

# インド タミル・ナドゥ州サティアマンガラム・トラ保護区 におけるトラおよび獲物動物の生息状況調査報告

－2013年10月－



インド タミル・ナドゥ州サティアマンガラム・トラ保護区  
におけるトラおよび獲物動物の生息状況調査報告

**Principal Investigators**

N.V.K. Ashraf  
Senior Director and Chief Veterinarian  
Wildlife Trust of India  
Email: ashraf@wti.org.in

**Co-Investigator**

Rahul Kaul  
Senior Director and Chief ecologist  
Wildlife Trust of India  
Email: rahul@wti.org.in  
Prof. Harvinder Singh  
Department of Biotechnology and Bioinformatics Jaypee University of Information  
Technology Wagnaghat, Solan-173234.Himachal Pradesh

**Field investigator**

A.M.A. Nixon

**Wildlife Trust of India, F-13, Sector- 8**

**Noida – 201301**

**Uttar Pradesh, India**

*Citation:* Nixon, A. M. A., Ashraf, N.V.K., Singh, H. and Kaul, R. 2013. An assessment of the status of tiger and its prey in the proposed Sathyamangalam Tiger Reserve (Sathyamangalam WLS and Territorial Division) in Tamil Nadu, India. Final report submitted to Japan Tiger and Elephant Fund (JTEF).  
GIS Maps prepared by: Ms. Projjolita Mahanta, Mr. Ramkumar, and Ms. Smita Bodhankar  
Photo Credits: WTI and Dr. A. Arivazhagan, Indo-American Wildlife Society.

**【日本語版】**

翻訳／坂元雅行

特定非営利活動法人 トラ・ゾウ保護基金(JTEF) 事務局長理事 / 弁護士

発行年月:2013年10月

発行:特定非営利活動法人 トラ・ゾウ保護基金

©2013 坂元雅行／トラ・ゾウ保護基金(JTEF)

この発行物のいかなる部分も許可なく複製、転載することを禁じます。

この報告書は、公益信託地球環境日本基金の助成により作成しました。

## 目次

I	緒言	4 頁
II	調査区域	7 頁
	2.1 主要な植生タイプ	8 頁
III	調査方法	11 頁
	3.1 トラの糞のサンプル収集	11 頁
	3.2 ライトランゼクト法	13 頁
	3.3 データの解析	14 頁
IV	結果	15 頁
	4.1 トラの個体数推定	15 頁
	4.2 異なった生息地における遭遇率	19 頁
	4.3 トラの獲物の密度	20 頁
V	検討	24 頁
	5.1 トラの個体数	25 頁
	5.2 獲物動物種の密度	25 頁
	5.3 結論	26 頁
	引用文献	27 頁

## I 緒言

世界のトラ(*Panthera tigris*)は、前世紀にわたって、かつて分布していた行動域の90%が消失した結果、その個体数が劇的に減少した(Sanderson, *et al* 2006)。今ではトラは世界自然保護連合(IUCN)のレッドリスト(2007)において絶滅危惧(ENDEANGERED)に選定され、精力的な保全努力にもかかわらずこの象徴的な種は容赦のない減少を続けている。

トラの状況は、インドの野生生物の自然生息地の状況のよい指標となっている(Panwar, 1987; Nowell and Jackson, 1996; MacKinnon *et. al.*1999)。肉食獣の頂点に位置するがゆえに、その効果的な保全は他の生物多様性を構成する生物の生存の見込みを高めることになる(Karanth, 2003)。現在の12のトラ生息国すべてがこの種の保全のための特別な努力を継続している一方、インドは1973年に「プロジェクト・タイガー」に乗り出した。「プロジェクト・タイガー」による保護地域として、トラ保護区の数も順調に増えた。「国家トラ保全機関」(NTCA)が2005年12月に設置されるに伴い、トラはインドにおけるすべての野生生物保全プログラムの前面に立った。

インド野生生物トラスト(WTI)は、自然保護の使命とくに絶滅危惧種と脅威にさらされている生息地を地域コミュニティと様々な州政府、寄付団体と協力してインドの様々な保護地域でトラの個体群を回復させるために活動している。インドのタミル・ナドゥ州サティアマンガラム・トラ保護区におけるトラとその獲物動物の状況に着目するサティアマンガラム・トラ保全プロジェクトは、そのような活動のひとつであり、2012年にトラ・ゾウ保護基金の支援を受けて立ち上げられた。

### サティアマンガラム森林区の歴史

1995年以来、サティアマンガラム森林区ではトラが生息する証拠が得られない状況にあった(Source: *Forest Management plan, 2000*)。サティアマンガラムの森林はインド独立前、燃料木目的による伐採の対象となっていた。1960年代前半の高密度の森林利用と州の燃料木の需要が一致した結果、大量の燃料木が伐り出された。また、1981年までには竹の伐採も開始されている。燃料用の伐採が初めて停止されたのが1975年で、続いて1980年には択伐規制が導入されたが、そのときまでの伐採はトラの生息地を劣化させ、攪乱していた。また、この地域が豊かな白檀の生育地であることから1919年に貯木場が設置されていたが、それはもともと自然または病気で枯死したものを選択的に切り出すためのものであった。しかし、その後の白檀の経済的重要性への注目は、トラの生息地の破壊に影響を与えた。これらの出来事以上に影響が大きかったのは、2000年まで低木林に設置された牧場の存在であった。そこに飼育された家畜をトラに殺された報復として家畜の死体に巧妙に仕込んだ毒により、トラやヒョウのような大型肉食獣は一帯から消滅してしまった。ほぼ20年間(1980年から2000年)、サティアマンガラムは武装した山賊ヴィーラパンに支配され、山賊たちがこの牧場を管理していたのである。この時期、ヴィーラパンを捜査する特別対策部隊(STF)も生息地を相当破壊した。

2004年に山賊ヴィーラパンの死亡後、シバガネサン博士の主導した住民参加アプローチによる計画によって、低木林内の牧場は取り除かれることとなった。この計画は、タミル・ナドゥ州植林プログラムや国家植林プログラム等の州政府の計画により、2001~2002年と2004~2005年の期間に実行に移され、2500頭の家畜がモヤール谷から売り払われていった。サティアマンガラム

の生息地はこうして改善に向かい始めた。トラが再び戻り始めた最初の証拠は、2005年に認められ、2006年に直接目視されている(Census Record, Ramakrishnan, *Pers. Comm.*)。

### トラの個体数推定

個体数推定は、大型肉食獣の保全戦略を構築するための重要なステップである。保全努力を改善する上で、信頼性のあるトラの存在度（個体群の大きさ）の推定、トラの存在度が人為的影響によってどのように反応するか推定、そしてそれらに応じた保全措置による介入が、求められることになる(Sediensticker, 1993; Karanth & Nichols, 1998; 2002)。

2010年に、細胞分子生物学研究所（ハイデラバード）と WTI は州森林局の協力を得てトラの個体数に関する予備的調査を行った。州森林局によって回収された糞のミトコンドリア DNA 分析を行ったものだが、このようなミトコンドリア DNA 解析による個体数推定はタミル・ナドゥ州でも初めての試みであった。この実践を通じてサティアマンガラム森林区に、18頭の異なったトラがいることが推定された(Reddy *et. al.* 2012b)。

足跡カウントに基づく伝統的な「トラ・センサス」法は、その信頼性の低さゆえ (Karanth *et. al.* 2003)、自動撮影カメラ技術によって取って代わられることになった。この方法は、トラの個体ごとに縞模様が異なる事実を基盤にしている(Franklin *et. al.* 1999)。トラの密度を推定するためには、写真によって繰り返し得られた異なった個体の縞模様のデータが、標識再捕統計の概念枠組みの対象とされる必要がある(Karanth, U, & Nichols, J.D. 1998; Karanth *et. al.* 2004; Kawanishi and Sunquist 2004)。この方法は、トラが高密度で生息する地域で最善の機能を発揮する。しかし、この方法は、自動撮影カメラを設置しなければならないため、トラがいると前もってわかっている場所しかも地形的な困難がない場所でしかサンプリングができない(Bhagavatula and Singh 2006)。

遺伝的サンプリングは、極東ロシア、スダバンズのマングローブ沼沢地、東南アジアの深い森のように環境的、機材管理的な理由で自動撮影カメラが実用的でない場所で、トラの存在度を推定する追加的なツールとして価値が高いと考えられている(Karanth *pers. Comm.*; <http://www.sciencedaily.com>)。

動物の糞から DNA を抽出するための新しい分子生物学的技法と DNA から動物の個体を識別する能力の発達によって、新たなトラ保全の可能性が開かれた。例えば糞のサンプル、毛のサンプルのような生物学的サンプルを収集するという非侵襲的な方法を、オグロイワラビー(Piggott *et. al.* 2006)、コヨーテ(Prugh *et. al.* 2005)、マルミミゾウ(Eggert *et. al.* 2003)、ヨーロッパアナグマ(Wilson *et. al.* 2003)、オオカミ(Creel *et. al.* 2003)、ヒグマ(Mowat and Strobeck, 2000)のような動物の個体数推定へ適用することが、個体に特有の多型のマイクロサテライト遺伝子座を利用した遺伝的プロファイルの助けによって成功している(Lukacs and Burnham 2005, Kohn *et al.* 1999, Waits 2004, Bhagavatula and Singh 2006; Reddy *et. al.* 2012a; Reddy *et. al.* 2012b )。

同様に、獲物動物の定期的な個体数推定は、大型肉食獣の生存可能有効個体数の確保と維持のために必要とされている(Karanth and Sunquist, 1995; Sunquist *et al.*, 1999; Karanth and Stith, 1999; Biswas and Sankar, 2002; Bagchi *et al.*, 2003)。獲物動物の継続的な減少と自然生息地の分断は、密猟は別として、現在の野生のトラの苦境の主要な要素となっている(Karanth and Stith, 1999; Sunquist *et al.*, 1999; Biwas and Sankar 2002)。このようにして、サティアマンガラム・ト

ラ保護区における獲物動物の密度推定が行われた。

タミル・ナドゥ州森林局は、サティアマンガラム森林区の広大な面積（1455km<sup>2</sup>）に対して、先行研究によって推定された 18 頭というトラの数は過小評価ではないかと考えた。特に、この地域はいくつかの重要なトラの生息地、すなわち、ナガラホレ国立公園、バンディプール・トラ保護区、ムドゥマライ・トラ保護区、シグール高原（ムドゥマライ・トラ保護区の緩衝地帯）、ニルギリ・ノース国有林、ビルギリ・ランガン・テンプル・トラ保護区、エロード国有林、コリーガル国有林と接続している。これらは東ガーツ森林帯と西ガーツ森林帯を接続し、トラのための野生生物コリドーとしての役割を果たしている。

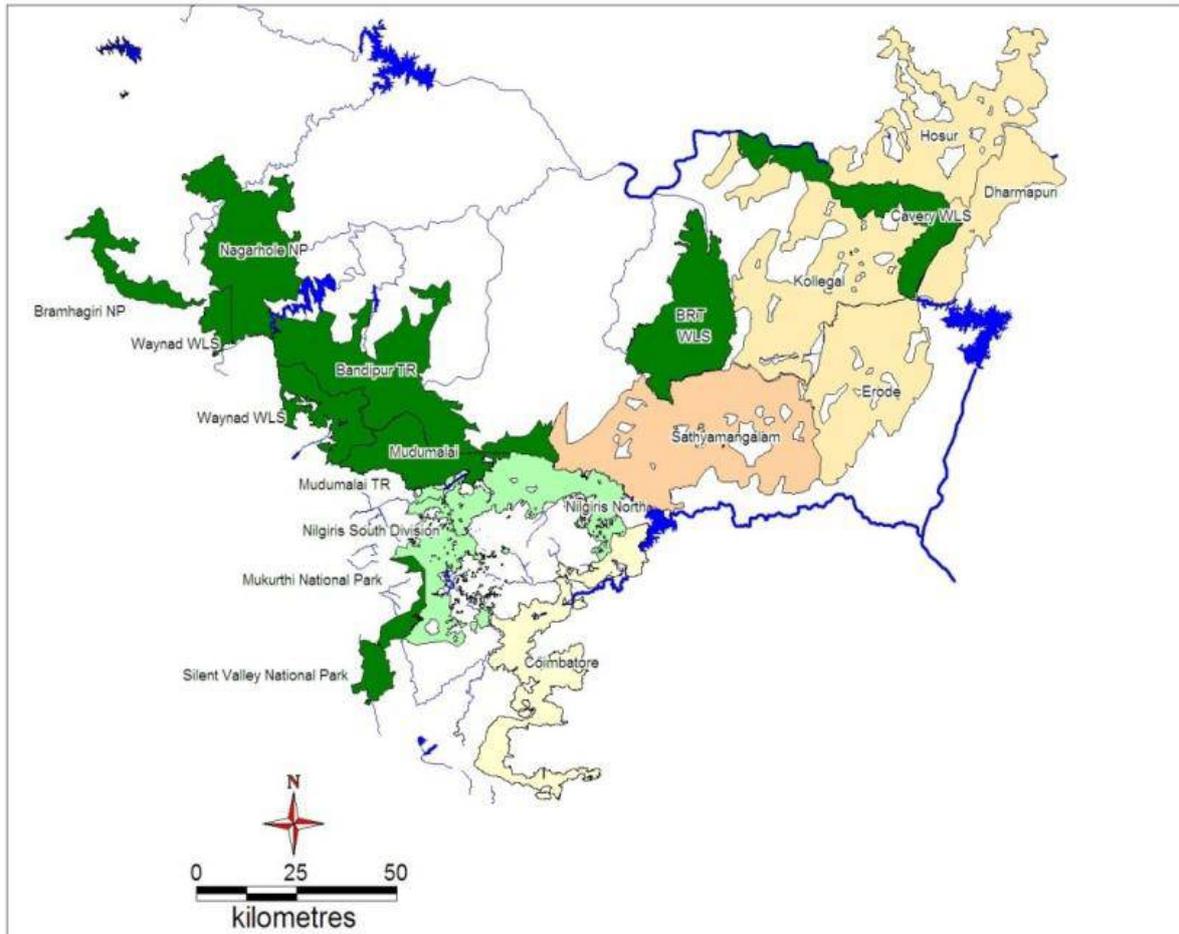


図 2.1 サティアマンガラム・トラ保護区の位置と、  
ニルギリおよび東ガーツ森林帯における様々な保護地域との接続

サティアマンガラム・トラ保護区は、その新生期において NGO の支援を受けてトラとその獲物動物のベースライン・データを得るための調査を行い、保護区による将来の管理において参照できるようなベンチマークを確立しておく必要がある。このプロジェクトは、次の達成目標を念頭において上記の点に対応することとする。

ーサティアマンガラム・トラ保護区のトラの個体数と存在度を、非侵襲的方法（糞の DNA 解析）を用いて推定する。

ー獲物動物の密度を、直接目視（距離サンプリング）を用いて推定する。

## II 調査区域

2008年、サティアマンガラム森林区の南側の一部である524.34km<sup>2</sup>がサティアマンガラム野生生物保護区に指定宣言された。指定宣言された野生生物保護区部分は、残りの部分＝地域森林区部分(930.66km<sup>2</sup>)との間で生息地の質という点ではほとんど差異はないが、これらは併置されることとなり(図2.2)、以降、森林管理において他の国有林とは異なった扱いとなった。

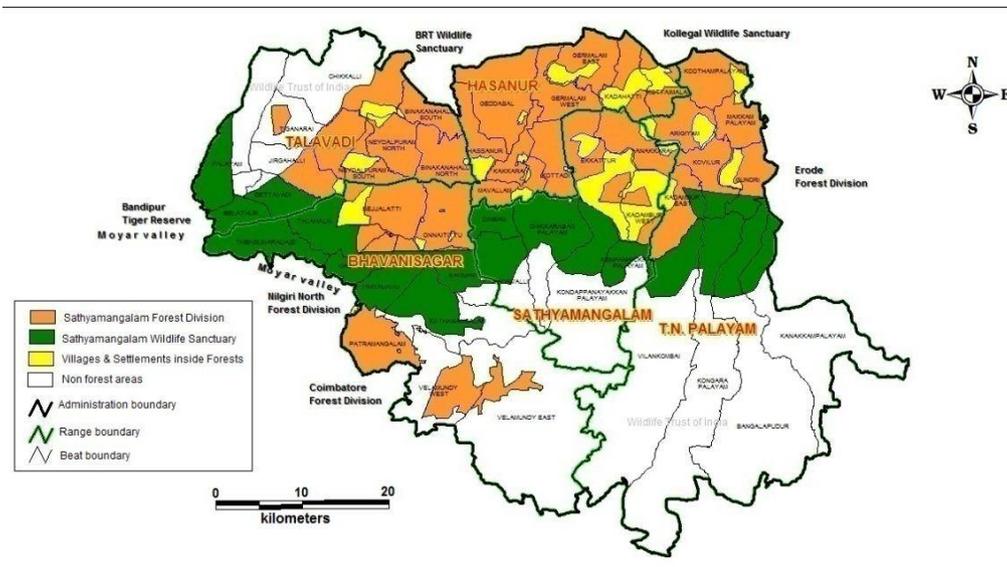


図 2.2 サティアマンガラム野生生物保護区および国有林から構成されるサティアマンガラム・トラ保護区

2010年9月、インド野生生物トラスト(WTI)および他のNGOは、国家トラ保全機関(NTCA)およびタミル・ナドゥ州森林局に対して、サティアマンガラム野生生物保護区および地域森林区内の国有林を合わせて「トラ保護区」に指定宣言するよう要請した。これに対する政府の対応の第一歩として、2011年、森林区全体が野生生物保護区に指定宣言された(1455km<sup>2</sup>)。この区域が本事業の実施区域となっている。

その後、タミル・ナドゥ州森林局は、NTCAに対して、拡大された野生生物保護区をトラ保護区に指定宣言するための詳細な申請書を提出した。こうして、2013年3月、サティアマンガラム森林区全体がトラ保護区として指定宣言されるに至った。

サティアマンガラム・トラ保護区は、インド タミルナドゥ州およびカルナータカ州にわたり11o48'35"N 77o15'8"E から11o28'58"N 77o3'57"E、および11o38'52"N 76o5'E から11o36'22"N 77o27'32"Eに位置し、計1,455 km<sup>2</sup>の面積を有する。森林は広大に連続し、さらに周辺の森林とも接続性をもっていることから、アジアゾウ *Elephas maximus*、アキシスジカ *Axis axis*、サンバー *Rusa unicolor*、ガウル *Bos gaurus*、ブラックバック *Antilope cervicapra*、ハヌマンラングール *Semnopithecus entellus*、インドオオリス *Ratufa indica*、そして数は少ないながら、テウシンガ *Tetracerus quadricornis* やイノシシ *Sus scrofa* も見られる。森林を横断するモヤール川には、ヌマワニ *Crocodylus palustris* と固有種の魚類であるマハシアの1種 *Tor moyarensis* が生息する。野生動物の食物となる豊かな植物種 *Anogeissus latifolia*, *Randia dumetorum*, *Zizyphus xylopyrus*

そして美味しい草本類は、有蹄類の健全な個体群を支えている。この森林に生息する大型肉食獣はトラ *Panthera tigris*, ヒョウ *Panthera pardus*, ドール *Cuon alpinus*, シマハイエナ *Hyaena hyaena* およびナマケグマ *Melursus ursinus* である。

サティアマンガラム森林区は、ニルギリおよび東ガーツのゾウ保護区の一部を成している。このゾウ保護区は世界最大のアジアゾウ個体群を擁する。

また、この森林区は、農耕作物の近縁野生種である野生のショウガ、ターメリック、ソラナム、マンゴーなどが自生する。これらの種は栽培種の遺伝子プールの役割を果たす。

サティアマンガラム森林区は、バンティプール、ムドゥマライそしてビリギリランガンテンブルの各トラ保護区と隣接しているため、これらの保護区内から溢れ出したトラの個体群はサティアマンガラムにとどまることができる。逆のケースもまた然りである。サティアマンガラムは有刺林、乾燥落葉樹林および熱帯性丘陵林を含む熱帯性乾燥林が優占する。高標域（海拔 1272m）では小規模な湿潤落葉樹林と高山草原生息地が見られる。この地域は年間 850mm の降水量と 46-82° F（摂氏 8 度から 28 度）の気温となっている。

## 2.1 主要な植生タイプ

森林タイプは、主に熱帯性有刺林（28%）、熱帯性混交乾燥落葉樹林（57%）、サバンナ型草地（2%）、熱帯性半常緑樹林（5%）、孤立して他の森林タイプに囲われた山地性ショーラ林\*<sup>1</sup>（7%）およびモヤール川岸沿い河畔林の小さなパッチである（図 2.3）。

\*<sup>1</sup> ショーラ林：南インド地方の高山の起伏のある草地の間の谷部分に見られる、常緑の熱帯／亜熱帯性湿潤広葉樹林の成長不全のパッチをいう。これらのパッチは主に谷地形に見られ、たいてい波のようにうねる草地によって分断されている。

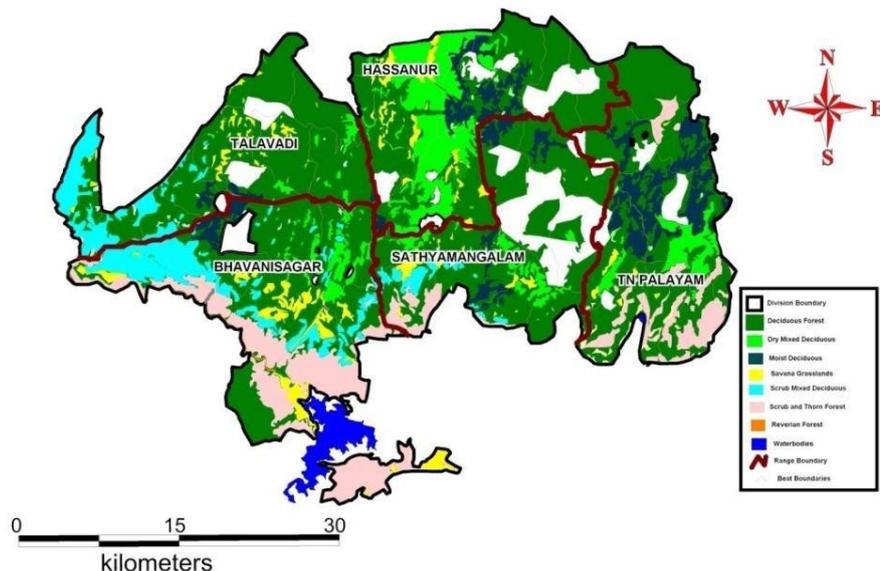


図 2.3 サティアマンガラム・トラ保護区の植生図

### 2.1.1 熱帯性湿潤落葉樹林 (MDF)

湿潤落葉樹林の指標種は、*Kydia calycina*, *Terminalia alata*, *Lagerstroemia* and *Phyllanthus sp.* *Kydia calycina* である。これらはゾウの主要な採食植物であり、サティアマンガラムにパッチ状に生育している。

### 2.1.2 熱帯性乾燥落葉樹林 (DDF)

乾燥落葉樹林は、この地域の優先植生タイプであり、多くの植食動物の生存を支えている。優占的な木本植物は、*Tectona grandis*, *Anogeissus latifolia*, *Chloroxylon swietenia*, *Premna tomentosa*, *Terminalia crenulata*, *Phyllanthus emblica* and *Phyllanthus indofischeri* を含む。下層植生は、*Themeda cymbaria* and *Heteropogon contortus* によって占められている。この植生タイプは、ゾウ、ガウル、アキシスジカおよびサンバー等の大型動物の生存を支えている (図 2.4, 2.5)。



図 2.4 ハサヌール森林管理区域の乾燥落葉樹林



図 2.5 パーバニサガールの混交乾燥落葉樹林

### 2.1.3 熱帯性有刺林 (TF)

有刺林は、この森林区において平原が優占となっている南側の区域に分布している (図 2.6)。優占木本植物は、*Albizia amara*, *Commiphora berryi*, *Dicrostachys ceneria*, *Chloroxylon swietenia*, *Acacia catechu*, *Acacia ferruginea* and *A. latifolia* である。この森林タイプの灌木における優占種は、*Canthium parviflorum*, *Capparis zeylanica* and *Securinega leucopyrus* である。シマハイエナ *Hyena hyaena* およびブラックバック *Antilope cervicapara* は、サティアマンガラムではこの植生タイプの区域にのみ生息する。

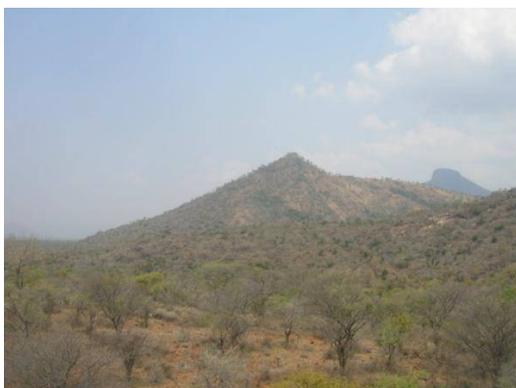


図 2.6 サティアマンガラム森林管理区の有刺林

#### 2.1.4 半常緑樹林 (SEF)

半常緑樹林は、落城樹林と常緑樹林の移行帯に見られる。主要な優占種は、*Lagerstroemia microcarpa* および *Cinnamoum zeylanicum* の2種である。この名前が示すように、この森林タイプには、常緑樹林と湿潤落葉樹林の要素が混在している。

#### 2.1.5 ショーラ林 (SF)

ショーラ林は、成長不全状態、非常に枝分かれが多いこと、環状の樹冠という特徴を持っている。ショーラ林を構成する種は *Syzygium cumini*, *Elaeocarpus serratus*, *Meliosma microcarpa*, *Cinnamomum zeylanicum* and *Canthium dicoccum* である。*Elaeagnus latifolia* and *Caesalpinia sepiaria*are といったつる植物もよく見られる。ショーラ林は2階層から成るに過ぎないが、林床には *Psycotria* spp, *Lasianthus* spp, *Strobilanthes* spp のような灌木が見られる。

#### 2.1.6 河畔林

河川や小川に沿って常緑樹および落葉樹が混交した細い森林帯が見られる。樹種は竹 *Bambusa arundinacea* 以外では、*Terminalia arjuna*, *Syzygium cumini*, *Mangifera indica* and *Pongamia glabra* などである。これらが河畔林を構成している。

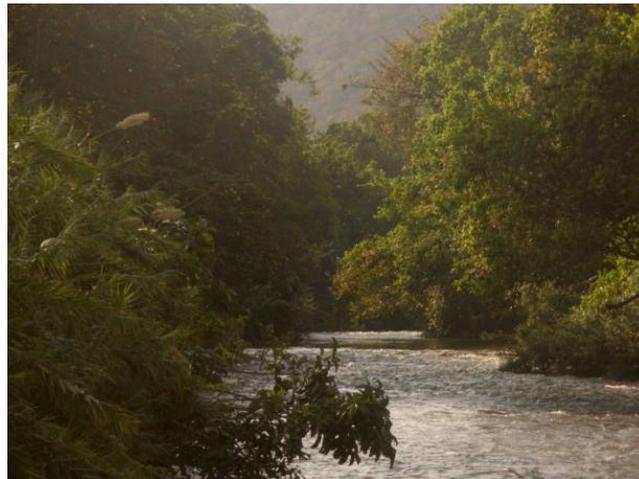


図 2.7 モヤール川に沿った河畔林

### Ⅲ 調査方法

#### 3.1 トラの糞のサンプル収集

調査は、2012年11月から2013年6月にかけて、サティアマンガラムトラ保護区において実施した。調査は、DNA分析を通じてトラの個体数推定を行うため、新鮮な肉食獣の糞サンプルを、林道、人の歩く小道およびけもの道に沿って徒歩で移動しながら収集した。トラの糞収集については、オス、メスのトラの両方が排便することが知られている林道に優先順位が与えられた、サンプルは、汚染を最大限避けるように取扱い、15日間隔で行われた2回のサンプリングの機会において、糞が寄託された。トラの糞は、その特徴的外観、サイズ及び補助的に収集地地点における足跡及び引っかき傷によって識別された (Karanth and Sunquist, 1995)。糞収集後、サンプルは自然乾燥され、それぞれ別のポリ袋に保存された。

#### DNA解析

##### 遺伝子マーカーの適合性解析

糞の主である種の遺伝的なプロフィールを評価するために当たり、そのために用いる ISSR 遺伝子マーカー\*<sup>1</sup>の適合性を評価するため、その能力が3つのパラメーターを使って測定される。多型対立遺伝子情報量 (PIC)、遺伝子マーカー指数 (MI) および効果的マルチプレックス (多重化) 比である。

\*1:「遺伝子マーカー」とは、生物個体の遺伝的性質 (遺伝型)、もしくは系統の目印となる、つまりある性質をもつ個体に特有の、DNA配列である。

各遺伝子座ごとの PIC 値は、次のように計算される。

$$PIC_i = 2f_i(1-f_i),$$

$PIC_i$  が遺伝子座<sub>i</sub>の多型対立遺伝子情報量とすると、 $f_i$ は増幅した断片 (バンド\*<sup>2</sup>が存在するもの)の頻度を、 $1-f_i$ は、増幅しない断片 (バンドが存在しないもの)を示す。

\*2: バンド=生命体の組織の中で、他と遺伝子的・構造的・機能的に異なる帯状の部分が存在するもの。

増幅された断片の頻度は、各遺伝子座における増幅されたバンド数の、増幅が試みられた回数 (欠測データを除く)に対する割合によって計算される。各プライマー (酵素によってDNAを合成するとき用いられる一本鎖のDNA)のPICは、各プライマーのすべての遺伝子座の平均的PIC値から計算される。

マーカー指数 (MI) は、次のように計算された。

$$MI = EMR \times PIC;$$

$$EMR \text{ (Effective multiplex ratio)} = n \times \beta$$

$n$  が特定のシステムマーカーに対する増幅の試みにおける増幅されたバンドの平均値 (マルチプレックス (多重化) 比)、 $\beta$  が対立遺伝子座の数および非対立遺伝子座の数から推定されたとした場合、 $\beta = np/(np + nnp)$  となる。

#### トラの個体群構造の評価

個体群内の遺伝的関係を検証するため、NTSYS-pc, Version 2.02c を使用した UPGMA 解析によって系統樹が作成される。遺伝子特有の DNA 鎖から得られたバンドの様子は、存在(1)または不存在(0)と得点付けされ、それぞれが独立した性質と取り扱われる。類似の基質は、数学的重み無し対集団法 (UPGMA\*<sup>3</sup>) によってクラスター解析にかけられ、系統樹が作成された。これに加え、ML-Relate ソフトウェアによる計算によって、同系性係数および遺伝的データに基づく個体間の関係性分類の最尤法推定\*<sup>4</sup>が行われる。個体は Hardy-Weinberg 連鎖平衡\*<sup>5</sup>集団として分けし、明確な対立遺伝子頻度を持つ個体のクラスターを設定する。この方法は、種内における主要な遺伝的クラスターを識別する際によく使われるものである。

- \*3: 生態学においてサンプリングした単位 (例えば小区画の植生) を分類するためにもっともよく用いられる手法のひとつで、記述子変数 (例えば種構成) におけるペアワイズ (対にしたものどうしの) 類似性を評価する。
- \*4: 生物学において、確率モデルに基づいて系統樹を作成する際に、一番尤もらしくデータを説明する樹形を選択するための有力な方法として利用される。
- \*5: 連鎖平衡は、個体群におけるハプロタイプ (生物がもっている単一の染色体上の遺伝的な構成 (具体的には DNA 配列) のことである。二倍体生物の場合、ハプロタイプは各遺伝子座位にある対立遺伝子のいずれか一方の組合せをいう) の頻度が、仮に各遺伝子座における遺伝子がアトランダムに組み合わせられているとすれば同じ値となることを意味する。言い換えれば連鎖不均衡がゼロの状態ということになる。

### 3.2 ライントランゼクト法

トラにとっての主要な獲物種の密度について、ライントランゼクト法を用いて評価を行った (Fig 3.1)(Karanth and Sunquist, 1995; Sunquist *et al.*, 1999; Karanth and Stith, 1999; Biswas and Sankar, 2002; Bagchi *et al.*, 2003)。

サティアマンガラム森林区の各林班ごとに 2km のライントランゼクトが配置された。各トランゼクトは、午前 6 時と 8 時の間の早朝に 2 度踏破され、目視された動物の種と数、目視地点から動物までの距離、トランゼクトラインと目視地点と動物を結ぶ線との間の照準角が記録された。

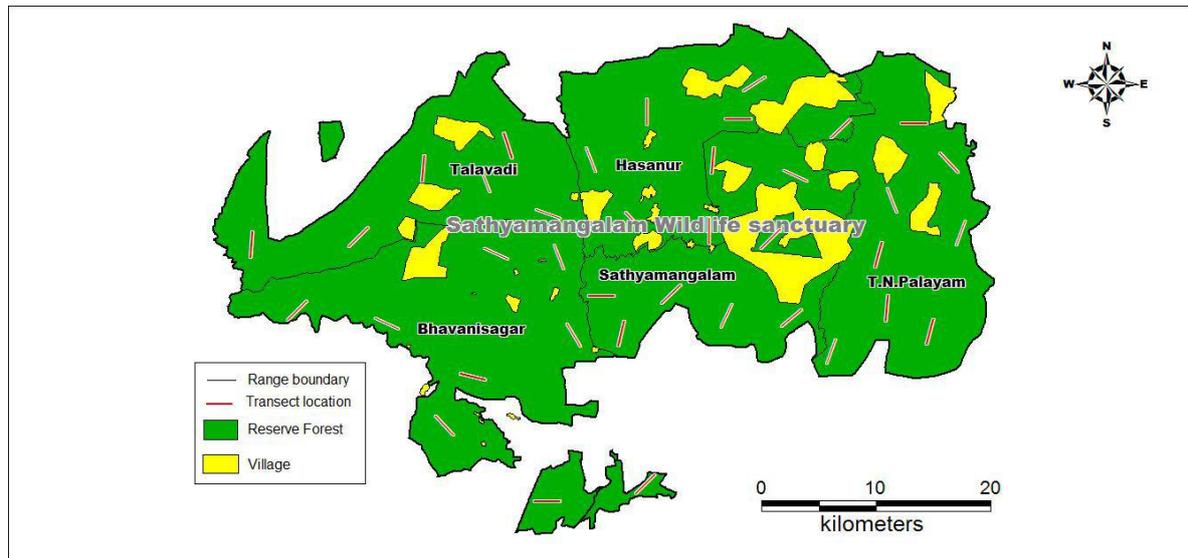


図 3.1 サティアマンガラム・トラ保護区におけるトランゼクトの配置

#### 獲物の密度推定

「ディスタンス・プログラム 6.0」を使って、トランゼクトによって収集されたデータから動物の密度を推定した。獲物種の密度推定は、最大の目視があったトランゼクトと目視記録が低いトランゼクトを除外することにより、95%信頼区間で推定された。獲物種密度の推定は、Model 1, Half-normal key ( $k(y) = \text{Exp}(-y^2/(2 \cdot A(1)^2))$ )を用いて解析された。これは、1頭の動物がトランゼクトラインに配置されている可能性があり、もしこの動物がラインから離ればその可能性が低下するという想定に基づいており、その可能性は潜在密度機能 (PDF)によって支配される。この PDF すなわち  $g(x)$ カーブは、トランゼクトラインから特定の垂直距離“ $x$ ”に存在する 1頭の動物を探し当てる可能性を決定する。

$$g(x) = e^{-ax}$$

$g(x)$  = トランゼクトライン上の動物はすべて目視されるという想定で (つまり、 $g(0)=1$ )、ラインから特定の垂直距離“ $x$ ”に存在する 1頭の動物を探し当てる可能性

$a$  = データに適合的なパラメーター

$x$  = 垂直距離

動物の密度の推定は、次のように表すことができる。

$$D = ns/2LW$$

D = 動物（または動物のグループ）の推定密度

n = 目視された動物（または動物のグループ）の数

s = グループの大きさの中間値

L = トランゼクトラインの長さ

W = 目視された動物までの垂直距離の中間値

### 3.3 データの解析

5 つの植生タイプ間においてトラの糞への遭遇率に差異があるかどうかを判定するため Kruskal-Wallis 試験を行った。

重要な植食動物の分布を知るため、個々の目視および動物への遭遇の間接的証拠が得られた地点の GARMIN GPS 座標を調査中に記録している。これらの座標は、森林区図に配置され、森林区全体にわたっての動物の分布パターンが示された。

## IV 結果

### 4.1 トラの個体数推定

トラの存在を目視と間接証拠によって探査するため、約 528km の道路およびけもの道が踏破された（獲物動物推定のために行ったトランゼクトを除く）。調査期間中、48 の林班を 2 度反復して 58 の新鮮なトラの糞が採集された。そのうち 42 の糞サンプルは DNA 分析に適合的と判明したが、そのうち 25 の糞のみが 5 つ以上の遺伝子座における DNA 増幅が可能であり、それらがトラの個体識別に用いられた（表 4.1）。これら 25 の糞から 17 の固有の遺伝子タイプが同定された。

表 4.1 サティアマンガラム・トラ保護区（森林区）で収集された糞の合計

森林管理区域	踏破された距離	遺伝子解析のために収集された新鮮な糞	同定されたトラの数
Bhavanisagar	146	23	7
Hasanur	107	17	6
Sathyamangalam	77	3	2
Talavady	91	12	2
T. N. Palayam	107	3	0
合計	528	58	17

提出された糞から全ゲノム DNA が抽出された。そして、62 の異なった ISSR+RAPD プライマーを用い、ポリメラーゼ（合成酵素）連鎖反応（PCR）<sup>\*6</sup>を用いた増幅が行われた。

\*6：細胞内の DNA 複製システムをモデルにした、試験管内で DNA を増やす方法である。

細胞内の場合と異なり、目的領域のみを反復合成する。2 本鎖の DNA を鋳型とし、特定領域をはさむ 2 個のプライマー（酵素によって DNA を合成するとき用いられる一本鎖の DNA）と耐熱性 DNA ポリメラーゼ（合成酵素）を用いて、熱変性、アニーリング（加熱して一本鎖にした DNA を徐冷する事で二本鎖に戻す過程）、伸長反応という 3 つのステップを繰り返し行い、ごく微量の試料から 100 万倍におよぶ目的 DNA 断片を合成する。

31 の ISSR プライマー（多型）が 25 のサンプルの試験に用いられ、すべてのプライマーについて多型化が生じた。合成された多型対立遺伝子座を有する 1289 の断片は、数において 67 から 147 の範囲に、サイズにおいて 100 から 700bp のあいだに分布した。結果、多型対立遺伝子座を含む断片は、1 プライマーに対して 5.08 対立遺伝子座の割合の、計 61 である。

31 の RAPD プライマーは、ISSR 遺伝子マーカーによって観察された対立遺伝子多型化のレベルとは対照的に、比較的低い割合（51.5%）であり、10 の RAPD プライマーについて多型化が生じた。合計 353 の断片が増幅され、うち 182 断片が、プライマー当たり対立遺伝子頻度 4~19 の多型対立遺伝子座を有する。これは、おそらく RAPD 遺伝子マーカーのランダムさに起因するものである。



このように最終的に 25 のサンプルのみが考慮されることとなり、5 以上のマイクロサテライト遺伝子座において増幅された (99%信頼)。そして、これらの糞から 17 の個体が識別された。うち 8 頭は再 (2 度) 捕獲されている (図 4.2)。

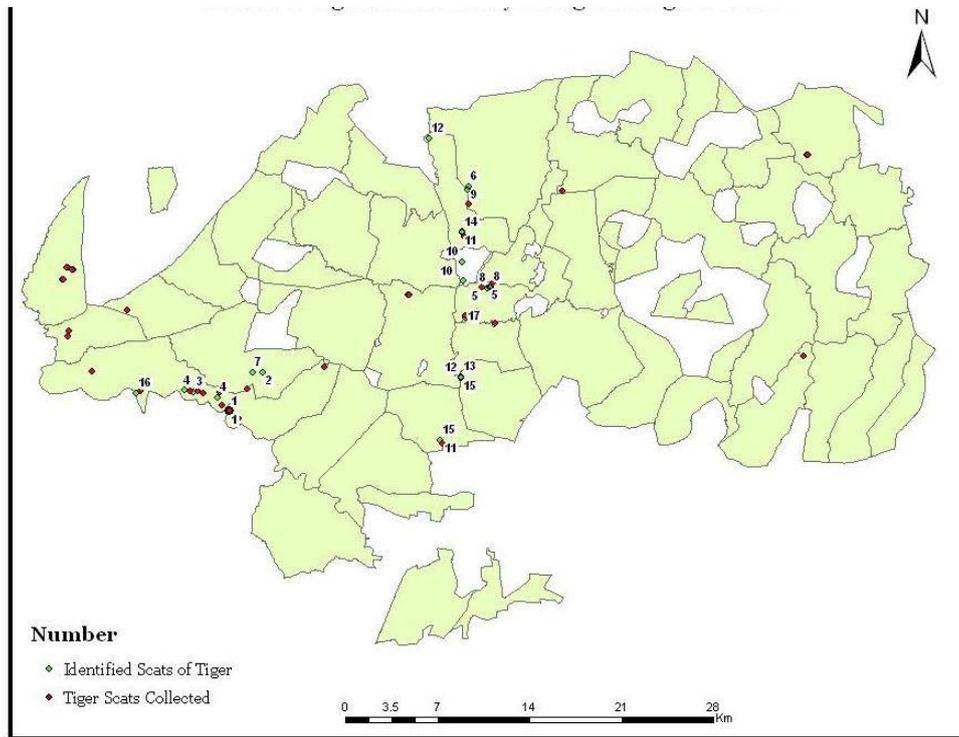


図 4.2 サティアマンガラム・トラ保護区において  
遺伝的解析のために収集されたトラの糞の配置

遺伝的関連性および個体間の関係は、これらがあたかもひとつの個体群であるかのように、17 個体のすべての RAPD および ISSR 遺伝子型 (対立遺伝子に見られる特定の塩基配列) をエントリーさせることで推定することができる。普遍的な可能性は 4 つ、すなわち無関係、両親共通のきょうだい、片方の親が違うきょうだいおよび親子である。このような関係を持つ個体は、無関係なものを除き、密接な近縁関係と考えられる (図 4.3)。

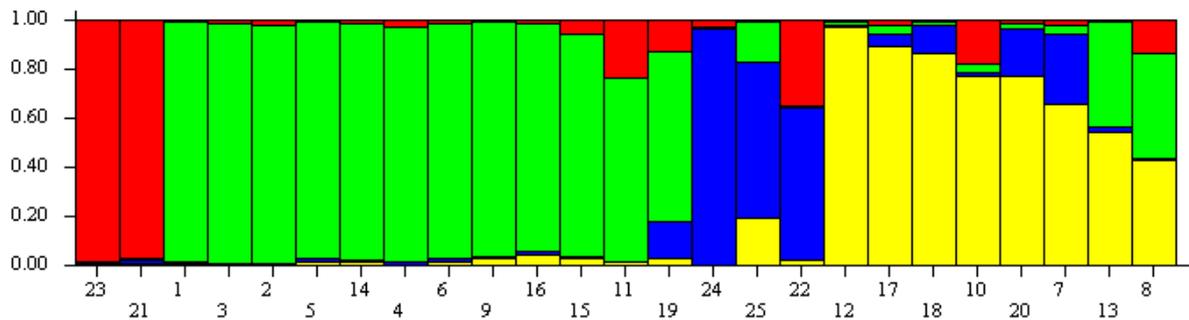


図 4.3 4 色のパターンを示す配置の要約—このデータは、4 つの集団に分割される。

## 個体群構造解析

STRUCTURE は、最近もっとも頻繁に使われているコンピュータープログラムである。STRUCTURE モデルは、1 から 10 までの異なるグループ数 (K) について、5 回反復して実施される (図 4.4)。最大の差分値を有する K (Delta K) を適合的な K として選択する (図 4.5)。

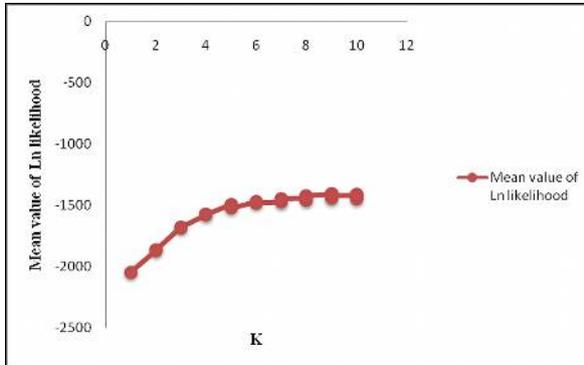


図 4.4 K が個体数を代表する場合の K とデルタ K のグラフ-K=4 のときデルタ K は最大となる(5.8)。

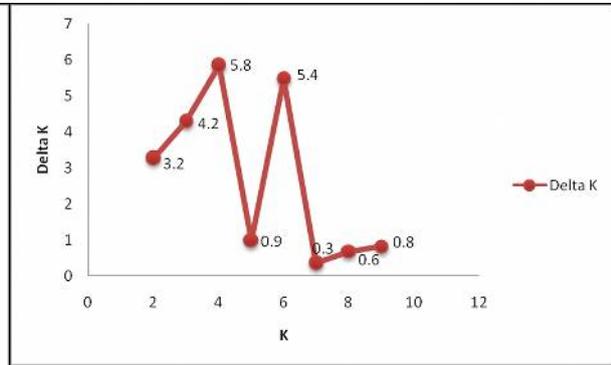


図 4.5 K が個体数を代表する場合の K と各 K の対数尤度のグラフ

総括的には、調査中 151 のトラの糞に遭遇した。km 当たり糞遭遇率は、サティアマンガラム森林管理区域においても最も高く (0.2435/per km)、バーバニサガール森林管理区域がそれに続き (0.2361/per km)、最も低かった区域は T.N.パラヤム森林管理区域であった (表 4.6)。遭遇した糞に基づいて林班ごとに調査したトラの存在度は、図 4.7 のとおりである。

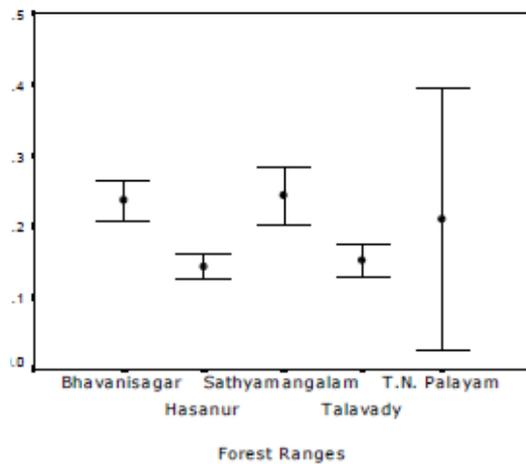


図 4.6 サティアマンガラム・トラ保護区におけるトラの糞への遭遇率

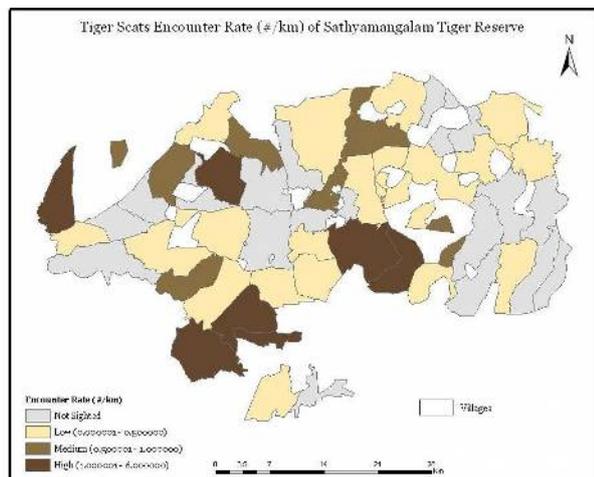


図 4.7 サティアマンガラム・トラ保護区における林班ごとのトラの糞への遭遇率

しかし、新鮮な糞の探知ということになると、バーバニサガール森林管理区域が最も高く (39.66%)、これにハサヌールが続き (29.31%)、サティアマンガラムと T.N.パラヤム森林管理区域は、最低数であった (5.17%) (表 4.8)。

異なった森林管理区間における、新鮮な糞への遭遇は、著しく異なっている ( $K= 57.00$ ,  $df= 4$ ,  $P= 0.0001$ )。総体的な存在度はバーバニサガールがもっとも高く (40%)、ハサヌール、タラバディがそれに次ぐ (図 4.8)。

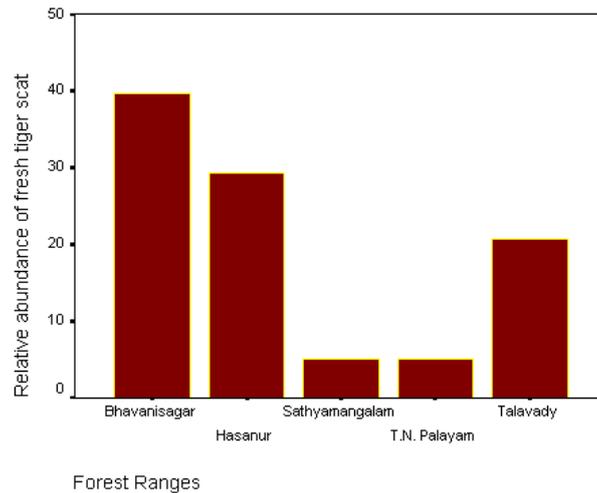


図 4.8 サティアマンガラム・トラ保護区内森林管理区域ごとの新鮮な糞の相対的存在度

#### 4.2 異なった生息地における遭遇率

トラの糞への遭遇率は、また植生タイプ間でも大きく異なっている ( $K = 13.692$ ,  $df 4$ ,  $P=0.008$ ) (図 4.9)。

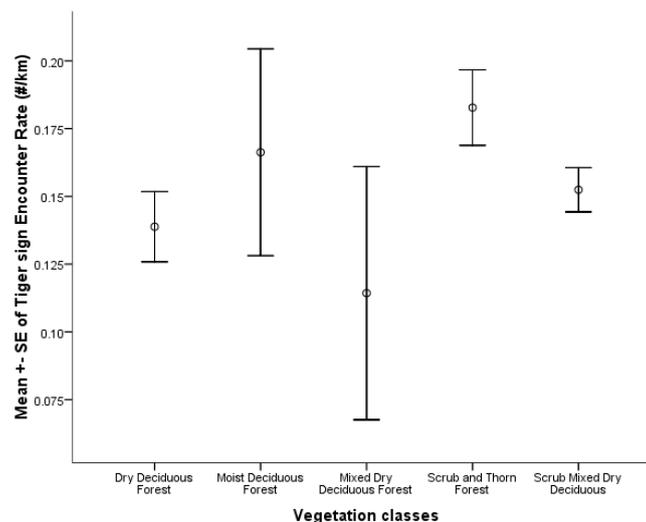


図 4.9 サティアマンガラム・トラ保護区における植生ごとのトラの糞への遭遇率 (Kruskal-Wallis 試験)

糞への遭遇率は、有刺樹と灌木の混交林でもっとも高く (0.17 個/km)、続いて湿潤落葉樹林 (0.16 個/km)であった。異なった植生タイプにおけるトラの糞の数は、表 4.2 に示した。

表 4.2 サティアマンガラムにおける異なった植生タイプにおけるトラの糞の数

植生タイプ	個数	遭遇率中間値	標準誤差
乾燥落葉樹林	85	0.138798	0.012944
湿潤落葉樹林	20	0.16627	0.038147
乾燥落葉樹混交林	23	0.114286	0.046713
灌木および有刺林	42	0.182759	0.013944
乾燥落葉樹混交灌木林	65	0.152438	0.00814

サティアマンガラム・トラ保護区において、トラは、林道よりも、人の通る小道およびけもの道をより利用していることがわかった。トラの糞への遭遇率は、人の通る小道でもっとも高く (0.68/km)、けもの道がこれに続く (0.54/km)。遭遇率は、林道において最も低い (0.3/km)。

トラの糞への遭遇率はまた、水への距離に関するマイクロ・ハビタット (細かな生息環境要素に着目して細分化した生息地) 間において相当異なりうる。しかし、今回は、けもの道 (14 個)、人の通る小道 (20 個)、林道 (20 個) というようなマイクロ・ハビタットと水との間の距離には有意な相関は見られなかった。人の通る小道および林道と、水との間の距離にはそれぞれ弱い相関が見られた ( $r = -0.322$ ,  $r = -0.468$ )。

#### 4.3 トラの獲物の密度

トラの主要な獲物種、すなわちアキスジカ (*Axis axis*)、サンバー (*Cervus unicolor*)、ガウル (*Bos gaurus*)、ホエジカ (*Muntiacus muntjak*)、ボンネット・モンキー (*Macaca radiata*)、ハヌマンラングール (*Semnopithecus entellus*) およびイノシシ (*Sus scrofa*) のすべてがトランゼクト調査において記録された。総括的には、13 の獲物種がトランゼクト調査において記録されている (表 4.3)。合計 48 のトランゼクト (それぞれ 2km) において、調査期間に 196km が踏破された (2012 年 11 月から 2013 年 5 月)。

表 4.3 サティアマンガラムにおけるトランゼクトで記録された獲物種

No	目	学名	和名
1	ウサギ目	<i>Lepus nigricollis</i>	インドノウサギ
2	偶蹄目	<i>Moschiolame minna</i>	インドマメジカ
3	偶蹄目	<i>Muntiacus muntjak</i>	ホエジカ
4	偶蹄目	<i>Cervus unicolor</i>	サンバー
5	偶蹄目	<i>Axis axis</i>	アキンスジカ
6	偶蹄目	<i>Bos gaurus</i>	ガウル
7	偶蹄目	<i>Antilope cervicapra</i>	ブラックバック
8	偶蹄目	<i>Tetracerus quadricornis</i>	チョウシंगा
9	長鼻目	<i>Elephas maximus</i>	アジアゾウ
10	ネズミ目	<i>Ratufa indica</i>	インドオオリス*
11	霊長目	<i>Macacaradiata</i>	ボンネット・モンキー
12	霊長目	<i>Semnopithecus entellus</i>	ハヌマンラングール
13	ネコ目	<i>Sus scrofa</i>	イノシシ

\*トラの獲物種ではないが、トランゼクトにおいて目視されたもの。

#### 4.3.1 大型植食動物の分布

有蹄類の中でもっとも高い頻度で直接目視および間接証拠が記録されたのはアキンスジカで低層平原の林班においてであった。続いてサンバーとガウルが中標高（海拔 1000m）の林班においてこれに続いた（図 4.10 ないし 4.12）。

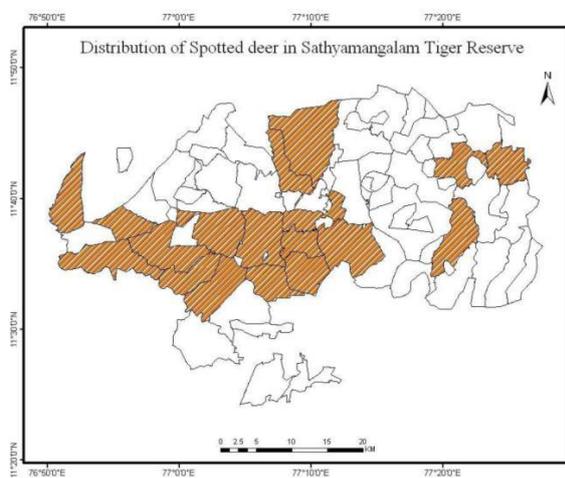


図 4.10 サティアマンガラム・トラ保護区  
林班ごとのアキンスジカの存在

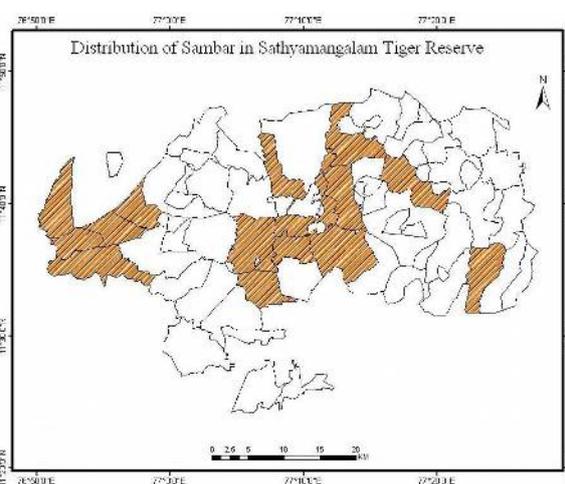


図 4.11 サティアマンガラム・トラ保護区  
林班ごとのサンバーの存在

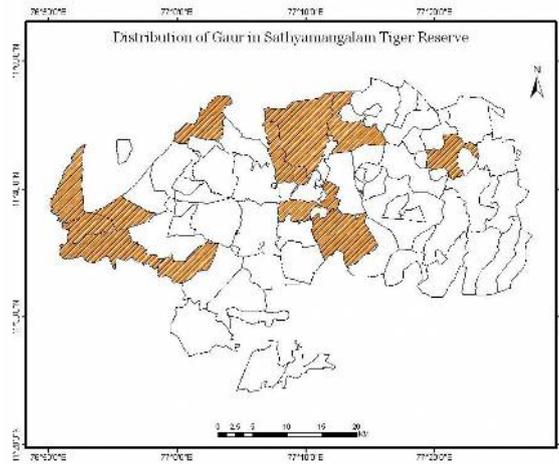


図 4.12 サティアマンガラム・トラ保護区  
林班ごとのガウルの存在

アキスズジカはまた、ハサヌール、Geddesal の一定の中標高の林班にも分布している。サンバーとガウルは Dimbam, Mavallam, Aringam, Makkampalayam, Kakkarai, Thengumaragada, Belathur Palaya, Bangaluputhur の湿潤および乾燥落葉樹林で多かった。

有蹄類の中で、アキスズジカの密度がもっとも高く(12.31/km<sup>2</sup>, n=131)サンバー(1.6/km<sup>2</sup>, n=46)とガウル(1.1/km<sup>2</sup>, n=40)がこれに続く。ほかの種は例えばハヌマンラングール、インドノウサギは、平均的な密度が記録された(表 4.4)。トランゼクトでの目視記録がより少ない種については推定の標準誤差が大きい。そのため、それらについての密度推定は行っていない。

表 4.4 サティアマンガラムにおけるトラの獲物の相対的密度

種	Km <sup>2</sup> 当たり密度	標準誤差	変動係数	95% 信頼区間 下限-上限
アキスズジカ	12.307	1.1325	9.20	10.271 - 14.747
サンバー	1.6903	0.28736	17.00	1.6903 - 2.3653
ガウル	1.1182	0.23958	21.42	0.73301- 1.7059
ホエジカ	0.45493	0.10508	23.10	0.30407- 0.6290
イノシシ	1.4084	0.33572	23.84	0.8737 - 2.2701
ボンネット・モンキー	2.2649	0.56692	25.03	1.3549 - 3.7862
ハヌマンラングール	5.6829	1.5701	27.63	3.2561 - 9.9187
インドノウサギ	4.7526	1.1075	23.30	2.9775 - 7.5861

アキスズジカの推定密度は、サティアマンガラムに隣接するビリギリランガンテンプル(BRT)と比べるとわずかに低い。サンバー、ガウルも同様である。密度推定の信頼区間はすべての種について非常に狭く、変動係数はアキスズジカおよびサンバーについて 10 未満である。しかし、ハヌマンラングールおよびボンネット・モンキーについては、変動係数はおそらくサンプル数の少なさのために、比較的高くなっている。

ガウルの密度の低さは草を喰む家畜が大量に存在するために、隣接する森林区の利用を余儀なくされているのではないかと考えられる。これまでに推定された3種の植食動物の密度のムドゥマライ・トラ保護区、ビリギリランガンテンプル・トラ保護区との比較を表4.5に示した。

表 4.5 ニルギリ-東ガーツ・ランドスケープにおける選定植食動物の密度推定

位置	アキシスジカ	サンバー	ガウル
ムドゥマライ	55.3 (SE=6.28)	2.8 (SE=0.49)	11.4 (SE=2.14)
ビリギリランガンテンプル	13.96	6.01	5.08
サティアマンガラム	12.31 (SE = 1.13)	1.69 (SE=0.28)	1.12 (SE= 0.24)

\*Sources: **Mudumalai**:Ramesh *et. al.* 2009; **BRT**: Kumara *et. al.* 2010.



図 4.13 サティアマンガラム・トラ保護区内  
ディンバム〜タラマライ間の道路で  
記録された新鮮なドールの糞



図 4.14 サティアマンガラム・トラ保護区  
タラマライ林班で記録されたガウルの  
仔連れのメスと亜成獣



図 4.15 サティアマンガラム森林管理区ディンバム林班  
で記録されたハヌマンラングール

## V 検討

トラ *Panthera tigris* の個体数は、世界中で減少している。密猟の他、生息地の消失、獲物動物の継続的な減少および自然生息地の分断が野生のトラの現在の危機的状況をもたらす主因となっている。トラの個体数を推定することは保全論者にとり、個体数の傾向を知るための重要な活動となっている。インドでは、保護地域に隣接する国有林に相当な数のトラがいるにもかかわらず、トラを保全するための管理目標を与えられていない区域ではないからという理由で、トラの個体数評価は型にはまったように保護地域のみで行われてきた。

トラのなわばり性と保護地域の環境収容力の限界は、その個体群に新たに加わった個体に対し、(願わくば) 自らのなわばりを築くべく隣接する森林へ出て行くよう強いることになる。インドでは有名な保護地域に関心が集中し、それらを取り巻くトラの生息可能な地域、いわゆる「シンク (掃きだめ)」と呼ばれる地域についてはほとんど何もなされていない。本研究区域は適切な獲物動物と水 (モヤール川) があるトラの長期的保全にとって好適な森林区となっている。



図 4.16 タラパティ森林管理区域パラヤム林班における徒歩によるトランゼクト

図 4.17 ハサヌール森林管理区域におけるトラが存在する関節証拠の収集

インド (州) における森林の空間的管理単位：翻訳者作成



## 5.1 トラの個体数

Reddy et. al. (2012)は、サティアマンガラム野生生物保護区および国有林におけるトラの個体数推定に基づき、18頭のトラの推定に行き着いた。タミルナドゥ森林局は、サティアマンガラム森林区の広さ(1455 km<sup>2</sup>)を考慮し、WTIにその数の再確認を委ねた。今回の研究では、マイクロサテライト遺伝子マーカーの採用により、個体と遺伝的多様性を識別するに十分な情報が得られた。その結果、最低3つの異なった家族に属する17個体の存在を確認できた。Reddy et. al. (2012)による先行研究では、遺伝子型を識別するに足るDNAを採集した糞の53.6%から抽出し、サティアマンガラム森林区に18頭のトラがいると結論した。トラは、サティアマンガラム・トラ保護区の5つの森林管理区域内の48林班のうち29林班を占有しており、サティアマンガラム・トラ保護区全体の61.4%を占有することになる。Reddy et. al. (2012)は、サティアマンガラムのトラのDNAのプロフィールが隣接するビリギリランガンテンプル・トラ保護区のトラと異なっていることから、サティアマンガラムのトラ保護のために特別な保全措置が必要だと論じている。この研究はまた、サティアマンガラムのトラは隣接するムドゥマライ・トラ保護区のトラとの共通性があるかもしれないとも付言している。

トラの新鮮な糞の配置は、本研究と異なっている。Reddy et. al. (2012)による調査は、この地域の全域から新鮮な糞を集めることができるモンスーン季に行われた点でも本研究と異なっている。本研究では、新鮮な糞は、乾期(4月ないし6月)においては水場に近い場所で記録されている。

## 5.2 獲物動物種の密度

トラの保全のために必要となる条件を考えるにあたっては、その基本的な獲物動物である有蹄類に関する知識が必須となる。それらの有蹄類とは、イノシシ、サンバー、アキシスジカ、ガウル、ホエジカ、チョウシダといわれている(Karanth et. al. 2004)。トラが機会依存型捕食者であって、種に関係なく行動圏内における弱い個体を選択して補食するにもかかわらず、家畜よりも群を成す野生動物を選好する(Islam et. al. 2010)。サティアマンガラムにおいてはアキシスジカ、サンバー、ガウルの密度が低いことが明らかとなった。調査区域は、非常に樹冠が開けた、相当範囲を小さな草地パッチを伴う灌木林が覆う混交林によって優占されている。このような高度の不均質さは、ブラウザー(主に木本植物を食べる有蹄類)およびグレイザー(主にイネ科植物を食べる有蹄類)の高い密度を保証する(Eisenberg & Seidensticker, 1976)。しかし、獲物動物の豊富さを改善するためには水源の増加や植林のような生息地改善策が必要となる。アキシスジカ、サンバー、ガウル、そしてホエジカに関しては、トランゼクトによって適切なサンプル・サイズが得られたが故に密度推定は可能であった。他方、チョウシダ、イノシシ、ボンネット・モンキーやハヌマンラングールのような樹上性動物については、トランゼクトにおけるサンプル収集の際の直接的な遭遇の不足のため、信頼性のある密度推定ができなかった。大型草食獣の存在度の低さは、食物および水の利便性の低さに起因する。晩冬および初夏の数ヶ月の間は、ほとんどの植食動物の痕跡および目視はモヤール川の岸沿いまたは水たまりの近くで得られた。

本研究において推定された有蹄類の密度は、それらが生息地間を移動している可能性があるため、過小評価になっている可能性がある。Karanth & Stith (1999)は、広大でトラの生息地として好適な多くの地域でトラが低密度または欠如しているのは、おそらく獲物動物の密度が低いこと

が大きいと示唆している。これまでの研究は、植食動物の密度はしばしば時間的空間的な生息地の質の変化に関係していることを示している(Gaillard *et. al.* 2000)。バンディプールおよびムドゥマライ・トラ保護区では、彼らの採食要求に応じて異なった生息地を好むことが知られている(Ahrestani *et. al.*)。このように獲物動物の個体数推定は、1年の内異なった季節に行なう必要があり、そうすることで密度の正確な推定が可能となる。異なった生息地でトランゼクトによってすべての動物を目視することはしばしば不可能であるためである。

### 5.3 結論

サティアマンガラムにおける生息地保護は、それがムドゥマライ、バンディプールおよびビリギリランガンテンブルの各トラ保護区の間という保全戦略上重要な位置にあるため、トラとその獲物動物を含むトラ以外の種がメガ・ランドスケープ内を分散し移動するための鍵となる。本研究の結果は、間違いなくこの地域においてほとんど知られていなかった捕食関係の解明に間違いなく重要な貢献をするものである。

## 引用文献

- Ahrestani, F. S., Ignas M. A. Heitk<sup>o</sup>onig and Prins, H.H. T (2012), Diet and habitat-niche relationships within an assemblage of large herbivores in a seasonal tropical forest, *Journal of Tropical Ecology* (2012) **28**:385–394
- Bagchi, S; Goyal, SP; Sankar, K. 2003. Prey abundance and prey selection by tigers (*Panthera tigris*) in a semi-arid, dry deciduous forest in western India. *Journal of Zoology* 260:285-290
- Bhagavatula, J; Singh, L. 2006. Genotyping faecal samples of Bengal tiger *Panthera tigris tigris* for population estimation: A pilot study. *BMC Genetics* 7:48
- Biswas, S. & Sankar, K. (2002). Prey abundance and food habit of tigers (*Panthera tigris tigris*) in Pench National Park, Madhya Pradesh, India. *J. Zool., London*, 256, 411-420
- Creel, S., Spong, G., Sands, J. L., Rotella, J., Zeigle, J., Joe, L., Murphy, K. M. and Smith, D. (2003), Population size estimation in Yellowstone wolves with error-prone noninvasive microsatellite genotypes. *Molecular Ecology*, 12: 2003–2009. doi: 10.1046/j.1365-294X.2003.01868.x
- Eggert LS, Eggert JA, Woodruff DS (2003) Estimating populationsizes for elusive animals: the forest elephants of Kakum National Park, Ghana. *Molecular Ecology*, **12**, 1389–1402
- Eisenberg, J. F. & Seidensticker, J. (1976). Ungulates in Southern Asia: a consideration of biomass estimates for selected habitats. *Biol. Conserv.* 10: 293±307.
- Franklin, N., Bastoni, Sriyanto, Siswomartono, D., Mamansang, J. & Tilson, R. (1999). Using tiger stripes to identify individual tigers. In *Riding the tiger*: 138. Seidensticker, J., Christie, S. & Jackson, P. R. (Eds). London: Cambridge University Press
- Gaillard, J.M., M. Festa-Bianchet, N. G. Yoccoz, A. Loison, And C. Toigo ( 2000). Temporal variation in Fitness Components and Population Dynamics of Large herbivores. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 2000. 31:367–93.
- Islam, K.K., D. Joshi and N. Sato, (2010). Tiger conservation and its feasibility analysis in Nepal. *Proc. of International Conference on Environmental Aspects of Bangladesh* (ICEAB10), Japan, Sept. 2010
- Karanth, K. U. & Sunquist, M. E. (1995). Prey selection by tiger, leopard and dhole in tropical forests. *J. Anim. Ecol.* 64: 439±450
- Karanth, K. U. and Nichols, J. D. 1998. Estimating tiger densities in India from camera trap data using photographic captures and recaptures. *Ecology* 79: 2852-2862

- Karanth, K. U. and Stith, B. M. 1999. Prey depletion as a critical determinant of tiger population viability. Pages 100-113 in *Riding the Tiger: Tiger conservation in human dominated landscapes* (Editors: J. Seidensticker, S. Christie and P. Jackson). Cambridge University Press
- Karanth, K. U., Nichols, J. D., Seidensticker, J., Dinerstein, E., Smith, J. L. D., McDougal, C., Johnsingh, A. J. T., Chundawat, R. S and Thapar, V. 2003. Science deficiency in conservation practice: The monitoring of tiger populations in India. *Animal Conservation* 6: 141-146
- Karanth, K. U., Nichols, J. D. and Kumar, N. S. 2004. Photographic sampling of elusive mammals in tropical forests. Pages 229-247 in *Sampling rare or elusive species*. (Editor: W. L. Thompson). Island Press
- Kawanishi, K. and M. E. Sunquist. 2004. Conservation status of tigers in a primary rainforest of Peninsular Malaysia. *Biological Conservation* 120: 329-344
- Kohn M.H., York E.C., Kamradt D.A., Haught G., Sauvajot R.M. and Wayne R.K. 1999. Estimating population size by genotyping faeces. *Proceedings of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences* 266: 657–663
- Kumara, H.N. Rathnakumar, S. (2010). Distribution and Abundance of large mammals in BiligiriRangaswamy Temple Wildlife Sanctuary. Technical report submitted to Karnataka Forest Department, Chamarajanagar Wildlife Division, Chamarajanagar, Karnataka, India
- Lukacs PM, Burnham KP (2005) Estimating population size from DNA-based closed capture–recapture data incorporating genotyping error. *Journal of Wildlife Management*, **69**, 396–403
- MacKinnon K, Mishra H, Mott J (1999). Reconciling the needs of conservation and local communities: Global Environment Facility support for tiger conservation in India. In *Riding the Tiger*. Seidensticker J, Christie S, Jackson P, eds. Cambridge University Press
- G Mowat and C Strobeck. "Estimating population size of grizzly bears using hair capture, DNA profiling, and mark-recapture analysis." *Journal of Wildlife Management* **64** (2000): 183-193
- Nowell K, Jackson P (1996). *Wild Cats: Status Survey and Conservation Action Plan*. Gland, Switzerland: IUCN
- Panwar HS (1987) .Project Tiger: The reserves, the tigers and their future. In *Tigers of the World: The Biology, Biopolitics, Management and Conservation of an Endangered Species*. Tilson RL, Seal US, eds. pp. 110–117, Park Ridge, New Jersey: Noyes Publications
- Piggott, M. P., Banks, S. C., Stone, N., Banffy, C., & Taylor, A. C. (2006). Estimating population size of endangered brush - tailed rock - wallaby (*Petrogalepenicillata*) colonies using faecal DNA. *Molecular Ecology*, *15*(1), 81-91

- Prugh, L. R., Ritland, C. E., Arthur, S. M., & Krebs, C. J. (2005). Monitoring coyote population dynamics by genotyping faeces. *Molecular Ecology*, 14(5), 1585-1596
- Reddy PA, Gour DS, Bhavanishankar M, Jaggi K, Hussain S.M. (2012a). Genetic Evidence of Tiger Population Structure and Migration within an Isolated and Fragmented Landscape in Northwest India. PLoS ONE 7(1): e29827. doi:10.1371/journal.pone.0029827
- Reddy,P.A. Kumaraguru,A., JyotsnaBhagavatula, Dighal Singh Gour, Bhavanishankar,M, ShekharSarkar,M., Harika, K., Hussain, Sk. Md and Shivaji, S (2012b). Tiger presence in a hitherto unsurveyed jungle of India–the Sathyamangalam forests. *Conservation Genetics*(2012) 13:779–787
- Sanderson E, Forrest J, Loucks C, Ginsberg J, Dinerstein E, et al. (2006) Setting Priorities for the Conservation and Recovery of Wild Tigers: 2005–2015, The Technical Assessment. Available: <http://www.worldwildlife.org/species/finder/tigers/publications.html>.
- Seidensticker, J. & McDougal, C. (1993). Tiger predatory behaviour, ecology and conservation. *Symp. Zool. Soc. London*, 65, 105-125.
- Sunquist, M. E., Karanth, K. U. & Sunquist, F. (1999). Ecology, behaviour and resilience of the tiger and its conservation needs. In *Riding the tiger: tiger conservation in human dominated landscapes: 5±18*. Seidensticker, J., Christie, S. & Jackson, P. (Eds). Cambridge: Cambridge University Press.
- Waits, L. P. 2004. Using noninvasive genetic sampling to detect and estimate abundance of rare wildlife species. Pages. 211–228. in W. L. Thomas, editor. *Sampling rare or elusive species: concepts, designs and techniques for estimating population parameters*. Island Press, Washington, D.C., USA
- Wilson, G. J., Frantz, A. C., Pope, L. C., Roper, T. J., Burke, T. A., Cheeseman, C. L., & Delahay, R. J. (2003). Estimation of badger abundance using faecal DNA typing. *Journal of Applied Ecology*, 40(4), 658-666.

