



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).

Resumen

La domesticación y mejoramiento de las plantas han modificado sustancialmente los rasgos genéticos y fenotípicos de las especies cultivadas. Sin embargo, el impacto de la domesticación sobre la diversidad taxonómica y funcional de los microorganismos asociados a los tejidos vegetales sigue siendo en gran medida desconocido. El trabajo presentado en esta tesis se centra en el tomate y en cómo su domesticación ha moldeado la diversidad, estructura y potencial funcional del microbioma asociado a sus raíces. Al examinar las complejas relaciones entre el genotipo del tomate, el ambiente del suelo y la composición de la comunidad microbiana, buscamos descubrir los mecanismos ecológicos y genéticos que regulan las interacciones entre plantas y microorganismos a lo largo de la trayectoria de la domesticación.

La exploración de campo en el hábitat nativo del tomate silvestre *Solanum pimpinellifolium* en el sur de Ecuador reveló un ensamblaje determinístico del microbioma de la rizosfera, dominado por Enterobacteriaceae y *Rhizobium*, así como por los hongos *Fusarium* y *Aspergillus*. El análisis metagenómico reveló que estos taxones bacterianos poseen características como motilidad, quimiotaxis, producción de sideróforos y resistencia al estrés, que podrían contribuir a su exitoso establecimiento en la rizosfera del tomate silvestre bajo las difíciles condiciones ambientales de su hábitat nativo. A partir de estos resultados, experimentos controlados con genotipos silvestres y domesticados de tomate cultivados en suelos nativos y agrícolas de Ecuador, el centro de origen, así como en suelo de invernadero procedente del centro de producción de tomate, demostraron que tanto el genotipo de la planta como el tipo de suelo determinaron la composición del microbioma de la rizosfera del tomate. Mientras que los genotipos silvestres conservaron similitudes en la composición del microbioma asociadas a las condiciones de sus suelos nativos, la composición del microbioma de la rizosfera del tomate domesticado se alineó con condiciones de suelos agrícolas. Estos cambios en la composición del microbioma sugieren que la domesticación puede haber provocado, de forma no intencionada, la pérdida de microorganismos y de funciones microbianas benéficas, como la motilidad, quimiotaxis y la respuesta al estrés.

Un análisis más profundo reveló consecuencias funcionales específicas de estos cambios. Los resultados mostraron que, en presencia de su microbioma nativo del suelo, el tomate silvestre está mejor protegido contra la herbivoría por el insecto endémico *Prodidiplosis longifila*. Las plantas de tomate cultivadas en suelos nativos y agrícolas esterilizados mostraron mayor daño foliar, el cual se correlacionó con una menor abundancia relativa de Actinobacteriota, en particular de miembros del género *Actinoplanes*. El análisis funcional de este género reveló características potencialmente implicadas en el crecimiento vegetal y la tolerancia al estrés, en especial la producción de metabolitos

secundarios y transporte de nutrientes. Estos hallazgos respaldan la hipótesis de que el tomate silvestre, a diferencia de su contraparte domesticada, depende de socios microbianos en su hábitat nativo para defenderse de los herbívoros. Para descubrir el papel de la planta en el establecimiento de estas relaciones microbianas, se investigaron las bases genéticas del ensamblaje del microbioma usando una población de líneas endogámicas recombinantes (RIL) derivadas del cruce entre el tomate silvestre *Solanum pimpinellifolium* y el tomate domesticado *S. lycopersicum* var. Moneymaker. Mediante la integración de “microbiómica” con genética cuantitativa vegetal, se identificó regiones genómicas asociadas al reclutamiento diferencial de *Cellvibrio* y *Streptomyces* por parte del tomate silvestre y domesticado, respectivamente. Estas asociaciones se relacionaron recíprocamente con rasgos vegetales vinculados a la absorción de nutrientes, la tolerancia al estrés y funciones metabólicas, mientras que los rasgos microbianos correspondientes incluyeron la utilización de carbono, la síntesis de vitaminas y la adquisición de hierro.

En conjunto, los resultados de esta tesis demuestran que la domesticación ha transformado no solo los rasgos de las plantas, sino también el microbioma de la rizosfera, alterando su diversidad y características funcionales asociadas a la resiliencia frente al estrés de las plantas. Estos hallazgos destacan la importancia de integrar la investigación sobre microbiomas en las estrategias de mejoramiento vegetal, con el fin de reincorporar miembros benéficos de las comunidades microbianas nativas y avanzar hacia ecosistemas agrícolas más resilientes y sostenibles.