

ゲノム解析に基づくチーク遺伝資源の地域環境適応性と気候変動下での活用戦略

熱帯林で深刻化する気候変動への対策技術を開発するためには、熱帯優良樹種チークにおける遺伝的多様性と気候適応性との関係に関する科学的根拠の整理が求められる。気候要因とのゲノム連関解析の結果は、インド南部 Malabar 地域に分布する集団が高温に対して高いレジリエンスを備えることを支持する。将来の気候が Malabar 地域と類似すると予測されるインドネシア・ジャワ島における気候変動に適応した持続的なチーク林業の実現には、同集団の遺伝資源を活用した人工林の改良が有効である。

キーワード：熱帯有用樹種、チーク、ゲノム解析、地域環境適応、気候変動

背景・ねらい

地球規模の気候変動により、気温上昇や降水パターンの変化が森林生態系へ深刻な影響を及ぼしている。樹木は長寿で移動できないため、急速に進行する気候変動の影響を特に強く受けやすく、安定的な木材生産を維持するためには、林業のレジリエンスを高めることが不可欠である。このため、各樹種や地域集団が有する環境適応性を遺伝的に評価し、将来を見据えた植林計画へ早期に反映させることが重要である。

チーク (*Tectona grandis*) は、インドからインドシナにかけて天然分布し、耐久性と木目の美しさから経済価値の高い世界有数の熱帯広葉樹であり、現在では約65か国で植林され、家具材などとして広く利用されている。インドネシアでも、重要な人工林樹種として長年にわたり利用されている。従来、インドネシアのチーク集団はインドから導入されたと考えられてきたが、近年の遺伝解析により、インドネシア集団はインド集団よりも、タイなどインドシナの集団と遺伝的に近縁であることが明らかとなっている。しかし、これらの遺伝的背景の違いが、気温や降水量といった環境条件への適応性とどのように関係しているのかについては、十分に解明されていない。

そこで本研究では、チークの天然分布域およびインドネシアの人工林に由来する集団のゲノム情報を用い、遺伝的多様性と気候環境への適応性との関係を明らかにする。また、得られた知見をもとに、インドネシアにおけるチーク人工林を気候変動に適応した形へと改善し、将来にわたって持続的な木材生産を可能とする植林・施業戦略の構築に資することをねらいとする。

成果の内容・特徴

1. 天然分布域およびインドネシア人工林由来個体のゲノム解析（図1）の結果は、インド集団が他地域集団よりも大きな遺伝的変異を有し、特にインド南部（Malabar）集団が最も強い遺伝的分化を示すことを支持する（図2A）。
2. ゲノム上の塩基多型と気候要因との連関解析は、温度と強く連関するゲノム領域が多数存在し、特に雨

期の平均気温と連関する塩基変異が顕著に多いことを示す。一方、雨量と連関するゲノム領域は少数であり（図2B）、温度変化へのレジリエンスの向上が重要であることを示唆する。

3. 雨季の平均気温と連関するゲノム領域の詳細な解析結果は、インド南部、インド北部で地域環境への高い適応性を示唆する（図3A）。また、気候変動モデルに基づく将来予測は、これら2集団は気候変動への高いレジリエンスを示す（図3B）。
4. 気候変動モデルに基づく将来予測では、インドネシア・ジャワ島の将来の気温および降水量は、インド南部地域の気候条件と類似する。このことから、Malabar 集団の遺伝変異を導入することで、インドネシアにおけるチーク人工林の改良により、将来気候への適応が可能となる。

成果の活用面・留意点

1. 本成果は、将来の気候条件を考慮したチーク植林の産地選定や遺伝資源管理に活用でき、特にインドネシアの人工林を気候変動に適応させるための科学的根拠を提供する。
2. Malabar 集団の遺伝変異を、種子移動や交配育種を通じて導入することにより、将来環境に適応した人工林造成が期待できる。
3. Malabar 遺伝資源の導入にあたっては、現地集団との交雑や遺伝的多様性の維持、病害抵抗性や成長特性への影響などに留意し、段階的な試験植栽や長期的な評価を行う必要がある。

その他

予算区分：交付金プロジェクト [A4 環境適応型林業（第5期）]、外部資金 [SATREPS]

研究実施期間：2021～2025年度

研究担当者：谷尚樹（林業領域）、小沼祐之介、津村義彦（筑波大）Prasetyo E., Widiyatno, Indrioko S., Na'iem M.（ガジャマダ大学）

発表論文等：Onuma et al. (2025) *Forest Science and Technology* 21: 353-373.

<https://doi.org/10.1080/21580103.2025.2519469>

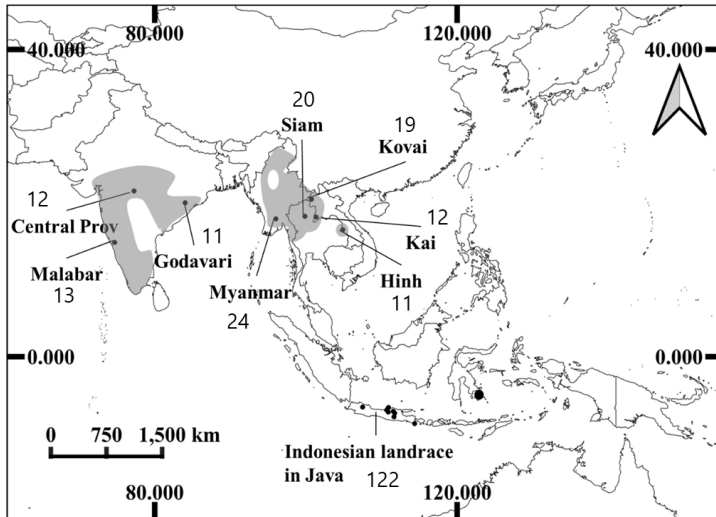


図1 チークの天然分布域とインドネシア国際チーク産地試験林においてサンプルを採取した個体の由来集団の位置とゲノム解析に供試した個体数

黒の網掛はチークの天然分布域を表す、黒丸は国際チーク産地試験林の個体の由来産地の位置、集団名付近の数字はゲノム解析に供試した個体数を表す。

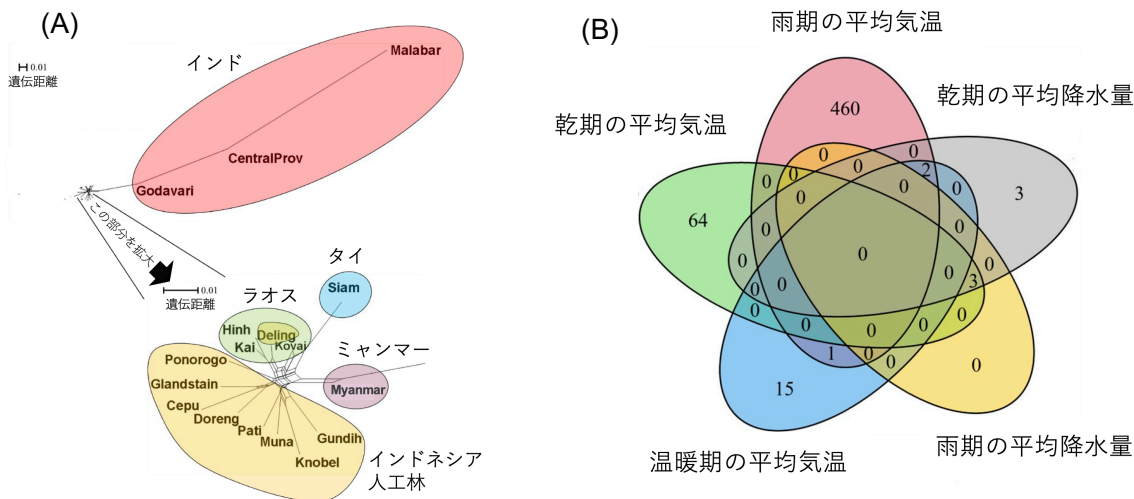


図2 ゲノム解析によるチーク集団間の遺伝的差異と天然分布域の集団における生物気候分類と有意に関連する遺伝子座数

(A) 樹状図上の名称は分析個体の由来する集団名を示し、網掛はその集団の属する国を示す（Deling はインドネシアに属する）。インド3集団とそれ以外の集団は非常に大きな遺伝的差異が認められる。さらに、インド3集団間の遺伝的差異も大きい。(B) 雨期の平均気温では460個と乾期の平均気温とは64個のゲノム上の塩基変異と連関がみられる。

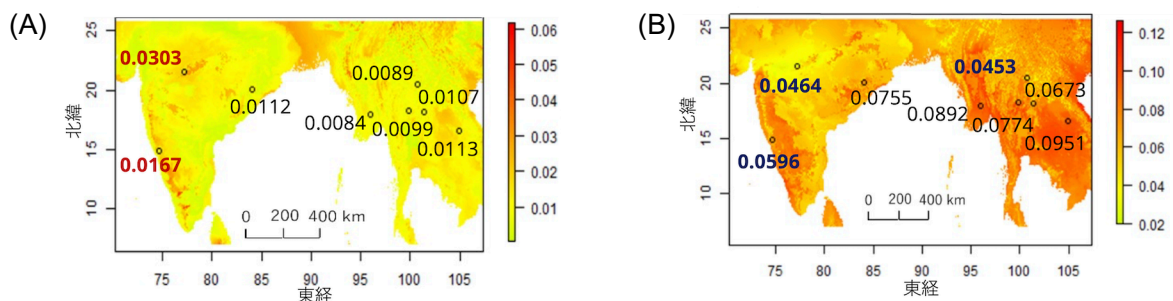


図3 地域の環境への適応の強さと、将来の気候変動へのレジリエンス

(A) 産地付近の数字が大きいほど遺伝変異が地域環境に強く適応していることを示し、インドの2集団では特にこの値が大きい。(B) SSP5-8.5 シナリオで気候変動下において遺伝変異の変化をシミュレーションし、産地付近の数値が小さいほど強いレジリエンスを示す。インド2集団とラオス1集団でこの指標は小さくなるが、ラオスは高標高地であり温度変化が小さいため疑似レジリエンスが示された可能性がある。