



IMPACTO DA DOMESTICAÇÃO DO TRIGO EM SUA INTERAÇÃO COM BACTÉRIAS BENÉFICAS DA RIZOSFERA

Juliana Carneiro de **Carvalho**¹; Lilian S. Abreu S. **Costa**²; Josiane **Chiaramonte**³; Maíke **Rossmann**⁴; Rodrigo **Mendes**⁵

Nº 18407

RESUMO – O processo de domesticação do trigo, como outras espécies cultivadas, está relacionado à formação de civilizações sedentárias. A domesticação consiste na seleção de caracteres fenotípicos úteis para uso humano. A transição do ambiente natural para sistemas de produção modernos geram diversas mudanças no ambiente que podem acarretar em impactos na microbiota do solo cultivado. As plantas vivem em associação com microrganismos que auxiliam em funções como defesa, saúde e crescimento da planta, e esta associação deve-se a um longo processo de coevolução. Assumindo que existe a dependência dessa microbiota, acredita-se que cultivares modernos perderam algumas características para recrutar microrganismos específicos do hospedeiro durante o processo de domesticação. Trabalhos anteriores indicaram que os genótipos crioulos recrutam um microbioma diferente e mais complexo dos que os cultivares modernos. O objetivo deste trabalho foi acessar membros bacterianos do microbioma de quatro genótipos de trigo, dois ancestrais e dois modernos através da abordagem dependente de cultivo e identificar características benéficas nos isolados de bactéria através de testes. A ideia é que através deste trabalho, em conjunto com outros, seja possível obter informações sobre a diversidade microbiana e a descoberta de organismos benéficos que no futuro poderão ser utilizados como próbióticos para o crescimento de plantas.

Palavras-chaves: domesticação de plantas, microbioma da rizosfera, interação planta-microbioma.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Ciências Biológicas, UNICAMP, Campinas-SP; jucdcarvalho@gmail.com

2 Colaborador: Dra. em Fitopatologia (Agronomia), UFLA, Lavras-MG.

3 Colaborador: Msc. em Microbiologia do Solos (Biologia), UEM, Maringá-PR.

4 Colaborador: Dra. em Microbiologia de Solos (Biologia), UFV, Viçosa-MG.

5 Orientador: Pesquisador da Embrapa Meio Ambiente, Jaguariúna-SP; rodrigo.mendes@embrapa.br



ABSTRACT – *Wheat's domestication process, like other cultivated species, is related to the formation of sedentary civilizations. Domestication consists in the selection of useful phenotypic characters for human use. The transition from the natural environment to modern production systems generates several changes in the environment that can lead to impacts on the microbiota that lives in the cultivated soil. Plants live in association with microorganisms that aid in functions such as defense, health and plant growth, and this association is due to years of coevolution. Assuming that there is dependence between plants and microbiota, it is believed that modern cultivars have lost some traits to recruit host-specific microorganisms during domestication process. Previous work has indicated that wild genotypes recruit a different and more complex microbiome than modern cultivars. The objective of this work was to access bacterial members of the microbiome of four wheat genotypes, two ancestors and two modern through the culture dependent approach and to identify beneficial characteristics in the bacterial isolates through tests. The idea is that through this work, together with others, it will be possible to obtain information on the microbial diversity and the discovery of beneficial organisms that in the future could be used as probiotics for the growth of plants.*

Keywords: plant domestication, rhizosphere microbiome, plant-microbe interactions

1. INTRODUÇÃO

A domesticação do trigo, assim como de muitas espécies cultivadas, está intrinsecamente relacionada ao desenvolvimento e formação das civilizações humanas sedentárias. Nesse processo foi possível que o homem deixasse o estado de caçador-coletor e estabelecer povoados que geravam a própria fonte de alimento em um local fixo. O trigo foi um dos primeiros cultivos agrícolas domesticados, há cerca de dez mil anos no Crescente Fértil, localizado no Sudoeste da Ásia e, desde então, passou por um processo de grande expansão em todo o mundo (BELL, 1987). Atualmente, o trigo (*Triticum aestivum*) é uma das culturas mais importantes do mundo, ocupando cerca de 17% do total de terras cultivadas e fornecendo alimento básico para aproximadamente 35% da população mundial. (LAINO et al., 2015).

O processo de domesticação promove até hoje diversas mudanças nas características fenotípicas das plantas a fim de torná-las úteis para uso (GEPTS, 2004). Essas mudanças durante a domesticação foram acompanhadas por mudanças progressivas nas práticas ambientais e de



manejo. Assim, a domesticação de plantas associada à interferência antropogênica para sustentar altos rendimentos de produção, levou a um sistema pouco autônomo, com grandes necessidades de uso de pesticidas e fertilizantes para sobrepor problemas contra doenças e pragas, estresse abiótico e falta de nutrientes (MATSON et al., 1997). Muito se sabe das mudanças no ambiente na transição de um sistema natural para um agrícola, porém não é muito conhecido o efeito dessas mudanças nos microrganismos associados às plantas.

As plantas são colonizadas e vivem em associação com um número grandioso de microrganismos de diversos grupos e estudos revelam que eles podem causar efeitos profundos na germinação de sementes, vigor de plântulas, crescimento e desenvolvimento de plantas, nutrição, proteção a doenças e produtividade (MENDES et al., 2013). Em troca, as plantas direcionam o seu carbono produzido por fotossíntese para diversas regiões, como, por exemplo, a rizosfera, e assim fornecem substrato para as comunidades microbianas (MENDES et al., 2013). Esses microrganismos associados recebem o nome de microbioma da planta e incluem organismos tais como bactérias, fungos, oomicetos, nematóides, vírus, algas, archaea e artrópodes (BONKOWSKI et al., 2009; BUÉE et al., 2009; RAAIJMAKERS et al., 2009). A planta, através dos seus rizodépósitos, é capaz de regular a diversidade e atividade dos microrganismos nas raízes, e ao longo de anos de coevolução algumas plantas conseguiram estimular microrganismos com características positivas para crescimento e saúde, em seu próprio benefício.

Assumindo que as plantas dependem, pelo menos em parte, do microbioma da rizosfera, como um resultado de anos de seleção natural e evolução, para realizar funções vitais de crescimento, saúde e defesa, os cultivares modernos de plantas podem ter perdido algumas das características necessárias para recrutar a microbiota específica do hospedeiro durante o processo de domesticação, quando comparadas com os cultivares ancestrais que são mais diversificados e adaptados aos solos pré-agrícolas (WISSUWA et al., 2009; BULGARELLI et al., 2013; PEREZ-JARAMILLO et al., 2016)

Neste contexto, o grupo de trabalho realizou um estudo anterior considerando materiais crioulos e cultivares modernos de trigo. Em uma abordagem de sequenciamento de DNA metagenômico, foram utilizados primers específicos para acessar comunidades de bactérias (16S rRNA), fungos (ITS1/ITS2) e cercozoários (18S), e os resultados indicaram que os genótipos crioulos recrutam um microbioma diferente e mais complexo do que o recrutado pelos cultivares modernos. Assim, após o uso da abordagem de estudo independentes de cultivo, o objetivo deste trabalho foi acessar membros bacterianos do microbioma de 2 genótipos crioulos e 2 cultivares

modernos de trigo através da abordagem dependente de cultivo e identificar características benéficas nos isolados de bactéria. A ideia, é que através deste trabalho, em conjunto com outros, seja possível obter informações sobre a diversidade microbiana e a descoberta de organismos benéficos que no futuro poderão ser utilizados como próbióticos para o crescimento de plantas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material vegetal utilizado

A escolha dos materiais vegetais utilizados foi realizada de acordo os seguintes critérios: disponibilidade no Banco de Germoplasma da Embrapa Trigo, pertencentes a espécie *Triticum aestivum* e capazes de crescer e se desenvolver nas condições climáticas de São Paulo. Foram selecionados dois materiais ancestrais considerando o centro de origem: Karakilcik (originado na Turquia), Iran 1-29-11334 (originado no Iran) e duas variedades modernas atualmente comercializadas BRS Guamirim, originada em 2005 e Quartzo, originada em 2007 (Figura 1). Os quatro cultivares de trigo foram cultivados em vasos com solo agrícola coletado em Assis – SP (coordenadas: 29° 39' 42" S e 50° 24' 44" O). Cada cultivar contou com 4 repetições, totalizando 16 amostras de trabalho.

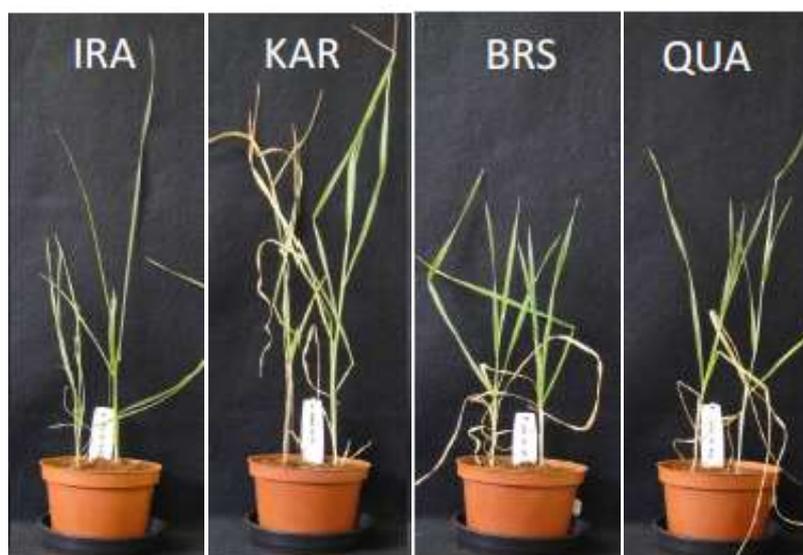


Figura 1. Genótipos de trigo utilizados no estudo. IRA = Iran 1-29-11334, originado no Iran (W1); KAR = Karakilcik, originado na Túrquia (W2); BRS = BRS Guamirim (C5); QUA = Quartzo (C6).



2.2. Diluição seriada, plaqueamento e contagem das Unidades Formadoras de Colônias (UFCs)

O solo rizosférico de cada uma das amostras foi coletado na fase reprodutiva das plantas, segundo o código decimal 60-69 e 70-79 para as fases de crescimento dos cereais de Zadoks, Chang e Konzak (1974) e diluído em solução salina 0,85%, compondo a primeira diluição (10^{-1}) da diluição seriada. Posteriormente, 1 mL dessa solução foi preservado em -80°C . As 16 amostras foram reativadas em água aquecida a 37°C por 5 minutos e adicionadas a 9 mL de solução salina 0,85% (10^{-2}). Um volume de 1 mL do tubo 10^{-2} foi adicionado a 9 mL de solução salina e assim por diante, até o tubo de diluição 10^{-5} . As diluições 10^{-3} , 10^{-4} e 10^{-5} foram selecionadas para o trabalho.

Um volume de 100 μL das diluições 10^{-3} , 10^{-4} e 10^{-5} foram adicionados à placas de TSA (*Tryptic Soy Agar*) 1:10 e espalhados com a alça de Drigalski. O procedimento foi realizado com 3 repetições para cada diluição, totalizando 144 placas que foram incubadas à 28°C por 4 dias.

Após o período de incubação, foi feita a contagem de Unidades Formadoras de Colônias (UFCs) resultantes das três diluições do solo rizosférico. Foi estipulado que as placas com número de UFCs maior que 300 e menor que 30 seriam descartadas. Dentre as que restaram, foi escolhida uma placa para cada uma das 16 amostras que melhor representasse a comunidade microbiana.

2.3. Isolamento das colônias e preservação do material

O isolamento foi feito através da técnica de esgotamento transferindo colônias das placas de diluição para placas de TSA fazendo movimento de zig-zag para obter colônias puras.

O próximo passo foi a preservação dos isolados que ocorreu de duas formas: em Castellani, utilizando água ultrapura autoclavada três vezes, e em glicerol 20%. O volume de 1,5 mL de cada uma dessas soluções foi adicionado a um tubo criogênico, onde os isolados foram depositados. O Castellani foi mantido na geladeira à 4°C e o glicerol em -80°C .

2.4. Triagem de isolados para características benéficas

2.4.1. Antagonismo contra patógenos de solo

Para este teste, os fungos *Bipolaris sorokiniana* e *Fusarium graminearum*, dois patógenos de trigo, foram repicados em BDA (Batata Dextrose Ágar) e incubados por 5 dias. Foi retirada uma alíquota de 60 μL dos tubos do Castellani para o crescimento dos isolados em meio GY (10 g de extrato de levedura, 15 g de ágar, 0,01 g de $\text{FeSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$, 0,5 g de KCl, 0,5 g de MgSO_4 , 1 g de



K_2HPO_4 e 10 g de dextrose, para 1L) por 24 h. Em BDA foi colocado um disco do fungo com 4 isolados para um screening inicial. Posteriormente, aqueles isolados que inibiram o crescimento dos fungos foram testados individualmente com triplicatas. O diâmetro do halo de inibição, o diâmetro da colônia e o tamanho do fungo foram medidos.

2.4.2. Solubilização de fósforo

Para o teste de solubilização de fósforo, os isolados foram repicados em meio GY e incubados à 28°C por 48h. Em meio NBRIP ($C_6H_{12}O_6$ 10 g, $MgCl_2 \cdot 6H_2O$ 5 g, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 0,25 g, KCl 0,2 g, $(NH_4)_2SO_4$ 0,1 g, $Ca_3(PO_4)_2$ 5 g, ágar 15 g para 1 L) os isolados foram transferidos e incubados à 28°C. Após 15 dias o teste foi avaliado, e aqueles isolados que formaram halo no entorno da colônia foram capazes de solubilizar o fosfato do meio de cultura.

2.4.3. Produção de Ácido Indol Acético (AIA)

Este método foi adaptado de Bric et al. (1991). Para o teste, os isolados foram repicados em meio GY e incubados à 28°C por 48 h. Após esse período, em uma mesma placa contendo TSA (1:10) e 5 mM de L-triptofano (1,021 g por L), 3 a 4 isolados foram inoculados. Esta placa foi coberta com uma membrana de nitrocelulose e incubada por 24 h à 28°C. Posteriormente, a membrana foi saturada com Solução de Salkowski (GORDON; WEBER, 1951) e deixada à temperatura ambiente no escuro, por 2 h. Os isolados que formaram um halo avermelhado na membrana foram os produtores de AIA.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Contagem das UFCs e isolamento das bactérias da rizosfera do trigo

Das 144 placas contabilizadas, foram obtidas as médias das contagens de UFCs por diluição e por genótipo, conforme a Tabela 1 a seguir.

Tabela 1. Contagem das UFCs por genótipo e por diluição.

Genótipos	Diluições		
	10^{-3}	10^{-4}	10^{-5}
Wild1 (W1)	159,97	58,75	19,58



Wild2 (W2)	167,42	66,92	21,17
Cult5 (C5)	207,42	54,50	16,08
Cult6 (C6)	167,67	61,67	15,67

As diluições utilizadas para o isolamento foram adequadas e permitiram a contagem do número de UFCs, porém de acordo com os resultados obtidos, não houve diferença significativa pelo teste Tukey ($p < 0,05$) entre a frequência de isolamento quando comparamos os cultivares crioulos e os modernos. Isso se deve, porque o acesso à comunidade microbiana que está no solo é muito limitado quando abordados em experimentos *in vitro*. As tecnologias de sequenciamento de última geração demonstraram que apenas uma minoria (5%) de bactérias foi cultivada pelas metodologias atuais e que uma proporção significativa dos filos bacterianos detectados por essas tecnologias ainda não possui representantes cultivados (MENDES et al., 2013).

Foram obtidos ao final do isolamento 138 isolados puros, sendo 32 isolados para o cultivar correspondente ao genótipo wild 1 (W1), 37 para o genótipo wild 2 (W2), 32 para o genótipo cult6 (C6) e 37 para o genótipo cult5 (C5). Esses números correspondem a soma dos isolados de cada repetição por cultivar.

3.2. Caracterização dos isolados

Na Tabela 2 são apresentados os resultados da triagem de isolados para sua caracterização fenotípica através dos testes de antagonismo com os patógenos *Fusarium graminearum* e *Bipolaris sorokiniana*, solubilização de fósforo e produção de sideróforos.

Os códigos referem-se à W para os genótipos crioulos e C para os cultivares modernos. Os códigos W1_2, W1_3, W1_4 e W1_5 correspondem às quatro repetições do W1 (Iran 1-29-11334) e assim funciona para os 3 outros cultivares (W2, C5 e C6) utilizados no trabalho. O número após a barra representa o número do isolado da repetição.

Através da Tabela 2 é possível observar que alguns isolados possuem apenas uma função benéfica dentre as testadas, contudo, alguns apresentam um conjunto dessas características, sendo considerados bons isolados para estar em associação com o hospedeiro, pois pode promover ao mesmo tempo funções de crescimento, de saúde e defesa. Alguns isolados não foram testados em alguns dos testes por dificuldades de crescimento das colônias. É importante ressaltar que os isolados apresentam resposta positiva em condições ideais e controladas, e para confirmar



sua função real seria necessário testá-los como um inóculo em uma planta e observar se as respostas quanto ao desenvolvimento, saúde e defesa são positivas.

Tabela 2. Caracterização fenotípica dos isolados bacterianos de genótipos ancestrais e modernos.

Isolado	Antagonismo Fusarium	Antagonismo Bipolaris	Solubilização de fósforo	Produção de AIA
W1_2/1	-	-	NT	NT
W1_2/2	+	+	+	+
W1_2/3	-	+	+	+
W1_2/4	NT	NT	-	+
W1_2/5	NT	NT	-	NT
W1_2/7	-	-	NT	NT
W1_2/11	-	-	NT	NT
W1_2/12	NT	NT	+	+
W1_2/25	NT	NT	NT	-
W1_2/15	NT	NT	+	NT
W1_2/bac	-	-	-	NT
W1_3/4	NT	NT	+	+
W1_3/1	-	-	+	+
W1_3/2	NT	NT	+	+
W1_3/5	-	-	+	+
W1_3/6	-	-	+	+
W1_3/8	-	-	+	-
W1_3/9	-	-	-	+
W1_3/10	-	-	+	+
W1_4/1	-	-	NT	+
W1_4/5	-	-	+	+
W1_4/7	-	-	+	+
W1_4/11	NT	NT	-	NT
W1_5/5	-	-	+	NT
W1_5/3	-	-	NT	NT
W1_5/7	NT	NT	+	+
W2_2/anti8	NT	-	-	+
W2_2/10	-	-	-	+
W2_2/bac	NT	-	-	NT
W2_3/2a	-	-	+	+
W2_3/4	-	-	+	+
W2_3/5	+	+	+	+
W2_3/14	+	-	+	+
W2_3/14a	-	-	-	+
W2_3/22	-	-	+	+
W2_4/bac	+	+	-	NT
W2_4/3	-	-	+	+
W2_4/6	+	+	+	+
W2_4/10	+	-	+	+
W2_4/14	-	-	-	NT
W2_4/13	-	+	+	+
W2_4/11	-	+	+	-
W2_4/12	-	-	+	+
W2_5/bac	+	+	-	NT
W2_5/1	-	-	+	+
W2_5/3	-	-	+	+
W2_5/5	NT	NT	+	+



12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018
01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo
ISBN 978-85-7029-145-5

W2_5/6	+	+	+	+
C5_2/8	-	-	+	+
C5_3/2	-	-	NT	NT
C5_3/7	-	-	NT	NT
C5_3/3	NT	NT	+	+
C5_3/4	-	-	+	+
C5_3/8	-	-	+	+
C5_3/9	-	-	-	+
C5_3/10	NT	NT	-	NT
C5_3/11	-	-	+	+
C5_3/13	-	-	+	+
C5_3/14	-	-	+	+
C5_3/14b	-	-	+	+
C5_3/17	NT	NT	-	NT
C5_3/18	-	-	NT	+
C5_3/19	-	-	+	NT
C5_3/20	-	-	+	NT
C5_3/23	-	-	-	+
C5_4/6	-	-	+	-
C5_4/10	-	-	+	+
C5_4/11	NT	-	+	NT
C5_5/2	-	-	NT	NT
C5_5/x	NT	NT	-	NT
C6_2/2	-	+	+	+
C6_2/3	-	-	+	+
C6_2/4	-	-	-	+
C6_2/1b	-	+	-	+
C6_2/6	-	-	+	+
C6_2/8	NT	NT	+	+
C6_2/9	NT	NT	+	+
C6_2/11	-	-	+	+
C6_2/12	-	-	+	+
C6_2/bac	-	-	-	NT
C6_3/3	NT	-	NT	NT
C6_3/7	NT	-	+	+
C6_3/10	+	+	+	NT
C6_3/11	-	-	+	+
C6_3/12	NT	-	+	-
C6_3/bac	+	+	-	NT
C6_4/bac	+	+	-	NT
C6_4/2	NT	-	-	NT
C6_4/9	NT	-	+	+
C6_4/7	NT	NT	+	NT
C6_4/8	-	-	-	NT
C6_4/5	NT	NT	+	-
C6_4/10	-	-	+	NT
C6_4/11	NT	-		NT
C6_4/17	-	-		+
C6_4/6	-	-	+	NT
C6_5/4	-	-	+	NT
C6_5/3	-	-	+	NT
C6_5/bac	-	-	-	NT

O símbolo “+” representa a resposta positiva ao teste e “-”, a resposta negativa. O código “NT” significa que o isolado não foi testado.

Os resultados apresentados na Tabela 2 indicam que 15,28% dos isolados testados foram antagonistas ao patógeno *Fusarium graminearum*, 17,28% foram antagonistas ao *Bipolaris sorokiniana*, 69,32% dos isolados foram capazes de solubilizar fósforo e 90,48%, produzir ácido indol acético.

No teste de antagonismo aos patógenos de solo, o tamanho da colônia do fungo antagonizada por um isolado comparado ao tamanho da colônia de fungo que cresceu sem nenhum isolado (controle), resultou em uma porcentagem de inibição que está expresso na Figura 2. Os resultados obtidos não permitem uma separação entre cultivares modernos e ancestrais no gráfico, indicando que ambos possuem isolados com grande capacidade de inibição tanto de *B. sorokiniana* e *F. graminearum*.

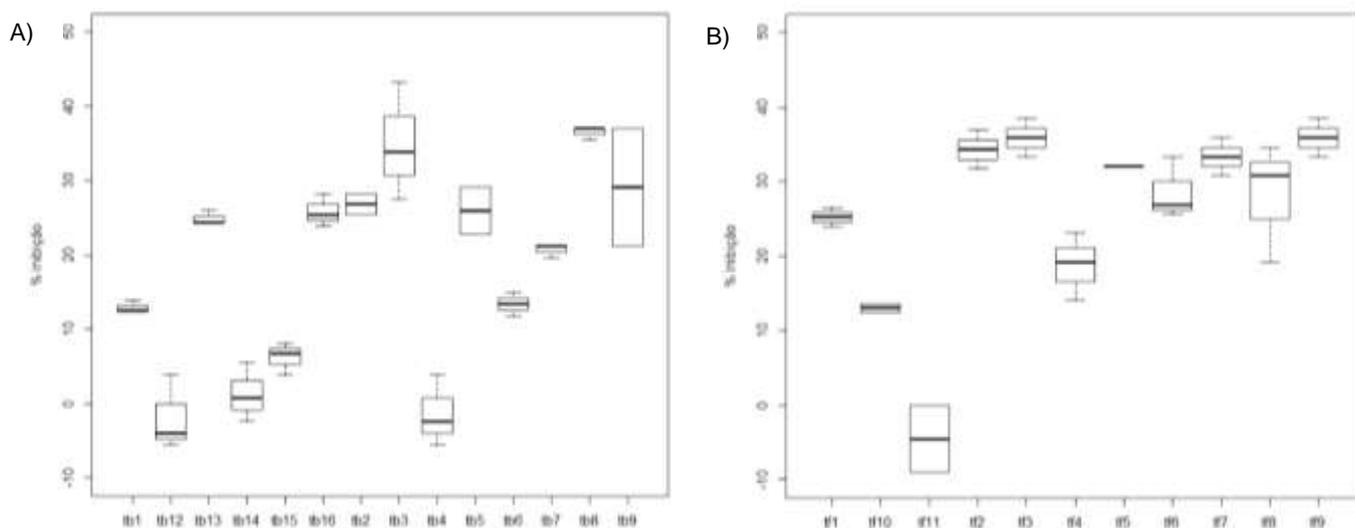


Figura 2. Resposta antagônica a patógenos de solos. A) Resposta ao *Bipolaris sorokiniana*. Os tratamentos correspondem da seguinte forma: tb1 = W1_2/2, tb2 = W2_3_5, tb3 = W2_4/bac, tb4 = W2_4/6, tb5 = W2_5/bac, tb6 = W2_5/6, tb7 = C6_3/10, tb8 = C6_3/bac, tb9 = C6_4/bac, tb12 = W2_4/13, tb13 = C6_2/2, tb14 = W2_4/11, tb15 = W1_2/3, tb16 = C6_2/1b. B) Resposta ao *Fusarium graminearum*. Os tratamentos e isolados correspondentes são tf1 = W1_2/2, tf2 = W2_3_5, tf3 = W2_4/bac, tf4 = W2_4/6, tf5 = W2_5/bac, tf6 = W2_5/6, tf7 = C6_3/10, tf8 = C6_3/bac, tf9 = C6_4/bac, tf10 = W2_3/14, tf11 = W2_4/10.

4. CONCLUSÃO

Os isolados bacterianos do microbioma de genótipos crioulos e de cultivares modernos de trigo apresentaram características benéficas, incluindo proteção, avaliada através do teste de antagonismo, nutrição (solubilização de fósforo) e desenvolvimento (produção de AIA), corroborando o fato de que o hospedeiro pode depender de funções benéficas do microbioma para ser desenvolver. Porém, para a confirmação total da afirmação, seria necessário testar os isolados



em bioensaios com as plantas para avaliar se os efeitos e respostas às funções benéficas seriam os mesmos.

Considerando os resultados obtidos até o momento, há evidências de que a montagem do microbioma é diferente em genótipos ancestrais e modernos, sugerindo que a domesticação teve um papel importante no processo. Porém, é difícil quantificar esta diferença entre o microbioma dos cultivares utilizando apenas a abordagem dependente de cultivo e não dados metagenômicos.

5. AGRADECIMENTOS

Nossos agradecimentos ao CNPq pela bolsa PIBIC e pelo financiamento do projeto (#443112/2014-2) no qual a bolsa se insere. À Embrapa – BBSRC (Biotechnology and Biological Sciences Research Council) pelo financiamento do projeto "Exploração do microbioma da rizosfera para uma produção sustentável do trigo" (B2RWHEATUK) número 02.15.07.001.00.00. e ao suporte técnico de Rosely Dos Santos Nascimento.

6. REFERÊNCIAS

BELL, G.D.H. The history of wheat cultivation. **Wheat Breeding** (Lupton, F.G.H., ed.). Chapman and Hall, London, Chapter 2, p. 31-49, 1987.

BONKOWSKI, M.; VILLENAVE, C.; GRIFFITHS, B. Rhizosphere fauna: The functional and structural diversity of intimate interactions of soil fauna with plant roots. **Plant and Soil**, v. 321, n. 1–2, p. 213–233, 2009.

BRIC, J.M.; BOSTOCK, R.M.; SILVERSTONE, S.E. Rapid *in situ* assay for indoleacetic acid production by bacteria immobilized on a nitrocellulose membrane. **Applied and Environmental Microbiology**, v.57, p. 535-538, 1991.

BUÉE, M. et al. The rhizosphere zoo: An overview of plant-associated communities of microorganisms, including phages, bacteria, archaea, and fungi, and of some of their structuring factors. **Plant and Soil**, v. 321, n. 1–2, p. 189–212, 2009.

BULGARELLI, D. et al. Structure and Functions of the Bacterial Microbiota of Plants. **Annual Review of Plant Biology**, v. 64, n. 1, p. 807–838, 2013.

GEPTS, P. Selection Experiment. **Plant Breeding**, v. 24, n. 2, p. 1–44, 2004.

GORDON, S.A.; WEBER, R.P. Colorimetric estimation of indoleacetic acid. **Plant Physiology**, v.26, p. 192-195, 1951.

LAINO, P. et al. Morpho-physiological and qualitative traits of a bread wheat collection spanning a century of breeding in Italy. **Biodiversity Data Journal**, v. 3, p. e4760, 2015.

MATSON, P. A. Agricultural Intensification and Ecosystem Properties. v. 504, n. 1997, 2010.

MENDES, R.; GARBEVA, P.; RAAIJMAKERS, J. M. The rhizosphere microbiome: Significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 37, n.



12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018
01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo
ISBN 978-85-7029-145-5

5, p. 634–663, 2013.

PÉREZ-JARAMILLO, J. E.; MENDES, R.; RAAIJMAKERS, J. M. Impact of plant domestication on rhizosphere microbiome assembly and functions. **Plant Molecular Biology**, v. 90, n. 6, p. 635–644, 2016.

RAAIJMAKERS, J. M. et al. The rhizosphere: A playground and battlefield for soilborne pathogens and beneficial microorganisms. **Plant and Soil**, v. 321, n. 1–2, p. 341–361, 2009.

WISSUWA, M.; MAZZOLA, M.; PICARD, C. Novel approaches in plant breeding for rhizosphere-related traits. **Plant and Soil**, v. 321, n. 1–2, p. 409–430, 2009.

ZADOKS, J.C.; CHANG, T.T.; KONZAK, C.F. A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, v.14, p. 415-421, 1974.