



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Microbial footprints of tomato domestication

Sarango Flores, S.W.

Citation

Sarango Flores, S. W. (2026, January 6). *Microbial footprints of tomato domestication*. NIOO-thesis. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/4285898>

Version: Publisher's Version

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/4285898>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Samenvatting

Domesticatie en veredeling van wilde planten hebben de genetische en fenotypische kenmerken van landbouwgewassen aanzienlijk veranderd. De impact van dit domesticatie proces op de taxonomische en functionele diversiteit van micro-organismen die zich associëren met verschillende plantenweefsels is echter nog grotendeels onbekend. Het onderzoek in dit proefschrift richt zich op domesticatie van tomaten en hoe dit proces de diversiteit, de structuur, en het functionele potentieel van het rhizosfeer microbiom heeft gevormd. Door de complexe relaties tussen genetisch diverse tomaten, het bodemtype, en de samenstelling van microbiële gemeenschappen te onderzoeken, hebben we zowel ecologische als genetische mechanismen onderzocht die de interacties tussen de tomatenplant en het microbiom tijdens het domesticatie-traject hebben beïnvloed.

De resultaten van het veldonderzoek in het oorsprongsgebied van de wilde tomaat *Solanum pimpinellifolium* in het Zuiden van Ecuador bracht een specifieke samenstelling van het rhizosfeer microbiom aan het licht, dat werd gedomineerd door Enterobacteriaceae en *Rhizobium* bacteriën, evenals de schimmeltaxa *Fusarium* en *Aspergillus*. De analyse van het metagenoom toonde verder aan dat deze bacteriële taxa eigenschappen bezitten zoals beweeglijkheid, chemotaxis, de productie van sideroforen, en stressbestendigheid, die mogelijk bijdragen aan hun succesvolle aanwezigheid in de rhizosfeer van deze wilde tomatensoort in hun natuurlijke habitat. Gecontroleerde kasexperimenten met zowel wilde als gedomesticeerde tomatensoorten, die groeiden in natuurlijke grond en landbouwgrond uit het oorsprongsgebied van de wilde tomaat alsook in Nederlandse kasgrond, toonden vervolgens aan dat zowel het tomaten-genotype als het bodemtype de samenstelling van het rhizosfeer microbiom beïnvloedden. Hoewel de microbioomsamenstelling van wilde tomaten-genotypen overeenkwam wanneer ze gekweekt werden in gronden uit hun natuurlijke oorsprongsgebied, kwam het rhizosfeer microbiom van de gedomesticeerde tomaat meer overeen met die gekweekt onder gecontroleerde omstandigheden in de Nederlandse kasgrond. Deze veranderingen in de samenstelling van het microbiom suggereren dat domesticatie onbedoeld kan hebben geleid tot een vermindering van nuttige micro-organismen en hun microbiële functies, zoals beweeglijkheid, chemotaxis en hun stressbestendigheid.

Ons vervolgonderzoek toonde aan dat de wilde tomaat, beter beschermd werd tegen vraat door het endemische insect *Prodidiplosis longifila* in aanwezigheid van zijn oorspronkelijke bodemmicrobiom. Tomatenplanten die gekweekt werden op gesteriliseerde natuurlijke grond en landbouwgrond vertoonden meer bladschade, wat gecorreleerd werd aan een verminderde relatieve aanwezigheid van Actinobacteriota, met name leden van het geslacht *Actinoplanes*. Een functionele analyse van *Actinoplanes* onthulde eigen-

schappen die mogelijk betrokken zijn bij plantengroei en stresstolerantie, met name de productie van secundaire metabolieten en de acquisitie van specifieke nutriënten. Deze resultaten ondersteunen de hypothese dat de wilde tomaat in haar natuurlijke leefomgeving, in tegenstelling tot gedomesticeerde familieleden, afhankelijk is van het rhizosfeer microbioom voor een adequate verdediging tegen herbivoren zoals *Prodidiplosis longifila*. Om meer te weten te komen over de rol van de plant bij het aangaan van deze microbiële relaties, onderzochten we de genetische basis van de assemblage van het rhizosfeer microbioom door gebruik te maken van recombinante inteelt lijnen (RILs) die afkomstig waren van een kruising tussen ouderplanten van de wilde tomaat *S. pimpinellifolium* en de gedomesticeerde tomaat *S. Lycopersicum* var. Moneymaker. Door microbioom analyses en kwantitatieve plantengenetica te integreren, identificeerden we diverse regio's in het tomatengenoom die verband houden met de differentiële rekrutering van specifieke bacteriesoorten, met name *Cellvibrio* en *Streptomyces* door respectievelijk wilde en gedomesticeerde tomaten. Deze waren wederzijds geassocieerd met planteneigenschappen zoals nutriëntenopname, stresstolerantie en ijzer metabolisme, en microbiële functies zoals koolstofgebruik, de aanmaak van vitamines en ijzeropname.

Gezamenlijk laten de resultaten van dit proefschrift zien dat domesticatie niet alleen de eigenschappen van planten heeft veranderd, maar ook het microbioom van de rhizosfeer van deze planten, waardoor de diversiteit en de functionele eigenschappen die verband houden met de stressbestendigheid van planten zijn veranderd. Deze inzichten benadrukken het belang van de integratie van microbioomonderzoek in de huidige plantenveredelingsstrategieën, waardoor nuttige micro-organismen die ontdekt worden in de microbiomen uit oorsprongsgebieden van de voorouders van onze huidige landbouwgewassen kunnen bijdragen aan het herstel van veerkrachtigere en duurzamere landbouwecosystemen.