

原著

茨城県南西部に出没したニホンジカの
ミトコンドリア DNA 遺伝解析による出自の推定永田純子¹・後藤優介²・高木俊人³・兼子伸吾³・原田正史⁴¹ 国立研究開発法人 森林研究・整備機構 森林総合研究所² ミュージアムパーク茨城県自然博物館³ 福島大学共生システム理工学研究科⁴ 元大阪市立大学大学院医学研究科Possible origin area of sika deer confirmed in southwestern Ibaraki Prefecture,
inferred by mitochondrial DNAJunco Nagata¹, Yusuke Goto², Toshihito Takagi³, Shingo Kaneko³, Masashi Harada⁴¹ Forestry and Forest Products Research Institute² Ibaraki Nature Museum³ Graduate School of Symbiotic Systems Science and Technology, Fukushima University⁴ Graduate School of Medicine, Osaka City University

Abstract As the number of sightings of Japanese sika deer (*Cervus nippon*) increases in Ibaraki Prefecture, Japan, male sika deer have recently appeared in Tsukuba City (2015 and 2016) and Yuki City (2019), located in the southwestern part of the prefecture (ISW). We analyzed the mitochondrial DNA control region sequences of three individuals and compared them with those of sika deer in the neighboring areas to infer their areas of origin. The three individuals shared an identical haplotype 6TCG1 and repeat motif TD-2. Pairwise F_{ST} and Exact Test suggested significant genetic differentiation in the Nasu-Yaita/Boso Peninsula/Kanto Mountains and ISW. Based on these results, the most possible area of origin of these deer was Nikko in Tochigi Prefecture, which was the only area with the identical haplotype-repeat motif “6TCG1-TD-2”. The areas where we obtained the three deer are all very close to the Kokai River, which originates in the Nasu area, Tochigi Prefecture, and the Kinu River, which has its upper reaches in Nikko and northern Tochigi Prefecture. The sika deer in ISW may have migrated from Tochigi Prefecture using the green areas along these rivers as corridors.

Key words: control region, distribution expansion, genetic monitoring, nucleotide sequences

はじめに

ニホンジカ (*Cervus nippon* Temminck, 1838) (以下、シカ) は、明治時代から昭和時代前半にかけての強力な狩猟圧によって個体数が激減し、生息地が分断化され、各地で地域個体群が絶滅した (湯本・松田 2006)。

近年は分布が急速に拡大しつつあり、2018 (平成 30) 年には日本国土の約 7 割を占めるまでに至った (環境省 2021)。シカの高密度地域では農林業被害、自然植生被害および土壌流出などが社会問題になっている (湯本・松田 2006)。2019 (令和元) 年度のシカによる農作物被害額は 53 億円にのぼり (農林水産省 2020)、シカの個

受付日：2021 年 5 月 27 日 受理日：2022 年 4 月 19 日
責任著者：永田純子 junbe@fpri.affrc.go.jp

体数調整による被害軽減が重要な課題となっている。

茨城県では、県内各所の縄文時代遺跡からシカの遺物が出土していることから (Tsujino et al. 2010), 歴史的には県内に広くシカが分布していたことがうかがえる。江戸時代に徳川吉宗, 家斉, 家慶が千葉県松戸市小金牧で行った計4回にわたる大規模な鹿狩りは「小金原御鹿狩」と呼ばれ, 多数の勢子を使い茨城県からも獲物を追い出した。1849 (嘉永2) 年に行われた家慶による4回目の鹿狩りのころには常陸国にシカはほとんど生息していなかったという (青木 2010)。明治時代以降には1887 (明治20) 年ごろに北茨城市関本町小川で (長山 1984), 1920 年ごろ (大正時代末期) に常陸太田市および大子町で (小室 1984) シカの捕獲記録があるのみで, それ以外に確実な生息情報は得られていなかった。環境省の自然環境保全基礎調査が1978 (昭和53) 年に開始された以降も, 2003, 2011, 2014 (平成15, 23, 26) 年の調査年において茨城県はシカの分布空白県となっていた (環境省 2015)。茨城県版レッドデータブック (茨城県生活環境部環境政策課 2016) においても, “近世・近代以降ニホンジカが分布しなかった” と記されている。

茨城県北部では2013 (平成25) 年以降, 大子町八溝山エリアにおいてシカの姿がしばしば記録されるようになった (竹内ほか 2019)。これらは栃木県東部のシカ生息地から連なる八溝山系を利用して分布を拡大していると推察されており (竹内ほか 2019), 茨城県北部ではさらなるシカの分布拡大および定着の進行が懸念されている。

茨城県南西部においても近年, シカの姿が捉えられるようになってきた (茨城県 2021, 環境省 2021)。茨城県南西部から最も近い主要シカ生息地域として, 栃木県日光足尾エリア, 栃木県矢板那須エリア, 関東山地エリア, 千葉県房総半島が挙げられ, ごく近接した地域にはシカの生息地は見当たらない (環境省 2015)。茨城県南西部からいずれのエリアまで農地や広大な市街地が広がっており, シカが安定的に利用できる環境は限られる。そのため, 茨城県南西部に出没するシカの出自および移動ルートは不明のままである。

茨城県西部には, 大規模水田が点在するほか露地野菜の大産地が形成されているため (茨城県県西農林事務所結城地域農業改良普及センター 2021), シカによる農業被害の増大が懸念されており, 近い将来シカ管理対策を講じる必要が発生する可能性がある。Apollonio et al. (2010) が述べているように, 効果的な動物管理のためには, 個体群全体をとらえた体制を構築することが必要である。そのためには, 近隣県などの自治体との連

携や行政界を越えた地理的規模の大きな管理単位 (梶 2009) の推進が必要である。もし茨城県南西部に出没したシカの出自が明らかになれば, 移動ルートを推察できる可能性があり生息モニタリング実施体制や防除体制の構築に寄与できるだろう。加えて, 関係自治体との協力体制を促すための科学的根拠を提示することが可能になると考える。

ミトコンドリア DNA (以下, mtDNA) は細胞内小器官であるミトコンドリアに多数存在し, 核 DNA とは全く異なる遺伝様式を持つ。大きな特徴としては, 母性遺伝をすること, 核 DNA よりもコピー数が多いことが挙げられる。さらに, mtDNA は核 DNA に比べて塩基置換速度が速いため (Brown et al. 1979), 生物進化を明らかにするうえで分子時計として使用されている。mtDNA の一部であるコントロール領域はタンパク質をコードしないため変異が蓄積しやすく, 多くの生物で塩基配列情報が収集されており, 近縁種や亜種判別に利用されている。シカ類に関しても近縁種や種内の違いを表現できる遺伝部位であることが報告されている (Randi et al. 2001)。多様性の高い mtDNA の配列のタイプ (ハプロタイプ) とその組成は集団間で異なることも多い。そのため, ある個体のハプロタイプと周辺集団のハプロタイプやその組成を調べることにより, その個体がどの集団で生まれたのか, を推定することが可能になる。これまで, 国内で新たにシカ分布が確認された地域のいくつかについて mtDNA 解析に基づいて起源集団を探る研究が行われており (佐藤ほか 2013, Hata et al. 2018, Yamazaki 2018, 久保田ほか 2021), シカ分布拡大に関する科学的理解に貢献している。mtDNA は, 両性遺伝する核 DNA とは全く異なり母性遺伝という遺伝様式を持つため, オスの場合1代限りで mtDNA は消失して次世代には伝達されない。そのため, これまでシカの生息が無かった地域において新たにシカが出没した場合, それらと周辺シカ集団の mtDNA ハプロタイプを比較することで, 出自を調べることが可能となる。

本研究では, 2015 (平成27) 年から2019 (令和元) 年に茨城県南西部で得られた出自不明のシカ3頭 (つくば市2頭, 結城市1頭) について個体情報を整理した。さらに mtDNA コントロール領域の塩基配列解析に基づき, 周辺地域 (栃木県日光足尾エリア, 栃木県矢板那須エリア, 関東山地エリア, 千葉県房総半島) に生息するシカとの遺伝学的関係を明らかにすることで, 茨城県南西部に現れたシカの出自判別を試み移動に利用した環境について議論をした。

表 1. 茨城県南西部におけるニホンジカの捕獲および交通事故の記録.

Table 1. Records of captures and a road kill of Japanese sika deer in southwestern Ibaraki Prefecture.

年月日	出沒地	個体番号	性別 (角の形状)	年齢 (判定方法)	状況
Date	Locality	ID	Sex (Morphological features of antlers)	Age (Determination method)	Note
2015/11/17	つくば市六斗	IBK001	オス (1尖角)	1歳 (角の形状)	狩猟者の罠により捕獲された。住民情報によると、同年の春頃に少なくとも2頭のシカが同時に目撃され、大豆の芽を食べる様子等が観察されていた。
	Rokuto, Tsukuba		Male (1 point on both antlers)	1 (Antler shape)	Captured by a hunter's trap. According to information from residents, at least two deer were seen at the same time in the spring of the same year, and were observed eating soybean sprouts.
2016/9/16	つくば市真瀬	IBK002	オス (左角2尖, 右角1尖)	1歳 (角の形状)	国道354号真瀬入口交差点付近で、車との交通事故により死亡した。
	Mase, Tsukuba		Male (2 points on left, 1 point on right antlers)	1 (Antler shape)	Road kill near the Mase Entrance intersection on Route 354.
2019/5/13	結城市結城	IBK003	オス (成長途中の袋角)	1歳 (歯の生え変わり状況)	空き店舗に侵入したところを捕獲された。
	Yuki, Yuki		Male (Growing velvet antlers)	1 (Teething status)	Captured when he broke into a vacant store.

材料および方法

捕獲個体および交通事故死個体の状況調査と情報整理

2015年11月17日の茨城県つくば市六斗での捕獲個体 (IBK001), 2016年9月16日のつくば市真瀬での交通事故死個体 (IBK002), 2019年5月13日の結城市結城での捕獲個体 (IBK003) について、関係者からの聞き取りと写真や現物をもとに、性判別、角の形状、年齢および捕獲時の状況を整理した (表1)。年齢推定は枯角の加齢変化 (大泰司ほか 2017) もしくは下顎歯列を用いた萌出・交換法 (大泰司 1976) に従った。これら3個体が得られた地点を図1に示した。

サンプリングおよびDNA抽出

IBK001, IBK002, およびIBK003からそれぞれ肉片を収集した。肉片は実験開始まで70–100%エタノールに液浸し室温で保管した。これらシカ個体の由来を明らかにするため、比較対象として3集団から収集したシカ61個体のサンプルを使用した: 栃木県那須矢板 (2006–2018年採取, メス3個体, オス8個体, 計11個体), 栃木県日光 (2006–2018年採取, メス20個体, オス21個体, 計41個体), 房総半島 (1992年採取, 雌雄不明, 計9個体) (表2)。なお、これらの集団は、サンプルの

採取地点の地理的まとまりによって定義し、データ解析における作業単位として使用した。QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN) を使用し、添付のマニュアルに従いDNA抽出を行った。

mtDNA コントロール領域の増幅と塩基配列決定

IBK001, IBK002, IBK003 および比較対象61個体のシカのmtDNA コントロール領域全長の増幅には、L15926 および H597 (Nagata et al. 1998) プライマーセットを用いた。PCRは、2.0 mMのMgCl₂, 0.2 mMのdNTP, 0.5 μMの各プライマー, 0.1 μlのTaKaRa Ex Taq (5 U/μl, Takara Bio Inc.), 抽出DNA 1 μlを含む20 μlの反応液で行った。PCR反応条件は以下のとおりである: 94°Cで2分間の熱変性後, 94°Cで30秒, 55°Cで30秒, 72°Cで45秒のステップを35サイクル繰り返し, 最後に72°Cで10分間の伸長反応を行った。PCR産物はExoSAP-IT Express PCR Product Cleanup (Thermo Fisher Scientific) を用いて精製した。精製したPCR産物をユーロフィンジェノミクス株式会社に送付し, 4つのプライマーLD5 (Nagata et al. 1998), LD15 (Nabata et al. 2004), CervH1 [DNA Data Bank of Japan (DDBJ) アクセションナンバー: AB295418], CervH3 (AB295415) を用い受託シーケンス解析 (サンガー法) を行った。シーケン

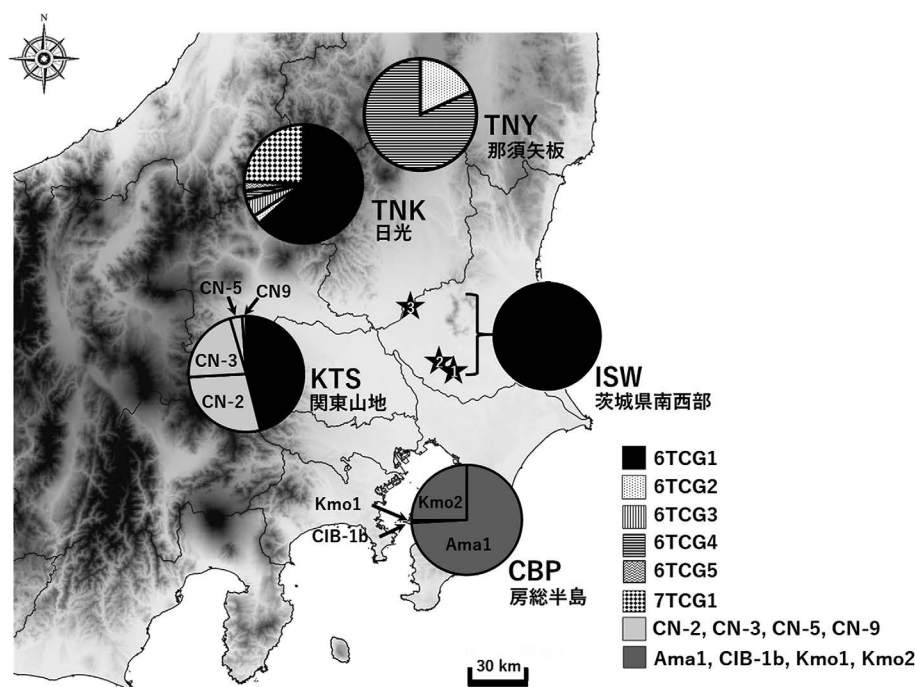


図1. 茨城県南西部でのニホンジカサンプリング地点と関東地方ニホンジカ生息地でのミトコンドリア DNA コントロール領域ハプロタイプ頻度。★は捕獲地点を示し、数字1-3はそれぞれ IBK001-IBK003を示す。

Fig. 1. Sika deer sampling sites in southwestern Ibaraki Prefecture and mitochondrial control region haplotype frequency in sika deer habitats in Kanto region. ★ represents sampling sites, and numbers 1-3 indicate IBK001-IBK003, respectively. See Table 1 for abbreviations of locality names.

ス反応には BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific) を用い、電気泳動には 3730xl DNA Analyzer (Thermo Fisher Scientific) を使用した。

データ解析

塩基配列は ChromasPro v2.1.8 (Technelysium Pty Ltd) を用いて整えアッセンブルした。茨城県南西部で得られた3個体の塩基配列は The National Center for Biotechnology Information ウェブサイト上の BLASTN¹⁾ (Altschul et al. 1997) を用いて、塩基配列データベースとの配列類似性検索を行った。本研究で得られた合計64個体の塩基配列に加え、Nagata et al. (1999) から房総半島の4個体、Yoshio et al. (2008) から房総半島の259個体、Hata et al. (2018) から関東山地の89個体の塩基配列を加えた計416個体(表2)を用いて ClustalW (Thompson et al. 1994) によりアライメントを行った。BioEdit v.7.2.5 (Hall 1999) により5'側を Yoshio et al. (2008)、3'側を Nagata et al. (1999) で取り扱っている塩基配列長に合わせてトリミングした後、941塩基について DnaSP v.6.12.03 (Rozas et al. 2017) によってハプロタイプの分類を行った。コントロール領域内に含まれる約40塩基/ユニット

からなる繰り返し配列 (Nagata et al. 1999) の分類については Hata et al. (2019) を参考にした。

地域間の遺伝的分化を検討するため783~979塩基長の配列を用いて AMOVA (analysis of molecular variance) (Excoffier et al. 1992) を5地域全体に対して実施し、地域間集団構造があるかどうかを検討した。どの地域間に遺伝的分化が生じているかを知るために、ペアワイズ F_{ST} 分析 (Weir and Cockerham 1984) を1000回の permutation test により検定した。さらに2つの地域が任意交配を行う同じ繁殖集団に含まれる確率をマルコフ連鎖 100000 steps, Exact test (Raymond and Rousset 1995) により行った。これらの検定には多重比較によるタイプ I エラーに対処するため、有意水準 $\alpha = 0.05$ の Bonferroni correction (Rice 1989) (0.005) による補正を行った。遺伝的変異性の指標としてハプロタイプ多様度 (h) (Nei and Tajima 1981) と塩基多様度 (π) (Nei 1987) を求めた。これらの分析には、Arlequin ver. 3.5 program (Excoffier and Lischer 2010) を用いた。

ハプロタイプ間の遺伝学的関係を検討するために TCS v.1.2.1 (Clement et al. 2000) により、信頼限界95%でハプロタイプネットワーク図を作成した。ネットワーク

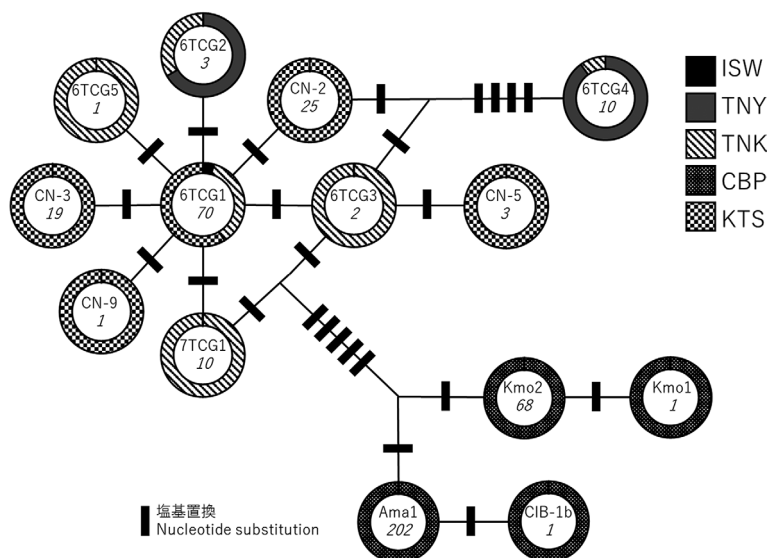


図2. ニホンジカのTCSハプロタイプネットワーク。円グラフは各ハプロタイプが見られた地域の内訳。斜体数字は個体数。太線はハプロタイプ間の一塩基置換を表している。地域名の略称は表2を参照のこと。

Fig. 2. TCS haplotype network of sika deer. The pie chart shows the breakdown of the regions where each haplotype was found. Italicized numbers indicate the number of individuals. Bold lines represent single substitution differences between haplotypes. See Table 2 for abbreviations of locality names.

図作成には、シカのmtDNAコントロール領域内の繰り返し配列を削除した552塩基を使用し、ギャップは5th stateとして扱った。

結 果

茨城県南西部で得られたシカ3個体はいずれも1歳のオスと判定された(表1)。

本稿で取り扱ったシカのmtDNAコントロール領域ハプロタイプの地域別頻度を表2に示した。茨城県南西部で得られた3個体からは、それぞれ1067塩基のコントロール領域全長配列を得ることができた。これら3個体は同一の塩基配列を示し、シカのコントロール領域に存在する繰り返し配列(Nagata et al. 1999)を6つ保持していることが明らかになった(表2)。BLASTNによる同源性検索を行ったところ日光国立公園から得られたアクセッションナンバーAB500006と相同だった[Score = 1982 bits (1073), E-value = 0.0, Identities 1073/1073 (100%)].

比較対象の61個体についてはNagata et al. (1999)で対象としている部分領域と同じ塩基長を得ることができ、8つのハプロタイプ: 6TCG1/CN-1 (以下6TCG1: 26個体), 6TCG2 (3個体), 6TCG3 (2個体), 6TCG4 (10個体), 6TCG5 (1個体), 7TCG1 (10個体), Ama1/

CIB-1a (以下, Ama1: 7個体), Kmo2/CIB-2a/CIB-2b (以下, Kmo2: 2個体)が検出され, GenBank/EMBL/DDBJに登録した(茨城県の3個体: LC632604-LC632606, 栃木県の52個体, LC632607-LC632658 千葉県の9個体: AB378335-AB378343)。

さらに先行研究で確認されたものを加え, 本稿で取り扱った地域に出現したハプロタイプは14タイプであった。地域別で見ると, 茨城県南西部 (ISW) では1タイプ, 那須矢板 (TNY) では2タイプ, 日光 (TNK) では6タイプ, 房総半島 (CBP) では4タイプ, 関東山地 (KTS) では5タイプ検出された。繰り返し配列は, 19タイプ確認され, ハプロタイプと繰り返し配列の組み合わせは24通り存在した。また, 集団内のハプロタイプの組成に, 雌雄で明確な違いは認められなかった。茨城県南西部で得られた個体のハプロタイプは6TCG1と, 関東山地と日光で多く確認されたものであったが, そのうち繰り返し配列部分がTD-2であるものは日光のみで確認された(表2)。6TCG1のTD-2は, 日光においてもっとも頻度の高いハプロタイプであり, 半数以上の16頭のメスおよび10頭のオスから検出されたハプロタイプである。ハプロタイプ多様度および塩基多様度は茨城県南西部で最も低く関東山地で最も高かった(表2)。

TCSによるハプロタイプネットワークを図2に示した。15個体以上から検出されたハプロタイプは6TCG1,

表3. ニホンジカのみトコンドリアコントロール領域塩基配列に基づくペアワイズ F_{ST} 推定値(斜線下)と Exact test による遺伝的分化の推定値(斜線上).

Table 3. Pairwise F_{ST} estimates (below diagonal) and probabilities of exact tests (above diagonal) for population differentiation in sika deer based on nucleotide sequence of mitochondrial control region.

地域 Locality	ISW	TNY	TNK	CBP	KTS
ISW		0.00350 ± 0.0006*	0.69895 ± 0.0069	0.00000 ± 0.0000*	0.00026 ± 0.0003*
TNY	0.74419*		0.00000 ± 0.0000*	0.00000 ± 0.0000*	0.00000 ± 0.0000*
TNK	0.01039	0.51316*		0.00000 ± 0.0000*	0.00000 ± 0.0000*
CBP	0.65873*	0.62427*	0.56698*		0.00000 ± 0.0000*
KTS	0.39589*	0.37596*	0.32818*	0.46891*	

* $P < 0.05$ をBonferroni correctionにより補正した $P < 0.005$ にて有意差あり. 地域名の略称は表2を参照のこと.

* Significant at $P < 0.05$ after Bonferroni correction ($P < 0.005$). See Table 2 for abbreviations of locality names.

Amal, Kmo2, CN-2, CN-3 だった. Ama1, CIB-1b, Kmo1, および Kmo2 は房総半島集団を特定するハプロタイプで, これらと他のハプロタイプの間には7つ以上の塩基置換が存在していた. 日光および那須矢板で見られた6TCG4と他のハプロタイプとの間には5つ以上の塩基置換が存在した.

AMOVA 分析により地域間および地域内に遺伝的差異があるか否かを検討したところ, 地域間の差異によって生じている遺伝的変異の割合は49.21% ($P = 0.00$)となり, 地域間に有意な遺伝的分化が見られた. 表2に示した地域間のPairwise F_{ST} と Exact Test の双方とも茨城南西部/日光以外での地域間では有意差 (Bonferroni correction により補正した $P < 0.005$) が認められた.

考 察

日本では, シカの分布拡大による農林業や自然生態系への被害が大きな社会問題となっている (環境省自然環境局 2019). 特に近年, 東京都立川市 (朝日新聞 2018) や足立区 (朝日新聞 2020) のように, 本来の生息地ではない地域にシカが出没する事例が発生し, メディアにしばしば大きく取り上げられている. このようなシカはアーバンディアと呼ばれており, 北海道 (北海道 2012), 長崎県 (長崎県 2017), 熊本県大津町 (大津町 2019), 熊本県熊本市 (熊本市 2018) など, 市街地に出没する野生動物への対応マニュアルを整備している自治体がある. 一方で, これまでシカの生息を経験していない自治体では上述のようなシカ管理体制が完備されていないことが多くある. そのようなエリアに新たなシカ分布拡大が起こると, 当該自治体ではシカ管理が手探りで進むこ

とがしばしばである.

今回, 茨城南西部で得られた3個体のシカはいずれもハプロタイプ6TCG1と繰り返し配列TD-2を保持していた. このハプロタイプと繰り返し配列の組み合わせを持つ個体は, 本研究で対象とした地域の中で, 日光のみで検出された (表2). このことから, 茨城南西部で得られた3個体の出自は, 関東山地と房総半島ではないと考えられた. 特に, 房総半島では出現したハプロタイプのすべてが6TCG1と大きな遺伝的距離を示していたことから, 房総半島が由来地域である可能性は非常に低いと考えられた. さらにPairwise F_{ST} と Exact Test では, 那須矢板/房総半島/関東山地と茨城南西部に有意な遺伝的分化が示されたことから (表3), 那須矢板, 房総半島, および関東山地が茨城南西部に出現したシカの由来地域ではないと判定された. 以上の結果から, 茨城南西部のシカの由来地域として考えられたのが, 茨城南西部以外で6TCG1-TD2が検出された唯一の地域であり (表2), Pairwise F_{ST} で茨城南西部との遺伝的分化が認められず Exact Test で同じ繁殖集団に含まれると判定された (表2) 日光の可能性が高い.

今回, 茨城南西部にシカが出現した経緯には2つの可能性が考えられる. まず挙げられるのは日光地域で捕獲され飼養されていた個体の逸出である. 日本では「鳥獣の保護及び管理並びに狩猟の適正化に関する法律」のもと, 野生鳥獣は原則として個人が飼育することは不可能であるものの, 不適切な飼養および逸出があった可能性は否定できない. 次に考えられるのは日光地域からの自然な長距離移動である. 本研究で得られた3頭はいずれも若いオスであったこと, そして, 現在も茨城南西部では若いオスジカの目撃が相次いでいる (茨城新聞

2020) という状況を鑑みると、日光地域からの自然な長距離移動の可能性が高いと考えられる。したがって、周辺地域におけるシカの生息状況が変わらなければ、確認されるオスの増加やメスの定着が茨城県南西部でも起こりうる。

長距離を伴う野生動物の移動は季節的移動と分散に分類される (White and Garrot 1990)。季節的移動は地理的に分離した夏季-冬季行動圏間の往復移動であり (丸山 1981)、分散は出生地から離れた新たな場所への一方向の移動で、性成熟前の個体が定住場所や繁殖場所を求めて行う行動である (Howard 1960, 丸山 1981)。分散行動には多くの哺乳類で性差があり、オスはメスに比べて遠く離れた場所へ移動する (Greenwood 1980)。ニホンジカでは、Takii et al. (2012b) が若齢オスの5~6月または11月の分散を報告している。今回、茨城県南西部に出没した3頭のシカはいずれも1歳の若いオスだったこと、茨城県南西部が現時点では恒常的なシカ生息地ではないことから、出生地からの分散であったと推察される。山崎・古林 (1995) は2.5歳のオスが性成熟に関連して秋に行動を著しく変化させ、その後、母親の行動圏から分散を行ったことを報告している。IBK001 および IBK002 はシカの繁殖期である秋に出没したことから、性成熟に関連した分散であった可能性がある。

近年、市街地へのニホンジカ出没がしばしば大きな問題となっている (立木 2015, 久保田ほか 2021)。これらのシカは主に河畔林や河川敷を利用して侵入しており、公園や防風林、残存林などの緑地帯も飛び石状に利用し移動していると考えられている (Envision 環境保全事務所 2010, 立木 2015, 久保田ほか 2021)。茨城県南西部は農耕地や林地、住宅地や商業地など様々な土地利用形態が複雑に入り組んでいるほか、国道294号線などの交通量が多い主要幹線道路が複数存在する。そのためシカが利用可能な緑地の多くは小規模なパッチ状で不連続である。茨城県南西部にはシカが安定的に身を隠すことのできる大規模な森林は存在しないため、今回のようにオスが分散のために一時的に出没することはあっても、年間を通して定住する可能性は低いかもしれない。

一方で、この地域には数本の大きな河川が流入しており、それらの周囲には河川敷草地、河畔林、残存林や大規模農地などの緑地が多く存在している。今回、シカ個体が得られた茨城県つくば市六斗、つくば市真瀬および結城市大字結城は小貝川および鬼怒川にごく近い。小貝川は栃木県那須烏山市に源を發し、鬼怒川は栃木県日光市や栃木県北部に上流域を有していることから、茨城県南西部に現れた3個体のシカに関しては、“鬼怒川水系

の上流域である日光エリアから河川敷や河川沿いに広がる緑地を利用し移動した”というシナリオが考えられた。

本件のようなシカの出没に対する理想的な対策として、移動経路 (今回の場合は河川敷に広がる緑地帯) の完全な遮断が挙げられる。しかし、立木 (2015) が述べているように、シカの移動経路を塞いでも、その外側から侵入される可能性があることから、物理的柵で河川敷ルートを完全に遮断することは困難であろう。市街地や農地を囲う対策も考えられるが莫大な予算がかかるため非現実的であろう。立木 (2015) は3点の対策 (1) 本来の生息地での個体数調整, (2) 山林への追い払い, (3) 市街地出没への対応策の整備, を挙げている。茨城県南西部に出没したシカの出自と考えられた日光エリアではシカ個体数調整が継続的に行われているが、シカの分布域は現在も拡大している。茨城県南西部のシカ出沒地付近には生息地となる山林が存在しないため追い払いは現実的ではないだろう。(1)および(2)の対策が困難な中において、シカが河川敷や河川沿いに広がる緑地を移動し、茨城県南西部に出没する頻度が今後高くなることが予想される。これまでシカの生息を経験していない自治体でもシカの出没に備えて「野生動物出没への対応マニュアル」の整備を早急に進める必要がある。本研究で推察された栃木県-茨城県間のシカの移動の他、他地域でも行政界を超えてシカの移動が観察されているように (泉山ほか 2009, Takii et al. 2012a, 森光ほか 2019)、一つの行政で解決できる問題ではなく、複数の行政が連携して対策に取り組むことが求められる。

野生動物の移動や生息地利用を個体または群れレベルで調べることは、野生動物管理方策を立て効果的に実践していく上で重要である (伊吾田 2016)。GPS テレメーター等を使用した個体追跡調査法には、電波を介して標識個体の正確な位置情報などを遠隔的に取得できるという利点がある。いくつかの自治体では、第二種特定鳥獣管理計画 (ニホンジカ) における管理単位区分設定に個体追跡調査から得られた個体の行動圏情報が役立てられている。しかし、動物の生体捕獲が必要な上に機材が高価であるため、一度に多くの個体にテレメーターを装着することが困難である。一方、遺伝的手法を用いたモニタリングでは、広範囲から得られた多くのサンプルから同時に情報を得ることができ、個体追跡調査より安価で簡便に個体群の繋がりを把握することが可能である。そのため、広範囲を対象として管理単位の把握と決定ができるという利点を有している。個体群が過去に経験したイベント (ボトルネックなど) や個体間の血縁関係など、個体追跡調査で得ることのできない情報を得る

ことも可能である (永田 2016)。近年の遺伝分析技術の向上に伴い分析の高速化が進んでいるところではあるが、サンプリングから遺伝情報取得までには時間がかかり、致死的手法によるサンプリングで得られる位置情報は捕獲地点のみであるため、個体の詳細な生息地利用情報を得ることは不可能であるという欠点がある。従来法である個体追跡調査等の個体群モニタリング手法で得られる情報を組み合わせて使用することで、遺伝学的情報が野生動物モニタリングや管理において大きな力を発揮するだろう (永田 2016)。

上述のような科学的情報を用いて野生動物出没を理解することは、当該自治体と起源集団間に存在する周辺自治体との連携体制を促し、より効率の良い野生動物管理に貢献できる。シカの分布拡大と生息数の急増に伴う農林業被害の増加が大きな社会問題として挙げられる中、研究分野間の連携、科学的情報に基づいた管理単位の構築、行政界の枠組みを超えた連携 (梶 2014) を一層進めていく必要がある。

謝 辞

本研究を実施するにあたり、東京都農林総合研究センターの新井一司氏、久保田将之氏、畑 尚子氏には Hata et al. (2018) で扱ったシカサンプルの捕獲地点情報を提供いただいた。栃木県環境森林部自然環境課の丸山哲也氏にはシカサンプル収集に際し多くのご協力を頂き、本稿をまとめるにあたりご助言いただいた。茨城県県民生活環境部自然環境課の黒澤 創氏、茨城県生物多様性センターの早瀬長利氏にはシカサンプルの収集に際しご協力を頂いた。筑波大学の山田志穂氏には DNA 解析に際しご協力を頂いた。Richard P. Shefferson 氏には英文の校閲をして頂いた。記してお礼を申し上げます。本研究は、国立研究開発法人 森林研究・整備機構 森林総合研究所の「家族責任がある研究者のための支援制度」および日本学術振興会科学研究費・基盤研究 (A) (20H00652) による研究支援を受けた。

注

1) BLASTN (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome) 2021 年 4 月 12 日確認。

引用文献

- Altschul, S. F., T. L. Madden, A. A. Schäffer, J. Zhang, Z. Zhang, W. Miller and D. J. Lipman (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research* 25(17): 3389–3402.
- 青木更吉 (2010) 「小金原を歩く 将軍鹿狩りと水戸家鷹狩り」。崙書房, 流山。
- Apollonio, M. A., R. Andersen and R. J. Putman (2010) Present status and future challenges for European ungulate management. In “*European ungulates and their management in the 21st century*” (Eds. Apollonio, M. A., R. Andersen and R. J. Putman), pp.578–604. Cambridge University Press, New York.
- 朝日新聞 (2018) 「鹿が住宅街に出没 野生か、警官らが捕獲 東京・立川」(<https://www.asahi.com/articles/ASL8Q3QJ0L8QUTIL00F.html>) 2021 年 4 月 9 日確認。
- 朝日新聞 (2020) 「荒川のシカ、サッカーゴールで捕獲 引き取り手を募集中」(<https://www.asahi.com/articles/ASN636JQVN63UTIL01Z.html>) 2021 年 4 月 9 日確認。
- Brown, W. M., J. M. George and A. Wilson (1979) Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA* 76: 1967–1971.
- Clement, M., D. Posada and K. A. Crandall (2000) TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* 9(10): 1657–1659.
- EnVision 環境保全事務所 (2010) 「平成 22 年度 札幌市 緊急雇用創出推進事業 野生動物による市街地等への侵入経路調査および侵入防止策の調査・研究業務報告書 (概要版)」(<https://www.city.sapporo.jp/kurashi/animal/choju/kuma/torikumi/documents/gaiyoban.pdf>) 2021 年 4 月 13 日確認。
- Excoffier, L. and H. E. Lischer (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10: 564–567.
- Excoffier, L., P. E. Smouse and J. M. Quattro (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131(2): 479–491.
- Greenwood, P. J. (1980) Mating systems, philopatry and dispersal in birds and mammals. *Animal Behaviour* 28(4): 1140–1162.
- Hall, T. (1999) BioEdit: a user-friendly biological sequence

- alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95–98.
- Hata, S., S. Konishi, S. Yoshioka, K. Arai and Y. Mizoguchi (2018) Identification of origin of sika deer (*Cervus nippon*) in recently expanded habitat areas in Tokyo Metropolis based on mitochondrial D-loop sequences. *Kanto Journal of Forest Research* 69(2): 167–170.
- Hata, S., C. Okazaki, S. Konishi, S. Yoshioka, M. Kubota, K. Arai and Y. Mizoguchi (2019) Detection of genetic segregation in sika deer (*Cervus nippon*) by tandem repeat variations in the mitochondrial DNA D-loop region. *Journal of Forest Research* 24(5): 325–329.
- 北海道 (2012) 「アーバンディア対応マニュアル—市街地に出没したエゾシカへの対応—」 (<http://www.pref.hokkaido.lg.jp/ks/skn/est/ht/urbandeer/manual.pdf>) 2021年4月13日確認。
- Howard, W. (1960) Innate and environmental dispersal of individual vertebrates. *American Midland Naturalist* 63: 152.
- 茨城県 (2021) 「茨城県ニホンジカ管理方針 (第二種特定鳥獣管理計画)」 (https://www.pref.ibaraki.jp/seikatsukankyo/kansei/chojyuhogo/documents/shikakanri_honbun.pdf) 2021年4月1日確認。
- 茨城県県西農林事務所結城地域農業改良普及センター (2021) 「管内農業の概要」 (<https://www.pref.ibaraki.jp/nourinsuisan/nishinourin/yunofu/keiei/kannaigaiyo.html>) 2021年4月1日確認。
- 茨城県生活環境部環境政策課 (2016) 「茨城における絶滅のおそれのある野生生物 動物編 2106年改訂版 (茨城県版レッドデータブック)」。p.8. 山三印刷株式会社, 水戸。
- 茨城新聞 (2020) 「シカ目撃相次ぐ 茨城県内生息確認なし…なぜ? 定着, 食害に危機感」 (https://ibaraki.news.jp/news/newsdetail.php?f_jun=16083650250219) 2021年5月26日確認。
- 伊吾田宏正 (2016) ラジオトラッキング技術。『増補版野生動物管理—理論と技術—』(羽山伸一・三浦慎悟・梶 光一・鈴木正嗣, 編), pp.227–239. 文永堂出版, 東京。
- 泉山茂之・望月敬史・瀧井暁子 (2009) 南アルプス北部の亜高山帯に生息するニホンジカ (*Cervus nippon*) のGPSテレメトリーによる行動追跡。信州大学農学部AFC報告7: 63–71。
- 梶 光一 (2009) 新たな野生動物管理システムの確立に向けて (〈特集I〉野生動物保護管理の現状と未来—鳥獣保護法改正10年の総括—)。ワイルドライフ・フォーラム 14(1): 8–9。
- 梶 光一 (2014) 地域環境ガバナンスとしての野生動物管理。『野生動物管理システム』(梶 光一・土屋俊幸, 編), pp.18–30. 東京大学出版会, 東京。
- 環境省 (2015) 「改正鳥獣法に基づく指定管理鳥獣捕獲等事業の推進に向けたニホンジカ及びイノシシの生息状況等緊急調査事業の結果について」 (<https://www.env.go.jp/press/100922.html>) 2021年3月31日確認。
- 環境省 (2021) 「全国のニホンジカ及びイノシシの個体数推定及び生息分布調査の結果について (令和2年度)」 (<http://www.env.go.jp/press/109239.html>) 2021年3月31日確認。
- 環境省自然環境局 (2019) 「ニホンジカに係る生態系維持回復事業 計画策定ガイドライン」 (<https://www.env.go.jp/press/files/jp/111204.pdf>) 2021年4月9日確認。
- 小室 健 (1984) 「奥久慈の植物と自然の風景」, pp.213–215. 富士オフセット印刷株式会社, 水戸市。
- 久保田将之・永田純子・新井一司・小西清夏・溝口 康 (2021) 東京都荒川河川敷において捕獲されたニホンジカのミトコンドリアDNAを用いた地域的な由来の推定。森林防疫 70(5): 3–6。
- 熊本市 (2018) 「住宅地等における有害鳥獣対応マニュアル」 (https://www.city.kumamoto.jp/common/UploadFileDsp.aspx?c_id=5&id=22655&sub_id=5&flid=158386) 2021年4月13日確認。
- 丸山直樹 (1981) ニホンジカ *Cervus nippon* TEMMINCKの季節的移動と集合様式に関する研究。東京農工大学農学部学術報告 23: 1–85。
- 森光由樹・藤木大介・斎田荣里奈 (2019) 兵庫県氷ノ山山系に生息するニホンジカのGPS発信器による季節移動の解明。兵庫 ワイルドライフモノグラフ 11: 58–67。
- Nabata, D., R. Masuda, O. Takahashi and J. Nagata (2004) Bottleneck effects on the sika deer *Cervus nippon* population in Hokkaido, revealed by ancient DNA analysis. *Zoological Science* 21: 473–481。
- 長崎県 (2017) 「野生動物が市街地等に出没したときの緊急対応マニュアル (ver1.1)」 (<https://www.pref.nagasaki.jp/shared/uploads/2018/03/1520379316.pdf>) 2021年4月13日確認。
- 永田純子 (2016) 遺伝マーカーによる調査法。『増補版野生動物管理—理論と技術—』(羽山伸一・三浦慎悟・梶 光一・鈴木正嗣, 編), pp.241–258. 文永堂出版, 東京。
- Nagata, J., R. Masuda, K. Kaji, M. Kaneko and M. C. Yoshida

- (1998) Genetic variation and population structure of the Japanese sika deer (*Cervus nippon*) in Hokkaido Island, based on mitochondrial D-loop sequences. *Molecular Ecology* 7: 871–877.
- Nagata, J., R. Masuda, H. B. Tamate, S. Hamasaki, K. Ochiai, M. Asada, S. Tatsuzawa, K. Suda, H. Tado and M. C. Yoshida (1999) Two genetically distinct lineages of the sika deer, *Cervus nippon*, in Japanese islands: comparison of mitochondrial D-loop region sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 13(3): 511–519.
- 長山四郎 (1984) 小川小中分校の追想. 「四時の流れ 小川小学校閉校記念誌」(北茨城市立小川小学校閉校記念誌編集委員会, 編), pp.16–17. 北茨城市立小川小学校閉校記念誌編集委員会, 北茨城.
- Nei, M. (1987) “*Molecular Evolutionary Genetics*”. Columbia University Press, New York.
- Nei, M. and F. Tajima (1981) DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics* 97(1): 145–163.
- 農林水産省 (2020) 「全国の野生鳥獣による農作物被害状況について (令和元年度)」(<https://www.maff.go.jp/j/press/nousin/tyozyu/201223.html>) 2021年3月31日確認.
- 大泰司紀之 (1976) 切歯の磨滅による奈良公園のシカの年齢推定法. 「昭和50年度天然記念物奈良のシカ調査報告」(春日顕彰会, 編), pp.71–82. 春日顕彰会, 奈良.
- 大泰司紀之・藤本知泰・太子夕佳 (2017) 「ニホンジカの全身骨格」. pp.12–13. 生物研究社, 東京.
- 大津町 (2019) 「有害鳥獣における対応マニュアル」(https://www.town.ozu.kumamoto.jp/kiji0039233/3_9233_6506_up_lz6gzczh.pdf) 2021年4月13日確認.
- Randi, E., N. Mucci, F. Claro-Hergueta, A. Bonnet and E. J. P. Douzery (2001) A mitochondrial DNA control region phylogeny of the Cervinae: speciation in *Cervus* and implications for conservation. *Animal Conservation* 4(1): 1–11.
- Raymond, M. and F. Rousset (1995) GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenism. *Journal of Heredity* 86(3): 248–249.
- Rice, W. R. (1989) Analyzing tables of statistical tests. *Evolution* 43(1): 223–225.
- Rozas, J., A. Ferrer-Mata, J. C. Sánchez-DelBarrio, S. Guirao-Rico, P. Librado, S. E. Ramos-Onsins and A. Sánchez-Gracia (2017) DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution* 34(12): 3299–3302.
- 佐藤 真・中村一寛・玉手英利・門脇正史・遠藤好和・高槻成紀 (2013) 山形県で確認されたニホンジカ (*Cervus nippon*) の出自—ミトコンドリアDNA多型に基づく推定—. 哺乳類科学 53(1): 131–137.
- 立木靖之 (2015) 市街地に出没するヒグマ・エゾシカの状態と対応. 森林野生動物研究会誌 40: 41–44.
- 竹内正彦・中村大輔・藤本竜輔・山崎晃司・後藤優介 (2019) 茨城県大子町八溝山地域におけるニホンジカの確認. 茨城県自然博物館研究報告 22: 17–23.
- Takii, A., S. Izumiyama, T. Mochizuki, T. Okumura and S. Sato (2012a) Seasonal migration of sika deer in the Oku-Chichibu Mountains, central Japan. *Mammal Study* 37(2): 127–137.
- Takii, A., S. Izumiyama and M. Taguchi (2012b) Partial migration and effects of climate on migratory movements of sika deer in Kirigamine Highland, Central Japan. *Mammal Study* 37(4): 331–340.
- Thompson, J. D., D. G. Higgins and T. J. Gibson (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* 22: 4673–4680.
- Tsujino, R., E. Ishimaru and T. Yumoto (2010) Distribution patterns of five mammals in the Jomon period, middle Edo period, and the present, in the Japanese Archipelago. *Mammal Study* 35(3): 179–189.
- Weir, B. S. and C. C. Cockerham (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population-structure. *Evolution* 38(6): 1358–1370.
- White, G. C. and R. A. Garrot (1990) “*Analysis of wildlife radio-tracking*” pp.113–144. Academic Press, California.
- 山崎晃司・古林賢恒 (1995) 西丹沢における若齢オスニホンジカの分散の一例. 日本森林学会誌 77(4): 305–313.
- Yamazaki, Y. (2018) Genetic population structure of sika deer, *Cervus nippon*, derived from multiple origins, around Toyama Prefecture of Japan. *Zoological Science* 35(3): 215–221.
- Yoshio, M., M. Asada, K. Ochiai, K. Goka, K. Murase, T. Miyashita and H. Tatsuta (2008) Spatially heterogeneous distribution of mtDNA haplotypes in a sika deer (*Cervus nippon*) population on the Boso Peninsula, central Japan. *Mammal Study* 33(2): 59–69.
- 湯本貴和・松田裕之 (2006) 「世界遺産をシカが喰う シカと森の生態学」. 文一総合出版, 東京.