



Title	Characterization of Bacterial Communities Associated with Rootless Duckweed (<i>Wolffia globosa</i>) and Their Effects on the Host Biomass Productivity
Author(s)	Saimee, Yuparat
Citation	大阪大学, 2026, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.18910/105459
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

Abstract of Thesis

Name (SAIMEE YUPARAT)	
Title	Characterization of Bacterial Communities Associated with Rootless Duckweed (<i>Wolffia globosa</i>) and Their Effects on the Host Biomass Productivity (根を持たないウキクサ (<i>Wolffia globosa</i>) と共棲する細菌群集の特徴付けとそれらがバイオマス生産に及ぼす影響)
Abstract of Thesis Duckweed has attracted increasing attention as a promising bioresource because of its rapid growth, global distribution, and nutritionally valuable biomass. Increasing evidence indicates that their growth and physiology are strongly influenced by the associated microbiomes and specific duckweed-associated bacteria (DABs). However, most previous work has focused on rooted duckweeds such as <i>Lemna</i> and <i>Spirodela</i>, the microbiomes of <i>Wolffia</i>, which holds an exceptionally promising bioresource and for which the establishment of efficient cultivation technologies is desired, remain insufficiently characterized. Given its unique morphology, the structure and function of the <i>Wolffia</i> microbiome likely differ from those of rooted duckweeds. Thus, clarifying the microbiome of <i>Wolffia</i> is essential for providing insight to enhance its biomass production. Therefore, the overall objective of this study was to clarify the structure and function of the <i>Wolffia</i> microbiome and to identify and characterize DABs acting as plant growth-promoting and -inhibiting bacteria (PGPB and PGIB, respectively) within <i>Wolffia</i> microbiome. In Chapter 1, as the introduction of this study, <i>Wolffia</i> is highlighted as a next-generation bioresource with high potential for food and environmental applications. The chapter reviews current strategies to improve duckweed biomass production and summarizes existing knowledge on duckweed microbiomes and DABs, in order to clarify limitations and research gaps and to set the objectives of this study. In Chapter 2, the structural and functional properties of the <i>Wolffia globosa</i> microbiome and its effects on host growth were investigated via co-cultivation with bacterial communities derived from various sources. The results suggested that <i>Wolffia</i> selectively assembles its microbiome members from surrounding environments. Although microbiome composition varied depending on microbial sources, a robust set of core taxa was conserved across all sources. The microbiomes considerably influenced <i>Wolffia</i> growth, from strong promotion to clear inhibition. Interestingly, municipal wastewater-derived communities were the most effective in promoting <i>Wolffia</i> growth. Functional profiling of the microbiomes indicated that genes involved in chemotaxis, flagellar motility, biofilm formation, quorum sensing, secretion systems, and transporters facilitate bacterial colonization and adaptation to the rootless morphology of <i>Wolffia</i>. In addition, it was found that <i>Bdellovibrionaceae</i>, <i>Beijerinckiaceae</i>, and <i>Sphingomonadaceae</i> may act as “keystone taxa,” shaping microbiome structure and directly or indirectly influencing <i>Wolffia</i> growth. In Chapter 3, nearly 100 DABs were isolated from seven <i>Wolffia</i> microbiomes and individually co-cultivated with <i>W. globosa</i> for investigating their effect on the host growth. The results clarified that these DABs exert effects on <i>Wolffia</i> growth ranging from strong promotion to strong inhibition. Ten strains were identified as PGPB candidates and nine as PGIB candidates, of which seven PGPB and four PGIB corresponded to core ASVs, respectively. These results suggested that a small subset of core strains act as positive or negative key players in the <i>Wolffia</i> holobiont. The balance of growth dynamics between beneficial and detrimental members is considered to determine the net community effects on host growth. Prominent promotive phenotypes of DABs occur across seven genera and are largely determined at the strain level, whereas inhibiting phenotypes were conserved at the genus level. The production of indole-related compounds emerges as a key physiological trait of DABs associated with growth outcomes. In Chapter 4, the summary and conclusion of this study are given. Based on the insights gained from this study, perspectives and future challenges regarding practical approaches for microbiome engineering strategies to enhance the productivity of <i>Wolffia</i> biomass are proposed.	

論文審査の結果の要旨及び担当者

氏 名 (SAIMEE YUPARAT)		
	(職)	氏 名
論文審査担当者	主 査	教 授 池 道彦
	副 査	教 授 嶋寺 光
	副 査	准教授 井上 大介

論文審査の結果の要旨

ウキクサ科植物（以下、ウキクサ）は、世界各地に分布し、成長速度が高く、栄養価に優れるバイオマス組成を有することから、有望な生物資源として注目されている。ウキクサの成長や生理状態は共棲する微生物群集（マイクロバイオーーム）により強く影響を受けることが明らかとなっており、その特性の解明はバイオマス生産速度を向上させる栽培技術の革新に不可欠である。しかし、ウキクサのマイクロバイオーームに関する既往研究のほとんどは根をもつ *Lemna* や *Spirodela* を対象としており、ウキクサの中でも特に資源価値が高く、根をもたないことを特徴とする *Wolffia* のマイクロバイオーームに関する知見は乏しい。

以上の背景を踏まえ、本研究では、*Wolffia* マイクロバイオーームの系統分類学的構成と機能の特徴を明らかにするとともに、そのマイクロバイオーーム内で *Wolffia* の成長を促進する細菌（PGPB）と阻害する細菌（PGIB）を特定し、それらの特徴を明らかにすることを目的とした一連の研究成果を取りまとめたものであり、緒論である第 1 章、本論となる第 2 章および第 3 章、結論である第 4 章で構成されている。

緒論である第 1 章では、本研究の背景として、*Wolffia* の生物学的な特徴や次世代の生物資源としての有用性について整理したうえで、ウキクサバイオマス生産性を高める技術、及びウキクサと共棲する細菌に関してこれまでに得られている知見を包括的に取りまとめ、現状の課題を把握することで本研究の目的と意義を明確化している。

第 2 章では、*Wolffia globosa* を様々な環境から取得した細菌群集と共栽培し、*W. globosa* 表層に形成されるマイクロバイオーームの系統分類学的構成と機能的特徴、及び *W. globosa* の成長に及ぼす影響を調査している。一連の検討の結果から、*Wolffia* 表層のマイクロバイオーームの構成は微生物源により異なるものの、微生物源に関係なく常に存在する主要な分類群が存在していることを明らかにし、*Wolffia* が特定の細菌群を選択的に自身の表層に集積することを示唆している。また、機能解析により、走化性、鞭毛運動、バイオフィルム形成、クオラムセンシング、分泌システム、トランスポーターが、根をもたない *Wolffia* 表層に集積され、定着する細菌の重要な特性であることを示唆している。他方、*Wolffia* の成長は、マイクロバイオーームの種類により、強力に促進される場合から顕著に阻害される場合まであり、特に興味深い点として下水処理系に由来する細菌群集が *Wolffia* の成長促進に効果的であることを明らかにしている。さらに、マイクロバイオーーム解析結果との統合的評価により、*Bdellovibrionaceae*、*Beijerinckiaceae*、*Sphingomonadaceae* が *Wolffia* 表層に形成されるマイクロバイオーームの構成に寄与し、その成長に直接的及び間接的に重大な影響を及ぼすキーストーン系統であることを示唆している。

第 3 章では、第 2 章の共栽培試験で構築した 7 種の *Wolffia* マイクロバイオーームから約 100 株の細菌を分離し、各菌株の *Wolffia* 成長に及ぼす影響と、宿主植物成長に関連すると考えられる生理機能の評価を実施している。一連の検討の結果から、*Wolffia* マイクロバイオーームには、宿主の成長を強力に促進するものから強力に阻害するものまで多

様な細菌が存在することを明らかにし、マイクロバイオーーム全体により発揮される宿主成長に対する効果が PGPB と PGIB のバランスによって決定されることを示唆している。さらに、PGPB は菌株レベル、PGIB は属レベルで決定される性質であることを示唆するとともに、インドール化合物生産能が *Wolffia* の成長に対する効果に関係する生理特性である可能性を見出している。

第 4 章では、一連の研究の成果を整理し総括したうえで、マイクロバイオーーム及びその構成細菌の特徴を踏まえた合理的な活用が *Wolffia* バイオマスの効率的生産に有望であることを結論づけるとともに、その実現に向けたマイクロバイオーーム・エンジニアリングの課題と展望について述べている。

以上のように、本論文は、次世代の有望な生物資源である *Wolffia* の成長に重大な影響を及ぼすマイクロバイオーームの特徴をつまびらかにし、*Wolffia* バイオマス生産の効率化に寄与するマイクロバイオーーム・エンジニアリングの発展に向けて重要な知見を導出している。よって本論文は博士論文として価値あるものと認める。