%、草原 11.8%の順に多かったが、住居地、道路などの人工構造物の近くにおいても 12.8%の糞が見つかった。痕跡周辺の環境要素が占める区域内の面積の割合を解析したところ、痕跡周囲 1km×1km の範囲に市街地 20%以下、草原 10-80%および山林 10-70%という条件が見られた。こうした環境がカワウソの生息可能域と仮定し、韓国全域においてこれらを全て満たす環境を 30×30m^2 のセル単位に抽出してポテンシャル・ハビタット・マップを作成した。その結果、河川周辺 10,187km^2 と海岸周辺 1,508km^2 のセルが生息可能域であった。この面積に既存文献と先行研究から得られた河川1頭/km^2、海岸 0.25 頭/km^2 の生息密度をあてはめたところ、韓国全域ではおよそ 10,000 頭の生息が可能と推定された。

D1－3 鹿児島市に生息するフイリマングースの水晶体重量に基づく年齢構成と繁殖サイクルについて

○新井あいか・船越公威
（鹿児島国際大・国際文化・生物）

鹿児島市喜入町に生息している特定外来種フイリマングースは，2009 年度から現在に至るまで捕獲事業が続けられており，現在までに 115 頭捕獲された.今後の捕獲根絶を目指す上で，繁殖状況と年齢構成を知ることは重要なことである．そこで，捕獲された雄 47 頭，雌 68 頭の水晶体重量を計量し，阿部(1995)の回帰直線式から年齢査定を行い，年齢構成を知るとともに生殖器の発達状況と併せて繁殖サイクルを推定した.その結果，平均日齢は 250 日齢(0.5~1.0 年)であり，最大で 2 年半以上生きている個体も示唆された．また，各年齢群の比率をみると 1.5 歳までは徐々に減少していくが，1.5 歳を超えると急激に減少していた．出生年月日を算出した結果から，3~5 月，7~10 月に出産期のピークが推定された．一方，繁殖活動が低下する 12~2 月にも出生している少数個体が予測され，年間を通して出産していることが示唆された．雄の精巣平均重量季節的変化や雌の乳腺の発達や妊娠状態から，交尾期は 2~8 月に，授乳期は主に 4~9 月に集中していると考えられる．

D1－4 イタチ科 2 種における体毛の微細構造の違いによる種判別の試み

○永里歩美・船越公威
（鹿児島国際大・国際文化研究科）

食肉類のフィールドサインである糞に基づく調査研究を行う場合，排泄糞の種を正確に判断する必要がある．ニホンテンとイタチの糞は太さや大きさが異なるが，類似しており，排泄されてから時間が経過すれば判別は困難になる．糞には体毛が高頻度で含まれており，①他の哺乳類を捕食したか，②グルーミングによる自身のものかが考えられる．①はたいていの場合，骨片も糞から出現する．そのため，体毛のみ出現した場合，グルーミングによるものである可能性が高い．

そこで，体毛による種判別ができないかを検討した．今回は，より簡便でコストのかからない方法を確立することを目標にした．ニホンテンとイタチのキューティクルはひし形をしており，きれいに並んでいるため計測には適していると考えた．調査方法として，実体顕微鏡の接眼レンズはめ込み式のデジタルマイクロスコープを用いた．デジタルマイクロスコープ付属の計測ソフトによって体毛キューティクルの部位の計測を行った．ニホンテンとイタチの標本各 5 個体の頭部・胴部（主に背面）・四肢・尾部から体毛を任意に 10 本ずつ採取し，スンプ標本として作成した後，デジタルマイクロスコープにより 220 倍で撮影した．両種に共通にみられるひし形のキューティクルは毛根部にしかみられないため，できるだけ毛根がついた状態のものを選び，キューティクルが現れた部分から 0.5mm の範囲内にある 10 個のキューティクルの長径と短径を計測した．その結果，すべての部位の短径においてニホンテンとイタチの間に有意差がみられた．今後はさらにサンプルを増やし，計測点なども検討する必要がある．

D2－1　スミソニアン自然史博物館に収蔵されている明治期の日本産哺乳類標本 ～P. L. Jouy コレクションについて～

○河合久仁子[1,2]・Kristofer M. Helgen[2]
（北海道大学北方生物圏フィールド科学センター[1]・スミソニアン国立自然史博物館哺乳類部門[2]）

博物館に標本が保管された経緯は、収集時の社会情勢や人的な動勢が大きく影響している。このため、標本に付随する資料を読み解くことで、収集された経緯や歴史的な背景が明確になる。そのような観点から、発表者らは日本の哺乳類学の黎明期との関連性が深いと考えられる明治時代から第二次世界大戦終結前までに採集された国内外の博物館標本とそれに付随する資料を調査し、日本の哺乳類学の成り立ちを明らかにしようとしている。

発表者は、この調査の一環として、アメリカ合衆国のスミソニアン国立自然史博物館に収蔵されている明治時代から第二次世界大戦前に収蔵された日本産哺乳類の標本を調査し、その概要を明らかにした。スミソニアン博物館の哺乳類部門には世界中から集められた 590,000 点以上の標本が保管されている。このうち 1,969 点が日本産標本であり、25 科 58 属 89 種であった。また、明治時代から第二次世界大戦前に収蔵された標本が 291 点含まれていた。本報告では、これらの標本のうち P. L. Jouy によって明治 15 年～明治 17 年に収集された標本に焦点をあて、時代的な背景とともにその価値について議論する。

D2－2　Gastrointestinal passage time of seeds ingested by captive Japanese martens *Martes melampus*

○Yamato Tsuji[1]・Sayako Miura[2]・Toshiaki Shiraishi[2]
（Primate Research Institute, Kyoto University[1]・Toyama Municipal Family Park Zoo[2]）

The time it takes for ingested seeds to pass through the gut of animals is an important aspect of endozoochorous seed dispersal because it influences seed dispersal distance. Variations in the physical characteristics of seeds, such as their weight, volume, and specific gravity, can affect their movement through the gastrointestinal system of a given animal. We conducted feeding experiments with captive Japanese martens, *Martes melampus* (n = 4), at Toyama Municipal Family Park Zoo, central Japan to examine the effects of the physical characteristics of seeds on their passage times. The mean (±SD) transit time, mean retention time, and time of last appearance of four different types of commercial seeds were 2.6±0.3 h (range 0.6 – 5.4), 9.7±1.1 h (3.8 – 17.3), and 23.8±3.1 h (12.2 – 51.8), respectively. All of these values are greater than those found during previous experiments conducted with mustelids. Similar to previous studies, however, none of these passage time variables was correlated with the physical characteristics of seeds. Our results thus indicate that martens disperse seeds of different plant species, whose size, volume, and specific gravity all fall within the range of those used in the present study, from parent-plants at similar distances.

D2－3 The difference of pelvic shape between terrestrial and semiaquatic carnivores

○Keiko Fukuoka[1], Masaharu Motokawa[2]
（Grad. sch. of Sci. Kyoto Univ[1], The Kyoto University Museum[2]）

In this study, the morphology of carnivoran pelvis is compared using three dimensional geometric morphometrics. This study focuses on the pelvic difference between terrestrial and semiaquatic carnivores. 38 landmarks are collected from a total of 76 individuals of 7 pinnipeds, 4 species nearly living in water (*Enhydra lutris*, *Lutra lutra*, *Mustela vison*, and *Ursus maritimus*), and 7 terrestrial species.
The results show that species more adapted for the life in water have more conical shaped pelvis. This change was characterized by that the ischial tuberosity went inner and the pubic symphysis went caudal direct. Semiaquatic mammals might take this less water resistance shape due to buoyancy although these changes seem to be disadvantageous in terrestrial species since this makes it difficult to sustain their body weight and internal organs. The pelvic shape change is influenced by the life style of its animal. This change for semiaquatic life has occurred in different clades such as Otariidae and Phocidae in parallel.

D2－4 Sexual dimorphism of skull allometry in the Japanese weasel *Mustela itatsi*

○Satoshi Suzuki[1],Masaharu Motokawa[2]
（Dept. Zool., Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.[1], Kyoto University Museum, Kyoto Univ.[2]）

The Japanese weasel *Mustela itatsi*, an endemic species of Japan is known to have remarkable sexual size dimorphism (SSD). It is reported that SSD generally increases proportionally with body size in *Mustela*. However, *M. itatsi* shows greater SSD than expected for their given size. Although size difference has been the focus of most previous studies on sexual dimorphism of *Mustela* skull, shape difference between sexes has seldom been quantitatively evaluated. In this study, we analyzed sexual difference of skull shape by comparing bivariate allometric patterns of 44 skull measurements against condylobasal length (CBL), using 30 adult specimens of *M. itatsi* (male 16, female 14). Among the measurements we assessed, 29 linear measurements showed significant correlations with the CBL. In the standardized major axis regressions using these measurements, three measurements showed significant differences of slopes between sexes. This indicates that nasal length, zygomatic length, and mandibular depth of female are more strongly affected by the skull size variation. Nine measurements showed significantly different elevations between sexes. This indicates that female possesses relatively larger neurocranium and wider rostrum. Differences of allometric trajectories between sexes suggest that female is not simply a dwarf morph of male and imply that remarkable sexual difference of ontogenetic patterns (growth duration and speed of each skull component) reflects intersexual differences of life history strategies.

D2－5 Testing heterochrony for dietary adaptations in skull morphology of canids

○Masakazu Asahara[1]・Masaharu Motokawa[2]
（Graduate School of Sciences, Kyoto University[1]・Kyoto University Museum, Kyoto University[2]）

During ontogeny in canids (Canidae, Carnivora), skull shapes were changed from brachycephalic (with smaller snout) to dolichocephalic (with larger snout). Similar morphological variation exists as a result of dietary adaptations among whole Carnivora. That is, carnivorous species have brachycephalic skulls and omnivorous species have dolichocephalic skulls. Thus, we could hypothesize that such variation in skull morphology was resulted from heterochronic evolution. To test this hypothesis, we compared skull morphology of canids including juveniles and adults using three-dimensional geometric morphometrics and several measurements. Then, ontogenetic trajectories were compared among species. We found some cases of large carnivorous species could be interpreted to heterochronic evolution as progenesis in shape. However, ontogenetic trajectories of skull shapes largely varied and thus simple heterochronic evolution as progenesis or hypermorphosis could not explain for most variations of skull shape in canids. On the other hand, size of the snout shared similar ontogenetic allometric lines among species and thus size of snout is adaptable to heterochronic explanation. However allometric lines of lengths constituting proportion of snout varied among species. Our results raised conflict between size and shape morphogenesis and inferred that heterochrony is mainly important for size morphogenesis.

D2－6 Allometry of masticatory muscles of the order Carnivora

○Kaoru Furuuchi[1]・Hideki Endo[2]
（Department of Earth and Planetary Science, The University of Tokyo[1], The University Museum, The University of Tokyo[2]）

Carnivora has been focused on its mastication by the dental morphology and the morphometrics of its skull. On the other hand, myological approaches have not been carried out enough. This study conducts the gross anatomy of the four masticatory muscles (masseter, temporalis, medial and lateral pterigoid) in the 18 species of carnivores to examine the relationships between the muscle mass and the fascicle length. In the double logarithmic plot (x-axls: the fascicle length, y-axls: the muscle mass), the masseter and temporalis, the main generators of bite force, were highly correlated. The former: $y=2.879x+0.419$, $R^2=0.941$, the latter: $y=2.940x+0.507$, $R^2=0.926$. The growth of the two muscles showed an isometric trend, and was not influenced by phylogenetical status and feeding behaviors in each species. The results suggest that the bite force of carnivora may be determined by fascicle length rather than the muscle shape at least in the masseter and temporalis.

D2－7 Morphological diversity and functional significance of the ossicles among lipotyphlans

○Misato Hosojima[1]・Daisuke Koyabu[2]・Hideki Endo[1]
（The University Museum, The University of Tokyo [1], The Kyoto University Museum[2]）

Considerable interspecific morphological variations are observed in the auditory ossicles among mammals. The low-frequency sound is the most dominant in the underground environment, and the subterranean species use low-frequency sound for auditory perception. In this study, we hypothesized that the patterns of morphological diversity in the ossicles is influenced by variation in lifestyles. To test this hypothesis, we morphologically compared the ossicles among the lipotyphlan species which include various lifestyles, such as terrestrial, semi-subterranean, and subterranean. We conducted 3D reconstructions of micro CT images of the ossicles for one species of hedgehogs, seven species of shrews, one species of solenodons, and six species of moles. Then, linear traits and surface areas were compared among species. The ratios of malleus lever arm against incus lever arm were lower in the order of subterranean, semi-subterranean, and terrestrial lifestyle. In contrast, the stapes-footplate areas were larger in the order of subterranean, semi-subterranean, terrestrial lifestyle. In addition, the malleus/incus lever ratios and stapes-footplate areas were not correlated with phylogenetic relatedness. It has been known that reduced malleus/incus lever arm ratio and enlarged stapes-footplate areas can efficiently transmit low-frequency sound. Therefore, we suggested that the morphological diversity in the ossicles may be evolutionarily correlated to the variation in lifestyles among liphotyphlan species.

D2－8 Heterochrony of cranial ossification sequence in Boreoeutherian mammals

○Daisuke Koyabu[1]・Marcelo R. Sánchez-Villagra[2]・Hideki Endo[3]
（The Kyoto University Museum[1], Paleontological Institute and Museum, University of Zürich[2], The University Museum, The University of Tokyo[3]）

To investigate the role of ontogenesis in producing adult morphological diversity, the most comprehensive analysis to date on osteogenesis of 22 cranial elements in 42 species of mammals was conducted, spanning over nine orders. Results demonstrate that mammals are characterized by the delayed onset of pterygoid relative to other bones compared to the sauropsid outgroups. Given the evolutionary fact that the pterygoid bone has experienced a relative size reduction in mammals from the condition of early synapsids, we suggest that the late shift of the pterygoid is linked to the evolutionary reduction of this bone in mammals. In addition, we find that moles are characterized by the extremely early development of the bones that constitute the vomeronasal complex (nasal, vomer, palatine, frontal, and pterygoid). Since the vomeronasal complex is relatively robust compared to those of the moles' close relatives (shrews and hedgehogs) and plays an important role in fossorial lifestyle, we suggest that the early developmental shift of vomeronasal bones in moles reflects their functional emphasis on this morphological complex. We also detect a pattern of step-by-step early shifts of the occipital bones in human evolution. Basioccipital moves earlier in Euarchontoglires, supraoccipital shifts earlier in Primates, exoccipital moves earlier in Catarrhini, and exoccipital shifts further earlier in *Homo sapiens*. As these bones have been proportionally enlarged in the human lineage, the gradual acceleration of occipital bone development may be linked to evolutionary expansion of these bones. Our comprehensive study on cranial ossification sequence reveals that numerous sequence heterochronies have occurred along the evolution of mammals and suggests that shifts in developmental program may reflect evolutionary changes in life histories.

D3－1 Elbow extensor, flexor, and adductor moment arms as an indicator of forelimb posture and scansorial ability in quadrupedal tetrapods

○Shin-ichi Fujiwara[1,2]・John R. Hutchinson[2]
（The University Museum, The University of Tokyo[1]・Royal Veterinary College[2]）

Forelimb postures (e.g., sprawling and sagittal) and scansorial abilities have dramatically diversified in the tetrapod lineage. But the skeletal morphologies that indicate either posture or locomotor abilities are not well understood. Hence, forelimb postures of some extinct taxa (e.g., desmostylian mammals) have been reconstructed in different ways among researchers. Here we report a new forelimb posture indicator which is applicable to a majority of extant tetrapods. First, the degree of elbow joint adduction/abduction mobility was determined in some lizard specimens. This step revealed that the carpal flexors also function as elbow "adductors", which may play a major role during the stance phase in sprawling postures (e.g., toads, monotremes, moles, lizards). This function is different from sagittal and creeping (against surface friction: e.g., sloths) limb postures which respectively depend more on elbow extensors and flexors for propulsion. Measurements of elbow muscle moment arms in 313 extant tetrapod skeletons (Anura, Testudines, Lepidosauromorpha, Crocodilia, Aves, and Mammalia: 32 orders, 122 families, and 259 genera) revealed that sprawling, sagittal, and creeping tetrapods respectively emphasize elbow adductor, extensor, and flexor muscle functions over others. Furthermore, scansorial taxa possess relatively larger elbow flexor moment arms than non-scansorials. Therefore, forelimb postures of extinct tetrapods can be reconstructed based on our new quantitative index. Desmostylian mammals are categorized as sagittal non-scansorials based on this indicator.

D3－2 Macroscopic observation of male and female reproductive organ in Korean water deer (*Hydropotes inermis*)

○JoonHyuk Sohn[1]・YungKun Kim[1]・Sang-In Kim[1]・Peter Wooding[2]・Junpei Kimura[1]
（College of Veterinary Medicine, Seoul National University, Seoul, Korea[1],
College of Physiology, Development and Neuroscience, University of Cambridge, UK[2]）

The water deer is known to be an endemic species in Korea and some limited areas in East China and South-eastern part of England. There have been no studies of their basic reproduction. To understand the reproductive strategy of this species, their male and female reproductive organs were anatomically observed. The ampulla of deferent duct, vesicular gland, prostate gland (body and diffuse part) and bulbourethral gland were identified. Their shape, location and structure were basically similar to that of goat and sheep like small ruminants. The existence of the spermatozoon was histologically confirmed in the lumen of the convoluted seminiferous tubule of individuals obtained on late October to December. Spermatogenesis might take place in specific periods. The uterus was categorized as a bicornuate uterus. The placentomes existed in the whole uterine horns and numbered 6. The volume of each cotyledon was 16-17cm^3. The shape of the placentome was convex. The placenta can be classified as an oligocotyledonary placenta. The number of fetus is 2-4 and is exceptionally larger than in other ruminant species. Although the number of placentomes is similar to other cervidae species, there might be some special mechanism or structure in the attachment site of the fetus to accommodate an extraordinary number of fetuses in the water deer. These results may contribute to the management and conservation of this species.

D3－3 Geographic variation in cranial shape of the greater Japanese shrew-mole (*Urotrichus talpoides*) reflects chromosomal variation patterns

○Laura A. B. Wilson[1]・Masaharu Motokawa[1]・Masashi Harada[2]・Norman MacLeod[3]・Eugenie Barrow[4]・Marcelo R. Sánchez-Villagra[5]
（The Kyoto University Museum[1], Osaka City University Medical School[2], Natural History Museum[3], University of Oxford[4], University of Zürich[5]）

Two karyotype races of the greater Japanese shrew-mole (*Urotrichus talpoides*) are known to occur on Honshu, with the boundary being found along the Kurobe-Fuji line. We conducted the first study of geographic variation in cranial morphology to test whether chromosomal variation patterns were reflected in morphological data and to quantify geographic shape variation. In total, 174 shrew-moles were analysed using landmark- and outline-based geometric morphometric methods. Results indicate ventral and dorsal cranial morphology differed between shrew-moles from western and eastern Honshu, in agreement with chromosome variation boundaries. Inclusion of other island populations revealed differences between shrew-moles in Kyushu, Tsushima and North Honshu. Shrew-moles from Tsushima and North Honshu have a progressively more elongated zygomatic arch and lengthened rostrum compared with those from Kyushu. For the dentary, geographic separation was greatest for the coronoid process. Shrew-moles from eastern Honshu are characterised by a coronoid process with a shorter anterior margin and slightly broader tip compared to western Honshu populations.

D3－4 CRANIOMETRIC VARIATION AMONG THE RACCOON DOG POPULATIONS IN EURASIA

○Sang-In Kim[1,2], Kaarina Kauhala[4], Hang Lee[2,3], Mi-Sook Min[2,3], and Junpei Kimura[1]
（Lab. of Vet. Anatomy[1], Conservation Genome Resource Bank for Korean Wildlife[2], Research Inst. for Vet. Sci. and Coll. of Vet. Med. Seoul Nat'l Univ., Korea [3], Finnish Game and Fisheries Research Inst., Finland[4]）

The raccoon dog, *Nyctereutes procyonoides*, is an endemic species in East Asia but can be found as far as Europe after being introduced from eastern part of Russia about 70 years ago. Currently this species is divided into six subspecies depending geographic distribution. Recent studies have proposed that Japanese raccoon dogs should be classified as a distinct species from other subspecies because of its unique chromosome number. However, since there have been few studies using molecular markers and morphological characters, geographical variation among all raccoon dog populations remain unclear. To clarify the morphological variation among raccoon dog populations, we examined 480 skulls consisting of five subspecies from seven locations: Korea, Honshu, Shikoku, and Hokkaido in Japan, Northern China, East Russia and Finland. Our results indicated that Finnish raccoon dogs possessed substantially different shape of skull and teeth by validity of Bergmann's rule. Variation analysis also showed that Hokkaido populations were significantly different from other populations within the Japanese raccoon dogs and this might be affected by isolation by Blakistone's line. We insist that Bergmann's rule could be one of the influential factors affecting the skull morphology of the Finnish and Hokkaido populations. This study suggests the revaluation of the taxonomic status of these subspecies and management of raccoon dogs. Extension of morphological studies will also be necessary to confirm of these interpretations.

D3－5 The origin of the sable in Hokkaido inferred from mitochondrial NADH dehydrogenase subunit 2 gene sequences.

○Jun J. Sato[1]・Tetsuji Hosoda[2]・Alexey P. Kryukov[3]・Irina V. Kartavtseva[3]・Hitoshi Suzuki[4]
（Dept. Biotech., Fukuyama Univ.[1]・Taikyu High School[2]・Inst. Biol. Soil Sci., FEB, Russ. Acad. Sci.[3]・Grad. Sch. Env. Earth Sci., Hokkaido Univ.[4]）

Genetic status and the origin of the sable *Martes zibellina* (Carnivora, Mustelidae) in Hokkaido was evaluated by comparing the genetic diversity of populations in Russian Far East and Hokkadio, using nucleotide sequences of the mitochondrial NADH dehydrogenase subunit 2 gene (976 base pairs). Molecular phylogenetic (Maximum likelihood and Bayesian inference approaches) and network (Median joining method) analyses recovered the monophyly of the sables originated from Hokkaido. Bayesian-relaxed molecular clock dating approach estimated the date for the migration of sables into Hokkaido to lie between 0.10 and 0.27 million years before present. Taking into account the geological evidence that Hokkaido was not connected to the other Japanese islands but to Eurasian continent in the Late Pleistocene period and that the sables have not been found on the Japanese islands other than Hokkaido, the Late Pleistocene period was supposed to be the most plausible epoch for the establishment of the sable in Hokkaido. Lower genetic diversity of the Hokkaido population of the sable observed in this study was probably caused by the founder effect in the establishment of the sable population on the island or excessive hunting by humans for fur industry. We further discuss the genetic diversity of populations in Russian Far East and mammalian faunal constructions in Hokkaido.

D3－6 Organization analysis of the mitochondrial DNA control region in the genus *Naemorhedus* and *Capricornis* in the tribe Caprini (Bovidae)

○Junghwa An[1,3], Hideo Okumura[2], Yun-Sun Lee[1], Kyung Seok Kim[1], Mi-Sook Min[1], Hang Lee[1]
（CGRB, Research Institute for Veterinary Science, College of Veterinary Medicine, Seoul National University[1], FFPRI, Tsukuba, Ibaraki, 305-8687, Japan[2], NEI, Ministry of Environment, South Korea[3]）

Gorals (*Naemorhedus* species) and Serows (*Capricornis* species) are closely related species in the tribe Caprini. In order to investigate the patterns of variation across the control region domains of mitochondria, a study on the comparative analysis both within and between species was accomplished. Complete sequences of the mitochondrial control region (1031-1212 nt) from 73 specimens of 5 species (2 *Naemorhedus* species, 2 *Capricornis* species, 1 *Capra hircus*) were aligned and analyzed. A total of 15 haplotypes from *N. caudatus*, 1 from *N. goral*, 8 from *Capra hircus*, 2 from *C. swinhoei*, and 27 from *C. crispus* were tested for reconstructing the phylogenetic tree. Based on comparative analysis of control region sequences of five species for the present study, we also found three distinct domains as described firstly by Sbisa (1997): ETAS, central, and CSB domain. As base composition of three domains, A+T<G+C was found. Three tandem repeats (about 76 nt) were found in left domain of control region of *N. caudatus* and *N. goral*, while two tandem-repeated sequences were identified in *C. crispus* and *Capra hircus*. CSB-1 and polypyrimidine tract were also represented and showed homologous region compared with other domains. In the aligned sequences of tandem repeats, two pairs of mirror symmetry sequences (TACAT, ATGTA) were found. The phylogenetic inference by complete sequence of control region implied that *Naemorhedus* and *Capricornis* had distinct clade as a different genus, concordant with the findings previously described by cytochrome *b*.

D3－7 Population genetic structure and evolutionary history of Eurasian red squirrels, *Sciurus vulgaris,* from East Asia

◯Lee, Mu-Yeong[1]・Lee, Seo-Jin[1]・Inna Voloshina[2]・ Bayarlkhagva, Damdingiin[3]・Min, Mi-Sook[1]・Lee, Hang[1]
（Conservation Genome Resource Bank for Korean Wildlife,College of Veterinary Medicine, Seoul National University[1] Lazovsky State Nature Reserve, 56 Centralnaya St., Lazo, Primorsky Krai 692980, Russia[2]
Department of Molecular Biology, National University of Mongolia, Ulaanbaatar 210646, Mongolia[3]）

Understanding the correct population subdivision and extent of genetic divergence among populations is decisive for development of efficient management and conservation plan. Using two different kinds of genetic markers, mitochondrial DNA (mtDNA) and microsatellite loci, we evaluated population genetic structure of Eurasian red squirrels collected from Russia, China, Mongolia, and South Korea. The mtDNA data showed gene genealogies of *S. vulgaris* are not structured while microsatellites outcomes indicated three population genetic structures according to geographic affiliation. In particular, the star-like pattern and low genetic variation were observed from mtDNA. The discrepancy of results between mtDNA and microsatellite loci could be caused by several factors such as sex-biased dispersal, differences in refugial effective population size, or time frame difference each genetic marker showed. We will think about which factors result in this contrasting population genetic structure of *S. vulgaris*.