

企画シンポジウム

9月7日(金)

S-1

会場:26番

14:00~17:00

食肉目における哺乳類学と研究最前線

企画者:増田隆一(北海道大学大学院理学研究院)、  
浦口宏二(北海道立衛生研究所)、  
西田義憲(北海道大学大学院理学研究院)、  
鈴木 聡(神奈川県立生命の星・地球博物館)、  
服部 薫(北海道区水産研究所)、金子弥生(東京農工大学)

9月8日(土)

S-2

会場:総合実験実習棟 2F、30番

9:30~12:00

撮影枚数のその先へ~自動撮影カメラデータの最新活用法

企画者:飯島勇人(森林総研), 中島啓裕(日大), 安藤正規(岐阜大)

## 食肉目における哺乳類学と研究最前線

増田隆一（北海道大学大学院理学研究院）、浦口宏二（北海道立衛生研究所）、  
西田義憲（北海道大学大学院理学研究院）、鈴木 聡（神奈川県立生命の星・地球博物館）、  
服部 薫（北海道区水産研究所）、金子弥生（東京農工大学）

食肉目（食肉類）は様々な生態系の頂点に立つ哺乳類であり、日本列島にもこのうちの13種が在来種として分布する。これらには、日本固有種のほか、アジア固有種、北半球の広域種、島嶼個体群が含まれるため、日本列島の動物相は世界的に見ても極めて多様である。食肉類は大変興味深い生物学的特徴を示し、捕食と被食の関係、宿主と寄生者の関係、タメ糞や匂い物質による個体間コミュニケーション、なわばりと社会構造、種子散布、都市動物、遺伝子進化と適応の関係、絶滅危惧からの保全、外来種からの在来種保全、など様々な観点に着目し基礎から応用に及ぶ多様な研究が行われている。しかし、一見多様に見えるこれらの特徴もすべて、生態系において食肉類と他の動植物との関連のうえに成り立っているため、食肉類の研究は同時に総合的な哺乳類学の研究でもある。日本固有の食肉類を対象にして研究に取り組むことは、独自性の高い哺乳類学を日本から発信することにつながる。一方、広範に分布する他種と比較するために国際共同研究の必要もあり、海外との研究交流も当然重要である。本シンポジウムでは、気鋭の食肉類研究者たちが、独自またはグローバルな最近の研究成果とともに食肉類の魅力をわかりやすく熱く語る。

なお、本シンポジウムでの演者らによる研究最前線は、東京大学出版会『日本の食肉類：生態系の頂点に立つ哺乳類』（近刊）に紹介されている。

### 種間のコンタクトとハイブリダイゼーション：イタチ科、イヌ科、ネコ科を考える

増田隆一（北海道大学・理・生物）

生物の種分化の主要な要因は地理的隔離であるが、自然的または人為的な動物移動により、新たに出会った動物の種間で雑種化（ハイブリダイゼーション）が起こることがある。本講演では、私たちの研究室で取り組んでいるイタチ科の遺伝的解析と雑種化について考察する。さらに、外来種を含めたイヌ科およびネコ科における雑種化の海外の例も紹介しながら、雑種化という現象を生物学的および保全学的な側面からも考えたい。

### 寄生虫がつなぐ哺乳類の種間関係：キツネを中心に

浦口宏二（北海道立衛生研究所）

哺乳類の種間関係には、捕食・被食などの直接的な関係だけでなく、寄生虫の寄生を通じた媒介者としての関係も含まれる。北海道で流行しているエキノコックス症は、本来キツネと野ネズミ類を宿主とする寄生虫が、偶発的にヒトに寄生することによって起こる人獣共通寄生虫症である。本講演では、キツネを中心として、寄生虫を通して結ばれるヒトを含めた複数種の哺乳類の関係について考察する。

### 免疫と食性に関する遺伝子重複と適応進化：イタチ科を中心に

西田義憲（北海道大学・理・生物）

現在までの分子進化学的研究では中立的な遺伝子マーカーを指標に個体や集団の遺伝的多様性が調べられてきたが、外部環境の影響による自然選択を受ける機能遺伝子の重複進化が生物適応に大きな影響を及ぼしてきたと考えられる。本講演では、ユーラシアに広く分布するイタチ科動物を主たる対象として、MHC 遺伝子の多型性や種を超えた保存、さらに、炭水化物分解酵素の遺伝子座数多型と食性適応との関係について考察する。

### 日本固有種と近縁種の形態的多様性：ニホンイタチとシベリアイタチ

鈴木聡（神奈川県立生命の星・地球博物館）

食肉類は多様な環境に進出しているグループであるが、同種内でも広域分布種においては、地域によって異なる

る環境を利用していると考えられる。その結果、地域間で形態的分化が生じている可能性がある。本講演では、日本列島の大小様々な島嶼に広く分布するニホンイタチに着目し、種内変異の解析および大陸に広域分布する近縁種シベリアイタチとの比較形態学的解析に基づき、イタチ類の形態進化について考察する。

### 海生への適応：ラッコと海洋生態系

服部薫（北海道区水産研究所）

北海道周辺には寒冷な海洋環境に適応した海生哺乳類が数多く分布している。そのうちイタチ科のラッコは沿岸に定着し、捕食を通して海洋生態系に大きな影響を与えるキーストーン種として知られる。本講演では、北海道沿岸に近年分布を広げつつある個体群の現状を紹介し、本種の定着が与える生態系および経済活動への影響について考察する。

### 社会行動と匂い物質：アナグマを中心に

金子弥生（東京農工大学）

現生の食肉目の進化に大きな役割を果たした形質の一つとして、臭腺によるコミュニケーションがあげられる。本講演では、日本固有種であるニホンアナグマ (*M.anakuma*) の社会構造について、同属のヨーロッパアナグマ (*M.meles*) と比較し、影響する生態学的要因について考察する。さらに、現在取り組む臭腺分泌物の研究の最新情報を紹介し、行動生態研究のおもしろさを伝えたい。

飯島勇人（森林総研）、中島啓裕（日大）、安藤正規（岐阜大）

自動撮影カメラは、廉価化と高性能化によって、研究者のみならずNPO、行政機関、民間人と幅広い利用者に近年急速に普及している。しかし、利用当初は野生動物が撮影できることで満足する利用者が多いが、撮影画像やその枚数以上の利用方法がないと思っている利用者は少なくない。また、大量に撮影される画像の処理に困っている利用者も少なくないだろう。自動撮影カメラは、設置段階から入念に計画し、得られたデータに対して適切な統計モデリングを行うことによって、様々な情報を引き出すことができる。特に、近年は計算機速度の向上に伴い、ベイズ主義に基づく統計モデリングに関する研究が進展している。また、近年の機械学習に関する研究の進展によって、大量の撮影画像を自動的に処理し、情報を引き出すことが可能となりつつある。本シンポジウムは、このような自動撮影カメラデータの最新研究を紹介し、日本における自動撮影カメラを用いた野生動物研究をより促進することを目的とする。

#### 自動撮影カメラで得られる撮影枚数から個体数を推定する方法 飯島勇人（(国研) 森林総合研究所）

自動撮影カメラから得られる画像に統計モデリングを適用することで、様々な情報を得ることができる。特に、近年では階層モデルの発達によって、画像データから個体数を推定することが可能となりつつある。本発表では、個体数を推定するためのモデルの原理と実際のデータへの適用事例を紹介する。

#### 画像から個体識別できない場合の個体数密度の推定方法 中島啓裕（日本大学）

撮影された動物の個体識別ができない場合、標識再捕獲法の適用はできない。近年、これらの動物の個体数密度の推定モデルが急速に発展してきた。しかし、これらの多くは、野生動物の習性やカメラの配置などに比較的強い仮定を置いており、実際のデータが仮定に反していないかを慎重に見極めたうえで適用する必要がある。本発表ではこれまでに発表されているモデルの原理を紹介したうえで、適用する際の注意点について概説したい。

#### 映像から行動データを引き出す：霊長類学における自動撮影カメラの利用 本郷峻（京都大学）

自動撮影カメラは地上性・単独性哺乳類の密度や分布を調べるために多く用いられてきたが、近年になって研究内容と対象種は多様化している。本発表では、霊長類を対象にしたカメラトラップ研究についてレビューする。特に、「カメラの映像分析から得られる行動や社会に関する新情報とは何か」と「樹上性・社会性の霊長類に対してもカメラは分布や密度推定の有効な手段となりうるか」の2点について、現状と課題をもとに議論する。

#### 機械学習によるニホンザルを対象とした個体識別技術の開発 大谷洋介（大阪大学）

演者らは従来の個体識別法を補完する手法として、深層学習（Deep Learning）技術を用いたニホンザル顔画像の登録・識別技術の開発を進めている。飼育環境下では一定の識別個体数・精度が達成され、野生環境下での検証を進めている。カメラトラップを利用した専門家不在での個体識別を将来的な目標のひとつとしており、本発表では現状の成果、および今後の展望を紹介したい。

#### 機械学習による自動撮影カメラ画像からの獣種自動判別技術の開発 安藤正規（岐阜大学）

現在、カメラトラップ1台から得られる画像の枚数は数万に達することもある。近年、コンピュータによる画像認識・識別の技術が急速に発展してきており、特に2012年以降は深層学習（Deep Learning）による画像解析技術が盛んに研究されている。本発表では、この技術を用いてカメラトラップから得られた画像の自動判別を試みた成果の概要を説明するとともに、今後の展望についても議論を進めたい。

## S1-01

## 種間のコンタクトとハイブリダイゼーション:イタチ科、イヌ科、ネコ科を考える

○増田 隆一(北海道大学 大学院理学研究院生物科学部門)

生物の種分化をもたらす主要因は地理的隔離であり、日本列島に隔離されて種分化したと考えられる日本固有の哺乳類も数多い。一方、自然または人為的に限らず、何らかの理由により近縁な別種どうしが新たに出会った(コンタクト)際には雑種化(ハイブリダイゼーション)が起こることがある。私たちはロシアとの共同研究として、イタチ科アナグマ *Meles* 属の遺伝的解析によって、ヴォルガ河周辺域でアジアアナグマとヨーロッパアナグマの間に雑種化が起こっていることを突き止めた。さらに、化石のDNA分析により、両者のコンタクトゾーンが時代とともに移動していることも明らかにした。本講演では、これらの成果に加え、外来種を含めたイヌ科およびネコ科の雑種化に関する海外の研究例も紹介しながら、哺乳類の雑種化を生物学および保全学的側面から考えたい。

## 参考文献

Kinoshita E, Abramov AV, Soloviev VA, Saveljev AP, Nishita Y, Kaneko Y, Masuda R. (2018) Hybridization between the European and Asian badgers (*Meles*, Carnivora) in the Volga-Kama region, revealed by analyses of maternally, paternally and biparentally inherited genes. *Mammalian Biology* (in press) (DOI: 10.1016/j.mambio.2018.05.003)

増田隆一 編著 (2018) 『日本の食肉類:生態系の頂点に立つ哺乳類』, 東京大学出版会, (近刊)

増田隆一 (2017) 『哺乳類の生物地理学』, 東京大学出版会.

## S1-02

## 寄生虫がつなぐ哺乳類の種間関係:キツネを中心に

○浦口 宏二(北海道立衛生研究所)

哺乳類の種間関係には、捕食・被食などの直接的な関係だけでなく、寄生虫の寄生を通じた媒介者としての関係も含まれる。北海道で流行しているエキノコックス症は、本来キツネと野ネズミ類を宿主とする寄生虫が、偶発的にヒトに寄生することによって起こる人獣共通感染症である。エキノコックスの成虫は主にキツネ(終宿主)の小腸に寄生しており、虫卵がキツネの糞とともに野外に排出される。この虫卵を野ネズミ類(中間宿主)が摂取すると肝臓に幼虫が寄生する。この野ネズミ類をキツネが捕食すると、幼虫はキツネの小腸で成虫となる。このようにエキノコックスは2種類の動物の食う一食われるの関係に依存して生活環を形成している。野ネズミ類の中で主たる中間宿主はエゾヤチネズミであるが、これはキツネがもっとも選好する餌種であることから、エキノコックスにとって合理的な寄生相手となっている。また、エゾヤチネズミの個体数が増えると、キツネのエキノコックス感染率が高くなる関係も知られている。ヒトは野ネズミ類と同じく、キツネの糞中の虫卵を経口的に摂取したとき感染し、主に肝臓に幼虫が寄生する。ヒトのエキノコックス症患者は増加傾向にあり、これにはキツネの感染率と個体数の増加が影響している可能性が高い。本講演では、キツネを中心として、エキノコックスという寄生虫を通して結ばれるヒトを含めた複数種の哺乳類の関係について考察する。

## S1-03

## 免疫と食性に関する遺伝子重複と適応進化:イタチ科を中心に

○西田 義憲(北海道大学 大学院理学研究院)

遺伝子進化の多くが中立進化説で説明されてきたが、実際には正の自然淘汰により進化している遺伝子も存在し、近年の統計学的解析手法の進歩から、後者のような外部環境の影響による自然選択を受ける遺伝子を指標とした分子進化学的解析も行われはじめた。遺伝子の多重化や少数座位でのアミノ酸置換が適応的進化の一端を担うため、このような変異を検出し、その進化のメカニズムを追求することで適応進化を分子レベルで捉えることが可能であると考えられる。そこで、多重遺伝子族に対する自然淘汰や遺伝子変換などが遺伝子の多様性と生物の進化に及ぼす効果に関する基礎的な知見を得るため、ユーラシアに広く分布するイタチ科動物を主たる解析対象とし、獲得免疫系で抗原の認識およびT細胞への提示を行うタンパク質をコードするMHC class II DRB 遺伝子の分子系統解析および膵アミラーゼをコードするAMY2 遺伝子のコピー数多型(CNV)解析を行った。これらの結果より、イタチ科動物のDRB 対立遺伝子間で種を超えた多型(trans-species polymorphism)が維持されていることが示され、またこれらが病原体駆動による平衡進化を受けて進化してきたことが示唆された。さらに、ユーラシアアナグマ4種のうち、アジアアナグマがAMY2 遺伝子を複数座位持つコピー数多型を示したため、この多型と食性適応との関係についても考察する。

## S1-04

## 日本固有種と近縁種の形態的多様性:ニホンイタチとシベリアイタチ

○鈴木 聡(神奈川県立生命の星・地球博物館)

食肉目は多様な環境に進出している哺乳類である。同種内でも広域分布種においては、生息環境や遺伝子の多様性が高いため、地理的に形態的・生態的多様化が生じていることがある。特にイタチ科は広域分布種が多いため、しばしば生物地理学的研究の対象とされてきた。

東アジアでは、シベリアイタチが最も広域的に分布する種の一つであり、ロシア、中国、朝鮮半島、ヒマラヤ北部などのほか、台湾、対馬、済州島などの島嶼にも生息する。本種は頭骨形態や毛色の地理的変異が大きいことが知られている。一方、近縁種で日本固有種のニホンイタチも、北海道以外の本土(本州、四国、九州)のほか生物相や気候の異なる周辺の多くの小島嶼にも自然分布していることから、生息環境の幅が広く、形態の地理的変異も大きいことが予想される。

近年、分子系統地理学的研究の飛躍的發展により、これらのイタチ類の遺伝的多様性が解明されることで種間や種内の進化史が明らかになりつつある。これにより、形態的多様性についての進化史的解釈が可能になってきた。

本講演では、ニホンイタチおよびシベリアイタチの頭骨について、種間の比較形態学的解析および種内変異の解析に基づき、形態的多様性と遺伝的変異や生息環境との関連性について考察する。また、大陸あるいは本土個体群とそれ以外の島嶼個体群との形態的分化に着目し、今後の食肉目の島嶼生物地理学の展開についても考えたい。

## S1-05

## 海生への適応:ラッコと海洋生態系

○服部 薫(水研機構北水研)

北海道周辺には寒冷な海洋環境に適応した海生哺乳類が数多く分布している。ラッコは鰭脚類や鯨類に遅れて海洋に進出し、同様に感覚器や繁殖生態など様々な形質で海生適応したイタチ科の一種である。鰭脚類や鯨類とは異なり、寒冷な海洋環境における断熱を脂肪ではなく毛皮に頼り、速い代謝速度で大量の食物を消費することで必要な熱産生を満たす。沿岸に定着し草食性の底生生物を大量に消費するため、捕食を通して海洋生態系に大きく複雑な影響を与えるキーストーン種として知られる。本講演では、北海道周辺における本種の現状を紹介し、本種の定着が与える生態系および経済活動への影響について考察する。

上質な毛皮を目的とした乱獲の影響を受け、長らくラッコは北海道周辺に不在であったが、近年東部島嶼部で繁殖が確認されるなど分布域を広げ個体数増加の過程にあると考えられる。北海道では海生哺乳類、特に鰭脚類と人間活動とが競合し、水産業において漁具の破損や漁獲物の損失など深刻な被害をもたらされてきた。ラッコの分布拡大に伴い、沿岸の海洋生態系では本種の捕食によって草食生物の密度が抑制され、海藻がより繁茂する環境が構築されると考えられる。そのような環境では基礎生産が増大し、それを利用する数多くの生物群集に正の効果が生じるだろう。一方で本種に捕食される貝類・甲殻類を対象とする漁業との間に直接的な新たな競合が生じることが危惧される。

## S1-06

## 社会行動と匂い物質:アナグマを中心に

○金子 弥生(東京農工大学)

アナグマ属 (*Meles spp.*) は、イタチ科の中でも土を掘る方向へ進化し、その行動は巣穴中心で、主に夜行性である。掘削能力とトレードオフした走行が遅く、巣穴から一定距離の範囲内で餌を探す行動特徴がある。主な餌項目はミミズであり、加えて季節的に利用可能な餌である果実や昆虫などを利用する。冬の穴ごもりから春先にかけての餌の減少時期を補うための体脂肪蓄積のために、秋に体重が急増する。アナグマの社会について、同属のヨーロッパアナグマ (*M. meles*) では、ペアを基本単位として、高密度の時には血縁個体どうしで巣穴などの空間を共有する群れ生活を行うことが知られている。ニホンアナグマ (*M. anakuma*) では、基本単位は母親と子供であり異なるが、餌条件がよければ、ヨーロッパアナグマと同様に血縁からなる小さな群れを形成することが明らかになった。さらに、これらの社会形成には、現生の食肉目の進化に大きな役割を果たした形質の一つである、臭腺によるコミュニケーションが役割を果たしていると考えられる。アナグマでは、複数の臭腺からの分泌物に種特有の化学成分が存在し、しかも性、個体、季節によって異なることがわかっている。ニホンアナグマでも、群れ内と群れ間の臭腺によるコミュニケーションの存在が、筆者の研究から明らかになった。本講演では、現在取り組む臭腺分泌物の研究の最新情報を紹介し、行動生態研究のおもしろさを伝えたい。

## S2-01

## 自動撮影カメラで得られる撮影枚数から個体数を推定する方法

○飯島 勇人(森林総研)

自動撮影カメラから得られる画像に統計モデリングを適用することで、様々な情報を得ることができる。特に、近年では階層モデルの発達によって、画像データから個体数を推定することが可能となりつつある。ただし、自動撮影カメラで得られる画像から個体識別が可能か否かによって、適用可能なモデルや推論可能な事項は大きく異なる。本発表では、個体識別が可能な場合に適用できるモデルとして個体ごとに活動中心の位置を推定する空間明示捕獲再捕獲モデルを、個体識別が不可能な場合に適用できるモデルとして二項混合モデルの原理を紹介する。空間明示捕獲再捕獲モデルでは、データ拡大を用いることでデータとしては検出されなかった個体も含めて個体ごとに活動中心の位置が推定できるので、個体密度も推定可能である。一方、二項混合モデルは個体数のみを推定するので、個体密度は推定できない。また、二項混合モデルは、サンプリング機会中の個体の重複カウントの回避や検出率が一定であることを仮定しているため、これらの仮定をカメラトラップデータで満たす必要がある。その後、これらのモデルを実際のデータに適用した事例を紹介し、研究目的や体制に応じたカメラトラップを用いた調査方法について考察する。

## S2-02

## 画像から個体識別できない場合の個体数密度の推定方法

○中島 啓裕(日本大学・生物資源科学部)

哺乳類の個体数密度とその時空間的な変化は、生態学の最も基礎的な情報であるだけでなく、野生動物の保全・管理においても不可欠なものである。しかし、とく視認性の限られた環境(例えば森林)では、対象個体群のすべてを重複なくカウントすることは困難であるだけでなく、動物の検出率も時間や場所によって大きく変化する。自動撮影カメラから得られた撮影頻度(ある期間における撮影枚数)も同様の問題を抱えており、検出率の時空間的な変化を補正するための統計学的なアプローチの確立に大きな労力がさかされてきた。しかし、捕獲一再捕獲法の適用が可能な個体識別可能な種を除いて、自動撮影カメラによる密度推定は依然として挑戦的な課題であり続けている。本講演では、講演者らが開発した密度推定モデル REST モデルについて紹介したい。REST モデルは、Rowcliffe et al. (2008)による REM の発想を受け継ぎつつ、動物のカメラ前での滞在時間を動物の移動速度の代替物として利用することで、カメラによって得られた情報のみから密度推定を行う画期的なアプローチである。今回の発表では、モデルの概略とモデルの前提を明らかにしたうえで、密度が既知のアフリカの熱帯雨林に棲むダイカー類に適用した結果を紹介し、REST モデルが野外においても信頼度・実用性ともに高い手法であることを示したい。



## S2-03

## 映像から行動データを引き出す: 霊長類学における自動撮影カメラの利用

○本郷 峻(京都大学アフリカ地域研究資料センター)

自動撮影カメラは大型食肉類や有蹄類をはじめとする地上性・単独性哺乳類の個体数や密度を調べるために多く用いられてきたが、近年になって研究内容と対象種は多様化している。本発表では霊長類を対象にしたカメラトラップ研究に着目し、文献のレビューから現在の傾向を把握した上で、現在の課題と今後の展望を考察する。Web of Science™ (Core Collection) を用いて、2017年までに出版されたカメラトラップを用いた霊長類研究論文を検索し、各論文の内容を精査した。検索の結果、57本の原著論文が選別された。これらのほとんどは2010年以降に出版されており、論文数は増加傾向にあった。37本(64.9%)が道具使用や土食い、生息地利用、社会行動などの行動記録を研究の主目的としており、一方で個体数・密度・占有率の推定を主目的とした研究は9本(15.8%)にとどまっていた。これは、哺乳類全体のカメラトラップ研究の傾向とは反対の傾向である。カメラトラップを用いた霊長類研究は、映像から詳細な行動パターンを記述したり社会構造を推定したりするための興味深い分析手法を提供しており、他の哺乳類の研究にもこれらを応用できる可能性がある。他方、樹上性・集団性という霊長類の多くに共通する特徴が、彼らの個体数や密度の推定を困難にしていると考えられる。密度推定だけではないカメラトラップ映像の多様な使い道と、樹上性・集団性の哺乳類への適用可能性について議論したい。

## S2-04

## 機械学習によるニホンザルを対象とした個体識別技術の開発

○大谷 洋介(大阪大学)

ニホンザル(*Macaca fuscata*)を対象とした獣害対策、生態調査の効率的な実施には、集団の分布や個体数情報等が必要となる。直接観察による個体識別法はそのための有効な手段であるが、一方でこの手法には識別可能個体数や記憶の継続性、識別情報の共有に制約があり、また専門家が長期間直接対象集団を観察しなければならないという課題があった。他方、自動撮影カメラは性能の向上に伴って得られる画像数が飛躍的に増加しているが、1枚から得られる情報量は大きく変化していない。演者らは従来の個体識別法を補完し、また自動撮影カメラから得られる情報量を向上させる手法として、深層学習(Deep Learning)技術を用いたニホンザル顔画像の登録・識別技術の開発を進めている。近年、ヒトを対象とした個人識別システムが実用化されつつあり、これを自動撮影カメラから得られたニホンザルの画像に適用することができれば、低コスト、低労力で空間的・時間的制限を拡張した生息状況のモニタリングシステムが実現可能となる。しかしながらヒトとニホンザルの顔は形態的特徴が異なり、新規システムの開発が必要であった。現在までに、飼育環境下では一定の識別個体数・精度が達成され、野生環境下での検証と改善を進めている。本発表では現状の成果を共有するとともに自動撮影カメラで同システムを利用する場合の技術的ハードルを概観し、その利用可能性について考察・議論したい。

S2-05

## 機械学習による自動撮影カメラ画像からの獣種自動判別技術の開発

○安藤 正規<sup>1</sup>, 中塚 俊介<sup>2</sup>, 相澤 宏旭<sup>2</sup>, 中森 さつき<sup>1</sup>, 池田 敬<sup>3</sup>, 森部 絢嗣<sup>3</sup>, 寺田 和憲<sup>2</sup>, 加藤 邦人<sup>2</sup>(<sup>1</sup> 岐阜大学応用生物科学部, <sup>2</sup> 岐阜大学工学部,<sup>3</sup> 岐阜大学応用生物科学部附属野生動物管理学研究センター)

近年のカメラトラップは高性能化が著しく、1台から数千枚あるいはそれ以上の画像が取得されることも珍しくない。その結果、得られた画像の処理に膨大な労力が必要となっている。本研究では、この労力を削減すべく、2012年以降盛んに研究されている深層学習（Deep Learning）による画像判別技術を用いて、カメラトラップ画像を判別するモデルを構築することを試みた。画像判別のための深層畳み込みニューラルネットワークモデルを構築し、10万枚を超えるカメラトラップ画像を用いてモデルの学習・検証をおこない、その判別能力を評価した。評価の結果、本研究で構築されたモデルは、画像内の動物の存在を99%以上の割合で認識できた。モデルが在と判別した画像を調査者が確認することを前提とした場合、調査者が確認すべき画像の枚数は43.3%まで削減させることができた。演習林で頻繁に観察された大型動物4種（ニホンジカ、イノシシ、カモシカおよびツキノワグマ）の種判別について、真値がそれぞれの動物種である画像に対し、おおよそ85~95%の割合で正答した。また撮影頭数推定では、種判別で正答した画像に対し、おおよそ90~98%の割合で正答した。以上の結果から、深層学習による画像判別技術は、カメラトラップ画像からの動物の存在、種判別および頭数推定において調査者の労力を削減する有用なツールとなりうることが示された。