

群馬県のニホンジカの遺伝的集団構造

田中和明、猪谷沙来、 野島玲、 鈴木佳歩、 前島広平、 南正人 （麻布大学獣医学部）
姉崎智子 （群馬県自然史博物館）

ニホンジカ (*Cervus nippon*) は、低山帯域の草地および下草が生育している森林に生息する草食獣である。1977 年の調査報告では、群馬県におけるニホンジカの分布は県北東部に限定されていた。しかし、1996 年の調査では、県南西部にも生息が確認されるようになっていいる。近年、ニホンジカの分布域は、拡大傾向にあり、これまでニホンジカが生息していなかった地域での目撃が増加している。また、尾瀬ヶ原など、亜高山帯から高山帯にまでニホンジカが進出し、希少な植物群落に対する食害も発生している。このような新興の生息地への侵入と定着は、周辺地域からの個体流入によって引き起こされていると考えられる。ニホンジカの分布拡大を抑制するには、これに寄与している個体群を特定し、効率的に侵入経路を遮断することが重要である。

本研究では、群馬県内で捕獲回収され県博物館において管理されていたニホンジカの標本 412 個体および、長野県 64 個体と山梨県 96 個体を対象としてミトコンドリア DNA (mtDNA) の d-loop 領域の配列を決定した。また、雄については、父系遺伝子マーカーとして Y 染色体上の遺伝子多型に基づく遺伝子マーカーも解析した。

群馬県内で回収された 412 個体から 7 種類の mtDNA ハプロタイプを検出した。また長野県、山梨県の結果を合わせて表 1 に示した。群馬県北東部（尾瀬隣接地域、赤城山周辺、桐生市）では、いずれも G1/Y1 型が圧倒的高頻度（93.3%以上）を持つ優占ハプロタイプであった。これに対して、県南西部で回収された 12 個体では、長野県軽井沢の最頻ハプロタイプである G4/N1 型を持つものが 9 個体含まれていた。さらに長野県浅間山では、群馬県北東部の優占ハプロタイプ G1/Y1 型は認められなかった。これは県南西部のニホンジカは、群馬県内の北東部からの流入ではなく、長野県の軽井沢周辺の個体群が拡大したものだと考えられる。また、地域集団の特徴として赤城山周囲から得られた 106 個体のうち 104 個体（98.1%）までが、単一のハプロタイプを保有していた。このような極端な多様性の欠如は、個体群が他集団と孤立して、非常に短期間に急増加したときに認められる特徴である。

これに対して、Y 染色体遺伝子マーカーの分析では、群馬県内で 3 種類のハプロタイプを検出した。しかし、個体群間で出現頻度に明確な差異は認められなかった。これは、ニホンジカの雌が定住性を示すのに対して、雄は雌に比べて広域を移動する事に対応していると考えられた。

表 1. ニホンジカの mtDNA ハプロタイプの出現頻

ミトコンドリアハプロタイプ																								
		G1/ Y1	G2/ Y8	G3	G4/ N1	G5	G6/ N5	G7	N2	N3	N4	N6	N7	N8/ Y2	N11/ Y18	Y3	Y4	Y5	Y6	Y9	Y11	Y12	個体数 合計	ハプロ タイプ 数
群馬県	尾瀬隣接地域	267	2	12	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	286	6
群馬県	赤城山周辺	104	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	106	3
群馬県	桐生市	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	1
群馬県	南西部	1	0	0	9	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	3
長野県	軽井沢	0	0	0	25	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	29	5
長野県	浅間山	0	0	0	12	0	3	0	1	2	1	1	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	26	8
長野県	長和町	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	4	1	0	0	0	0	0	0	0	9	3
山梨県	山中湖村	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	18	4	3	1	0	0	51	6
山梨県	早川町	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	25	2	0	0	1	0	0	5	12	45	5

キーワード：ニホンジカ、ミトコンドリア DNA、Y 染色体マーカー