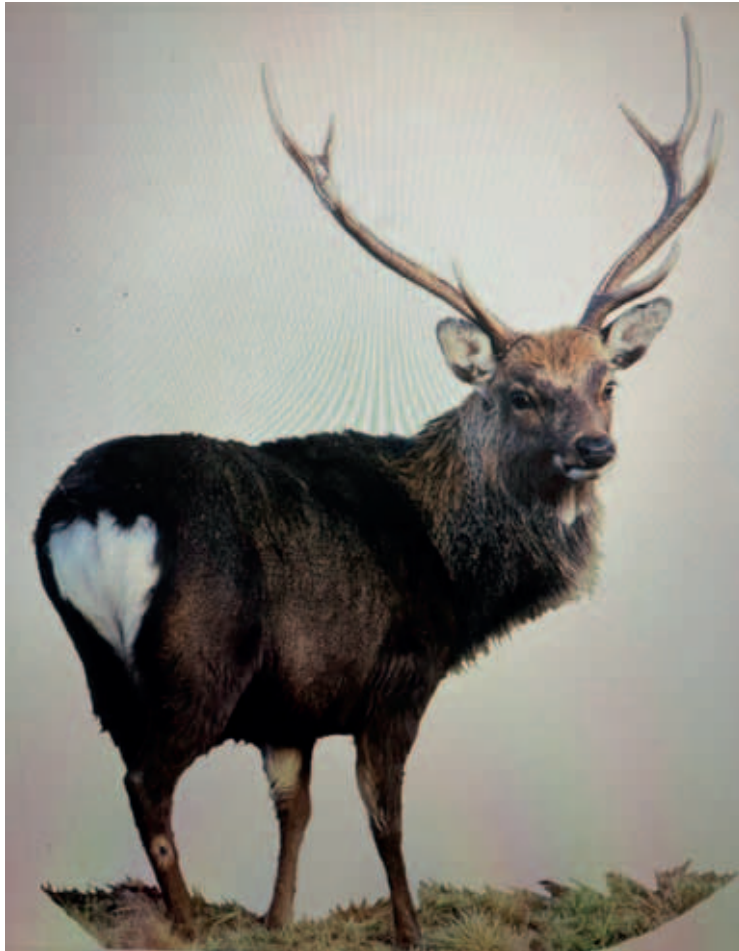


Sikavildt

under danske forhold



- En ny gennemgang af de 6 biologiske aspekter
der ligger til grund
for en national vurdering af invasivstatus

Resumé

Sikavildtet udgør i Danmark ca. 2100 individer i det fri, hvor de 85 % er i Midt- og Østjylland. Desuden er der sika i ca. 20 dyrehaver, de 7 er offentlige herunder Jægersborg Dyrehave.

I juli 2025 blev sika erklæret invasiv i EU, baseret på risiko for hybriditet mellem sika og kronvildt, hvilket aldrig er set i Danmark.

Når en sådan invasivstatus vedtages, skal DCE for Miljøstyrelsen udfærdige et faktaark med vurderinger af 6 forskellige aspekter for at skabe overblik over den trussel, dyrearten udgør under danske forhold. Vurderingerne skal tages ud fra danske data, og hvis det findes nødvendigt, skal der laves undersøgelser for at få data frem. Kun hvis disse ikke findes, kan der henvises til udenlandske forhold. Faktaarkene laves for at belyse danske forhold, så man kan træffe beslutning om, hvordan man vil håndtere dyrearten i Danmark. Under flere aspekter er der af DCE helt eller delvist henvist til udenlandske forhold, selvom nationale forhold og data foreligger og viser et andet billede af virkeligheden i Danmark.

Der er ikke sket spredning af sika i Danmark, siden de afgrænsede lokale bestande blev etableret for 125 år siden. Sika lever typisk i produktionsskove, som ikke anses for at have særlig bevarings- eller naturværdi. Der er ingen hybriditer fundet mellem sika og kronvildt ved en nylig kromosomundersøgelse, vi har foretaget med prøver fra 21 lokaliteter, inkl. 3 dyrehaver, i Danmark. Der er således ingen trussel mod en hjemmehørende art som kronvildt. Sika udgør kun 0,4 % af det samlede antal hjortevildt i Danmark og truer ingen andre arter på plads eller føde. Der er kun lav påvirkning af økosystemfunktioner grundet lav tæthed af sika i Danmark, og økonomiske og helbredseffekter er ligeledes lave, da der ikke er særlige parasit- og zoonoseproblemer og næsten ingen påkørsler.

Der er derfor ingen grund til at efterstræbe og afskyde sika 365 dage om året. Man kan blot bevare eksisterende jagttider og overvåge bestandene via vildtudbytteindberetninger og tal fra schweissregisteret.

Sika i Danmark har en særlig forskningsmæssig værdi, da der med den nye viden om kromosomerne med de særlige Robertsonske translokationer hos de danske sika kan forskes i disses betydning for nye arters opståen, den manglende hybriditet med kronhjort under danske forhold samt samme translokationers årsag til nedsat fertilitet hos mennesker.

Sikaen har desuden en særlig plads i mange menneskers hjerte. Den er en del af historien i skoven, og millioner af mennesker, der årligt besøger de danske dyrehaver, får en gratis og god naturoplevelse. Der kan søges om dispensation til bevarelse af sikaehold og avl i de eksisterende dyrehaver.

Med gennemgangen af eksisterende og nye danske data appellerer vi til et nyt syn på sika og en revurdering af dens status som invasiv, da sika har en forskningsmæssig værdi, ikke hybridiserer med kronvildt, og ikke er til gene, men til glæde på den frie vildtbane og i dyrehaverne i Danmark

Indledning

Sika er en hjorteart, der om sommeren er rødbrun med lyse pletter og om vinteren er ensfarvet brun. Spejlet er hvidt, hjerteformet med en tydelig sort stribe på halen i midten. I Danmark måler hjorten op til 80 cm i skulderhøjde og vejer knap 50 kg, hinden vejer ca. 35 kg (1).

Sika vildtet kom til Danmark ca. år 1900 ved import fra Østasien, hvor de blev indkøbt som pryde, dyrehavevildt og jagtobjekt, og de første blev udsat i en dyrehave på Svenstrup Gods. Herfra og fra Frijsenborg og Knuthenborg godser blev der over de næste ca. 50 år solgt sika til andre dyrehaver og til udsætning på den frie vildtbane i Danmark.

Sika findes nu fritgående i Midtjylland samt i Østjylland med de største bestande omkring Frijsenborg skovene og ved Katholm. På Vestsjælland er der bestande i skovene mellem Gunderslevholm og Store Frederikslund samt i Gribskov i Nordsjælland (2).

Sika findes desuden i 15-20 dyrehaver i Danmark (3). Heraf er 7 med offentlig adgang: Marselisborg Dyrehave, Vejle Dyrehave, Esbjerg Dyrehave, Vordingborg Dyrehave, Holbæk Dyrehave, Jægersborg Dyrehave og Knuthenborg Safaripark.

Jægersborg Dyrehave er Danmarks mest besøgte naturområde med 7 millioner gæster årligt, hvor den største seværdighed er de ca. 2.000 stykker hjortevildt (4). Sika udgør en bestand på ca. 130 dyr i Jægersborg Dyrehave. De har derfor en kort reguleringsperiode, og sika er af den grund langt den mest tillidsfulde af hjortearterne. Sika er gæsternes favorit, da det er den af hjortearterne, man kan komme tættest på i Dyrehaven (5).

I Komitéen for invasive arter stemte Danmark nej til forslaget om ændringen af forordningen og opstillingen af 26 arter, herunder sika. Danmark kunne dog godt støtte en opstilling af sika, hvis der var blevet stemt særskilt for hver enkelt art, hvilket fremgår af samlenotatet, hvor der til slut under "Regeringens generelle holdning" fremgår følgende:

- *"Regeringen er imod et EU-forbud mod amerikansk mink og finder, at det fortsat skal være muligt at drive og videreføre minkproduktion i Danmark. For så vidt angår øvrige arter kan Danmark støtte en opstilling."* (6)

Med Kommissionens gennemførelsesforordning (EU) 2025/1422 af 17.juli 2025 blev sika erklæret invasiv i EU. Den danske forvaltning af EU-reglerne skal dog baseres på baggrund af et lokalt vidensgrundlag, det vil sige nationale forhold.

En invasiv art defineres som en art, der dels med menneskers hjælp har spredt sig til et område, der ikke er dens naturlige udbredelsesområde og dels er en trussel for hjemmehørende arter, deres leveområder og økosystemer (7).

Ved vurderingen medtager man også en score for artens samfundsøkonomiske effekt og påvirkningen af human sundhed (Bilag1).

For at tilhøre gruppen af ikke-hjemmehørende arter, der er invasive, har Miljøstyrelsen opdateret et kriterium:

De biologiske parametre "spredningspotentiale" og "påvirkning af hjemmehørende arter" skal begge score minimum 1. Den sammenlagte score for "spredningspotentiale" + "Levestedets bevarings-og naturværdi" skal minimum være 3. Den sammenlagte score for "påvirkning af hjemmehørende arter" + "påvirkning af økosystemfunktioner" skal også minimum være 3. (8)

BOKS. Opdateret kriterium for invasive arter

I skemaet er angivet hvilke krav, der stilles til scoren for de seks parametre, der benyttes ved vurderingen af ikke-hjemmehørende arter, for at en art betragtes som invasiv

Sprednings-potentialet	Levestedets bevarings- og naturværdi	Påvirkning på hjemmehørende arter	Påvirkning på økosystemfunktioner	Økonomiske effekter	Sundheds-effekter
≥ 1		≥ 1		Ingen krav	Ingen krav
Sum ≥3		Sum ≥3			

Figur 1: Kriterium for invasive arter (fra Bilag 1)

Der vil i vurderingen blive henvist til fakta arket for sika, udarbejdet af DCE for Miljøstyrelsen 2022 (bilag1).

I det følgende ønsker vi at gennemgå de biologiske parametre, naturligvis hovedsageligt ud fra data og undersøgelser der vedrører sika vildtet under danske forhold.

Spredningspotentialet

I "Vurdering af invasive arters påvirkning og forekomst i Danmark" (s. 16) i 2017, blev spredningspotentialet for sika af DCE hævet fra oprindeligt scoren 2 til 3, selvom der ved workshoppen blev foreslået scoren 2.(9). Ved tilblivelsen af den nyeste invasivvurdering i 2022, har DCE fortsat sat scoren til 3. Spredningspotentialets score for danske forhold begrundes med, at der i Skotland er set hurtige spredninger af sikabestande. (Bilag1).

Det skotske landskab er præget af bjerge og vådområder med sammenhængende skov og krat, kun ca. 10 % opdyrket landbrugsjord, det vil sige det dobbelte areal af det danske og en befolkningstæthed på det halve, heraf bor de fleste i større byer som Glasgow og Edinburgh.

Dette giver et uforstyrret landskab med mange levende hegn, der fungerer som ledeveje og spredningskorridorer for vildtet. (10).

Sikabestanden i Skotland vurderes at være ca. 50.000 (11).

Det danske landskab er præget af ca. 60 % opdyrket fladt landbrugsjord samt skove eller skovområder med mange afgrænsninger som veje, byer og anden infrastruktur og den dobbelte befolkningstæthed i forhold til i Skotland. Naturen ligner et mosaiklandskab med tydelig fragmentering (12).



Figur 2: Uforstyrret landskab i Skotland



Figur 3: Det åbne fragmenterede danske landskab

I Danmark estimeres de levende hjortebestande af kron dyr og dådyr som jagtudbytte/år x 3,5. Bruger man samme ligning for sika, er den estimerede fritlevende bestand på ca. $600 \times 3,5 = \text{ca. } 2.100$ dyr.

Sika er på den frie vildtbane ret sky, foretrækker at befinde sig i skjul i skov eller krat (buske/træer 2-8 m høje) og bevæger sig i skumringen og natten ud for at fouragere på marker og enge, der ligger op til skjulet i skoven. Det er påvist, at sandsynligheden for at en sika opholder sig væk fra skjulet i skoven nedsættes med 1,23-1,38 gange for hver 10 meter, den bevæger sig væk fra skoven/ krattet. Den søger altså ikke særlig langt ud i det åbne landskab (13).

Det er bevist, at sikas aktivitet er signifikant nedsat nær mennesker og veje (14). Undersøgelser viser desuden, at sika foretrækker at leve væk fra boligområder og dyrkede åbne marker, uagtet at markerne ville give nemmere adgang til føde (15).

Dette taler imod antagelsen om, at det kun er hegn og jagt, der begrænser spredningen af sika i Danmark. Derimod er landskabet med åbne, flade marker, veje/infrastruktur og mennesker ikke befordrende for sikaens lyst til at bevæge sig væk fra skoven og sprede sig i det danske landskab, og den lave bestandstæthed af sika i Danmark ansporer heller ikke til spredning.

Skulle sika sprede sig i Danmark med 3-5 km om året som nævnt for Skotland (16), (bilag 1), ville den efter 125 år i landet for længst være at finde overalt. Det er ikke retvisende at sidestille spredningspotentialet i Skotland og Danmark med de to meget forskellige landskabstyper.

Sikaen i Danmark befinder sig stort set, hvor den oprindeligt er sat ud, dette kan ses på Bennetsens kort fra 1974 visende udbredelsen af fritlevende sika (2).



Figur 4: Bestande af sikavildt 1974 (fra Bennetsen, E., 1976, Sikavildtet i Danmark)

Dette kan sammenlignes med Århus Universitets Fauna kort, hvor vildtudbyttet fordelt på dyreart og kommune (og tidligere amt) kan følges år for år tilbage fra 1941 og frem. De største bestande er i Favrskov og Norddjurs kommuner (17). Der er ingen nævneværdig spredning sket i de 50 år, der er gået fra figur 4 til figur 6.



Figur 5: Sika Vildtudbytte/kommune 2007/2008

Figur 6: Sika vildtudbytte/kommune 2024/2025

Ud fra de nye videnskabelige data for bevægelsesmønstre og habitatbrug for sika, samt det danske landskab og udbredelsen af sika i Danmark over de sidste 125 år, mener vi, at

Score for spredningspotentiale under danske forhold er 1

Datakvalitet er meget sikker

Levestedets bevarings- og naturværdi

Levestedets bevarings- og naturværdi sættes af DCE i vurderingen til 2 (Bilag1).

Hovedparten af de danske sika på den frie vildtbane lever i blandet løv og nåleskov med træproduktion i de øst- og midtjyske godsers skove. For 2024 udgør dette område 550 af samlet 626 nedlagte sika (87 %) (17).

Bevarings- og naturværdien for traditionel produktionsskov er vurderet i flere undersøgelser af DCE til at have en lav værdi, da der er lav biodiversitet grundet bl.a. manglen på levesteder i dødt ved, dræning, trævalg og mange unge træer (18)(19).



Figur 7: Sikas habitat i Danmark, blandet løv og nåleskov med træproduktion

Ud fra de videnskabelige danske undersøgelser af DCE og deres egen vurdering af disse, mener vi, at

Score for levestedets bevarings- og naturværdi under danske forhold er 1

Datakvalitet er meget sikker

Påvirkning af hjemmehørende arter

I DCEs "Vurdering af invasive arters forekomst og påvirkning i Danmark" fra 2017 (1) bliver det biologiske aspekt: "Påvirkning af hjemmehørende arter" sat til scoren 1 med henvisning til:

"Det er overvejet om scoren for påvirkning af hjemmehørende arter bør hæves idet genetisk opblanding med krondyr, der er hjemmehørende, potentielt kan forekomme. DCE vurderer imidlertid at dette ikke er særlig sandsynligt idet hybridisering ikke er set i fx Dyrehaven hvor begge arter gennem en længere årrække har levet side om side, hvorfor scoren bør reduceres til 1".

Allerede så tidligt som i 1975 (20) blev der publiceret hybriditet mellem kronhjorte og sika i Storbritannien, så det var ingen nyhed i 2017.

Med den nye vurdering af DCE i 2022 (bilag 1) for "Påvirkning af hjemmehørende arter" vælger man pludselig, efter Miljøstyrelsens nye kriterier for klassificering af invasivitet er kommet (figur 1) og trods manglende nationale undersøgelser, at hæve scoren til 3 med henvisning til hybriditetsrisiko i Danmark.

Kromosomundersøgelse af hybridisering:

I 2026 (Bilag 4) blev der lavet en kromosomundersøgelse i Danmark med henblik på undersøgelse af hybriditet (F1/1. generations afkom), hvor der indgik 56 sika og 22 krondyr fra 21 lokaliteter med begge hjortearter både fra Jylland og Sjælland. Desuden indgik 3 dyrehaver, herunder Jægersborg Dyrehave. Det er den største kromosomundersøgelse foretaget på sika i verden.

Med en stikprøvestørrelse på 56 individer af en population på estimeret 2.100 sika, vil der med en tænkt hybriditetsforekomst på 10 % være 99,75 % chance for, at der i kromosomundersøgelsen ville være fundet mindst 1 hybrid (F1) (hypergeometrisk fordeling).

Der er i kromosomundersøgelsen ikke påvist F1 hybrider mellem sika og kronhjort i Danmark.

Der er i de undersøgte sika fundet mellem 64-67 kromosomer og ingen med 68 kromosomer, hvilket alle krondyrene har.

Specifikt er der fundet to forskellige sammensmeltede kromosomer (Robertsonske translokationer) (ROB1, ROB2) i den danske sika bestand.

ROB1 er i såkaldt Hardy-Weinberg ligevægt i den jyske sika bestand. Dette støtter, at bestanden er stabil over generationer, at dyrene ikke migrerer udenfor området og fremfor alt, at den ikke blander sig med kronhjort. Samtidig har mere end 90 % af alle sika to kopier af en eller begge ROB, hvorfor langt de fleste kronvildthybrider ville have en kopi. Dette er ikke påvist i de 22 undersøgte krondyr.

Sika bestandene i Danmark har vist sig at have speciel videnskabelig interesse.

ROB er den hyppigste kromosomforandring i naturen, og man mistænker, at ROB er en vigtig genetisk barriere, der hæmmer hybridisering og fremmer artdannelse. ~6.000 danskere har en ROB, og vi ved ikke, hvorfor nogle ROB bærere (specielt mænd) kan have fertilitets problemer.

Vi ved ikke, hvorfor ROB opstår, men da de hyppigt opstår hos sika, men tilsyneladende aldrig hos kronvildt, kan vi benytte sika som en model for at belyse dette.

Der er selektion imod ROB1 i den jyske sika bestand, idet der mangler dyr med kun én kopi af ROB1.

ROB1 er derfor en unik model for at undersøge, om den agerer som barriere imod hybridisering. Den er samtidig også en model for at undersøge, hvorfor nogle mænd med ROB har problemer med kønscelledannelsen.

I Jægersborg dyrehave mangler alle de undersøgte sika dyr ROB1, men har to kopier af ROB2. Det er derfor med stor sandsynlighed en founder-population, der har været genetisk og geografisk isoleret gennem 100 år. Bestanden kan derfor belyse et af de store biologiske spørgsmål: Hvor hurtigt udvikles nye underarter/arter.

Størrelsesforskellen mellem de små danske sika på 35-50 kg og de store danske krondyr på 100-180 kg kan også spille en rent praktisk og afgørende rolle.

Der blev ved undersøgelsen også udtaget vævsprøver og et antal testikelprøver til videre genetisk undersøgelse i fremtiden.

Der er derfor væsentlige grunde til, at der bør værnes om de særlige stammer af sika i både dyrehaver og på den frie vildtbane i Danmark, da de både kan indgå i genetisk forskning og kan omfatte sjældne, måske helt unikke, underarter.

Påvirkning af øvrige hjemmehørende arter:

I den øvrige begrundelse for "Påvirkning af hjemmehørende arter" (bilag 1) er fremført negativ påvirkning af øvrige arter ud fra kilder, der alle er fra Storbritannien.

I Skotland, hvor den største koncentration af Sika i Storbritannien findes, er der 10 x flere sika pr. rådyr, end der er sika pr. rådyr i Danmark, og tætheden af sika i Skotland er 6 gange højere pr. arealenhed, end den er i Danmark (11) (21) (22).

Fordelingen af hjortearter i antal og % i Danmark:

Rådyr	Krondyr	Dådyr	Sika
400.000 stk. = 78%	50.000 stk. = 9,8%	60.000 stk. = 11,7%	2.100 stk. = 0,4%

Figur 8: Fordelingen af hjortearter i Danmark

Det er svært at forestille sig, at en hjorteart, der udgør 0,4 % af den samlede hjortebestand i Danmark, kan true eller konkurrere med de andre hjortearter om føden. DCE har ved en undersøgelse også konkluderet, at nedgangen i antal rådyr i Danmark ikke skyldes påvirkning fra hjortearterne dådyr og krondyr (23), og disse udgør et langt større antal i forhold til rådyr end sika gør.

Baseret på data fra langt højere tætheder af sika end i Danmark, nævnes desuden i vurderingen af "Påvirkning af hjemmehørende arter" negative effekter på biodiversiteten og trussel mod hasselmus. Ca. 87 % af de danske sikaer på den frie vildtbane lever i skovene i Øst- og Midtjylland (Figur 4), og her er der ifølge DCE selv ingen hasselmus (24).

Baseret på den danske hybriditetsundersøgelse af sika, sikas lave andel af den samlede hjortebestand i Danmark og den lave tæthed af sika i Danmark, mener vi, at

Score for påvirkning af hjemmehørende arter i Danmark er 1

Datakvalitet er meget sikker

Påvirkning af økosystemfunktioner

I DCEs vurdering af "påvirkning af økosystemfunktioner" sættes scoren til 1, begrundet i de aktuelle lave tætheder af sika i Danmark. Trods det nævnes en lang række mulige negative påvirkninger baseret på tætheder af sika, som ikke er aktuelle for Danmark, men for Storbritannien. En linje med omtale af dådyr, som den beskrevne art, optræder også (bilag 1), hvilket kraftigt indikerer, at DCE har kopieret tekst direkte fra andre vurderinger uden fokus på den art, som de skal vurdere.

Danmark udgør ca. halvdelen af arealet af Skotland, og der er under 10 % sikaer i Danmark (2.100 stk.) i forhold til antallet i Skotland (25-50.000 stk.) (11).

Baseret på de lave tætheder af sika i Danmark, mener vi, at

Score for påvirkning af økosystemfunktioner i Danmark er 1

Datakvalitet er middel

Økonomiske effekter:

I vurderingen af "påvirkning af økonomiske effekter" sættes scoren af DCE til 1. (Bilag1).

Der nævnes, at sika kan bære en række patogener, der kan smitte husdyr i landbrugsproduktionen, bl.a. nematoden *Asworthius sidemi*.

Ashworthius sidemi er aldrig identificeret ved nogen undersøgelser i Danmark, men er vidt udbredt i Europæisk bison, hvilket er vigtigt at forholde sig til ved indførsel af denne art til udsætning i naturprojekter i Danmark (25).

Det har siden 1967 været forbudt at udsætte sika på den frie vildtbane (26), så sikas bidrag til mangfoldigheden af parasitter i den danske natur ligger næsten 60 år tilbage. Der foreligger flere parasitologiske undersøgelser af dansk hjortevildt, men i disse optræder sika qua sit lave antal som

en lille del af de undersøgte dyr. For parasitten *Toxoplasma Gondii*, der også kan optræde som zoonose, var der flg. % inficerede dyr i en undersøgelse: Rådyr 32,7 %, krondyr 27,2 %, dådyr 13,8 % og sika 7,1 % (27).

I 2017 blev der foretaget en parasitologisk undersøgelse af dansk hjortevildt, hvori der indgik 8 sika, men disse udgik af artiklen grundet det lave antal (28). Forfatteren oplyser dog, at der var 0 % sika inficeret med *Toxoplasma Gondii* (29).

Baseret på ovenstående, mener vi, at

Score for økonomiske effekter i Danmark er 1

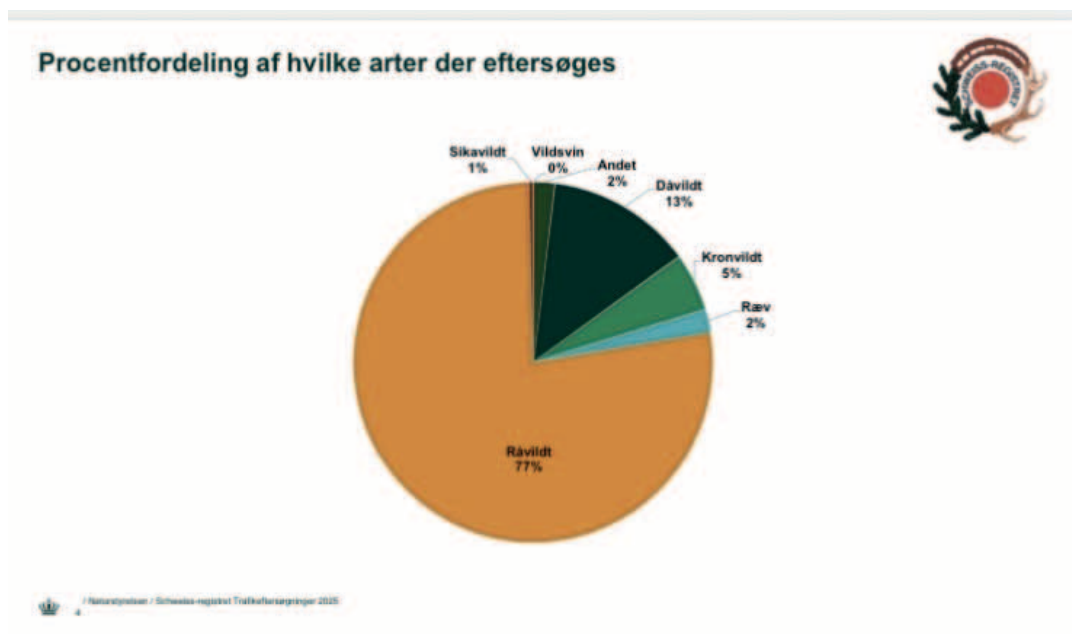
Datakvalitet er sikker

Helbredseffekter

I vurderingen af helbredseffekter er scoren sat til 1 og relateret til zoonoser og trafikuheld ved påkørsler (Bilag 1).

Zoonosen *Toxoplasma gondii* anses i Danmark for den vigtigste i forbindelse med indtagelse og håndtering af hjortekød (27), og tal fra Sika undersøgelser i Danmark er omtalt i afsnittet under økonomiske effekter.

Da sikas antal i Danmark er meget lavt ift. de øvrige hjortearter, og sika ikke søger langt væk fra skoven, udgør de en meget lille risiko for trafikuheld (30). Antallet af schweiss udkald til sika påkørsler i 2024 er afbildet i denne figur:



Figur 9: %-vis fordeling af dyrearter ved schweiss udkald til påkørsler i 2024

Baseret på ovenstående, mener vi, at

Score for Helbredseffekter i Danmark er 1

Datakvalitet er sikker

Diskussion

I rapporten "Vurdering af invasive arters forekomst og påvirkninger i Danmark" fra 2017 (9) skriver DCE på side 26:

"Det er ønskeligt at vurderingerne i højere grad i fremtiden baseres på data, hvor disse forefindes, og at der efter behov igangsættes undersøgelser, der kan bidrage med yderligere data for påvirkninger af natur og miljø under danske forhold. Det er desuden vigtigt at præcisere at der mangler et egentligt kvalitetstjek af faktaarkene".

Som ses på Faktaarket for sika i Danmark (bilag 1), er der nærmest ikke benyttet eller frembragt data fra danske undersøgelser, selvom der foreligger adskillige, de fleste lavet af DCE selv. Man har derimod stort set kopieret og oversat teksten fra et belgisk faktaark (bilag 3) senest opdateret i 2013. I Belgien findes kun 20-30 sika (31), og man har derfor i det belgiske faktaark hovedsageligt måtte henvise til britiske/skotske referencer.

Endvidere er der ej heller lavet kvalitetstjek alene på den skrevne tekst, da store dele af teksten under "Påvirkning af hjemmehørende arter" og "Økosystemfunktioner" er fuldstændigt identisk for DCEs fakta ark for sika (bilag 1) og dådyr (bilag 2). Så ens, at man på sikas faktaark har fået kopieret en sætning ind, der omtaler dådyret som den undersøgte art.

Når man skal undersøge en art for eventuel invasiv status, hvor det samtidigt besluttet om arten skal udryddes helt eller delvist i Danmark, må man basere afgørelsen på et ordentligt sagligt og redeligt grundlag, for noget der er så vigtigt for mange mennesker og så endegyldigt for den undersøgte dyreart.

Det kræver tid at fremskaffe data fra danske undersøgelser og resurser til yderligere danske undersøgelser, hvis de ikke forekommer allerede.

Med den nye danske kromosomundersøgelse fra 2026 kommer der mange interessante aspekter frem. Hvorfor ser vi ikke igangværende hybriditet mellem sika og kronhjort i Danmark?

Hvilken/hvilke underarter har vi - og er de unikke? Kan vi bruge sika i Danmark til fremtidig genetisk forskning i kromosomsygdomme og infertilitet hos mennesker? Og kan vi med den unikke bestand i Jægersborg Dyrehave og Holbæk Dyrehave finde årsagen til nye underarters opståen?

I Danmark har sikaen været en del af historien i 125 år. Den har en særlig status i mange af de offentligt tilgængelige dyrehaver, hvor blandt andet Jægersborg Dyrehave har 7 millioner (4), Marselisborg 400.000 (32) og Holbæk Dyrehave 40.000 (33) besøgende årligt.

Jægersborg Dyrehave er Danmarks mest besøgte naturområde (4), og var Marselisborg Dyrehave et museum ville det være Jyllands 3. mest besøgte (34).

Antallet af nedlagte sika var i sæson 2023/2024 på 604 stk., nedlagt af 368 jægere. Med et samlet antal jægere med indløst jagttegn i 2024 på 166.891 (35) er det således kun 0,22 % af de danske jægere, der har skudt sika i sæson 2023/2024. Sikakød går for at være en delikatesse, og for de lodsejere, der har jagtleje indtægter, bidrager disse til driften af ejendommen og vedligeholdelsen af ofte store og udgiftstunge bygninger.

Mange af de private dyrehaver er synlige for publikum, da der er offentlig adgang til private skove over 5 ha. i Danmark. På den frie vildtbane har publikum mulighed for at se sika ved gang, løb, cykling, ridning mm. i de skove, som huser sikabestande.

Alle disse mennesker får en god og gratis naturoplevelse ved et besøg i en dyrehave eller en skov med sika, og samtidigt bidrager sika til artsdiversiteten af hjorte i Danmark.

Konklusion

Der har ikke været sat nok tid og resurser af til en grundig undersøgelse af de aspekter, der bør bruges for en neutral og saglig invasivvurdering af sika i Danmark, og derfor bør status laves om.

Med resultatet af den nye kromosomundersøgelse af sika i Danmark, samt alle resultaterne, der forelægger af undersøgelser med danske data for sika fremskaffet i nærværende rapport, opfylder sika ikke kravene for invasiv status i Danmark.

Sika har hverken højt spredningspotentiale eller lever i skove med høj bevaringsstatus og påvirker ikke hjemmehørende arter eller økosystemfunktioner negativt. Der er endvidere lave økonomiske og helbredsmæssige effekter ved sikas tilstedeværelse i Danmark.

Sika bidrager til artsdiversiteten af hjortevildt i Danmark og bringer mange gratis naturoplevelser årligt til millioner af mennesker i alle aldre.

Samtidig kan sika bidrage til videre genetisk forskning omkring de helt særlige Robertsonske translokationer, opståen af nye underarter og bidrage til forskning i genetiske sygdomme og infertilitet hos mennesker.

Ansøgning om dispensation til bevarelse af og videreførelse af sika i de eksisterende dyrehaver, bør sendes til EU-kommissionen (36), (37).

Figur 10: Ny vurdering af invasivstatus for Sika under danske forhold

Sprednings Potentiale	Levestedets Bevarings-og naturværdi	Påvirkning af hjemmehørende arter	Påvirkning af økosystem- funktioner	Økonomiske Effekter	Sundheds Effekter
1	1	1	1	1	1
Datakvalitet er meget sikker	Datakvalitet er meget sikker	Datakvalitet er meget sikker	Datakvalitet er middel	Datakvalitet er sikker	Datakvalitet er sikker
Sum = 2		Sum = 2		Ingen krav	Ingen krav

Denne rapport er udarbejdet i februar /marts 2026 i forbindelse med indsamling af prøver fra sika og kronvildt i januar 2026 og har herefter afventet dannelsen af ny regering.

Den 03.06.2026

Astrid Ingstrup, Dyrlæge

Flemming Thune- Stephensen, Dyrlæge

Litteraturhenviisning

(1): Naturstyrelsen: Naturguider/ Jægersborg Dyrehave/ dyr og planter,

[Dyr og planter - Naturstyrelsen](#)

(2): Bennetsen, E., (1976), Sikavildtet i Danmark, *Danske Vildtundersøgelser*, hefte 25, Vildtbiologisk station, (DCE, Aarhus Universitet)

[DanskeVildt25.pdf](#)

(3): Peter Kyvsgaard, biolog, SGAV, skriftlig besvarelse af forespørgsel 19.03.26 (SGAV Id 13545142)

(4): Naturstyrelsen: Naturguider/Jægersborg Dyrehave/forside

[Jægersborg Dyrehave - Naturstyrelsen](#)

(5): Christiansen, Torben, (2026) pens. Skovfoged fra Jægersborg Dyrehave (1984-2021), personlig kommunikation

(6): Ministeriet for Grøn Trepert: Samlenotat (02.06.2025), Miljø- og Fødevarerudvalget 2024-2025, MOF, alm. Bilag 469

<https://www.ft.dk/samling/20241/almdel/MOF/bilag/469/3034056/index.htm>

(7): Convention on Biological Diversity, Hp: "What are invasive alien species?"

[Invasive Alien Species](#)

(8): Konsensus omkring vurdering af ikke-hjemmehørende arter i Danmark, (2023), Teknisk rapport nr. 271, DCE, Aarhus Universitet., s. 17.

[TR271.pdf](#)

(9): Strandberg, B., (2017), "Vurdering af invasive arters forekomst og påvirkninger i Danmark", Teknisk rapport fra DCE nr. 96, Aarhus Universitet.

[VURDERING AF INVASIVE ARTERS FOREKOMST](#)

(10): NatureScot, Scotlands Nature Agency, Hp: "Hedgerows and Field Margins"

[Hedgerows and field margins | NatureScot](#)

(11): British Deer Society, Hp.: "Sika in the UK: Ecology and Management Challenges"

[Sika in the UK: Ecology and Management Challenges](#)

(12): Adersen, Henning: *Det åbne landskab er en mosaik i Naturen i Danmark* på lex.dk. Danmarks National leksikon

[Det åbne landskab er en mosaik – Naturen i Danmark | Lex](#)

(13): Diefenbach, D.R., and Christensen, S., 2009, *Movement and habitat use of sika and white-tailed deer on Assateague Island National Seashore, Maryland*: Technical Report NPS/NER/NRTR—2009/140, xi, 110 p.

[Movement and habitat use of sika and white-tailed deer on Assateague Island National Seashore, Maryland](#)

(14): Takada, H.; Nakamura, K., (2024): *Effects of human harvesting, Residences, and Forage Abundance on Deer Spatial Distribution*, Animals (Basel), 2024; jun 24; 14 (13):1924.

[Effects of Human Harvesting, Residences, and Forage Abundance on Deer Spatial Distribution - PMC](#)

(15): Uzal, A.; Walls, S.; Stilmann, R; Diaz, A. (2013): *Sika Deer distribution and habitat selection: The Influence of the availability and distribution on food, cover and threats*. European Journal of Wildlife Research. Aug. 2013; 59: (4)

https://www.researchgate.net/publication/257496928_Sika_deer_distribution_and_habitat_selection_The_influence_of_the_availability_and_distribution_of_food_cover_and_threats

(16): RATCLIFFE, P.R. (1987), *Distribution and current status of Sika Deer, Cervus nippon, in Great Britain*. Mammal Review, 17: 39-58.

[Distribution and current status of Sika Deer, Cervus nippon, in Great Britain - RATCLIFFE - 1987 - Mammal Review - Wiley Online Library](#)

(17): Fauna, Aarhus Universitet, Vildtudbyttestatistik/ Vildtudbytte siden 1941.

[Kort](#)

(18): Nygaard, B. *et al.*, 2013: *Vurdering af bevaringsstatus for skov*; 22.nov., 2013. Notat fra DCE, Nationalt center for miljø og energi, Aarhus Universitet

[Vurdering af bevaringsstatus for skov](#)

(19):Fredshavn, J. *et al.* (2025): *Bevaringsstatus for naturtyper og arter-2025*. Habitatsdirektivets artikel 17 rapportering. Videnskabelig rapport fra DCE nr. 673, Aarhus Universitet

[Bevaringsstatus for naturtyper og arter – 2019. Habitatsdirektivets Artikel-17 rapportering](#)

(20): Lowe, V.P.W.; Gardiner,A.S. (1975): *Hybridization between red deer (Cervus elaphus) and Sika deer (Cervus Nippon) with particular reference to stocks in N.W. England*. Journal of Zoology. Dec. 1975

[Hybridization between Red deer \(Cervus elaphus\) and Sika deer \(Cervus nippon\) with particular reference to stocks in N.W. England - Lowe - 1975 - Journal of Zoology - Wiley Online Library](#)

(21): Strandgaard, Helmuth: *rådyr* i Lex på lex.dk. Danmarks National leksikon.

[rådyr - Læs om hjortens udseende og levevis - Lex](#)

(22): Ministeriet for grøn trepart, Styrelsen for grøn arealomlægning og vandmiljø, natur & jagt/jagt/ hjortevildtforvaltning.

[Hjortevildtforvaltning - Styrelsen for Grøn Arealomlægning og Vandmiljø](#)

(23): Sunde, P. *et al.* (2023): *Bestandsanalyse af danske rådyr*. Videnskabeligrapport fra DCE, Aarhus Universitet, nr. 542, 2023

[sr542.pdf](#)

(24): Novana, Aarhus Universitet, arter 2019/pattedyr/Hasselmus

[Hasselmus](#)

(25): Buchmann, Kurt, professor: Department of veterinary and animal sciences, Section for parasitology, Københavns Universitet, personlig kommunikation, 2026.

(26): Folketingstidende(1967): *Forslag til lov om jagten*, Folketinget. Vedtaget 26. maj 1967

[19662_L61_som_vedtaget.pdf](#)

(27): Stensgaard, A.S. et al. (2022): *Sero-prevalence and risk factors of Toxoplasma gondii infection in wild cervids in Denmark*. [*International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife* — 2022, Volume 17, pp. 288-294](#)

[Sero-prevalence and risk factors of >Toxoplasma gondii> infection in wild cervids in Denmark - Welcome to DTU Research Database](#)

(28): Petersen, H.H.; Chriel, M.; (2018): *Reservoirværters mulige rolle for persistens af rådyrsyge*. National Veterinary Institute, Bacteriology & Parasitology, Diagnostic & Development, DTU, Veterinærinstituttet.

[Reservoirværters mulige rolle for persistens af rådyrsyge af rapportering.pdf](#)

(29): Petersen, Heidi Huus, DVM (2026): Personlig kommunikation

(30): Elmeros, M. et al. (2014): *Påkørte større vilde dyr i Danmark 2003-2012*, Videnskabelig rapport fra DCE nr. 91, Aarhus Universitet.

[Nr. 91: Påkørte større vilde dyr i Danmark 2003-2012](#)

(31): Scalera, R. et al. (2020): *Risk assessment template developed under the "Study on Invasive Alien Species- Development of risk assessments to tackle priority species and enhance prevention"*. Contract No 07.0202/2020/834529/ETU/ENV.D.21. Name of organism: Sika deer (Cervus nippon) s. 10-11.

(32): [Hjorte i brunst lukker dyrehave | Danmark | Indland | Samfund | Berlingske](#)

(33): Brandt, Carsten, (2026) Formand, Foreningen Holbæk Dyrehave, personlig kommunikation

(34): [NYT: Besøgende på museer stiger for tredje år i træk - Danmarks Statistik](#)

(35): [Statistik og nøgletal - Styrelsen for Grøn Arealomlægning og Vandmiljø](#)

(36): [EU's forordning om forebyggelse og håndtering af invasive ar...](#)

(37): [template_ansoegning-om-tilladelse-til-at-udfoere-visse-aktiviteter-vedroerende-invasive-ikkehemmehoerende-arter-1-2.docx](#)

Bilag 1



Sika (*Cervus nippon*)

Videnskabeligt navn: *Cervus nippon*

Kaldenavn: Sika

Status i Danmark: Invasiv

Beskrivelse

Sika er en mellemstor hjort, der er tæt beslægtet med kronedyret. Den har en kropslængde på op til 150 cm, hanner kan veje op til 60 kg, mens hunner kan veje op til 40 kg. Sommerpelsen er rødbrun med hvide pletter og en mørk stribe langs ryggen. Det varierer meget, hvor tydelige de hvide pletter er fra individ til individ. Vinterdragten er mørkegrå, næsten sort uden pletter. Spejlet er hvidt med sorte afgrænsninger og en tynd sort stribe på halen.



Sika. Foto: Jeppe Nielsen.

Forvekslingsmuligheder

Sika forveksles tit med rådyr, dådyr og kronedyr. Sika er mindre end dådyr, men større end rådyr. Sikas kropsbygning og gevirets form minder meget om kronedyrs, men kronedyret er større end sika. Sika skelnes bedst fra de andre hjortearter på spejlet, der er hjerteformet og hvidt med en sort indramning. Den mørke hale, der ses i spejlet, kan få det til at minde om spejlet på dådyr, men halen er ikke så tydelig på sika som hos dåvildt.

Spredningsvej og nuværende udbredelse

Sika er hjemmehørende i Østasien og Japan¹. Den blev indført til Danmark i begyndelsen af 1900-tallet som jagtobjekt². Lignende introduktioner er sket i mange andre lande i Central- og Vesteuropa, i Kaukasus, Nordamerika og New Zealand. Derudover holdes sika i dyrehaver og parker. Undslupne dyr fra indhegninger har etableret vilde bestande. I Danmark findes der et antal mere eller mindre isolerede fritlevende sikabestande i Jylland og på Sjælland². Jagtudbyttet af sika har været stigende siden 2000³. I jagsæsonen 2019/20 blev der indberettet over 500 sika. Udbyttet har været stigende gennem de sidste 20 år.

Datagrundlag for artens invasive status i Danmark

Vi benytter en skala fra 0-3 til at vurdere arterne i forhold til de seks parametre spredningspotentiale, levestedets bevarings- og naturværdi, påvirkningen på hjemmehørende arter, påvirkning på økosystemfunktioner, økonomiske effekter og helbredseffekter. 0 svarer til ingen, 1 svarer til lav, 2 svarer til middel og 3 svarer til høj påvirkning. Kvaliteten af data, der ligger til grund for vurderingen, angives på en firetrins skala: meget sikker (empiriske, kvantitative data for arten), sikker (overvejende kvalitative data for arten), middel (udelukkende kvalitative data), usikker (få eller ingen data).



	Sprednings- potentiale	Levestedets bevarings- og naturværdi	Påvirkning af hjemme- hørende arter	Påvirkning af økosystemfunk- tioner	Økonomiske effekter	Helbreds effekter
Score	3	2	3	1	1	1
Datakvalitet	sikker	meget sikker	meget sikker	middel	sikker	sikker

Spredningspotentiale: 3 (høj). Spredningspotentialet for sika er vurderet som højt ud fra forsigtighedsprincippet og erfaringer fra udlandet^{4,5}. I Storbritannien ekspanderer sikabestande med 3-5 km om året, og den vurderes at have et højt reproduktionspotentiale. Enkeltindivider kan etablere sig mere end 50 km fra deres opvækstområde. I Danmark vurderes de vildtlevende bestande af sika kun at være begrænset af jagt og afhegninger af skove og naturområder.

Levestedets bevarings- og naturværdi: 2 (middel). Bevarings- og naturværdi for sikas levesteder er vurderet som middel. Sika lever primært i skovområder, men kan også findes i vådområder^{1,4}. Den trives særligt i områder med løvskov med tæt bundvegetation, men de findes også i nåleskov og i heder^{1,4}.

Påvirkning af hjemmehørende arter: 3 (høj). Påvirkning af hjemmehørende arter er ud fra forsigtighedsprincippet og erfaringer fra udlandet vurderet som høj, fordi sika kan krydse med krondyr. Afkommet efter krydsninger af krondyr og sika er fertilt, hvorved der sker en irreversibel indblanding af sika-gener i krondyrbestandene⁵. Desuden kan sika fortrænge rådyr⁶. Ved høje tætheder kan sikas nedgræsning af vegetationen i skovbunden få negative effekter på diversiteten eller tætheden af skovens fauna, fx invertebratsamfund, småfugle, hasselmus og andre smågnavere^{7,8,9,10}. Hvor voldsom påvirkningen på de hjemmehørende arter er, afhænger af bestandstætheden af sika.

Påvirkning af økosystemfunktioner: 1 (lav). Sika's påvirkninger af økosystemfunktioner vurderes til lav ved de aktuelle tætheder i Danmark. Sikabestande kan opnå højere tætheder end krondyr^{4,5}. I områder med tætte bestande kan sikas nedgræsning af vegetationen få væsentlige negative effekter på den naturlige regeneration af skove^{7,8}. Dådyrs nedgræsning kan føre til ændrede interaktioner og dynamikker mellem skovens hjemmehørende arter, nedgræsningen kan forventes at medføre ændringer i bestøvning og frøspredning og i levevilkårene for fugle, småpattedyr og skovlevende flagermus^{7,8,9,10}. Sika menes også at kunne forårsage øget erosion og forringet vandkvaliteten i vandløb og vådområder⁴.

Økonomiske effekter: 1 (lav). De økonomiske effekter for sika er vurderet til lav. Sika kan forvolde skade på skove ved barkskræling og bid af bladknopper og skud^{4,7}. Reparation af køretøjer efter påkørsler af sika eller uheld efter undvigemanøvrer kan være en privatøkonomisk udgift, men med artens aktuelle forekomst er risikoen for trafikuheld lav¹¹. Sika kan bære en række patogener, som kan smitte husdyr i landbrugsproduktion, fx nematoden *Aswthius sidema*¹².

Helbredseffekter: 1 (lav). Helbredseffekter for sika er vurderet som lav og relateres til risiko for trafikuheld⁸. Sika kan være bærer af en række zoonotiske vira, bakterier og parasitter¹².

Kilder

¹ Harris RB 2015. *Cervus nippon*. The IUCN Red List of Threatened Species 2015: e.T41788A22155877.



Miljøministeriet
Miljøstyrelsen

² Asferg T, Clausen P, Christensen TK, m.fl. 2016. Vildtbestande og jagttider i Danmark: Det biologiske grundlag for jagttidsrevisionen 2018. Institut for Bioscience & Nationalt Center for Miljø og Energi, Aarhus Universitet. Videnskabelig rapport nr. 195.

³ Aarhus Universitet, Fauna. <https://fauna.au.dk/jagt-og-vildtforvaltning/vildtudbytte> (besøgt 1.april 2022).

⁴ Genovesi P, Putman R 2006. DAISIE factsheet on *Cervus nippon*.

⁵ Smith SL, Senn HV, Pérez-Espona S, m.fl. 2018. Introgression of exotic *Cervus* (*nippon* and *canadensis*) into red deer (*Cervus elaphus*) populations in Scotland and the English Lake District. *Ecology and Evolution* 8, 2122–2134.

⁶ Bartos L 2009. Sika deer in continental Europe. I: McCullough m.fl. (red.). Sika deer: biology and management of native and introduced populations, Springer, 573-594.

⁷ Putman RJ, Moore NP 1998. Impact of deer in lowland Britain on agriculture, forestry and conservation habitats. *Mammal Review* 28: 141–164.

⁸ Putman RJ, Langbein J, Green P, Watson P 2011. Identifying threshold densities for wild deer in the UK above which negative impacts may occur. *Mammal Review* 41: 175–196.

⁹ Flowerdew JR, Ellwood SA 2001. Impacts of woodland deer on small mammal ecology. *Forestry* 74: 277–287.

¹⁰ Stewart AJA 2001. The impact of deer on lowland woodland invertebrates: a review of the evidence and priorities for future research. *Forestry* 74: 259-270.

¹¹ Elmeros M, Andersen PN, Sunde P, m.fl. 2014. Påkørte større vilde dyr i Danmark 2003-2012. Videnskabelig rapport fra Aarhus Universitet, nr. 91.

¹² Böhm M, White PCL, Chambers J, Smith L, Hutchings MR 2007. Wild deer as a source of infection for livestock and humans in the UK. *The Veterinary Journal* 174: 260–276.



Dådyr (*Dama dama*)

Videnskabeligt navn: *Dama dama*

Synonymer: *Cervus dama*

Kaldenavn: Dådyr

Status i Danmark: Invasiv

Beskrivelse

Dådyret er en mellemstor hjort med en skulderhøjde på 80-100 cm. Dådyr kendes på den rødbrune pels med hvide pletter på den øverste del af kroppen. Der går en horisontal lys stribe, som afgrænser området med pletter. Langs ryggen går en sort stribe ned til halespidsen.

Spejlet er hvidt og omkranset af to sorte striber. Sammen med den sorte stribe på halen udgør de sorte striber på spejlet et "111". Pelsfarven hos dådyr kan variere meget, og der er eksempler på hvide og sorte dyr uden synlige prikker. Hannen får gevir, som tabes og gendannes hvert år. Fra tredje leveår bliver hannens gevir pladeformet.



Dådyr. Foto: Miljøstyrelsen

Forvekslingsmuligheder

Dådyret kan adskilles fra andre hjorte på spejlet, hvor dådyret har "111" på bagenden, og på geviret hos ældre hanner med de karakteristiske skovle eller skufler. Dådyret er større end rådyret, lidt større end sikahjorte, men mindre end kronstyr.

Spredningsvej og nuværende udbredelse

Dådyrets naturlige udbredelsesområder ligger i Lilleasien¹. Arten forsvandt fra Europa med sidste istid, og genindvandrede ikke efter istidens ophør. Dådyr er indført til Danmark og resten af Central- og Vesteuropa². Siden 1980'erne er der etableret fritlevende bestande af dådyr i hele Danmark gennem introduktioner med jagt for øje suppleret med udslip fra dyrehaver og hjortefarme, hvor arten holdes som prydvildt, til naturpleje og kødproduktion. Dådyr er vidt udbredt i Danmark og i nogle landsdele forekommer relativt tætte bestande^{3,8}. Det årlige jagtudbytte steg fra 2.000 til mere end 10.000 i perioden 1980-2020³.

Datagrundlag for artens invasive status i Danmark

Vi benytter en skala fra 0-3 til at vurdere arterne i forhold til de seks parametre spredningspotentiale, levestedets bevarings- og naturværdi, påvirkningen på hjemmehørende arter, påvirkning på økosystemfunktioner, økonomiske effekter og helbredseffekter. 0 svarer til ingen, 1 svarer til lav, 2 svarer til middel og 3 svarer til høj påvirkning. Kvaliteten af data, der ligger til grund for vurderingen, angives på en firetrins skala: meget sikker (empiriske, kvantitative data for arten), sikker (overvejende kvalitative data for arten), middel (udelukkende kvalitative data), usikker (få eller ingen data).



	Sprednings- potentiale	Levestedets be- varings- og na- turværdi	Påvirkning af hjemme- hø- rende arter	Påvirkning af økosystem- funktioner	Økonomiske effekter	Helbreds ef- fekter
Score	3	2	2	2	2	2
Datakvalitet	meget sikker	meget sikker	sikker	sikker	sikker	sikker

Spredningspotentiale: 3 (høj). Spredningspotentialet for dådyr er vurderet som højt baseret på det stigende jagtudbytte i Danmark³. De vildtlevende dådyrbestande vurderes at være begrænset af jagt og afhegninger af skove og naturområder.

Levestedets bevarings- og naturværdi: 2 (middel). Bevarings- og naturværdi for dådyrs levesteder er vurderet som middel. Dådyr findes i landskaber med en blanding af skove, enge og agerland^{1,2}. De trives særligt i områder med åben løvskov^{1,2}.

Påvirkning af hjemmehørende arter: 2 (middel). Påvirkning af hjemmehørende arter er vurderet som middel. Dådyret æder græsser, urter, blade og skud². Dådyr kan leve i store flokke, den opnår højere tætheder end rådyret og kan fortrænge denne hjemmehørende art⁵. Ved høje tætheder kan dådyrs nedgræsning af vegetationen i skovbunden få negative effekter på diversiteten eller tætheden af skovens fauna, fx invertebratsamfund, småfugle, hasselmus og andre smågnavere^{5,6,7,8}. Hvor voldsom påvirkningen på de hjemmehørende arter er, afhænger af bestandstætheden af dådyr.

Påvirkning af økosystemfunktioner: 2 (middel). Dådyrs påvirkning af økosystemfunktioner vurderes som middel. I områder med tætte bestande kan dådyrs nedgræsning af vegetationen have væsentlige negative effekter på den naturlige regeneration af skove^{6,7,8}. Dådyrs nedgræsning kan føre til ændrede interaktioner og dynamikker mellem skovens hjemmehørende arter, nedgræsningen kan forventes at medføre ændringer i bestøvning og frøspredning og i levevilkårene for fugle, småpattedyr og skovlevende flagermus^{5,6,7,8}.

Økonomiske effekter: 2 (middel). De økonomiske effekter for dådyr er vurderet som middel på grund af artens store udbredelse og stigende bestandstørrelse. Dådyr kan gøre skade på landbrugsafgrøder og skov^{6,7}. I områder med tætte dådyrbestande kan tabene være markante. Reparation af køretøjer som følge af påkørsler af dådyr eller uheld pga. undvigemanøvrer kan være en betydelig økonomisk udgift for private^{9,10}. Dådyr kan være bærer af en række patogener, som kan smitte klovbærende husdyr¹¹. Tætte bestande og fodring øger risikoen for smittespredning.

Helbredseffekter: 2 (middel). Helbredseffekter for dådyr er vurderet som middel og relateres til risiko for trafikollisioner^{9,10}. Grundet den lokalt høje bestandstæthed af dådyr vurderes risikoen højere end for andre ikke-hjemmehørende hjortearter. Dådyr kan være bærer af en række zoonotiske virus, bakterier og parasitter¹¹.

Kilder

¹ Asferg T, Madsen AB 2007. Dådyr *Dama dama* (Linnaeus, 1758). I: Baagøe HJ, Jensen TS (red.). Dansk Pattedyratlas. Gyldendal, 224-227.



Miljøministeriet
Miljøstyrelsen

- ² Masseti M, Mertzaniidou D 2008. *Dama dama*. The IUCN Red List of Threatened Species 2008: e.T42188A10656554.
- ³ Aarhus Universitet, Fauna. <https://fauna.au.dk/jagt-og-vildtforvaltning/vildtudbytte> (besøgt 1. april 2022).
- ⁴ Ferretti F, Bertoldi G, Sforzi A, Fattorini L 2011. Roe and fallow deer: are they compatible neighbours? *European Journal of Wildlife Research* 57: 775-783.
- ⁵ Flowerdew JR, Ellwood SA 2001. Impacts of woodland deer on small mammal ecology. *Forestry* 74: 277-287.
- ⁶ Putman RJ, Moore NP 1998. Impact of deer in lowland Britain on agriculture, forestry and conservation habitats. *Mammal Review* 28: 141-164.
- ⁷ Putman RJ, Langbein J, Green P, Watson P 2011. Identifying threshold densities for wild deer in the UK above which negative impacts may occur. *Mammal Review* 41: 175-196.
- ⁸ Stewart AJA 2001. The impact of deer on lowland woodland invertebrates: a review of the evidence and priorities for future research. *Forestry* 74: 259-270.
- ⁹ Elmeros M, Andersen PN, Sunde P, m.fl. 2014. Påkørte større vilde dyr i Danmark 2003-2012. Videnskabelig rapport fra Aarhus Universitet, nr. 91.
- ¹⁰ COWI 2019. Trafikulykker med hjorte. Dyrenes Beskyttelse, København
- ¹¹ Böhm M, White PCL, Chambers J, m.fl. 2007. Wild deer as a source of infection for livestock and humans in the UK. *The Veterinary Journal* 174: 260-276.

Bilag 3:



Invasive species in Belgium



[Home](#)
[About SITS](#)
[Species List](#)
[Risk Analysis](#)
[Harmonia+](#)
[Resources](#)
[Outputs](#)
[Mailing List](#)
[Registry](#)

[Contact us](#) | [Login](#) |

Cervus nippon - Sika deer

French name: Cerf sika

Dutch name: Sikahout

Family: Cervidae

Group: Mammals

Origin: Asia

Habitat: terrestrial

Introduction: gamefish stocking



AO

species

IWM Score: 12

Naturalization

This species is not yet naturalised in Belgium.

Establishment potential in Belgium: high

It is already invasive in: France, Germany, Ireland, Poland, Switzerland, United Kingdom

More on naturalization and invasiveness: Sika deer is found in dense woodland and scrub, including the thicket stages of coniferous forests and adjacent open ground. It usually prefers early seral stages over mature forests. It can also be found in estuarine reed beds and similar wet areas. Sika is increasing and expanding in several European countries. It may build up to very high local densities before expanding population's range. In Northern Scotland, there has been a rapid population expansion since the 1970s, at a rate of 3-5 km per year

Invasiveness

Reproduction in the wild: no

Dispersion potential: high

Natural habitats: high

Impacts on Species

Predation / Herbivory: high

Competition: medium

Disease transmission: likely

Genetic effects: high

More on impacts: Sika can build up higher densities than red deer and can cause great environmental and economic damages to forests and wetlands due to ring barking (especially in hard winters), browsing, bole-scoring, trampling, etc. Hybrids with the native congeneric red deer are fertile, and further hybridisation or back-crossing to either parental type is rapidly threatening the genetic integrity of the native species. Sika are often reported to be better competitors than native deer species (e.g. roe deer). As with other deer species, sika are a possible source of bovine tuberculosis. They also play a role in the epidemiology of the nematode *Asworthius sidemi*, affecting other mammal species.

Impacts on Ecosystems

Nutrient cycling: low

Physical alteration: high

Natural successions: likely

Food web alteration: likely

Data Source & References

Authors: Branquart Etienne, Licoppe Alain, Motte Grégory, Schockert Vinciane, Stuyck Jan

Published on: 23 March 2009

Last update: 11 December 2013

References:

- Bartos, L. (2009) *Sika deer in continental Europe*.  In: McCullough et al (Eds), *Sika deer: biology and management of native and introduced populations*, Springer Japan. 573-594.
- Battersby, J. (2005) *UK mammals: species status and population trends*.  JNCC/Tracking Mammals Partnership.
- Fuller, R.J. & Gill, R.M.A. (2001) *Ecological impacts of deer in woodland*. *Forestry* 74(3): 189-192.
- Gebhardt, H. (1995) *Ecological and economic consequences of introductions of exotic wildlife (birds and mammals) in Germany*.  *Wildlife Biology* 2: 205-211.
- Genovesi, P. & Putman, R. (2006) *Cervus nippon*.  DAISIE factsheet.



© J. C. Schou, Biopix.dk



© J. C. Schou, Biopix.dk



© J. C. Schou, Biopix.dk



© J. C. Schou, Biopix.dk

- Gill, R.M.A. (1992)
A review of damage by mammals in north temperate forest: 1. Deer.
Forestry 65(2): 145-169.
- Gill, R.M.A. & Fuller, R.J. (2007)
The effects of deer browsing on woodland structure and songbirds in lowland Britain. 
Ibis 149: 117-129.
- Goodman, S.J., Barton, N.H., Swanson, G., Abernethy, K. & Pemberton, J.M. (1999)
Introgression through rare hybridization: a genetic study of a hybrid zone between red and sika deer (Genus *Cervus*) in Argyll, Scotland.
Genetics 152:355-371.
- Harris, S., Morris, P., Wray, S. & Yalden, D. (1995)
A review of British mammals: population estimates and conservation status of British mammals other than cetaceans.

JNCC.
- Mitchell-Jones, A. J., Amori, G., Bogdanowicz, W., Kryštufek, B., Reijnders, P. J. H., Spitzenberger, F., Stubbe, M., Thissen, J. B. M., Vohralik, V. & Zima, J. (1999)
The Atlas of European Mammals.
Poyser, London.
- Pascal, M., Lorgelec, O.L., Vigne J.D., Keith, P. & Clergeau, P. (2003)
Evolution holocène de la faune de vertébrés de France: invasions et extinctions. 
INRA, CNRS, MNHN & MEDD.
- Saint-Andrieux, C., Pfaff, E. & Guilbert, B. (2009)
Le daim et le cerf sika en France: nouvel inventaire. 
Faune sauvage 285: 10-15.
- Swanson, G.M. & Putman, R. (2009)
Sika deer in the British Isles.
In: McCullough et al (Eds), *Sika deer: biology and management of native and introduced populations*, Springer Japan: 595-614.
- Ward, A.I. (2005)
Expanding ranges of wild and feral deer in Great Britain.
Mammal Review 35: 165-173.
- White, P.C.L., Ward, A.I., Smart, J.C.R. & Moore, N.P. (2004)
Impacts of deer and deer management on woodland biodiversity in the English lowlands.
Final report, The Woodland Trust.
- Wittenberg, R. (2005)
An inventory of alien species and their threat to biodiversity and economy in Switzerland. 
CABI Bioscience Switzerland Centre report to the Swiss Agency for Environment, Forests and Landscape. The environment in practice no. 0629: 155p.



Other Internet Links

-  [Invasive Alien Species in Northern Ireland](#)
-  [Pictures in ARKive](#)



Bilag 4:

Kromosomanalyse af sika og kronvildt i Danmark mhp potentiel F1-hybridisering af

Niels Tommerup, dr.med. - fhv. professor og DNRF centerleder, Seniorforsker ved Institut for Cellular og Molekylær Medicin, Københavns Universitet

Konklusioner

1. Kromosomanalyserne udelukker med stor sandsynlighed F1-hybridisering i de undersøgte sika og kronvildt fra Danmark.
2. Hardy-Weinberg (HW) ligevægt af en sika-specifik kromosomvariant (en Robertsonske translokation) peger på, at sika-bestanden i Jylland er stabil og at der ikke sker overførsel af gener mellem sika og kronvildt.
3. Sika-bestanden i Jægersborg Dyrehave har en ensartet og unik genotype, sandsynligvis forårsaget af genetisk drift/indavl i den oprindelige meget lille bestand. Ensartetheden styrker, at der siden ikke er sket hybridisering fra kronhjort til sika i Jægersborg dyrehave.
4. Langt de fleste (>95%) sika-dyr i Danmark har to kopier af en eller to Robertsonske translokationer som ikke ses hos kronhjørt. Generelt kan Robertsonske translokationer medføre nedsat fertilitet ved tilbagekrydsning. Det kunne være én mulig forklaring på, at der ikke er observeret hybrider mellem sika og kronhjørt i Danmark.
5. Undersøgelsen etablerer den danske sika-bestand som en unik model til belysning af genetiske mekanismer der påvirker/forhindrer hybridisering mellem beslægtede arter.

Kort forklaring

Tilstedeværelsen og fordelingen af to sika-specifikke Robertsonske translokationer (ROB1 og ROB2) og manglen på disse i kronvildt betyder, at kromosomanalyse med stor sandsynlighed kan identificere F1-hybrider blandt kronvildt i Øst/Midtjylland og i Jægersborg Dyrehave (JD). Antallet af undersøgte sika/kronhjørt fra Vest-og Sydsjælland er for få og spredte til at drage sikre konklusioner, men forenelige med fundene i Jylland.

Da HW-ligevægt indebærer en konstant fordeling af genotyperne fra generation til generation, vil en kontinuerlig kromosomal monitorering over kommende jagtsæsoner være en valid metode til monitorering af sika-populationen i Jylland, på både individ- og populations-niveau. I Jægersborg Dyrehave giver de ensartede varianter i sika-populationen ikke mulighed for at teste for HW-ligevægt, men en stor, måske 100% sikkerhed for at kunne påvise/udelukke F1-hybridisering i kronvildt på individ niveau.

Undersøgelsen etablerer de danske bestande af sika- og kronvildt som en model for screening for F1-hybridisering mellem de to arter. Det kromosomundersøgte materiale kan i fremtiden genomsekvenseres for påvisning af evt. tidligere hybridiseringer (introgression), for analyse af hvordan Robertsonske translokationer opstår (med relevans for artsdannelse og visse kromosomsygdomme hos mennesket), samt for påvisning af, om den danske eller dele af den danske sika-bestand er blandt underarter, der er udrydningstruede i hjemlandene.

MS ID#: BIORXIV/2026/743091

MS TITLE: Robertsonian translocations in Danish sika deer (*Cervus nippon*). Markers for absent F1-hybridization with red deer (*C. elaphus*) and potential models for selection, speciation and infertility.

Robertsonian translocations in Danish sika deer (*Cervus nippon*).

Markers for absent F1-hybridization with red deer (*C. elaphus*) and implications for selection, speciation and infertility.

Niels Tommerup (1)*, Kasper Kristoffer Alsing (1), Esben Budtz-Jørgensen (2), Flemming Thune-Stephensen (3), Astrid Jorun Ingstrup (4).

(1) Department of Cellular and Molecular Medicine, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Copenhagen, Denmark.

(2) Department of Public Health, Section of Biostatistics, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Copenhagen, Denmark.

(3) Independent Researcher, DVM.

(4) Independent Researcher, DVM.

*Correspondence to Niels Tommerup (ntommerup@sund.ku.dk)

Keywords: sika deer; red deer; absent F1-hybridisation; Robertsonian translocations; Hardy-Weinberg; selection; speciation, infertility.

Abstract

EU has reclassified the sika deer (*Cervus nippon*) as an undesirable invasive species based on reports that hybridization with the indigenous red deer (*C. elaphus*) may produce fertile offspring. Since sika-derived DNA previously introduced into the red deer population (introgression) cannot be removed, the crucial question is whether new (F1) hybridisation occur. To address this, we analysed the chromosomes in 56 sika and 22 red deer. All red deer had a chromosome number $2n=68$. In contrast, the chromosome number in sika ranged from 64 to 67, due to the variable presence of two sika-specific Robertsonian translocations (ROB1, ROB2). In the free-ranging sika population in Jutland, >90% of the sika deer were homozygote for at least one of these ROB, excluding that they could be F1-hybrids. Moreover, ROB2 was in Hardy-Weinberg equilibrium, further supporting the absence of gene flow between the two species. In contrast, ROB1 was in Hardy-Weinberg disequilibrium, suggesting negative fitness of heterozygotes, including potential F1-hybrids. In Jægersborg Deer Park, the eight examined sika deer had the same genotype (absence of ROB1, homozygosity of ROB2), supporting that it is a founder population which may have been isolated for ~100 years. Again, none of these can be F1-hybrids due to the homozygosity of ROB2. We conclude that F1-hybridisation between sika and red deer either does not occur or occur very rarely in Denmark. The study establishes the Danish sika-populations as unique models for addressing important biological questions: What underlies the absence of hybridisation? Why are ROB frequent in sika deer but not in the closely related red deer? How fast do new species/subspecies develop in isolated founder populations? Which factors determine that some ROB have little heterozygous effects, whereas others are selected against, with implications for the role of ROB as genetic barriers promoting speciation, and for fertility problems in some human ROB carriers.

Introduction

The present study was initiated following the EU reclassification of the sika deer (*Cervus nippon*) as an undesirable invasive species, primarily based on reports from the UK and Ireland but also continental Europe showing hybridisation with native red deer (Goodman et al., 1999; Herzog & Harrington, 1991; Senn & Pemberton, 2009; Biedrzycka et al., 2012; Putnová et al., 2021). In areas where hybridization has been documented, it occurs in both directions, and in both cases may result in fertile offspring. During the approximately 125 years that sika deer have been present in Denmark (Bennetsen, 1976), no Danish reports of hybrids have occurred.

Any sika-derived DNA introduced into the red deer population through historical hybridization and subsequent backcrossing (introgression) is effectively irreversible and cannot be removed from the population (e.g. Goodman et al, 1999), even if all sika deer would be eradicated. Hence, the crucial question is whether new hybridization (F1-hybridization) regularly occur in Denmark? To assess this, we collected blood samples for chromosome analysis, testes for analysis of chromosome behaviour during meiosis, and tissue samples for future DNA analyses. As a first tier, we choose chromosome analysis since it would allow the detection of Robertsonian translocations (ROB), and secondly, it is a relatively fast and cost-efficient approach.

Genetic studies based on microsatellite and mitochondrial geotyping as well as whole genome sequencing have shown, that sika deer can be divided into two major lineages: the continental Asian and Japanese lineages. The latter can further be divided into Northern and Southern Japanese groups. Both continental and Japanese groups are further divided into several subspecies (Ba et al., 2015; Dong et al., 2022; Liu et al., 2025; Wang et al., 2025).

The chromosome number of Japanese sika deer varies from 64 to 67 (Gustavsson & Sundt, 1968; Omura et al., 1983), whereas the chromosome number in continental Asian sika deer range from 62 to 68 chromosomes (Gustavsson & Sundt, 1969; Mayr & Kalat, 1989). These variations in chromosome number are due to the presence of one or more Robertsonian translocations (ROBs), which are the most common chromosomal rearrangements found in nature. In contrast, red deer have a stable chromosome number of 68 without ROBs, apart from an ancient metacentric chromosome which is shared with both sika and fallow (*Cervus dama*) deer (Goldoni et al., 1984; Gustavsson & Sundt, 1968; Herzog, 1987b; Proskuryakova et al., 2022).

A ROB is formed when two acrocentric chromosomes fuse into a single meta- or submetacentric chromosome. Variation in chromosome number within a population arises because some

individuals carry two copies of a given ROB (= two chromosomes), others carry one ROB together with the two unfused chromosomes involved in the fusion (= three chromosomes), while still others lack the ROB entirely but possess two copies of each unfused acrocentric chromosome (= four chromosomes). Although the total chromosome number differs, all of these combinations result in the same number of chromosome arms ($NF = 70$) with the same content of unique genetic material.

When individuals with and without a ROB interbreed, some offspring will carry a single ROB copy (i.e., be heterozygous). This may reduce fertility or even cause infertility, thereby creating a genetic barrier which have been proposed to contribute to the formation of new species or subspecies (Faria & Navarro, 2010; Galindo et al., 2021; Searle & Hughes, 2025). However, although a ROB is theoretically expected to have a negative fitness effect (i.e., to be underdominant), studies of other wild populations, e.g. mice, have shown that some ROB is not strongly underdominant but can be in Hardy-Weinberg (HW) equilibrium (Nachman & Myers, 1989). Hardy-Weinberg equilibrium for a sika-specific ROB would indicate that hybridization between sika and red deer cannot be widespread, since one assumption of HW equilibrium is that alleles are neither introduced into nor removed from the population, in this case ROB is from sika entering the red deer population and the corresponding free acrocentric chromosomes from red deer entering the sika population. Moreover, approximately one in ~1,000 humans carry a ROB (Nielsen & Wohler, 1991; Therman et al., 1989), most often without any clinical problems. However, for unknown reasons a subset of ROB carriers has fertility issues and/or increased risk of spontaneous miscarriage and liveborn offspring with unbalanced chromosome disorders, e.g. Down and Patau syndrome (trisomy 21 and 13) (or a review, see Jia et al., 2023).

Since the Danish sika population is estimated to be ~2,100 individuals, approximately 20-25 times smaller than the red deer population (~50,000 individuals), and because of the reported chromosomal variation in sika (Miyake et al, 1982; Omura et al, 1983; Herzog, 1987a; Mayr & Kalat, 1989), we focused primarily on sika deer. Nevertheless, the study also includes the first cytogenetic study of Danish red deer.

Results

Samples

Blood samples were obtained from 80 sika deer and 29 red deer originating from 21 localities (Figure S1; see Materials and Methods). Successful chromosome analyses were obtained from 56 sika deer (70%) and 22 red deer (75.8%). Unsuccessful analyses were primarily due to contamination with bacteria, yeast, fungi, and protists, either individually or as mixed infections. In addition, several blood samples were completely or partially coagulated, most likely because of the interval between culling in the field and blood collection. Overall, more metaphase chromosome spreads were obtained from four-day cultures, and fresh samples (0-1 days old) consistently yielded better results than older samples (up to six days old).

Chromosome analyses of red deer

All red deer examined, irrespective of locality, exhibited a karyotype consisting of 68 chromosomes, of which chromosome 1 (M1) and the Y chromosome are metacentric, while all remaining chromosomes are acrocentric (Figure 1).

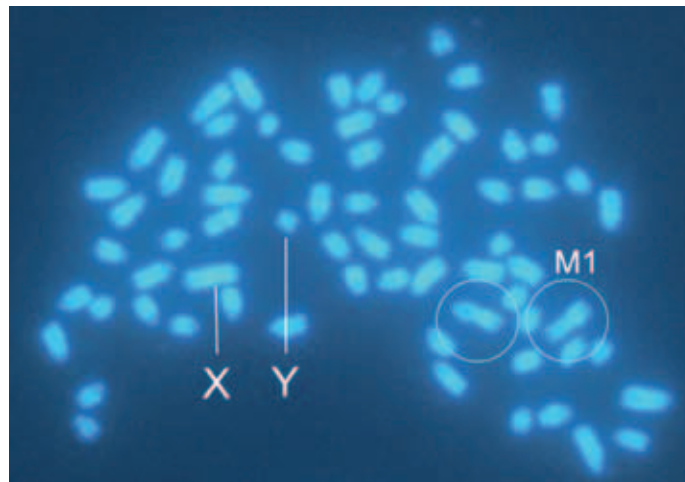


Figure 1. Red deer metaphase spread with 68 chromosomes. Yellow circles on the metacentric chromosome 1 (M1) shared with sika deer.

Table 1. Chromosome analyses of red deer. **ROB1/ROB2** = the sika-specific Robertsonian translocations, which were not detected in red deer (0). **2n** = diploid chromosome number (number of chromosomes in somatic cells).

ID*	ROB1 #copies	ROB2 #copies	M1 #copies	2n	#chromosome arms = M1+2n
RYE-15A	0	0	2	68	70

RYE-16A	0	0	2	68	70
MP-1	0	0	2	68	70
MP-2	0	0	2	68	70
MP-3	0	0	2	68	70
MP-4	0	0	2	68	70
MP-5	0	0	2	68	70
ORM-55	0	0	2	68	70
ORM-56	0	0	2	68	70
ORM-58	0	0	2	68	70
Orm-59	0	0	2	68	70
EMM-21	0	0	2	68	70
EMM-22	0	0	2	68	70
EMM-23	0	0	2	68	70
EMM-24	0	0	2	68	70
EMM-25	0	0	2	68	70
KON-1	0	0	2	68	70
DØN-2	0	0	2	68	70
DØN-3	0	0	2	68	70
DØN-5	0	0	2	68	70
JD-4	0	0	2	68	70
St.Hjølund 26	0	0	2	68	70

Chromosome analyses of sika deer

Three different metacentric autosomes (ROB1, ROB2, and M1) were identified in the sika populations (Figure 2). M1 which was present in two copies in all sika and red deer examined, corresponds to the medium-sized metacentric chromosome previously reported in all investigated sika and red deer, as well as in fallow deer (Mayr et al., 1987). M1 therefore originated before the divergence of *C. nippon* and *C. elaphus* ~2-3.6 million years ago (Gilbert et al., 2006; Hu et al., 2019). The roe deer (*Capreolus capreolus*) has 70 chromosomes (Rubini & Fontana, 1988) corresponding to the 70 chromosome arms found in red deer, fallow deer, and sika deer. The close evolutionary relationship among these deer species is further reflected by the identical banding patterns observed for the individual chromosomes (Mayr et al., 1987). In red deer, M1 is the largest chromosome and is therefore designated chromosome 1. Since M1 is not informative with respect to the objectives of the present study, it was not included in the subsequent analyses but served as an internal control.

Each copy of a Robertsonian translocation present in an individual reduces the diploid chromosome number ($2n$) by one. Consequently, sika deer lacking both ROB1 and ROB2 would have 68 chromosomes, the same diploid number as red deer. No such animal was identified in the Danish sika population.

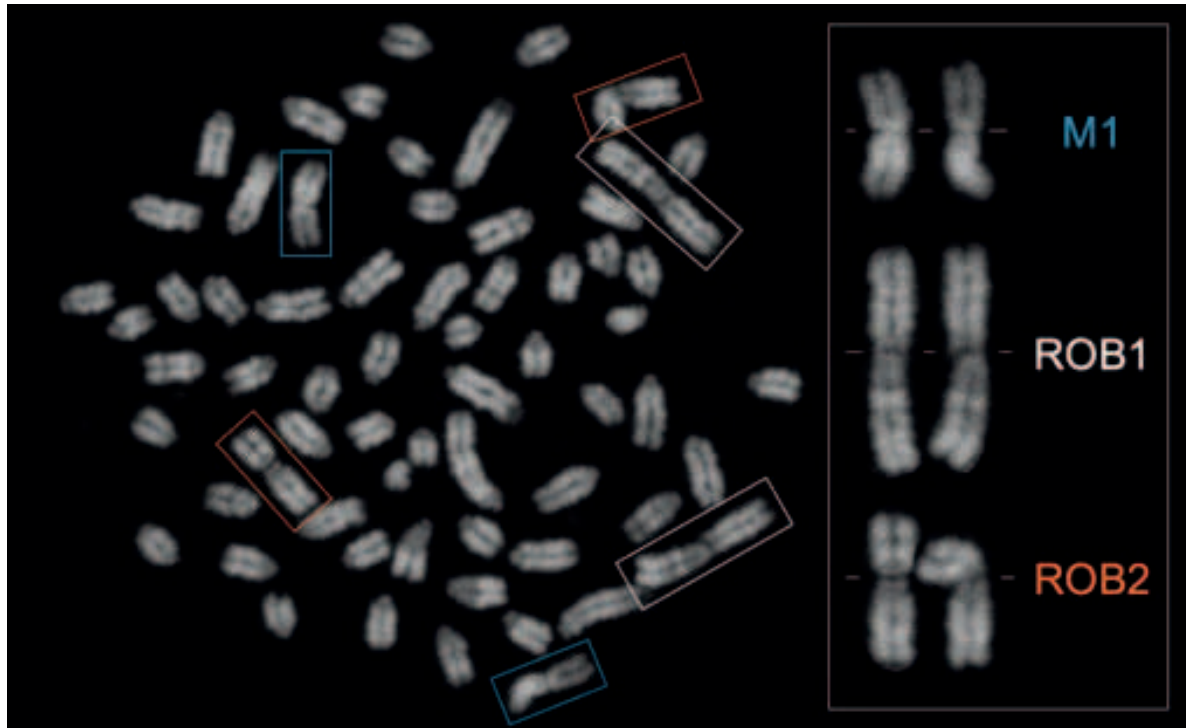


Figure 2. Metaphase spread from a Danish sika stag from Jutland with 64 chromosomes. Two copies of each of the three metacentric chromosomes (M1, ROB1, and ROB2) are present. These chromosomes have been enlarged and arranged on the right. The centromeres, corresponding to the primary constrictions, are indicated by white lines behind the enlarged chromosomes.

Sika deer with 67 chromosomes carry a single copy of either ROB1 or ROB2. Individuals with 66 chromosomes possess two ROB copies, which may consist of two copies of ROB1, two copies of ROB2, or one copy of each translocation (Figure 3, bottom row). Deer with 65 chromosomes carry three ROB copies, again in different combinations of ROB1 and ROB2. All individuals with 64 chromosomes possess two copies of both ROB1 and ROB2 (Figure 3)(Table S1).

Regardless of the distribution, there are always 70 chromosome arms in both sika deer and red deer (Tables 1 and 2), excluding the Y chromosome in males. The metacentric Y chromosome is the smallest chromosome in male sika deer. It cannot be reliably distinguished from the Y chromosome of red deer and is therefore not informative. Likewise, we disregard the very small

short arms of the remaining acrocentric chromosomes, which probably do not carry unique genetic information but consist of C-band positive repetitive DNA (Herzog, 1987b).

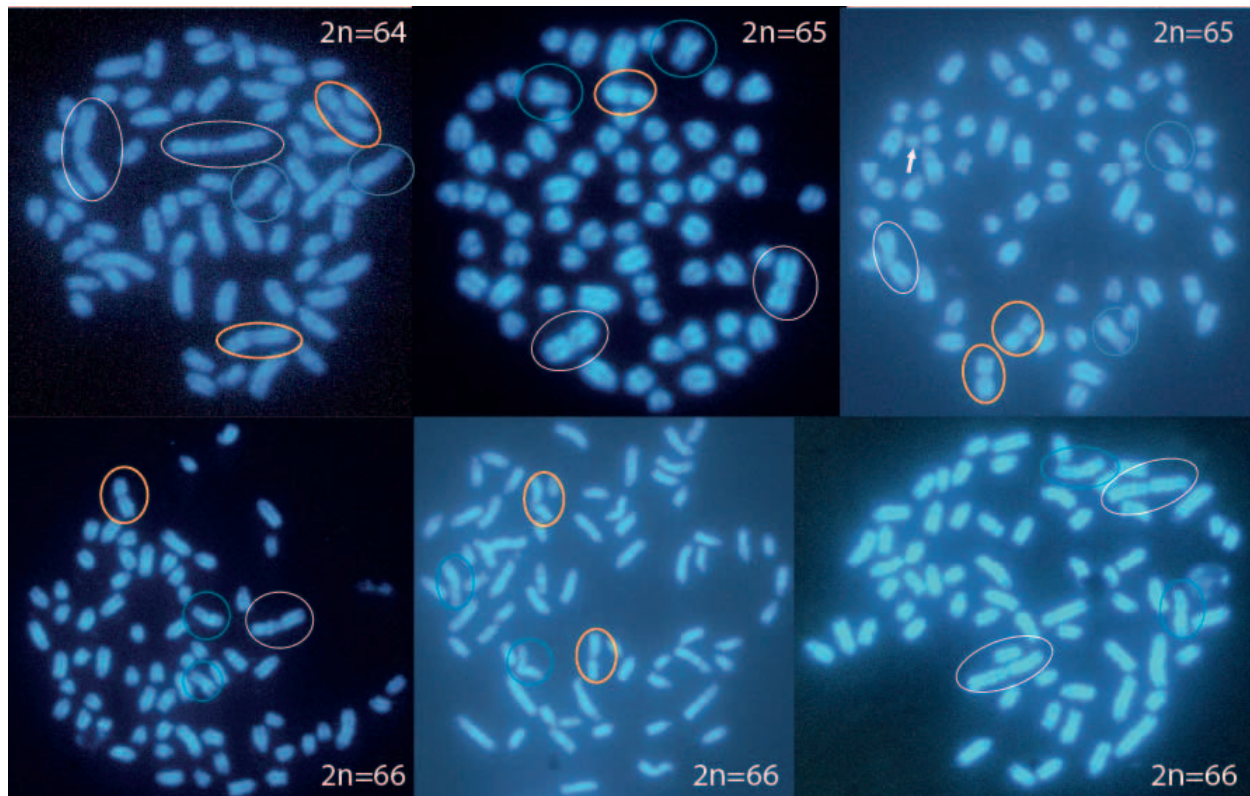


Figure 3. DAPI-stained metaphase spreads from sika deer showing different combinations of the variable Robertsonian translocations ROB1 (white circles) and ROB2 (orange circles). M1 is indicated by blue circles. $2n$ = diploid chromosome number. The same chromosome number may result from different combinations of ROB1 and ROB2. See also Table 2.

F1-hybridization?

In Jutland, more than 95% (41/43) of the examined sika deer have two copies of either ROB1 and/or ROB2 (i.e., they are homozygous) (highlighted with larger & bold font in Table 2). None of these can therefore be F1-hybrids with red deer, since red deer lacks these ROBs. At the same time, any potential red deer/sika F1-hybrid would have at least one of these two ROBs. The remaining 2 out of 43 (<5%) sika deer are heterozygous for ROB2; hence, half of their potential F1-hybrid offspring would also inherit one copy of ROB2. The absence of sika-specific ROBs among the examined red deer therefore makes it highly unlikely that any of the investigated red deer are F1-hybrids.

On Zealand, two sika genotypes were primarily identified. In Jægersborg Deer Park, all examined sika deer (8/8) share the same genotype for the two ROB1 and carrying two copies of ROB2). This genotype was found in only one of the 43 sika deer examined in Jutland. The difference is highly significant (100% vs 2,3%, $p < .001$, Fisher's exact test). The marked overrepresentation of this genotype in Jægersborg Deer Park compared with Jutland support that the Jægersborg population originated from a small, isolated founder population. Further support for this is, that the same genotype was found in the one examined sika from Holbæk Deer Park, which received its sika deer from Jægersborg Deer Park 40-50 years ago (Torben Christiansen, personal communication). Apart from excluding F1-hybrids in the examined sika deer in Jægersborg (and Holbæk) Deer Parks, any F1-hybrid among the red deer would carry one copy of ROB2.

The second Zealand genotype - with one copy of ROB1 and one copy of ROB2 (i.e. double heterozygotic) - was found in the three examined sika deer from southern Zealand: two from Gunderslevholm and one from nearby Nyrup Hegn. The latter animal most likely escaped from Gunderslevholm. In theory, the examined sika deer from Gunderslevholm could have been F1-hybrids with a red deer. However, the sampled animals were a calf and a young hind. Since the last red deer stag at Gunderslevholm was shot three years before the samples were collected, this excludes the possibility that they are F1-hybrids. Furthermore, the remaining red deer hinds at Gunderslevholm did not become pregnant by the remaining sika stags, even though hinds normally conceive every year.

Among the nine possible genotype combinations of ROB1 and ROB2, seven have been identified in Denmark (Table 2; Table S1).

Hardy-Weinberg analysis of the sika population in Jutland

The largest free-ranging population of sika deer is found in East/Central Jutland, which was also among the first regions where sika deer were introduced into Denmark around 1900. The animals originated from Hagenbeck in Hamburg, possibly via Sweden (Bennetsen, 1976). It is unclear whether they were pure *C. nippon nippon* or belonged to one or more other subspecies of *C. nippon*.

Table 2. *Chromosome analyses of sika deer. ROB1/ROB2 = the sika-specific Robertsonian translocations. p denotes the number of copies of a given ROB. q denotes the number of copies of the two free chromosome arms involved in the specific ROB. Larger font with bold type indicates*

homozygosity for a ROB. ID with **bold type** indicates animals that are not homozygous for at least one ROB.

Zealand								
ID*	#copies					2n	#chromosome arms = p1+p2+2n	2-loci genotype (A-I)(Table S1)
	ROB1		ROB2		M1			
	p1	q1	p2	q2				
JD-1	0	2	2	0	2	66	70	C
JD-2	0	2	2	0	2	66	70	C
JD-3	0	2	2	0	2	66	70	C
JD-10	0	2	2	0	2	66	70	C
JD-11	0	2	2	0	2	66	70	C
JD-9	0	2	2	0	2	66	70	C
JD-7	0	2	2	0	2	66	70	C
JD-5	0	2	2	0	2	66	70	C
HOL-1	0	2	2	0	2	66	70	C
GUN-1	1	1	1	1	2	66	70	E
GUN-2	1	1	1	1	2	66	70	E
NYR-1	1	1	1	1	2	66	70	E
VAL-1	1	1	2	0	2	65	70	F
Jutland								
BID-40	2	0	2	0	2	64	70	I
BID-42	2	0	2	0	2	64	70	I
EMM-20	1	1	2	0	2	65	70	F
FRI-38	2	0	2	0	2	64	70	I
FRI-28	2	0	1	1	2	65	70	H
FRI-29	2	0	2	0	2	64	70	I
FRI-30	2	0	2	0	2	64	70	I
FRI-39	2	0	2	0	2	64	70	I
FRI-51	2	0	2	0	2	64	70	I
HAG-3A	2	0	2	0	2	64	70	I
HAG-4A	2	0	1	1	2	65	70	H
HAG-6A	2	0	2	0	2	64	70	I
HAG9A	2	0	2	0	2	64	70	I
HAG-10A	2	0	1	1	2	65	70	H
HAG-17	2	0	1	1	2	65	70	H
HAM-11A	2	0	1	1	2	65	70	H
HAM-13A	2	0	2	0	2	64	70	I

HAM-27	2	0	2	0	2	64	70	I
HAM-70	2	0	2	0	2	64	70	I
HAM-71	2	0	2	0	2	64	70	I
HAM-72	2	0	0	2	2	66	70	G
HOU-35	2	0	2	0	2	64	70	I
ORM-54	2	0	2	0	2	64	70	I
ORM-60	2	0	2	0	2	64	70	I
ORM-61	2	0	2	0	2	64	70	I
ORM-62	2	0	1	1	2	65	70	H
ORM-63	2	0	1	1	2	65	70	H
ORM-64	2	0	2	0	2	64	70	I
ORM-65	2	0	2	0	2	64	70	I
PAL-66	0	2	2	0	2	66	70	C
PAL-68	1	1	2	0	2	65	70	F
RN-12	1	1	2	0	2	65	70	F
SK-1	1	1	2	0	2	65	70	F
SK-2	0	2	1	1	2	67	70	B
SK-3	0	2	1	1	2	67	70	B
SKO-31	2	0	1	1	2	65	70	H
SKO-32	2	0	1	1	2	65	70	H
SKO-33	2	0	2	0	2	64	70	I
SKO-34	2	0	2	0	2	64	70	I
SØBY-43	2	0	0	2	2	66	70	G
SØBY-44	2	0	0	2	2	66	70	G
SØBY-45	2	0	1	1	2	65	70	H
SØBY-46	2	0	2	0	2	64	70	I

Being free-ranging, the Jutland sika population has had the opportunity to disperse among nearby forests during the more than 100 years since its introduction. Consequently, the samples from Jutland can be treated as originating from a single population inhabiting one large, connected forest area with unrestricted movement and random mating - one of the prerequisites for Hardy-Weinberg equilibrium.

For ROB1, 36 individuals carried two copies, 4 individuals carried one copy, and 3 individuals lacked ROB1 entirely. This distribution shows a significant difference between the observed and expected genotype frequencies (p -value: 0.0003), indicating that **ROB1 is not** in

Hardy-Weinberg equilibrium within the population (Figure 4A,C). For ROB2, 28 individuals carried two copies, 12 individuals carried one copy, and 3 individuals lacked ROB2. This distribution yielded a p -value of 0.30, indicating no significant difference between the observed and expected genotype frequencies. ROB2 is therefore in Hardy-Weinberg equilibrium within the population (Figure 4B,C).

If we exclude the most geographically separated sample in Jutland (EMM-20), originating from the Djursland peninsula (Figure S1), having one copy of ROB1 and two copies of ROB2) (Table 2), this does not change the HW-conclusions for ROB1 (p -value: < 0.0001) and ROB2 (p -value: 0.3261).

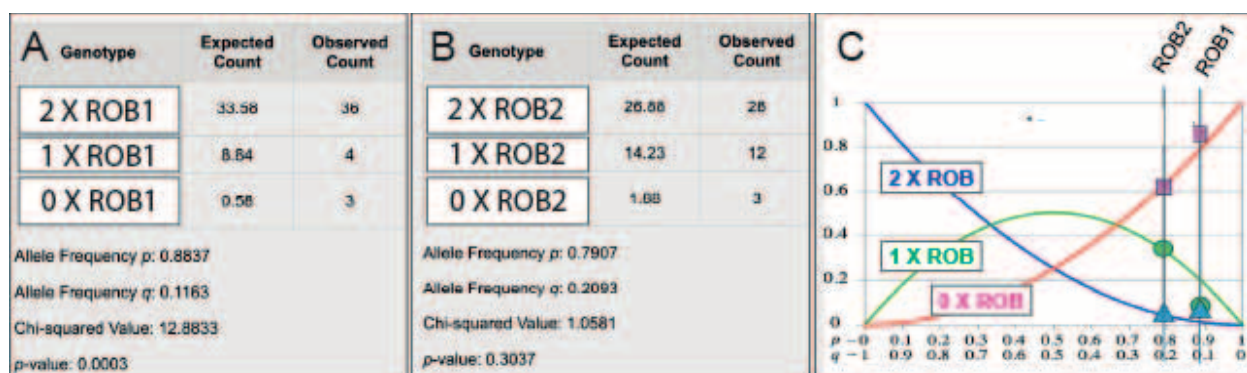


Figure 4. Hardy-Weinberg calculations and visualization of Hardy-Weinberg equilibrium for ROB2 and Hardy-Weinberg disequilibrium for ROB1, the latter showing an excess of homozygotes and a deficit of heterozygotes.

Images are modified from <https://ug.sebc.me/labs/hwe-calculator>.

Discussion

This first Danish chromosome analysis of sika deer and red deer is also one of the largest cytogenetic studies of its kind in the world. We show that F1-hybridization between sika and red deer either does not occur in Denmark, or if it does occur, it must be extremely rare. We confirm that Danish red deer possess 68 chromosomes, as reported in all previous studies. We identify two sika-specific Robertsonian translocations, ROB1 and ROB2, where more than 91% of Danish sika deer are homozygous for at least one of these translocations, excluding that they are F1-hybrids. Chromosome analysis is therefore a reasonably reliable and inexpensive method for screening for F1-hybridization in Denmark. It may also be a necessary method, since Robertsonian translocations cannot be detected by DNA sequencing nor by any other methods previously used for assessing hybridization (e.g. microsatellite analysis, mitochondrial genotyping). We show that ROB2 is in

Hardy-Weinberg equilibrium in the Jutland population, providing further evidence that there is no significant gene flow between sika deer and red deer. We also show that ROB1 is not in Hardy-Weinberg equilibrium, suggesting possible selection against heterozygous carriers, including potential F1-hybrids.

It is unknown which subspecies of sika deer have been introduced into Denmark, but they are reportedly descended from temple deer originating from the southern Japanese islands where they are considered sacred animals. Whether ROB1 and ROB2 are identical to previously reported Robertsonian translocations in sika deer is uncertain, due to the different staining/banding techniques employed, from conventionally stained, R-banded, C-banded, and G-banded chromosomes (Fontana & Rubini, 1990; Gustavsson & Sundt, 1969; Herzog, 1987a, 1987c; Miyake et al., 1982; Proskuryakova et al., 2022; Herzog & Harrington, 1991a) to our use of DAPI-banding. However, ROB1 and ROB2 resembles those reported in sika deer morphologically classified as *C. nippon nippon* (Herzog, 1987a), which would be in line with a southern Japanese origin.

So far, there does not appear to be a straightforward relationship between karyotype and individual subspecies. However, only a few of the many recognized sika subspecies (Ba et al., 2015; Møller-Nielsen, 2026) have been cytogenetically investigated. Based on size and centromere index other Robertsonian translocations occur in sika deer in addition to those identified in the present study. This includes an early study of Japanese sika deer, where the chromosome numbers ranged from 64 to 67 chromosomes (Omura et al., 1983).

Robertsonian translocations are the most common chromosomal rearrangement in nature, and most newly arising translocations are likely eliminated rapidly through selection. A general assumption is that once homozygosity (fixation) has been established, a Robertsonian translocation may function as a species-specific reproductive barrier because backcrossing results in reduced fertility, e.g. due to frequent unbalanced chromosome segregation during gametogenesis (Galindo et al., 2021; Gerton, 2024; Schubert, 2024). In this context, it is noteworthy that homozygosity for ROB1 predominates in the Jutland sika population, while homozygosity for ROB2 is likely present in the entire sika population in Jægersborg Deer Park. In theory, this high degree of homozygosity could represent relative barriers against hybridization with red deer and thus provide a possible genetic explanation for the apparent absence of hybridization in Denmark. Another fascinating possibility is that the apparent fixation of ROB2 observed in Jægersborg Deer Park may facilitate the emergence of a new sika subspecies. We do not know how quickly species or subspecies arise,

but the approximately 100-year history of a likely founder lineage in Jægersborg Deer Park offers a unique opportunity to investigate this.

Although Robertsonian translocations are proposed to be primary drivers of chromosomal evolution (and thus speciation), and although they may be associated with infertility, subfertility, chromosomal imbalance, and disease (for example, in humans and cattle), there are many examples in nature where Robertsonian translocations are in Hardy-Weinberg equilibrium (e.g., in mice), while others are not (Searle & Hughes, 2025). The observed Hardy-Weinberg disequilibrium of ROB1 in the Jutland sika population may represent a Robertsonian translocation in the process of becoming fixed, whereas ROB2 appears to have a minor negative effect enabling it to persist as a polymorphism in Hardy-Weinberg equilibrium.

Two hypotheses have been proposed to explain the origin of Robertsonian translocations in deer. The first suggests that hybridization itself initiates Robertsonian translocations (Herzog & Harrington, 1991a). One of their arguments was, that all continental sika deer were hybrids between red deer and sika deer. This hypothesis is not supported by recent DNA data, which clearly distinguish Japanese sika from continental forms. Also, the finding of chromosome number variation ($2n = 64-68$) due to Robertsonian translocations in wild sika populations from different regions of Japan (Omura et al., 1983) contradicts this conclusion. An alternative explanation is that different sika subspecies in geographically isolated regions of Japan possessed distinct Robertsonian translocations, which subsequently became mixed through inter-subspecific hybridization within hybrid zones. The second hypothesis proposes that Robertsonian translocations arise spontaneously and may then spread rapidly - or even become fixed - in small populations with high levels of inbreeding, depending on selection and random genetic drift (Neitzel, 1982). Our study support this hypothesis.

One intriguing question is why sika deer exhibit a diversity of Robertsonian translocations, whereas red deer apparently never do. The first detailed characterization of human Robertsonian translocations using long-read sequencing technologies and telomere-to-telomere annotated assemblies may help answer this question in the future (de Lima et al., 2025; Mostovoy et al., 2024). Perhaps, like humans, sika deer possess inverted repetitive sequences around the centromeres that facilitate recombination and the formation of Robertsonian translocations (de Lima et al., 2025).

The absence of F1-hybridization in Denmark is consistent with other evidence. During the approximately 125 years that sika deer have been present in Denmark, hunters and wildlife

managers have not reported hybrid animals, even though hybrids elsewhere frequently exhibit altered body size, skull morphology, and antler characteristics (Groves, 2006; Senn et al., 2010). Moreover, DNA analyses of two sika deer and one red deer from Jægersborg Deer Park, examined in Poland as part of a European hybridization study (Biedrzycka et al., 2012), were ultimately excluded from publication because they proved to be pure representatives of their respective species (Aleksandra Biedrzycka, personal communication). Moreover, even in regions where hybridization has been most extensively documented (i.e. Scotland), it is a rare event and extreme hybridization is confined to small geographical areas (Senn & Pemberton, 2009).

One of the important questions in evolutionary biology is, to what extent and how chromosomal rearrangements including ROBs may act as reproductive barriers contributing to speciation. On the one hand, ROBs in Hardy-Weinberg equilibrium in wild populations show that not all ROBs are strong reproductive barrier candidates, e.g. Nachman & Myers, 1989; Faria & Navarro, 2010; Galindo et al, 2021; Searle & Hughes, 2025. In this context the lack of ROB1 heterozygotes establishes the sika population in Jutland as a genotyped, large mammalian and naturally occurring model, where the sampled testes can be used to study the meiotic disturbances proposed to underlie ROB-associated negative fitness. These mechanisms include abnormal chromosome pairing (delayed synapsis/asynapsis), abnormal chromosomal segregation leading to increased rates of aneuploidy (Bonnet-Garnier et al., 2006, 2008), abnormal meiotic recombination, and silencing due to association with the XY-body. For reviews of proposed models and mechanism underlying the chromosomal theory of speciation, see Faria & Navarro, 2010 and Garagna et al, 2014.

Furthermore, the karyotyped cohort can be used for future whole genome sequencing to illuminate the unique 125-year history of the Danish sika population and enable a comprehensive genetic analysis of populations and individuals with known Robertsonian translocations. The elegance of this lies in the possibility of monitoring these processes over generations, incorporating state-of-the-art molecular analyses of both individual animals and entire populations, including studies of gametogenesis in carriers with the different combinations of Robertsonian translocations. Whereas hybridization between Scottish red deer and sika deer has become a model system for studying hybridization, Danish sika populations may become models for investigating why hybridization does not occur and why different Robertsonian translocations are or are not selected against. The implications for our understanding of the role of ROBs in speciation, and for infertility, subfertility and chromosomal disorders in humans are obvious.

Materials and Methods

Before the 2025 winter culling, sample kits containing tubes for blood sampling (4.5 ml Venoject tubes), muscle tissue (10 ml tubes prefilled with 70% ethanol) and testes (50 ml Falcon tube prefilled with 30 ml methanol:glacial acetic acid (3:1)) and a sterile Petri dish were sent to Flemming Thune-Stephensen and Astrid Jorun Ingstrup, who took most of the samples. The blood samples were collected in the field under as sterile conditions as possible and as quickly as possible after shooting (ranging from minutes to ~2 hours), by exposing and sampling from the jugular veins. A muscle biopsy from the same region was placed in the tube containing alcohol. Testes were cleaned of hair and membranes and cut into approximately 0.5-1 cm transverse slices in a Petri dish. The slices were transferred to the 50 ml Falcon centrifuge tube containing 3:1-fixative. Samples were kept refrigerated and transferred to the laboratory within a few days. Muscle samples were drained of alcohol, divided into two portions, and stored at -20°C for future DNA analyses. Likewise, testes preserved in 3:1-fixative are stored in a refrigerator for future analyses.

All blood samples ($n = 109$) were cultured under sterile conditions using short-term culture methods. Approximately 0.5-0.6 ml whole blood was added to 7.5 ml PB-MAX Karyotype Medium (Gibco) containing antibiotics in upright T25 tissue culture flasks with filter caps (Nunc EasYFlask 25 cm², Nunclon Delta Surface, vented cap, Thermo Scientific). After 3-4 days of incubation at 37°C in a 5% CO₂ atmosphere, KaryoMAX Colcemid (Gibco) (0.5 $\mu\text{g}/\text{ml}$) was added for 1 hour. Following centrifugation, the cell pellet was treated with 8 ml of 0.075 M hypotonic KCl solution for 30 minutes, centrifuged again, and fixed under agitation with freshly prepared 3:1 methanol:glacial acetic acid. The fixation procedure was repeated three times. Microscope slides were cleaned overnight in 99% ethanol, rinsed seven times in Milli-Q water, and stored refrigerated in Milli-Q water. Ten microliters of fixed cell suspension were dropped onto a cold, wet microscope slide and air dried. Three drops of VECTASHIELD Antifade Mounting Medium with DAPI (Vector Laboratories) were applied and covered with a 24×60 mm coverslip. After sealing with nail polish and drying, preparations were scanned with a fluorescence microscope (Leica DMR). Suitable metaphases were photographed with a $63\times$ oil-immersion objective and a DeltaPix camera. Between three and ten informative metaphase spreads from each animal were analyzed for chromosome number and for the presence or absence of metacentric chromosomes/Robertsonian translocations.

Ethics and Legislation

All samples were taken on dead animals after the regular winter culling, in compliance with applicable Danish hunting legislation, specifically the *Danish Hunting and Wildlife Management Act* (<https://www.retsinformation.dk/eli/lta/2023/639>), the *Statutory Order on Open Seasons for Certain Mammals and Birds* (<https://www.retsinformation.dk/eli/lta/2024/470>), and the *Statutory Order on the Release of Game, Hunting Methods, and Hunting Equipment* (<https://www.retsinformation.dk/eli/lta/2017/1652>).

Statistics

For Hardy-Weiberg calculations and graphs we used the Seb Carvallo Hardy-Weinberg Equilibrium Calculator (<https://ug.sebc.me/labs/hwe-calculator>). Fisher Exact test was conducted in R 4.4.3 to compare genotype frequencies in Jægersborg Deer Park vs. Jutland.

Contributions

AJS, NT and FT-S designed the study. AJS and FT-S collected and shipped the samples to NT. NT, and KKA cultured, harvested and fixed the blood samples, and analysed the metaphases. EBJ did statistical analyses. NT interpreted the results and wrote the first draft manuscript. Everybody read and commented on the first draft and on the final manuscript.

Acknowledgements

This study was supported by the Danish Forest Association (DFA) who had no influence on the results nor the interpretation of the results. Annemette Friis Mikkelsen and Rabab Rima are thanked for their expert technical help. Merete Fredholm is thanked for reading and commenting on the final manuscript.

References

- Ba, H., Yang, F., Xing, X., & Li, C. (2015). Classification and phylogeny of sika deer (*Cervus nippon*) subspecies based on the mitochondrial control region DNA sequence using an extended sample set. *Mitochondrial DNA*, 26, 373-379. <https://doi.org/10.3109/19401736.2013.836509>

- Bennetsen, E. (1976). *Sikavildtet (cervis nippon) i Danmark* [Meddelese nr. 130]. Vildtbiologisk Station, Kalø.
- Biedrzycka, A., Solarz, W., & Okarma, H. (2012). Hybridization between native and introduced species of deer in Eastern Europe. *Journal of Mammalogy*, 93, 1331-1341. <https://doi.org/10.1644/11-MAMM-A-022.1>
- Bonnet-Garnier, A., Lacaze, S., Beckers, J. F., Berland, H. M., Pinton, A., Yerle, M., & Ducos, A. (2008). Meiotic segregation analysis in cows carrying the t(1;29) Robertsonian translocation. *Cytogenetic and Genome Research*, 120, 91-96. <https://doi.org/10.1159/000118744>
- Bonnet-Garnier, A., Pinton, A., Berland, H. M., Khireddine, B., Eggen, A., Yerle, M., Darré, R., & Ducos, A. (2006). Sperm nuclei analysis of 1/29 Robertsonian translocation carrier bulls using fluorescence in situ hybridization. *Cytogenetic and Genome Research*, 112, 241-247. <https://doi.org/10.1159/000089877>
- de Lima, L. G., Guarracino, A., Koren, S., Potapova, T., McKinney, S., Rhie, A., Solar, S. J., Seidel, C., Fagen, B. L., Walenz, B. P., Bouffard, G. G., Brooks, S. Y., Peterson, M., Hall, K., Crawford, J., Young, A. C., Pickett, B. D., Garrison, E., Phillippy, A. M., & Gerton, J. L. (2025). The formation and propagation of human Robertsonian chromosomes. *Nature*, 647, 952-961. <https://doi.org/10.1038/s41586-025-09540-8>
- Dong, Y., Li, Y., Wang, T., Liu, H., Zhang, R., Ju, Y., Su, W., Tamate, H., & Xing, X. (2022). Complete mitochondrial genome and phylogenetic analysis of eight sika deer subspecies in northeast Asia. *Journal of Genetics*, 101, 35. <https://doi.org/10.1007/s12041-022-01377-8>
- Faria, R., Navarro, A. (2010). Chromosomal speciation revisited: rearranging theory with pieces of evidence. *Trends in Ecology & Evolution*, 25, 660-669. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2010.07.008>
- Fontana, F., & Rubini, M. (1990). Chromosomal evolution in cervidae. *Biosystems*, 24, 157-174. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0303-2647\(90\)90008-O](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0303-2647(90)90008-O)
- Garagna, S., Page, J., Fernandez-Donoso, R., Zuccotti, M., & Searle, J.B. (2014). The Robertsonian phenomenon in the house mouse: mutation, meiosis and speciation. *Chromosoma*, 123, 529-544. <https://doi.org/10.1007/s00412-014-0477-6>

- Galindo, D. J., Martins, G. S., Vozdova, M., Cernohorska, H., Kubíková, S., Bernegossi, A. M., Kadlcikova, D., Rubes, J., & Duarte, J. M. B. (2021). Chromosomal Polymorphism and Speciation: The Case of the Genus *Mazama* (Cetartiodactyla; Cervidae). *Genes*, 12.
<https://api.semanticscholar.org/CorpusID:231789991>
- Gerton, J. L. (2024). A working model for the formation of Robertsonian chromosomes. *Journal of Cell Science*, 137, jcs261912. <https://doi.org/10.1242/jcs.261912>
- Gilbert, C., Ropiquet, A., & Hassanin, A. (2006). Mitochondrial and nuclear phylogenies of Cervidae (Mammalia, Ruminantia): Systematics, morphology, and biogeography. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40, 101-117. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.02.017>
- Goldoni, D., Rubini, M., Fontana, F., & Rubin, M. (1984). Cytogenetic Studies on *Cervus Elaphus* L. Constitutive Heterochromatin and Nucleolus Organizer Regions. *Caryologia International Journal of Cytology, Cytosystematics and Cytogenetics*, 37, 439-443.
<https://doi.org/10.1080/00087114.1984.10797723>
- Goodman, S. J., Barton, N. H., Swanson, G., Abernethy, K., & Pemberton, J. M. (1999). Introgression Through Rare Hybridization: A Genetic Study of a Hybrid Zone Between Red and Sika Deer (Genus *Cervus*) in Argyll, Scotland. *Genetics*, 152, 355-71.
doi: 10.1093/genetics/152.1.355.
- Groves, C. The genus *Cervus* in eastern Eurasia. (2006). *Eur J Wildl Res* 52, 14-22.
<https://doi.org/10.1007/s10344-005-0011-5>
- Gustavsson, I., & Sundt, C. O. (1968). Karyotypes In Five Species Of Deer (*Alces Alces* L., *Capreolus Capreolus* L., *Cervus Elaphus* L., *Cervus Nippon Nippon* Temm. and *Dama Dama* L.). *Hereditas*, 60, 233-248. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1968.tb02204.x>
- Gustavsson, I., & Sundt, C. O. (1969). Three polymorphic chromosome systems of centric fusion type in a population of Manchurian sika deer (*Cervus nippon hortulorum* Swinhoe). *Chromosoma*, 28, 245-254. <https://doi.org/10.1007/BF00331532>

- Herzog, S. (1987a). Mechanisms of Karyotype Evolution in *Cervus Nippon Temminck*, *Caryologia*, 40, 347-353. <https://doi.org/10.1080/00087114.1987.10797837>
- Herzog, S. (1987b). The Karyotype of the Red Deer (*Cervus Elaphus* L.). *Caryologia*, 40, 299-305. <https://doi.org/10.1080/00087114.1987.10797832>
- Herzog, S., & Harrington, R. (1991a). The role of hybridization in the karyotype evolution of deer (Cervidae; Artiodactyla; Mammalia). *Theoretical and Applied Genetics*, 82, 425-429. <https://doi.org/10.1007/BF00588595>
- Hu, P., Shao, Y., Xu, J., Wang, T., Li, Y., Liu, H., Rong, M., Su, W., Chen, B., Cui, S., Cui, X., Yang, F., Tamate, H., & Xing, X. (2019). Genome-wide study on genetic diversity and phylogeny of five species in the genus *Cervus*. *BMC Genomics*, 20, 384. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5785-z>
- Jia, M., Shi, J. & Xue, X. (2023). Retrospective Analysis of Meiotic Segregation Pattern and Reproductive Outcomes in Blastocysts from Robertsonian Preimplantation Genetic Testing Cycles. *Reprod. Sci.*, 30, 2983–2989. <https://doi.org/10.1007/s43032-023-01244-6>
- Liu, H., Zhu, B., Wang, T., Dong, Y., Ju, Y., Li, Y., Su, W., Zhang, R., Dong, S., Wang, H., Zhou, Y., Zhu, Y., Wang, L., Zhang, Z., Zhao, P., Zhang, S., Guo, R., A, E., Zhang, Y., Liu, X., Tamate, H.B., Liang, Q., Ma, D., Xing, X. (2025). Population genomics of sika deer reveals recent speciation and genetic selective signatures during evolution and domestication. *BMC Genomics*, 26, 364. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11541-w>
- Mayr, B., & Kalat, M. (1989). Chromosome Banding and NORs in *Cervus Nippon Hortulorum Swinhoe*. *Caryologia*, 42(3-4), 243-248. <https://doi.org/10.1080/00087114.1989.10796971>
- Mayr, B., Tesarik, E., & Auer, H. (1987). G-Banding in three Species of Cervidae. *Caryologia*, 40, 1-5. <https://doi.org/10.1080/00087114.1987.10797805>
- Miyake, Y., Kanagawa, H., & Kosuge, M. (1982). Chromosomal polymorphisms in interspecific hybrids of deer between *Cervus nippon nippon* and *C. yesoensis* Hende. *Proc. Japan Acad., Ser. B*, 58, 93-96.
- Møller-Nielsen, T. (2026). Sika Danmarks Forbudte Hjort. *SIKA Danmarks Forbudte Hjort*, 10-13.
- Mostovoy, Y., Boone, P. M., Huang, Y., Garimella, K. V, Tan, K.-T., Russell, B. E., Salani, M., de Esch, C. E. F., Lemanski, J., Curall, B., Hauenstein, J., Lucente, D., Bowers, T., DeSmet, T., Gabriel, S., Morton, C. C.,

- Meyerson, M., Hastie, A. R., Gusella, J., Quintero-Rivera, F., Talkowski, M. E. (2024). Resolution of ring chromosomes, Robertsonian translocations, and complex structural variants from long-read sequencing and telomere-to-telomere assembly. *The American Journal of Human Genetics*, 111, 2693-2706. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2024.10.006>
- Nachman, M. W., & Myers, P. (1989). Exceptional chromosomal mutations in a rodent population are not strongly underdominant (cytogenetics/karyotype/speciation). *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 86, 6666-70. doi: 10.1073/pnas.86.17.6666.
- Nielsen, J., & Wohrlert, M. (1991). Chromosome abnormalities found among 34,910 newborn children: results from a 13-year incidence study in Aarhus, Denmark. *Human Genetics*. 87, 81-83.
DOI: 10.1007/bf01213097..
- Omura, Y., Fukumoto, Y., & Ohtaki, K. (1983). Chromosome Polymorphism in Japanese Sika, *Cervus* (Sika) nippon. *The Japanese Journal of Veterinary Science*, 45, 23-30.
<https://doi.org/10.1292/jvms1939.45.23>
- Proskuryakova, A. A., Ivanova, E. S., Perelman, P. L., Ferguson-Smith, M. A., Yang, F., Okhlopkov, I. M., & Graphodatsky, A. S. (2022). Comparative Studies of Karyotypes in the Cervidae Family. *Cytogenet Genome Res*, 162, 312-322. <https://doi.org/10.1159/000527349>
- Putnová, L. Š., Štohl, R., Ernst, M., & Svobodová, K. (2021). A microsatellite genotyping-based genetic study of interspecific hybridization between the red and sika deer in the western czech republic. *Animals*, 11. <https://doi.org/10.3390/ani11061701>
- Rubini, M., & Fontana, E. (1988). Standard G-banded karyotype, constitutive heterochromatin and nucleolus organizer regions in the roe deer (*Capreolus capreolus* L.). *Genetica*, 77, 143-148.
- Schubert, I. (2024). Robertsonian translocations made easier. *Journal of Experimental Botany*, 75, 6203-6205. <https://doi.org/10.1093/jxb/erae349>
- Searle, J. B., & Hughes, J. J. (2025). Fertility Cost (or Sometimes a Lack of It) in Relation to Heterozygosity for Robertsonian Rearrangements in Mammals: A Review. *Cytogenetic and Genome Research*, 165, 272-306. <https://doi.org/10.1159/000546385>

- Senn, H. V. & Pemberton, J. M. (2009). Variable extent of hybridization between invasive sika (*Cervus nippon*) and native red deer (*C. elaphus*) in a small geographical area. *Molecular Ecology*, 18, 862-876. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.04051.x>
- Senn, H. V, Swanson, G. M., Goodman, S. J., Barton, N. H., & Pemberton, J. M. (2010). Phenotypic correlates of hybridisation between red and sika deer (genus *Cervus*). *Journal of Animal Ecology*, 79, 414-425. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2009.01633.x>
- Therman, E., Susman, B., & Denniston, C. (1989). The nonrandom participation of human acrocentric chromosomes in Robertsonian translocations. *Annals of Human Genetics* 53, 49-65.
- Wang, T., Dong, Y., Wang, L., Liu, H., Su, W., & Xing, X. (2025). Genetic Diversity and Population Structure of Sika Deer (*Cervus nippon*) Inferred by mtDNA and Y-Chromosomal Genes. *Animals* 15, 3022. <https://doi.org/10.3390/ani15203022>

Supplementary Material

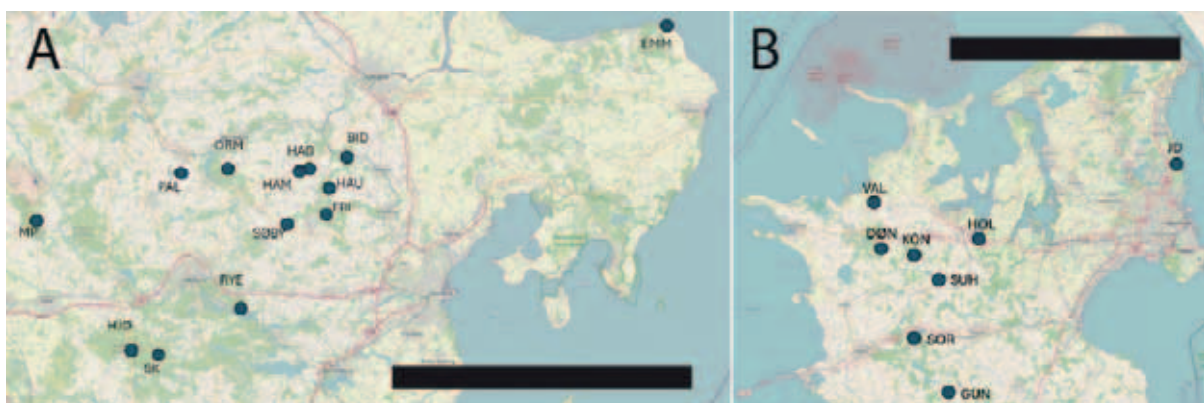


Figure S1. Geographical origin of the samples with associated forest areas: **A) Jutland:** SK:Skærbæk Plantation. FRI:Frijsenborg Estate. ORM:Ormstrup Estate. SKO:Skovfryd. SØBY:Søbygård. RYE:Rye Nørskov Estate; BID:Bidstrup Estate. HAM:Hammel Forest. HAG:Hagsholm. EMM:Emmedsbo Plantation. HAU:Haurum Forest. PAL:Palstrup Estate. MP:Myremalm plantation. **B) Zealand.**

DØN:Dønnerup Estate. HOL:Holbæk Deer Park. VAL:Valdemarskilde Estate. KON:Kongsdal Estate. GUN:Gunderslevholm Estate. SUH:Den Suhrske stiftelse. SOR:Sorø Forests. JD:Jægersborg Deer Park. Bars = 50 km.

Table S1. The nine possible genotypes (A-I) of ROB1 and ROB2. The number of copies of the specific ROB og the corresponding free acrocentric chromosomes are indicated with 0 (no ROB and two copies of the free chromosomes; 1 ROB and therefore also 1 copy of the free chromosomes (heterozygotic); or 2 ROB copies (homozygotic) and thus no free chromosomes. Note that the same number of chromosomes (2n) can be due to different combinations of ROB1 and ROB2. p1 and p2 = ROB1 and ROB2, respectively. q1 and q2: The free chromosomes involved in ROB1 and ROB2, respectively. See also Figure 3.

	ROB1		ROB2			
Type	p1	q1	p2	q2	Number of observed animals	Brief explanation
A	0	2	0	2	0	No ROB1, no ROB2 (2n=68)
B	0	2	1	1	2	No ROB1, one ROB2 (2n=67)
C	0	2	2	0	10	No ROB1, two ROB2 (2n=66)
D	1	1	0	2	0	One ROB1, no ROB2 (2n=67)
E	1	1	1	1	3	One ROB1, one ROB2 (2n=66)
F	1	1	2	0	5	One ROB1, two ROB2 (2n=65)
G	2	0	0	2	3	Two ROB1, no ROB2 (2n=66)
H	2	0	1	1	10	Two ROB1, one ROB2 (2n=65)
I	2	0	2	0	23	Two ROB1, two ROB2 (2n=64)
					56	