

# 静岡市で採取されたニホンジカの変形角

神戸女学院大学 生命環境部 高木俊人

2025年5月1日、静岡県静岡市葵区にて生物相調査中にニホンジカの変形角を採取したので報告する。通常ニホンジカは、生後一歳以降に1尖から3又4尖程度の角がオスのみに生える。しかし静岡市で採取された角は1尖のみが枝分かれしており、それ以外の2~4尖がほぼ一体化していた。当初これらの角の形状からニホンジカではなく、外来シカ類の可能性も考えられたため、角組織からDNAサンプルを採取し、遺伝解析によって種同定を行った。

遺伝解析の対象領域としては、先行研究によって大量の配列情報が公開されているミトコンドリアDNAの調節領域を対象とした。DNAサンプルの採取は、滅菌処理をした電動ドリルで左角の基部に3.5ミリほどの穴をあけた。採取した粉末は0.5 Mのエチレンジアミン四酢 (EDTA) (pH 8.0) で56°C一晩脱灰処理後、DNeasy Blood & Tissue kitを用いてDNA抽出を行った。PCRプライマーにはL15926とH597を使用した。PCR酵素にはTaKaRa Ex Premierを使用し、初期熱変性94°C 1分の後、熱変性98°C 10秒、アニーリング50°C 15秒、伸長反応68°C 1分を35回繰り返した後、最終伸長を68°C 10分を行った。PCR反応終了後1%アガロースゲルを用いたミニゲル電気泳動でPCR産物の増幅を確認した。さらにPCR産物はExoSAP-IT Expressで精製処理を行った後、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 (L15926, LD15, HD8, H597) で受託シーケンス解析を行った。

遺伝解析の結果、ミトコンドリアDNA調節領域の全長1229bpの塩基配列を決定することができた。国際的な遺伝子データベースINSD (the International Nucleotide Sequence Databases) で照合を行ったところ埼玉県や東京都など関東山地を中心に確認されているニホンジカの遺伝子型と近縁であった。このことから当該サンプルは、ニホンジカであると同定した。なお本サンプルの塩基配列情報は、INSDに登録を行った。(アクセッションナンバー: LC917578)。

日本列島では近年、人為的に移入されたシカ類の存在が文献調査や遺伝解析によって明らかとなっている。例えば、富山県内では遺伝解析の結果、調査個体の約4割がヤクシカのミトコンドリアDNAを持っていることが明らかとなっている(Yamazaki 2018)。静岡県内においても、過去に外来シカ類の飼育施設が存在したことが文献調査から明らかとなっており(畜産技術協会 1991)、今後、外来シカ類の可能性のあるサンプルを入手した際にはご一報ください。

## 引用文献

畜産技術協会 (1991) 鹿飼養実態調査報告書。  
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.

**Alignments**

Alignment view: Pairwise  CDS feature

Cervus nippon sikaS-22 mitochondrial DNA, D-loop region, complete sequence, haplotype: CN-2  
Sequence ID: LC481248.1 Length: 1228 Number of Matches: 8  
Range 1: 1 to 1228

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2213 bits(1198)	0.0()	1218/1228(99%)	0/1228(0%)	Plus/Plus	
Query 2	ACGCTTATTAATAGTTCATAAAAATCAAGAACTTATCAGTATTAATTTCCAAAA	61			
Sbjct 1	ACGCTTATTAATAGTTCATAAAAATCAAGAACTTATCAGTATTAATTTCCAAAA	60			
Query 62	ATTTTAATATTTAATACAGTTTTCTACTCAACCCCAATTTACATTATGTCCTACTAA	121			
Sbjct 61	ATTTTAATATTTAATACAGTTTTCTACTCAACCCCAATTTACATTATGTCCTACTAA	120			
Query 122	CTACACAAAAACACCGTGATATAACCTTATGCACTTGTAGCAGACATAAAATTAATGGTT	181			
Sbjct 121	CTACACAAAAACACCGTGATATAACCTTATGCACTTGTAGCAGACATAAAATTAATGGTT	180			
Query 182	AAGACATACCATGTACAACAGCACATAAACCGGTGCGTAAGATACATTATGATATAGT	241			
Sbjct 181	AAGACATACCATGTACAACAGCACATAAACCGGTGCGTAAGATACATTATGATATAGT	240			
Query 242	ACATAAATTAATGTTTGGACATACCATGTATAATAGTACATAAAATTAATGACCGGGA	301			
Sbjct 241	GCATAAATTAATGTTTGGACATACCGTGATAATAGTACATAAAATTAATGACTAGGA	300			
Query 302	CATACCATGTATAATAGTACATAAAATTAATGACCGGACATACATGATAATAGTACA	361			
Sbjct 301	CATACTATGTACATAATAGTACATAAAATTAATGATAGGACATACATGATAATAGTACA	360			
Query 362	TAAATTAATGTTTGGACATACATGATAATAGTACATAAAATTAATGATAGGACAT	421			
Sbjct 361	TAAATTAATGTTTGGACATACATGATAATAGTACATAAAATTAATGATAGGACAT	420			
Query 422	ACTATGATAATAGTACATAAAATTAATGATAGGACATACATGATAATAGTACATAA	481			
Sbjct 421	ACTATGATAATAGTACATAAAATTAATGATAGGACATACATGATAATAGTACATAA	480			
Query 482	ATTAATGTTTGGACATACATGATAATAGTACATAATTAATGATAGGACATGTTAT	541			
Sbjct 481	ATTAATGTTTGGACATACATGATAATAGTACATAATTAATGATAGGACATGTTAT	540			
Query 542	AAGCATGTACTTCTACCAATTTACAGTACATAGTACATGATGTTATTTATGTCATAGT	601			
Sbjct 541	AAGCATGTACTTCTACCAATTTACAGTACATAGTACATGATGTTATTTATGTCATAGT	600			
Query 602	GCATTAATGCAATCAGTCTTGTCAACATGCATATCCCGTCCCTAGATCAGGACTTA	661			
Sbjct 601	GCATTAATGCAATCAGTCTTGTCAACATGCATATCCCGTCCCTAGATCAGGACTTA	660			
Query 662	ATCACCATGCGCGTGAACAGCAACCCCGTGGGAGGATCCCTCTCTCGCTCCGG	721			
Sbjct 661	ATCACCATGCGCGTGAACAGCAACCCCGTGGGAGGATCCCTCTCTCGCTCCGG	720			
Query 722	CCCATGAACCGTGGGGTAGCTATTTAATGAACCTTATCAGACATCTGGTCTTTTTTCA	781			
Sbjct 721	CCCATGAACCGTGGGGTAGCTATTTAATGAACCTTATCAGACATCTGGTCTTTTTTCA	780			
Query 782	GGGCCATCTCACCTAAAATCGCCACCCCTTGTAAATTAAGACATCTCGATGACTAATG	841			
Sbjct 781	GGGCCATCTCACCTAAAATCGCCACCCCTTGTAAATTAAGACATCTCGATGACTAATG	840			
Query 842	ACTAATCAGCCCATGCTCAGACATAACTGTGGTGCATACATTTGGTATTTTTAATTTT	901			
Sbjct 841	ACTAATCAGCCCATGCTCAGACATAACTGTGGTGCATACATTTGGTATTTTTAATTTT	900			
Query 902	GGGGGATGCTTGGACTCAGCAATGGCGTCTGAGGCCCGTCCGGAGCATAAATGTA	961			
Sbjct 901	GGGGGATGCTTGGACTCAGCAATGGCGTCTGAGGCCCGTCCGGAGCATAAATGTA	960			
Query 962	GCTGGACTTAATGCACTTTGAGCATCCCCATAATGGTAGGCATAGGGCATTCAGCTCAA	1021			
Sbjct 961	GCTGGACTTAATGCACTTTGAGCATCCCCATAATGGTAGGCATAGGGCATTCAGCTCAA	1020			
Query 1022	TGGTCAAGGACATAAATTAATTTTCATGAATCAACCTTAGATCTATTTTCCCCCTTT	1081			
Sbjct 1021	TGGTCAAGGACATAAATTAATTTTCATGAATCAACCTTAGATCTATTTTCCCCCTTT	1080			
Query 1082	CTTATTTTTTCCCCCTTATATAGTTATCATCTTTTAAACACATTTTCCCCTAGATATTA	1141			
Sbjct 1081	CTTATTTTTTCCCCCTTATATAGTTATCATCTTTTAAACACATTTTCCCCTAGATATTA	1140			
Query 1142	TTTTAAATTTATCATAATTTCAATCTCAATTAGCACTCCAGAGGGAGTAAATATATA	1201			
Sbjct 1141	TTTTAAATTTATCATAATTTCAATCTCAATTAGCACTCCAGAGGGAGTAAATATATA	1200			
Query 1202	AACGCCAATTTTCCCTAATACACATA 1229				
Sbjct 1201	AACGCCAATTTTCCCTAATACACATA 1228				