



## Desvendando as complexas relações entre micro-organismos e plantas

Maria Caroline Quecine<sup>a</sup>, Maria Letícia Bonatelli<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/Universidade de São Paulo, Departamento de Genética, Av. Pádua Dias, 11, Piracicaba, São Paulo, Brasil. E-mail: mquecine@usp.br, mlbonatelli@gmail.com

### Informação do artigo

**Editor Chefe:** R.F.A.Veiga  
**Editor N° Especial:** F.V.D.Souza  
**Ano:** 2019  
**Volume:** 5  
**Número:** 1  
**Página:** 57-63

### Palavras-chave:

*Biodiversidade*  
*Agricultura*  
*Biocontrole*  
*Patógeno*  
*Promoção de crescimento*

### RESUMO

Os micro-organismos podem estabelecer diferentes relações com as plantas. Podem promover o crescimento vegetal ou realizar o biocontrole de patógenos, ou mesmo, eles serem os patógenos. Dessa forma, existe o interesse em saber quem são esses micro-organismos capazes de colonizar as plantas e quais são os mecanismos envolvidos na interação entre eles. O presente artigo traz os trabalhos realizados pela pesquisadora Maria Carolina Quecine que focaram elucidar aspectos da complexa interação micro-organismos-planta.

### ABSTRACT

**(Deciphering the complex relationship between microorganisms – plants)** Microorganisms can establish different relationships with plants. They can either promote plant growth or perform pathogens biocontrol or even be the pathogens themselves. Thus, there is an interest in knowing who are these microorganisms capable of colonizing the plants and what are the mechanisms involved in the interactions between them. This article presents the works carried out by the researcher Maria Carolina Quecine that focused on elucidating aspects of the microorganisms-plant interaction.

### Introdução

Os micro-organismos estão em todas as partes. Eles são capazes de habitar os ambientes mais inóspitos: geleiras, fontes termais, mares ultra salinos, mas também colonizam animais, incluindo os seres humanos, e as plantas. Nelas, os micro-organismos podem colonizar das raízes às mais altas folhas, sendo que a relação estabelecida entre eles pode ser benéfica, neutra ou prejudicial à saúde das plantas. Por isso, muitos grupos de pesquisa têm focado sua atenção em entender quem são esses micro-organismos e quais são os mecanismos que regem suas interações com as plantas.

Historicamente, sabe-se que o solo fornece suporte para as plantas, ainda servindo de uma importante fonte de micro-organismos para elas. Em 1888, Martinus Beijerinck foi o primeiro cientista a isolar a bactéria *Bacillus radicola*, habitando os nódulos das raízes das

leguminosas, e propôs que a fonte de inoculação seria o solo. Em 1904, Hiltner cunhou o termo rizosfera como a zona do solo sob influência da raiz e encontrou mais micro-organismos nessa região do que em outras partes do solo. Ele hipotetizou que esses micro-organismos poderiam influenciar o crescimento das plantas (BOWEN; ROVIRA, 1961).

Atualmente, sabe-se da grande diversidade microbiana existente no solo, estima-se que existam cerca de  $10^9$  micro-organismos em uma colher de chá de solo (EDITORIAL, 2011). Mesmo considerando que os tamanhos dos genomas bacterianos variam, uma célula bacteriana típica tem cerca de 4.000 genes, o que resultará em mais de  $10^{12}$  genes bacterianos por grama de solo, demonstrando o enorme potencial de recursos genéticos disponíveis nesse ambiente tão importante para as plantas (MANTER et al., 2017).

Além de habitar raízes e rizosfera, os micro-organismos colonizam outros tecidos das plantas, tais como, ramos, folhas, frutos e sementes. Em todos os tecidos da planta, os micro-organismos podem habitar a superfície – levando o nome de epifíticos – ou regiões internas da planta – sendo chamados de endofíticos (AZEVEDO et al., 2000).

Essas regiões possuem características bem distintas. O ambiente da superfície foliar, por exemplo, é caracterizado por grandes e rápidas variações, como de temperatura e de umidade relativa, e baixa disponibilidade de nutrientes (LINDOW; BRANDL, 2003). Já o ambiente interno das plantas, onde os endofíticos colonizam, é mais rico em nutrientes e água, protegido das variações do ambiente, porém esses micro-organismos precisam garantir que não vão eliciar respostas de defesa da planta (HARDOIM; VAN OVERBEEK; VAM ELSAS, 2008).

O Laboratório de Genética de Micro-organismos “João Lúcio de Azevedo” tem sólida experiência na investigação da genética de micro-organismos. E nessa área, a professora Maria Carolina Quecine conduz linhas de pesquisa voltadas à compreensão das relações estabelecidas entre os micro-organismos e as plantas, sejam elas benéficas ou prejudiciais à saúde das plantas. O presente artigo irá abordar os principais trabalhos publicados pela professora Quecine e seu grupo de pesquisa, focando na descrição das comunidades microbianas de planta, na prospecção de seus potenciais biotecnológicos e na compreensão das complexas relações estabelecidas entre micro-organismo e planta.

## Relações benéficas

### *Promoção de crescimento de plantas*

O termo rizobactéria promotora de crescimento de planta (em inglês, *plant growth-promoting rhizobacteria* ou PGPR) foi cunhado pela primeira vez por Kloepper e Schroth (1978) para descrever rizobactérias capazes de induzir o crescimento de planta através da inoculação destas em sementes. De maneira geral, nos dias de hoje, essa definição pode incluir bactérias que colonizam a rizosfera, o rizoplaneo ou a própria raiz (GRAY; SMITH, 2005), sendo assim melhor denominadas bactérias promotoras de crescimento de plantas (BPCP) e que promovem, de forma indireta ou direta, o crescimento das plantas.

Os mecanismos diretos de promoção de crescimento das BPCPs incluem a facilitação de aquisição de recursos/nutrientes e a modulação de fitohormônios, enquanto os mecanismos indiretos se referem ao

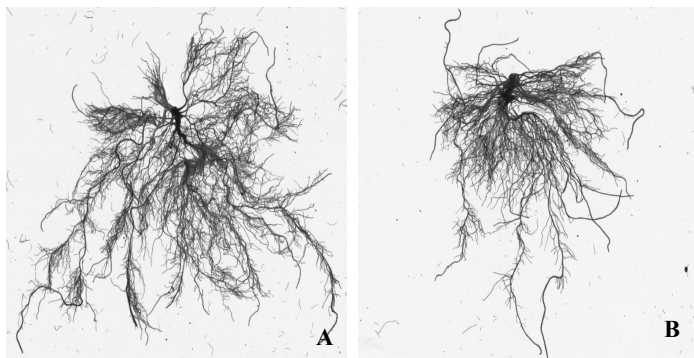
biocontrole de patógenos (GLICK, 2012). Dentre os mecanismos diretos, temos a fixação de nitrogênio, solubilização de fosfato, produção de sideróforos e modulação do nível de fitohormônios; já dentre os mecanismos indiretos, podemos citar a atuação dos micro-organismos como agentes de biocontrole.

Uma das primeiras bactérias investigadas utilizando técnicas de biologia molecular pela pesquisadora Maria Carolina Quecine, foi a *Pantoea agglomerans* linhagem 33.1. Ela foi previamente isolada de *Eucalyptus grandis* e descrita como promotora de crescimento dessa espécie vegetal. Essa bactéria foi avaliada quanto ao potencial de promoção de crescimento de cana-de-açúcar e, de fato, *P. agglomerans* 33.1 promoveu o crescimento dessa planta em casa de vegetação, aumentando a sua massa seca. Em ensaios bioquímicos foram detectadas as altas produções de ácido-indol-acético e fosfatases pela linhagem 33.1, sendo esses, importantes mecanismos envolvidos na promoção de crescimento vegetal. Além disso, a presença da bactéria aumentou a produção de proteínas de resistência, como quitinases e celulases, sugerindo que ela pode induzir o sistema de defesa da planta. A colonização cruzada de cana-de-açúcar pela linhagem bacteriana foi comprovada por diversas técnicas, sendo inclusive desenvolvido o plasmídeo integrativo pNKGFP, que foi utilizado no monitoramento da bactéria na planta. O mesmo tem sido utilizado em outros estudos de interação planta-endófito (QUECINE et al., 2012)

Além de estudos moleculares utilizados para compreender as interações de BPCP com seus hospedeiros, a bioprospecção de micro-organismos com alta capacidade de promoção de crescimento de plantas é uma importante estratégia para viabilizar a aplicação dos mesmos em campo. O acesso de comunidades microbianas de ambientes pouco explorados, ou com características únicas, podem representar importantes fontes de recursos genéticos não explorados.

A planta *Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart.) Ducke, conhecida como guaraná, é uma importante cultura da região Amazônica. Essa planta representa uma significativa fonte econômica para produtores da região de Maués (AM), local que é o centro de origem da espécie. As bactérias associadas à rizosfera da planta foram acessadas e investigadas quanto aos seus potenciais de promoção de crescimento vegetal. As características de promoção de crescimento de plantas avaliadas foram: produção de auxina, solubilização de fosfato, fixação de nitrogênio e produção de sideróforo. Treze bactérias possuíam as 4 características, dando enfoque aos isolados *Bacillus* sp. (RZ2MS9) e *Burkholderia ambifaria*

(RZ2MS16) (Figura 1) (BATISTA et al., 2018).



**Figura 1.** Promoção de crescimento de raiz pela bactéria *Bacillus* sp RZ2MS9 (A), quando comparada com o controle (B) (Foto gentilmente cedida por Bruna Durante Batista).

Em ensaios realizados em casa de vegetação, as bactérias aumentaram o peso seco da raiz de milho em 247,8 e 136,9%, considerando RZ2MS9 e RZ2MS16, respectivamente. Além disso, ao estudar o comportamento da bactéria RZ2MS16 através da transformação desta com gene da proteína verde fluorescente (do inglês, *green fluorescent protein*), foi observado o comportamento endófito dessa bactéria, demonstrando que, apesar de ter sido isolada da rizosfera, ela é capaz de colonizar outras partes de plantas de milho e soja (BATISTA et al., 2018).

Em outro estudo, visando também explorar a biodiversidade brasileira, bactérias foram isoladas das plantas *Rhizophora mangle*, *Laguncularia racemosa* e *Avicennia nitida*, espécies vegetais nativas do mangue brasileiro. O mangue é um ecossistema costeiro de transição entre os ambientes terrestre e marinho, portanto, está sujeito ao regime de marés e a exposição à uma alta concentração salina. Tais características tornam esse sistema único. Essas bactérias foram testadas para fixação de nitrogênio, solubilização de fosfato e produção de ácido indol acético. Dentre as bactérias testadas, destaca-se a *Enterobacter* sp. (MCR1.48) que aumentou a massa seca da parte aérea da espécie *Acacia polyphylla*, que é utilizada para reflorestamento (CASTRO et al., 2018).

### Biocontrole

Apesar do biocontrole poder ser considerado um importante mecanismo indireto de promoção de crescimento, ele tem também fundamental aplicação na agricultura para o controle de fitopatógenos. O estudo de micro-organismos da planta, tanto endofíticos, como epifíticos, para a procura por agentes de biocontrole, faz-se interessante por eles habitarem os mesmos ambientes

que os patógenos. Porém, os mecanismos envolvidos no controle podem variar, a depender do patógeno, da planta e outros, sendo possível explorar diferentes estratégias.

A antracnose é uma doença que acomete o guaranazeiro e pode gerar perdas significativas na produção da cultura. A comunidade microbiana do guaraná foi estudada para melhor entender a relação dos micro-organismos com o patógeno, assim como para buscar potenciais agentes de biocontrole. Para isso, bactérias da semente do guaranazeiro foram isoladas e testadas contra o patógeno *Colletotrichum* sp., onde 15% dos isolados demonstraram atividade antagonista. Os isolados pertenciam majoritariamente ao gênero *Bacillus*. Esse estudo mostra o potencial de aplicação de tais bactérias no controle desse fitopatógeno (SILVA et al., 2016).

Mas não somente bactérias foram acessadas. Os fungos pertencentes à lesão característica da antracnose (Figura 2) também foram isolados e testados contra o patógeno. Três isolados demonstraram potencial de inibição do *Colletotrichum* sp. *in vitro* e *in vivo*, os fungos *Fusarium* sp. C6 e C10, e *Pestalotiopsis* sp. C3. Ao investigar o mecanismo que pode estar envolvido na inibição, *Fusarium* sp. C6 produziu quitinase e *Fusarium* sp. C6 e C10, e *Pestalotiopsis* sp. C3 produziram compostos orgânicos voláteis (BONATELLI et al., 2016).



**Figura 2.** Diversidade dos fungos isolados da lesão típica da antracnose no guaranazeiro.

Foi também avaliado o papel de quitinases, produzidos por isolados de *Streptomyces* sp., no controle de diferentes fungos patogênicos. Quitinases são enzimas que degradam quitina e essa molécula está presente na parede celular dos fungos. Foi observada uma grande correlação genética entre isolados produtores de quitinases e o controle de *Colletotrichum sublineolum*, agente causal da antracnose em sorgo (QUECINE et al., 2008).

Para investigar o papel de metabólitos secundários no controle de fitopatógenos, utilizou-se da estratégia de genética reversa. A bactéria *Pseudomonas fluorescens*, Pf-5, habitante natural da rizosfera de muitas plantas, é descrita como agente de biocontrole de inúmeras doenças de solo e como produtora de, no mínimo, 10 diferentes

metabólitos secundários, incluindo vários com propriedades antifúngicas. Assim, através de mutações sítio-dirigidas, foram obtidos vários mutantes de Pf-5, contendo simples e múltiplas mutações, nos genes presentes em grupo gênico de biossíntese de metabólitos com atividade antifúngica: 2,4-diacetil-floroglucinol (PHL), pirrolnitrina, pioluteorina, cianeto de hidrogênio e rizoxina, além de dois sideróforos, pioverdina e pioquelina. Esses mutantes foram testados contra isolados patogênicos de milho e cana-de-açúcar, *Fusarium verticillioides*, além de isolados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *pisi*, patógenos de ervilha. Esses fitopatógenos demonstraram resultados similares, mas não idênticos, quanto a sensibilidade aos metabólitos produzidos por Pf-5. Entretanto, para todos os fitopatógenos, o PHL e a rizoxina foram os principais metabólitos responsáveis no antagonismo dos mesmos (QUECINE et al., 2016a).

O biocontrole não se dá apenas nos micro-organismos que conseguem inibir ou cessar o crescimento dos fitopatógenos, também é possível aplica-los no controle de insetos pragas. A linhagem *P. agglomerans* 33.1 foi avaliada *in vitro* contra isolados patogênicos de cana-de-açúcar, *Fusarium verticillioides*, agente causal de *Pokkah boeng*. A linhagem inibiu pouco o crescimento do isolado de *F. verticillioides*. Então, foi utilizada a estratégia de transformar a linhagem 33.1 com o plasmídeo pJTT, o qual carrega o gene *cryIAC7*, visando o controle do inseto praga associado à *Pokkah Boing*. Após a confirmação da inserção do gene no cromossomo bacteriano, foram conduzidos bioensaios de dieta artificial visando o controle da praga *D. saccharalis* pela linhagem 33.1:pJTT. Confirmado o potencial de controle das lagartas pela linhagem 33.1:pJTT, uma nova metodologia foi desenvolvida, submetendo as lagartas de *D. saccharalis* aos fragmentos de colmos autoclavados e tratados com a linhagem. Os resultados demonstraram que a linhagem 33.1:pJTT foi capaz de aumentar a taxa de mortalidade das lagartas *D. saccharalis* em dieta artificial e em dieta de colmos de cana-de-açúcar, sendo observado, inclusive, um retardamento do desenvolvimento larval até o estágio de pupa, além da diminuição do peso larval, confirmando o potencial de aplicação dessa bactéria para o controle da larva (QUECINE et al., 2014).

### Patógenos

Apesar da maioria dos micro-organismos ser benéfica, os principais estudos que focam na interação micro-organismos-planta investigam os fitopatógenos. Essa também é uma vertente que o grupo de Quecine vem

abordando, utilizando estudos moleculares para melhor compreender a interação planta-patógeno.

*Austropuccinia psidii* (conhecido como *Puccinia psidii*) é o agente causal da ferrugem das mirtáceas (Figura 3). O patógeno é capaz de infectar cerca de 244 espécies de mirtáceas, distribuídas em 56 gêneros. Inicialmente, a ferrugem das mirtáceas era restrita à América do Sul porém, atualmente, é encontrada no mundo todo, tornando-se um problema global. No entanto, apesar de sua importância, pouco se sabe sobre a biologia e a história evolutiva de *A. psidii*.



**Figura 3.** Fungo *Austropuccinia psidii* infectando Eucalipto (Foto gentilmente cedida por Jéssica Aparecida Ferrarezi).

Dois questões a respeito desse fitopatógeno são o foco de pesquisa da professora Quecine. *Eucalyptus grandis*, o eucalipto, não é uma espécie nativa do Brasil, no entanto, *A. psidii* consegue infectar essa planta e ainda não se sabe como, em um tempo evolutivamente pequeno. Outro ponto muito importante e ainda não elucidado sobre essa doença é sobre o ciclo sexual desse patógeno, pois ele ocorre somente em *Syzygium jambos*, não em eucalipto. Assim, utilizando distintas ferramentas provenientes da era das *ômicas*, a complexa interação *A. psidii* – *Eucalyptus* spp. está começando a ser compreendida pelo grupo com maior detalhamento.

A partir dos princípios da biologia de sistema, o grupo de Quecine vem avançando substancialmente no estudo integrado dos genes, transcritos e proteínas de *A. psidii* durante o processo de infecção em *Eucalyptus* spp., e, mais recentemente, em *S. jambos*. O *draft* do genoma do patógeno, estimado em 630 Mb, possui tamanho muito maior, na média, do que o encontrado em outros genomas fúngicos. E, apesar de preliminar, o *draft* permitiu avanços no estudo de genes efetores, de genes relacionados ao ciclo celular e dos elementos móveis, e na obtenção do genoma mitocondrial (dados não publicados).

A análise de proteômica dos uredosporos de *A. psidii*, proveniente de frutos de goiaba e folhas de eucalipto, foi realizada gerando dados inéditos na literatura. Foi observada a presença de várias proteínas exclusivas, bem como de algumas diferencialmente expressas de acordo com a origem da população, sendo uma provável consequência da variabilidade fisiológica apresentada nesse fungo (QUECINE et al., 2016b). Além disso, utilizando a tecnologia de qPCR, foram desenvolvidos *primers* específicos para monitoramento e diagnóstico precoce do patógeno durante o processo de infecção em eucalipto (BINI et al., 2018).

Os dados obtidos até o momento têm colaborado para o melhor entendimento da biologia desse patógeno quanto a sua morfogênese e ao seu processo de patogênese. Além disso, com uma abordagem pouco explorada em estudo de interação patógeno-planta, o presente estudo futuramente possibilitará o desenvolvimento de um banco de dados de genes, transcritos e proteínas de *A. psidii*, que poderão ser utilizados por outros grupos de pesquisa. E a partir das inter-relações dessas

moléculas, será possível realizar um entendimento holístico da interação micro-organismo-plantas.

### Recursos genéticos

Os micro-organismos das plantas representam um grande potencial de recursos genéticos com aplicações em diversas áreas: promoção de crescimento de plantas, biocontrole, biotecnologia, entre outros.

Assim, o Laboratório de Genética de Micro-organismos “João Lúcio de Azevedo” possui coleções de culturas de micro-organismos isolados de diferentes plantas ou habitats. Dos trabalhos citados neste artigo, o sumário dos micro-organismos acessados, bem como disponíveis na coleção, está descrito na Tabela 1.

Mais recentemente, dois *drafts* de genoma de bactérias promotoras de crescimento foram publicados pelo grupo, sendo eles dos isolados *Bacillus* sp. RZ2MS9 e *B. ambifaria* RZ2MS16 (BATISTA et al., 2016a; BATISTA et al., 2016b).

A importância da manutenção de coleções de micro-organismos está na disponibilização dos mesmos para estudos futuros, que podem ser desenvolvidos por alunos de graduação e pós-graduação, com a finalidade de investigar o potencial de aplicação dos mesmos. Além disso, tais coleções são necessárias para proteger o patrimônio genético microbiano.

**Tabela 1.** Micro-organismos isolados, ou populações, investigadas nos artigos publicados pelo grupo da professora Maria Carolina Quecine-Verdi.

Artigo	Isolados		Origem
	Bacterianos	Fúngicos	
Quecine et al. (2008)	25	6	Diversas plantas
Quecine et al. (2014)	3*	0	Eucalipto
Bonatelli et al. (2016)	-	15	Folhas Guaranazeiro
Quecine et al. (2016a)	20*	3	Diversas locais
Quecine et al. (2016b)	-	2**	Folhas de Eucalipto e Goiabeira
Silva et al. (2016)	102	-	Sementes Guaranazeiro
Batista et al. (2018)	96	-	Rizosfera Guaranazeiro
Bini et al. (2018)	-	4**	Diversas plantas
		7***	
Castro et al. (2018)	115	-	Árvores Manguezal

\* Contabilizando linhagens mutantes. \*\* Populações de *Austropuccinia psidii*. \*\*\* Espécies isoladas utilizadas no estudo BINI et al. (2018).

### Perspectivas e desafios

As relações que se estabelecem entre os micro-organismos e as plantas são complexas e a compreensão dos aspectos que permeiam tais relações ainda é um desafio.

As técnicas de sequenciamento de nova geração (em inglês *Next Generation Sequencing* - NGS) representaram um avanço no conhecimento da diversidade desses micro-organismos, já que a maioria deles não é cultivada em laboratório. Mas, mais do que saber qual micro-organismo está presente em qual planta, ou região

da planta, os pesquisadores têm focado em entender qual papel eles desempenham. A metagenômica é utilizada para estudar as funções realizadas pela comunidade microbiana da planta (KNIEF, 2014).

O avanço na espectrometria de massas também possibilitou abordagens investigativas importantes, como o estudo da proteômica e metabolômica dos micro-organismos de planta. Seja focado nas proteínas, revelando mecanismos envolvidos nessa relação (KAUL; SHARMA; DHAR, 2016) ou nos metabólitos, desvendando o papel dessas pequenas (FEUSSNER; POLLE, 2015), essas tecnologias vêm possibilitando uma melhor compreensão do sistema micro-organismo-planta.

Por fim, novas técnicas de biologia molecular, como a técnica CRISPR de edição genética, podem ser

ferramentas importantes para desvendar o papel de proteínas e outras moléculas na interação entre os micro-organismos e as plantas.

### Agradecimentos

As autoras agradecem todos os alunos do Laboratório de Genética de Micro-organismos “João Lúcio de Azevedo”, além de pesquisadores e colaboradores que participaram dos trabalhos aqui apresentados. As autoras também agradecem o suporte financeiro da FAPESP pela bolsa da MLB (Proc. N. 2017/18322-5) e pelo projeto Jovem Pesquisador concedido à MCQ (Proc. N. 2014/16804-4).

### Referências

- AZEVEDO, J.L.; MACCHERONI J.R.W.; PEREIRA, J.O.; ARAÚJO, W.L. Endophytic microorganisms: a review on insect control and recent advances on tropical plants. **Electronic Journal of Biotechnology**, v. 3, p. 15-16, 2000.
- BATISTA, B.D.; LACAVA, P.T.; FERRARI, A.; TEIXEIRA-SILVA, N.S.; BONATELLI, M.L.; TSUI, S.; MONDIN, M.; KITAJIMA, E.W.; PEREIRA, J.O.; AZEVEDO, J.L. QUECINE, M.C. Screening of tropically derived, multi-trait plant growth-promoting rhizobacteria and evaluation of corn and soybean colonization ability. **Microbiological research**, v. 206, p. 33-42, 2018.
- BATISTA, B.D.; TANIGUTI, L.M.; ALMEIDA, J.R.; AZEVEDO, J.L.; QUECINE, M.C. Draft genome sequence of multitrait plant growth-promoting *Bacillus* sp. strain RZ2MS9. **Genome announcements**, v. 4, p. e01402-16, 2016a.
- BATISTA, B.D.; TANIGUTI, L.M.; MONTEIRO-VITORELLO, C.B.; AZEVEDO, J.L.; QUECINE, M.C. Draft genome sequence of *Burkholderia ambifaria* RZ2MS16, a plant growth-promoting rhizobacterium isolated from guarana, a tropical plant. **Genome announcements**, v. 4, p. e00125-16, 2016b.
- BEIJERINCK, M.W. The root-nodule bacteria. **Botanische Zeitung**, v.46, p.725-804, 1888.
- BINI, A.P.; QUECINE, M.C.; SILVA, T.M.; SILVA, L.D.; LABATE, C.A. Development of a quantitative real-time PCR assay using SYBR Green for early detection and quantification of *Austropuccinia psidii* in *Eucalyptus grandis*. **European Journal of Plant Pathology**, v. 150, p. 735-746, 2018.
- BONATELLI, M.L.; TSUI, S.; MARCON, J.; BATISTA, B.D.; KITAJIMA, E.W.; PEREIRA, J.O.; AZEVEDO, J.L.; QUECINE, M.C. Antagonistic activity of fungi from anthracnose lesions on *Paullinia cupana* against *Colletotrichum* sp. **Journal of Plant Pathology**, v. 98, p. 197-205, 2016.
- BOWEN, G.D.; ROVIRA, A.D. The effects of micro-organisms on plant growth. **Plant and Soil**, v. 15, p. 166-188, 1961.
- CASTRO, R.A.; DOURADO, M.N.; ALMEIDA, J.R.D.; LACAVA, P.T.; NAVE, A., MELO, I.S.D.; AZEVEDO, J.L.; QUECINE, M.C. Mangrove endophyte promotes reforestation tree (*Acacia polyphylla*) growth. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 49, p. 59-66, 2018.
- EDITORIAL. Microbiology by numbers. **Nature Reviews Microbiology**, v.9, p.628, 2011.
- FEUSSNER, I.; POLLE, A. What the transcriptome does not tell—proteomics and metabolomics are closer to the plants' patho-phenotype. **Current opinion in plant biology**, v.26, p.26-31, 2015.
- GLICK, B.R. Plant growth-promoting bacteria: mechanisms and applications. **Scientifica**, article ID 963401, 2012.
- GRAY, E.J.; SMITH, D.L. Intracellular and extracellular PGPR: commonalities and distinctions in the plant–bacterium signaling processes. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 37, p. 395-412, 2005.
- HARDOIM, P.R.; VAN OVERBEEK, L.S.; VAN ELSAS, J.D. Properties of bacterial endophytes and their proposed role in plant growth. **Trends in microbiology**, v.16, p.463-471, 2008.
- KAUL, S.; SHARMA, T.; DHAR, M.K. “Omics” tools for better understanding the plant-endophyte interactions.

**Frontiers in plant science**, v. 7, p. 955, 2016.

KLOEPPER, J.W.; SCHROTH, M.N. Plant growth-promoting rhizobacteria on radishes. In: PROCEEDINGS OF THE 4TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON PLANT PATHOGENIC BACTERIA, 2, 1978, Gilbert-Clarey, Tours, France. **Annals**. Gilbert-Clarey, Tours, France, 1978, p.879-882.

KNIEF, C. Analysis of plant microbe interactions in the era of next generation sequencing technologies. **Frontiers in plant science**, v.5, p.216, 2014.

LINDOW, S.E.; BRANDL, M.T. Microbiology of the Phyllosphere. **Applied and Environmental Microbiology**, v.69, p.1875–1883, 2003.

MANTER, D.K.; DELGADO, J.A.; BLACKBURN, H.D.; HARMEL, D.; LEÓN, A.A.P.; HONEYCUTT, C.W. Opinion: Why we need a National Living Soil Repository. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.114, p.13587-13590, 2017.

QUECINE, M.C.; ARAUJO, W.L.; MARCON, J.; GAI, C.S.; AZEVEDO, J.L.; PIZZIRANI-KLEINER, A.A. Chitinolytic activity of endophytic *Streptomyces* and potential for biocontrol. **Letters in applied microbiology**, v. 47, p. 486-491, 2008.

QUECINE, M.C.; ARAÚJO, W.L.; ROSSETTO, P.B.; FERREIRA, A.; TSUI, S.; LACAVA, P.T.; MONDIN, M.; AZEVEDO, J.L.; PIZZIRANI-KLEINER, A.A. Sugarcane growth promotion by the endophytic bacterium *Pantoea agglomerans* 33.1. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 78, p. 7511–7518, 2012.

QUECINE, M.C.; ARAÚJO, W.L.; TSUI, S.; PARRA, J. R. P.; AZEVEDO, J.L.; PIZZIRANI-KLEINER, A.A. Control of *Diatraea saccharalis* by the endophytic *Pantoea agglomerans* 33.1 expressing cry1Ac7. **Archives of microbiology**, v.196, p.227-234, 2014.

QUECINE, M.C.; KIDARSA, T.A.; GOEBEL, N.C.; SHAFFER, B.T.; HENKELS, M.D.; ZABRISKIE, T.M.; LOPER, J. E. An Interspecies signaling system mediated by fusaric acid has parallel effects on antifungal metabolite production by *Pseudomonas protegens* strain Pf-5 and antibiosis of *Fusarium* spp. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 82, p. 1372-1382, 2016a.

QUECINE, M.C.; LEITE, T.F.; BINI, A.P.; REGIANI, T.; FRANCESCHINI, L.M.; BUDZINSKI, I.G.F.; MARQUES, F.G.; LABATE, M.T.V.; GONZALEZ, S.G.; MOON, D.H.; LABATE, C.A. Label-free quantitative proteomic analysis of *Puccinia psidii* uredospores reveals differences of fungal populations infecting eucalyptus and guava. **PLoS One**, v. 11, e0145343, 2016b.

SILVA, M.C.S.; POLONIO, J.C.; QUECINE, M.C.; ALMEIDA, T.T.; BOGAS, A.C.; PAMPHILE, J.A.; PEREIRA, J.O.; ASTOLFI-FILHO, S.; AZEVEDO, J.L. Endophytic cultivable bacterial community obtained from the *Paullinia cupana* seed in Amazonas and Bahia regions and its antagonistic effects against *Colletotrichum gloeosporioides*. **Microbial pathogenesis**, v. 98, p. 16-22, 2016.