

宍道湖に渡来したトモエガモ個体群の採餌場所と糞分析

佐藤仁志^{1,*}・西海功²・樋口亜紀²・野津登美子¹・池淵康夫¹・伊藤勉¹・ 梅田由美子¹・関谷哲夫³・福岡章³・森下拓也³

日本野鳥の会島根県支部. 〒 699-0701 島根県出雲市大社町杵築東 569-1 秦 智秋方
 独立行政法人 国立科学博物館動物研究部. 〒 305-0005 茨城県つくば市天久保 4-1-1
 トモエガモしらべたい. 〒 693-0212 島根県出雲市馬木町 141 佐藤仁志方

はじめに

—短報—

トモエガモ Anas formosa はロシア極東部で 繁殖し,韓国・日本・中国などで越冬する.わ が国には,明治時代中頃には千葉県手賀沼一 帯に大群で飛来しており,昭和時代初期には岐 阜県,島根県,鳥取県や九州地方に多かったと いう記録がある(堀内 1945).しかしその後 は減少し,環境省のガンカモ科鳥類生息調査に よれば 2011 年から 2020 年までの 10 年間の 全国平均で 5,470 個体が渡来しているにすぎ ない(環境省 2011-2020).このため,環境 省や国際自然保護連合(IUCN)ではトモエガ モを絶滅危惧 II 類に選定し,その保護の必要性 を啓発している(環境省(編) 2002, Birdlife International 2001).

2020-2021年の越冬期に宍道湖で確認され た群れサイズは、島根県及び日本国内で確認 された群れサイズとして最大であった 2019-2020年越冬期の推定個体数 17,450 羽(佐藤 ほか 2021)を大きく上回る約 10 万羽となっ た(付表1). 2021年越冬期の観察および糞分 析により、採餌場所と食物について DNA 分析 に基づく詳細な知見が得られたのでここに報告 する.

トモエガモの採餌は夜間に森林内で行われる と考えられ、どの種のカモが糞を落としたのか を目視で確認することが困難なため、糞の表面 2022年10月19日受理 に付いた DNA を採取することでホスト生物の 種同定をおこなった. DNA バーコード領域の 分析に通常使われる鳥類用ユニバーサルプライ マーは増幅部位が約 700 bp と長く, 糞から抽 出される断片化された DNA の分析には適さな いため, カモ目鳥類のミトコンドリア DNA の CO 1 遺伝子の一部分のみを増幅するプライマ ーを新たに設計して分析に用いた.

調査地と方法

1.調査地

主たる調査地は、島根県宍道湖(松江 市. 出雲市)及び宍道湖北部に広がる島根 半島一帯並びに宍道湖南岸の森林帯を中心 とした地域である(図1). 宍道湖は島根県 東部および鳥取県西部を流れる一級水系斐 伊川に含まれており, 東側にあるわが国で 5番目に大きな湖中海と、西側にあるわが 国で7番目に大きな湖宍道湖の2つの湖が つながった連結汽水湖である. これらの湖 は境水道と大橋川の2つの狭い水路で日本 海とつながっており、中海が海水の約1/2 の塩分濃度, 宍道湖が約1/10の塩分濃度 と,同じ汽水湖であっても水環境がかなり 異なっている. 宍道湖西岸の斐伊川河口部 一帯には中州や湿地帯が広がっており,西 日本最大級の水鳥類の渡来地として知られ

キーワード:トモエガモ, 宍道湖, 日周行動, 採餌場所, 生態, DNA 分析 *: sato@sx.miracle.ne.jp



図1. トモエガモの調査地 Fig. 1. Study site

ている.また,北側にある島根半島には北山山系と呼ばれる険しい山地が東西に走っており,東端に地蔵埼や美保関,西端に日御碕や出雲大社がある.

2. 調查方法

現地調査は,2020年11月下旬から2021 年2月下旬の間に実施した.

採餌場所の特定

トモエガモが採餌する場所を特定するため, まず日周行動を把握した(付表1).その結果, トモエガモの群れが採食場へと飛び立つ時刻 に,大きく分けて2つのパターン,(①午後3 時から4時台の明るい時間帯,②日没時刻頃) があることが確認された.日没時刻頃に採餌場 所へ向かう個体群の追跡は,既に暗い時間であ ることおよび採餌場所が遠く離れていることか ら困難であった.そこで,日中の午後の明るい 時間帯に飛び立ち採餌場所へ降下した群れを観 察し,飛翔予測コースに6地点の調査ポイント 設置し,8名の調査員を配置して採食地へ向か うコースや通過時刻等を記録した.行動圏の範 囲は,出雲市及び松江市において現地調査や聞 き取り調査により推定した.

糞からの種の同定及び食物調査

トモエガモが降下した翌日に、当該の森林を 訪れ.森林を構成する木本植物の種及びブナ科 植物の大まかな種の構成状況について調査する とともに、カモ類の糞と思われる糞塊を採集し た、糞塊は残雪の上に落ちていた、積雪は2日 前にあり、かなり融雪した雪の上に落とされて いたことから、見た目が新鮮で保存状態もよい ものと思われた. 糞の落ちた箇所の環境および 経過時間と残存する DNA の品質の関係につい ての先行諸研究(Oehm et al. 2011; McInnes et al. 2017; Ando et al. 2020) から考えて, DNA 食性解析に十分使えると判断した.分析用にユ ニパックに1個ずつ計10個採取した(図2). 採取した糞は冷凍して、うち8個は糞をしたカ モ類の同定用,1個は食性分析用とし,1個は 著者(佐藤)の元に保管した.

DNAバーコーディングによるホスト生物種の同定 糞をしたカモの種の推定は国立科学博



図 2. 採取した糞塊 Fig. 2. Feces sampled in the forest

物館つくば実験施設で行った. QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit (Qiagen) 及び NucleoSpin DNA Stool (TaKaRa) を用い てそれぞれ製品のプロトコルに沿って糞か ら DNA を抽出した.まず鳥類のミトコン ドリア DNA COI 遺伝子から 696 bp を増 幅するユニバーサルプライマー L6697Bird と H7390Thrush (Saitoh et al. 2015) を 使って PCR をおこなったが、いずれも増 幅は見られなかった. 糞からの DNA は断 片化している可能性が高いので、より短い DNA を増やすプライマーを新たに設計し た. Chaves et al. (2002) は糞分析のため の鳥類バーコードプライマー BC-F2, BC-F3, BC-R2 を提案している. BOLD (Barcode of Life) Systems (Ratnasingham & Hebert 2007) に登録された Anas 属カモ類の COI 遺伝子配列を基に、カモ類の COI 配列の一 部 187 bp を増幅するプライマーセット BC-F2_Anas (5'- ATT ACC ACR GCC ATY AAC ATA AAA CC-3') , BC-R2 Anas (5'-TAG ACT TCT GGG TGR CCR AAG AAT CA-3') およ び 133 bp を増幅するプライマーセット BC-

F3 Anas (5'-CCA CTT TTC GTY TGA TCR GTC YTR ATT AC-3'), BC-R2_Anas をデザ インし、共に次の条件で PCR をおこなっ た. 94 °C 3 min に続けて, 94 °C 30 sec, 51 °C 30 sec, 72 °C 30 sec を 45 サイクル, さらに伸長 72℃ 3 min. 3%アガロースゲ ルで電気泳動したところ QIAamp キットで 抽出した DNA は BC-F3_Anas の 133 bp の みの増幅が、NucleoSpin キットで抽出した DNA は BC-F2_Anas の 187 bp と BC-F3_ Anas の133 bpの両方の増幅が確認された. NucleoSpin キットで抽出した DNA による BC-F2 Anasの187bpのPCR 産物につい て, ExoSAP-IT (Amersham) で精製した 後, BigDye Terminator v3.1 (ABI) と ABI 3500 Genetic Analyzer (ABI) を用いてサ ンガーシーケンシングを行った.

DNA メタバーコーディングによる食性解析

糞内に含まれている餌生物の種を特定する ための DNA 分析は株式会社生物技研に依頼し 実施した. DNA 抽出に用いた試料は、凍結乾 燥機 VD-250R(TAITEC) を用いて凍結乾燥した



図3.2020年12月23日に飛翔予測経路に8名の調査員を配置して行った追跡調査で確認されたトモエ ガモの群れの降下確認地点と飛翔コース.ねぐらである宍道湖の湖心部から降下地点までは直線距離 で17.5 km(飛翔コースの長さは24 km)離れていた.

Fig. 3. Arrival point and flight course of a flock of Baikal Teals determined by the study eight surveyors deployed along the predicted flight path conducted on December 23, 2020. The distance between the center of the roosting Lake Shinji and the arrival site was 17.5 km in a straight line (the length of the flight path was 24 km).

サンプルをビーズショッカー VD250 R Freeze Dryer (TAITEC) を用いて破砕した後, Lysis Solution F (ニッポンジーン) により溶出させ、 遠心分離後に上清を分取し, MPure 12 システ ムと MPure Bacterial DNA Extraction Kit (MP Bio) を用いて DNA を精製した. CBOL Plant Working Group (2009) が推奨する植物の DNA バーコード2領域のうち rbcL 遺伝子の 334bp を増幅するプライマー gPlantF(5'-ACA CTC TTT CCC TAC ACG ACG CTC TTC CGA TCT AGT CTT GAT CGT TAC AAA GG-3') と gPlantR (5'-GTG ACT GGA GTT CAG ACG TGT GCT CTT CCG ATC TGT AAA ATC AAG TCC ACC RCG-3') を用いて次の条件で PCR をおこなった.94 ℃ 2min に続けて,94℃ 30 sec, 50℃ 30 sec, 72 °C 30 sec を 30 サイクル, さらに伸長 72 ℃ 5min. その後, Index プライマーを付し て, MiSeq システムと MiSeq Reagent Kit v 3 (Illunima) を用いて、2 x 300 cycles の条件で シーケンシングを行った.

データ分析は,使用するプライマーと完全 に一致するシーケンスから読み取り,FASTX-Toolkit を用いてプライマー配列をトリミング したのち,リードの3'末端から5'末端に向 かって Q20 未満の配列をトリミングし,さら に全体が 150bp 以上のリードのみを同定に用 いた.その後,FLASH (version 1.2.11)を用 いてペアエンドリードにマージした.Qiime2 (ver. 2021.11)の dada2 プラグインを用いて 100%の相同性を指標に ASV にクラスタリン グし,各 ASV の代表配列を NCBI の Nucleotide データに対し,BLASTN (ver. 2.11.0)を行い,



図4. 森林に降下する トモエガモの群れ Fig. 4. A flock of Baikal Teals descending into the forest.

系統推定を行った.

結果

採餌場所

日周行動調査の結果,数キロから20数キロ 離れた山林が採餌場所であることが判明し,山 林内への降下は5回確認された(図3).また, 降下しないまでも森林上空を飛び回ったことも あった.トモエガモの群れの降下が確認された 森林は,いずれも照葉樹林帯であった(図4).

行動圏

採食地は宍道湖南方の松江市宍道町の山林 や,北方に位置し東西に延びる島根半島の出雲 市及び松江市内の森林地帯であり,主たる行動 圏は宍道湖湖心部から南北に約5km,西側に 約20km,東側に約15kmの範囲内であること が分かった.このうち,西側の約20kmの行動 圏は島根半島部であり,十六島半島付近を通過 して山系の北麓上空沿いに日御碕一帯まで行動 圏を広げていた.2020年12月13日には,尾 根を南に越えて出雲大社の境内上空を16:30 ~17:00の間に3回旋回したことなどが分か っている(千家 私信).東側の約15kmでは, 松江市の嵩山や上乃木上空,東出雲町インター チェンジ上空などを飛翔していたことが聞き取 り調査により分かっており,中海近くまで行動 圏を広げていたことが伺える(図1).

DNA による糞をしたカモの種同定

8個の糞から得られた DNA 塩基配列は全て 一致した.得られた 187b p の配列 (SMN1) と日本に分布するマガモ属 10種のバーコー ド配列を比較したところトモエガモと 100% 一致し,次に近いマガモ Anas platyrhynchos と カルガモ Anas poecilorhyncha の一部 (ハプロ タイプ1)とは 2.1%の違いが,残りのカルガ モ (ハプロタイプ2)とは 3.2%の違いがあっ た.BOLD Systems (Ratnasingham & Hebert 2007)の Identification Engine によって同定 したところ,トモエガモの 14 個体の配列と 100% 一致し,次にカルガモおよびマガモの

表 1	代表配列のリー	ド数と相同性解析結里
<u>1</u> (1.	1、122日にクリックワ	「奴こ伯回圧肝仰而不

Tab	le 1.	Num	ber o	f re	presenta	itive	seq	uence	read	ls and	home	logy	ana	lysis	resul	ts

#OTU ID	gBird-1	Target	Identity	Alignm ent length	Mism atch	Gap	Start query	End query	Strat target	End target	E-value	Bit score
ASV_001	53,983	MK986651.1_Quercus_gilva_chloroplast	100	334	0	0	1	334	70172	70505	1.25E-172	617
ASV_002	643	MN206290.1_Persicaria_viscosa_voucher_	100	334	0	0	1	334	219	552	1.25E-172	617
ASV_003	385	MK922346.1_Quercus_fabri_chloroplast	100	334	0	0	1	334	60864	61197	1.25E-172	617
ASV_004	186	LC331654.1_Lithocarpus_sp.	95.51	334	15	0	1	334	192	525	1.29E-147	534
ASV_005	138	LC331654.1_Lithocarpus_sp.	96.11	334	13	0	1	334	192	525	5.97E-151	545
ASV_006	104	KX527291.1_Murdannia_keisak_voucher	100	334	0	0	1	334	192	525	1.25E-172	617
ASV_007	81	MF435824.1_Symplocos_spst	100	334	0	0	1	334	220	553	1.25E-172	617
ASV_008	69	MF998289.1_Echinochloa_oryzoides_voucher	100	334	0	0	1	334	231	564	1.25E-172	617
ASV_009	35	MH069831.1_Persicaria_minor_voucher	100	334	0	0	1	334	189	522	1.25E-172	617
ASV_010	29	LC331654.1_Lithocarpus_sp	94.91	334	17	0	1	334	192	525	2.80E-144	523
ASV_011	21	MK986651.1_Quercus_gilva_chloroplast	96.41	334	9	2	1	331	70172	70505	1.64E-151	547
ASV_012	17	LC331654.1_Lithocarpus_sp	94.01	334	17	2	1	331	192	525	3.61E-138	503

86 個体以上と 97.8%一致した.よって林内で 採取した糞はトモエガモのものと同定した.

トモエガモの群れが降下した森林はすべて 照葉樹林帯であり,林内にはウラジロガシ Quercus salicina,アラカシ Quercus glauca,ア カガシ Quercus acuta などのカシ類やスダジイ Castanopsis sieboldii subsp. sieboldii が生育して いた.また,照葉樹林内やその周辺にはコナラ Quercus serrata もわずかにみられた.

次世代シーケンスで配列が読まれた数をリー ド数と呼ぶが、糞の DNA 分析の結果は、全体 で 55.691 リードが得られ、12 の操作上の分 類単位 (OTU) にクラスタリングすることがで きた、これらのOTUのうち7のOTUでNCBI に登録されている配列と100%一致した(表1). ASV.001の配列は、種レベルでは、林内に生育 するウラジロガシ,アラカシ,アカガシ,コナ ラと100%一致した. ASV.003はASV.001と 2 塩基のみ異なり、表1 では Quercus fabri との 100%の配列一致が示されているが, NCBI に 登録されているコナラとスダジイとも 100% 一致した. ASV.011 は最も近い配列がイチイガ シで 96.4% の一致しか示さなかった. その他, イヌタデ属 Persicaria またはタデ属 Polygonum (それぞれ2塩基異なるASV 002と009), イ

ボクサ Murdannia keisak (ASV_006), ハイノキ 属 Symplocos (ASV_007), ヒエ属 Echinochloa (ASV_008)と100%一致するOTUも確認され, マテバシイ属 Lithocarpus と約94-96%一致す るOTU (ASV.004,005,010,012)も複数検出 された.

考察

トモエガモの採餌場所については,2019-2020年の調査では採食地における十分な調査 が行えなかったこともあり,採餌場所は里山の 谷津田やその周辺部と推定するにとどめていた (佐藤ほか2021)が,今回の調査で,主な採 餌場所が照葉樹林一帯であることが明らかにな った.

糞の DNA 分析結果から当地におけるトモエ ガモがコナラ属 Quercus を食べていることが分 かった.しかし,rbcL 領域のみによる種まで の同定は陸上植物では難しく (CBOL 2009), 詳細な種の特定はできなかった.ただ,糞を採 取した森林一帯は島根県で最大級の大規模な照 葉樹林帯で,コナラ属の樹木としてはウラジロ ガシやアラカシ,アカガシなどが多いことから, これらコナラ属のうちのどれか,あるいはすべ ての果実を採餌した可能性が高いと考えられ, ブナ科コナラ属植物の果実(ドングリ類)を食 べている可能性が高いことが分かった.日本で 越冬するトモエガモの主な採餌場所や採餌生物 についての具体的な報告はこれまでになく,こ の研究が初めての報告と思われる.

今回の DNA メタバーコーディングで得られ たリード数では、その 96.9% が OTU ASV.001 のコナラ属であったが、実際に分析された糞 が主要にコナラ属から構成されていたと断定 することはできない. なぜなら今回のように ユニバーサルプライマーを用いて PCR を行っ た場合、分類群によって増幅効率が大きく異 なることが知られており(Clarke et al. 2014; Krehenwinkel et al. 2017), 今回用いたプライ マーがコナラ属由来の rbcL 遺伝子を特に効率 よく増幅する可能性があるからである.また. 鳥類一般的に食べた餌の消化管通過速度が速 く、餌由来 DNA が検出される時間が餌を食べ てから30分後から4時間後の間に限られるこ とがハシボソガラスを用いた給餌実験で知られ ることなどから (Oehm et al. 2011), 一つの糞 はその一個体のある一瞬のスナップショット的 な食性しか反映しないと考えられる. 今回の調 査で判明したトモエガモの採餌場所の照葉樹林 を構成する優占樹種はスダジイであり、さらに 採餌場所の調査では林床にはシイの実も多数落 ちていたにもかかわらず、糞の食性分析ではシ イ属の可能性のある OTU がわずか 0.69% しか 検出されなかった. その理由は、上記のような 諸原因が想定されるため今後の課題としたい.

糞からのマガモ属の DNA 同定について は,適した PCR プライマーの報告例がなく, Chaves *et al.* (2012) によって肉食の哺乳類の 糞分析で検討され提案された遺伝子部位に、 BOLD Systems に登録された塩基配列を参考に してカモ用の PCR プライマーを設計した. ミ トコンドリア DNA の COI 領域の 650 bp を使 った DNA 種同定は DNA バーコードと呼ばれ 広く利用されているが,それに対して,100-200bp の短い COI 塩基配列による種同定はミ ニバーコードと呼ばれ,糞や博物館標本など断 片化された状態の悪い DNA を使って種同定す る際に利用されている (Meusnier *et al.*2008). 本研究で用いたプライマーは,食性分析の際の カモ類の種同定だけでなく,糞による鳥インフ ルエンザの研究の際や博物館標本の分析の際に も有用性が期待される.

謝辞

本調査にあたり、貴重な助言・指導をいただいた 上田恵介氏、調査に協力いただいたトモエガモしら べたいの濱下奈津子氏、藤原政明氏に、またたいへ ん有益なコメントをくださった2名の匿名の査読者 と編集の三上かつら氏に、紙上を借りて厚くお礼申 し上げる.

引用文献

- Ando, H., Mukai,H., Komura,T., Dewi, T., Ando, M. & Isagi, Y. 2020. Methodological Trends and Perspectives of Animal Dietary Studies by Noninvasive Fecal DNA Metabarcoding. Environmental DNA, no. edn3.117 (August). https://doi.org/10.1002/edn3.117.
- Birdlife International. 2001. Threatened birds of Asia: the Birdlife International Red Data Book. Birdlife International, Cambridge.
- Chaves, P. B., V. G. Graeff, M. B. Lion, L. R. Oliveira & E. Eizirik. 2012. DNA barcoding meets molecular scatology: short mtDNA sequences for standardized species assignment of carnivore noninvasive samples. Mol. Ecol. Resour. 12: 18-35.
- Clarke, L. J., Soubrier, J., Weyrich, L. S., & Cooper, A. 2014. Environmental metabarcodes for insects: in silico PCR reveals potential for taxonomic bias. Mol. Ecol. Resour. 14(6),

1160–1170.CBOL Plant Working Group. 2009. A DNA barcode for land plants. PNAS 106: 12794–12797.

- 堀内讃位. 1945. 鳥と猟. 昭森社, 東京.
- 神山和夫. 2021. トモエガモ個体数が回復の兆し.バ ードリサーチニュース2021・11・10<https:// db3.bird-research.jp/news/202111-no1/>
- 環境省(2011-2020)第42-51回ガンカモ科鳥類の生 息調査報告書.環境省.東京.
- 環境省(編). 2002. 改訂・日本の絶滅の恐れのある野 生生物—レッドデータブック2鳥類. 自然環境 研究センター, 東京.
- 環境省(2021).第52回調査における都道府県 別・調査種別観察数(暫定値).環境省
- Krehenwinkel, H., Wolf, M., Lim, J. Y., Rominger, A. J., Simison, W. B., & Gillespie, R. G. 2017. Estimating and mitigating amplification bias in qualitative and quantitative arthropod metabarcoding. Sci. Rep. 7(1), 1–12.
- McInnes, J. C., Alderman, R., Deagle, B. E., Lea, M. A., Raymond, B., & Jarman, S. N. 2017. Optimised scat collection protocols for dietary DNA metabarcoding in vertebrates. Methods Ecol. Evol. 8(2), 192–202.
- Meusnier, I., Singer, G. A., Landry, J. F., Hickey, D. A., Hebert, P. D., & Hajibabaei, M. 2008. A universal DNA mini-barcode for biodiversity analysis. BMC genomics, 9(1), 1–4.
- Oehm, J., Juen, A., Nagiller, K., Neuhauser, S., & Traugott, M. 2011. Molecular scatology: how

to improve prey DNA detection success in avian faeces?. Mol. Ecol. Resour. 11(4), 620-628.

- Ratnasingham, S. & P. D. Hebert 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System (http://www. barcodinglife.org). Mol. Ecol. Notes 7: 355– 364.
- Saitoh, T., N. Sugita, S. Someya, Y. Iwami, S. Kobayashi, H. Kamigaichi, A. Higuchi, S. Asai, Y. Yamamoto & I. Nishiumi. 2015. DNA barcoding reveals 24 distinct lineages as cryptic bird species candidates in and around the Japanese Archipelago. Mol. Ecol. Resour. 15:177–186.
- 佐藤仁志・野津登美子・濱下奈津子・藤原政 明. 2021. 2019-2020の冬に宍道湖に渡来 したトモエガモの大集団について. Strix 37: 107-117.
- 田尻(山本)浩伸・Hansoo Lee・Jin-Young Park・ 大河原恭祐・大畑孝二・宮林泰彦・呉地正行. 2004. 日本・韓国での同時カウント調査によ るトモエガモ越冬個体数の推定. 日本鳥学会 2004年度大会講演要旨集: 98.
- 山本浩伸・大畑孝二. 2000. 石川県方の鴨池におけ るトモエガモの個体数変動と採食場所への飛 び立ち行動. Strix 18: 55-63
- 山本浩伸・大畑孝二・桑原和之. 2002. 片野鴨池で 越冬するマガモの採食範囲―片野鴨池に飛来 するカモ類の減少を抑制するための試みⅡ―. Strix 20:13-22.

Foraging locations and food analyzed by a combination of field surveys and fecal DNA of Baikal Teals wintering in Lake Shinji, western Japan

Hitoshi Sato^{1,*}, Isao Nishiumi², Aki Higuchi², Tomiko Nothu¹, Yasuo Ikebuchi¹, Tsutomu Ito¹, Yumiko Umeda¹, Tetsuo Sekiya³, Akira Fukuoka³, Takuya Morishita³
1.Wild Bird Society of Japan, Shimane branch.569-1Kitsuki-higashi, Taisha-machi, Izumo, Shimane 699-0701, Japan.
2. Department of Zoology, National Museum of Nature and Science, Amakubo 4-1-1, Tsukuba, Ibaraki, 305-0005 Japan
3. TomoegamoShirabetai. 141, Maki-cho, Izumo, Shimane 693-0212, Japan.

The estimated flock size of the Baikal Teal *Anas formosa* in Lake Shinji, Shimane Prefecture, western Japan was approximately 100,000 during the 2020–2021 wintering season, which was significantly greater than any other flock observed in Japan. Observations and fecal DNA analysis in the 2021 wintering season provided detailed information on their foraging areas and diet.

Keywords: Baikal Teal, Lake Shinji, diurnal cycle, foraging sites, ecology, DNA Analysis *: sato@sx.miracle.ne.jp 付録1.2021年越冬期のトモエガモの個体数推定.2019-2020年の越冬期におけるトモエガモの個体数を 推定するため、次のような方法をとった.まず、佐藤ほか(2021)と同様に、早朝に採餌場所から帰 還する群れの写真撮影を行い、その写真をもとに群れごとに羽数を数えてその合計から個体総数を算出 した.しかし、2020-2021年の越冬期においては宍道湖一帯に渡来したトモエガモの総個体数が前年 をはるかに上回り、同様の手法では算出が難しかった.そこで、新たな算出手法として群れが一つの集 団となって飛翔した際に写真撮影を行い、細かなメッシュを入れてメッシュごとの個体数を算出し、そ の合計の数値から個体数の算出を試みた.しかし、この手法では群れの奥部に写っている個体の正確な 判定等が難しかった.そこでさらに、群れ全体の写真撮影に併せ直後に個体群の一部を拡大した(鮮明な) 写真撮影を行い、一部分の推定個体数を割り出すとともに、群れ全体に対するその部分の割合の推定か ら総個体数の算出を試みた.群れの一部を鮮明に撮影した写真では、ほぼ1羽単位で鳥を数えることが でき、この画角内のトモエガモは22,522羽であった.画像の組み合わせや濃密状況から、この画角を 4.3倍すると群れ全体になると推定し算出したところ、群れサイズは全体で 96,845 個体と推定された.



群れ全体の飛翔写真



群れの一部を撮影した鮮明な写真



群れ全体と部分撮影部の推定図

付録2.2021年越冬期のトモエガモの日周行動.宍道湖一帯で越冬しているトモエガモが採食地へ飛び立 つ時刻(2020年12月上旬から2021年2月中旬)を調査したところ,2つのパターンが見られた. ひとつめのパターン①は午後3時から4時台の明るい時間帯に飛び立つ行動で,平均して日没時刻の 82.3分前であった.この事例は,12月11日から翌年の1月3日までの23日間に14回確認された. 午後3時台が多く4時台は2回のみで,最も早い飛び立ち時刻が日没時刻の118分前,最も遅い飛び 立ち時刻が日没時刻の40分前であった.飛び立った群れはそのまま採餌場所付近の上空まで飛翔し, そのまま森林の中に消えていく場合や,数回旋回した後に消えていく場合などがあった.採餌場所へ降 下した群れはしばらくその地で滞在し,日没に近いかなり暗くなった時刻に再び宍道湖に帰還すること が少なくなかった.なお,この表の中には同じ日に異なる飛び立ちが含まれているが,これらは群れ が異なるものである.もう一つのパターン②は,日没時刻頃に飛び立つ行動で,平均して日没時刻から 0.2分前であり,ほぼ日没時刻に飛び立つものであった.この事例は,12月5日から翌年の2月17日までの74日間に18回の行動事例が確認された.採食地への飛び立ち時刻については,石川県の片 野鴨池における報告があり,日没時刻から33.2±7.2分遅れて飛び立つと報告されている(山本・大 畑 2000).このたびの宍道湖における調査ではパターン②がこれに相当すると考えられる.

		(a)	(b)	(b-a, min)		
確認 No.						
	年月日	飛び立ち時刻	日没時刻	日没時刻との差	天気	備考
				(分)		
1	2020/12/11	15:56	16:55	74	曇り	
2	2020/12/19	15:20	16:57	97	曇り・雪	
3	2020/12/20	15:42	16:58	76	曇り・みぞれ	
4	2020/12/21	15:30	16:59	89	晴れ	
5	2020/12/22	16:19	16:59	40	曇り・雨	No.5 と No.6
						は別の群れ
6	2020/12/22	15:49	16:59	70	曇り・雨	
7	2020/12/25	15:25	17:01	98	曇り	
8	2020/12/27	15:19	17:02	103	晴れ・夕方雨	No.8 と No.9
						は別の群れ
9	2020/12/27	16:20	17:02	42	晴れ・夕方雨	
10	2020/12/28	15:37	17:03	83	晴れ	
11	2020/12/29	15:32	17:04	92	晴れのち曇り	
12	2021/1/1	15:43	17:06	83	曇り時々雪	
13	2021/1/3	15:03	17:07	118	曇り	No.13 と No.14
						は別の群れ
14	2021/1/3	15:40	17:07	87	曇り	

採食地への飛び立ちパターン①

陈邦 No	年日口	(a) 孤巧5立た時初	(b) 口 {小時初	(b-a, min) ロ汎時初との美	工与	借老
1/注 記 NO.	平月口	飛び立り時刻	口仅吋列	口仅時刻との左	Хх	油考
1	2020/12/5	16.25	16.55	20	暴り	
2	2020/12/26	17.26	17.24	20	裏り 鼻り時ヶ時わ	No 2 2 No 3
2	2020/12/20	17.20	17.24	L	裏り時々明れ	10.2 と 10.3 は別の群れ
3	2020/12/26	17:45	17:24	-21	曇り時々晴れ	
4	2021/1/20	17:37	17:23	-14	晴れ	
5	2021/2/5	17:49	17:40	-9	晴れ	
6	2021/2/6	17:29	17:41	12	晴れ・曇り	
7	2021/2/7	17:21	17:42	21	曇り後晴れ	
8	2021/2/8	17:46	17:43	-3	曇り・雨・晴	
					れ	
9	2021/2/9	17:50	17:44	-11	晴れ	
10	2021/2/10	17:41	17:44	3	晴れ	
11	2021/2/12	17:50	17:47	-3	曇り・晴れ	No.11 と No.12 は別の群れ
12	2021/2/12	17:53	17:47	-6	曇り・晴れ	
13	2021/2/13	17:45	17:48	3	晴れ	
14	2021/2/14	18:00	17:49	-11	晴れ	
15	2021/2/15	17:35	17:50	15	雨 (空暗い)	No.15 と No.16 は別の群れ
16	2021/2/15	18:00	17:50	-10	雨(空暗い)	
17	2021/2/16	17:50	17:51	1	曇り・晴れ	
					• 風強	
18	2021/2/17	17:45	17:52	7	雪・荒天	

採食地への飛び立ちパターン②