

CONCEITOS E APLICAÇÕES ENTRE PLANTAS E MICRORGANISMOS NA REMEDIAÇÃO DE HIDROCARBONETOS

Gustavo Borges Meirelles¹, Karla Joseane Perez², Daniela Mueller de Lara³

Resumo: Devido ao crescimento da população, a contaminação dos ecossistemas subsuperficiais com compostos orgânicos oriundos das indústrias é um problema persistente e crescente no mundo. Em contrapartida, organismos que estão disponíveis naturalmente no ambiente são elementos importantes na fitorremediação. Diante disso, este artigo teve como objetivo discutir os principais conceitos acerca da interação entre plantas e microrganismos, destacando a importância na fitorremediação na remoção de poluentes. As atividades de remediação dos hidrocarbonetos pelos microrganismos (isoladamente ou em consórcio) foram exploradas neste estudo, a fim de identificar linhagens de bactérias com melhor eficiência. A pesquisa destaca também que o estudo do microbioma da rizosfera e da endosfera são componentes dos processos de fitorremediação. Foram abordados os avanços das técnicas moleculares modernas que levam à evolução das tecnologias ômicas utilizando moléculas de ácidos nucleicos para estudar associação entre planta e microrganismo e sua importância nos sistemas de fitorremediação para biodegradação de hidrocarboneto. Conclui-se que estudos envolvendo fitorremediação são de grande relevância, uma vez que podem resultar em uma alternativa efetiva para a descontaminação de ambientes impactados e contribuir para o desenvolvimento sustentável.

Palavras-chave: Gestão Ambiental. Biorremediação. Hidrocarbonetos. Biotecnologia Ambiental.

CONCEPTS AND APPLICATIONS BETWEEN PLANTS AND MICROORGANISMS IN HYDROCARBONS REMEDIATION

Abstract: Due to population growth, contamination of subsurface ecosystems with organic compounds from industries is a persistent and growing problem in the world. In contrast, organisms that are naturally available in the environment are important elements in phytoremediation. Therefore, this article aimed to discuss the main concepts about the interaction between plants and microorganisms, highlighting the importance of phytoremediation in the removal of pollutants. The remediation activities of hydrocarbons by microorganisms (alone or in consortium) were explored in this study, in order to identify bacterial strains with better efficiency.

-
- 1 Cursando Especialização em Biotecnologia pela UERGS; Mestre em Fitotecnia com Ênfase em Melhoramento e Biotecnologia Vegetal pela UFRGS; Bacharel em Ciências Biológicas.
 - 2 Doutora em Ciências Biológicas (Microbiologia) pela UFMG; Professora Adjunta da Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS).
 - 3 Doutora em Ambiente e Desenvolvimento, Professora Adjunta na Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Unidade Alto da Serra do Botucarái Soledade/RS.

-- ARTIGO RECEBIDO EM 28/01/2022. ACEITO EM 13/06/2022. --

The research also highlights that the study of the rhizosphere and endosphere microbiome are components of phytoremediation processes. The advances of modern molecular techniques that lead to the evolution of omic technologies using nucleic acid molecules to study the association between plant and microorganism and their importance in phytoremediation systems for hydrocarbon biodegradation were discussed. It is concluded that studies involving phytoremediation are of great relevance, since they can result in an effective alternative for the decontamination of impacted environments and contribute to sustainable development.

Keywords: Environmental management. Bioremediation. Hydrocarbons. Environmental Biotechnology.

1 INTRODUÇÃO

A contaminação dos ecossistemas subsuperficiais com compostos orgânicos das indústrias petroquímicas, farmacêuticas, e agrícolas é um problema persistente e crescente no mundo. Devido ao crescimento da população mundial, cada vez mais moléculas orgânicas são liberadas ao meio ambiente ameaçando os reservatórios de água potável ou a saúde do solo (TÁNCICS *et al.*, 2021).

Entre as moléculas orgânicas, estão os hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs) que são uma classe de poluentes encontrados no petróleo bruto e, portanto, estão onipresentes no meio ambiente em decorrência da exploração, produção, refino e distribuição do petróleo. Também são originados por fontes antropogênicas como resultado da queima incompleta do carvão, madeira, óleo, tabaco e cozimento de carnes em altas temperaturas (NZILA; MUSA, 2021).

Os HPAs são compostos orgânicos de grande preocupação que persistem no meio ambiente e se acumulam especialmente nos solos (DAVIN *et al.*, 2019). Diante disso, percebe-se a necessidade de desenvolver estratégia de biorremediação para remoção de compostos orgânicos resultantes das ações antrópicas tem atraído bastante atenção nos últimos anos. Nesse sentido, destaca-se que os microrganismos presentes nos solos são capazes de remediar naturalmente ambientes contaminados.

Uma das técnicas aplicadas na remoção de solos contaminados, a biorremediação, atua acelerando e potencializando o processo natural. Para tanto, faz-se necessário conhecer a comunidade microbiana e suas atividades para que seja possível oferecer a ela condições adequadas que favoreçam para a degradação de contaminantes (TRIPATHI *et al.*, 2017). Segundo Haider *et al.* (2021), essas técnicas apresentam melhor viabilidade econômica, devido seu baixo custo, quando comparados com métodos tradicionais de correção de áreas degradadas, são mais sustentáveis e minimizam o contato com o contaminante.

O método de remediação biológica de HPAs visa biodegradar, biotransformar e/ou remover o contaminante de uma área ambiental através da inserção de microrganismos ou plantas com capacidade de metabolizar HPAs (KOTOKI *et al.*, 2018). A biorremediação pode ser aplicada em uma variedade de matrizes ambientais, destacando-se entre as principais técnicas a bioaugmentação e a fitorremediação (NZILA; MUSA, 2021).

Para Tripathi *et al.* (2017), a fitorremediação é considerada um método promissor para remoção, degradação ou estabilização de poluentes dos solos. Dentre as categorias de fitorremediação, a rizorremediação utiliza a sinergia entre plantas e comunidade microbiana para promover a remoção e a degradação biológica de poluentes (CHAUDHRY *et al.*, 2005).

Ademais, Song *et al.* (2020) descreve que a fitorremediação é uma técnica que utiliza plantas para degradação, extração, volatilização, estabilização, rizoinfiltração e estimulação para biodegradar contaminantes da rizosfera das plantas. Complementar a isso, Chaudhry *et al.* (2005) dissertam que a eficiência dos microrganismos das plantas para a descontaminação dos solos é decorrente do potencial dos microrganismos da rizosfera e das plantas para fitoextrair, fitodegradar e rizoinfiltrar poluentes, assim como, da capacidade de alterar o pH, estimular as características de promoção de crescimento vegetal, produção de sideróforos, fitormônios e quelantes.

Na rizorremediação as raízes das plantas apresentam um grande nicho para o crescimento das bactérias mediante os exsudatos de raízes (KOTOKI *et al.*, 2018; DAVIN *et al.*, 2019; TRIVEDI *et al.*, 2020). De acordo com Singha e Pandey (2021), exsudatos radiculares produzidos pelas plantas são capazes de estimular enzimas microbianas específicas do microbioma da rizosfera, mediando a rizodegradação e, finalmente, as bactérias competentes atuam como biocatalisadores responsáveis pela degradação de hidrocarbonetos. Assim, é de extrema importância estabelecer técnicas de fitorremediação adequadas para a remediação de HPAs em solos contaminados.

Diante do exposto, este estudo teve como objetivo discutir os principais conceitos acerca da interação entre plantas e microrganismos, destacando a importância na fitorremediação na remoção de poluentes. Para isso, o texto aborda o emprego das técnicas de biotecnologia e a sua relevância na descontaminação de áreas impactadas. Esse estudo pode contribuir para o conhecimento sobre a diversidade funcional e/ou filogenética da microbiota e levar o conhecimento de mecanismos envolvidos na degradação de HPAs, com potencial aplicação em processos biotecnológicos.

2 BIOTECNOLOGIA E BIORREMEDIAÇÃO

As plantas formam um ecossistema que abrigam uma grande quantidade de microrganismos como bactérias, fungos, protistas nematoides e vírus formando o microbioma das plantas. Esses microrganismos vivem em estreita associação com as plantas podendo estar presente dentro dos órgãos das plantas e vivendo ao seu redor, nos solos, influenciados por exsudatos radiculares (DAVIN *et al.*, 2019; TRIVEDI *et al.*, 2020). Essas interações permitem uma maior produtividade e saúde para a planta na natureza.

Conforme Gouda *et al.* (2018) e Trivedi *et al.* (2020), propõe-se que quando as plantas estão associadas com a microbiota simbiótica ocorre a formação de um halobionte. O halobionte é uma associação que consiste na atividade dos microrganismos para promover o crescimento das plantas e auxiliar no desenvolvimento vegetal. Desse modo, contribuem para o aumento da absorção de água e nutrientes do solo, solubilização de fosfato, produção de sideróforos, aumento da tolerância ao estresse abiótico, auxiliam na fixação biológica do nitrogênio, produção de hormônios e proteção de defesa primária contra patógenos.

Outrossim, a biotecnologia envolve a manipulação de sistemas biológicos, microrganismos e derivados para criar e melhorar métodos e ferramentas que serão utilizadas no progresso na saúde humana e animal, na agricultura e na geração de energia (SALLES-FILHO *et al.*, 2001). Além disso, tem sido adequada para elucidar mecanismos

de remediação de solos contaminados durante o processo de biorremediação (TRIPATHI *et al.*, 2017) e pela fitorremediação (GONZALEZ *et al.*, 2018).

Baseado nas técnicas de sequenciamento de nova geração, sequências do genoma completo de microrganismos podem ser construídos para fornecer bases genética e molecular da biodegradação dos hidrocarbonetos (DONG *et al.* 2017). As informações relacionadas aos genomas podem ter implicações taxonômica e funcional de um determinado grupo de organismos envolvidos na fitorremediação de hidrocarbonetos (GONZALEZ *et al.* 2018). Portanto, a biotecnologia permite uma maior compreensão da composição, funcionamento das comunidades microbianas e suas interações com as plantas, incluindo ambientes associados a poluição por petróleo proporcionando a biodegradação do HPAs.

Na biotecnologia, a biorremediação tem sido aliada das técnicas ômicas, tecnologias que oferecem novas perspectivas no estudo de biodegradação de contaminantes (TÁNCICS *et al.*, 2021; NZILA; MUSA, 2021). O uso das técnicas ômicas, como a metagenômica, metatranscriptoma, proteômicas e metabolômicas, permite explorar a diversidade microbiana da rizosfera envolvidas na degradação dos hidrocarbonetos (SINGHA; PANDEY, 2021).

As abordagens ômicas permitem acessar a diversidade metabólica dos microrganismos cultiváveis e dos não cultiváveis. Também permitem a elucidação de novos genes, rotas metabólicas para degradação de compostos e uma maior compreensão das funções ecológicas dos microrganismos. Tornam possível estabelecer relações entre a composição e variações ambientais de diferentes comunidades bacterianas (TRIPATHI *et al.*, 2017).

Táncics *et al.* (2021) destacam ainda que através das as abordagens ômicas torna-se possível compreender como os microrganismos podem lidar com altas e baixas concentrações de substâncias contaminantes orgânicas. Além disso, permitem investigar como os microrganismos alóctones afetam a comunidade de microrganismos indígenas na biorremediação.

3 ESTUDOS ÔMICAS E O PAPEL DO MICROBIOMA

Tradicionalmente, a diversidade das comunidades microbianas é acessada por meio das técnicas baseadas em isolamento de alto rendimento (cultivo) e visualização (microscopia) (TRIPATHI *et al.*, 2017; BERG *et al.*, 2020). Embora sejam amplamente reconhecidas para estudos taxonômicos, fisiológicos e genéticos, as técnicas de cultivos são insuficientes para as informações sobre as relações filogenéticas ou suas caracterizações funcionais, uma vez que apenas uma pequena fração da diversidade microbiana da natureza pode ser recuperada através das técnicas microbiológicas de rotina. Estima-se que apenas 1-10% dos microrganismos tenham sido isolados e caracterizados (AMANN *et al.*, 1995).

Ademais, na última década as técnicas independentes de cultivo permitiram o acesso aos microrganismos ainda não cultivados de vários nichos ambientais. Em consequência, proporcionam uma percepção sobre as comunidades bacterianas nos processos de fitorremediação de solos contaminados (GONZALEZ *et al.* 2018).

As técnicas disponíveis para estudar o microbioma variam de sequenciamento de genes alvos amplificados a partir do DNA total da comunidade microbiana de uma amostra (metagenoma) para o sequenciamento de “amplicons” de qualquer gene, como ITS e

RNAr (metataxonômica). Ademais, possibilitam estudar o sequenciamento do DNA total da comunidade microbiana de uma amostra (“Shotgun sequencing” ou metagenômica), clonagem do metagenoma seguido de triagem de clones com base em sequência e/ou função (metagenômica funcional) e, para análise da atividade microbiana (metatranscriptoma, proteômicas, metabolômicas) (BERG *et al.*, 2020).

4 FITORREMEDIAÇÃO ASSISTIDA POR MICRORGANISMOS

A fitorremediação assistida por microrganismos compreende a remoção de poluentes dos solos contaminados através da interação mútua entre as raízes das plantas com uma microbiota adequada. Esse é um método ecológico eficaz, com melhor relação custo-benefício para o tratamento de uma ampla variedade de contaminantes orgânicos, incluindo HPAs (GÓMEZ-SAGASTI *et al.*, 2021).

O solo presente nas proximidades nas raízes das plantas e juntos com as raízes são consideradas a rizosfera, uma zona com muita disponibilidade de compostos orgânicos para atividades microbianas (GOUDA *et al.* 2018). As fontes orgânicas para os microrganismos heterotróficos são células esfoliadas da coifa, raízes em decomposição, exsudatos solúveis, substâncias lisadas e mucilagens provenientes dos metabolismos da planta e dos microrganismos. Os microrganismos de rizosfera originam de nutrientes e sinais das raízes durante o crescimento das plantas hospedeiras para induzir dioxigenase e estimular processos metabólicos que envolvem a oxidação de hidrocarbonetos de petróleo (SINGHA; PANDEY, 2021).

Outrossim, as rizobactérias promotoras de crescimento de plantas (RPCPs) são microrganismos de vida livre, colonizadoras de rizosfera, atuando direta e indiretamente no desenvolvimento e bem-estar das plantas (NWACHUKWU; BABALOLA, 2021). A revitalização da vida microbiana usando as bactérias RPCP tem sido alcançada através de diversas abordagens direta e indireta, incluindo o melhoramento das raízes, biofertilização e rizorremediação (GOUDA *et al.* 2018).

As RPCP aumentam o crescimento vegetal e a tolerância das plantas ao estresse biótico e abiótico usando diferentes mecanismos, incluindo a fitoestimulação (KOTOKI *et al.*, 2018; GROVER *et al.*, 2021). Em adição a isso, aumentam a disponibilidade e absorção de nutrientes, bem como os efeitos antagonísticos com microrganismos benéficos contra patógenos (GOUDA *et al.*, 2018).

Segundo Grover *et al.* (2021) e Nwachukwu e Babalola (2021), dentre as interações com as plantas, as RPCP desempenham múltiplas bioatividades que auxiliam na promoção de crescimento, solubilização de fosfato, produção de fitormônios ou fixação de nitrogênio que resulta em maior crescimento das raízes, produção de enzimas e supressão de patógenos de plantas pela produção de antibióticos. Do mesmo modo, Gonzalez *et al.* (2018) ressalta que os microrganismos têm sido relatados como organismos importantes para a síntese dos biosurfactantes, sendo capazes de melhorar a mobilidade e subsequente degradação de hidrocarbonetos.

5 FITORREMEDIAÇÃO DE HIDROCARBONETO FACILITADA POR MICRORGANISMOS

As interações entre plantas e fungos da rizosfera exercem papel considerável na biorremediação de HPAs. Li *et al.* (2020) realizou um estudo e comprovou que, por meio da atividade de *Piriformospora indica* combinado com *Medicago sativa* ocorreu um aumento na biomassa vegetal, com raízes bem desenvolvidas, aumento na atividade de hidrólise de diacetato de fluoresceína na rizosfera e ao redor, além de apresentar alta atividade enzimática após a colonização de *P. indica* nas raízes de *M. sativa* em condições de solos contaminados com HPAs.

De maneira semelhante, Singha e Pandey (2020) realizaram uma pesquisa utilizando consórcios de bactérias na rizorremediação de solos contaminado por pireno na rizosfera de *Jatropha curcas*. As análises foram realizadas após 60 dias e foi mostrado que o consórcio alterou significativamente a diversidade bacteriana do solo e facilitou a biodegradação dos HPAs, demonstrando-se assim uma remediação através da atividade biológica existente na rizosfera.

Embora os microrganismos da rizosfera tenham sido usados com sucesso para degradar hidrocarbonetos, as bactérias endofíticas estabelecem relações simbióticas mais específicas com suas plantas hospedeiras e melhora ativamente a fitorremediação. Para investigar a fitorremediação, Mitter *et al.* (2020) implantou em casa de vegetação um experimento onde linhagens de bactérias endofíticas, EA1-17 (*Stenotrophomonas* sp.), EA2-30 (*Flavobacterium* sp.), EA4-40 (*Pantoea* sp.) e EA6-5 (*Pseudomonas* sp.) foram inoculadas na planta *Melilotus albus* e mantidas em solos contendo diesel. As plantas inoculadas com as bactérias endofíticas apresentaram um aumento da biomassa vegetal. Foi verificado que todas as linhagens colonizaram a rizosfera e o interior das raízes. No geral, a *Pseudomonas* sp. foi a bactéria que apresentou os melhores indicadores de atividades de degradação de hidrocarbonetos, sugerido através da quantificação dos genes indicadores CYP 153 e alkB, o que faz o *Pseudomonas* sp. uma candidata mais eficaz para estudos de fitorremediação de HPAs em solos contaminados.

Genomas de bactérias possuem a habilidade para degradar HPAs (KOTOKI *et al.*, 2018). A linhagem *Pseudomonas* sp. GF3 pode degradar fenantreno e promover o crescimento das plantas após a colonização na rizosfera do solo de trigo (SHENG; GONG, 2006). Recente análise da sequência do genoma completo de *Pseudomonas aeruginosa* DN1 revelou sua capacidade de degradar HPAs e petróleo bruto. A cepa DN1 codificou vários grupos de genes relacionados à degradação dos hidrocarbonetos alifáticos e compostos aromáticos para síntese e regulação de biosurfactantes ramnolipídeos fornecendo bases genéticas para o processo de biodegradação dos hidrocarbonetos (DONG *et al.*, 2017).

Diante disso, constata-se que com os avanços das técnicas de biotecnologia molecular é possível investigar de fato como os microrganismos da rizosfera e da endosfera são capazes de compor e aperfeiçoar de alguma forma os processos de fitorremediação dos hidrocarbonetos.

6 MICROBIOMA DA RIZOSFERA E ENDOSFERA COMO COMPONENTES NOS SISTEMAS DE FITORREMEDIAÇÃO

Na tentativa de decifrar o microbioma da rizosfera em resposta a solos contaminados por hidrocarbonetos e entender a capacidade de um solo contaminado em alterar a rizosfera e a planta para obter alguma vantagem a partir disso, foi realizado o sequenciamento de metatranscriptoma e observado a expressão diferencial de genes nas raízes de *Salix purpurea*. A cultura da *Salix* sp. é conhecida por tolerar e florescer em solos contaminados. Em resposta a contaminação por hidrocarbonetos, foi observada um total de 839 “contigs” diferencialmente expressos (DE) e foram anotados como sendo das raízes de *Salix purpurea*. Destes, 8252 DE foram de origem fúngica e 639 DE foram transcritos como policistrônicos de bactérias. Surpreendentemente, o estudo da expressão gênica descobriu um aumento do metabolismo de degradação do hidrocarboneto do petróleo através de uma espécie bacteriana da família *Enterobacteriaceae*, cuja expressão total foi mais abundante nas raízes contaminadas de *Salix* sp. em comparação com solos não contaminados. Sendo assim, a dada tolerância para *Salix* sp. pode depender da simbiose para tolerar os estresses ambientais em vez de depender apenas do seu próprio metabolismo (GONZALEZ *et al.*, 2018).

Em outro estudo, o perfil da comunidade microbiana durante o processo de fitorremediação foi monitorado usando o sequenciamento do RNA ribossomal 16S (gene 16S rRNA). Para entender melhor o processo de fitorremediação foi utilizado a cultura *Poplars* sp. e realizado coletas temporais para avaliar as sucessões das comunidades bacterianas durante todo o período de recuperação do solo contaminado por HPAs. A análise de abundância diferencial de microrganismos mostrou a diversidade dos filotipos das bactérias da endosfera e da rizosfera. Além disso, o estudo observou a sucessão bacteriana em solos da rizosfera (fitorremediação) e comparou com solos não plantados (biorremediação). A composição da comunidade microbiana foi prospectada dentro de uma área de clima boreal com diferentes condições climáticas. No geral, provou-se que a fitorremediação usando árvores de *Poplars* sp. pode auxiliar na remoção de HPAs em solos de clima boreal com padrões de sucessão de comunidades bacterianas, resultando na recuperação ecológica do local (LOPEZ-ECHARTEA *et al.*, 2020).

Em outro caso, o solo de um terreno baldio periurbano estava contaminado com diferentes concentrações dos poluentes orgânicos, como os HPAs, hidrocarbonetos de petróleo e bifenilas policloradas. Para a degradação dos contaminantes, foi implantado experimentos com diferentes fatores de tratamentos utilizando a vegetação espontânea, fitorremediação assistida por micorrizas, intercultura com *M. sativa* e *Poplar* sp. e a monocultura com cada espécie. O inóculo micorrízicos comercial utilizado é composto pelas ectomicorrizas (*Rhizopogon* spp., *Scleroderma* spp., e *Pisolithus tinctorius*) e pelas endomicorrizas (*Glomus intraradices* e *Glomus mosseae*). O experimento foi monitorado e os dados foram coletados no início dos tratamentos (março de 2017) e comparados com os dados finais do experimento (julho de 2018) (GÓMEZ-SAGASTI *et al.*, 2021).

O estudo supracitado foi estabelecido para verificar a degradação dos contaminantes, desempenho vegetal, bem como a diversidade microbiana do solo visando os indicadores da saúde do solo. Os autores concluíram que a eficiência da fitorremediação não reduziu a concentração dos contaminantes no período de dois anos, porém, a saúde do solo foi

efetivamente melhorada. Os tratamentos com as micorrizas foram importantes para estabelecer a interação entre poplar x alfalfa. As plantas inoculadas com fungos micorrízicos apresentaram uma maior abundância microbiana em relação aos solos com vegetações espontâneas. A alfalfa apresentou a abundância específica para algumas ordens de procariotos (*Xanthomonadales*, *Pseudomonadales*, *Rhizobiales*, etc.) e fungos (*Pezizales*, *Agaricales*, etc.). Finalmente, a leguminosa alfalfa parece ser uma planta candidata para a fitorremediação em solos contaminados com compostos orgânicos (GÓMEZ-SAGASTI *et al.*, 2021).

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Hidrocarbonetos induzem efeitos graves na biosfera e aumentam a carga de poluição no meio ambiente e os microrganismos são alternativas sustentáveis para recuperação de áreas degradadas. Nesse sentido, as bactérias *Pseudomonas* sp. e *Enterobacter* sp. são exemplos de microrganismos capazes de degradar petróleo e seus derivados por meio do processo conhecido como biorremediação.

Além das bactérias, os fungos, as micorrizas e as plantas também são utilizados para remover ou degradar a contaminação de solos. Muitos desses microrganismos são conhecidos como rizobactérias promotoras de crescimento vegetal que apresentam atividades multifuncionais e são capazes de melhorar a fitorremediação. Ademais, combinações de cepas bacterianas podem ser mais eficazes para aumentar a recuperação de solos contaminados por HPAs.

De outro lado, surgem tecnologias que permitem sequenciar o DNA/RNA e são uma parte importante de futuras pesquisas de fitorremediação, possibilitando investigar interações micróbio-hospedeiro com uma resolução muito maior do que antes. Portanto, é importante entender melhor a comunidade microbiana, como as características benéficas permanecem nas plantas hospedeiras e como as características benéficas são divididas entre os diferentes microrganismos presentes na rizosfera e endosfera das plantas.

Outrossim, os diferentes microrganismos associados às plantas apresentam características particulares para degradação dos contaminantes. Diante disso, entender melhor como os microrganismos reagem diante das variações ambientais são questões necessárias para determinar a estratégia de biorremediação em solos contaminados por combustível e diesel. Por fim, apesar da fitorremediação ainda ser um desafio, descobrir os mecanismos pelos quais as plantas controlam seu microbioma associados ou vice-versa, abrirá novos caminhos para melhorar a eficiência e confiabilidade da fitorremediação.

REFERÊNCIAS

- AMANN, R. I.; LUDWIG, W.; SCHLEIFER, K. H. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. **Microbiological reviews**, v. 59, n. 1, p. 143-169, 1995.
- BERG, G.; RYBACOVA, D.; FISCHER, D.; *et al.* Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. **Microbiome**, v. 8, n. 1, p. 1-22, 2020.

CHAUDHRY, Q.; BLOM-ZANDSTRA, M.; GUPTA, S. K.; JONER, E. Utilising the synergy between plants and rhizosphere microorganisms to enhance breakdown of organic pollutants in the environment (15 pp). **Environmental Science and Pollution Research**, v. 12, n. 1, p. 34-48, 2005.

DAVIN, M.; STARREN, A.; MARIT, E.; LEFÉBURE, K.; COLINET, G. Investigating the effect of medicago sativa L. and trifolium pratense L. root exudates on PAHs bioremediation in an aged-contaminated soil. **Water, Air, & Soil Pollution**, v. 230, n. 12, p. 1-12, 2019.

DONG, W.; HE, C.; LI, Y.; HAUNG, C.; CHEN, F.; MA, Y. Complete genome sequence of a versatile hydrocarbon degrader, *Pseudomonas aeruginosa* DN1 isolated from petroleum-contaminated soil. **Gene Reports**, v. 7, p. 123-126, 2017.

GÓMEZ-SAGASTI, M. T.; GARBISU, C.; URRRA, J.; MÍGUEZ, F.; ARTETXE, U.; HERNÁNDEZ, A.; VILELA, J.; ALKORTA, L.; BECERRIL, J. M. Mycorrhizal-assisted phytoremediation and intercropping strategies improved the health of contaminated soil in a peri-urban area. **Frontiers in plant science**, v. 12, p. 1146, 2021.

GONZALEZ, E.; PITRE, F. E.; PAGÉ, A. P.; MARLEAU, J.; GUIDI NISSIM, W.; ST-ARNAUD, M.; LABRECQUE, M.; JOLY, S.; YERGEAU, E.; BRERETON, N. J. B. Trees, fungi and bacteria: tripartite metatranscriptomics of a root microbiome responding to soil contamination. **Microbiome**, v. 6, n. 1, p. 1-30, 2018.

GOUDA, S.; KERRY, R. G.; DAS, G.; PARAMITHIOTIS, S.; SHIN, H. S.; PATRA, J. K. Revitalization of plant growth promoting rhizobacteria for sustainable development in agriculture. **Microbiological research**, v. 206, p. 131-140, 2018.

GROVER, M.; BODHANKAR, S.; SHARMA, A.; SHARMA, P.; SINGH, J.; NAIN L. PGPR mediated alterations in root traits: Way toward sustainable crop production. **Frontiers in Sustainable Food Systems**, p. 287, 2021.

HAIDER, F. U.; EJAZ, M.; CHEEMA, S. A.; KHAN, M. I.; ZHAO, B.; LIQUN, C.; SALIM, M. A.; NAVEED, M.; KHAN, N.; NÚÑEZ-DELGADO, A.; MUSTAFA, A. Phytotoxicity of petroleum hydrocarbons: Sources, impacts and remediation strategies. **Environmental Research**, p. 111031, 2021.

JOHNSEN, A. R.; BOE, U. S.; HENRIKSEN, P.; MALMQUIST, L. M.V.; CHRISTENSEN, J. H. Full-scale bioremediation of diesel-polluted soil in an Arctic landfarm. **Environmental Pollution**, v. 280, p. 116946, 2021.

KOTOKY, R.; RAJKUMARI, J.; PANDEY, P. The rhizosphere microbiome: Significance in rhizoremediation of polyaromatic hydrocarbon contaminated soil. **Journal of environmental management**, v. 217, p. 858-870, 2018.

LI, L.; ZHU, P.; WANG, X.; ZHANG, Z. Phytoremediation effect of *Medicago sativa* colonized by *Piriformospora indica* in the phenanthrene and cadmium co-contaminated soil. **BMC biotechnology**, v. 20, n. 1, p. 1-14, 2020.

LOPEZ-ECHARTEA, E.; STREJCEK, M.; MUKHERJEE, S.; UHLIK, O.; YRJÄLÄ, K. Bacterial succession in oil-contaminated soil under phytoremediation with poplars. **Chemosphere**, v. 243, p. 125242, 2020.

MITTER, E. K.; KATAOKA, R.; FREITAS, J. R.; GERMIDA, J. J. Potential use of endophytic root bacteria and host plants to degrade hydrocarbons. **International journal of phytoremediation**, v. 21, n. 9, p. 928-938, 2019.

NWACHUKWU, B. C.; BABALOLA, O. O. Perspectives for sustainable agriculture from the microbiome in plant rhizosphere. **Plant Biotechnology Reports**, p. 1-20, 2021.

NZILA, A.; MUSA, M. M. Current status of and future perspectives in bacterial degradation of benzo [a] pyrene. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 18, n. 1, p. 262, 2021.

SALLES FILHO, S. L. M.; BONACELLI, M. B. M.; MELLO, D. L. **Estudos em Biotecnologia**: Instrumentos de apoio à definição de políticas em biotecnologia. In: José SILVEIRA, M. F. J.; POZ, M. E. D. A. L (Org.). *Biotecnologia e recursos genéticos: desafios e oportunidades para o Brasil*. 1ªed. Campinas, p. 311-343, 2001.

SINGHA, L. P.; PANDEY, P. Rhizobacterial community of *Jatropha curcas* associated with pyrene biodegradation by consortium of PAH-degrading bacteria. **Applied Soil Ecology**, v. 155, p. 103685, 2020.

SINGHA, L. P.; PANDEY, P. Rhizosphere assisted bioengineering approaches for the mitigation of petroleum hydrocarbons contamination in soil. **Critical Reviews in Biotechnology**, p. 1-26, 2021.

SONG, C.; SARPONG, C. K.; HE, J.; SHEN, F.; ZHANG, J.; YANG, G.; LONG, L.; TIAN, D.; ZHU, Y.; DENG, S. Accelerating phytoremediation of degraded agricultural soils utilizing rhizobacteria and endophytes: a review. **Environmental Reviews**, v. 28, n. 1, p. 115-127, 2020.

TÁNCICS, A.; LI, M.; CHRZANOWSKI, Ł. New Insights Into the Biodegradation of Organic Contaminants in Subsurface Ecosystems: Approaches and Achievements of the Multiomics Era. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 946, 2021.

TRIPATHI, V.; EDRISI, S. A.; CHEN, B.; VIJAI, K.; GUPTA, V. K.; VILU, R.; GATHERGOOD, N.; ABHILASH, P. C. Biotechnological advances for restoring

degraded land for sustainable development. **Trends in biotechnology**, v. 35, n. 9, p. 847-859, 2017.

TRIVEDI, P.; LEACH, J. E.; TRINGE, S. G.; SA, T.; SINGH B. K. Plant–microbiome interactions: from community assembly to plant health. **Nature reviews microbiology**, v. 18, n. 11, p. 607-621, 2020.