

平成 22 年 5 月 28 日現在

研究種目：基盤研究 (B)
 研究期間：2007 ～ 2009
 課題番号：19310029
 研究課題名 (和文) ニホンジカ個体数の広域的・効率的管理に向けた施策支援システムの構築
 研究課題名 (英文) Developing a supporting system of policy making to control Shika-deer populations
 研究代表者
 鎌田 磨人 (KAMADA MAHITO)
 徳島大学・大学院ソシオテクノサイエンス研究部・教授
 研究者番号：40304547

研究成果の概要 (和文)：1) GPS で取得したシカの生息地利用状況と、出猟カレンダーによるシカの日撃情報を用いて、徳島県域におけるシカの分布拡大モデルを構築した。2) 有害駆除された 137 のシカの組織サンプルから DNA 解析を行い、徳島県域には 6 つの地域集団が生育することを明らかにした。3) 糞から DNA を抽出する手法を確立した上で、剣山系で採取した糞サンプルを解析し、剣山に移動してきている集団を把握した。

研究成果の概要 (英文)：1) Habitat expansion model was established from the data of habitat use of Shika-deer, which were collected by using GPS and eyewitness information from hunters. 2) It was clarified that 6 populations exist in Tokushima Prefecture from DNA analysis of 137 samples. 3) A method to extract DNA from feces was established, and then samples collected at Mt. Tsurugi were analyzed. Populations and courses of Shika-deer moving into Tsurugi could be estimated.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2007 年度	11,000,000	3,300,000	14,300,000
2008 年度	2,700,000	810,000	3,510,000
2009 年度	2,100,000	630,000	2,730,000
年度			
年度			
総計	15,800,000	4,740,000	20,540,000

研究分野：複合新領域

科研費の分科・細目：環境学・環境影響評価・環境政策

キーワード：ニホンジカ、GPS、GIS、DNA、移動分散、空間モデル、個体数管理

1. 研究開始当初の背景

近年のニホンジカの急激な増加および分布域の拡大は、人工造林地や農地における食害のみならず、ブナ林や高山草原等の原生自然植生域、また暖温帯の二次林 (里山) 域でも、摂食による植生破壊を引き起こしている。その対策として、ネット柵等によ

る囲い込みが行われたりしてはいるが、それはあくまで対処療法的なものでしかない。

農林業被害の低減のみならず、自然植生域の被害低減を含めた、より多様で広域の生態系を対象に、中・長期的なニホンジカの個体数変動を視野に入れた包括的な管理システムを構築し、生態系保全施策に反映

していく必要がある。

2. 研究の目的

広域でのニホンジカの個体数管理を効率的に行っていくためには、ニホンジカの移動分散経路を推定し、個体数増加が起りやすい地域を予測することが必要である。

また、剣山山頂付近でのニホンジカの食害による希少植物や絶滅危惧植物の絶滅の懸念は、近隣地域からのニホンジカ集団の個体数増加や分布拡大によって引き起こされたと推定されている。そのため、剣山への侵入源となっているニホンジカ集団を明らかにし、その集団に対して選択的な対策を講じていこうことが必要である。

これらのことから、1) ニホンジカの空間利用把握および分布予測モデルの構築、2) 遺伝子マーカーを用いたニホンジカの集団構造の解明、を目的として研究を進めた。

3. 研究の方法

1) ニホンジカの空間利用把握および分布予測モデルの構築

2007年の秋に、徳島県勝浦郡上勝町で捕獲した3頭のシカにGPS首輪を装着・放逐した。そして、一定期間後に回収した。

GPSから得られたポイントデータの最外郭を結んだ範囲を解析対象とし、30mメッシュ内におけるシカの在/不在を目的変数、DEMから作成した傾斜区分図、地形区分図を説明変数としてロジスティック回帰分析を行い、シカの空間利用確率を推定するためのモデルを構築した。そして、そのモデルを用いて、徳島県全域でシカが利用しやすい空間を抽出し、地図化した。

5kmメッシュ単位でシカ目撃数情報が記録されている出猟カレンダーを用いて、分布拡大予測モデルを構築した。すなわち、目的変数を各メッシュにおける当該年の目撃数、説明変数を前年当該メッシュの目撃数、周囲8メッシュの平均目撃数、当該メッシュにおける目撃数と周辺8メッシュの平均目撃数との差、当該メッシュの捕獲数、上記モデルで求められたシカに利用されやすい土地面積とし、ステップワイズ重回帰分析を行うことで、分布拡大予測モデルを得た。

2) 遺伝子マーカーを用いたニホンジカの集団構造の解明

徳島県において有害駆除されたニホンジカ137個体の組織を収集し、組織サンプル20mgについてフェノール・クロロホルム抽出法を用いてDNAの抽出を行った。

ミトコンドリアDNAの解析には、プライマー(LD5とHD2)を使用しミトコンドリアDNAのD-loop領域を増幅した。PCRにより増幅されたDNA断片についてダイレクトシ

ーケンスを行い塩基配列の決定を行った。さらに、8つのマイクロサテライト遺伝子座、BM203、BM3628、BM4107、BM6438、BM888、CSSMO19、IDVGA55、TO40Qを用い遺伝的解析を行った。比較として、北海道根室市、宮城県牡鹿半島、静岡県伊豆半島、島根県出雲市、長崎県長崎市、大分県豊後大野市、熊本県山都町、宮崎県えびの市、鹿児島県さつま町に生息するニホンジカ集団各についても同様の解析を行った。

剣山山頂で新糞のサンプリングを行った。採集した糞は100%エタノールに入れ、室温で保存した。DNA抽出は、Zhang et al. (2006)の方法を用いて行った。抽出したDNAサンプルについては上記と同様の解析を行った。

マイクロサテライトによって得られた対立遺伝子の頻度に基づいて、STRUCTURE version 2.1(Pritchard et al. 2000)を用いて遺伝的な分集団数(K)を求めた。解析では、K=1-10についてburn-inを50000回試行の後、100000回のマルコフ連鎖モンテカルロシミュレーション(MCMC)を独立に10回試行し、対数尤度を算出した。集団数Kの値はEvanno et al. (2005)に従い、 ΔK の値を求めた。次のステップとして、各個体が分集団に由来する事後確率(q)として算出した。

4. 研究成果

1) GPSによる空間利用把握

GPSで取得したニホンジカの位置データから移動速度を算出し、40m/時を閾値として移動速度の遅い場合と、早い場合に区分した。移動速度が遅い時は休息や採餌を、早い時は移動していると思われる。

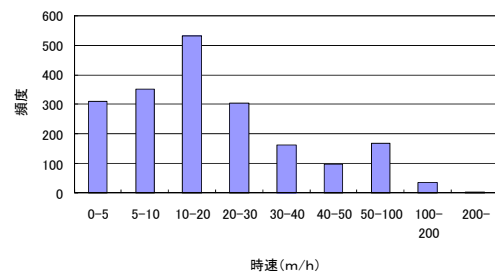


図1. 移動速度階級別の頻度

シカの位置データを、速度区別に30mメッシュに格納した。そして、各メッシュでのシカの在/不在を目的変数に、30mDEMより算出した当該メッシュの傾斜区分および地形区分(尾根・斜面・谷)を説明変数に用いてロジスティック回帰分析を行った。2191メッシュを対象とし、AICの値が最小となるモデルを採用した。

移動速度が遅い場合、早い場合で選ばれた変数は同じで、傾斜角度およびTPI(尾根、斜面)の3つを用いるモデルでAICが最小と

なった。

ROC 分析によりカットオフポイントを算出した上で、シカが選択的に利用する場所を徳島県全域について抽出した。



図 2. 徳島県全域における利用確率の高い地域

2) 分布拡大予測モデル

出猟カレンダーには出猟日時、目撃あるいは捕獲した鳥獣名・頭数・捕獲鳥獣の性別、捕獲場所などが記入され、徳島県は、それを 5 km×5 km のメッシュに整理し管理している。1996 年から 2005 年までの各メッシュにおける目撃数から 3 年ずつの移動平均を算出し、「目撃平均」とした。それぞれの年代で、各メッシュに隣接するメッシュの目撃平均の平均値を求め、「周囲平均」とした。そして、それぞれの年代ごとに目撃平均と周囲平均の差を求めた。

目的変数を t 年の目撃平均、説明変数を、各メッシュにおける利用確率の高い空間の面積、t-1 年の目撃平均、周囲平均・目撃平均と周囲平均の差、捕獲数として、ステップワイズ法で重回帰分析を行い、最適なモデルを選択した。その結果、以下のモデル式を得た ($R^2=0.836$)。

t 年の目撃平均 = $0.926 \times$ (t-1 年の目撃平均) - $0.033 \times$ (t-1 年の目撃平均と周囲平均の差) - $0.004 \times$ (捕獲数) + $0.007 \times$ (利用確率の高い空間面積) - 0.023

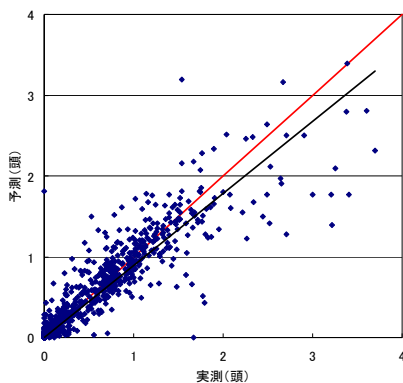


図 3. 実測値とモデル予測値の関係

3) 徳島県に生息するニホンジカの遺伝的構造

ミトコンドリア D-loop 遺伝子領域の塩基配列に基づく解析の結果、日本に生息するニホンジカは、南日本グループと北日本グループの 2 つの系統が存在し (Nagata et al. 1998, Tamate et al. 1998), 四国では、南日本グループと北日本グループの両方が混在していることが明らかにされている (Yamada et al. 2006). 本研究の解析結果においても先行研究を支持する結果が得られた。今回、D-loop 遺伝子領域の 655 塩基について解析を行った結果、9 つのハプロタイプ (Type4a, Type4b, Type4c, Typ6a, Typ6b, Type7a, Type7b, Type8, Type9) が得られた (図 4)。それぞれのハプロタイプの分布パターンは異なっており、徳島県北部では、Type4a と Type7a が見られ、徳島県中部では Type4a と Type7b, Type8, Type9 が見られた。徳島県南部では、Type4b と Type6b, Type8 が主に見られた。これらのハプロタイプの分布は、吉野川や那賀川などの河川や山地によって 3 つの集団に区分される傾向が見られた。

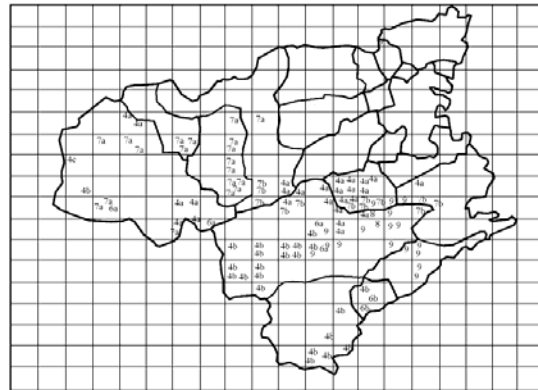


図 4. 徳島県に生息するニホンジカのハプロタイプ

8 つのマイクロサテライト遺伝子座による解析により得られた、対立遺伝子の頻度から STRUCTURE を用い徳島県のニホンジカの集団数を推定した。分集団数は $K=3$ で最も高い ΔK が得られた。しかし、各個体を事後確立の最も高いクラスターに割り当てたところ、ほとんどの個体が $q < 0.9$ 以下であり個体が 3 つの分集団のどちらかに由来するという結果が得られた。この結果は、ミトコンドリア DNA のハプロタイプに基づく集団区分に明瞭と一致しなかった。このことは、徳島のニホンジカでは、南日本グループと北日本グループの両方が混在し交雑を行っていることを示唆している。そこで、徳島集団の遺伝的多様性は、ミトコンドリア D-loop のハプロタイプの分布からに基づき、3 つの地域集団に区分し計算を行い、他地域の集団との比較を行った。徳島県のニホンジカの平均対立遺伝子数は、3.6-5.0 と他地域に比べ高かった (表 1)。また、検出された D-loop のハプロ

タイプの数が多い徳島県中部の平均対立遺伝子数が高かった徳島県の平均のヘテロ接合度の観察値は 0.52-0.59 と比較的高い値を示した。これらの結果より、徳島県に生息するニホンジカは今回比較に用いた、他地域に比べ遺伝的多様性が高いと考えられる。このように、平均対立遺伝子数やヘテロ接合の値が高い結果になったのは、南日本グループと北日本グループの両方が混在しているためであると考えられる。これは、ミトコンドリア D-loop のハプロタイプの高い多様性と、マイクロサテライト遺伝子座において北日本グループと南日本グループの両方のアリルが見られたことから示唆できる。

表 1. 徳島県と他地域のニホンジカ集団の遺伝的多様性

	平均対立遺伝子数	H_e	H_o
北海道	2.8±0.9	0.36	0.35
宮崎県	3.0±1.2	0.45	0.52
静岡県	3.5±1.9	0.54	0.47
徳島県北部	5.0±1.5	0.61	0.59
徳島県中部	5.8±1.3	0.65	0.54
徳島県南部	3.6±0.9	0.61	0.52
高知県	3.3±1.4	0.48	0.38
長崎県	2.6±1.1	0.40	0.40
大分県	3.9±1.3	0.65	0.57
熊本県	4.0±1.8	0.56	0.49
宮崎県	4.4±1.9	0.58	0.60
鹿児島県	3.9±1.6	0.60	0.59

徳島県の中でも徳島中部集団は、ミトコンドリア D-loop のハプロタイプの多様性が大きく、さらにマイクロサテライト遺伝子座の平均対立遺伝子数が最も多いため、ニホンジカの遺伝的多様性のホットスポットであると考えられる。このような遺伝的多様性を維持するような管理計画を立てることが今後の課題である。

4) 糞 DNA を用いた剣山へのニホンジカ移入ルートの解明について

剣山山頂周辺で採集した 30 の糞塊から DNA の抽出を行い、ミトコンドリア D-loop 遺伝子領域と 8 つのマイクロサテライト遺伝子座の解析を行った。DNA を抽出した 30 サンプルのうち 7 サンプルについて 7 つのマイクロサテライト遺伝子座の増幅に成功した。また、GPS 装着の際に捕獲した 2 個体、剣山系に連なる三嶺において 2009 年に行われた駆除 4 個体についても同様の解析を行った。

ミトコンドリア D-loop 領域を解析した結果、糞サンプルでは Type4a, Type7a, Type6a のハプロタイプを持つことが明らかになった。一方、三嶺山の個体では Type4a, Type4b, Type7a のハプロタイプを持つことが明らかになった。

これらのサンプルと剣山周辺地域のサンプル 70 個体のマイクロサテライト遺伝子座の対立遺伝子の頻度について、集団分けを行った。K=2 で最も高い ΔK が得られ、各個体

を事後確率の最も高いクラスターに割り当てたところ、解析した 70 個体のうち 49 個体は 2 つの集団のどちらかに含まれ、図 2 のような結果が得られた。神奈川県丹沢山地に生息するニホンジカでのマイクロサテライトによる分集団の地理的構造とミトコンドリア D-loop のハプロタイプの分布には一致が見られているが (湯浅 2007)、本研究において割りあてた集団の構造とミトコンドリア D-loop のハプロタイプの分布は一致しなかった。剣山で採集した糞サンプルは、剣山麓や三嶺山に生息するニホンジカと同じ集団に属し (図 5)、周辺の集団とは異なる遺伝的構造を持つことが明らかになった。この結果は、剣山山頂へのニホンジカの移動が、剣山麓からの移動、もしくは、三嶺山などの高知県側からの移動など、2 つの移動・分散パターンが考えられる。そのため、高知県側でのニホンジカの遺伝的解析を行う必要があると考えられる。

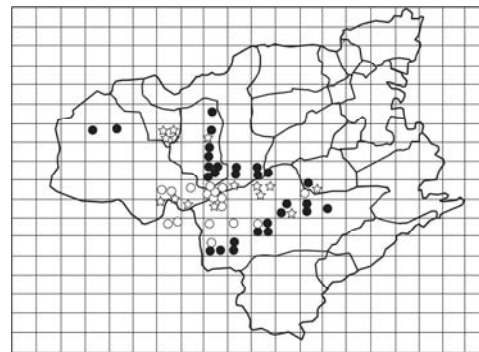


図 5. STRUCTURE による集団分け
○は集団 1 に属する個体, ●は集団 2 に属する個体,
☆は集団 1 と集団 2 の口座つと推定される個体。

5) 行政・一般市民への情報発信

- ①2007年6月13日(水)10時~12時, 徳島県庁1104会議室
行政担当者との意見交換会
- ②2008年7月10日(木)14時30分~17時30分, 徳島大学工学部 建設工学科 中セミナー室
行政担当者(徳島県自然共生室, 林業振興課, 森林林業研究所)らへの成果報告および管理体制についての協議
- ③2009年3月24日(火)13時30分~17時, 徳島県森林林業研究所
行政担当者(徳島県自然共生室, 林業振興課, 森林林業研究所)らへの成果報告
- ④2010年1月24日(日)13時15分~16時, アスティとくしま
シンポジウム「深刻化する剣山山域におけるシカの食害」の開催(三嶺の森をまもるみんなの会, 森の回廊四国をつくる会, 徳島県自然保護協会との共催)

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 2 件)

- ① 山城明日香, 山城考, 剣山における大型草食獣の希少植物に対する食害状況の把握, 阿波学会紀要, 査読有, 53, 2007, pp. 39-42.
- ② 小串重治, 飯山直樹, 森本康滋, 井内久利, 鎌田磨人, 山下敬吾, 三好市「旧東祖谷山村」の植生, 阿波学会紀要, 査読有, 53, 2007, pp. 13-24.

[学会発表] (計 6 件)

- ① 武知宏弥, 鎌田磨人, 出猟カレンダーを用いたニホンジカの分布拡大予測モデル, ELR2008 福岡(応用生態工学会・日本景観生態学会・日本緑化工学会 3 学会合同大会), 2008.9.21, 福岡市(福岡大学)
- ② 熱田尚子, 鎌田磨人, 徳島県高丸山ブナ林における林分構造の 8 年間の変化, 第 53 回日本生態学会中国・四国地区大会, 2009. 5.16, 高知市(高知大学)
- ③ 武知宏弥, 森一生, 鎌田磨人, GPSを用いたニホンジカのハビタット利用解析. 第 19 回日本景観生態学会大会, 2009. 6.27, 新潟市(新潟大学)
- ④ 森一生, 武知宏弥, 鎌田磨人, ニホンジカの空間利用と森林の下層植生密度との関係, 日本哺乳類学会 2009 年度大会, 2009. 11, 台湾(台北大学)
- ⑤ 山城明日香, 山城考, 鎌田磨人, 遠藤晃, 糞 DNA を用いたケラマジカの起源と遺伝的多様性の解析. 2010.3.18, 第 57 回日本生態学会大会, 東京(東京大学)
- ⑥ 山城明日香, 山城考, 森一生, 鎌田磨人, 遺伝的解析に基づく徳島県剣山系へのニホンジカの移動経路の解明. 2010.3.18, 第 57 回日本生態学会大会, 東京(東京大学)

[図書] (計 件)

[産業財産権]

○出願状況 (計 0 件)

○取得状況 (計 0 件)

[その他]

無し

6. 研究組織

(1) 研究代表者

鎌田 磨人 (KAMADA MAHITO)

徳島大学大学院ソシオテクノサイエンス研

究部・教授

研究者番号: 40304547

(2) 研究分担者

山城 考 (YAMASHIRO TAKASHI)

徳島大学大学院ソシオ・アーツ・アンド・サイエンス研究部・准教授

研究者番号: 50380126

大田直友 (OHTA NAOTOMO)

阿南工業高等専門学校建設システム工学科・助教

研究者番号: 00370031

(H19→H20: 連携研究者)

山中英生 (YAMANAKA HIDEO)

徳島大学大学院ソシオテクノサイエンス研究部・教授

研究者番号: 20166755

(H19→H20: 滑川に交代)

滑川 達 (NAMERIKAWA TOHRU)

徳島大学大学院ソシオテクノサイエンス研究部・准教授

研究者番号: 40332811

(H20→H21: 連携研究者)

(3) 連携研究者

森 一生 (MORI KAZUO)

徳島県農林水産総合技術支援センター森林林業研究所・研究員

研究者番号: ——

小串 重治 (KOGUSHI SHIGEHARU)

(特非) 徳島保全生物学会・研究員

研究者番号: ——