



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E METAGENÔMICA DE
Spondias tuberosa: SUBSÍDIOS PARA A BIOECONOMIA DA
CAATINGA**

MARIA SUZANA OLIVEIRA DA SILVA

2025



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

MARIA SUZANA OLIVEIRA DA SILVA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E METAGENÔMICA DE
Spondias tuberosa: SUBSÍDIOS PARA A BIOECONOMIA DA
CAATINGA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Mestre em Ciências”.

Orientadora
Profa. Dra. Renata Silva Mann
Coorientadora
Profa. Dra. Crislaine Costa Calazans

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL
2025

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE

S586d Silva, Maria Suzana Oliveira da.
Diversidade fenotípica e metagenômica de *Spondias tuberosa*:
subsídios para a bioeconomia da Caatinga/ Maria Suzana Oliveira
da Silva; orientadora Renata Silva-Mann. – São Cristóvão, SE,
2025.
108 f.: il.

Dissertação (mestrado em Agricultura e Biodiversidade) –
Universidade Federal de Sergipe, 2025.

1. Agrobiodiversidade. 2. Umbuzeiro. 3. Caatinga. 4. Economia
regional. 5. Microbiologia agrícola. I. Silva-Mann, Renata, orient. II.
Título.

CDU 634.442

MARIA SUZANA OLIVEIRA DA SILVA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E METAGENÔMICA DE *Spondias tuberosa*:
SUBSÍDIOS PARA A BIOECONOMIA DA CAATINGA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Mestre em Ciências”.

APROVADA em 03 de julho de 2025.

Dra. Daniela Aparecida de Castro Nizio (IFS)

Dra. Itamara Bomfim Gois (UFS)

Profª. Dra. Renata Silva Mann
UFS
(Orientadora)

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL

*À minha orientadora, Professora Dra. Renata
Silva Mann, que ainda na minha graduação,
foi guiada por Deus para me acolher, ensinar
e orientar com tanto amor e paciência. Serei
eternamente grata por sua ajuda na
construção deste sonho.
Dedico.*

AGRADECIMENTOS

A Deus, por resgatar este grande sonho e renovar as minhas forças diariamente, sendo combustível para superar os desafios encontrados nesse percurso acadêmico.

À minha família, em especial ao meu esposo, Tiago Jesus, pelo incentivo e amor constantes ao longo da realização desta pós-graduação e por acreditar e apoiar, com entusiasmo, cada etapa dessa jornada. À minha mãe, fonte inesgotável de oração, coragem, amor, paz e refúgio, amo a senhora. Ao meu pai, Nivaldo, e ao Seu João, por todos os ensinamentos e conselhos. Aos meus irmãos (José Elizandro, Givaldo, Maria Valdirene, Raimunda, José Adriano, Maria Elisandra, Joseane, José Henrique e Maria Valdenice), obrigada por todo o incentivo e amor. Vocês são bênçãos divinas em minha vida e foram essenciais nesse percurso.

À minha orientadora, Dra. Renata Silva Mann, que é inspiração e exemplo de professora, pesquisadora e ser humano de coração bondoso, expressei minha gratidão por me acolher e, com muita dedicação, ter me orientado e ensinado com muita paciência, amor e compreensão.

À minha coorientadora, Dra. Crislaine Calazans, gratidão por todos os ensinamentos e pela amizade. Obrigada por me inspirar a sonhar e por me impulsionar a viver experiências valiosas ao longo deste caminho na pós-graduação.

Aos membros da banca, Dra. Daniela Nizio e Dra. Itamara Gois, por gentilmente dedicarem seu precioso tempo na contribuição desta pesquisa.

À Natali, por caminharmos juntas nessa trilha de descobertas sobre o umbuzeiro e, com muita leveza e carinho, estar sempre disposta a ajudar.

À pós-doutora, Dra. Valdinete, gratidão por ter sido luz e inspiração, fonte de apoio e incentivo. Sua contribuição foi essencial para que eu pudesse iniciar e persistir na jornada deste sonho. Te agradeço por tudo!

À minha família científica “Grupo Genaplant”, pelo acolhimento, ensinamentos, auxílios e amizades, em especial à Renata, Cris, Val, Natali, Jackeline, Ana Paula, Lucas, Sara, Matheus, Ana Vitória e Bruna Liziane. Cada um tem um espaço especial em meu coração.

À Rafaela, Jane, Carla, Ellen Caroline, Tamires Aparecida, Thaís, Valfran, Camila e Jessica (PPGAGRI), agradeço pela amizade e pelas enriquecedoras trocas de conhecimento. A parceria de cada um brilhou ainda mais esses dois anos.

Aos técnicos dos laboratórios, Conceição, Lílían e Franklin, pelo suporte nos experimentos.

À Universidade Federal de Sergipe e ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, por proporcionarem a oportunidade de realizar a pós-graduação e ampliar o conhecimento profissional.

A todos os professores do curso de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, pela transmissão de conhecimento e experiências valiosas.

Aos Professores Dra. Roberta Fernandes, Dr. Paulo Gagliard e Dr. Leandro Bacci, pela parceria nos laboratórios.

A todos os meus amigos que torcem e vibram pelo meu crescimento e a todos aqueles que apoiaram direta ou indiretamente a minha jornada acadêmica.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de estudos concedida, de suma importância para o desenvolvimento da pesquisa científica.

BIOGRAFIA

Maria Suzana Oliveira da Silva é natural do estado de Sergipe e graduou-se em Engenharia Agrônômica pela Universidade Federal de Sergipe (UFS) em 2023. Durante a graduação, desenvolveu atividades de iniciação científica com ênfase na caracterização morfológica e diversidade genética de espécies nativas do semiárido, especialmente *Spondias tuberosa* (umbuzeiro), sendo bolsista do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Atualmente, é mestranda no Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade da UFS (PPGAGRI/UFS), atuando na linha de pesquisa "Recursos genéticos, biodiversidade e bioprospecção", com bolsa da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). É integrante do Grupo de Pesquisa em Conservação, Melhoramento e Gestão de Recursos Genéticos (GENAPLANT), no qual participa de estudos voltados à prospecção tecnológica e caracterização de frutos, sementes e microbiomas associados a espécies nativas com potencial bioeconômico.

Possui experiência em morfometria digital com o uso do sistema GroundEye®, extração de DNA e análises metagenômicas aplicadas à microbiologia agrícola. É autora e coautora de artigos científicos, relatórios técnicos e resumos apresentados em eventos nacionais e internacionais. Em 2022, recebeu o Prêmio Destaque em Ciências Agrárias no Encontro de Iniciação Científica da UFS.

Currículo Lattes: <http://lattes.cnpq.br/2998607208090385>

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1394-0304>

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	i
LISTA DE TABELAS	iv
LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS	vi
RESUMO	vii
ABSTRACT	i
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1. Introdução à cultura do umbu (<i>Spondias tuberosa</i>).....	2
2.1.1 Morfologia e estrutura do fruto e endocarpo.....	2
2.1.2 Reprodução em <i>Spondias tuberosa</i>	4
2.1.3 Importância do umbu no semiárido brasileiro.....	5
2.1.4 Potencial econômico e uso comercial do umbu	6
2.1.5 Parâmetros fenotípicos e genéticos associados à qualidade dos frutos e do endocarpo	7
2.2. Microbioma de frutos e sementes: o papel dos microrganismos endofíticos	8
2.3. Metagenômica aplicada ao estudo de microrganismos em frutos e sementes.....	9
2.4. Isolamento e caracterização de microrganismos endofíticos em frutos tropicais.....	10
2.4.1 Métodos tradicionais de isolamento de microrganismos de frutos e sementes.....	10
2.4.2 Caracterização microbiológica dos isolados	11
2.4.3 Interação dos microrganismos isolados com a fisiologia do fruto, sementes e potenciais aplicações biotecnológicas.....	12
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	14
RESUMO	22
4.1. Introdução.....	24
4.2. Material e Métodos.....	25
4.2.1 Fontes de dados e estratégia de busca	25
4.2.2 Processamento e análise dos dados	25
4.2.3 Seleção dos estudos e critérios de elegibilidade.....	26
4.2.4 Extração das estruturas de metabólitos e da rede gênica	26
4.3. Resultados.....	27
4.3.1 Tendências bibliográficas.....	27
4.3.2 Distribuição geográfica dos estudos.....	28
4.3.3 Rede de colaboração e mapeamento de palavras-chave.....	28
4.3.4 Agrupamento temático e mapeamento estratégico.....	30
4.3.5 Diversidade taxonômica e potencial biotecnológico.....	32
4.3.6 Rede gênica	38
4.4. Discussão.....	39
4.5. Conclusão.....	41
4.6. Referências Bibliográficas	41
5. ARTIGO 2.....	50
5.2. Material e Métodos	51
5.2.1 Área de estudo.....	51
5.2.2 Caracterização das matrizes	52

5.2.3	Caracterização de frutos e endocarpos	52
5.2.4	Análises físico-químicas	52
5.2.5	Análises estatísticas.....	52
5.3.	Resultados.....	53
5.3.1	Caracterização dendrométrica	53
5.3.2	Parâmetros de variância para características dendrométricas	56
5.3.3	Morfometria de frutos	56
5.3.4	Parâmetros genéticos de variância por procedência - frutos	58
5.3.5	Morfometria dos endocarpos.....	59
5.3.6	Parâmetros genéticos de variância por procedência - endocarpos	62
5.3.7	Análises multivariadas	63
5.3.8	Relações alométricas	64
5.3.9	Classificação supervisionada (LDA e Random Forest)	65
5.4.	Discussão	66
5.5.	Conclusão.....	67
6.	ARTIGO 3	69
	RESUMO.....	69
6.1.	Introdução	70
6.2.	Material e Métodos	71
6.2.1	Coleta e obtenção das amostras.....	71
6.2.2	Análise metagenômica	72
6.2.3	Validação de microrganismos cultiváveis do endocarpo de umbuzeiro	73
6.2.4	Análise estatística.....	74
6.3.	Resultados.....	74
6.3.1	Análise metagenômica	74
6.3.2	Perfil metagenômico de bactérias	75
6.3.3	Perfil metagenômico de fungo	78
6.3.4	Identificação do perfil metagenômico ao nível de espécie	79
6.3.5	Estudo dependente de cultivo.....	80
6.4.	Discussão	82
6.5.	Conclusões	84
7.	CONSIDERAÇÕES FINAIS	88
	ANEXOS.....	89

LISTA DE FIGURAS

Revisão

Figura		Página
1	Árvore de <i>Spondias tuberosa</i> , folhas, inflorescências, fruto, fruto aberto e endocarpo.....	2
2	Endocarpos de umbu (A), arilo sendo removido (B), arilo removido (C), endocarpo com arilo removido (D).	4
3	Distribuição geográfica dos diferentes biomas do Brasil.	5
4	Frequência de termos em estudos sobre o isolamento da microbiota em frutos e sementes tropicais. Prospecção na Plataforma Capes (https://www.periodicos.gov.br), com o protocolo (isolamento OU microrganismos) e (frutas tropicais E sementes), nas bases de dados Web of Science e Scopus e utilização do programa RStudio (R Core Team, 2021) e Bibliometrics (Ara; Curcurullo, 2017).....	12

ARTIGO 1

Figura		Página
1	Diagrama de fluxo PRISMA resumindo o processo de identificação, triagem, elegibilidade e inclusão dos estudos selecionados para a revisão sistemática	26
2	Produção científica anual sobre microrganismos endofíticos em frutos e sementes de espécies frutíferas (2005–2025)	27
3	Distribuição geográfica das pesquisas relacionadas a microrganismos endofíticos em frutos e sementes de espécies frutíferas.....	28
4	Colaboração internacional entre autores correspondentes com base nos indicadores MCP (Multiple Country Publications) e SCP (Single Country Publications)	29
5	Interconexões entre país de afiliação dos autores (AU_CO), autores individuais (AU) e palavras-chave (ID) em estudos sobre o microbioma de frutos e sementes de espécies frutíferas.....	30
6	Rede de coocorrência de palavras-chave em pesquisas sobre microbiomas endofíticos em frutos e sementes.....	31
7	Mapa temático (diagrama estratégico) que categoriza os temas de pesquisa por relevância e nível de desenvolvimento na literatura analisada.....	32
8	Número de estudos por tipo de microrganismo.....	35
9	Frequência das principais espécies vegetais associadas a microrganismos endofíticos em frutos e sementes.....	36
10	Estrutura química de metabólitos isolados em endófitos microbianos de frutos e sementes.....	37
11	Rede de interação gênica mostra as conexões funcionais entre genes associados ao potencial endofítico de <i>Bacillus safensis</i> isolado de sementes....	38

ARTIGO 2

Figura		Página
1	Localização geográfica das árvores amostradas (matrizes) de <i>Spondias tuberosa</i> (umbu) amostradas em três procedências do estado de Sergipe, Brasil: Canindé de São Francisco, Poço Verde e Gararu (2023). Os círculos indicam a distribuição das árvores amostradas em procedências, georreferenciadas durante as expedições de campo.....	51
..		

2	Médias e desvios-padrão dos descritores dendrométricos de <i>Spondias tuberosa</i> em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).....	53
3	Distribuição dos descritores dendrométricos de <i>Spondias tuberosa</i> em três procedências de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). Os gráficos de violino (à esquerda) mostram a variação e a dispersão dos valores médios de diâmetro equivalente do tronco (cm), altura total das árvores (m) e área de copa (m²)..	55
4	Estimativas dos componentes de variância para descritores dendrométricos de <i>Spondias tuberosa</i> em três procedências do estado de Sergipe, Brasil.....	56
5	Distribuição das características morfométricas de frutos de <i>Spondias tuberosa</i> em três procedências de Sergipe (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde)	57
6	Comparativo do perfil químico de frutos de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) provenientes de três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).....	59
7	Características morfométricas de endocarpos de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). São apresentados os valores de comprimento (cm), largura (cm) e área (cm²).....	60
8	Parâmetros de forma de endocarpos de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) avaliados em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).....	61
9	Agrupamento hierárquico (método de Ward, distância euclidiana padronizada) e dispersão em componentes principais (PCA) de árvore amostrada (matriz) de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) avaliados em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).....	63
10	Classificação supervisionada de procedências de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) no estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).....	64

ARTIGO 3

Figura		Página
1	Mapa de localização da região de coleta dos frutos e endocarpos de umbuzeiro.....	71
2	Resumo com as principais etapas da análise metagenômica.	73
3	Diagrama de Sankey da classificação resumida do metagenoma de arilo do umbuzeiro.....	75
4	Mapa de calor representando da abundância de DNA das bactérias encontradas na amostra de arilo de umbu.....	76

5	Diagrama de Venn, representando o comportamento do microbioma de acordo com o potencial das bactérias.....	76
6	Componentes principais relacionados a potenciais funções das bactérias.....	77
7	Mapa de calor das correlações entre as bactérias.....	77
8	Mapa de calor representando a abundância de DNA dos fungos encontrados na amostra de arilo de umbu.....	78
9	Diagrama de Venn para fungos.....	78
10	Mapa de calor das correlações para os fungos do arilo de umbuzeiro.....	79
11	Visualizações microbiana e microscopia de bactérias Gram-negativas (A, B, C, D e E) e bactérias Gram-positivas (F, G, H, I e J) isoladas do arilo de <i>Spondias tuberosa</i>	81
12	Fungos isolados do arilo de <i>Spondias tuberosa</i>	81
13	Espécies de fungos isolados do arilo de <i>Spondias tuberosa</i> e suas respectivas visualizações microscópicas.....	82

LISTA DE TABELAS

REVISÃO

Tabela		Página
1	Ácidos graxos presentes em endocarpos de umbuzeiro.....	6

ARTIGO 1

Tabela		Página
1	Critérios de exclusão e número de artigos removidos	26
2	Potencial biotecnológico de microrganismos endofíticos associados a sementes de espécies frutíferas.	33

ARTIGO 2

Tabela		Página
1	Caracterização dendrométrica de <i>Spondias tuberosa</i> em três procedências de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde), com valores médios e desvios-padrão (DP) de diâmetro equivalente do tronco (Deq (cm)), altura total (m) e área de copa (m ²), obtidos a partir de 30 árvores amostradas em 2023.....	53
2	Estimativas de variâncias genéticas (σ^2g), residuais (σ^2e) e fenotípicas (σ^2f), herdabilidade em sentido amplo (H^2) e coeficientes de variação genético (CVg), ambiental (CVe) e relativo (CVR) para caracteres de frutos de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) em três procedências (1= Canindé de São Francisco; 2= Poço Verde; 3= Gararu) naturais do estado de Sergipe, Brasil, com base em 508 frutos coletados em 2023. Os caracteres avaliados incluem variáveis morfométricas (comprimento, largura, área e circunferência), cromáticas (verde, amarelo, marrom, luminosidade) e físico-mecânicas (textura).....	58
3	Estimativas de variâncias fenotípicas (σ^2f) e coeficientes de variação ambiental (CVe) para caracteres de endocarpos de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) avaliados em três procedências naturais do estado de Sergipe, Brasil (Poço Verde, Canindé de São Francisco e Gararu).....	62
4	Acurácia média (%) obtida em modelos de classificação supervisionada aplicados para discriminar procedências de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) no estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). Foram utilizados dois métodos estatísticos com validação cruzada estratificada (k = 5): Análise Discriminante Linear (LDA) e Random Forest (RF).....	65
5	Principais variáveis fenotípicas utilizadas para discriminação das procedências de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) no estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde), segundo a análise de importância relativa (%) no algoritmo Random Forest.....	65
6	Regressões lineares e log-log entre descritores dendrométricos de umbuzeiro (<i>Spondias tuberosa</i>) em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). São apresentadas as equações ajustadas, coeficientes de determinação (R^2), valores de significância (p-valor) e tipo de modelo (linear ou log-log) para as relações entre diâmetro equivalente do tronco (Deq, cm), altura total das árvores (m) e área de copa (m ²).....	65

ARTIGO3

Tabela		Página
1	Espécies mais abundantes encontradas no arilo de <i>Spondias tuberosa</i> por meio da metagenômica.....	79
2	Diversidade e abundância de espécies de <i>Bacillus</i> do arilo de <i>Spondias tuberosa</i>	80

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

ABNT – Associação Brasileira de Normas Técnicas
ACC – 1-aminociclopropano-1-carboxílico
BLAST – Basic Local Alignment Search Tool
CAPES – Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior
CFA – Custo Fixo Anual
CNPq – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico
DEQ – Diâmetro Equivalente (cm)
DNA – Ácido Desoxirribonucleico
EDS – Energy Dispersive Spectroscopy (Espectroscopia de Energia Dispersiva)
KEGG – Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
LAMP – Loop-Mediated Isothermal Amplification
MCP – Multiple Country Publications
NCBI – National Center for Biotechnology Information
ORCID – Open Researcher and Contributor ID
PCR – Reação em Cadeia da Polimerase (Polymerase Chain Reaction)
PPGAGRI – Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade
PRISMA – Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses
SCP – Single Country Publications
UFS – Universidade Federal de Sergipe
 μm – Micrômetro
% – Porcentagem
 $^{\circ}\text{C}$ – Grau Celsius
g – Grama
mg – Miligrama
cm – Centímetro
 cm^2 – Centímetro quadrado
mm – Milímetro

RESUMO

DA SILVA, Maria Suzana Oliveira. **Diversidade fenotípica e metagenômica de *Spondias tuberosa*: subsídios para a bioeconomia da Caatinga.** São Cristóvão: UFS, 2025. 108p (Dissertação – Mestrado em Agricultura e Biodiversidade).

Spondias tuberosa Arruda, conhecida popularmente como umbuzeiro, é uma espécie nativa da Caatinga com elevado potencial para a bioeconomia regional. Seus frutos apresentam expressiva importância nutricional, sociocultural e comercial para comunidades do semiárido. No entanto, ainda são escassos os estudos integrados sobre a diversidade fenotípica e microbiológica dessa espécie, especialmente em populações nativas do estado de Sergipe. Esta dissertação investiga a variabilidade fenotípica de frutos e de populações naturais de umbuzeiro e caracteriza funcionalmente os microbiomas dos endocarpos, visando à conservação, ao melhoramento genético e às aplicações biotecnológicas. O estudo foi estruturado em três capítulos. O primeiro capítulo apresenta uma revisão sistemática sobre o papel dos microrganismos endofíticos em frutos e sementes de espécies frutíferas, destacando suas funções na promoção do crescimento, biocontrole, indução de resistência e conservação pós-colheita. A análise abrangeu 59 estudos selecionados conforme os critérios PRISMA, revelando que bactérias dos gêneros *Bacillus*, *Pseudomonas* e fungos como *Trichoderma* e *Penicillium* são os mais frequentemente associados a funções benéficas. Apesar do avanço das pesquisas em frutos, há lacunas significativas sobre a microbiota de sementes, especialmente em espécies nativas tropicais. O segundo capítulo aborda a caracterização fenotípica de frutos e populações naturais de umbuzeiro em áreas extrativistas de Sergipe. Foram avaliados parâmetros biométricos e físico-químicos, como massa dos frutos, área, comprimento, teor de sólidos solúveis e firmeza. A partir das análises, verificou-se ampla variabilidade intra e entre populações, com destaque para genótipos com potencial agrônomo e comercial. Atributos cromáticos, sobretudo a luminosidade, são os descritores mais consistentes para diferenciar procedências em relação aos frutos e endocarpos de *S. tuberosa*. A população de Gararu apresenta fenótipo mais uniforme e diferenciado, a de Poço Verde maior coesão interna, enquanto a de Canindé expressa maior variabilidade entre matrizes, sendo a matriz nove a que possui características fenotípicas relevantes como tamanho e doçura que a torna distinta das demais. No terceiro capítulo foram utilizadas abordagens de metagenômica funcional para explorar a composição e os potenciais biotecnológicos da microbiota presente nos endocarpos dos frutos. Foram aplicadas técnicas de extração de DNA, sequenciamento e bioinformática para identificar os principais grupos microbianos presentes. Existe uma comunidade microbiana diversa, composta por bactérias com genes associados à fixação de nitrogênio, solubilização de fósforo, produção de auxinas e ACC desaminase. Os resultados obtidos ao longo deste estudo contribuem significativamente para a valorização do umbuzeiro como recurso estratégico na promoção da bioeconomia da Caatinga. A integração de dados morfológicos e moleculares oferece subsídios técnicos e científicos para políticas públicas voltadas à conservação da biodiversidade, desenvolvimento de cultivares e uso sustentável de recursos microbianos endógenos.

Palavras-chave: Frutos nativos, microrganismos endofíticos, diversidade morfológica, bioinsumos, conservação vegetal, semiárido brasileiro.

* Comitê de orientação: Renata Silva Mann - UFS (Orientadora), Crislaine Costa Calazans - UFS (Coorientadora).

ABSTRACT

DA SILVA, Maria Suzana Oliveira. **Phenotypic and metagenomic diversity of *Spondias tuberosa*: contributions to the bioeconomy of the Caatinga.** São Cristóvão: UFS, 2025. 108 p. (Master's in Agriculture and Biodiversity).*

Spondias tuberosa Arr. Câm., commonly known as *umbuzeiro*, is a species native to the Brazilian Caatinga biome and holds great potential for regional bioeconomic development. Its fruits are of notable nutritional, sociocultural, and commercial importance to communities in the semi-arid region. However, integrated studies on the phenotypic and microbiological diversity of this species remain scarce, particularly in natural populations from the state of Sergipe. This dissertation aims to investigate the phenotypic variability of fruits and natural populations of *umbuzeiro*, and to functionally characterize the microbiomes associated with their endocarps, with the goal of identifying relevant traits for conservation strategies, genetic improvement, and sustainable biotechnological applications. The study is structured into three scientific chapters. The first one chapter presents a systematic review of the role of endophytic microorganisms in fruits and seeds of fruit-bearing species, highlighting their functions in plant growth promotion, biological control, resistance induction, and postharvest conservation. The review includes 59 studies selected according to PRISMA criteria, revealing that bacterial genera such as *Bacillus* and *Pseudomonas*, as well as fungi like *Trichoderma* and *Penicillium*, are most frequently associated with beneficial functions. Despite significant advances in studies on fruit microbiota, substantial gaps remain in the understanding of seed-associated microbial communities, especially in tropical native species. The second chapter addresses the phenotypic characterization of fruits and natural populations of *S. tuberosa* in extractive areas of Sergipe. Morphological and biometric traits such as fruit weight, soluble solids content, firmness, diameter, and length were evaluated. The analyses revealed wide intra and inter-population variability, highlighting genotypes with agronomic promise and commercial potential. Chromatic attributes, particularly luminosity, proved to be the most consistent descriptors for differentiating the origin of *umbuzeiro* fruits and endocarps. The Gararu population exhibited a more uniform and distinct phenotype, Poço Verde showed greater internal cohesion, whereas Canindé displayed greater variability among matrices, with matrix nine standing out due to its relevant phenotypic characteristics, such as size and sweetness, which make it distinct from the others. The third chapter employs functional metagenomic approaches to explore the composition and biotechnological potential of the microbiota found in fruit endocarps. DNA extraction, sequencing, and bioinformatic analyses were conducted to identify key microbial groups. Results revealed a diverse microbial community, with bacteria harboring genes related to nitrogen fixation, phosphate solubilization, auxin production, and ACC deaminase activity. These microbial functions support the potential use of *S. tuberosa* as a source of natural bioinputs in low-impact agricultural systems. The findings of this dissertation contribute significantly to the recognition of *umbuzeiro* as a strategic resource for fostering the bioeconomy of the Caatinga biome. The integration of morphological and molecular data provides scientific and technical foundations for public policies aimed at biodiversity conservation, the development of cultivars adapted to semi-arid conditions, and the sustainable use of native microbial resources. Ultimately, the dissertation emphasizes the value of combining traditional knowledge with modern science to strengthen sustainable and inclusive agricultural practices.

Key-words: Native fruits, endophytic microorganisms, morphological variability, bioinputs, plant conservation, Brazilian semiarid.

* Guidance Committee: Renata Silva Mann - UFS (Advisor), Crislaine Costa Calazans – UFS (Co-advisor).

1. INTRODUÇÃO GERAL

O bioma Caatinga, único exclusivamente brasileiro, ocupa aproximadamente 11% do território nacional e representa uma das regiões mais biodiversas e resilientes do país (IBGE, 2023). Apesar das condições climáticas adversas, a Caatinga abriga uma vasta riqueza de espécies nativas com potencial bioeconômico ainda subexploradas cientificamente e comercialmente. Entre essas espécies, destaca-se *Spondias tuberosa* Arruda, conhecida popularmente como umbuzeiro, árvore frutífera de grande importância para as populações do semiárido brasileiro, especialmente pelas múltiplas formas de aproveitamento de seus frutos e pela sua resistência à seca (Alencar *et al.*, 2025; Ferreira *et al.*, 2022; Lambert-Moreira *et al.*, 2025; Santos *et al.*, 2021).

Os frutos do umbuzeiro são amplamente utilizados na alimentação humana e na agroindústria artesanal e comunitária, constituindo importante fonte de renda para agricultores familiares (Gama *et al.*, 2024). Além de seu valor nutricional, as partes internas dos frutos, como os endocarpos, apresentam compostos bioativos promissores para aplicações em áreas de fitoterápicos, bioinsumos e conservação de alimentos (Moreira *et al.*, 2025).

A caracterização fenotípica de frutos e populações naturais permite identificar genótipos com atributos desejáveis para o melhoramento genético, produção comercial e conservação da espécie (Saraiva *et al.*, 2025). Por outro lado, a metagenômica funcional aplicada à microbiota de frutos e sementes tem revelado a presença de microrganismos com funções essenciais, como promoção do crescimento vegetal, solubilização de nutrientes, indução de resistência a estresses bióticos e abióticos, além de atuação no controle biológico de pragas e doenças (Bartuv *et al.*, 2023; Wu *et al.*, 2023; Yang *et al.*, 2024).

Diante disso, propõe-se uma abordagem integrada que combina a análise morfoagronômica de frutos e populações de umbuzeiro com a caracterização funcional da comunidade microbiana presente em seus endocarpos. Ao abordar tanto a variabilidade fenotípica quanto o potencial metabólico da microbiota associada, o estudo visa fornecer subsídios para ações de conservação, valorização de recursos genéticos locais e desenvolvimento de bioprodutos a partir de espécies nativas do semiárido (Zhang *et al.*, 2024).

Considerando o contexto atual de mudanças climáticas, escassez hídrica e necessidade de alternativas sustentáveis para a produção agrícola, a valorização de espécies como o umbuzeiro, integrando conhecimentos agronômicos e tecnologias emergentes, representa um caminho estratégico para fortalecer a bioeconomia regional e promover o uso racional da biodiversidade (Wei *et al.*, 2022). Assim, os resultados apresentados ao longo desta dissertação contribuem para o avanço científico e tecnológico no campo da agricultura sustentável, da biotecnologia e da conservação dos recursos naturais da Caatinga.

No entanto, ainda são escassos os estudos sistemáticos que integrem a caracterização fenotípica das populações naturais com a investigação do potencial biotecnológico associado à sua microbiota endofítica funcional.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Introdução à cultura do umbu (*Spondias tuberosa*)

O umbuzeiro é uma árvore nativa da Caatinga, exclusiva do Brasil, pertencente à família Anacardiaceae (Silva *et al.*, 2018). É considerada um símbolo do sertão, sobretudo por apresentar raízes especializadas, os xilopódios, que atuam como reservatórios de água e nutrientes, permitindo à planta sobreviver aos longos períodos de estiagem (Matos *et al.*, 2020).

As árvores centenárias de umbuzeiro podem atingir até 6 metros de altura e 15 metros de diâmetro de copa, que apresenta formato arredondado, além de possuírem caule lenhoso. A espécie apresenta inflorescências branco-amareladas, compostas por flores masculinas e hermafroditas, geralmente polinizadas por insetos fitófagos, como *Trigona spinipes*, *Apis mellifera* e *Frieseomelitta doederleini*, e por onívoros, como *Polybia sericea* e *Polistes canadensis* (Barreto *et al.*, 2006). As folhas são compostas, alternas, imparipenadas, com 3 a 7 folíolos. Mesmo durante a seca do verão, permanecem verdes, conferindo cor e vitalidade ao Sertão (Ferreira; Campos; Medeiros, 2020). Os frutos, dispostos em cachos ou unitários, são do tipo drupa, ou seja, possuem endocarpo central (Figura 1).



Figura 1. Árvore de *Spondias tuberosa*, folhas, inflorescências, fruto, fruto aberto e endocarpo.

2.1.1 Morfologia e estrutura do fruto e endocarpo

O período de frutificação do umbuzeiro ocorre entre janeiro e abril, com a colheita realizada de forma extrativista. Seus frutos são climatéricos e classificados como do tipo drupa, compostos por três partes (epicarpo, mesocarpo, endocarpo). Os frutos apresentam coloração verde e esverdeada, adquirindo tonalidades compreendidas entre amarelo e alaranjado ao atingirem o pico de maturação fisiológica (Rodrigues *et al.*, 2024). A maturação fisiológica favorece índices nutracêuticos de importância econômica, como os teores de potássio, cálcio, magnésio e vitamina C, bem como os níveis de metabólitos bioativos na pós-colheita (Rodrigues *et al.*, 2020).

Espécies frutíferas arbóreas originárias de regiões de clima seco geralmente apresentam ciclo de vida longo e desenvolvem diversos mecanismos estratégicos para sobreviver a fatores abióticos do ambiente. Entre esses mecanismos, destaca-se a dormência das sementes, fenômeno de extrema importância para garantir a persistência e perpetuação da espécie no ambiente, mesmo após eventos ecológicos adversos, como secas, inundações, geadas e incêndios (Zhang *et al.*, 2022).

A dormência pode ser atribuída à interação complexa de diversos fatores, entre os quais se destacam: a presença de um tegumento físico envolvendo a semente, que pode impedir ou dificultar o contato com o meio externo; limitações mecânicas que restringem as trocas gasosas e o equilíbrio químico e hormonal; e a dormência de natureza morfológica, caracterizada pela imaturidade embrionária (Baskin; Baskin; Li, 2000). Em muitos casos, assim como no umbuzeiro, esses fatores ocorrem de forma combinada, intensificando a resistência à germinação.

Embora a dormência seja uma estratégia adaptativa que aumenta a capacidade das sementes em persistir no solo e se estabelecer em condições adversas, ela também representa um fator limitante para a expansão de muitas espécies. Isso ocorre devido à dificuldade na propagação reprodutiva sexuada, que afeta diretamente a taxa e a uniformidade de germinação. Nesses casos, torna-se necessário aplicar tratamentos mecânicos, químicos, físicos ou biológicos para promover a superação da dormência e viabilizar uma germinação mais eficiente e homogênea (Correia *et al.*, 2024; Wu *et al.*, 2023).

Sendo assim, o umbuzeiro possui o conjunto de eventos físicos e mecânicos que podem ser visualizados pelas estruturas associadas ao embrião que desencadeiam o processo fisiológico de dormência das sementes. Dentre eles estão: o endocarpo, estrutura densa com orifícios que abriga a semente; o arilo, estrutura esponjosa na fase madura dos frutos e fibrosa após a secagem do endocarpo fora do fruto; e o tegumento impermeável que recobre a semente diretamente (Leite *et al.*, 2021; Rodrigues *et al.*, 2024). Esse é o primeiro desafio a ser enfrentado para a propagação da espécie.

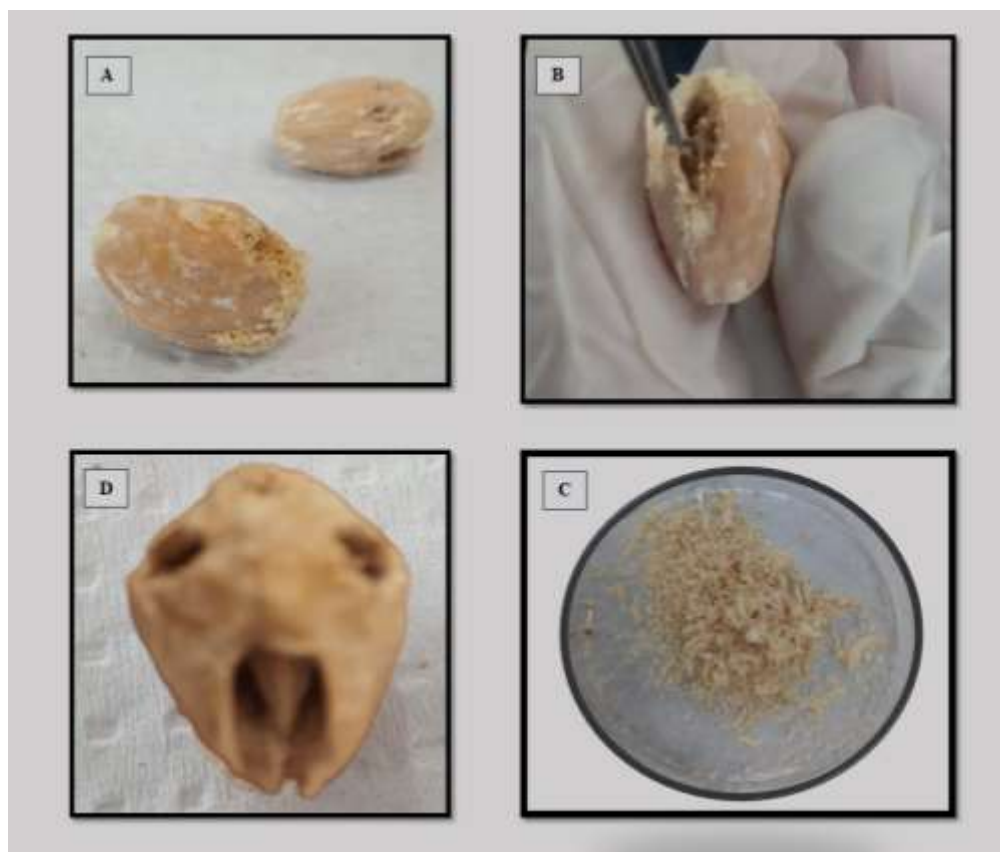


Figura 2. Endocarpos de umbu (A), arilo sendo removido (B), arilo removido (C), endocarpo com arilo removido (D).

2.1.2 Reprodução em *Spondias tuberosa*

A presença de poliploidia no umbuzeiro, caracterizada pela duplicação do número cromossômico de $2n=32$ para $4n$, possivelmente decorrente de pressões ambientais, está associada à elevada variabilidade genética e à produtividade observada na espécie. Em outras espécies, esse mecanismo tem sido induzido artificialmente, uma vez que favorece o melhoramento genético, contribuindo para a herança de características morfológicas desejáveis com potencial para serem aprimoradas (Machado *et al.*, 2015).

No contexto da reprodução assexuada, o uso do enxerto no umbuzeiro tem se mostrado uma técnica eficiente para promover a uniformidade dos pomares, além de permitir a redução significativa no tempo até a primeira frutificação, diminuindo-o cerca de 10 para 5 anos (Fonseca *et al.*, 2019). No entanto, esse método desfavorece a variabilidade genética da espécie, importante para a seleção de genótipos a serem utilizados no melhoramento, sendo necessária a reprodução por sementes.

Adicionalmente, as taxas de germinação do umbuzeiro têm se apresentado insatisfatórias com percentual de até 30% com 30 dias de semeadura, sendo aumentadas em até 68% de germinação utilizando sementes de seis a 12 meses de armazenamento, demonstrando uma desuniformidade amenizada quando empregam-se métodos de superação de dormência como físico, mecânico e temporal, ou seja, os endocarpos são submetidos a um período de armazenamento de dois a três anos, ou após um processo natural observado em muitas espécies com sementes florestais dormentes (Cavalcanti *et al.*, 2006). No entanto, os mecanismos fisiológicos e microbiológicos que ocorrem durante o armazenamento podem contribuir para a quebra de dormência e posterior à germinação, porém ainda não estão completamente esclarecidos.

A microbiota das sementes tende a aumentar durante seu estágio de maturação, podendo ser modificada ao longo do tempo de armazenamento, principalmente em função da redução do teor de água. Essa redução favorece a diminuição na qualidade e a abundância de microrganismos endofíticos, embora muitas espécies resilientes ainda estejam associadas à promoção do crescimento e desenvolvimento das plantas (Dutta; Choi; Lee, 2022). Existe uma lacuna de informações sobre a dinâmica dos microrganismos que influenciam a germinação do umbuzeiro.

2.1.3 Importância do umbu no semiárido brasileiro

O Brasil abriga a maior biodiversidade do planeta, distribuída em seis biomas com elevado potencial biotecnológico (Pompelli *et al.*, 2024) (Figura 3). Dentre eles, destaca-se a Caatinga, presente em estados do Nordeste (Bahia, Sergipe, Alagoas, Paraíba, Pernambuco, Rio Grande do Norte, Ceará, Piauí) e o norte de Minas Gerais, apreciada por sua vegetação composta majoritariamente por espécies arbóreas caducifólias, que secam suas folhas no verão, como estratégia adaptativa à seca prolongada, anualmente típica da região (Fernandes *et al.*, 2020). Mesmo em áreas intensamente degradadas, a presença de remanescentes preservados funciona como reservatórios genéticos, contribuindo para a manutenção da diversidade e da estrutura da vegetação local (Macêdo *et al.*, 2024).



Figura 3. Distribuição geográfica dos diferentes biomas do Brasil.

A Caatinga possui uma vasta extensão, compreendida por oito estados do Nordeste e o norte de Minas Gerais. Este bioma exerce influência direta sobre a economia das comunidades locais (Brito *et al.*, 2024). Suas características na vegetação são relevantes tanto pelo potencial madeireiro quanto pela presença de compostos químicos com aplicações nutracêuticas, farmacêuticas e agrônômicas. Além disso, contribui significativamente para a sustentabilidade regional devido à elevada resistência das espécies à seca (Nunes *et al.*, 2021; Pedrosa *et al.*, 2023; Silva *et al.*, 2018; Wright *et al.*, 2024).

A vegetação da Caatinga é predominantemente caducifólia, adaptada a solos rasos e pedregosos. Para sobreviver durante as épocas de escassez de água, a maioria das espécies perde suas folhas no verão, otimizando recursos energéticos e hídricos (Medeiros *et al.*, 2024). No entanto, o umbuzeiro é ressaltado por manter suas folhas verdes durante a frutificação, desempenhando um papel fundamental no ecossistema.

Quase a metade do estado de Sergipe está localizada em área de abrangência da Caatinga e o extrativismo de frutos nativos, a exemplo dos frutos de umbuzeiros, é uma estratégia que viabiliza o uso dos recursos disponíveis na natureza (Raquel; Lima; Athiê-Souza, 2024).

2.1.4 Potencial econômico e uso comercial do umbu

A produção de frutos do umbuzeiro no Brasil alcançou 15.289 toneladas em 2023, com a Bahia liderando o ranking nacional (IBGE, 2023). Essa posição de destaque é impulsionada por políticas públicas estaduais, como os incentivos do Instituto Regional da Pequena Agricultura (IRPA) e a atuação da Cooperativa de Agropecuária Familiar de Canudos, Uauá e Curaçá (COOPERCUC). Pernambuco ocupa o segundo lugar na produção, sendo o estado com a maior predição de ocorrência natural da espécie e maior número de pesquisadores dedicados ao estudo do umbuzeiro (Queiroz, 2011).

Os frutos do umbuzeiro são, em sua maioria, consumidos *in natura* e comercializados em feiras livres e mercados regionais. Também são amplamente utilizados na fabricação de sorvetes, sucos, doces, geleias e compotas, cervejas e licores. Essa cadeia produtiva gera emprego e renda para as comunidades locais, impulsionada pelos atributos nutricionais do umbu, especialmente o elevado teor de vitamina C, um potente antioxidante associado à prevenção de diversas doenças crônicas (Mendes *et al.*, 2024).

Os endocarpos do umbuzeiro, estruturas densas que abrigam as sementes, também possuem uma ampla variedade de compostos bioativos, utilizados em diferentes aplicações, como na produção de compostos aromáticos naturais e na indústria farmacêutica, especialmente devido à presença de ácidos graxos. Esses ácidos graxos servem de base para a fabricação de fármacos, sendo sua extração economicamente relevante por conterem triglicerídeos naturais essenciais à saúde humana (Freitas *et al.*, 2024) (Tabela 1). Além disso, os triglicerídeos desempenham papel fundamental na defesa de plantas, contribuindo para a integridade dos complexos celulares frente a diversos estresses bióticos e abióticos. Essa função protetiva é essencial para a adaptação evolutiva das espécies vegetais em seus ecossistemas (Palma *et al.*, 2020).

Tabela 1. Ácidos graxos presentes em endocarpos de umbuzeiro.

Ácidos graxos	Teor (%)	Função	Fórmula química
Palmítico	31,00	Produção de ceramida	$\text{CH}_3(\text{CH}_2)_{14}\text{COOH}$
Estearico	9,60	Enrijecimento	$\text{CH}_3(\text{CH}_2)_{16}\text{COOH}$
Oleico	33,10	Estabilidade oxidativa	$\text{C}_{18}\text{H}_{34}\text{O}_2$
Linoleico	38,06	Induz apoptose	$\text{C}_{18}\text{H}_{32}\text{O}_2$
Linolênico	14,00	Poderoso antioxidante	$\text{C}_{18}\text{H}_{30}\text{O}_2$

Fonte: Freitas *et al.*, 2024.

Além disso, o umbuzeiro, assim como outras espécies que possuem genes associados à resistência à seca, tem sido selecionado como uma alternativa promissora para o reflorestamento de áreas degradadas na Caatinga. Essa escolha visa a proteção do solo, a preservação dos cursos d'água e a conservação dos recursos naturais da região (Cruz *et al.*, 2023). No entanto, a produção do umbuzeiro permanece limitada pela ausência de cultivos comerciais consolidados. Nesse sentido, torna-se imprescindível o desenvolvimento de mais

pesquisas que forneçam subsídios técnicos e científicos para a implantação de sistemas produtivos voltados à exploração comercial da espécie.

2.1.5 Parâmetros fenotípicos e genéticos associados à qualidade dos frutos e do endocarpo

A diversidade genética de uma população ou ecossistema baseia-se na variabilidade de locos gênicos entre os organismos existentes. Essa variedade genética é essencial para a adaptação evolutiva, resistência e estabelecimento de espécies no meio ambiente, principalmente devido aos eventos ecológicos imprevisíveis que podem causar degradações severas e até a extinção de determinados genótipos (Feng *et al.*, 2024).

O genoma completo (nuclear) de *S. tuberosa* ainda não foi sequenciado. Há estudo sobre o genoma mitocondrial, que representa uma pequena fração de genes mitocondriais responsáveis pela codificação de proteínas com função energética, estudos de linhagens materna e algumas doenças (Martins *et al.*, 2019).

Diferente do genoma nuclear que caracteriza milhares de genes e possibilita o estudo de posições e as suas funções, somente com o genoma mitocondrial os estudos de diversidade genética são inviabilizados, o que torna desconhecidas as funções de genes importantes, dificultando a identificação de variações genéticas dentro de uma população, aplicados à descoberta e ao monitoramento, principalmente de espécies que podem estar ameaçadas de extinção.

Desse modo, os estudos dos parâmetros genéticos e fenotípicos são essenciais para a seleção de descritores que irão subsidiar a seleção de características a serem utilizadas em cruzamentos para o melhoramento vegetal e para alimentar o banco de conhecimento sobre população. Para o umbuzeiro, dados morfológicos (cor, tamanho, peso) e físico-químico (teor de sólidos solúveis) dos frutos e endocarpos foram definidos em estudo de pré-melhoramento como variáveis descritoras para seleção de genótipos em cruzamentos da espécie (Donato *et al.*, 2024). Entretanto, no estado de Sergipe, onde a espécie ocorre naturalmente, o conhecimento fenotípico dos frutos e a variabilidade genética são escassos.

Para o sucesso da expansão do umbuzeiro, leva-se em consideração que seus frutos constituem a principal parte comercial, sendo necessárias avaliações fenotípicas a partir de análises biométricas, colorimétricas e de variáveis químicas, as quais fornecem dados essenciais sobre a qualidade dos frutos. Entre os atributos mais valorizados para a seleção de fenótipos de interesse comercial, estão o tamanho e a doçura, diretamente relacionados à aceitabilidade do mercado consumidor (Pereira *et al.*, 2021; Santana *et al.*, 2024).

As informações biométricas dos frutos de uma população são essenciais para os processos industriais automatizados de alimentos (Mhamed *et al.*, 2024). A firmeza está inteiramente ligada ao ponto de maturação e à textura, influenciando a aceitabilidade sensorial do produto (Saraiva *et al.*, 2022).

Desse modo, as características utilizadas como descritoras precisam ser analisadas quanto à capacidade de traduzi-las para as próximas gerações através dos índices de herdabilidade, influências do meio ambiente e a correlação entre duas ou mais características. Visando selecionar indivíduos que possuam características que atendam às expectativas de interesse agroflorestal, social, ambiental e econômico, como tamanho, uniformização de frutos, rendimento da polpa e estágio reprodutivo curto que podem resultar em cultivares comerciais (Ribeiro *et al.*, 2019).

Como essas variações podem ser influenciadas por fatores ambientais, climáticos e por variações alélicas, torna-se essencial o aprofundamento dos estudos para garantir que as características desejáveis sejam, de fato, herdáveis (Tamura, 2024). Para o umbuzeiro, o sucesso tanto da expansão comercial quanto das estratégias de conservação da espécie está diretamente ligado à superação dos desafios relacionados à propagação por sementes.

Com base nisso, mesmo sendo uma espécie resistente à seca, o umbuzeiro encontra-se em um contexto de vulnerabilidade ambiental. As transformações antropogênicas podem comprometer a conservação de genótipos em Sergipe, agravando os processos de desertificação e acelerando a perda da biodiversidade (Gois, 2020).

Há registros de risco de extinção de populações de umbuzeiro na Paraíba, onde 94% dos agricultores locais dependiam da exploração extrativista dos frutos, e algumas árvores já não existem mais (Japiassú, 2017). Como medida de conservação da espécie, a Embrapa Semiárido, em Petrolina, estabeleceu um Banco Ativo de Germoplasma de Umbuzeiro, composto por clones coletados em diferentes regiões, exceto Sergipe, totalizando 80 acessos (Santos; Nascimento; Oliveira, 1998). O Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA) conserva 31 acessos: dois acessos estão na Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA) e 10 acessos estão depositados no Banco de Germoplasma da Embrapa/EMPARN, no Rio Grande do Norte (Valls *et al.*, 2009).

O sucesso da expansão comercial e da conservação da espécie também implica em ultrapassar os desafios na propagação via sementes, com estudos voltados à mitigação das funcionalidades de suas estruturas fisiológicas e microbiológicas existentes nas sementes e nos endocarpos do umbuzeiro.

2.2. Microbioma de frutos e sementes: o papel dos microrganismos endofíticos

Os microrganismos endofíticos estão associados às plantas, residindo desde as raízes até as folhas, contribuindo para a absorção dos nutrientes, proteção contra patógenos e indução de resistência (Gómez-Albarrán *et al.*, 2021). São amplamente estudados em raízes, onde exercem um papel essencial na manutenção da vida vegetal. Além disso, atuam como decompositores de resíduos orgânicos, promovendo a ciclagem de nutrientes no solo. Esses nutrientes, absorvidos pelas raízes por meio de interações interespecíficas dos microrganismos simbioss, são fundamentais para o desenvolvimento do ciclo vital das plantas (Xu *et al.*, 2018).

Um novo destaque tem sido dado aos microrganismos pelo seu potencial uso como bioinsumos agrícolas, com aplicações em controle de doenças, promoção de crescimento e fornecimento de nutrientes, contribuindo para uma maior sustentabilidade e conservação do solo e das plantas (Bartuv *et al.*, 2023; Cardarelli *et al.*, 2022; Franco-Galindo; Mosquera-Espinosa, 2023; Kristjuhan *et al.*, 2024; Liu *et al.*, 2024; Pal *et al.*, 2024; Parashar *et al.*, 2023; Silva *et al.*, 2023).

No solo, a microbiota é composta por microrganismos responsáveis pela decomposição de compostos orgânicos, fixação do carbono e transformação do nitrogênio por vias específicas na rizosfera. Esses microrganismos são responsáveis pela biodegradação de compostos químicos e terpenoides, e potencialmente conferem ao microbioma a capacidade de adaptação funcional diante do estresse vegetal (Yurgel *et al.*, 2019).

Além disso, microrganismos endofíticos presentes em folhas têm demonstrado capacidade de biocontrole contra patógenos, sobretudo fungos, por meio de interações antagônicas. Esses microrganismos também participam da solubilização do fósforo e fixação de nitrogênio atmosférico (Wijaya; Wardani; Eris, 2023).

Em frutos, observa-se uma ampla diversidade microbiana, tanto na superfície quanto no interior, composta por espécies endofíticas benéficas. Seu estudo facilita a compreensão sobre a ecologia, fisiologia, evolução, contribuição para a saúde das plantas e conservação dos frutos pós-colheita, reduzindo perdas econômicas (Vermote *et al.*, 2022).

Na indústria de sementes, o uso de microrganismos com efeitos bioestimulantes tem sido associado ao aumento da germinação e vigor das plântulas, sendo cada vez mais desenvolvido devido às contribuições significativas para o rendimento, a economia e a sustentabilidade ambiental dos sistemas produtivos (Rouphael; Colla, 2020). Para o umbuzeiro,

permanece uma lacuna de conhecimento sobre a dinâmica desses microrganismos e seu impacto sobre a germinação.

Os endofíticos colonizam as sementes e a sua ausência pode desencadear restrições substanciais à germinação e ao crescimento inicial das plântulas, enquanto a existência pode favorecer o desenvolvimento e subsidiar processos fisiológicos que contribuam para o início da germinação (Zeng *et al.*, 2023a). No entanto, ainda são necessárias investigações mais aprofundadas sobre as funções específicas dos endofíticos em sementes (Yan *et al.*, 2022), especialmente em espécies nativas como o umbuzeiro.

Durante o processo de maturação, a microbiota das sementes tende a se diversificar e aumentar a abundância. Contudo, o armazenamento prolongado, especialmente sob redução do teor de água, pode comprometer a abundância de microrganismos endofíticos. Ainda assim, algumas espécies de microrganismos resilientes permanecem ativas e envolvidas com a promoção do crescimento e desenvolvimento das plantas (Dutta; Choi; Lee, 2022). Até o momento, não foi elucidada a dinâmica dos microrganismos endofíticos que podem influenciar a germinação e a quebra de dormência do umbuzeiro.

2.3. Metagenômica aplicada ao estudo de microrganismos em frutos e sementes

Os estudos de metagenômica aplicados a frutos podem contribuir significativamente para a saúde pública, tanto pela identificação de microrganismos patogênicos ainda inexplorados quanto pela descoberta de espécies com potencialidades benéficas para a biotecnologia. Os novos achados podem ser economicamente aproveitados pelas indústrias farmacêuticas, alimentícias e agrícolas, especialmente como bioinsumos e como agentes de controle de doenças no período pós-colheita (Tenea; Reyes, 2024).

Por outro lado, as metodologias baseadas em cultivo apresentam limitações significativas, uma vez que não capturam integralmente a complexidade da microbiota endofítica dos frutos. Diversos microrganismos requerem exigências específicas para as condições de crescimento que não são facilmente reproduzidas em meio artificial, enquanto outros permanecem não identificados ou registrados em bancos de dados genômicos. Nesse sentido, as abordagens metagenômicas oferecem uma análise mais abrangente e precisa para a caracterização das comunidades microbianas, superando os vieses inerentes aos métodos dependentes de cultivo (Awad *et al.*, 2022).

Com base nisso, a metagenômica surge como uma ferramenta essencial para o estudo da diversidade e funcionalidade de comunidades microbianas complexas, especialmente aquelas associadas a sementes e frutos de espécies nativas. Essa abordagem permite a identificação de microrganismos viáveis e não viáveis, incluindo os de difícil cultivo, além de possibilitar a análise de funções metabólicas específicas, como fixação biológica de nitrogênio, solubilização de fósforo, síntese de hormônios vegetais e mecanismos de defesa contra estresses bióticos e abióticos (Liu *et al.*, 2024).

Dessa forma, estudos de metagenômica ampliam o entendimento das interações planta-microrganismo e revelam potenciais aplicações biotecnológicas importantes para a agricultura sustentável e a conservação da biodiversidade.

Nesse contexto, um estudo identificou 60 espécies de fungos associados ao umbuzeiro, com potencial farmacêutico e alimentício, destacando-se pela capacidade de produzir enzimas como lipase e amilase, além de pigmentos naturais. Esses microrganismos foram isolados por meio de métodos cultivo-dependentes, a partir de diferentes estruturas da planta, excetuando-se as sementes (Santos; Silva, 2020). No entanto, ainda não há estudos com metagenômica que identifiquem de forma mais abrangente a microbiota de umbuzeiro ou explorem seu potencial biotecnológico.

As abordagens metagenômicas possibilitam uma análise abrangente e integrada da microbiota presente em diferentes microbiomas, sem a necessidade de cultivo. Essa

metodologia permite a identificação simultânea de microrganismos, incluindo patógenos, o que a torna uma ferramenta promissora na prevenção de contaminações alimentares e, conseqüentemente, na mitigação de riscos à saúde humana. Além disso, a metagenômica viabiliza a detecção de microrganismos com potencial biotecnológico ainda não caracterizados (López-García *et al.*, 2021).

Estudos metagenômicos realizados com frutos tropicais têm revelado que os principais grupos de microbianos associados a esses ambientes são fungos e bactérias, com predominância dos gêneros *Penicillium* e *Bacillus*, respectivamente, com grandes papéis dinâmicos em meio às ciências biológicas, da saúde e agrárias.

O conhecimento sobre a diversidade microbiana é fundamental para a conservação pós-colheita dos frutos. As informações relativas aos microbiomas auxiliam na tomada de decisões de controle mais adequadas para a manutenção da vida útil desses frutos, principalmente no que se refere à prevenção da deterioração causada por microrganismos fitopatogênicos, contribuindo, assim, para a segurança da saúde pública (Wei *et al.*, 2025).

Além disso, informações acerca da microbiota endofítica de frutos têm se mostrado fundamentais para a atuação dos serviços da vigilância sanitária em fronteiras internacionais, uma vez que frutas destinadas à exportação ou importação devem ser submetidas a protocolos de quarentena, com o objetivo de evitar a introdução de patógenos emergentes. A mesma lógica se aplica ao trânsito interestadual do país, com medidas preventivas para conter a disseminação geográfica desses organismos (Francesco *et al.*, 2020).

2.4. Isolamento e caracterização de microrganismos endofíticos em frutos tropicais

Os microrganismos endofíticos compõem um grupo altamente diversificado de bactérias e fungos que habitam os tecidos internos das plantas sem causar sintomas de doenças. Esses organismos estabelecem interações simbióticas, muitas vezes benéficas, com seus hospedeiros, desempenhando papéis essenciais no crescimento vegetal, na resistência a estresses bióticos e abióticos e na proteção contra patógenos. O isolamento e a caracterização desses microrganismos em frutos tropicais têm se tornado uma linha promissora de pesquisa, especialmente frente à busca por novos bioinsumos e compostos bioativos (Barbosa *et al.*, 2025).

Os microrganismos isolados são identificados por meio da caracterização morfológica e fisiológica e, cada vez mais, com base na identificação molecular, utilizando a amplificação e sequenciamento de regiões gênicas específicas, como o gene 16S rRNA para bactérias e ITS (*Internal Transcribed Spacer*) para fungos (Clarridge, 2004; Franco-Duarte *et al.*, 2019; Masi *et al.*, 2021).

Em frutos tropicais, como manga (*Mangifera indica*), banana (*Musa* spp.) e laranja (*Citrus sinensis*), a presença de microrganismos com funções importantes, como a ação antifúngica, é recorrente. Além disso, podem ser encontrados também organismos capazes de produzir fitohormônios (auxinas), solubilização de fósforo, fixação biológica de nitrogênio e produção de sideróforos (Adomi; Oshevire, 2025). Gêneros como *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Trichoderma*, *Aspergillus*, *Penicillium*, *Fusarium*, entre outros, são comumente isolados de hospedeiros tropicais.

Apesar dos avanços, os métodos de cultivo tradicionais apresentam limitações significativas. Muitos microrganismos endofíticos são de difícil cultivo ou ainda não foram descritos em bancos de dados. Essa limitação tem levado à crescente adoção de abordagens complementares, como a metagenômica, para elucidar a composição e a funcionalidade de comunidades microbianas de forma mais abrangente.

2.4.1 Métodos tradicionais de isolamento de microrganismos de frutos e sementes

A bioprospecção de microrganismos por meio de métodos dependentes de cultivo abrange, de forma limitada, aproximadamente 10% a 20% da comunidade microbiana total. Apesar dessas limitações, os procedimentos de isolamento, caracterização e identificação permanecem viáveis, pois possibilitam a prospecção de microrganismos provenientes de diferentes habitats, com a viabilidade do cultivo em laboratório, purificação, preservação e estudo experimental de seu potencial biotecnológico. Além disso, possibilitam a análise de suas funções ecológicas em distintos estados fisiológicos, o que pode resultar no desenvolvimento de novos produtos industriais (Steen *et al.*, 2019).

O isolamento de microrganismos endofíticos a partir de frutos e sementes é tradicionalmente realizado por meio de métodos dependentes de cultivo em meios artificiais. Os meios de cultivo mais utilizados incluem o meio nutritivo padrão para bactérias, como Luria-Bertani (LB), Ágar Nutriente (NA) e para fungos, como Ágar Batata Dextrose (BDA) e Caldo Batata Dextrose (BDC), podendo ainda ser suplementados com antimicrobianos para uma seleção eficiente. Eles geralmente são incubados sob condições controladas de temperatura entre 25 °C e 30 °C, por períodos que podem chegar a 14 dias, dependendo do crescimento microbiano (Mráz *et al.*, 2021).

As colônias resultantes passam por processos de purificação por repicagem e caracterização morfológica, com base em parâmetros como a cor, formato, bordas, estruturas de crescimento aéreo e identificação por análises químicas, bioquímicas e moleculares.

Embora seja uma abordagem acessível e amplamente validada, os métodos tradicionais apresentam viés de amostragem, pois muitos microrganismos endofíticos são fastidiosos, exigem condições específicas de cultivo ou encontram-se em estado viável não cultivável (VBNC). Dessa forma, esses métodos geralmente revelam apenas uma fração da microbiota real associada aos tecidos vegetais, o que justifica a adoção de abordagens complementares, como técnicas de metagenômica e metabarcoding para estudos mais abrangentes.

2.4.2 Caracterização microbiológica dos isolados

Os estudos voltados ao isolamento de microrganismos cultiváveis em frutos tropicais têm sido motivados por temas que refletem a crescente necessidade de informações sobre processos como germinação, dispersão, polinização e a presença de microrganismos específicos, como fungos e bactérias, destacando-se *Escherichia coli*, uma das espécies modelo mais estudadas.

A partir de 2004, esses termos passaram a ganhar destaque na literatura e, a partir de 2012, com o aumento da valorização dos frutos tropicais para o consumo humano, intensificaram-se os estudos com foco nas funções atribuídas a esses microrganismos. Passaram a ser recorrentes termos como agentes anti-infecciosos, antioxidantes, fitoquímicos, plantas medicinais, antifúngicos, extrato de plantas, sementes, citotoxicidade, isolamento e purificação e etnofarmacologia (Figura 4).

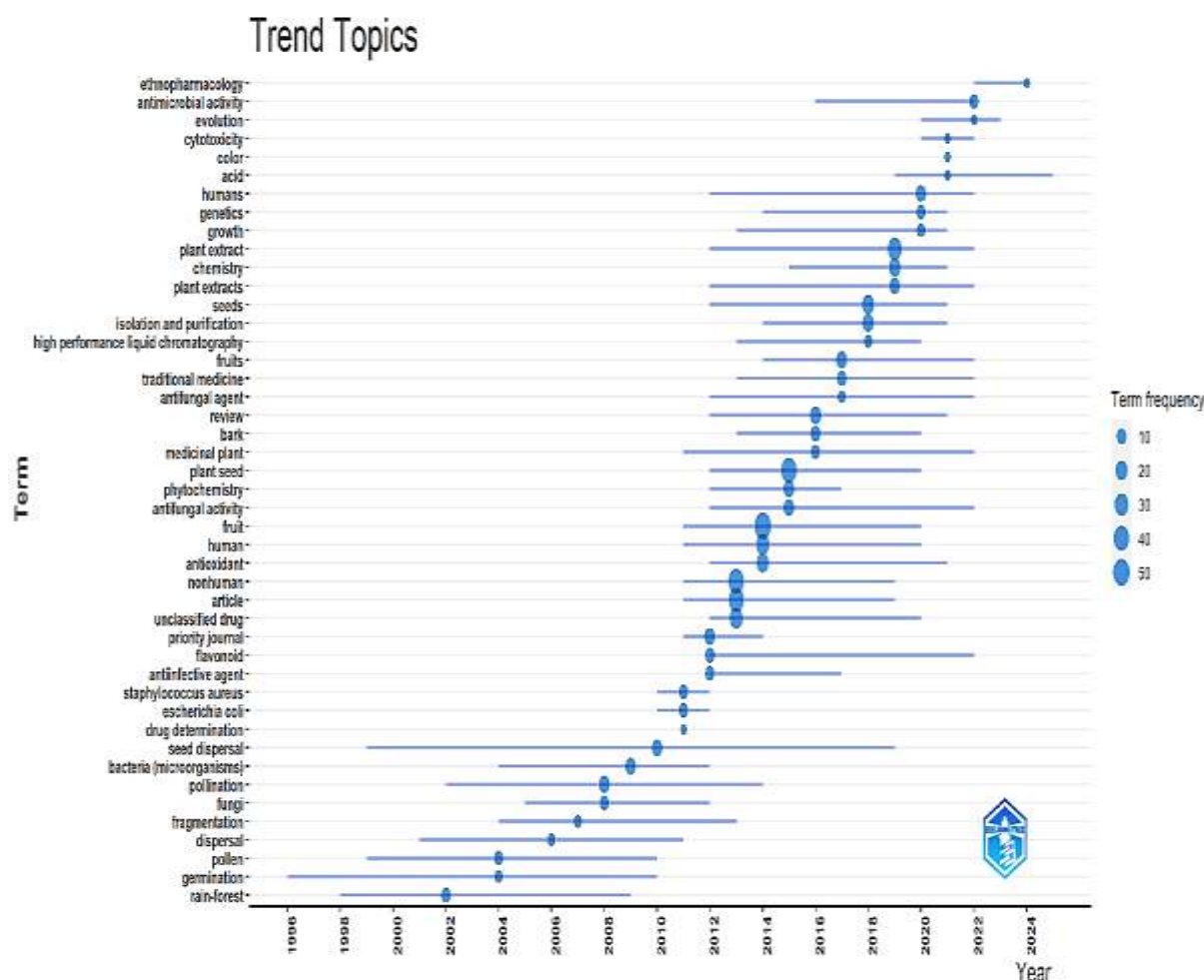


Figura 4. Frequência de termos em estudos sobre o isolamento da microbiota em frutos e sementes tropicais. Prospecção na Plataforma Capes (<https://www.periodicos.gov.br>), com o protocolo (isolamento OU microrganismos) e (frutas tropicais E sementes), nas bases de dados Web of Science e Scopus e utilização do programa RStudio (R Core Team, 1999) e Bibliometrics (Aria; Curcurullo, 2017).

A caracterização de uma comunidade microbiana é uma oportunidade para a descoberta de uma vasta diversidade de potenciais metabólicos com funções biotecnológicas de acordo com o método utilizado, a exemplo de isolamento de enzimas por meio de técnicas que envolvem a ativação em baixas e elevadas temperaturas, nas quais essas enzimas expressam funções diferentes (Dziurzynski *et al.*, 2023).

2.4.3 Interação dos microrganismos isolados com a fisiologia do fruto, sementes e potenciais aplicações biotecnológicas

Estudos têm demonstrado que os microrganismos associados às sementes estão funcionalmente interligados, contribuindo de forma significativa para a saúde das plantas. Evidências indicam que, além de fatores abióticos como o clima, características do solo e disponibilidade de nutrientes, a comunidade microbiana exerce influência direta sobre o desenvolvimento e o estabelecimento vegetal. As sementes, em particular, atuam como vetores na transferência de microrganismos benéficos para outras partes da planta ao longo do seu ciclo de vida (Zeng *et al.*, 2023b).

Na microbiologia agrícola, é comum a detecção de bactérias associadas às sementes, as quais podem colonizar diferentes estruturas, como tegumento, o endosperma e o embrião. Isso

possibilita sua transmissão vertical e posterior disseminação ao longo do desenvolvimento da planta (Thomas; Sahu, 2021). Além disso, esses microrganismos também podem estabelecer-se na planta por meio de rotas de infecção secundárias, como a colonização radicular, a penetração por ferimentos mecânicos e a invasão da parte aérea via estômatos, caracterizando um processo de transmissão horizontal (Frank *et al.*, 2017).

Os microrganismos transmitidos verticalmente, como as bactérias endofíticas de difícil cultivo e os fungos, estão relacionados ao crescimento e desenvolvimento das plantas. Os nichos ecológicos hostis formados nas diferentes estruturas das sementes, como a baixa umidade e a escassa oxigenação, favorecem a sobrevivência de formas de vida altamente adaptadas que, conseqüentemente, desempenham funções especializadas com potencial para beneficiar a germinação das sementes (Zeng *et al.*, 2023b).

Esses organismos colonizam nichos ecológicos específicos nas estruturas das sementes, como o tegumento, endosperma e embrião, os quais são caracterizados por condições extremas, como baixa disponibilidade de oxigênio e reduzido teor de umidade. Esses ambientes seletivos favorecem a persistência e a adaptação dos microrganismos, que podem exercer funções metabólicas especializadas, contribuindo positivamente de forma significativa para a germinação e o estabelecimento inicial das plantas (Guha; Biswas, 2024).

Além disso, os microbiomas das sementes atuam como agentes de preservação e induzem processos fisiológicos que preparam as sementes para a germinação, contribuindo para a melhoria das taxas germinativas e para a redução dos danos causados por estresses, promovendo um ambiente favorável ao desenvolvimento inicial das plântulas (Wang; Zhang, 2023).

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADOMI, P. O.; OSHEVIRE, A. E. Effect of fluconazole on fungi isolates from fruits and vegetables. *Tropical Journal of Biological Sciences*, v. 1, n. 1, p. 1-8, 2025. <https://doi.org/10.47524/tjbs.v1i1.3>
- ALENCAR, J. C. G.; BATISTA, D. N. S. S.; DE SOUZA, J. C.; SANTOS, I. P. P.; BICAS, J. L.; MAMEDE, M. E. O.; PAULINO, B. N. Dual-objective optimization of ultrasound-assisted organic acid extraction of pectin from umbu (*Spondias tuberosa* L.): a promising Brazilian native fruit from Caatinga biome. *Biomass Conversion and Biorefinery*, v. 15, n. 7, p. 10733-10753, 2025. <https://doi.org/10.1007/s13399-024-05720-0>
- ARIA, M.; CUCCURULLO, C. Bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. *Journal Informetrics*, v. 11, p. 959-975, 2017.
- AWAD, M.; GIANNOPOULOS, G.; MYLONA, P. V.; POLIDOROS, A. N. Comparative Analysis of Grapevine Epiphytic Microbiomes among Different Varieties, Tissues, and Developmental Stages in the Same Terroir. *Applied Sciences*, v. 13, n. 1, p. 102, 2022. <https://doi.org/10.3390/app13010102>
- BARBOSA, F. G.; SILVA, G. F.; OLIVEIRA, V. L. P.; KUBIJAN, L. A. C.; COSTA, L. G.; MELO, A. M.; TEÓFILO, M. N. G.; MORGADO, C. M. A.; CAMPOS, A. J.; PEIXOTO, J. C.; BORGES, L. L.; SILVA NETO, C. M.; SANTANA, E. S.; PAULA, J. A. M. Bioinputs from *Eugenia dysenterica* DC. (Myrtaceae): Optimization of Ultrasound-Assisted Extraction and Assessment of Antioxidant, Antimicrobial, and Antibiofilm Activities. *Molecules*, v. 30, n. 5, p. 1115, 2025. <https://doi.org/10.3390/molecules30051115>
- BARRETO, L. S.; LEAL, S. M.; ANJOS, J. C.; CASTRO, M. S. Tipos polínicos dos visitantes florais do umbuzeiro (*Spondias tuberosa*, Anacardiaceae), no território indígena Pankararé, Raso da Catarina, Bahia, Brasil. *Candobá-Revista Virtual*, v. 2, n. 2, p. 80-85, 2006.
- BARTUV, R.; BERIHU, M.; MEDINA, S.; SALIM, S.; FEYGENBERG, O.; FAIGENBOIM-DORON, A.; ZHIMO, V. Y.; ABDELFAH, A.; PIOMBO, E.; WISNIEWSKI, M.; FREILICH, S.; DROBY, S. Functional analysis of the apple fruit microbiome based on shotgun metagenomic sequencing of conventional and organic orchard samples. *Environmental Microbiology*, v. 25, n. 9, p. 1728-1746, 2023. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.16353>
- BASKIN, J. M.; BASKIN, C. C.; LI, X. Taxonomy, anatomy and evolution of physical dormancy seeds. *Plant species biology*, v. 15, n. 2, p. 139-152, 2000. <https://doi.org/10.1046/j.1442-1984.2000.00034.x>
- BRITO, N. S.; GOMES, L. C. A.; PRATA, A. P. N.; MELO, L. D. F. A.; NASCIMENTO, T. G.; COSTA, J. O.; SILVA, C. L.; FERRO, L. H. S. Potencial nutricional de plantas alimentícias silvestres de ocorrência na caatinga: uma revisão sistemática. *Caderno Pedagógico*, v. 21, n. 4, e3641, 2024. <https://doi.org/10.54033/cadpedv21n4-045>
- CARDARELLI, M.; WOO, S. L.; ROUPHAEL, Y.; COLLA, G. Seed Treatments with Microorganisms Can Have a Biostimulant Effect by Influencing Germination and Seedling Growth of Crops. *Plants*, v. 11, n. 3, p. 259, 2022. <https://doi.org/10.3390/plants11030259>

CAVALCANTI, N. B.; MILANEZ, G. R.; DRUMOND, M. A. Período de dormência de sementes de imbuzeiro. *Revista Caatinga*, v. 19, n. 2, p. 135-139, 2006.

CLARRIDGE, J. E. Impact of 16S rRNA Gene Sequence Analysis for Identification of Bacteria on Clinical Microbiology and Infectious Diseases. *Clinical Microbiology Reviews*, v. 17, n. 4, p. 840-862, 2004. <https://doi.org/10.1128/CMR.17.4.840-862.2004>

CORREIA, M. A.; ANDRADE SILVA, L.; NÓBREGA, J. S.; SOUTO, L. S.; BRITO, L. A.; MOREIRA, R. C. L.; DOS SANTOS SOUZA, A.; SILVA SÁ, F. V. Salicylic acid and soaking times on the emergence, gas exchange and early growth of umbu. *Revista Caatinga*, v. 37, 2024. <https://doi.org/10.1590/1983-21252024v37i2060rc>

CRUZ, F. S.; FERNANDES, L. C. M.; SILVA, A. M.; SANTOS, C. A. G. Produção de mudas de árvores nativas e repovoamento vegetal no horto florestal olho D'água da bica (CES/UFCG). *XVI Encontro de Extensão Universitária Federal de Campinas Grande*. Cajazeiras-PB, 2023.

DI FRANCESCO, A.; RUSIN, C.; FOGGIA, M.; MARCEDDU, S.; ROMBOLÀ, A.; BOTELHO, R. V.; BARALDI, E. Characterization of apple cultivar susceptibility to *Neofusicoccum parvum* Brazilian strains. *European Journal of Plant Pathology*, v. 156, n. 3, p. 939-951, 2020. <https://doi.org/10.1007/s10658-020-01945-7>

DONATO, S. L. R.; CASTRICINI, A.; RODRIGUES, M. G. V.; DEUS, J. S.; ARANTES, A. M.; PIRES, E. S. Proposal of classes for umbu commercialization. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 46, 2024. <https://doi.org/10.1590/0100-29452024516>

DUTTA, S.; CHOI, S. Y.; LEE, Y. H. Temporal Dynamics of Endogenous Bacterial Composition in Rice Seeds During Maturation and Storage, and Spatial Dynamics of the Bacteria During Seedling Growth. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.877781>

DZIURZYNSKI, M.; GORECKI, A.; PAWLOWSKA, J.; ISTEEL, L.; DECEWICZ, P.; GOLEC, P.; STYCZYNSKI, M.; POSZYTEK, K.; ROKOWSKA, A.; GORNIK, D.; DZIEWIT, L. Revealing the diversity of bacteria and fungi in the active layer of permafrost at Spitsbergen island (Arctic) – Combining classical microbiology and metabarcoding for ecological and bioprospecting exploration. *Science of The Total Environment*, n. 856, p. 159072, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.159072>

FENG, Y.; COMES, H. P.; CHEN, J.; ZHU, S.; LU, R.; ZHANG, X.; LI, P.; QIU, J.; OLSEN, K. M.; QIU, Y. Genome sequences and population genomics provide insights into the demographic history, inbreeding, and mutation load of two ‘living fossil’ tree species of Dipteronia. *Plant Journal*, v. 117, n. 1, p. 177-192, 2024. <https://doi.org/10.1111/tpj.16486>

FERNANDES, M. F.; CARDOSO, D.; QUEIROZ, L. P. An updated plant checklist of the Brazilian Caatinga seasonally dry forests and woodlands reveals high species richness and endemism. *Journal of Arid Environments*, v. 174, p. 104079, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2019.104079>

FERREIRA, G. R.; ANDRADE, R. Q.; CASTRICINI, A.; SILVÉRIO, F. O. Extraction conditions and identification of volatile organic compounds from umbu pulp by HS-

SPME/GC-MS. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 44, n. 4, 2022.
<https://doi.org/10.1590/0100-29452022940>

FERREIRA, S. V. F.; CAMPOS, A. R. N.; MEDEIROS, M. F. T. Elaboração e caracterização de produto farináceo a partir da folha do umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda). *Research, Society and Development*, v. 9, n. 10, e1309108295, 2020. <https://doi.org/10.33448/rsd-v9i10.8295>

FONSECA, N.; CARDOSO, M. M.; RITINZER, R.; LONDE, L. C. N.; GONÇALVES, N.; SATURNINO, H. M. Propagação do umbuzeiro. Umbuzeiro: a fruteira da Caatinga. *Informe Agropecuário*, Belo Horizonte, v. 40, n. 307, p. 39-51, 2019.

FRANCO-DUARTE, R.; ČERNÁKOVÁ, L.; KADAM, S.; KAUSHIK, K.; SALEHI, B.; BEVILACQUA, A.; CORBO, M. R.; ANTOLAK, H.; DYBKA-STĘPIEŃ, K.; LESZCZEWICZ, M.; RELISON TINTINO, S.; ALEXANDRINO DE SOUZA, V. C.; SHARIFI-RAD, J.; MELO COUTINHO, H. D.; MARTINS, N.; RODRIGUES, C. F. Advances in Chemical and Biological Methods to Identify Microorganisms—From Past to Present. *Microorganisms*, v. 7, n. 5, p. 130, 2019.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms7050130>

FRANCO-GALINDO, L. S.; MOSQUERA-ESPINOSA, A. T. Biocontrol de *Fusarium* spp. en el cultivo de vainilla: Un nuevo modelo de estudio. *Temas Agrarios*, v. 28, n. 1, p. 95-114, 2023. <https://doi.org/10.21897/rta.v28i1.3350>

FRANK, A.; SALDIerna GUZMÁN, J.; SHAY, J. Transmission of Bacterial Endophytes. *Microorganisms*, v. 5, n. 4, p. 70, 2017. <https://doi.org/10.3390/microorganisms5040070>

FREITAS, E. C.; RIBEIRO, A. B.; MIRANDA, A. S.; SANTANA, R. F.; MATOS, T. B.; GOMES, J. R.; SANTANA, J. M.; MILAGRES, M. P. Physicochemical composition, centesimal, and phytochemical profile of umbu seed flour (*Spondias tuberosa* Arruda). *Food Science and Technology*, v. 44, 2024. <https://doi.org/10.5327/fst.00242>

GAMA, D. C.; DEUS, D. A.; OLIVEIRA, F. F.; CASTRO, M. S.; SOUZA, M. O.; NASCIMENTO, J. S. UMBU TREE (*Spondias tuberosa* Arr. Cam. Anacardiaceae): from extractive to planted culture in brazil. *Scientia Agraria*, v. 20, n. 2, 2024.
<https://doi.org/10.5380/ras.v20i2.96452>

GOIS, D. V. *Cenários de risco à desertificação no semiárido sergipano*. 2020. 183f. Tese (Doutorado em Geografia) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão-SE, 2020. Disponível em: <https://ri.ufs.br/jspui/handle/riufs/14274>

GÓMEZ-ALBARRÁN, C.; MELGUIZO, C.; PATIÑO, B.; VÁZQUEZ, C.; GIL-SERNA, J. Diversity of Mycobiota in Spanish Grape Berries and Selection of *Hanseniaspora uvarum* U1 to Prevent Mycotoxin Contamination. *Toxins*, v. 13, n. 9, p. 649, 2021.
<https://doi.org/10.3390/toxins13090649>

GUHA, T.; MANDAL BISWAS, S. Recent progress in the role of seed endophytic bacteria as plant growth-promoting microorganisms and biocontrol agents. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, v. 40, n. 7, p. 218, 2024. <https://doi.org/10.1007/s11274-024-04031-w>

IBGE. Produção da Extração Vegetal e da Silvicultura. 2023. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pevs/quadros/brasil/2023>. Acesso em: 11 de fevereiro de 2025.

JAPIASSÚ, A. *Extrativismo do umbuzeiro na percepção dos agricultores da Comunidade Riacho da Serra, em São José do Sabugi, PB*. 2017. 35f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal da Paraíba, Areia-PB, 2017.

KRISTJUHAN, A.; KRISTJUHAN, K.; TAMM, T. Richness of yeast community associated with apple fruits in Estonia. *Heliyon*, v. 10, n. 6, e27885, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e27885>

LAMBERT-MOREIRA, L. G.; BRITO DAMASCENO, G. A.; ARAÚJO, T. F.; CHACON, D. S.; SOUZA, L. F. R.; OLIVEIRA, L. L. A.; MORAIS, F. C.; SILVA GANADE, G. M.; FETTNETO, A. G.; GIORDANI, R. B. Reflections and Perspectives on the Caatinga Drylands for the Development of Bioactive Plant Products as Medicine. *Revista Brasileira de Farmacognosia*, v. 35, n.1, p. 78-91, 2025. <https://doi.org/10.1007/s43450-024-00612-w>

LEITE, R. A.; BARBOSA, J. P. F.; SANTOS, D. S.; BARROS, R. P.; ARAÚJO, A. S.; GALDINO, W. O.; SOUSA, J. I.; LIMA, F. S.; SILVA, M. G. S.; SILVA, D. S.; NEVES, J. D. S.; COSTA, J. G. Métodos de quebra de dormência em sementes de Umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arr. Cam.) (Anacardiaceae) para a produção de mudas. *Research, Society and Development*, v. 10, n. 9, 2021. <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i9.17958>

LIU, S.; HOU, Y.; ZHENG, K.; MA, Q.; WEN, M.; SHAO, S.; WU, S. Exploring the diversity, bioactivity of endophytes, and metabolome in *Synsepalum dulcificum*. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, p. 1258208, 2024. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1258208>

LÓPEZ-GARCÍA, E.; BENÍTEZ-CABELLO, A.; RAMIRO-GARCÍA, J.; ROMERO-GIL, V.; RODRÍGUEZ-GÓMEZ, F.; ARROYO-LÓPEZ, F. N. New insights into microbial diversity of the traditional packed table olives Aloreña de Málaga through metataxonomic analysis. *Microorganisms*, v. 9, n. 3, p. 561, 2021. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9030561>

MACÊDO, M. S.; MENEZES, B. S.; LEDRU, M. P.; MAS, J. F.; GOMES SILVA, F. K.; CARVALHO, C. E.; COSTA, R. C.; ZANDAVALLI, R. B.; SOARES, A. A.; ARAÚJO, F. S. Everything's not lost: Caatinga areas under chronic disturbances still have well-preserved plant communities. *Journal of Arid Environments*, v. 222, p. 105164, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2024.105164>

MACHADO, M. C.; CARVALHO, P. C. L.; BERG, V. D. C. Domestication, hybridization, speciation, and the origins of an economically important tree crop of *Spondias* (Anacardiaceae) from the Brazilian Caatinga dry forest. *Neodiversity*, v. 8, n. 1, p. 8-49, 2015.

MARTINS, G.; BALBINO, E.; MARQUES, A.; ALMEIDA, C. Complete mitochondrial genomes of the *Spondias tuberosa* Arr. Cam and *Spondias mombin* L. reveal highly repetitive DNA sequences. *Gene*, v. 720, p. 144026, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2019.144026>

- MASI, C.; GEMECHU, G.; TAFESSE, M. Isolation, screening, characterization, and identification of alkaline protease-producing bacteria from leather industry effluent. *Annals of Microbiology*, v. 71, n. 1, p. 24, 2021. <https://doi.org/10.1186/s13213-021-01631-x>
- MATOS, F. S.; FREITAS, I. A. S.; PEREIRA, V. L. G.; PIRES, W. K. L. Effect of gibberellin on growth and development of *Spondias tuberosa* seedlings. *Revista Caatinga*, v. 33, n. 4, p. 1124-1130, 2020. <https://doi.org/10.1590/1983-21252020v33n427rc>
- MEDEIROS, M.; WRIGHT, C. L.; LIMA, A. L. A.; BRITO, S. N. D.; SOUZA, R.; SILVA, J. R. I.; SOUZA, E. Divergent hydraulic strategies of two deciduous tree species to deal with drought in the Brazilian semi-arid region. *Trees - Structure and Function*, v. 38, n. 3, p. 681-694, 2024. <https://doi.org/10.1007/s00468-024-02506-9>
- MENDES, G. R. L.; SOUZA, H. F.; LOPES, J. P. A.; ROCHA, A. C. S.; FARIA, R. B.; SANTOS, F. R.; MESQUITA, B. M. A. C.; SANTOS, S. H. S.; DURÃES, C. A. F.; FERREIRA, S. R.; BOITRAGO, S. C. O. S.; LEAL, J. S.; KAMIMURA, E. S.; BRANDI, I. V. A fermented milk drink with Umbu (*Spondias tuberosa*) pulp and whey is effective for weight gain and re-nutrition in malnourished: An in vivo study in mice and children. *Food Research International*, v. 181, p. 114083, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.114083>
- MHAMED, M.; ZHANG, Z.; YU, J.; LI, Y.; ZHANG, M. Advances in apple's automated orchard equipment: A comprehensive research. *Computers and Electronics in Agriculture*, v. 221, p. 108926, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2024.108926>
- MOREIRA, M. N.; MOREIRA, É. K. C. C.; SOUZA, I. H. S.; LEITE NETA, M. T. S.; SANDES, R. D. D.; MIZOBUTSI, G. P.; DONATO, S. L. R.; NARAIN, N. Composição física, físico-química e propriedades bioativas de frutos de genótipos de umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda) provenientes do sudoeste da Bahia. *Caderno Pedagógico*, v. 22, n. 4, p. e13898, 2025. <https://doi.org/10.54033/cadpedv22n4-048>
- MRÁZ, P.; HÝBL, M.; KOPECKÝ, M.; BOHATÁ, A.; KONOPICKÁ, J.; HOŠTIČKOVÁ, I.; KONVALINA, P.; ŠIPOŠ, J.; ROST, M.; ČURN, V. The Effect of Artificial Media and Temperature on the Growth and Development of the Honey Bee Brood Pathogen *Ascosphaera apis*. *Biology*, v. 10, n. 5, p. 431, 2021. <https://doi.org/10.3390/biology10050431>
- NUNES DOS SANTOS, V.; FERNANDES SANTOS, C. A.; RIBEIRO DE OLIVEIRA, V.; DA SILVA COSTA, A. E.; SANTOS DA SILVA, F. F. Diversity and genetic structure of *Spondias tuberosa* (Anacardiaceae) accessions based on microsatellite loci. *Revista de Biologia Tropical*, v. 69, n. 2, p. 640-648, 2021. <https://doi.org/10.15517/rbt.v69i2.44194>
- PAL, J.; SHARMA, S. K.; SHARMA, A. Disease suppression, growth promotion and colonization attributes of resident endophytic bacteria against white root rot (*Dematophora necatrix* Hartig) of apple. *Antonie van Leeuwenhoek*, v. 117, n. 1, p. 15, 2024. <https://doi.org/10.1007/s10482-023-01913-1>
- PALMA, A.; FINO, L. M.; SALVATORE, S. R.; D'AMBROSIO, J. M.; GARCÍA-MATA, C.; SCHOPFER, F. J.; LAXALT, A. M. Nitro-oleic acid triggers ROS production via NADPH oxidase activation in plants: A pharmacological approach. *Journal of Plant Physiology*, v. 246, p. 153128, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2020.153128>

- PARASHAR, M.; DHAR, S. K.; KAUR, J.; CHAUHAN, A.; TAMANG, J.; SINGH, G. B.; LYUDMILA, A.; PERVEEN, K.; KHAN, F.; BUKHARI, N. A.; MUDGAL, G.; GURURANI, M. A. Two Novel Plant-Growth-Promoting *Lelliottia amnigena* Isolates from *Euphorbia prostrata* Aiton Enhance the Overall Productivity of Wheat and Tomato. *Plants*, v. 12, n. 17, p. 3081, 2023. <https://doi.org/10.3390/plants12173081>
- PEDROSA, K. M.; RAMOS, M. B.; DE LOS ÁNGELES LA TORRE-CUADROS, M.; FARIA LOPES, S. Plant parentage influences the type of timber use by traditional peoples of the Brazilian Caatinga. *PLoS ONE*, v. 18, n. 10, p. e0286434, 2023. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0286434>
- PEREIRA, F. R. A.; PEREIRA, W. E.; PESSOA, A. M. D. S.; VASCONCELOS, E. S. A. G. Biometry in umbu fruits from the semi-arid region of Paraíba. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 43, n. 6, 2021. <https://doi.org/10.1590/0100-29452021808>
- POMPELLI, M. F.; JARMA-OROZCO, A.; JARABA-NAVAS, J. D.; PINEDA-RODRIGUEZ, Y. Y.; RODRÍGUEZ-PÁEZ, L. A. Interannual variation in gas exchange and leaf anatomy in *Cenostigma pyramidale* is exacerbated through el niño and la niña climate events. *Forests*, v. 15, n. 2, 2024. <https://doi.org/10.3390/f15020346>
- QUEIROZ, A. M. Recursos genéticos vegetais da Caatinga para o desenvolvimento do semiárido brasileiro. *Revista Brasileira de Geografia Física*, v. 6, p. 1135-1150, 2011.
- RAQUEL, V.; LIMA, S.; ATHIÊ-SOUZA, S. M. Checklist de phyllanthaceae para o estado de Sergipe, Nordeste, Brasil, 2024. Disponível em: <https://specieslink.net/>. Acesso em: 10 de janeiro de 2024.
- R CORE TEAM. *Writing R Extensions*. R Foundation for Statistical Computing, 4.6.0 ed., 1999.
- RIBEIRO, L. DE O.; VIANA, E. DE S.; GODOY, R. L. O.; FREITAS, S. C.; FREITAS, S. P.; MATTA, V. M. Nutrients and bioactive compounds of pulp, peel and seed from umbu fruit. *Ciência Rural*, v. 49, n. 4, 2019. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20180806>
- RODRIGUES, A. M. B.; TORRES, M. F. O.; NUNES, V. V.; SOUZA, J. L.; SANTANA, N. A.; SILVA-MANN, R. Unveiling the structure of *Spondias tuberosa* dispersal units through X-ray imaging. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 71, n. 2, p. 947-956, 2024. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01751-0>
- RODRIGUES, N. L.; SOUZA, C. A. L.; OLIVEIRA, C. C.; CARVALHO, M. G.; LIMA, B. R.; ALMEIDA AKUTSU, R. C. C.; LANA, V. S.; RAPOSO, A.; SARAIVA, A.; HAN, H.; CARVALHO, I. M. M. Nutritional and biological attributes of *Spondias tuberosa* (Umbu) fruit: An integrative review with a systematic approach. *Journal of Food Composition and Analysis*, v. 130, p. 106196, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2024.106196>
- RODRIGUES, T. S.; RODRIGUES, E. P.; SILVEIRA, P. T. S.; COSTA, E. N.; VILA, M. T. R.; COSTA, R. A. S. *Elaboração e aspectos microbiológicos de fermentado alcoólico misto de umbu (Spondias tuberosa) e açaí (Euterpe oleracea)*, 2020

ROUPHAEL, Y.; COLLA, G. Toward a Sustainable Agriculture Through Plant Biostimulants: From Experimental Data to Practical Applications. *Agronomy*, v. 10, n. 10, p. 1461, 2020. <https://doi.org/10.3390/agronomy10101461>

SANTANA, N. A.; NUNES, V. V.; SILVA, M. S. O.; SILVA-MANN, R. (2024). *Spondias tuberosa* Arr. Câmara: a natural population in Sergipe-contributions to the understanding of genetic variability and conservation of the species, 2024. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3835713/v1>

SANTOS, K. S.; SILVA, L. A. F. Fungos endofíticos isolados do umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda Câmara): fontes alternativas potenciais para a produção de enzimas e pigmentos naturais. *Brazilian Journal of Development*, v. 6, n. 12, p. 103761-103774, 2020. <https://doi.org/10.34117/bjdv6n12-759>

SANTOS, R. T. S.; SANTOS, C. A. F.; OLIVEIRA, V. R.; AIDAR, S. T.; RYBKA, A. C. P.; CASTRO, C. D. P. C.; BIASOTO, A. C. T. The potential of “umbuzeiro” genotypes for the development of preserves. *Ciência Rural*, v. 51, n. 2, 2021. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20191008>

SARAIVA, M. M. T.; LUCENA, F. A.; COSTA, A. D.; MARTINS, L. P.; ARAÚJO, C.R. Quality attributes of different umbu (*Spondias tuberosa*) accessions and their main components. *Technology in Horticulture*, v. 5, n. 1, 2025. <https://doi.org/10.48130/tihort-0025-0014>

SARAIVA, M. M. T.; MARTINS, L. P.; ARAÚJO, R. DA C.; DA CRUZ, O. N.; DE LUCENA, F. A.; COSTA, A. D. Colorimetric variation and correlation of biometric parameters between umbu matrices. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 44, n. 6, 2022. <https://doi.org/10.1590/0100-29452022479>

SILVA, S.; COSTA, H.; LOPES, T.; RAMOS, V.; RODRIGUES, N.; PEREIRA, J. A.; LINO-NETO, T.; BAPTISTA, P. Potential of the endophyte *Penicillium commune* in the control of olive anthracnose via induction of antifungal volatiles in host plant. *Biological Control*, v. 187, p. 105373, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2023.105373>

SILVA, S. F.; LOPES COSTA, H. S.; VIANA, J. S.; FERREIRA, A. M. O.; PEREIRA, D. S.; FILHO, S. M. Phytotoxicity of exotic plants on the physiological potential of seeds of native species of caatinga. *Revista Agro@Mambiente On-Line*, v. 12, n. 2, p. 134, 2018. <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v12i2.4884>

STEEN, A. D.; CRITS-CHRISTOPH, A.; CARINI, P.; DEANGELIS, K. M.; FIERER, N.; LLOYD, K. G.; THRASH, J. C. High proportions of bacteria and archaea across most biomes remain uncultured. *The ISME Journal*, v. 13, n. 12, p. 3126-3130, 2019. <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0484-y>

TAMURA, N. Heritability of walnut seed size and the benefits of large seeds. *Ecological Research*, v. 39, n. 5, p. 676-684, 2024. <https://doi.org/10.1111/1440-1703.12464>

TENEA, G. N.; REYES, P. Bacterial community changes in strawberry fruits (*Fragaria* × *ananassa* variety “Monterey”) from farm field to retail market stands, an indicator of

postharvest contamination. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, p.1348316, 2024.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1348316>

THOMAS, P.; SAHU, P. K. Vertical Transmission of Diverse Cultivation-Recalcitrant Endophytic Bacteria Elucidated Using Watermelon Seed Embryos. *Frontiers in Microbiology*, v. 12, p. 635810, 2021. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.635810>

VALLS, J. F. M.; VEIGA, R. F. de A.; BARBIERI, R. L.; RAMOS, S. R. R. Conservação ex situ de recursos fitogenéticos. In: FAO; EMBRAPA. *Informe nacional sobre a situação dos recursos fitogenéticos para a alimentação e agricultura do Brasil*. 2. ed. Brasília, DF: FAO/EMBRAPA, 2009.

VERMOTE, L.; VERCE, M.; MOZZI, F.; VUYST, L.; WECKX, S. Microbiomes associated with the surfaces of Northern Argentinian fruits show a wide species diversity. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.872281>

WANG, Y.-L.; ZHANG, H.-B. Assembly and Function of Seed Endophytes in Response to Environmental Stress. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, v. 33, n. 9, p. 1119-1129, 2023. <https://doi.org/10.4014/jmb.2303.03004>

WEI, L.; VAN BEECK, W.; HANLON, M.; DICAPRIO, E.; MARCO, M. L. Lacto-Fermented Fruits and Vegetables: Bioactive Components and Effects on Human Health. *Annual Review of Food Science and Technology*, v. 16, n. 1, p. 289-314, 2025. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-052924-070656>

WEI, X.; LUO, J.; PU, A.; LIU, Q.; ZHANG, L.; WU, S.; LONG, Y.; LENG, Y.; DONG, Z.; WAN, X. From biotechnology to bioeconomy: a review of development dynamics and pathways. *Sustainability*, v. 14, n. 16, p. 10413, 2022. <https://doi.org/10.3390/su141610413>

WIJAYA, G.; WARDANI, A. K.; ERIS, D. Biocontrol activity of endophytic bacteria from cocoa against *Phytophthora* sp. and *Colletotrichum* sp. *E-Journal Menara Perkebunan*, v. 91, n. 1, p. 72-86, 2023. <https://doi.org/10.22302/iribb.jur.mp.v91i1.522>

WRIGHT, C. L.; WEST, J. B.; LIMA, A. L. A.; SOUZA, E. S.; MEDEIROS, M.; WILCOX, B. P. Contrasting water-use strategies revealed by species-specific transpiration dynamics in the Caatinga dry forest. *Tree Physiology*, v. 44, n. 1, 2024. <https://doi.org/10.1093/treephys/tpad137>

WU, Y.; SUN, X. R.; PRITCHARD, H. W.; SHEN, Y. B.; WU, X. Q.; PENG, C. Y. The metagenomics of soil bacteria and fungi and the release of mechanical dormancy in hard seeds. *Frontiers in Plant Science*, v. 14, p. 1187614, 2023. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1187614>

XU, J.; ZHANG, Y.; ZHANG, P.; TRIVEDI, P.; RIERA, N.; WANG, Y.; LIU, X.; FAN, G.; TANG, J.; COLETTA-FILHO, H. D.; CUBERO, J.; DENG, X.; ANCONA, V.; LU, Z.; ZHONG, B.; ROPER, M. C.; CAPOTE, N.; CATARA, V.; PIETERSEN, G.; ... WANG, N. The structure and function of the global citrus rhizosphere microbiome. *Nature Communications*, v. 9, n. 1, p. 4894, 2018. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07343-2>

YAN, K.; PEI, Z.; MENG, L.; ZHENG, Y.; WANG, L.; FENG, R.; LI, Q.; LIU, Y.; ZHAO, X.; WEI, Q.; EL-SAPPAH, A. H.; ABBAS, M. Determination of community structure and diversity of seed-vectored endophytic fungi in *Alpinia zerumbet*. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.814864>

YANG, M.; ZHAO, Y.; LI, L.; QI, Y.; GAO, P.; GUO, J.; LIU, J.; CHEN, Z.; ZHAO, J.; YU, L. Functional dynamics analysis of endophytic microbial communities during *Amorphophallus muelleri* seed maturation. *Scientific Reports*, v. 14, n. 1, p. 28432, 2024. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-79850-w>

YURGEL, S. N.; NEARING, J. T.; DOUGLAS, G. M.; LANGILLE, M. G. I. Metagenomic Functional Shifts to Plant Induced Environmental Changes. *Frontiers in Microbiology*, v. 10, p. 1682, 2019. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01682>

ZENG, K.; LI, Y.; WANG, Z.; DU, Y.; FAN, M.; XIE, L. Community structure and diversity of endophytic bacteria in melon (*Cucumis melo* L.) seeds. *Horticulturae*, v. 9, n. 11, p. 1195, 2023. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9111195>

ZENG, Q.; ZHAO, Y.; SHEN, W.; HAN, D.; YANG, M. Seed-to-seed: plant core vertically transmitted microbiota. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, v. 71, n. 49, p. 19255-19264, 2023. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c07092>

ZHANG, Y.; HUANG, J.; ZHOU, R.; ZHANG, S.; LI, Y.; HUANG, R.; LIU, R.; WU, C. An integrative metabolomics and metagenomics analysis of functional microbiota examines the extraction of bioactive products using longan pericarp. *Biochemical Engineering Journal*, v. 211, p. 109464, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.bej.2024.109464>

ZHANG, Y.; LIU, Y.; SUN, L.; BASKIN, C. C.; BASKIN, J. M.; CAO, M.; YANG, J. Seed dormancy in space and time: global distribution, paleoclimatic and present climatic drivers, and evolutionary adaptations. *New Phytologist*, v. 234, n. 5, p. 1770-1781, 2022. <https://doi.org/10.1111/nph.18099>

4. ARTIGO 1

INTERAÇÃO PLANTA-MICRORGANISMO: O PAPEL DOS ENDOFÍTICOS NA GERMINAÇÃO E CONSERVAÇÃO DOS FRUTOS, REVISÃO SISTEMÁTICA

RESUMO

Microrganismos endofíticos presentes em frutos e sementes de espécies frutíferas desempenham papéis essenciais na fisiologia vegetal, na tolerância a estresses e na qualidade pós-colheita. Esses microrganismos habitam os tecidos vegetais de forma assintomática e são

reconhecidos pela capacidade de produzir metabólitos bioativos, promover a germinação, melhorar a absorção de nutrientes e ativar mecanismos de defesa das plantas. Apesar de sua importância, as funções ecológicas e o potencial aplicado dos endófitos associados a frutos e sementes permanecem subexplorados. Esta revisão sistemática tem como objetivo reunir e sintetizar o conhecimento científico atual sobre microrganismos endofíticos isolados de frutos e sementes, com ênfase em sua diversidade taxonômica, características funcionais, produção de metabólitos e potencial biotecnológico. A busca bibliográfica foi conduzida de acordo com as diretrizes PRISMA, utilizando as bases de dados Web of Science e Scopus. De um total inicial de 489 artigos, 59 atenderam aos critérios de inclusão para análise do texto completo. Os resultados indicam que bactérias e fungos endofíticos associados a tecidos reprodutivos contribuem para o biocontrole, a biofertilização, o aumento do vigor das sementes e a tolerância a estresses abióticos. Dentre os gêneros mais frequentemente relatados, destacam-se *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Trichoderma* e *Penicillium*. As funções metabólicas mais comuns incluem a produção de auxinas, atividade da ACC desaminase, secreção de sideróforos e síntese de compostos antifúngicos. Além disso, os padrões de colonização variam conforme a espécie hospedeira, a composição química dos frutos e as condições ambientais. Esse trabalho pode subsidiar pesquisas futuras sobre as interações entre comunidades endofíticas de frutos e tecidos reprodutivos de frutíferas tropicais, voltados ao desenvolvimento de tecnologias microbianas, promoção da germinação, regulação da dormência e otimização da propagação em larga escala, contribuindo diretamente para a produtividade agrícola e a sustentabilidade ambiental.

Palavras-chave: Biocontrole, microbioma de sementes, transmissão vertical, regulação da dormência, viabilidade de sementes.

Plant-microorganism interaction: the role of endophytes in fruit germination and conservation, a systematic review

ABSTRACT

Endophytic microorganisms present in fruits and seeds of fruit species play essential roles in plant physiology, stress tolerance, and post-harvest quality. These microorganisms inhabit plant tissue asymptotically and are recognized for their ability to produce bioactive metabolites, promote germination, improve nutrient absorption, and activate plant defense mechanisms. Despite their importance, the ecological functions and applied potential of endophytes associated with fruits and seeds remain under-explored. This systematic review aims to gather and synthesize current scientific knowledge on endophytic microorganisms isolated from fruits and seeds, with an emphasis on their taxonomic diversity, functional characteristics, metabolite production, and biotechnological potential. The literature review was conducted according to PRISMA guidelines, using the Web of Science and Scopus databases. Of an initial total of 489 articles, 59 met the inclusion criteria for full-text analysis. The results indicate that endophytic bacteria and fungi associated with reproductive tissue contribute to biocontrol, biofertilization, increased seed vigor, and tolerance to abiotic stresses. Among the most frequently reported genera are *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Trichoderma*, and *Penicillium*. The most common metabolic functions include auxin production, ACC deaminase activity, siderophore secretion, and antifungal compound synthesis. In addition, colonization patterns vary according to host species, fruit chemical composition, and environmental conditions. This work may support future research on the interactions between endophytic communities of fruits and reproductive tissues of tropical fruit trees aimed at developing microbial technologies, promoting germination, regulating dormancy, and optimizing large-scale propagation, directly contributing to agricultural productivity and environmental sustainability.

Keywords: Biocontrol, Seed microbiome, Vertical transmission, Dormancy regulation, Seed viability.

4.1. Introdução

Os microrganismos desempenham um papel fundamental na sustentação da vida vegetal e vêm sendo cada vez mais reconhecidos por seu potencial como bioinsumos na agricultura. Destacam-se especialmente por sua capacidade de controlar doenças de plantas e promover o crescimento vegetal, por meio da melhoria da fertilidade do solo, aumento da disponibilidade de nutrientes e facilitação na absorção de elementos essenciais. Essas funções são essenciais para o fortalecimento de práticas agrícolas sustentáveis e para a conservação dos recursos naturais (Bartuv *et al.*, 2023; Cardarelli *et al.*, 2022; Parashar *et al.*, 2023).

Dentre esses microrganismos, os endófitos despertam interesse particular. Estreitamente associados às plantas, a microbiota endofítica apresenta alta diversidade de espécies, estratégias nutricionais variadas e grande adaptabilidade a diferentes habitats. Eles podem colonizar diversos tecidos vegetais, incluindo raízes, frutos e sementes, onde contribuem para a absorção de nutrientes, reforçam a proteção contra patógenos e carregam genes envolvidos tanto na resistência sistêmica quanto na resistência induzida (Gómez-Albarrán *et al.*, 2021). No entanto, os papéis desempenhados pelos endófitos associados às sementes no processo de germinação permanecem pouco compreendidos.

Frutos e sementes representam nichos únicos e ainda pouco explorados para a colonização microbiana, nos quais populações endofíticas podem desempenhar funções fisiológicas e ecológicas essenciais. Os metabólitos produzidos por esses microrganismos incluem fitohormônios, antibióticos, sideróforos e enzimas envolvidas em biocontrole, biofertilização, promoção do crescimento vegetal e até mesmo na reparação de tecidos (Yan *et al.*, 2022).

Estudos recentes têm explorado técnicas para melhorar as taxas de germinação de sementes, com atenção crescente ao uso da microbiota vegetal, especialmente como bioestimulantes capazes de induzir respostas significativas na germinação (Rossini *et al.*, 2024; Rouphael; Colla, 2020). Durante o desenvolvimento das sementes, a abundância da microbiota endofítica tende a aumentar à medida que as sementes amadurecem, mas pode diminuir durante o armazenamento, principalmente devido à redução do teor de água. Essa redução afeta frequentemente tanto a qualidade quanto a quantidade de microrganismos endofíticos.

No entanto, algumas espécies microbianas demonstram maior resiliência, mantendo-se ativas mesmo sob condições extremas. Esses achados sugerem que, durante o armazenamento, muitos endófitos podem contribuir para a preservação do embrião, promover a germinação e apoiar o crescimento e desenvolvimento das plantas (Dutta *et al.*, 2022).

Assim, investigar microrganismos endofíticos presentes em frutos e sementes pode fornecer informações valiosas e soluções biotecnológicas para preencher lacunas críticas de conhecimento, especialmente no que se refere à superação da dormência em sementes de espécies florestais. Essa investigação também pode facilitar a descoberta de linhagens microbianas com potencial para o desenvolvimento de bioinsumos inovadores que contribuam para práticas agrícolas mais sustentáveis.

Diante do caráter fragmentado do conhecimento atual, torna-se necessária uma síntese sistemática dos dados disponíveis, a fim de identificar padrões funcionais e lacunas de pesquisa. Portanto, esta revisão sistemática tem como objetivo reunir e sintetizar o conhecimento científico atual sobre microrganismos endofíticos isolados de frutos e sementes, com ênfase em sua diversidade taxonômica, características funcionais, produção de metabólitos e potencial biotecnológico.

4.2. Material e Métodos

Esta revisão sistemática seguiu um protocolo estruturado para identificar e selecionar literatura científica relevante sobre microrganismos endofíticos associados a frutos e sementes de espécies frutíferas. A estratégia de busca foi direcionada a estudos que abordassem a diversidade, os papéis funcionais e as aplicações biotecnológicas de endófitos nesses tecidos reprodutivos.

4.2.1 Fontes de dados e estratégia de busca

A busca na literatura foi realizada em 10 de fevereiro de 2025, por meio do Portal de Periódicos da CAPES, utilizando as bases de dados Web of Science e Scopus. A pesquisa foi restrita a artigos científicos revisados por pares, publicados entre 1945 e 2025, nos idiomas inglês, português ou espanhol. A seguinte string de busca booleana foi aplicada aos campos de título, resumo ou palavras-chave: (((“microorganisms endophytic” OU “endophytes”) E (“fruit AND fruit species”) OU (“seed AND fruit species”) OU (“fruit AND fruit tree”) OU (“seed AND fruit tree”))). A busca inicial resultou em 442 registros na Web of Science e 132 na Scopus. Após a aplicação manual de filtros de idioma na plataforma da CAPES, os registros foram refinados para 400 (Web of Science) e 105 (Scopus), respectivamente. Registros duplicados foram identificados e removidos utilizando o software RStudio (R Core Team, 1999), resultando em um conjunto final de 489 artigos.

4.2.2 Processamento e análise dos dados

Os metadados dos artigos selecionados foram exportados no formato BibTeX e processados utilizando o pacote Bibliometrix do software R (Aria; Cuccurullo, 2017), com o objetivo de realizar análises bibliométricas, incluindo autoria, países de publicação e tendências de pesquisa.

O fluxograma PRISMA (Figura 1) resume as etapas de identificação, triagem e inclusão dos artigos analisados na revisão.

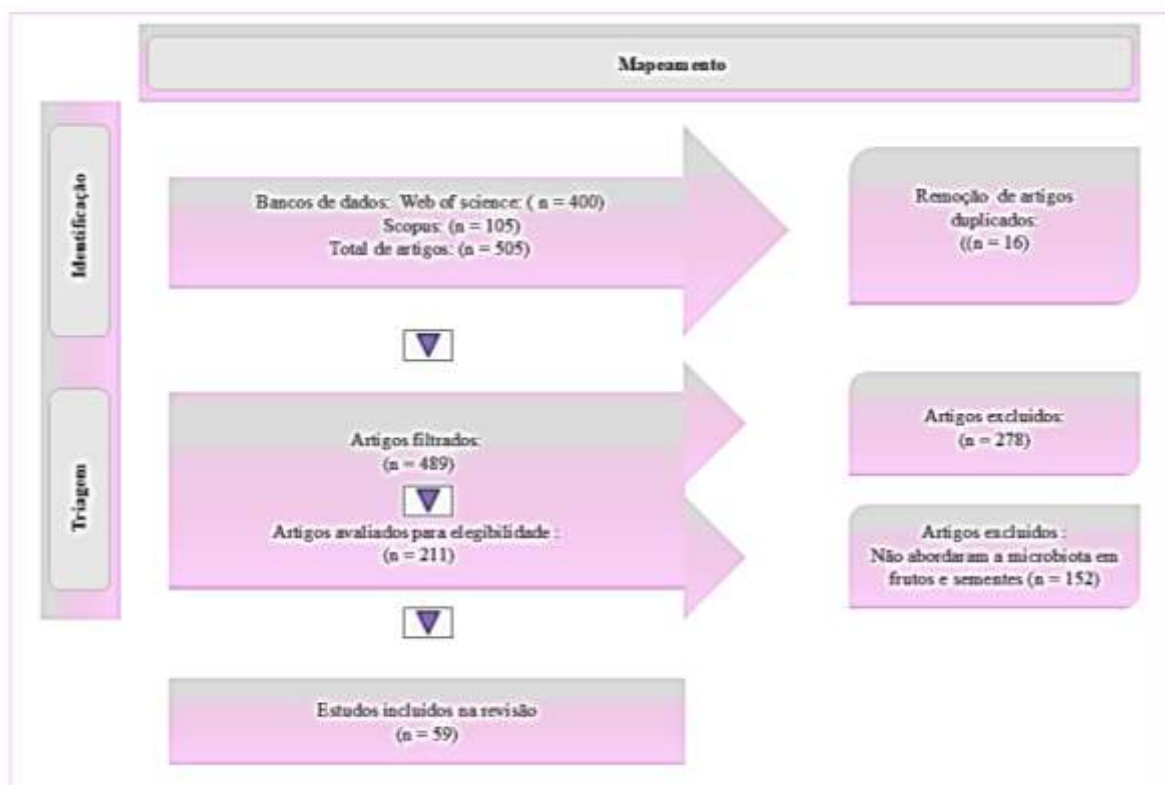


Figura 1. Diagrama de fluxo PRISMA resumindo o processo de identificação, triagem, elegibilidade e inclusão dos estudos selecionados para a revisão sistemática.

4.2.3 Seleção dos estudos e critérios de elegibilidade

O processo de seleção foi realizado em duas etapas: 1. Triagem dos títulos e resumos para verificação da relevância temática; 2. Leitura e análise do texto completo para confirmação dos critérios de inclusão. A triagem inicial foi orientada por critérios de exclusão previamente definidos, conforme resumido na Tabela 1.

Tabela 1. Critérios de exclusão e número de artigos removidos.

Critério	Critério de Exclusão	Nº. de artigos removidos
Critério 1 – Estudos que não abordavam microrganismos endofíticos benéficos		125
Critério 2 – Estudos excluídos por não abordarem espécies frutíferas com frutos comestíveis		85
Critério 3 – Estudos excluídos (ex.: sem enfoque em microbiota)		61

(a) Um total de 211 artigos permaneceu após a triagem inicial e foi submetido à análise do texto completo. Os artigos foram incluídos se atendessem aos seguintes critérios:

- Relatavam microrganismos endofíticos isolados de frutos ou sementes de espécies frutíferas comestíveis;
- Descreviam o potencial funcional desses microrganismos (por exemplo, promoção de crescimento, biocontrole, atividade metabólica).

(b) Durante essa fase, 152 artigos foram excluídos por focarem exclusivamente em outros tecidos vegetais (como folhas, raízes, caules ou rizosfera), sem abordar frutos ou sementes. Como resultado, 59 artigos foram incluídos na revisão final.

4.2.4 Extração das estruturas de metabólitos e da rede gênica

Os metabólitos presentes nas sementes foram identificados por nome utilizando o banco de dados KEGG Compound (<https://www.genome.jp/kegg/compound/>). Em seguida, as fórmulas químicas correspondentes foram inseridas na base de dados PubChem (<https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov>) para obtenção das respectivas estruturas moleculares, que foram baixadas no formato 300 x 300 pixels.

Para a busca de genes, foram consultadas informações suplementares disponibilizadas por Khalaf e Raizada (2016), com ênfase na espécie *Bacillus safensis*, identificada em sementes de melancia (cultivar Crimson Sweet). A identificação baseou-se no maior escore de alinhamento BLAST para "*Bacillus safensis* strain IHB B 14105 16S ribosomal RNA, partial sequence", disponível no GenBank sob o número de acesso KM817280.1. Utilizando a sequência FASTA obtida no NCBI, foi realizada uma análise BLAST contra *Escherichia coli* (ID: 944786), que resultou na seleção do gene *ftsZ*. Esse gene foi então inserido na plataforma <https://GeneMANIA.org>, especificando *Escherichia coli* como organismo modelo, com o objetivo de gerar uma rede funcional e de interações gênicas (Warde-Farley *et al.*, 2010).

4.3. Resultados

4.3.1 Tendências bibliográficas

A análise bibliométrica dos microrganismos associados a frutos e sementes de espécies frutíferas baseou-se em 59 artigos que atenderam aos critérios de inclusão estabelecidos. Desses, 50 estudos tiveram como foco os frutos e apenas nove abordaram as sementes, evidenciando um desequilíbrio significativo e uma lacuna clara de informações sobre microrganismos benéficos presentes nas sementes de árvores frutíferas.

Os artigos selecionados foram analisados com o objetivo de extrair informações sobre o panorama científico da área, incluindo volume de publicações, autores mais produtivos, palavras-chave, instituições de pesquisa, distribuição geográfica e redes de colaboração entre autores.

Inicialmente, a produção científica sobre microrganismos endofíticos em espécies frutíferas manteve-se relativamente estável entre 2006 e 2010. A partir de 2011, observou-se um aumento gradual e consistente no número de publicações, com picos notáveis em 2023. Ao longo das últimas duas décadas, a produção científica anual expandiu-se significativamente, passando de duas publicações por ano para dez em 2022 (Figura 2).

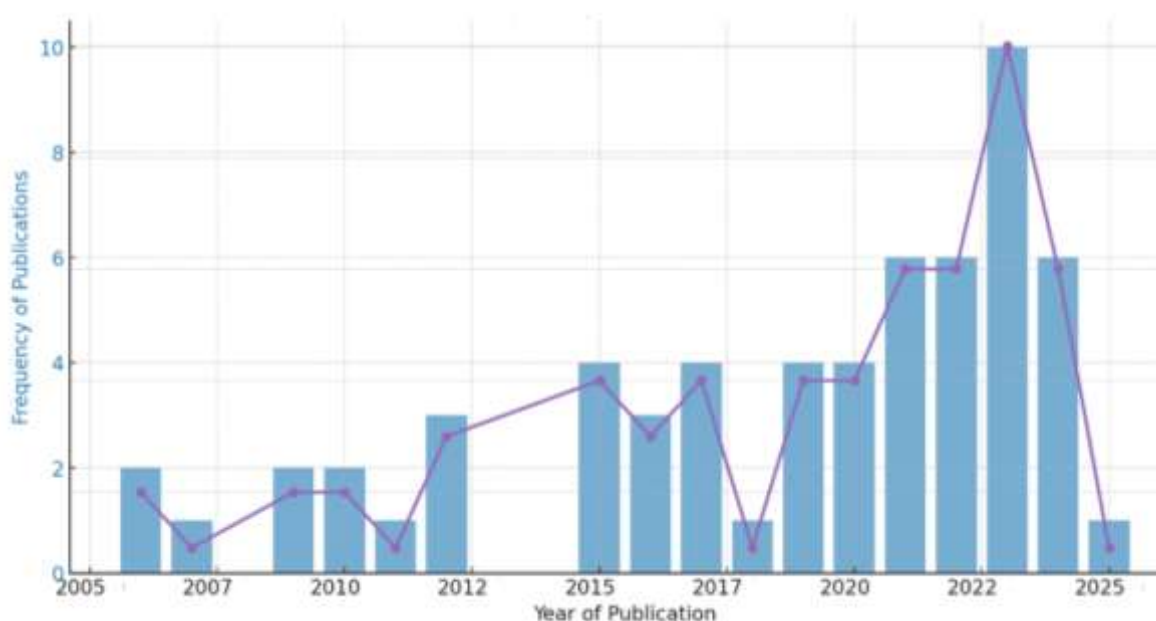


Figura 2. Produção científica anual sobre microrganismos endofíticos em frutos e sementes de espécies frutíferas (2005–2025).

4.3.2 Distribuição geográfica dos estudos

A distribuição geográfica das pesquisas sobre esse tema revela um padrão assimétrico, com estudos concentrados em apenas 21 países dos 193 reconhecidos globalmente. A China lidera com 13 publicações, impulsionada por contribuições de instituições como a Henan University of Science and Technology, a Capital Normal University e a China Pharmaceutical University. Em seguida, aparecem a Itália e a Índia, cada uma com cinco publicações, enquanto Rússia e Brasil contribuíram com quatro estudos cada. No caso do Brasil, destacam-se instituições como a Universidade Federal de Lavras e a Universidade Federal da Grande Dourados (Figura 3).

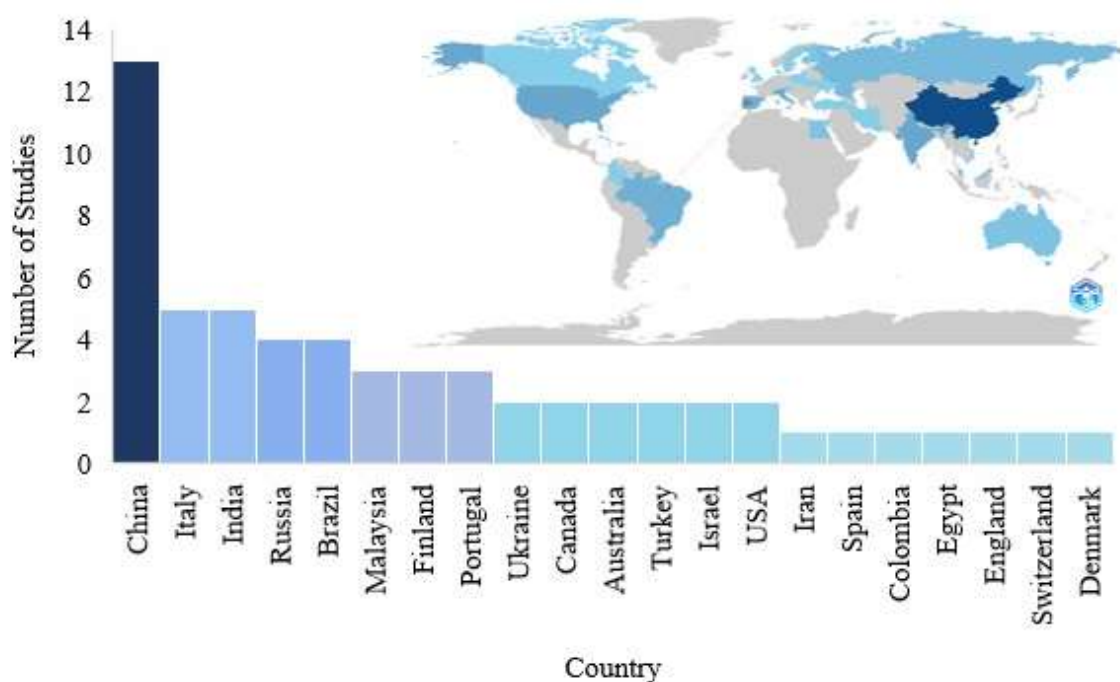


Figura 3. Distribuição geográfica das pesquisas relacionadas a microrganismos endofíticos em frutos e sementes de espécies frutíferas.

Com duas publicações cada, figuram Malásia, Finlândia, Portugal, Ucrânia, Canadá, Austrália, Israel e Estados Unidos. No extremo inferior do ranking, Irã, Espanha, Colômbia, Egito, Inglaterra, Suíça e Dinamarca contribuíram com apenas uma publicação cada.

4.3.3 Rede de colaboração e mapeamento de palavras-chave

China, como principal contribuinte científico na área, demonstra parcerias internacionais robustas. Índia e Itália também figuram entre os países com maior colaboração científica. Em contraste, Brasil e Portugal apresentam cooperação internacional limitada, com predominância de publicações de autoria exclusivamente nacional. Na Rússia, a rede internacional é bem estabelecida, enquanto Austrália, Finlândia e Estados Unidos exibem uma distribuição equilibrada entre MCP e SCP, embora com volumes gerais de publicação mais baixos (Figura 4).

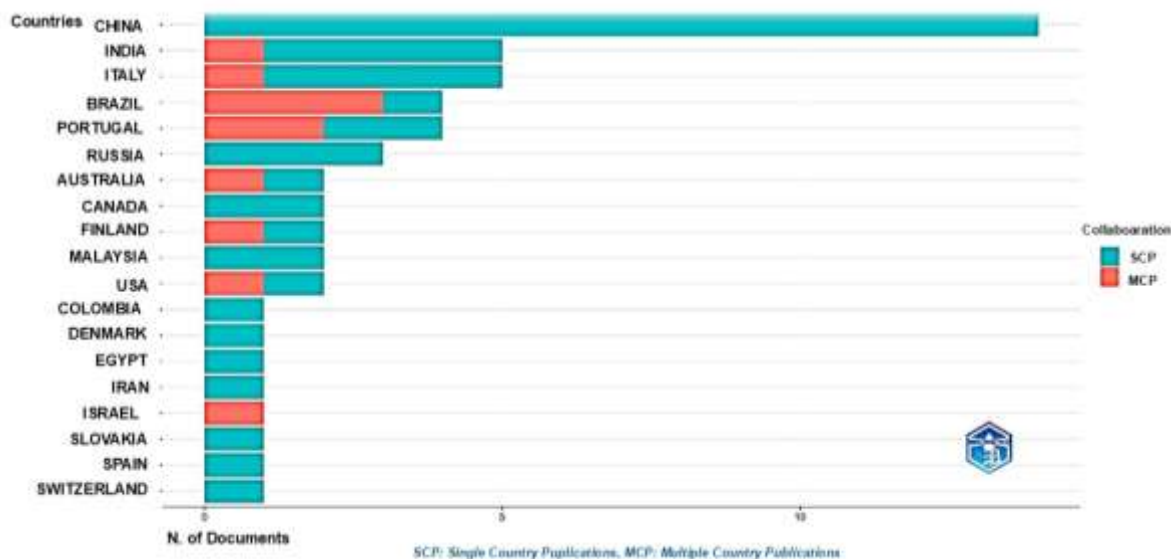


Figura 4. Colaboração internacional entre autores correspondentes com base nos indicadores MCP (*Multiple Country Publications*) e SCP (*Single Country Publications*).

A Figura 5 apresenta as interconexões entre três dimensões da pesquisa: país de afiliação dos autores (AU_CO), autores individuais (AU) e palavras-chave (ID). As redes colaborativas mais fortes estão associadas a estudos envolvendo os termos *frutos*, *fungos*, *plantas*, *diversidade*, *endófitos*, *genética*, *Bacillus*, *atividade antimicrobiana*, *Pseudomonas*, *bactérias*, *microbiologia* e *biodiversidade*. Os autores mais interconectados nessas redes incluem Batista P., Glushakova A., Martins F., Pereira J., Wu Y., Zhang L., Chen Y., Hu X., Kachalkin A. e Lehosmaa K.

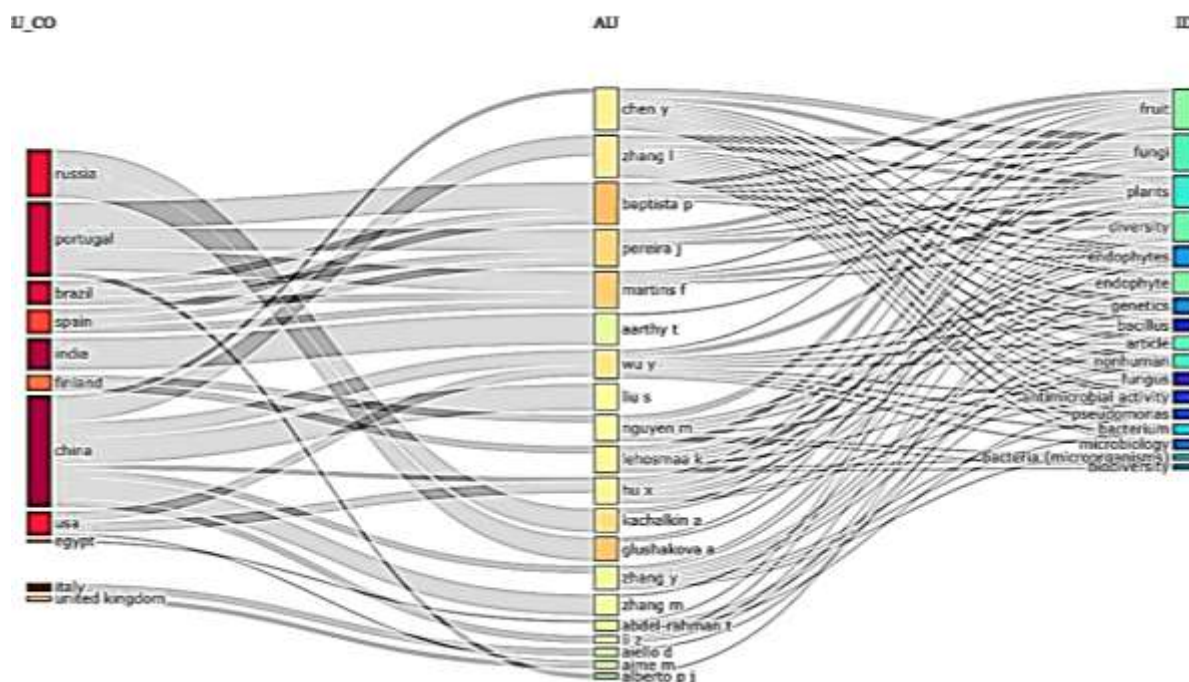


Figura 5. Interconexões entre país de afiliação dos autores (AU_CO), autores individuais (AU) e palavras-chave (ID) em estudos sobre o microbioma de frutos e sementes de espécies frutíferas.

Os autores que mais se destacam nessas colaborações estão vinculados a instituições localizadas na China, Rússia, Brasil, Portugal, Espanha e Estados Unidos. Esse panorama reforça a importância das redes colaborativas para o fortalecimento da pesquisa sobre microrganismos endofíticos em espécies frutíferas.

4.3.4 Agrupamento temático e mapeamento estratégico

O mapa de rede temática ilustra a densidade e a complexidade das interconexões conceituais dentro do domínio científico analisado. Nesta visualização, os agrupamentos coloridos representam categorias temáticas distintas, enquanto as linhas de conexão indicam relações entre elas. Quatro agrupamentos principais, azul, roxo, verde e rosa, são visíveis, sendo o grupo laranja, que inclui termos como *bactérias*, *microrganismos* e *artigos*, o mais expressivo (Figura 6).

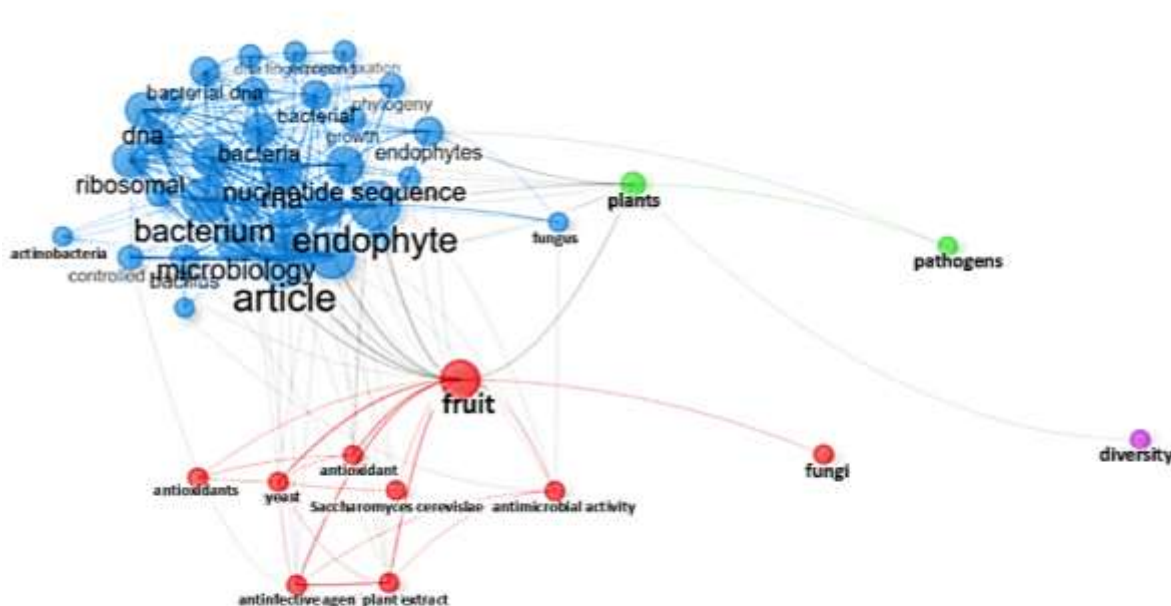


Figura 6. Rede de coocorrência de palavras-chave em pesquisas sobre microbiomas endofíticos em frutos e sementes.

Destaca-se que esse agrupamento central apresenta conexões densas com diversos subtemas, refletindo uma abordagem interdisciplinar da pesquisa microbiológica, que abrange taxonomia, identificação, biocontrole e saúde vegetal. A diversidade dessas conexões indica ainda que os estudos microbiológicos não são conduzidos de forma isolada, mas estão intimamente integrados a áreas como genética, biotecnologia e ecologia.

O diagrama estratégico (também denominado *thematic map* ou *thematic scatter plot*) categoriza os temas identificados na literatura com base em sua centralidade (relevância no campo) e densidade (nível de desenvolvimento). Essa visualização auxilia na classificação dos temas em quadrantes: temas motores, nichos temáticos, temas emergentes ou temas básicos. As classificações são determinadas pela posição e pelo tamanho de cada círculo no gráfico.

No mapa temático, temas localizados no quadrante motor apresentam alta centralidade e densidade, indicando que são bem estabelecidos e influentes. Em contraste, temas básicos como *plantas*, *genética* e *planta* (indexado de forma redundante) aparecem como subexplorados, apesar de sua relevância fundamental. *Biocontrole* e *atividade antagonista* destacam-se como nichos temáticos altamente relevantes, porém ainda em estágios de desenvolvimento. Essa distribuição evidencia a diversidade conceitual do campo, abrangendo desde áreas consolidadas até linhas de pesquisa emergentes (Figura 7).

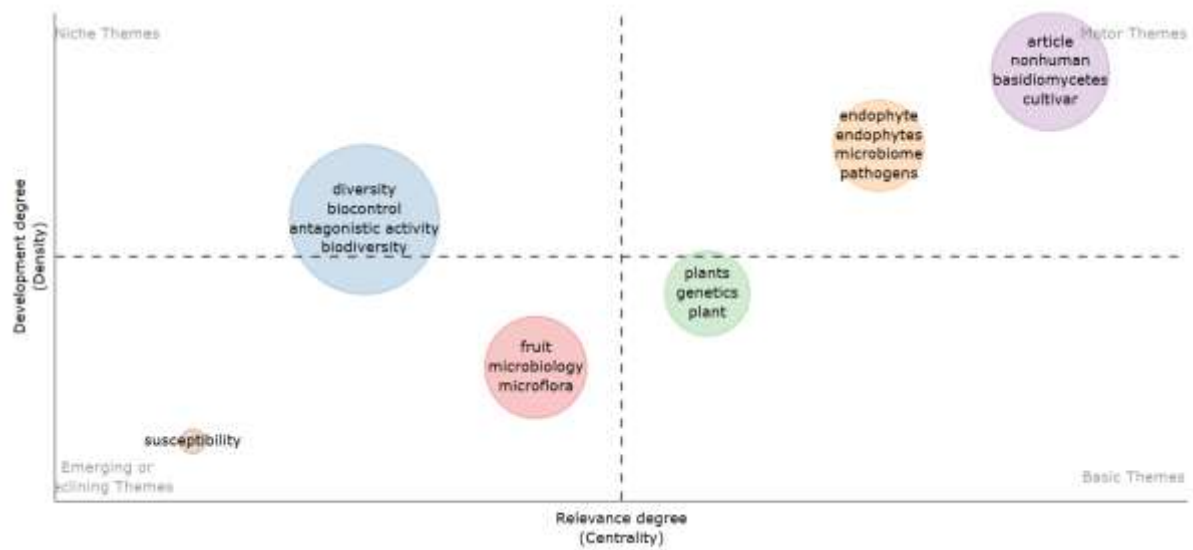


Figura 7. Mapa temático (diagrama estratégico) que categoriza os temas de pesquisa por relevância e nível de desenvolvimento na literatura analisada.

4.3.5 Diversidade taxonômica e potencial biotecnológico

Os estudos que visam identificar e compreender as interações benéficas entre frutos, sementes e microrganismos, bem como destacar seu amplo potencial biotecnológico, estão resumidos na Tabela 2.

Tabela 2. Potencial biotecnológico de microrganismos endofíticos associados a sementes de espécies frutíferas.

Nº	Variedade	Gênero	Potencial	Espécies hospedeiras	Referências
1	Bactéria	<i>Cutibacterium</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Pandoreae</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Pseudomonas</i>	Biocontrol	<i>Vaccinium myrtillus</i> L.	(Nguyen <i>et al.</i> , 2021)
2	Bactéria	<i>Pseudomonas</i>	Biocontrol	<i>Rosa ribiginosa</i> L., <i>Actinidia deliciosa</i> (A. Chev.)	(Rovná <i>et al.</i> , 2020) (Aiello <i>et al.</i> , 2019)
3					
4	Bactéria	<i>Enterococcus</i>	Biocontrol	<i>Annona squamosa</i> L.	(Tlais <i>et al.</i> , 2023)
5	Bactéria	<i>Kosakonia</i>	Biocontrol	<i>Citrus sinensis</i> sp.	(Lai <i>et al.</i> , 2022)
6	Bactéria	<i>Cutibacterium</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Staphylococcus</i> <i>Pandoraea</i> ,	Biocontrol	<i>Malus domestica</i> Borkh	(Garello <i>et al.</i> , 2023)
7	Bactéria	<i>Bacillus</i>	Biocontrol	<i>Malus domestica</i> Borkh,	(Bektas <i>et al.</i> , 2024);
8				<i>Vitis vinifera</i> L.,	(West <i>et al.</i> , 2010);
9				<i>Morinda citrifolia</i> L.	(Li <i>et al.</i> , 2021);
10				<i>Juglas regia</i> L.	(Pardatscher, 2009)
11	Bactéria	<i>Rhodococcus</i>	Healing	<i>Ginko biloba</i> L.	(Jiang <i>et al.</i> , 2024)
12	Bactéria	<i>Pseudomonas</i> , <i>Stenotrophomonas</i>	Resistance	<i>Actinidia deliciosa</i>	(Xie <i>et al.</i> , 2021)
13	Bactéria	<i>Bacillus</i> , <i>Kocuria</i> , <i>Acinetobacter</i> , <i>Enterobacter</i>	Antioxidant	<i>Carica papaya</i> L.	(Krishnan <i>et al.</i> , 2012)
14	Bactéria	<i>Hymenobacter</i> , <i>Allorhizobium</i> , <i>Neorhizobium</i> , <i>Pararhizobium</i> , <i>Rhizobium</i>	Biofertilizers	<i>Camellia oleifera</i> Abel	(Zhang <i>et al.</i> , 2023)
15	Bactéria	<i>Bacillus</i>	Pharmaceutical	<i>Pyrenacantha</i>	(Soujanya <i>et al.</i> , 2017)
16	Bactéria	<i>Pseudomonas</i> , <i>Enterobacter</i> <i>Bacillus</i> , <i>Paenibacillus</i> ,	Growth promotion	<i>Fragaria vesca</i>	(de Melo Pereira <i>et al.</i> , 2012)
17	Bactéria	<i>Lactococcus</i> , <i>Pediococcus</i> , <i>Staphylococcus</i> <i>Bacillus</i> , <i>Leuconostoc</i> , Unclassified, <i>Pseudomonas</i>	Nitrogen fixation, phosphorus solubilization, auxin enzyme production, and ACC deaminase,	<i>Cucumis melo</i> L.	(Khalaf; Raizada, 2016)
18		<i>Bacillus</i> , <i>Brevibacillus</i> , <i>Rhodobacter</i> , <i>Streptomyces</i>	Biocontrol		(Glassner <i>et al.</i> , 2015)
19		<i>Lachnospirace</i> , <i>Streptococcus</i> , <i>Escherichia</i>			(Zeng <i>et al.</i> , 2023)
20	Fungo	<i>Alternaria</i> , <i>Aureobasidium</i> , <i>Phoma</i>	Biocontrol	<i>Olea europaea</i> L.	(Sanna <i>et al.</i> , 2024)
21		<i>Aureobasidium</i>			(Sdiri <i>et al.</i> , 2022)
22		<i>Fusarium</i> , <i>Pezizimycetos</i> , <i>Mollisia</i> , <i>Trametes</i>			(Martins <i>et al.</i> , 2021a)
23		<i>Paraconiothyrium</i>			(Martins <i>et al.</i> , 2021)
24		<i>Penicillium</i>			(Preto <i>et al.</i> , 2017)
25	Fungo	<i>Eimatosporium</i> , <i>Nigrospora</i> , <i>Diaporthe</i> , <i>Xylariales</i> , <i>Pyrenochaeta</i> , <i>Pseudoplectania</i> , <i>Coniothyrium</i> , <i>Lachnum</i> , <i>Ramularia</i>	Biocontrol	<i>Vaccinium myrtillus</i> L.	(DesRochers <i>et al.</i> , 2023)
26		<i>Venturia</i> , <i>Cladosporium</i> , <i>Podosphaera</i>			(Nguyen <i>et al.</i> , 2024)
27		<i>Cladosporium</i>			(Nguyen <i>et al.</i> , 2025)
28		<i>Epicoccum</i>			(Li <i>et al.</i> , 2016)
29	Fungo	<i>Hanseniaspora</i>	Biocontrol	<i>Myrica rubra</i> (Lour.) .	(Wang <i>et al.</i> , 2023)

				Siebold & Zucc.	
30	Fungo	<i>Coniochaeta, Chaetomium, Fusarium, Aureobasidium, Acremonium</i>	Biocontrol	<i>Malus domestica</i> Borkh.	(Ebrahimi <i>et al.</i> , 2022)
31	Fungo	<i>Muscordor</i>	Biocontrol	<i>Ananas comosus</i> (L.) Merr.	(Banguela-Castillo <i>et al.</i> , 2015)
32	Fungo	<i>Aspergillus</i>	Biocontrol	<i>Annona muricata</i> L.	(Abdel-Rahman <i>et al.</i> , 2019)
33	Fungo	<i>Humicola, Drechslera</i>	Biocontrol	<i>Azadirachta indica</i> A. Juss	(Verma <i>et al.</i> , 2011)
34	Fungo	<i>Pestalotiopsis, Penicillium Pichia</i>	Biocontrol	<i>Camellia oleifera</i> Abel	(Yu <i>et al.</i> , 2018)
35	Fungo	<i>Penicillium</i>	Biocontrol	<i>Chaenomeles japonica</i> (Thunb.) Lindl. ex Spach	(Lykholat <i>et al.</i> , 2022)
36	Fungo	<i>Clonostachys, Trichoderma, Talaromyces</i>	Biocontrol	<i>Feijoa sellowiana</i> (O. Berg) Burret	(Fantinel <i>et al.</i> , 2023)
37	Fungo	<i>Nigrospora</i>	Biocontrol	<i>Garcinia atroviridis</i> Griff ex T. Andrs	(Zanudin <i>et al.</i> , 2023)
38	Fungo	<i>Guignardia, Sordariomycetos Alternaria, Fusarium, Neonectria</i>	Biocontrol	<i>Garcinia mangostana</i> L.	(Sim, 2010)
39	Fungo		Biocontrol	<i>Juglas regia</i> L.	(Yabaneri; Sevim, 2022)
40	Fungo	<i>Chaetomium, Penicillium Cladosporium spp., Penicillium sp.</i>	Biocontrol	<i>Litsea cubeba</i> (Lour.) Pers.	(Wu <i>et al.</i> , 2019)
41	Fungo		Biocontrol	<i>Momordia charantia</i> L.	(Huang <i>et al.</i> , 2012)
42	Fungo	<i>Aureobasidium</i>	Biocontrol	<i>Prunus avium</i> (L.) L.	(Fresno; Munné-Bosch, 2021)
43	Fungo	<i>Ochrocladosporium</i>	Biocontrol	<i>Schinus terebintifolia</i> Raddi	(Rocha <i>et al.</i> , 2020)
44	Fungo	<i>Phlebiopsis, Pycnoporus</i>	Biocontrol	<i>Theobroma cacao</i> L.	(Crozier <i>et al.</i> , 2006)
45	Fungo	<i>Xilaria, Trichoderma</i>	Biocontrol	<i>Citrus limon</i> (L.) Osbeck	(Muñoz-Guerrero <i>et al.</i> , 2021)
46	Fungo	<i>Phyllosticta</i>	Biocontrol	<i>Citrus reticulata</i> Blanco	(Tran <i>et al.</i> , 2019)
47	Fungo	<i>Diaporthe</i>	Biocontrol	<i>Ziziphus jujuba</i> Mill.	(Yang <i>et al.</i> , 2016)
48	Fungo	<i>Fomitopsis, Lasiodiplodia, Schizophyllum</i>	Industrial	<i>Dillenia indica</i> L.	(Kumar; Prasher, 2022)
49	Fungo	<i>Phlebiopsis, Paraconiothyrium, Diaporthe</i>	Medicine	<i>Morinda citrifolia</i> L.	(Wu <i>et al.</i> , 2015)
50	Fungo	<i>Ascopilus</i>	Medicine	<i>Schleichera oleosa</i> Lour.	(Gagana <i>et al.</i> , 2020)
51	Fungo	<i>Amphiporthe, Trichothecium, Clonostachys, Penicillium</i>	Bioinsecticide	<i>Castanea sativa</i> Mill.	(Sieber <i>et al.</i> , 2007)
52	Fungo	<i>Simplicillium</i>	Pharmaceutical	<i>Cornus officinalis</i> Siebold & Zucc.	(Zhao <i>et al.</i> , 2020)
53	Fungo Bactéria	<i>Methylobacterium, Xylella</i>	Biocontrol	<i>Citrus sinensis</i> L.	(Lacava <i>et al.</i> , 2006)
54	Fungo Bactéria	<i>Nigrospora, Phomopsis, Bacillus</i>	Biocontrol	<i>Synsepalum dulcificum</i> (Schumach. & Thonn.) Daniell	(Liu <i>et al.</i> , 2024)
55	Levedura	<i>Vishniacozyma</i>	Biocontrol	<i>Fraxino excelsior</i> L.	(Long <i>et al.</i> , 2024)
56	Levedura	<i>Meyerozyma</i>	Biocontrol	Fruits	(Glushakova <i>et al.</i> , 2023)
57	Levedura	<i>Hanseniaspora, Pichia, Candida</i>	Biocontrol	<i>Malus domestica</i> Borkh.	(Glushakova e Kachalkin, 2017)
58	Levedura	<i>Hanseniaspora</i>	Biocontrol	<i>Pyrus communis</i> L. <i>Garcinia atroviridis</i>	(Zanudin <i>et al.</i> , 2023)

59	Levedura	<i>Candida</i>	Promotes germination	<i>Quercus robur</i> L.	(Isaeva <i>et al.</i> , 2009)
----	----------	----------------	-------------------------	-------------------------	----------------------------------

O potencial biotecnológico dos microrganismos endofíticos associados a frutos e sementes revela uma notável diversidade de táxons microbianos e características funcionais. Entre os 59 isolados identificados, os grupos dominantes foram bactérias, fungos e leveduras (Figura 8), sendo os gêneros mais frequentemente relatados *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Penicillium*, *Trichoderma*, *Nigrospora*, *Hanseniaspora* e *Candida*.

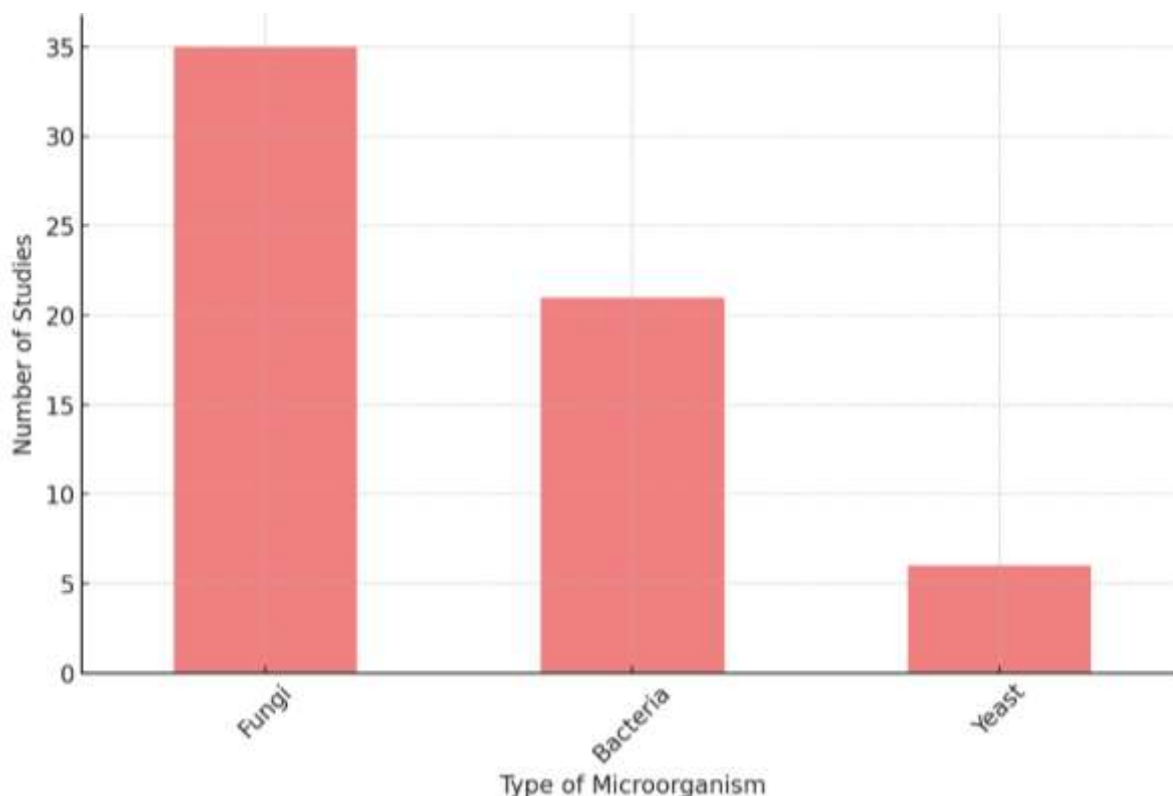


Figura 8. Número de estudos por tipo de microrganismo.

O principal potencial funcional identificado foi o biocontrole, seguido pela promoção do crescimento, biofertilização, atividade antioxidante, cicatrização de ferimentos, indução de resistência, além de propriedades farmacêuticas e bioinseticidas. Diversos endófitos bacterianos, incluindo os gêneros *Kosakonia* e *Streptomyces*, demonstraram capacidade de fixar nitrogênio, solubilizar fósforo e sintetizar compostos reguladores do crescimento vegetal, como auxinas e a enzima ACC desaminase. Os isolados fúngicos estiveram predominantemente associados a atividades antifúngicas e antimicrobianas, destacando sua relevância no controle biológico, especialmente em contextos pós-colheita.

Entre as 59 espécies frutíferas estudadas na revisão, *Malus domestica*, *Cucumis melo*, *Olea europaea*, *Vaccinium myrtillus*, *Juglans regia*, *Camellia oleifera*, *Citrus sinensis*, *Actinidia deliciosa* e *Garcinia atroviridis* foram as mais frequentemente citadas como hospedeiras de endófitos funcionalmente ativos (Figura 9).

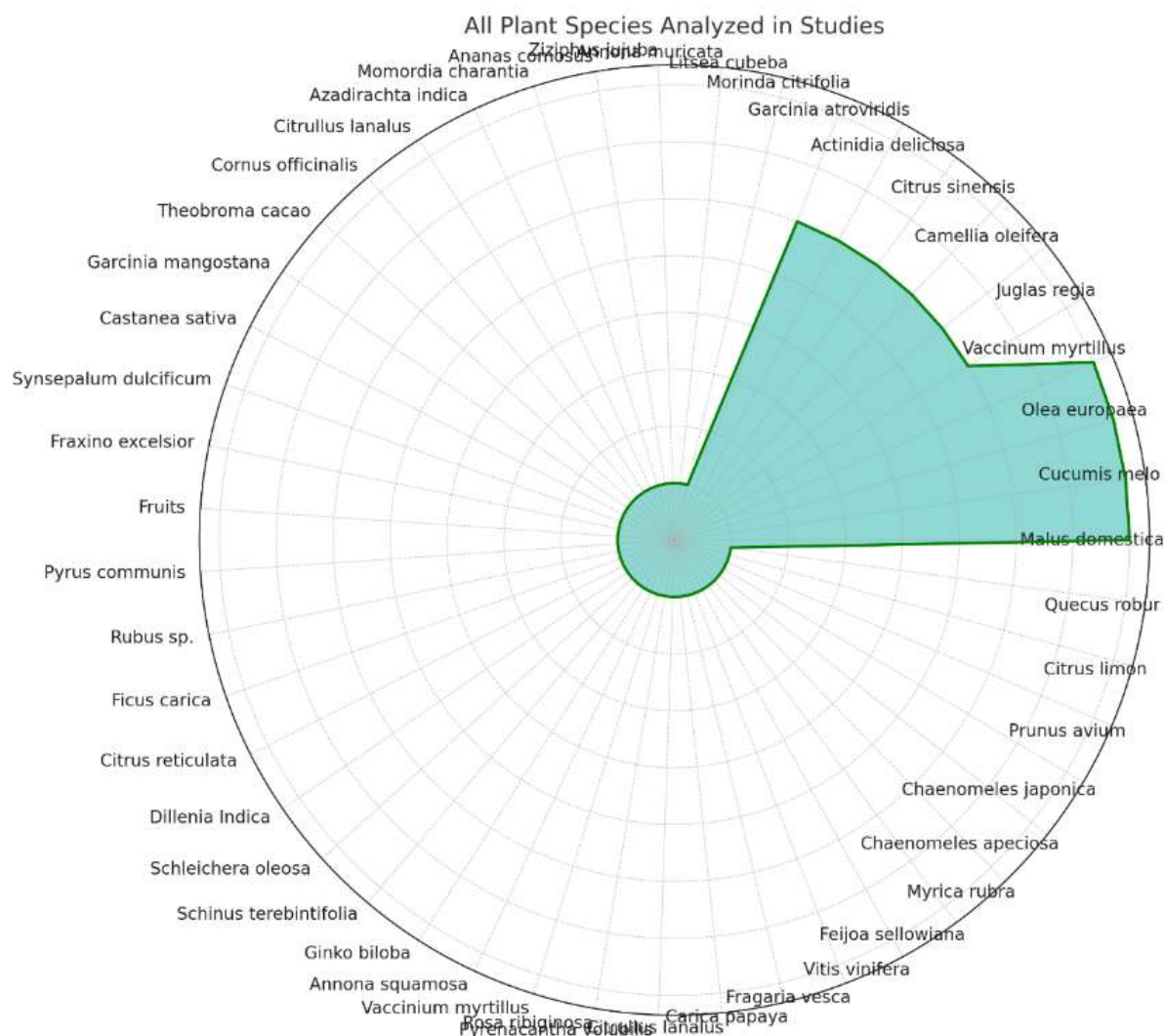


Figura 9. Frequência das principais espécies vegetais associadas a microrganismos endofíticos em frutos e sementes.

Os microrganismos possuem a capacidade de sintetizar metabólitos secundários funcionais que beneficiam a planta hospedeira. Esses metabólitos têm sido isolados e estudados por seus papéis específicos em processos metabólicos de frutos e sementes (Rai *et al.*, 2024). A Figura 10 apresenta alguns compostos encontrados em microrganismos endofíticos de frutos e sementes. Entre os exemplos destacam-se a fengicina, o ácido acético, o flavonol e a camptotecina, que apresentam, respectivamente: atividade antimicrobiana útil no biocontrole agrícola; propriedades antioxidantes que auxiliam na manutenção da integridade e qualidade dos órgãos; efeitos promotores de crescimento, essenciais para a germinação de sementes; e potencial farmacêutico com aplicações medicinais relevantes em frutos (Glassner *et al.*, 2015; Rocha *et al.*, 2020; Soujanya *et al.*, 2017).

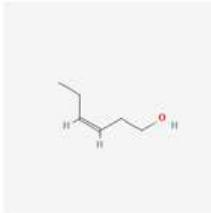

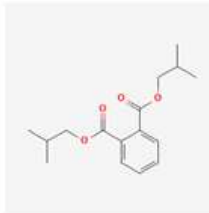
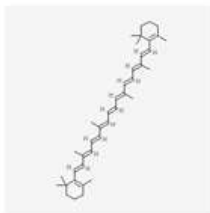
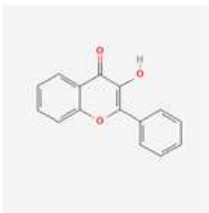
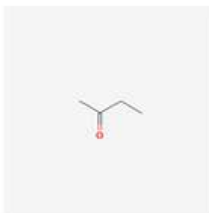
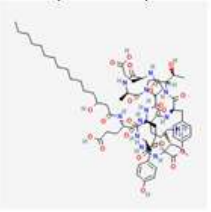

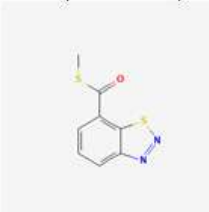
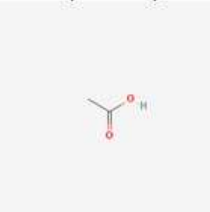

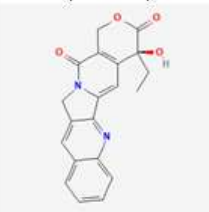
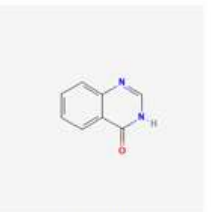
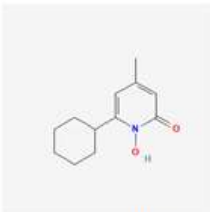
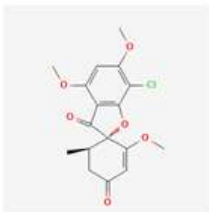
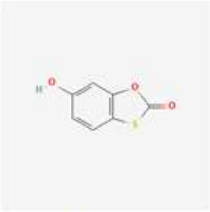

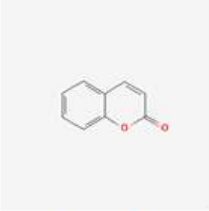
Potencial dos metabólitos						
Fruto	Antimicrobiano			Antioxidante	Crescimento	Farmacológico
						
	Z-3-hexen-1-ol (C ₆ H ₁₂ O)	2,3-Butanodiol (C ₄ H ₁₀ O ₂)	Ftalato de di-isobutíla (C ₁₆ H ₂₂ O ₄)	Beta caroteno (C ₄₀ H ₅₆)	Flavonol (C ₁₅ H ₁₀ O ₃)	Acetoina (C ₄ H ₈ O)
Semente						
	Fengicina (C ₇₂ H ₁₁₀ N ₁₂ O ₂₀)	Antocianina (C ₁₅ H ₁₁ O ⁺)	Acibenzolar-S-Metil (C ₈ H ₆ N ₂ OS ₂)	Ácido acético (CH ₃ COOH)	Fenólico (C ₆ H ₅ OH)	Camptotecina (C ₂₀ H ₁₆ N ₂ O ₄)
						
	Quinazolinona (C ₈ H ₆ N ₂ O)	Griseofulvina (C ₁₇ H ₁₇ ClO ₆)	Ciclopírox (C ₁₂ H ₁₇ NO ₂)	Tioxolone (C ₇ H ₄ O ₃ S)	Ácido indol acético (C ₁₀ H ₉ NO ₂)	Cumarina (C ₉ H ₆ O ₂)

Figura 10. Estrutura química de metabólitos isolados em endófitos microbianos de frutos e sementes.

Em sementes, os metabólitos quinazolinona, tioxolona, ciclopirox e cumarina foram isolados do gênero *Ascopilus*, apresentando atividades antioxidantes e antibacterianas (Gagana *et al.*, 2020). Além disso, o gênero *Ramularia* foi identificado como produtor de griseofulvina, um composto com bioatividade contra *Candida albicans* (DesRochers *et al.*, 2023). Microrganismos do gênero *Bacillus* foram relatados como produtores de auxina, um fitormônio com potencial para estimular o crescimento celular (Khalaf; Raizada, 2016). A produção de auxina também foi identificada em espécies de *Candida*, onde desempenha um papel no desenvolvimento de raízes e do embrião (Isaeva *et al.*, 2009).

4.3.6 Rede gênica

O conteúdo genômico desses microrganismos contribui ativamente para a biossíntese de compostos bioativos e para os processos de sinalização que regulam suas atividades funcionais (Rosali *et al.*, 2025). Diante disso, realizamos uma análise gênica de *Bacillus safensis* isolado de sementes de melancia (Figura 11).

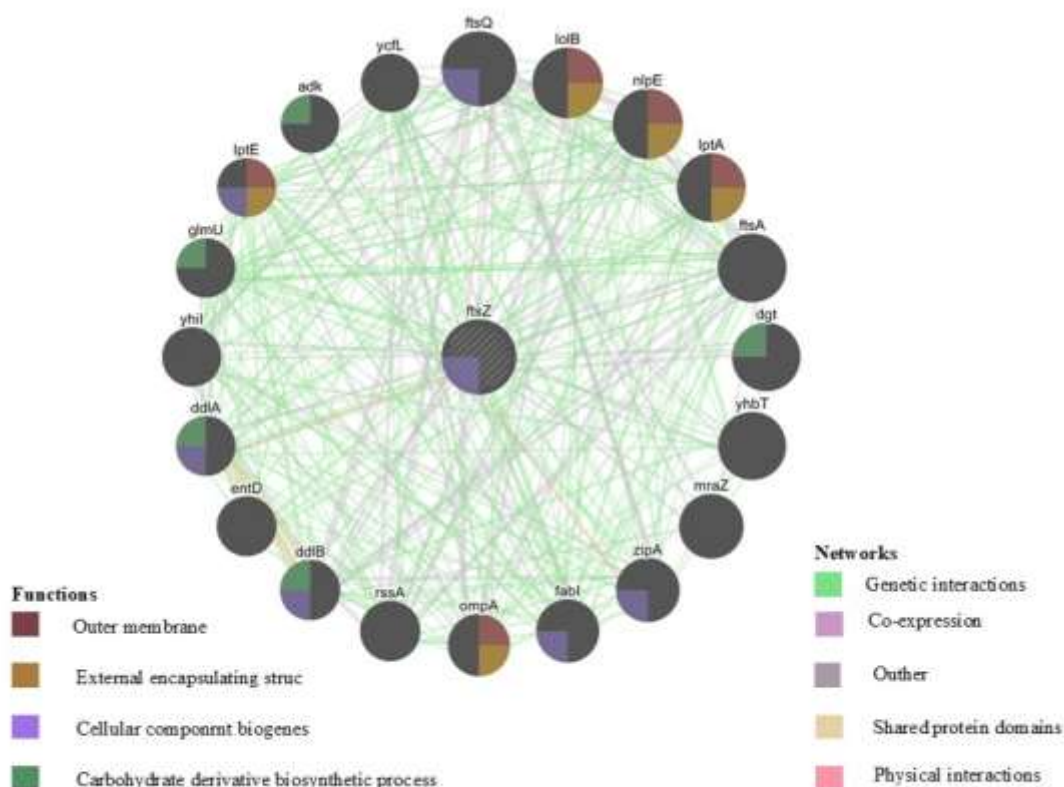


Figura 11. Rede de interação gênica mostra as conexões funcionais entre genes associados ao potencial endofítico de *Bacillus safensis* isolado de sementes.

A rede de interação gênica revelou 20 genes relacionados e um total de 322 conexões. Para a função de membrana externa, cinco genes: *lolB*, *nlpE*, *lptA*, *ompA* e *lptE*, foram associados a 87 genes no genoma que compartilham essa mesma função. No que diz respeito à estrutura de encapsulamento externo, esses mesmos cinco genes estabeleceram 89 conexões com outros genes envolvidos nessa função.

No caso da biogênese de componentes celulares, os genes *ftsZ*, *ftsQ*, *zipA*, *fabI*, *ddlB*, *ddlA* e *lptE* apresentaram conexões com 243 genes funcionalmente relacionados. Para o processo biossintético de derivados de carboidratos, os genes *dgt*, *ddlB*, *ddlA*, *glmU* e *adk* foram associados a 150 genes envolvidos na mesma via biossintética (Figura 11).

Domínios proteicos compartilhados foram identificados entre os genes *ddlA*, *entD* e *ddlB*. O gene *ftsZ* demonstrou interações físicas com *ddlA*, *zipA* e *ftsQ*. Conexões adicionais

foram observadas entre *ftsQ*, *lolB*, *nlpE*, *lptA*, *ftsA*, *dgt*, *yhbT*, *mraZ*, *zipA*, *fabI*, *ompA*, *ddlB*, *entD*, *ddlA*, *yhiI*, *adk* e *ycfL*. Todos esses genes estão interconectados em uma rede de coexpressão, cuja intensidade é ainda mais evidente na rede de interação gênica.

4.4. Discussão

No caminho da sustentabilidade e conservação, o interesse pela pesquisa biológica, especialmente envolvendo microrganismos, intensificou-se. Nesse contexto, os estudos sobre o microbioma endofítico cresceram nos últimos anos, impulsionados por diversos fatores. Entre eles, destaca-se a guerra entre Rússia e Ucrânia, considerando o papel da Rússia como um dos principais produtores mundiais de fertilizantes, o que pode ter acelerado a busca por alternativas sustentáveis, como biofertilizantes e agentes de biocontrole, durante 2020 e 2021 (Hassen; Bilali, 2022).

Adicionalmente, a pandemia de COVID-19 provocou mudanças nos hábitos alimentares humanos e aumentou a preocupação com a qualidade dos alimentos. Como resposta, empresas exportadoras de alimentos passaram a adotar padrões europeus de qualidade e segurança. Por exemplo, frutos cítricos exportados para o continente europeu devem passar por quarentenas e inspeções sanitárias rigorosas para garantir a segurança alimentar (Lai *et al.*, 2022).

Eventos globais também influenciam a produção científica e refletem desigualdades mais amplas em pesquisa e desenvolvimento, com clara concentração da produção em países desenvolvidos e emergentes. Embora isso destaque a importância das colaborações internacionais, também evidencia a necessidade urgente de políticas públicas que promovam o financiamento à pesquisa em países sub-representados (Chankseliani, 2023).

A natureza dinâmica da produção científica reflete o esforço global para encontrar soluções diante de grandes eventos mundiais. Nesse cenário, há um foco crescente em políticas e estratégias de investimento em ciência e tecnologia que fortaleçam a resiliência da comunidade científica em tempos de adversidade (Rockström *et al.*, 2023).

A demanda crescente por biofertilizantes e insumos agrícolas sustentáveis tem impulsionado a inovação em tecnologias de sementes. Os efeitos bioestimulantes de microrganismos benéficos vêm sendo cada vez mais investigados para melhorar a germinação e o vigor de plântulas. Embora apenas alguns grupos microbianos, como fungos micorrízicos e espécies dos gêneros *Azotobacter*, *Azospirillum* e *Rhizobium* sejam oficialmente reconhecidos como bioestimulantes pela União Europeia, outros gêneros como *Trichoderma* spp. já são amplamente incorporados a formulações comerciais, devido aos seus benefícios abrangentes em biocontrole e mobilização de nutrientes (Cardarelli *et al.*, 2022).

Microrganismos endofíticos colonizam diversos compartimentos da planta, incluindo frutos e sementes, e exercem papéis importantes na fisiologia vegetal, na preservação pós-colheita e na resiliência a estresses. Contribuem para a defesa da planta tanto por meio da ativação de respostas fisiológicas quanto pela supressão de nichos ecológicos de patógenos (Rai *et al.*, 2024).

A colonização endofítica pode ocorrer por diferentes vias, incluindo invasão enzimática ou entrada por estômatos e ferimentos. A persistência e a composição dessas comunidades microbianas são fortemente influenciadas pelo estado nutricional da planta hospedeira e por fatores ambientais como tipo de solo, presença de insetos, práticas de fertilização e clima. Espécies cultivadas tendem a apresentar maior abundância microbiana, possivelmente devido à seleção para resistência a patógenos e variações na química do fruto, como maior teor de açúcares e pH (Glassner *et al.*, 2015).

Na Finlândia, diferenças climáticas regionais demonstraram influenciar a composição das comunidades endofíticas de frutos, destacando o papel das “impressões digitais” geoclimáticas na estruturação dos padrões de colonização microbiana (Nguyen *et al.*, 2024). Análise metagenômica revela ainda que a abundância microbiana é menor nos tecidos dos frutos em comparação com folhas, raízes e caules (Liu *et al.*, 2024b).

Apesar dos seus efeitos benéficos, alguns endófitos podem se tornar patogênicos sob determinadas condições (Liu *et al.*, 2024). Essa dualidade levanta preocupações importantes, especialmente no contexto do comércio global de frutos e do risco de disseminação de microbiota patogênica entre regiões (Glushakova *et al.*, 2023).

A composição dos frutos desempenha um papel significativo na colonização microbiana. Teores de sólidos solúveis (°Brix) entre 9 e 19 foram identificados como ideais para a proliferação de leveduras em frutos de *Ficus* (Glushakova e Kachalkin, 2017).

Endófitos com ação antagonônica frequentemente superam patógenos devido à sua maior flexibilidade metabólica e à capacidade de produzir metabólitos inibitórios. Espécies como *Aureobasidium pullulans* demonstraram eficácia no controle de doenças de frutos, como a antracnose em azeitonas (Sdiri *et al.*, 2022). Além disso, compostos fenólicos presentes nos frutos desempenham papel-chave na mediação das dinâmicas microbianas, influenciando tanto os processos de colonização quanto o recrutamento seletivo de táxons benéficos (Nguyen *et al.*, 2025).

Condições de fermentação, especialmente a composição do meio, influenciam significativamente o potencial antagonístico de cepas microbianas (Lai *et al.*, 2022). O estágio de maturação do fruto também impacta a abundância endofítica, com mudanças nas comunidades microbianas ao longo do amadurecimento (Fresno; Munné-Bosch, 2021). Além disso, o exocarpo dos frutos atua como barreira física contra infecções microbianas, contribuindo para o sistema de defesa inato da planta.

Microbiotas ricas em endófitos podem melhorar o controle fitossanitário e a qualidade pós-colheita durante o armazenamento das sementes, reduzindo a suscetibilidade a patógenos e favorecendo a germinação (Zeng *et al.*, 2023). A qualidade dos alimentos é de extrema importância para a saúde pública, principalmente dos alimentos cultivados com estratégias de reúso de água, como irrigação com efluente tratado. Estudos têm demonstrado que os microrganismos contidos na água não são capazes de alterar significativamente as comunidades endofíticas em frutos, reforçando a importância do controle fitossanitário interno e a hipótese de que a transferência horizontal de genes exerce papel relevante na estruturação do microbioma e que também serve de barreira protetora em frutos (Perulli *et al.*, 2024).

A descoberta ainda sugere que endófitos não apenas promovem o vigor das plântulas, mas também podem influenciar a dormência e a fisiologia germinativa das sementes. No Egito, a inoculação endofítica demonstrou melhorar a qualidade nutricional e fitoquímica de sementes de anis (*Pimpinella anisum*), evidenciando o potencial desses microrganismos na modulação de vias de desenvolvimento vegetal (Mahmoud *et al.*, 2024).

Diversos autores têm investigado endófitos associados a sementes com potenciais funções na promoção do crescimento, atividade antibacteriana e biocontrole (Abdel-Rahman *et al.*, 2019; Long *et al.*, 2024; Sanna *et al.*, 2024; Zeng *et al.*, 2023). Microrganismos como *Bacillus*, *Kocuria*, *Acinetobacter* e *Enterobacter* foram relatados como produtores de enzimas extracelulares com propriedades antioxidantes (Krishnan *et al.*, 2012).

Muitos genes estão associados a funções metabólicas-chave. *Bacillus safensis* tem sido estudado como microrganismo promissor para promover o desenvolvimento e a germinação de sementes (Khalaf; Raizada, 2016). Seu genoma codifica a proteína *FtsZ*, funcionalmente análoga à tubulina, com papel central na divisão celular bacteriana. Essa proteína também está envolvida em processos de sinalização gênica e interage com outras proteínas regulatórias e genes relacionados ao crescimento. Em plantas, mecanismos similares foram observados, especialmente na divisão de organelas como os cloroplastos, garantindo duplicação precisa e evitando anomalias (Xie *et al.*, 2023). A duplicação celular precisa é um processo crítico nas sementes, pois assegura a transmissão fiel das características genéticas para a próxima geração.

Além disso, interações entre a proteína *FtsZ* e a proteína *MreB* promovem a síntese da parede celular, uma estrutura presente exclusivamente em organismos vegetais. Nesse contexto, o gene *ftsZ* exerce um papel fundamental no crescimento vegetal e no desenvolvimento,

contribuindo também para processos simbióticos mutualistas entre plantas e microrganismos, incluindo aqueles envolvidos na fixação biológica de nitrogênio (Zhao *et al.*, 2021).

4.5. Conclusão

Esta revisão sistemática destaca o crescente corpo de pesquisas científicas dedicadas aos papéis ecológicos e ao potencial biotecnológico dos microrganismos endofíticos encontrados em frutos e sementes de espécies frutíferas. Nos últimos cinco anos, o número de estudos sobre esse tema aumentou de forma constante, refletindo um esforço global mais amplo para o desenvolvimento de alternativas sustentáveis, especialmente nas áreas de biocontrole, biofertilização e mitigação de estresses.

As comunidades microbianas associadas a frutos e sementes são ao mesmo tempo diversas e funcionalmente significativas. Esses endófitos contribuem para a saúde das plantas ao fortalecer os mecanismos de defesa, favorecer a conservação pós-colheita e promover a germinação e o vigor das sementes. Sua distribuição e atividade são influenciadas por múltiplos fatores, incluindo o genótipo da planta hospedeira, a composição bioquímica dos frutos, as condições ambientais e as práticas de manejo agrícola.

Embora os benefícios dos endófitos estejam bem documentados, seu uso comercial como bioinsumos ainda se restringe a um grupo reduzido de espécies bem caracterizadas. Há uma clara necessidade de validação funcional mais ampla, exploração de táxons microbianos pouco estudados e estabelecimento de marcos regulatórios que assegurem sua aplicação segura e eficaz. Fatores como transferência horizontal de genes, variabilidade geográfica e o potencial comportamento oportunista ou patogênico introduzem camadas adicionais de complexidade para sua implementação em sistemas agrícolas.

Olhando para o futuro, as pesquisas devem buscar elucidar a dinâmica funcional das interações entre endófitos e plantas em tecidos reprodutivos, especialmente em espécies e ecossistemas ainda pouco explorados. A integração de tecnologias ômicas avançadas e abordagens de biologia sistêmica será essencial para o desenvolvimento direcionado de soluções microbianas. Em última análise, o aproveitamento dos endófitos de frutos e sementes pode aumentar a resiliência dos sistemas agrícolas e apoiar os esforços globais em direção à segurança alimentar e ao desenvolvimento sustentável.

4.6. Referências Bibliográficas

ABDEL-RAHMAN, T.; HUSSEIN, A.-S.; BESHIR, S.; HAMED, A. R.; ALI, E.; EL-TANANY, S. S. Antimicrobial activity of terpenoids extracted from *Annona muricata* seeds and its endophytic *Aspergillus niger* strain SH3 either singly or in combination. *Open Access Macedonian Journal of Medical Sciences*, v. 7, n. 19, p. 3127–3131, 2019. <https://doi.org/10.3889/oamjms.2019.793>

AIELLO, D.; RESTUCCIA, C.; STEFANI, E.; VITALE, A.; CIRVILLERI, G. Postharvest biocontrol ability of *Pseudomonas synxantha* against *Monilinia fructicola* and *Monilinia fructigena* on stone fruit. *Postharvest Biology and Technology*, v. 149, p. 83-89, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2018.11.020>

ARIA, M.; CUCCURULLO, C. Bibliometrix: Na R-tool for comprehensive Science mapping analysis. *Journal Informetrics*, v. 11, p. 959-975, 2017.

BANGUELA-CASTILLO, A.; RAMOS-GONZÁLEZ, P. L.; PEÑA-MAREY, M.; TANAKA, F. A. O.; BLASSIOLI-MORAES, M. C.; HERNÁNDEZ-RODRÍGUEZ, L.; CABRERA, R. I. The same host but a different Muscodor: A new *Muscodor albus* isolate from wild pineapple (*Ananas ananassoides*) with potential application in agriculture. *Crop Protection*, v. 78, p. 284-292, 2015. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.09.022>

BARTUV, R.; BERIHU, M.; MEDINA, S.; SALIM, S.; FEYGENBERG, O.; FAIGENBOIM-DORON, A.; ZHIMO, V. Y.; ABDELFAH, A.; PIOMBO, E.; WISNIEWSKI, M.; FREILICH, S.; DROBY, S. Functional analysis of the apple fruit microbiome based on shotgun metagenomic sequencing of conventional and organic orchard samples. *Environmental Microbiology*, v. 25, n. 9, p. 1728-1746, 2023. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.16353>

BEKTAS, I.; YAZDIC, F. C.; KUSEK, M. Molecular characterization of apple endophytic bacteria and biological effect on Alternaria rot on apple. *Journal of Phytopathology*, v. 172, n. 3, 2024. <https://doi.org/10.1111/jph.13323>

CARDARELLI, M.; WOO, S. L.; ROUPHAEL, Y.; COLLA, G. Seed treatments with microorganisms can have a biostimulant effect by influencing germination and seedling growth of crops. *Plants*, v. 11, n. 3, p. 259, 2022. <https://doi.org/10.3390/plants11030259>

CHANKSELIANI, M. Who funds the production of globally visible research in the Global South? *Scientometrics*, v. 128, n. 1, p. 783-801, 2023. <https://doi.org/10.1007/s11192-022-04583-4>

CROZIER, J.; THOMAS, S. E.; AIME, M. C.; EVANS, H. C.; HOLMES, K. A. Molecular characterization of fungal endophytic morphospecies isolated from stems and pods of *Theobroma cacao*. *Plant Pathology*, v. 55, n. 6, p. 783-791, 2006. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2006.01446.x>

DE MELO PEREIRA, G. V.; MAGALHÃES, K. T.; LORENZETII, E. R.; SOUZA, T. P.; SCHWAN, R. A multiphasic approach for the identification of endophytic bacterial in strawberry fruit and their potential for plant growth promotion. *Microbial Ecology*, v. 63, n. 2, p. 405-417, 2012. <https://doi.org/10.1007/s00248-011-9919-3>

DESROCHERS, N.; RENAUD, J. B.; TANNEY, J. B.; IBRAHIM, A.; YEUNG, K. K.-C.; SUMARAH, M. W. Non-targeted screening of natural products from 288 fungal endophytes from Canadian fruit crops. *ACS Omega*, v. 8, n. 27, p. 24561-24572, 2023. <https://doi.org/10.1021/acsomega.3c02786>

DUTTA, S.; CHOI, S. Y.; LEE, Y. H. Temporal dynamics of endogenous bacterial composition in rice seeds during maturation and storage, and spatial dynamics of the bacteria during seedling growth. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.877781>

EBRAHIMI, L.; HATAMI RAD, S.; ETEBARIAN, H. R. Apple endophytic fungi and their antagonism against apple scab disease. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1024001>

FANTINEL, V. S.; MUNIZ, M. F. B.; BAPTISTA, P.; SANTOS, S.; PEREIRA, J. A.; MARTINS, F.; CIOTTA, M. N.; POLETTO, T.; SILVA, J. C. P. Endophytic fungal communities isolated from two genotypes of feijoa fruits (*Feijoa sellowiana* O. Berg.) and prospection of potential agents against anthracnose pathogens. *Biological Control*, v. 184, n. 105288, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2023.105288>

FRESNO, D. H.; MUNNÉ-BOSCH, S. Differential tissue-specific jasmonic acid, salicylic acid, and abscisic acid dynamics in sweet cherry development and their implications in fruit-

microbe interactions. *Frontiers in Plant Science*, v. 12, 2021.

<https://doi.org/10.3389/fpls.2021.640601>

GAGANA, S. L.; KUMARASWAMY, B. E.; SHIVANNA, M. B. Diversity, antibacterial and antioxidant activities of the fungal endophytes associated with *Schleichera oleosa* (Lour.)

Merr. *South African Journal of Botany*, v. 134, p. 369-381, 2020.

<https://doi.org/10.1016/j.sajb.2020.06.012>

GARELLO, M.; PIOMBO, E.; PRENCIPE, S.; SCHIAVON, G.; BERRA, L.; WISNIEWSKI, M.; DROBY, S.; SPADARO, D. Fruit microbiome: a powerful tool to study the epidemiology of dry lenticel rot and white haze – emerging postharvest diseases of apple. *Postharvest Biology and Technology*, v. 196, p. 112163, 2023.

<https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2022.112163>

GLASSNER, H.; ZCHORI-FEIN, E.; COMPANT, S.; SESSITSCH, A.; KATZIR, N.; PORTNOY, V.; YARON, S. Characterization of endophytic bacteria from cucurbit fruits with potential benefits to agriculture in melons (*Cucumis melo* L.). *FEMS Microbiology Ecology*, v. 91, n. 7, 2015. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiv074>

GLUSHAKOVA, A.; KACHALKIN, A.; RODIONOVA, E. The role of fruits as reservoirs for resistant and virulent strains of opportunistic yeasts. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, v. 39, n. 11, p. 313, 2023. <https://doi.org/10.1007/s11274-023-03758-2>

GLUSHAKOVA, A. M.; KACHALKIN, A. V. Endophytic yeasts in *Malus domestica* and *Pyrus communis* fruits under anthropogenic impact. *Microbiology*, v. 86, n. 1, p. 128-135, 2017. <https://doi.org/10.1134/S0026261716060102>

GÓMEZ-ALBARRÁN, C.; MELGUIZO, C.; PATIÑO, B.; VÁZQUEZ, C.; GIL-SERNA, J. Diversity of mycobiota in Spanish grape berries and selection of *Hanseniaspora uvarum* U1 to prevent mycotoxin contamination. *Toxins*, v. 13, n. 9, p. 649, 2021.

<https://doi.org/10.3390/toxins13090649>

HASSEN, T.; EL BILALI, H. Impacts of the Russia-Ukraine war on global food security: towards more sustainable and resilient food systems? *Foods*, v. 11, n. 15, p. 2301, 2022.

<https://doi.org/10.3390/foods11152301>

HUANG, J.-H.; XIANG, M.-M.; JIANG, Z.-D. Endophytic fungi of bitter melon (*Momordica Charantia*) in Guangdong Province, China. *The Great Lakes Entomologist*, v. 45, 2012.

<https://doi.org/10.22543/0090-0222.2235>

ISAEVA, O. V.; GLUSHAKOVA, A. M.; YURKOV, A. M.; CHERNOV, I. YU. The yeast *Candida railenensis* in the fruits of English oak (*Quercus robur* L.). *Microbiology*, v. 78, n. 3, p. 355-359, 2009. <https://doi.org/10.1134/S002626170903014X>

JIANG, J.; LI, Z.; CAO, Y.; DING, Y.; FENG, D.; YE, S. Ginkgo biloba endophyte *Rhodococcus* sp. FY-5 promotes wound healing in “Nanguo” pear by regulating the AsA-GSH cycle and phenylpropane metabolism. *Scientia Horticulturae*, v. 338, n. 113672, 2024.

<https://doi.org/10.1016/j.scienta.2024.113672>

KHALAF, E. M.; RAIZADA, M. N. Taxonomic and functional diversity of cultured seed associated microbes of the cucurbit family. *BMC Microbiology*, v. 16, n. 1, p. 131, 2016.

<https://doi.org/10.1186/s12866-016-0743-2>

- KRISHNAN, P.; BHAT, R.; KUSH, A.; RAVIKUMAR, P. Isolation and functional characterization of bacterial endophytes from *Carica papaya* fruits. *Journal of Applied Microbiology*, v. 113, n. 2, p. 308-317, 2012. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2012.05340.x>
- KUMAR, V.; PRASHER, I. B. Seasonal variation and tissues specificity of endophytic fungi of *Dillenia indica* L. and their extracellular enzymatic activity. *Archives of Microbiology*, v. 204, n. 6, p. 341, 2022. <https://doi.org/10.1007/s00203-022-02933-7>
- LACAVA, P. T.; LI, W. B.; ARAÚJO, W. L.; AZEVEDO, J. L.; HARTUNG, J. S. Rapid, specific and quantitative assays for the detection of the endophytic bacterium *Methylobacterium mesophilicum* in plants. *Journal of Microbiological Methods*, v. 65, n. 3, p. 535-541, 2006. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2005.09.015>
- LAI, J.; KUANG, W.; LIU, B.; SONG, S. Identification of endophytic bacterial strain GN223 and its effectiveness against citrus canker disease in navel orange under field conditions. *Biocontrol Science and Technology*, v. 32, n. 1, p. 14-29, 2022. <https://doi.org/10.1080/09583157.2021.1958302>
- LI, X.; ZHANG, M.; QI, D.; ZHOU, D.; QI, C.; LI, C.; LIU, S.; XIANG, D.; ZHANG, L.; XIE, J.; WANG, W. Biocontrol ability and mechanism of a broad-spectrum antifungal strain *Bacillus safensis* sp. QN1NO-4 against strawberry anthracnose caused by *Colletotrichum fragariae*. *Frontiers in Microbiology*, v. 12, p. 735732, 2021. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.735732>
- LI, Z.-J.; SHEN, X.-Y.; HOU, C.-L. Fungal endophytes of South China blueberry (*Vaccinium dunalianum* var. *urophyllum*). *Letters in Applied Microbiology*, v. 63, n. 6, p. 482-487, 2016. <https://doi.org/10.1111/lam.12673>
- LIU, J.-W.; SENANAYAKE, I. C.; ZHOU, T.; CEN, B.-Y.; DONG, Z.-Y.; LUO, M. *Alternaria tomentosae* (Pleosporaceae, Dothideomycetes); novel endophytic species from *Citrus grandis* cv. 'Tomentosa' fruits in China. *New Zealand Journal of Botany*, v. 62, n. 2, p. 239-252, 2024. <https://doi.org/10.1080/0028825X.2023.2297830>
- LIU, S.; HOU, Y.; ZHENG, K.; MA, Q.; WEN, M.; SHAO, S.; WU, S. Exploring the diversity, bioactivity of endophytes, and metabolome in *Synsepalum dulcificum*. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, p. 1258208, 2024. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1258208>
- LONG, F.; DOONAN, J. M.; NIELSEN, L. R.; KJÆR, E. D.; KOSAWANG, C. Mother trees of common ash (*Fraxinus excelsior*) disperse different sets of mycobiome through their seed wings. *BMC Research Notes*, v. 17, n. 1, p. 213, 2024. <https://doi.org/10.1186/s13104-024-06863-z>
- LYKHOLAT, Y. V.; DIDUR, O. O.; DREHVAL, O. A.; KHROMYKH, N. O.; SKLYAR, T. V.; LYKHOLAT, T. Y.; LIASHENKO, O. V.; KOVALENKO, I. M. Endophytic community of *Chaenomeles speciosa* fruits: screening for biodiversity and antifungal activity. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, v. 13, n. 2, p. 130-136, 2022. <https://doi.org/10.15421/022218>
- MAHMOUD, A. M.; REYAD, A. M.; KHALAF, M. H.; SHETEIWY, M. S.; DAWOOD, M. F. A.; EL-SAWAH, A. M.; SHABAN AHMED, E.; MALIK, A.; AL-QAHTANI, W. H.; ABDEL-MAKSoud, M. A.; MOUSA, N. H. S.; ALYAFEI, M.; ABDELGAHAD, H.

Investigating the endophyte Actinomycetota sp. JW0824 strain as a potential bioinoculant to enhance the yield, nutritive value, and chemical composition of different cultivars of anise (*Pimpinella anisum* L.) Seeds. *Biology*, v. 13, n. 8, p. 553, 2024.
<https://doi.org/10.3390/biology13080553>

MARTINS, F.; CAMEIRÃO, C.; MINA, D.; BENHADI-MARÍN, J.; PEREIRA, J. A.; BAPTISTA, P. Endophytic fungal community succession in reproductive organs of two olive tree cultivars with contrasting anthracnose susceptibilities. *Fungal Ecology*, v. 49, n. 101003, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2020.101003>

MARTINS, F.; MINA, D.; PEREIRA, J. A.; BAPTISTA, P. Endophytic fungal community structure in olive orchards with high and low incidence of olive anthracnose. *Scientific Reports*, v. 11, n. 1, p. 689, 2021. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-79962-z>

MUÑOZ-GUERRERO, J.; GUERRA-SIERRA, B. E.; ALVAREZ, J. C. Fungal endophytes of tahiti lime (*Citrus citus* × *latifolia*) and their potential for control of *Colletotrichum acutatum* J. H. Simmonds causing anthracnose. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, v. 9, p. 650351, 2021. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2021.650351>

NGUYEN, M.-P.; LEHOSMAA, K.; MARTZ, F.; KOSKIMÄKI, J. J.; PIRTTILÄ, A. M.; HÄGGMAN, H. Host species shape the community structure of culturable endophytes in fruits of wild berry species (*Vaccinium myrtillus* L., *Empetrum nigrum* L. and *Vaccinium vitis-idaea* L.). *FEMS Microbiology Ecology*, v. 97, n. 8, 2021.
<https://doi.org/10.1093/femsec/fiab097>

NGUYEN, M.-P.; LEHOSMAA, K.; MARTZ, F.; KOSKIMÄKI, J. J.; TOTH, K.; AHONEN, S. H. K.; HÄGGMAN, H.; PIRTTILÄ, A.-M. Dynamics of fungal endophytic communities in bilberry (*Vaccinium myrtillus* L.) fruits through development is shaped by host phenolic compounds. *FEMS Microbiology Ecology*, v. 101, n. 1, 2025.
<https://doi.org/10.1093/femsec/fiae168>

NGUYEN, M.-P.; LEHOSMAA, K.; TOTH, K.; KOSKIMÄKI, J. J.; HÄGGMAN, H.; PIRTTILÄ, A. M. Weather in two climatic regions shapes the diversity and drives the structure of fungal endophytic community of bilberry (*Vaccinium myrtillus* L.) fruit. *Environmental Microbiome*, v. 19, n. 1, p. 7, 2024. <https://doi.org/10.1186/s40793-024-00551-y>

PARASHAR, M.; DHAR, S. K.; KAUR, J.; CHAUHAN, A.; TAMANG, J.; SINGH, G. B.; LYUDMILA, A.; PERVEEN, K.; KHAN, F.; BUKHARI, N. A.; MUDGAL, G.; GURURANI, M. A. Two novel plant-growth-promoting *Lelliottia amnigena* isolates from *Euphorbia prostrata* Aiton enhance the overall productivity of wheat and tomato. *Plants*, v. 12, n. 17, p. 3081, 2023. <https://doi.org/10.3390/plants12173081>

PARDATSCHER, R. S. W. Microbial biodiversity associated with the walnut *Juglans regia* L. in south Tyrol (Italy). *Reserch Centre for Agriculture and Forestry Laimburg*, v. 59, p. 24-30, 2009.

PERULLI, G. D.; GAGGIA, F.; MANFRINI, L.; DI GIOIA, D.; TOSCANO, A.; MORANDI, B. The fate of bacteria in urban wastewater-irrigated peach tree: a seasonal evaluation from soil to canopy. *Scientia Horticulturae*, v. 323, n. 112520, 2024.
<https://doi.org/10.1016/j.scienta.2023.112520>

PRETO, G.; MARTINS, F.; PEREIRA, J. A.; BAPTISTA, P. Fungal community in olive fruits of cultivars with different susceptibilities to anthracnose and selection of isolates to be used as biocontrol agents. *Biological Control*, v. 110, p. 1-9, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2017.03.011>

R CORE TEAM. *Writing R Extensions*. R Foundation for Statistical Computing, 4.6.0 ed., 1999.

RAI, S.; SINGH, S.; PATHAK, N.; SHARMA, S. Assessing the potential of chitosan based coatings in modulation of bacteriome on tomato carposphere. *Postharvest Biology and Technology*, v. 209, n. 112684, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2023.112684>

ROCHA, P. S.; PAULA, V. M. B.; OLINTO, S. C. F.; SANTOS, E. L.; PICOLI SOUZA, K.; ESTEVINHO, L. M. Diversity, chemical constituents and biological activities of endophytic fungi isolated from *Schinus terebinthifolius* Raddi. *Microorganisms*, v. 8, n. 6, p. 859, 2020. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8060859>

ROCKSTRÖM, J.; NORSTRÖM, A. V.; MATTHEWS, N.; BIGGS, R.; FOLKE, C.; HARIKISHUN, A.; HUQ, S.; KRISHNAN, N.; WARSZAWSKI, L.; NEL, D. Shaping a resilient future in response to COVID-19. *Nature Sustainability*, v. 6, n. 8, p. 897-907, 2023. <https://doi.org/10.1038/s41893-023-01105-9>

ROSALI, M. I. B.; MUSA, S. M.; KIRAM, S. K. B.; YI, J. T W.; WEI, S. S.; AHMAD, H. F. Whole-genome sequencing of a novel *Meyerozyma* sp. nov, fungi isolated from Harumanis Mango, *Mangifera indica* L. in Malaysia. *The Microbe*, v. 7, n. 100354, 2025. <https://doi.org/10.1016/j.microb.2025.100354>

ROSSINI, A.; RUGGERI, R.; MZID, N.; ROSSINI, F.; MICELI, G. *Codium fragile* (Suringar) harriot as biostimulant agent to alleviate salt stress in durum wheat: preliminary results from germination trials. *Plants*, v. 13, n. 2, 2024. <https://doi.org/10.3390/plants13020283>

ROUPHAEL, Y.; COLLA, G. Toward a sustainable agriculture through plant biostimulants: from experimental data to practical applications. *Agronomy*, v. 10, n. 10, p. 1461, 2020. <https://doi.org/10.3390/agronomy10101461>

ROVNÁ, K.; IVANIŠOVÁ, E.; ŽIAROVSKÁ, J.; FERUS, P.; TERENTJEVA, M.; KOWALCZEWSKI, P. Ł.; KAČÁNIOVÁ, M. Characterization of *Rosa canina* fruits collected in urban areas of Slovakia: genome size, iPBS profiles and antioxidant and antimicrobial activities. *Molecules*, v. 25, n. 8, p. 1888, 2020. <https://doi.org/10.3390/molecules25081888>

SANNA, F.; MORI, N.; SANTOIEEMMA, G.; POZZEBON, A.; SCACCINI, D.; MARANGONI, F.; SELLA, L. *Halyomorpha halys* (Hemiptera: Pentatomidae) as the major contributor to early olive drop in northern Italy. *Journal of Economic Entomology*, v. 117, n. 4, p. 1336-1346, 2024. <https://doi.org/10.1093/jee/toae126>

SDIRI, Y.; LOPES, T.; RODRIGUES, N.; SILVA, K.; RODRIGUES, I.; PEREIRA, J. A.; BAPTISTA, P. Biocontrol ability and production of volatile organic compounds as a potential mechanism of action of olive endophytes against *Colletotrichum acutatum*. *Microorganisms*, v. 10, n. 3, p. 571, 2022. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10030571>

- SIEBER, T. N.; JERMINI, M.; CONEDERA, M. Effects of the harvest method on the infestation of chestnuts (*Castanea sativa*) by insects and moulds. *Journal of Phytopathology*, v. 155, n. 7-8, p. 497-504, 2007. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2007.01269.x>
- SIM, J.-H. Molecular Diversity of fungal endophytes isolated from *Garcinia mangostana* and *Garcinia parvifolia*. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, v. 20, n. 4, p. 651-658, 2010. <https://doi.org/10.4014/jmb.0909.09030>
- SOUJANYA, K. N.; SIVA, R.; MOHANA KUMARA, P.; SRIMANY, A.; RAVIKANTH, G.; MULANI, F. A.; AARTHY, T.; THULASIRAM, H. V.; SANTHOSHKUMAR, T. R.; NATARAJA, K. N.; SHAANKER, R. Camptothecin-producing endophytic bacteria from *Pyrenacantha volubilis* Hook. (Icacinaeae): a possible role of a plasmid in the production of camptothecin. *Phytomedicine*, v. 36, p. 160-167, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.phymed.2017.09.019>
- TLAIS, A. Z. A.; RANTSIOU, K.; FILANNINO, P.; COCOLIN, L. S.; CAVOSKI, I.; GOBBETTI, M.; CAGNO, R. Ecological linkages between biotechnologically relevant autochthonous microorganisms and phenolic compounds in sugar apple fruit (*Annona squamosa* L.). *International Journal of Food Microbiology*, v. 387, p. 110057, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.110057>
- TRAN, N. T.; MILES, A. K.; DIETZGEN, R. G.; DRENTH, A. *Phyllosticta capitalensis* and *P. paracapitalensis* are endophytic fungi that show potential to inhibit pathogenic *P. citricarpa* on citrus. *Australasian Plant Pathology*, v. 48, n. 3, p. 281-296, 2019. <https://doi.org/10.1007/s13313-019-00628-0>
- VERMA, V. C.; GOND, S. K.; KUMAR, A.; KHARWAR, R. N.; BOULANGER, L.-A.; STROBEL, G. A. Endophytic fungal flora from roots and fruits of an indian neem plant *Azadirachta indica* A. Juss., and impact of culture media on their isolation. *Indian Journal of Microbiology*, v. 51, n. 4, p. 469-476, 2011. <https://doi.org/10.1007/s12088-011-0121-6>
- WANG, Y.; ZHENG, Y.; SHANG, J.; WU, D.; ZHOU, A.; CAI, M.; GAO, H.; YANG, K. Pulsed light reduces postharvest losses of Chinese bayberries by affecting fungal microbiota during cold storage. *Food Control*, v. 146, p. 109524, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2022.109524>
- WARDE-FARLEY, D.; DONALDSON, S. L.; COMES, O.; ZUBERI, K.; BADRAWI, R.; CHAO, P.; FRANZ, M.; GROUIOS, C.; KAZI, F.; LOPES, C. T.; MAITLAND, A.; MOSTAFAVI, S.; MONTOJO, S.; SHAO, Q.; WRIGHT, G.; BADER, G. D.; MORRIS, Q. The GeneMANIA prediction server: biological network integration for gene prioritization and predicting gene function. *Nucleic Acids Res*, v. 8, p. 214-2020, 2010. <https://doi.org/10.1093/nar/gkq537>
- WEST, E. R.; COTHER, E. J.; STEEL, C. C.; ASH, G. J. The characterization and diversity of bacterial endophytes of grapevine. *Canadian Journal of Microbiology*, v. 56, n. 3, p. 209-216, 2010. <https://doi.org/10.1139/W10-004>
- WU, F.; YANG, D.; ZHANG, L.; CHEN, Y.; HU, X.; LI, L.; LIANG, J. Diversity estimation and antimicrobial activity of culturable endophytic fungi from *Litsea cubeba* (Lour.) Pers. in China. *Forests*, v. 10, n. 1, p. 33, 2019. <https://doi.org/10.3390/f10010033>

- WU, Y.; GIRMAY, S.; SILVA, V. M.; PERRY, B.; HU, X.; TAN, G. T. The role of endophytic fungi in the anticancer activity of *Morinda citrifolia* Linn. (Noni). *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, p. 1-8, 2015. <https://doi.org/10.1155/2015/393960>
- XIE, W.; XU, D.; CHEN, F.; WANG, Z.; LUO, J.; HE, Y.; ZHENG, Q.; LIU, C. Integrated cytological, physiological, and transcriptome analyses provide insight into the albino phenotype of chinese plum (*Prunus salicina*). *International Journal of Molecular Sciences*, v. 24, n. 19, p. 14457, 2023. <https://doi.org/10.3390/ijms241914457>
- XIE, Y.; NIAN, L.; ZENG, Y.; WANG, M.; YUAN, B.; CHENG, S.; CAO, C. Dynamic variation of endogenous flora in kiwifruit and its association with ripening metabolism in response to ethylene micro-environment. *Postharvest Biology and Technology*, v. 182, p. 111695, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2021.111695>
- YABANERI, C.; SEVIM, A. Endophytic fungi from the common walnut and their in vitro antagonistic activity against *Ophiognomonia leptostyla*. *Biologia*, v. 78, n. 2, p. 361-371, 2022. <https://doi.org/10.1007/s11756-022-01218-0>
- YAN, K.; PEI, Z.; MENG, L.; ZHENG, Y.; WANG, L.; FENG, R.; LI, Q.; LIU, Y.; ZHAO, X.; WEI, Q.; EL-SAPPAH, A. H.; ABBAS, M. Determination of community structure and diversity of seed-vectored endophytic fungi in *Alpinia zerumbet*. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.814864>
- YANG, Y.; GUO, Y.-X.; ZHANG, Y.-K.; WU, H.-Y.; ZHANG, M. *Diaporthe henanensis* sp. nov., an endophytic fungus in *Ziziphus jujuba* from China. *Mycotaxon*, v. 131, n. 3, p. 645-652, 2016. <https://doi.org/10.5248/131.645>
- YU, J.; WU, Y.; HE, Z.; LI, M.; ZHU, K.; GAO, B. Diversity and antifungal activity of endophytic fungi associated with *Camellia oleifera*. *Mycobiology*, v. 46, n. 2, 85-91, 2018. <https://doi.org/10.1080/12298093.2018.1454008>
- ZANUDIN, N. A. M.; HASAN, N.; MANSOR, P. Identification and characterization of endophytic fungi from *Garcinia atroviridis* for potential antagonistic against phytopathogenic, *Colletotrichum gloeosporioides*. *Malaysian Applied Biology*, v. 52, n. 4, 97-106, 2023. <https://doi.org/10.55230/mabjournal.v52ia.d148>
- ZENG, K.; LI, Y.; WANG, Z.; DU, Y.; FAN, M.; XIE, L. Community structure and diversity of endophytic bacteria in melon (*Cucumis melo* L.) seeds. *Horticulturae*, v. 9, n. 11, p. 1195, 2023. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9111195>
- ZENG, Q.; ZHAO, Y.; SHEN, W.; HAN, D.; YANG, M. Seed-to-Seed: plant core vertically transmitted microbiota. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, v. 71, n. 49, p. 19255-19264, 2023. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c07092>
- ZHANG, Y.; DING, C. T.; JIANG, T.; LIU, Y. H.; WU, Y.; ZHOU, H. W.; ZHANG, L. S.; CHEN, Y. Community structure and niche differentiation of endosphere bacterial microbiome in *Camellia oleifera*. *Microbiology Spectrum*, v. 11, n. 6, 2023. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01335-23>
- ZHAO, W. L.; ZHU, H.; WEI, F.; ZHOU, D.; LI, Y.; ZHANG, X. X. Investigando o envolvimento das proteínas citoesqueléticas MreB e FtsZ na origem da simbiose leguminosa-rizóbio, v. 34, n. 5, p. 547-559, 2021. <https://doi.org/10.1094/MPMI-10-20-0299-FI>

ZHAO, X.; HU, Z.; HOU, D.; XU, H.; SONG, P. Biodiversity and antifungal potential of endophytic fungi from the medicinal plant *Cornus officinalis*. *Symbiosis*, v. 81, n. 3, 223-233, 2020. <https://doi.org/10.1007/s13199-020-00696-7>

5. ARTIGO 2

VARIAÇÃO FENOTÍPICA EM DESCRITORES DENDROMÉTRICOS, MORFOMÉTRICOS E FÍSICO-QUÍMICOS DE *Spondias tuberosa* NO ESTADO DE SERGIPE, BRASIL

RESUMO

O umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda) é uma frutífera nativa da Caatinga com importância ecológica, econômica e sociocultural. Este estudo avaliou a variabilidade fenotípica de três procedências de Sergipe (Canindé de São Francisco, Poço Verde e Gararu), integrando descritores dendrométricos, morfométricos e físico-químicos. Foram caracterizadas 30 árvores e 508 frutos por meio de análises univariadas, multivariadas, regressões alométricas e classificações supervisionadas. Os resultados evidenciaram ampla diversidade intra e interprocedência, com árvores mais vigorosas em Canindé de São Francisco, frutos mais alongados e claros em Gararu e endocarpos maiores e mais esféricos em Poço Verde. Entre os descritores, cor (verde, amarelo, luminosidade), textura, largura e área dos frutos destacaram-se como marcadores mais informativos, enquanto comprimento e altura mostraram menor poder discriminatório. As análises multivariadas e de classificação (LDA e Random Forest) atingiram acurácia de até 97,5%, confirmando a robustez dos descritores morfométricos. Esses achados reforçam o potencial do umbuzeiro como recurso genético estratégico, oferecendo subsídios aplicados para conservação in situ e on-farm, certificação de origem e programas de pré-melhoramento.

Palavras-chave: Caatinga, variabilidade fenotípica, morfometria de frutos, conservação genética, umbu.

Phenotypic variation in dendrometric, morphometric, and physicochemical descriptors of *Spondias tuberosa* in the state of Sergipe, Brazil

Abstract

The umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda) is a fruit tree native to the Caatinga with ecological, economic, and sociocultural importance. This study evaluated the phenotypic variability of three provenances from Sergipe (Canindé de São Francisco, Poço Verde, and Gararu), integrating dendrometric, morphometric, and physicochemical descriptors. Thirty trees and 508 fruits were characterized using univariate and multivariate analyses, allometric regressions, and supervised classifications. The results showed wide intra and inter-provenance diversity, with more vigorous trees in Canindé de São Francisco, more elongated and lighter fruits in Gararu, and larger and more spherical endocarps in Poço Verde. Among the descriptors, color (green, yellow, and brightness), texture, width, and fruit area stood out as the most informative markers, while length and height showed less discriminatory power. Multivariate and classification analyses (LDA and Random Forest) achieved an accuracy of up to 97.5%, confirming the robustness of the morphometric descriptors. These findings reinforce the potential of the umbuzeiro tree as a strategic genetic resource, offering applied subsidies for in-situ and on-farm conservation, certification of origin, and pre-breeding programs.

Keywords: Caatinga, phenotypic variability, fruit morphometry, genetic conservation, umbu.

5.1. Introdução

O Brasil abriga elevada diversidade biológica e a Caatinga, único bioma exclusivamente nacional, apresenta grande importância ecológica, social e biotecnológica. Sua vegetação caracteriza-se pela vegetação caducifólia, uma estratégia de economia hídrica, enquanto o

umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda), espécie nativa amplamente distribuída no semiárido, mantém-se verde ao longo do ano graças aos xilopódios subterrâneos, que armazenam água e nutrientes e conferem elevada tolerância à seca (Aguiar *et al.*, 2023; Matos *et al.*, 2020).

Apesar de sua relevância, o umbuzeiro ainda é considerado um recurso genético negligenciado e subutilizado, embora apresente reconhecido potencial alimentar, farmacológico e nutracêutico (Ribeiro *et al.*, 2022; Xavier *et al.*, 2022). Além do valor econômico, desempenha papel sociocultural fundamental em comunidades extrativistas da Caatinga (Santos *et al.*, 2019). Entretanto, a erosão da diversidade genética ameaça a adaptação da espécie às mudanças ambientais e representa perda de informação biológica de alto valor para o melhoramento (Stange *et al.*, 2021).

Na Bahia, avanços recentes resultaram no registro de quatro cultivares (BRS 48, BRS 52, BRS 55 e BRS 68) (Santos *et al.*, 2021). Em Sergipe, porém, a caracterização fenotípica de populações nativas permanece incipiente (Santana *et al.*, 2025), o que limita estratégias de conservação e pré-melhoramento em um contexto marcado pela forte dependência da produção extrativista (IBGE, 2023).

A caracterização da variabilidade fenotípica intra e interpopulacional é essencial para compreender processos de diferenciação geográfica, efeitos do manejo e potencial de uso em programas de melhoramento. No caso de *S. tuberosa*, descritores dendrométricos (diâmetro equivalente, altura e área de copa), bem como características morfológicas de frutos e endocarpos, são particularmente informativos para identificar divergências entre procedências e orientar a seleção de matrizes e estratégias de conservação (Bianchi *et al.*, 2016; Ribeiro *et al.*, 2019; Tamura, 2024).

Diante desse cenário, o objetivo deste estudo foi caracterizar e comparar a variabilidade fenotípica de *S. tuberosa* em Sergipe, integrando descritores dendrométricos, morfométricos e físico-químicos, de modo a fornecer subsídios para conservação, seleção de matrizes e programas de pré-melhoramento do umbuzeiro.

5.2. Material e Métodos

5.2.1 Área de estudo

Foram realizadas três expedições de campo em fevereiro de 2023 para a avaliação de 30 árvores e a coleta de frutos em procedências naturais de umbuzeiro localizadas nos municípios de Canindé de São Francisco, Poço Verde e Gararu, estado de Sergipe, Brasil. As áreas amostradas situam-se em regiões de clima semiárido ou tropical, conforme a classificação de Köppen (BSh/As), caracterizadas por precipitação anual variando entre 541 e 805 mm e temperaturas médias anuais de 24 a 35 °C (Figura 1).

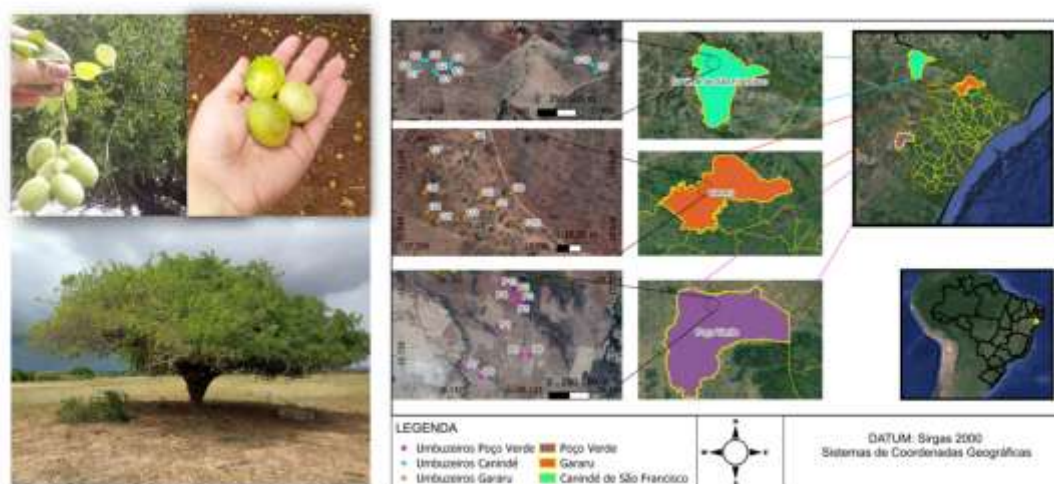


Figura 1. Localização geográfica das árvores amostradas (matrizes) de *Spondias tuberosa* (umbu) amostradas em três procedências do estado de Sergipe, Brasil: Canindé de São Francisco, Poço Verde e Gararu (2023). Os círculos indicam a distribuição das árvores amostradas em procedências, georreferenciadas durante as expedições de campo.

5.2.2 Caracterização das matrizes

As árvores-matriz foram georreferenciadas e mantidas a uma distância mínima de 30 m entre indivíduos, a fim de reduzir a probabilidade de amostras geneticamente idênticas. A caracterização dendrométrica incluiu: (i) altura total da árvore, estimada por trena, haste telescópica ou comparação visual previamente calibrada; (ii) diâmetro equivalente do tronco (Deq (cm)), obtido com a medida do diâmetro à altura do peito (DAP (cm)) ou, em casos de fuste múltiplo, pelo somatório das áreas seccionais dos troncos; e (iii) área de copa (AC (m²)), calculada a partir do maior (D1 (m)) e do menor (D2 (m)) diâmetro da projeção da copa, utilizando-se a fórmula elíptica $AC = \pi \cdot D1 \cdot D2 / 4$.

5.2.3 Caracterização de frutos e endocarpos

Foram coletados frutos maduros de 23 matrizes, totalizando 508 unidades, os quais foram acondicionados em gelo e transportados ao Laboratório de Sementes da Universidade Federal de Sergipe (UFS) para posterior análise. As características biométricas e cromáticas foram determinadas utilizando o Sistema GroundEye® (Tbit, Brasil), que possibilita a captura digital de imagens calibradas e a extração automática de dados.

A partir das imagens processadas foram obtidas variáveis morfométricas, incluindo comprimento, largura, área, circularidade, alongamento, esfericidade e textura, *luminosidade* (L), canais de cor (a*, b*, g, r) e índices derivados. Adicionalmente, o peso de frutos inteiros e de endocarpos foi determinado em balança analítica de precisão.

Para as análises morfométricas, foram utilizados em média 22 frutos por matriz, totalizando 508 frutos coletados em 23 árvores. Para as análises físico-químicas, adotou-se o critério de três frutos por matriz (n = 69), selecionados ao acaso dentro do conjunto de frutos amostrados, assegurando representatividade intra-individual.

5.2.4 Análises físico-químicas

As análises físico-químicas foram conduzidas em três frutos por matriz (n = 69, quando aplicável). O teor de sólidos solúveis totais (SS) foi determinado por leitura direta em refratômetro digital devidamente calibrado. O pH da polpa foi obtido a partir de amostras maceradas e diluídas em 100 mL de água destilada. A acidez titulável (AT) foi mensurada na mesma solução, empregando titulação com hidróxido de sódio (NaOH) 0,1 M, de acordo com a AOAC (1995). A firmeza da casca foi avaliada por meio de penetrômetro digital, com três leituras realizadas por fruto na região equatorial, utilizando ponteira metálica de 4 mm de diâmetro.

5.2.5 Análises estatísticas

As análises estatísticas consideraram a árvore como unidade experimental para variáveis dendrométricas e a matriz para frutos e endocarpos. A normalidade e homogeneidade de variâncias foram avaliadas pelos testes de Shapiro-Wilk, Levene e Fligner, com transformações logarítmicas ou Box-Cox quando necessário. Empregaram-se ANOVA, modelos mistos (matrizes aninhadas às procedências) e, quando os pressupostos não foram atendidos, os testes de Kruskal-Wallis e Mann-Whitney com correção de Holm. Componentes de variância e o coeficiente de correlação intraclasse foram estimados para quantificar a contribuição de cada nível hierárquico.

As análises multivariadas incluíram MANOVA, PCA e agrupamento hierárquico, após padronização das variáveis (z-score). Métodos supervisionados (LDA e Random Forest) foram aplicados com validação cruzada estratificada. Também foram ajustados modelos de regressão

linear e log-log para descritores dendrométricos e calculadas correlações de Pearson e Spearman.

Todas as análises foram realizadas no R 4.3.1 (R Core Team, 1999), com apoio dos pacotes lme4, lmerTest, MASS, randomForest, FactoMineR e stats, além de rotinas gráficas com ggplot2 e seaborn (Python 3.11).

5.3. Resultados

5.3.1 Caracterização dendrométrica

As variáveis dendrométricas avaliadas incluíram o diâmetro equivalente do tronco (Deq), a altura total das árvores e a área de copa. Observou-se que as árvores da procedência de Canindé de São Francisco apresentaram os maiores valores médios de Deq (66,5 cm) e área de copa (100,6 m²), enquanto Gararu exibiu os menores valores (27,0 cm e 75,4 m², respectivamente), com Poço Verde ocupando posição intermediária (53,1 cm e 108,8 m²). Para a altura total, as médias variaram entre 6,3 e 7,5 m, sem diferenças expressivas entre procedências (Tabela 1).

Tabela 1. Caracterização dendrométrica de *Spondias tuberosa* em três procedências de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde), com valores médios e desvios-padrão (DP) de diâmetro equivalente do tronco (Deq (cm)), altura total (m) e área de copa (m²), obtidos a partir de 30 árvores amostradas em 2023.

Procedência	Deq (cm) Média ± DP	Altura (m) Média ± DP	Área de copa (m ²) Média ± DP
Canindé de São Francisco	66,49 ± 36,57	6,60 ± 1,34	100,65 ± 43,28
Gararu	27,04 ± 22,84	6,36 ± 1,67	75,37 ± 40,88
Poço Verde	53,11 ± 9,49	7,53 ± 1,24	108,83 ± 29,81

A análise de variância indicou diferenças significativas para o Deq ($p = 0,0109$, teste de Kruskal-Wallis), confirmando a distinção entre procedência de Canindé de São Francisco e Gararu, e entre Gararu e Poço Verde, enquanto Canindé de São Francisco e Poço Verde não diferiram entre si. Para a variável altura, não foram observadas diferenças significativas ($p > 0,05$, ANOVA), corroborando a estabilidade desse descritor entre procedências. Apesar das diferenças de médias na área de copa, as comparações múltiplas não evidenciaram diferenças significativas ($p > 0,05$).

De modo geral, os resultados mostram que o Deq e a área de copa são descritores para diferenciar procedências, enquanto a altura apresentou menor poder discriminante. Assim, na procedência de Canindé de São Francisco, destacaram-se indivíduos de maior porte, em contraste com Gararu, que apresentou os menores valores (Figura 2).

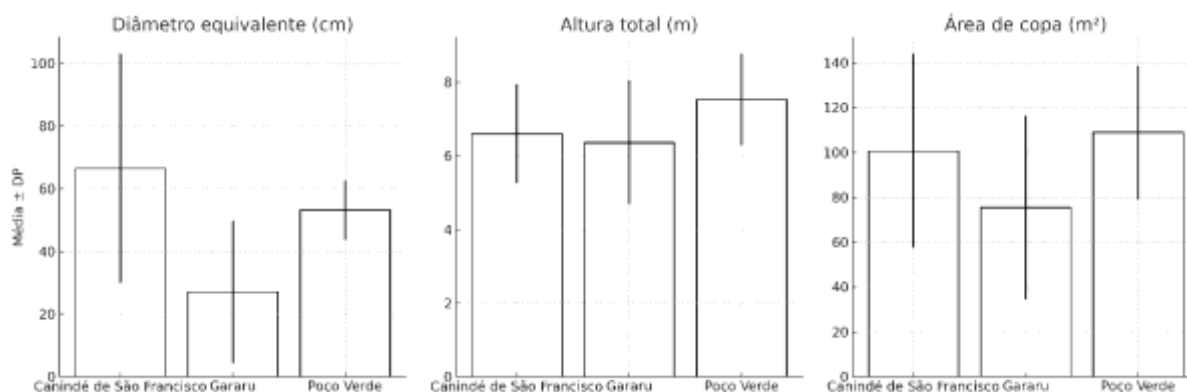


Figura 2. Médias e desvios-padrão dos descritores dendrométricos de *Spondias tuberosa* em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).

As distribuições das variáveis dendrométricas entre procedências são apresentadas nos gráficos de violino (Figuras 3a–d). Observou-se que o diâmetro equivalente (Deq) apresentou-se com maior amplitude em Canindé de São Francisco. Os valores variaram de indivíduos de pequeno porte até troncos de maior diâmetro em Canindé de São Francisco, enquanto em Gararu ficaram concentrados nas faixas inferiores. Em Poço Verde houve distribuição intermediária, com menor dispersão. Para a altura total, as distribuições foram relativamente homogêneas entre procedências, embora Poço Verde apresentou tendência a valores ligeiramente mais elevados em relação a Canindé de São Francisco e Gararu. Na área de copa, as distribuições confirmam os maiores valores médios em Poço Verde e Canindé de São Francisco, com elevada dispersão em ambos, contrastando com Gararu, que apresentou copas menores e mais uniformes (Figura 3c).

Quando se aplicou a transformação logarítmica ao Deq [$\log(1+x)$], observou-se melhor padronização das distribuições, evidenciando a separação entre procedências, em especial entre Gararu (valores reduzidos) e Poço Verde/Canindé de São Francisco (valores mais elevados) (Figura 3d).

Esses padrões reforçam que o diâmetro equivalente (Deq) e a área de copa são os descritores mais eficazes para diferenciar as procedências, enquanto a altura apresentou estabilidade, com menor poder discriminatório.

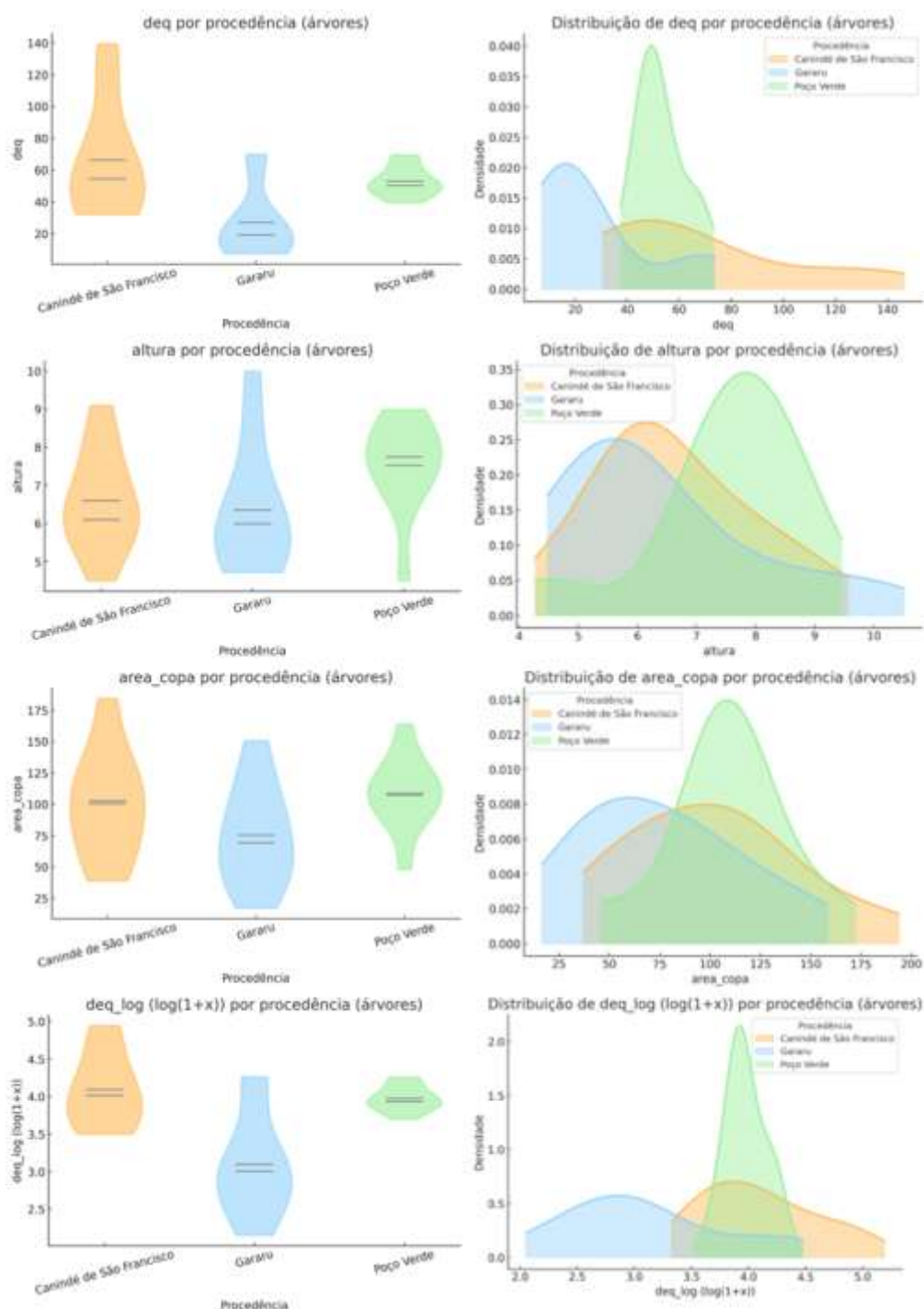


Figura 3. Distribuição dos descritores dendrométricos de *Spondias tuberosa* em três procedências de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). Os gráficos de violino (à esquerda) mostram a variação e a dispersão dos valores médios de diâmetro equivalente do tronco (cm), altura total das árvores (m) e área de copa (m²).

As distribuições de densidade confirmam os padrões observados nos gráficos de violino. Para o diâmetro equivalente (Deq), a procedência de Gararu apresentou valores menores e mais concentrados, enquanto Canindé de São Francisco exibiu distribuição mais ampla, incluindo indivíduos de maior diâmetro. Poço Verde ocupou posição intermediária, com maior concentração de árvores na faixa de 40-60 cm.

Para a altura total, houve ampla sobreposição entre procedências, mas Poço Verde mostrou tendência a árvores mais altas, em contraste com Gararu, que concentrou os menores valores. Para a área de copa, o padrão foi semelhante ao do Deq: Gararu apresentou copas menores e homogêneas, Poço Verde exibiu copas mais amplas e consistentes, e Canindé de São

Francisco valores intermediários, porém mais dispersos. A transformação logarítmica aplicada ao Deq permitiu melhor separação entre procedências, mantendo Gararu concentrado em valores baixos e destacando Poço Verde e Canindé de São Francisco com árvores de maior diâmetro. Esses resultados evidenciam que o Deq e a área de copa são os descritores mais informativos para diferenciar procedências, enquanto a altura apresenta menor poder discriminatório. Em síntese, Gararu se destacou por indivíduos de menor porte em comparação a Canindé de São Francisco e Poço Verde, cuja altura permaneceu estável entre procedências. O Deq e a área de copa configuram-se, portanto, como descritores-chave para diferenciação de procedências, além de refletirem forte associação alométrica.

5.3.2 Parâmetros de variância para características dendrométricas

Com o intuito de compreender a magnitude da variabilidade entre procedências, foram estimados os parâmetros de variância para os descritores dendrométricos do umbuzeiro, que estão apresentados na Figura 4.

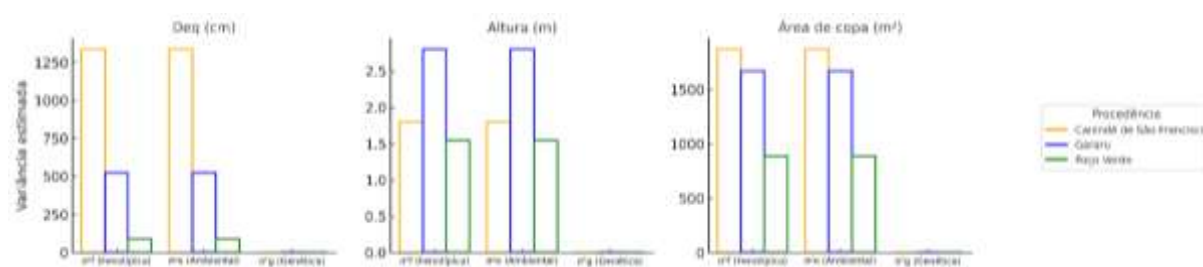


Figura 4. Estimativas dos componentes de variância para descritores dendrométricos de *Spondias tuberosa* em três procedências do estado de Sergipe, Brasil.

Para Deq e a área de copa houve maior variabilidade fenotípica, especialmente em Canindé de São Francisco e Gararu, onde os coeficientes de variação foram mais elevados. Para Poço Verde, por sua vez, houve menor dispersão para esses descritores, indicando maior uniformidade entre indivíduos. Já para a altura, obtiveram-se valores estáveis e baixa amplitude de variação, confirmando seu reduzido poder discriminatório entre procedências.

5.3.3 Morfometria de frutos

As distribuições morfométricas dos frutos entre procedências são apresentadas nos gráficos de violino (Figura 5-c). De modo geral, os valores médios de comprimento ($\approx 3,5$ cm), largura ($\approx 3,0$ cm) e área ($\approx 8,4$ cm²) foram bastante semelhantes entre Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde. Observou-se, contudo, maior dispersão em Canindé de São Francisco, especialmente para o comprimento e a área, sugerindo maior heterogeneidade de frutos nessa procedência. Em contraste, para Gararu observaram-se distribuições mais concentradas e homogêneas, enquanto Poço Verde houve padrão intermediário, com tendência a frutos de maior área em relação a Gararu.

Não houve diferenças significativas entre procedências para comprimento, largura e área ($p > 0,05$), reforçando que a variação morfométrica dos frutos ocorre predominantemente em nível intra procedência, e não entre procedências. Esses resultados indicam que, embora haja variabilidade fenotípica entre matrizes individuais, os frutos do umbuzeiro mantêm elevada uniformidade morfológica entre procedências, corroborando achados prévios para a espécie.

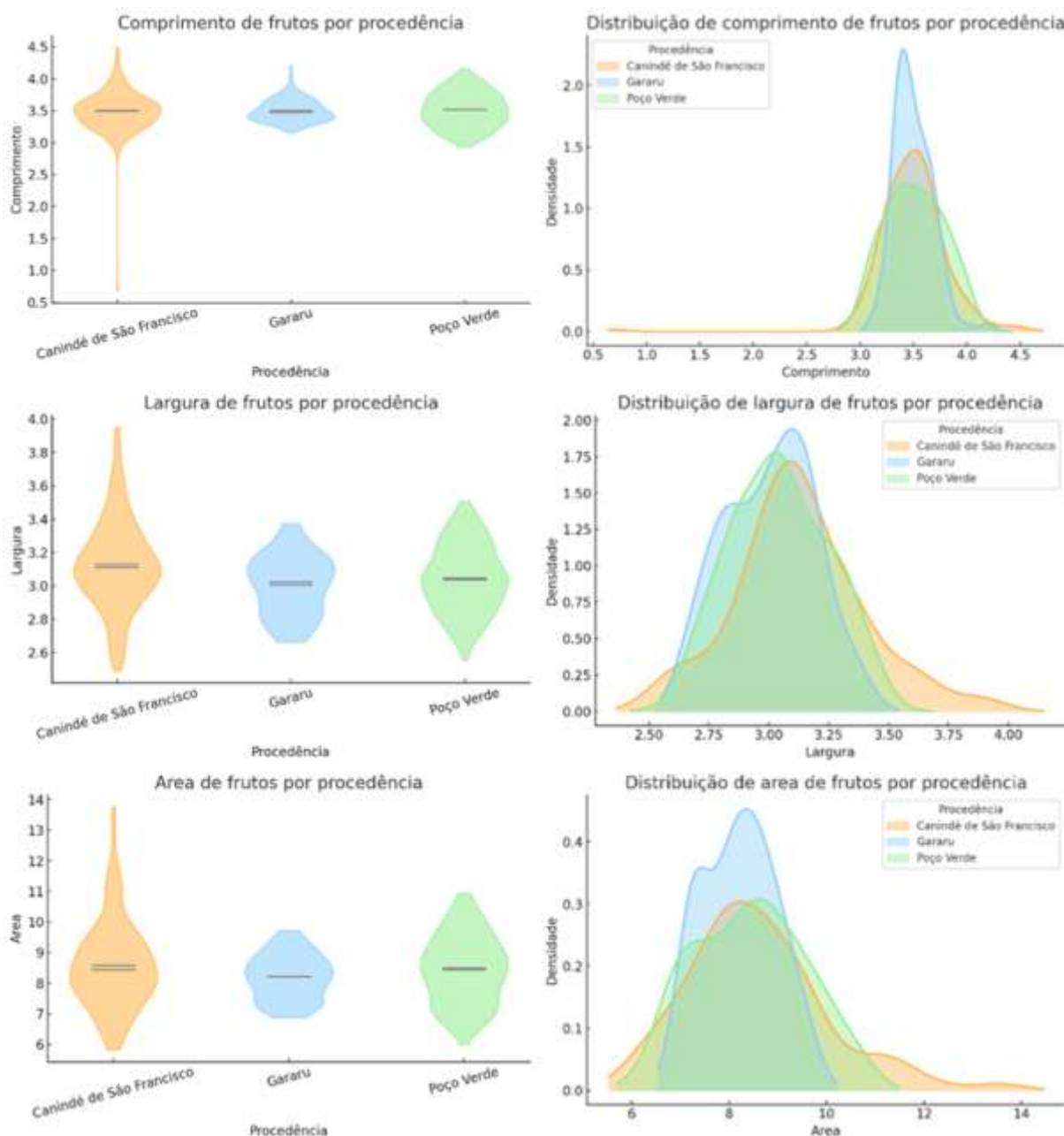


Figura 5. Distribuição das características morfológicas de frutos de *Spondias tuberosa* em três procedências de Sergipe (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).

Ao analisar as distribuições de densidade das variáveis morfológicas de frutos observou-se o padrão de alta sobreposição entre procedências. O comprimento concentrou-se em torno de 3,5 cm em todas as procedências, com tendência a maior uniformidade em Gararu. Para a largura, as médias foram próximas de 3,0 cm, mas Canindé de São Francisco apresentou maior amplitude de variação. Já a área dos frutos concentrou-se entre 7 e 9 cm², com Gararu exibindo distribuição mais estreita, enquanto para Poço Verde e Canindé de São Francisco observou-se maior dispersão.

Esses resultados corroboram os padrões observados nos gráficos de violino, indicando que as diferenças inter procedências são pouco expressivas e que a maior parte da variação fenotípica ocorre em nível intra procedência. Dessa forma, comprimento, largura e área revelam-se como descritores pouco discriminantes entre procedências, reforçando a importância de integrar outros parâmetros, como índices de forma e variáveis cromáticas, para uma caracterização mais robusta da diversidade.

5.3.4 Parâmetros genéticos de variância por procedência - frutos

A análise dos componentes de variância para caracteres de frutos de *Spondias tuberosa* evidenciou diferenças entre procedências e entre tipos de descritores. Em Canindé de São Francisco, os caracteres morfométricos apresentaram maior contribuição genética, em especial a largura ($\sigma^2g = 0,07$; $H^2_mean = 0,99$; $CVg = 8,32\%$) e a área ($\sigma^2g = 1,91$; $H^2_mean = 0,99$; $CVg = 16,13\%$), enquanto o comprimento mostrou ausência de componente genético detectável. Por outro lado, os descritores cromáticos (verde, amarelo e luminosidade) e físico-mecânicos (textura) apresentaram estimativas de variância genética próximas a zero, sugerindo forte influência ambiental (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas de variâncias genéticas (σ^2g), residuais (σ^2e) e fenotípicas (σ^2f), herdabilidade em sentido amplo (H^2) e coeficientes de variação genético (CVg), ambiental (CVe) e relativo (CVr) para caracteres de frutos de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) em três procedências (1= Canindé de São Francisco; 2= Poço Verde; 3= Gararu) naturais do estado de Sergipe, Brasil, com base em 508 frutos coletados em 2023. Os caracteres avaliados incluem variáveis morfométricas (comprimento, largura, área e circunferência), cromáticas (verde, amarelo, marrom, luminosidade) e físico-mecânicas (textura).

Proced.	Característica	N	Média	σ^2e	σ^2g	σ^2f	H^2_single	H^2_mean	CVg (%)	CVe (%)	CVr
1	Comp.	216	3.49	0.06	0.00	0.06	0.00	0.00	0.00	7.37	-
1	Largura	216	3.13	0.01	0.07	0.08	0.83	0.99	8.32	3.70	2.25
1	Area	216	8.58	0.34	1.91	2.25	0.85	0.99	16.13	6.80	2.37
1	Verde	216	22.08	6.22	0.00	6.22	0.00	0.00	0.00	11.30	-
1	Amarelo	216	47.24	18.31	0.00	18.31	0.00	0.00	0.00	9.06	-
1	Lumin.	216	50.49	31.36	0.00	31.36	0.00	0.00	0.00	11.09	-
1	Textura	216	115.43	202.35	0.00	202.35	0.00	0.00	0.00	12.32	-
2	Comp.	240	3.51	0.02	0.06	0.08	0.71	0.98	6.81	4.39	1.55
2	Largura	240	3.04	0.02	0.02	0.04	0.54	0.97	5.06	4.66	1.09
2	Area	240	8.43	0.49	0.87	1.36	0.64	0.98	11.08	8.27	1.33
2	Circ.	240	0.87	0.00	0.00	0.00	0.50	0.96	3.90	3.87	1.00
2	Verde	240	-21.11	4.89	0.00	4.89	0.00	0.00	-0.00	-10.48	-
2	Amarelo	240	46.29	10.29	5.04	15.33	0.33	0.92	4.85	6.93	0.69
2	Lumin.	240	50.13	32.21	0.0	32.21	0.00	0.00	0.00	11.32	-
2	Textura	240	117.52	202.30	0.0	202.30	0.00	0.00	0.00	12.10	-
3	Comp.	94	3.50	0.02	0.0	0.02	0.00	0.00	0.00	4.56	-
3	Largura	94	3.00	0.02	0.0	0.02	0.00	0.00	0.00	5.15	-
3	Area	94	8.21	0.45	0.12	0.57	0.21	0.86	4.21	8.20	0.51
3	Verde	94	-2.31	2.47	0.30	2.76	0.11	0.74	-4.44	-7.04	0.35
3	Amarelo	94	49.12	4.41	0.00	4.41	0.00	0.00	0.00	4.27	-
3	Lumin.	94	55.83	21.82	1.18	23.01	0.05	0.56	1.95	8.37	0.23
3	Textura	94	131.86	134.59	0.0	134.59	0.0	0.0	0.0	8.80	-

Na procedência de Poço Verde, observou-se contribuição genética moderada para a área ($\sigma^2g = 0,87$; $H^2_mean = 0,98$; $CVg = 11,08\%$), além de efeito consistente para a largura e o comprimento, ainda que de menor magnitude. O caráter de cor amarelo destacou-se com componente genético considerável ($\sigma^2g = 5,04$; $H^2_mean = 0,92$), indicando potencial para seleção. Já circunferência, textura e luminosidade não apresentaram variação genética expressiva, confirmando forte predominância do ambiente.

Em Gararu, os componentes de variância foram, em geral, reduzidos. Apenas para a área houve contribuição genética discreta ($\sigma^2g = 0,12$; $H^2_mean = 0,86$; $CVg = 4,21\%$), enquanto os demais caracteres morfométricos tiveram σ^2g praticamente nula. Entre os cromáticos, apenas para a luminosidade houve pequena variância genética ($\sigma^2g = 1,18$; $H^2_mean = 0,56$; $CVg = 1,95\%$), embora com baixo poder discriminatório.

De forma resumida, os resultados indicam que os descritores morfométricos, especialmente largura e área, são os mais promissores para diferenciar procedências e selecionar matrizes, sobretudo em Canindé de São Francisco e Poço Verde, enquanto os cromáticos mostraram maior influência ambiental, com destaque apenas para o canal amarelo em Poço Verde. Assim, a diversidade fenotípica dos frutos de umbuzeiro manifesta-se de modo

mais estável em caracteres de tamanho e mais dependente do ambiente em atributos de cor e textura.

Na Figura 6, se apresenta o perfil químico de frutos das procedências com base em médias padronizadas (z-score) para as variáveis potencial hidrogeniônico (pH), sólidos solúveis totais (SS), acidez e firmeza.

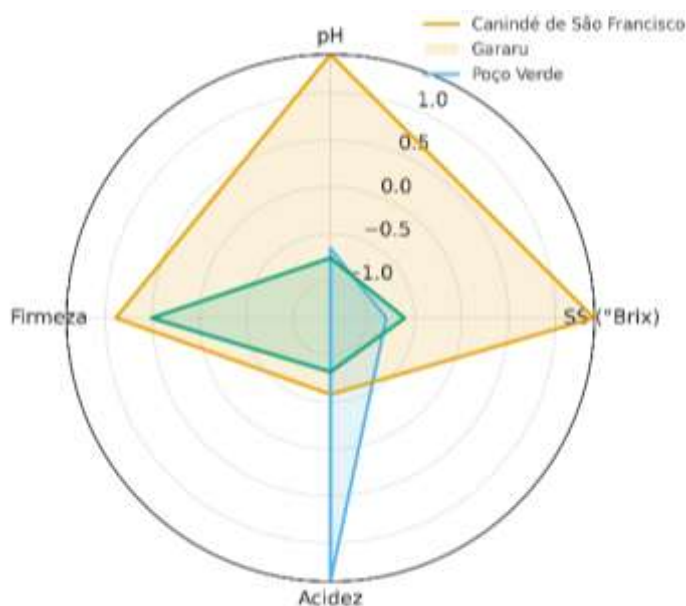


Figura 6. Comparativo do perfil químico de frutos de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) provenientes de três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).

De forma resumida, verificou-se que **Canindé de São Francisco** apresentou frutos de melhor qualidade química (maior pH, °Brix e firmeza), **Gararu** mostrou padrão intermediário e equilibrado, enquanto **Poço Verde** destacou-se pela pior acidez, apresentando maior valor e menor consistência, evidenciando a importância do monitoramento desses parâmetros para orientar o uso das diferentes áreas de cultivo conforme demandas de mercado.

5.3.5 Morfometria dos endocarpos

De forma resumida, as análises morfométricas mostraram que os endocarpos de Poço Verde são maiores, mais arredondados e esféricos; os de Gararu apresentam dimensões intermediárias e maior alongamento; enquanto os de Canindé de São Francisco exibem os menores valores de tamanho. Esses resultados evidenciam que, ao contrário dos frutos, os endocarpos revelam diferenças mais nítidas entre procedências, sobretudo nos índices de forma (circularidade, alongamento e esfericidade), configurando descritores com maior poder discriminante para a diferenciação entre procedências (Figura 7).

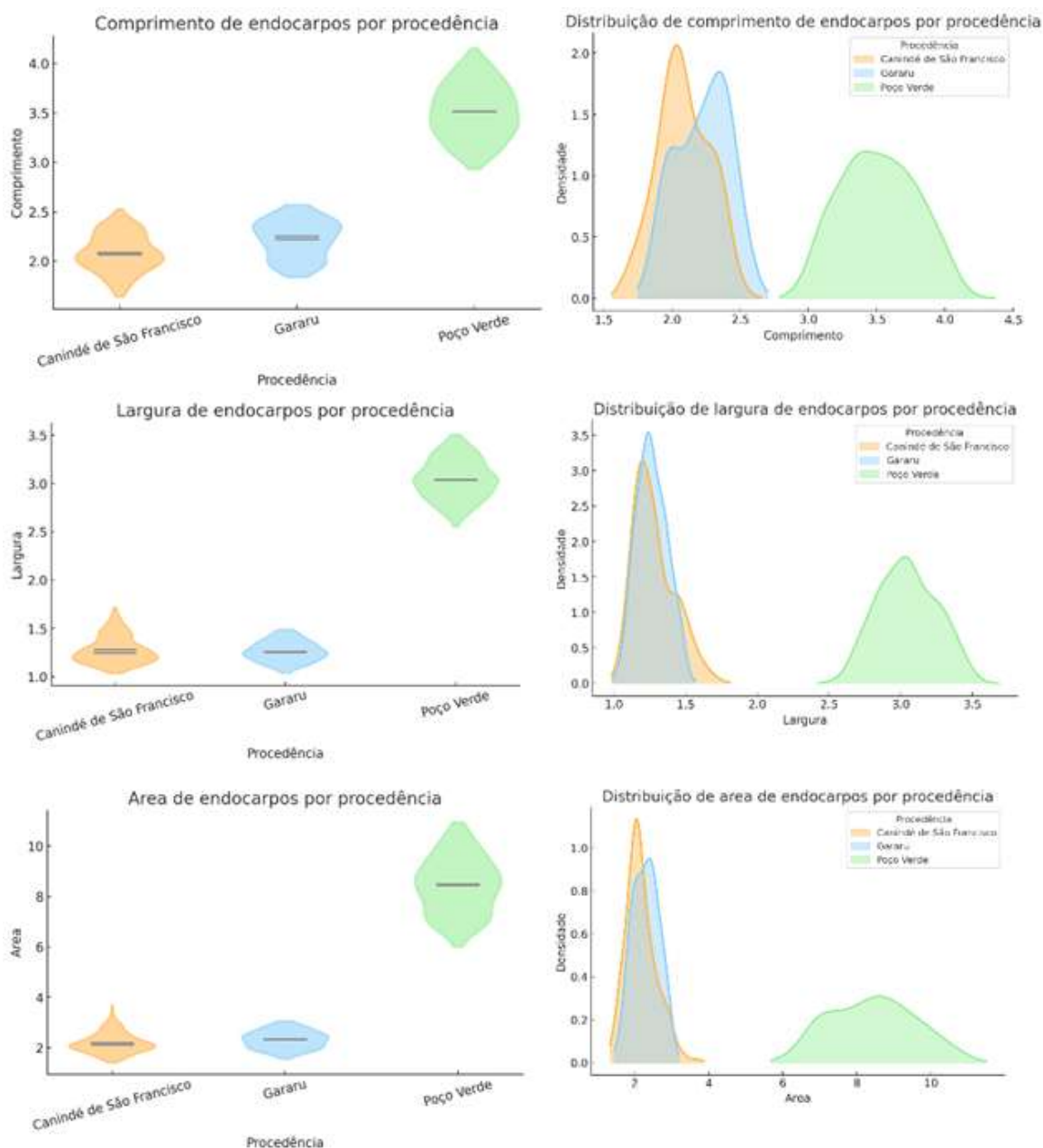


Figura 7. Características morfométricas de endocarpos de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). São apresentados os valores de comprimento (cm), largura (cm) e área (cm²).

Nos gráficos de violino (à esquerda), observa-se que os endocarpos de Poço Verde se destacam por apresentarem maiores valores médios de comprimento, largura e área, indicando frutos mais robustos. Já os endocarpos de Canindé de São Francisco e Gararu apresentam dimensões reduzidas, com distribuição concentrada em faixas menores de variação.

Os gráficos de densidade (à direita) reforçam esses resultados, evidenciando uma separação clara entre Poço Verde e as demais localidades, especialmente em largura e área. Enquanto Canindé de São Francisco e Gararu apresentam sobreposição de distribuições, sugerindo similaridade no porte dos endocarpos, Poço Verde exibe valores deslocados para maiores dimensões, caracterizando um padrão distinto.

Esses resultados indicam diferenças morfométricas consistentes entre as procedências avaliadas, que podem refletir tanto fatores genéticos quanto ambientais, sendo úteis para diferenciação de procedências, seleção de materiais e conservação de recursos genéticos.

A Figura 8 apresenta a avaliação da morfometria e forma de endocarpos provenientes de três procedências (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde), considerando os parâmetros de circularidade, alongamento e esfericidade.

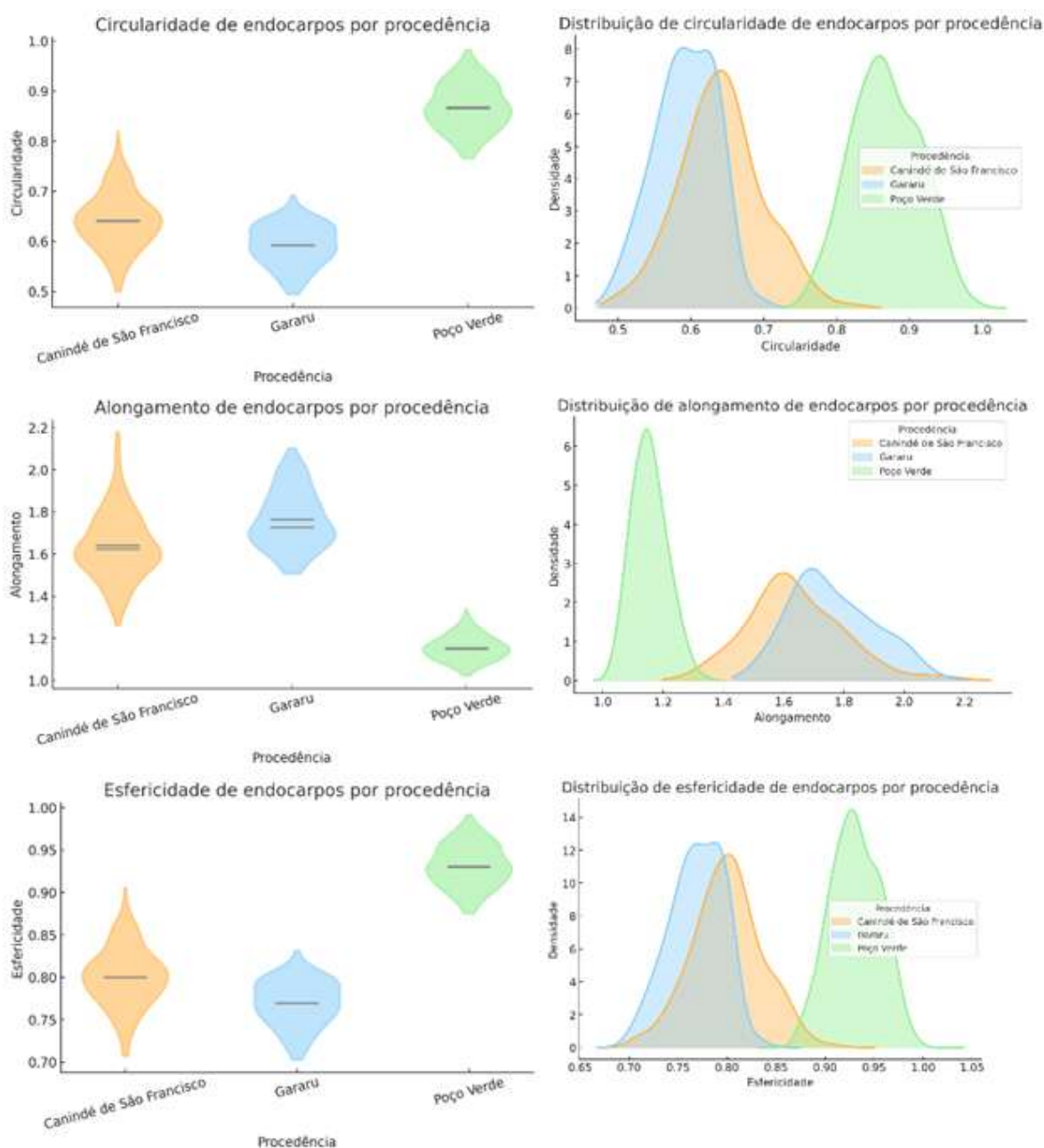


Figura 8. Parâmetros de forma de endocarpos de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) avaliados em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).

Nos gráficos de violino (à esquerda), verificou-se que os endocarpos de Poço Verde se destacam por apresentarem maior circularidade e esfericidade, com valores médios superiores e distribuição mais concentrada, indicando formas mais arredondadas e regulares. Em contrapartida, os endocarpos de Gararu e Canindé de São Francisco apresentam menor circularidade e esfericidade, sugerindo maior irregularidade de contorno.

Em relação ao alongamento, observa-se o inverso: Gararu e Canindé de São Francisco mostram valores mais elevados, caracterizando endocarpos mais compridos e menos

arredondados, enquanto Poço Verde apresenta valores mais baixos, compatíveis com a predominância de formas mais próximas à esfera.

Os gráficos de densidade (à direita) reforçam essas diferenças, evidenciando distribuições distintas entre as procedências, especialmente na circularidade e esfericidade, com clara separação de Poço Verde em relação às demais localidades.

Esses resultados indicam variações morfométricas consistentes entre as procedências analisadas, que podem refletir tanto diferenças genéticas quanto influências ambientais. Tais informações são relevantes para estudos de diversidade intraespecífica, seleção de materiais e estratégias de conservação.

5.3.6 Parâmetros genéticos de variância por procedência - endocarpos

A Tabela 3 apresenta as estimativas de variâncias fenotípicas (σ^2_f) e os coeficientes de variação ambiental (CVe) para os caracteres dos endocarpos de umbuzeiro, avaliados em três procedências: Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde.

Tabela 3. Estimativas de variâncias fenotípicas (σ^2_f) e coeficientes de variação ambiental (CVe) para caracteres de endocarpos de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) avaliados em três procedências naturais do estado de Sergipe, Brasil (Poço Verde, Canindé de São Francisco e Gararu).

Procedência	Característica	N	Média	σ^2_f	CVe (%)
Canindé de São Francisco	Matriz	191	4,81	6,32	52,26
Canindé de São Francisco	Marrom	191	2,88	2,28	52,39
Canindé de São Francisco	Amarelo	191	28,85	12,56	12,28
Canindé de São Francisco	Área	191	2,18	0,16	18,50
Canindé de São Francisco	Comprimento	191	2,09	0,04	9,04
Canindé de São Francisco	Largura	191	1,28	0,02	11,01
Canindé de São Francisco	Textura	191	158,85	264,62	10,24
Gararu	Matriz	88	2,50	1,26	45,00
Gararu	Verde	88	1,79	1,12	59,02
Gararu	Vermelho	88	28,54	6,00	8,58
Gararu	Área	88	2,31	0,12	14,88
Gararu	Comprimento	88	2,23	0,04	8,57
Gararu	Largura	88	1,26	0,01	8,04
Gararu	Textura	88	162,08	96,45	6,06
Poço Verde	Matriz	220	5,50	8,29	52,34
Poço Verde	Vermelho	220	1,23	0,32	46,33
Poço Verde	Amarelo	220	28,30	6,78	9,20
Poço Verde	Área	220	2,49	0,11	13,36
Poço Verde	Comprimento	220	2,22	0,03	8,05
Poço Verde	Largura	220	1,36	0,01	7,25
Poço Verde	Textura	220	160,96	52,73	4,51

De maneira geral, observa-se que as características relacionadas à coloração da matriz (como marrom, verde e vermelho) apresentaram os maiores valores de CVe, superiores a 45%, indicando forte influência ambiental e menor estabilidade fenotípica. Em contraste, os caracteres morfológicos como comprimento e largura exibiram baixa variação ambiental (CVe < 12%), refletindo maior consistência entre indivíduos e maior potencial de uso em programas de melhoramento e diferenciação de procedências.

Em relação às procedências, destaca-se que:

- Canindé de São Francisco apresentou valores intermediários de variância fenotípica, com destaque para a característica Textura ($\sigma^2_f = 264,62$), embora acompanhada de um CVe relativamente baixo (10,24%), sugerindo boa herdabilidade.

- Gararu mostrou menor variabilidade geral, com destaque para a Textura ($\sigma^2f = 96,45$; $CVe = 6,06\%$), revelando uniformidade do material. Entretanto, características de coloração, como Verde ($CVe = 59,02\%$), evidenciam maior instabilidade.
- Poço Verde apresentou maior variabilidade fenotípica para a característica Matriz ($\sigma^2f = 8,29$; $CVe = 52,34\%$), além de valores mais baixos de CVe para Textura ($4,51\%$), indicando maior confiabilidade na avaliação dessa característica.

Esses resultados evidenciam que caracteres morfológicos (área, comprimento e largura) são mais estáveis ambientalmente e podem ser preferencialmente utilizados em análises comparativas e de seleção. Já os atributos de coloração da matriz sofrem maior influência ambiental, devendo ser interpretados com cautela em estudos de diferenciação entre procedências.

5.3.7 Análises multivariadas

O dendrograma (parte superior da Figura 9) mostra o agrupamento hierárquico dos indivíduos de umbu, considerando seis clusters ($k=6$). A altura dos ramos representa o nível de dissimilaridade, de modo que uniões em níveis mais altos indicam maior divergência fenotípica entre os grupos. Observa-se que alguns clusters se formam em níveis baixos, sugerindo indivíduos mais semelhantes, enquanto outros se unem apenas em estágios avançados do agrupamento, demonstrando maior variabilidade. Essa estrutura evidencia a existência de heterogeneidade fenotípica dentro e entre as procedências avaliadas.

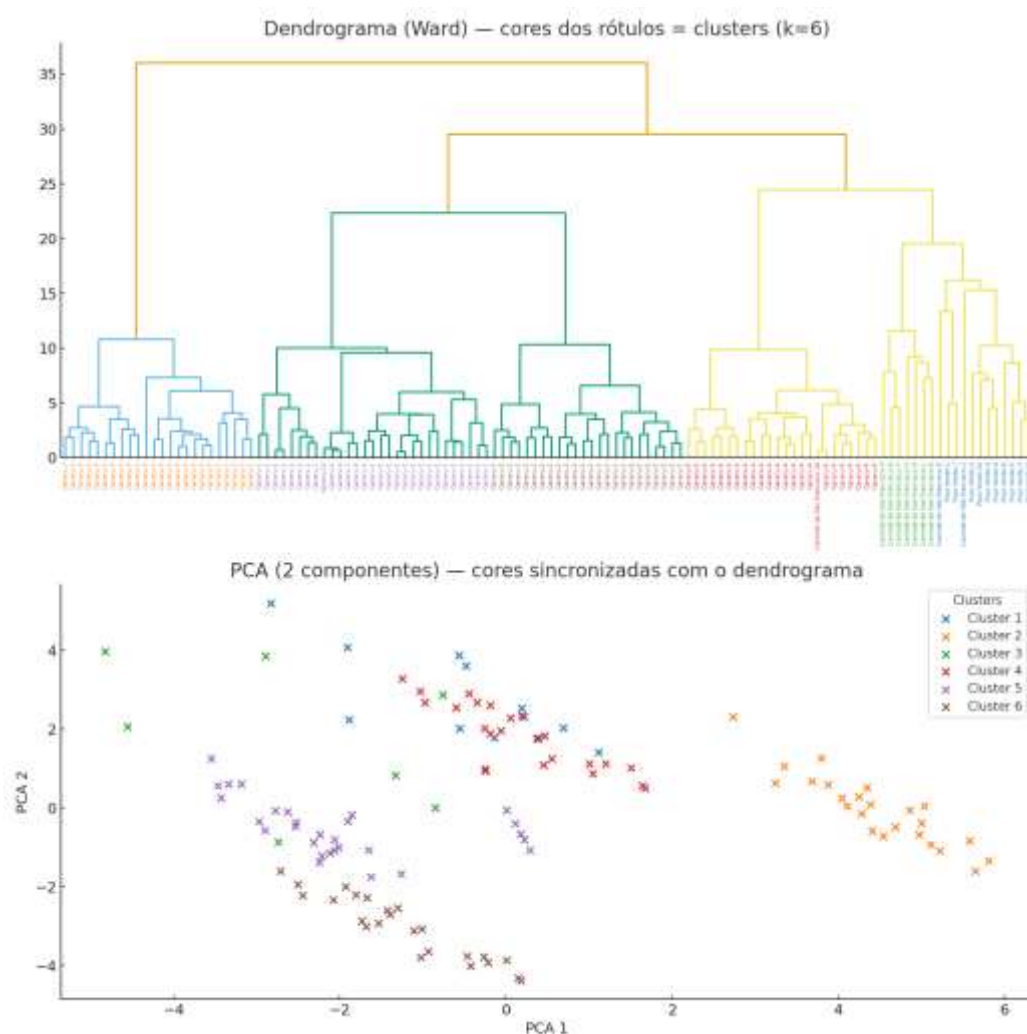


Figura 9. Agrupamento hierárquico (método de Ward, distância euclidiana padronizada) e dispersão em componentes principais (PCA) de árvore amostrada (matriz) de umbuzeiro

(*Spondias tuberosa*) avaliados em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).

Na análise de componentes principais (parte inferior da Figura 9), a dispersão dos indivíduos é apresentada nos dois primeiros componentes, que concentram a maior parte da variabilidade dos dados. As cores correspondem aos clusters identificados no dendrograma, permitindo visualizar a distribuição dos grupos no espaço bidimensional. Verifica-se que alguns clusters se sobrepõem parcialmente, indicando semelhança morfométrica entre indivíduos de diferentes procedências. Em contrapartida, outros ocupam regiões bem delimitadas do gráfico, sugerindo grupos com características fenotípicas distintas.

A associação entre dendrograma e ACP demonstra que há estratificação fenotípica significativa nas procedências de umbuzeiro, o que pode estar relacionado tanto a fatores genéticos quanto às condições ambientais. Esses resultados fornecem subsídios para estratégias de conservação e seleção de genótipos promissores.

5.3.8 Relações alométricas

As regressões alométricas evidenciaram padrões consistentes entre os descritores dendrométricos das matrizes de *Spondias tuberosa*. A relação entre diâmetro equivalente (Deq) e altura mostrou-se positiva, embora com baixa capacidade explicativa ($R^2 = 0,18$; $p = 0,020$), indicando que indivíduos com maior diâmetro tendem a ser mais altos, ainda que com grande variabilidade intraespecífica. A associação entre Deq e área de copa foi mais robusta ($R^2 = 0,43$; $p < 0,001$), revelando que incrementos no diâmetro do tronco refletem em maior expansão lateral da copa. A relação mais forte foi observada entre altura e área de copa ($R^2 = 0,72$; $p < 0,001$), demonstrando que árvores mais altas sustentam copas proporcionalmente mais amplas (Figura 10).

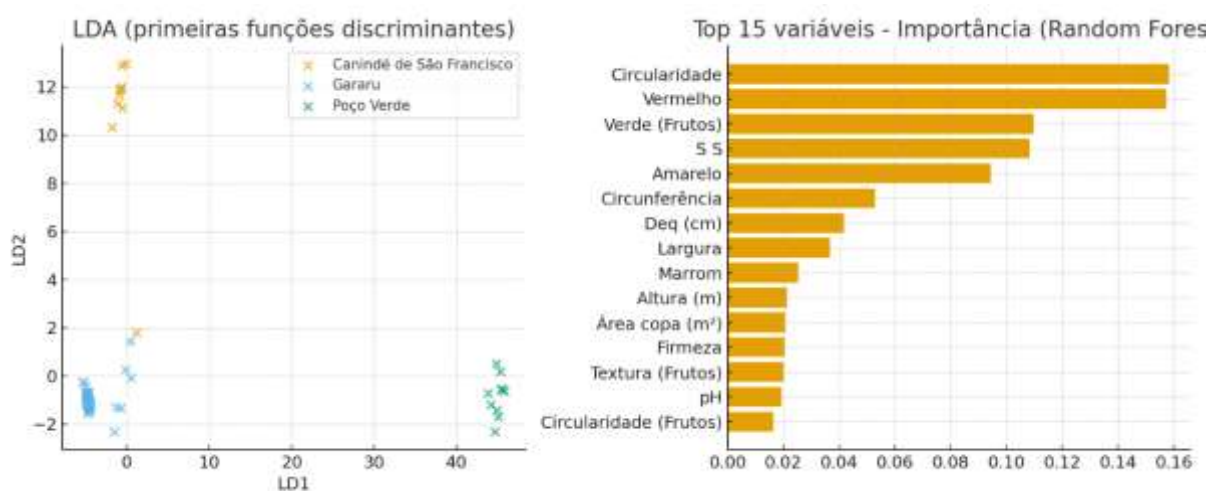


Figura 10. Classificação supervisionada de procedências de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) no estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde).

Na escala log-log, os ajustes reforçaram esses padrões, com coeficientes angulares de 0,155 para $\log(\text{Altura}) \sim \log(\text{Deq})$, 0,547 para $\log(\text{Área de copa}) \sim \log(\text{Deq})$ e 1,83 para $\log(\text{Área de copa}) \sim \log(\text{Altura})$. Esses valores sugerem que o crescimento da copa em relação ao diâmetro é subproporcional, enquanto em relação à altura é superproporcional, caracterizando diferentes estratégias de alocação de recursos estruturais. Assim, embora o Deq represente uma métrica relevante para diferenciação de procedências, a área de copa mostrou-se o descritor mais integrado, refletindo tanto o aumento em altura quanto em diâmetro (Tabela 4).

Tabela 4. Acurácia média (%) obtida em modelos de classificação supervisionada aplicados para discriminar procedências de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) no estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). Foram utilizados dois métodos estatísticos com validação cruzada estratificada (k = 5): Análise Discriminante Linear (LDA) e Random Forest (RF).

Modelo	Acurácia média (%)
LDA	95,0
Random Forest	97,5

5.3.9 Classificação supervisionada (LDA e Random Forest)

A análise discriminante linear (LDA) e o algoritmo Random Forest (RF) foram aplicados com o objetivo de avaliar o poder discriminatório dos descritores fenotípicos na diferenciação das procedências de *Spondias tuberosa*. A LDA apresentou acurácia média de 95,0% (validação cruzada estratificada, k = 5), evidenciando uma separação clara entre Canindé de São Francisco, Poço Verde e Gararu, com mínima sobreposição entre grupos (Figura 2).

O modelo de Random Forest alcançou desempenho ainda superior, com acurácia média de 97,5%, confirmando a robustez do conjunto de descritores (Tabela 2). A análise de importância das variáveis indicou maior contribuição de atributos cromáticos e geométricos de frutos e endocarpos, especialmente circularidade (15,8%), vermelho (15,7%), verde (11,0%) e amarelo (9,5%), além de variáveis físico-químicas como sólidos solúveis (10,8%). Entre os descritores dendrométricos, destacaram-se o diâmetro equivalente (4,2%) e a altura (2,1%), ainda que com menor peso relativo (Tabela 5).

Tabela 5. Principais variáveis fenotípicas utilizadas para discriminação das procedências de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) no estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde), segundo a análise de importância relativa (%) no algoritmo Random Forest.

Variável	Importância relativa (%)
Circularidade	15,82
Vermelho	15,73
Verde (Frutos)	10,97
Sólidos Solúveis	10,84
Amarelo	9,45
Circunferência	5,28
Deq (cm)	4,17
Largura	3,67
Marrom	2,53
Altura (m)	2,12

Os resultados demonstram que tanto a LDA quanto o RF são capazes de discriminar as procedências com alta acurácia, confirmando a existência de assinaturas fenotípicas distintas entre as procedências (Tabela 6).

Tabela 6. Regressões lineares e log-log entre descritores dendrométricos de umbuzeiro (*Spondias tuberosa*) em três procedências do estado de Sergipe, Brasil (Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde). São apresentadas as equações ajustadas, coeficientes de determinação (R^2), valores de significância (p-valor) e tipo de modelo (linear ou log-log) para as relações entre diâmetro equivalente do tronco (Deq, cm), altura total das árvores (m) e área de copa (m^2).

Relação	Equação	R^2	p-valor	Tipo
Altura ~ Deq	$Altura = 5,80 + 0,021 \cdot Deq$	0,18	0,02	Linear

Área ~ Deq	$\text{Área} = 52,16 + 0,875 \cdot \text{Deq}$	0,43	<0,001	Linear
Área ~ Altura	$\text{Área} = -61,45 + 22,90 \cdot \text{Altura}$	0,72	<0,001	Linear
$\log(\text{Altura}) \sim \log(\text{Deq})$	$\log(\text{Altura}) = 1,33 + 0,155 \cdot \log(\text{Deq})$	0,23	0,007	Log-log
$\log(\text{Área}) \sim \log(\text{Deq})$	$\log(\text{Área}) = 2,43 + 0,547 \cdot \log(\text{Deq})$	0,53	<0,001	Log-log
$\log(\text{Área}) \sim \log(\text{Altura})$	$\log(\text{Área}) = 0,97 + 1,83 \cdot \log(\text{Altura})$	0,60	<0,001	Log-log

O destaque de variáveis cromáticas e morfométricas de frutos e endocarpos como principais discriminantes sugere que esses descritores possuem elevado potencial para a identificação de origens, seleção de matrizes superiores e planejamento de estratégias de conservação genética do umbuzeiro.

5.4. Discussão

Com este estudo mostra-se que a diferenciação fenotípica entre procedências de *Spondias tuberosa* em Sergipe é mais evidente em descritores cromáticos e de textura de frutos, enquanto variáveis morfométricas clássicas como comprimento, largura e área de frutos apresentaram ampla sobreposição entre procedências. Esse padrão, já descrito em outras frutíferas tropicais, confirma que a variabilidade intrapopulacional tende a superar a variação entre procedências, o que ressalta a importância de amostragens amplas para garantir a representatividade do germoplasma (Batista *et al.*, 2015; Clement *et al.*, 2021).

No componente dendrométrico, o diâmetro equivalente e a área de copa se mostraram sensíveis para diferenciar procedências, em contraste com a altura, que apresentou baixa variação. Esses descritores refletem tanto a influência de fatores ambientais quanto a composição genética local e podem apoiar a seleção de matrizes adaptadas a ambientes contrastantes, como já observado em espécies lenhosas da Caatinga (Fernandes *et al.*, 2020; Vastag *et al.*, 2020).

Entre os frutos, a textura destacou-se como descritor discriminante, sobretudo em Gararu, confirmando seu potencial em programas de melhoramento voltados ao consumo in natura e ao processamento, como já demonstrado em manga e goiaba (Motta *et al.*, 2015). Para os endocarpos, os índices de forma (circularidade, esfericidade e alongamento) são importantes para identificar diferenças consistentes entre procedências, reforçando seu valor como descritores complementares na caracterização de germoplasma (Bianchi *et al.*, 2016; Batista *et al.*, 2015).

Os descritores cromáticos, especialmente o canal verde (g) e a luminosidade (L*), responderam por mais de 99% da variação entre procedências, corroborando evidências de que atributos de cor refletem diferenciação genética e adaptação ambiental em algumas espécies (Giovannoni, 2018; Liu *et al.*, 2018). Além disso, a cor surge como marcador rápido, de baixo custo e diretamente aplicável em estratégias de rastreabilidade de origem e certificação de produtos.

As análises multivariadas e de classificação supervisionada (Random Forest e LDA) permitiram a confirmação da robustez dos descritores cromáticos e morfométricos, alcançando acurácia de até 97,5% na separação das procedências. Assim, reforça-se a existência de assinaturas fenotípicas consistentes, úteis para a seleção de matrizes e para sistemas de certificação. Contudo, a variabilidade entre repetições indica a necessidade de amostras maiores para consolidar modelos preditivos mais robustos, como também apontado em estudos recentes (Santana *et al.*, 2025).

As relações alométricas entre diâmetro, altura e área de copa confirmaram padrões de escalonamento esperados em espécies arbóreas (Tamura, 2024; Vastag *et al.*, 2020), reforçando a coerência biológica dos dados. Com a análise de partição da variância identifica-se que os atributos de tamanho concentram a maior parte da variabilidade dentro das procedências, enquanto os cromáticos se distribuem entre elas, o que tem implicações diretas para conservação e manejo. Em termos práticos, caracteres de tamanho requerem amostragens

intrapopulacionais amplas, enquanto os cromáticos permitem diferenciar populações e apoiar estratégias de conservação on-farm e gestão da diversidade genética.

Este trabalho representa a primeira caracterização detalhada da variabilidade fenotípica, com variáveis físico-químicas, de *S. tuberosa* em Sergipe, oferecendo evidências inéditas para a valorização do umbuzeiro como recurso genético estratégico no semiárido.

5.5. Conclusão

A variabilidade fenotípica de *Spondias tuberosa* em Sergipe foi explicada principalmente por descritores cromáticos (verde, amarelo, luminosidade) e de textura, além de índices de forma de endocarpos (circularidade, alongamento e esfericidade) e dos descritores dendrométricos diâmetro equivalente e área de copa, que se mostraram sensíveis para diferenciar procedências. Esses marcadores, de baixo custo e fácil aplicação, apresentam elevado potencial para conservação *in situ* e *on-farm*, certificação de origem e programas de pré-melhoramento, orientando a seleção de matrizes superiores e o uso sustentável do umbuzeiro no semiárido brasileiro.

5.6. Referências Bibliográficas

- AGUIAR, F. S.; BRITO, F. S.; GONÇALVES, L. M. F.; PINHEIRO, J. M. S.; RODRIGUES, M. L. M.; MIZOBUTSI, G. P.; OLIVEIRA, G. B. Effect of alternative rooting inducers on Umbu-cajazeira. *Contribuciones a las Ciencias Sociales*, v. 16, n. 10, p. 24021-24031, 2023. <https://doi.org/10.55905/revconv.16n.10-312>
- AOAC. *Official methods of analysis*. 16 ed. Association of Official Analytical Chemists, 1995.
- BATISTA, F. R. C.; SILVA, P. A.; RIBEIRO, L. M.; RODRIGUES, H. C. A. Diversidade morfológica de frutos e sementes em espécies de *Spondias*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 37, n. 3, p. 657-666, 2015. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-150/14>
- BIANCHI, P. A.; DUTRA, I. P.; MOULIN, M. M.; SANTOS, J.O.; SANTOS JÚNIOR, A.C. Morphological characterization and analysis of genetic variability among pepper accessions. *Ciência Rural*, v. 46, n. 07, p. 1151-1157, 2016. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20150825>
- CLEMENT, C. R.; CASAS, A.; PARRA-RONDINEL, F. A.; LEVIS, C.; PERONI, N., et al. Domestication and diversification of Amazonian fruit trees: opportunities for on-farm conservation of agrobiodiversity. *Neotropics Quaternary*, v. 4, n. 4, 2021. <https://doi.org/10.3390/quat4010004>
- FERNANDES, M. F.; CARDOSO, D.; QUEIROZ, L. P. An updated plant checklist of the Brazilian Caatinga seasonally dry forests and woodlands reveals high species richness and endemism. *Journal of Arid Environments*, v. 174, p. 104079, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2019.104079>
- GIOVANNONI, J. Tomato multiomics reveals consequences of crop domestication and improvement. *A Cell Press Journal*, v. 172, n. 1, p. 6-8, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2017.12.036>

IBGE. Produção da extração vegetal e da silvicultura. 2023. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pevs/quadros/brasil/2023>. Acesso em: 11 de fevereiro de 2025.

LIU, B.; XIN, Q.; ZHANG, M.; CHEN, J.; LU, Q.; ZHOU, X.; LI, X.; ZHANG, W.; FENG, W.; PEI, H. Research progress on mango post-harvest ripening physiology and the regulatory technologies. *Foods*, v. 12, p. 173, 2023. <https://doi.org/10.3390/foods12010173>

MATOS, F. S.; FREITAS, I. A. S.; PEREIRA, V. L. G.; PIRES, W. K. L. Effect of gibberellin on growth and development of *Spondias tuberosa* seedlings. *Revista Caatinga*, v. 33, n. 4, p. 1124-1130, 2020. <https://doi.org/10.1590/1983-21252020v33n427rc>

MOTTA, J. D.; QUEIROZ, A. J. M.; FIGUEIREDO, R. M. F.; SOUSA, K. S. M. Índice de cor e sua correlação com parâmetros físicos e físico-químicos de goiaba, manga e mamão. *Comunicata Scientiae*, v. 6, n. 1, p. 74-82, 2015.

R CORE TEAM. *Writing R Extensions*. R Foundation for Statistical Computing, 4.6.0 ed., 1999.

RIBEIRO, L. O.; VIANA, E. S.; GODOY, R. L. O.; FREITAS, S. C.; FREITAS, S. P. MATTA, V. M. Nutrients and bioactive compounds of Pulp, peel and seed from umbu fruit. *Ciência Rural*, v. 49, n. 4, 2019.

RIBEIRO, L. O.; FREITAS, B. P.; LORENTINO, C. M. A.; FROTA, H. F.; SANTOS, A. L. S.; MOREIRA, D. L.; AMARAL, B. S.; JUNG, E. P.; KUNIGAMI, C. N. Umbu fruit peel as source of antioxidante, antimicrobial and -amylase inhibitor compounds. *Molecules*, v. 27, n. 410, 2022.

SANTANA, N. A.; NUNES, V. V.; SILVA, M. S. O.; OLIVEIRA, SILVA-MAN, R. A. Phenotypic selection and diversity in *Spondias tuberosa* for breeding in drylands. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 72, n. 3, p. 3603-3620, 2025. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-02164-3>

SANTOS, H. S. N.; MIZOBUTSI, G. P.; PINHEIRO, J. M. S.; NETO, J. A. S.; CASTRICINI, A.; ASPIAZÚ, I.; CRUZ, C. G.; SOUSA, I. P. S.; JESUS, M. O.; AGUIAR, F. S. Physical and chemical characterization of fruits of different umbu (*Spondias tuberosa*) accessions. *Journal of Agricultural Science*, v. 11, n. 16, 2019. <https://doi.org/10.5539/jas.v11n16p124>

SANTOS, R. T. S.; SANTOS, C. A. F.; OLIVEIRA, V. R.; AIDAR, S. T.; RYBKA, A. C. P.; CASTRO, C. D. P. C.; BIASOTO, A. C. The potential of “umbuzeiro” genotypes for the development of preserves. *Ciência Rural*, v. 51, n. 2, 2021. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20191008>

STANGE, M.; BARRETT, R. D. H.; HENDRY, A. P. The importance of genomic variation for Biodiversity, ecosystems and people. *Nature Reviews*, v. 22, p. 89-105, 2021. <https://doi.org/10.1038/s41576-02000288-7>

TAMURA, Y. Allometric scaling laws in fruit trees: implications for phenotypic plasticity. *Annals of Botany*, v. 133, n. 4, p. 561-573, 2024. <https://doi.org/10.1093/aob/mcad023>

VASTAG, E.; COCOZZA, C.; ORLOVIĆ, S.; KESIĆ, L.; KRESOJA, M.; STOJNIĆ, S. Half-sib lines of pedunculate oak (*Quercus robur* L.) respond differently to drought through biometrical, anatomical and physiological traits. *Forests*, v. 11, n. 2, p. 153, 2020. <https://doi.org/10.3390/f11020153>

XAVIER, V. L.; FEITOZA, G. S.; BARBOSA, J. M. L.; ARAÚJO, K. S.; SILVA, M. V.; CORREIA, M. T. S.; SOUZA, M. P.; CARNEIRO-DA-CUNHA, M. D. G. Nutritional and technological potential of Umbu (*Spondias tuberosa* Arr. Cam.) processing by-product flour. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v. 94, n. 1, 2022. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202220200940>

6. ARTIGO 3

METAGENÔMICA DE ENDOCARPOS DE *Spondias tuberosa*: MICROBIOMAS COM POTENCIAL BIOECONÔMICO NA CAATINGA

RESUMO

O umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arr. Câm.) é uma espécie nativa da Caatinga brasileira, com elevado potencial para a bioeconomia regional. Seus frutos são amplamente utilizados na alimentação e comercialização por comunidades extrativistas. Esta pesquisa teve como objetivo caracterizar a microbiota endofítica presente no arilo dos endocarpos de frutos de *S. tuberosa*, oriundos de populações naturais do estado de Sergipe, por meio de uma abordagem metagenômica. Amostras de arilo de três populações foram submetidas a sequenciamento de DNA por NGS (Illumina MiSeq), as sequências foram curadas e analisadas por meio da bioinformática com base em bancos de dados do NCBI. Foram identificadas 579 espécies microbianas, com destaque para os gêneros *Trichoderma*, *Streptomyces*, *Bacillus*, *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Fusarium* e *Aureobasidium*. As funções predominantes incluíram promoção de crescimento vegetal, fixação de nitrogênio, solubilização de fósforo, biocontrole e síntese de metabólitos bioativos. O cultivo tradicional confirmou a presença de diversos gêneros detectados na metagenômica, reforçando a robustez da análise. Além de revelar espécies com potencial biotecnológico, os resultados apontam para a ocorrência de microrganismos ainda não descritos em bancos públicos, sugerindo uma diversidade microbiana inexplorada nos endocarpos de *S. tuberosa*. Esses achados indicam oportunidades promissoras para a produção de bioinsumos, agregação de valor aos resíduos agroextrativistas e fortalecimento da bioeconomia local com base em recursos da biodiversidade da Caatinga.

Palavras-chave: Microrganismos endofíticos, arilo, frutos nativos, diversidade microbiana, bioinsumos, semiárido.

Metagenomics of *Spondias tuberosa* endocarps: Microbiomes with bioeconomic potential in the Caatinga

ABSTRACT

The umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arr. Câm.) is a species native to the Brazilian Caatinga, with high potential for regional bioeconomy. Its fruits are widely used for food and commercialization by extractive communities. This research aimed to characterize the endophytic microbiota present in the aril of endocarps of *S. tuberosa* from natural populations in the state of Sergipe, using a metagenomic approach. Aril samples from three populations

were subjected to DNA sequencing by NGS (IlluminaMiSeq), and the sequences were curated and analyzed using bioinformatics based on NCBI databases. A total of 579 microbial species were identified, with emphasis on the genera *Trichoderma*, *Streptomyces*, *Bacillus*, *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Fusarium*, and *Aureobasidium*. The predominant functions included plant growth promotion, nitrogen fixation, phosphorus solubilization, biocontrol, and synthesis of bioactive metabolites. Traditional cultivation confirmed the presence of several genera detected in metagenomics, reinforcing the robustness of the analysis. In addition to revealing species with biotechnological potential, the results point to the occurrence of microorganisms not yet described in public databases, suggesting unexplored microbial diversity in the endocarps of *S. tuberosa*. These findings indicate promising opportunities for the production of bio-inputs, adding value to agro-extractive residues, and strengthening the local bioeconomy based on the biodiversity resources of the Caatinga.

Keywords: Endophytic microorganisms, Aril, Native fruits, Microbial diversity, Bio-inputs, Semi-arid region.

6.1. Introdução

Spondias tuberosa Arruda, conhecida como umbuzeiro, é uma espécie exclusiva da Caatinga, bioma único do Brasil. O umbuzeiro tem seus frutos como principal parte comercial capaz de atuar como insumo tanto no campo industrial quanto no social, girando principalmente a economia, por ser fonte de renda para agricultores nos longos intervalos de seca característicos do sertão (Matos *et al.*, 2020; Silva, 2024).

O fruto do umbuzeiro, classificado como drupa, é composto pelo endocarpo, uma estrutura central formada por camadas celulósicas de textura densa que desempenha funções essenciais de recobrimento e proteção das sementes, dentre as quais se destaca o arilo.

O arilo representa uma das camadas do endocarpo, composto por estrias esponjosas que, ao secarem, adquirem a forma de “serra de madeira”. Essa estrutura é rica em compostos bioativos e nutrientes essenciais, favorecendo uma microbiota potencialmente funcional na manutenção e preservação das sementes (Rodrigues *et al.*, 2024). O conhecimento acerca da diversidade e das funções dos microrganismos associados ao arilo de umbuzeiro pode revelar novas perspectivas para a superação de dormência das sementes, além de contribuir para a descoberta de recursos biotecnológicos inovadores (Rodrigues *et al.*, 2024).

Os estudos envolvendo a microbiota de *Spondias tuberosa* baseiam-se em métodos tradicionais dependentes de cultivo, com a descrição de algumas bactérias, fungos e, principalmente, leveduras associadas aos frutos, devido ao seu potencial uso como fonte de fermentadores de alimentos. Dentre as leveduras isoladas de umbu, destacam-se *Candida sergipensis*, *Candida spandovensis* e *Candida sorbosivorans*, que foram obtidas da polpa congelada; e *Candida valida*, *Cryptococcus laurentii* e *Rhodotorula graminis*, isoladas dos frutos (Trindade *et al.*, 2004).

O estudo microbiológico tem sido revolucionado pela abordagem metagenômica que possibilita a identificação da completa diversidade taxonômica a partir de uma única amostra, por meio de técnicas moleculares (Sohaib *et al.*, 2024; Nam *et al.*, 2023; Xu, 2006) e bancos da bioinformática (Zhou *et al.*, 2022). A abordagem metagenômica promove o conhecimento de organismos não acessíveis e suas funções ecológicas que desempenham na natureza, como compostos bioativos de interesse biotecnológico (Lema *et al.*, 2023), a exemplo de enzimas industriais, como a vanilina, responsável pelo aroma natural da baunilha (Hansen *et al.*, 2009), e substâncias antimicrobianas de utilização sustentável (Tran *et al.*, 2024), de grande importância para o desenvolvimento da economia circular, com especial impacto em populações socialmente vulneráveis (Blow, 2008; López-García *et al.*, 2021).

As propriedades bioativas também podem representar uma nova fonte de recursos para a produção de novos bioinsumos com funcionalidades que beneficiam as plantas, atuando positivamente na promoção do crescimento, no controle biológico, na solubilização do fósforo

e na absorção do nitrogênio, elementos essenciais para um manejo agrícola sustentável e para a manutenção de ecossistemas florestais. Os benefícios supracitados se estendem ao desenvolvimento de uma bioeconomia alinhada aos princípios da economia circular e da sustentabilidade ambiental (Mahmoud *et al.*, 2024).

Seguindo esse contexto, apesar da relevância do arilo e endocarpos de *S. tuberosa*, ainda existem lacunas de conhecimento que dificultam o avanço científico e tecnológico, especialmente no que se refere aos desafios relacionados à quebra de dormência e ao aumento das taxas de germinação das sementes. Dessa forma, esta pesquisa tem como objetivo caracterizar os microrganismos endofíticos associados ao arilo do umbuzeiro, oriundos de populações naturais de Sergipe, por meio de uma abordagem metagenômica, a fim de investigar suas potencialidades para o desenvolvimento de sementes, produtos sustentáveis e inovadores.

6.2. Material e Métodos

6.2.1 Coleta e obtenção das amostras

A coleta dos frutos para obtenção do arilo foi realizada em árvores de três populações naturais de umbuzeiro localizadas nos municípios de Canindé de São Francisco, Gararu e Poço Verde, no estado de Sergipe, Brasil (Figura 1).

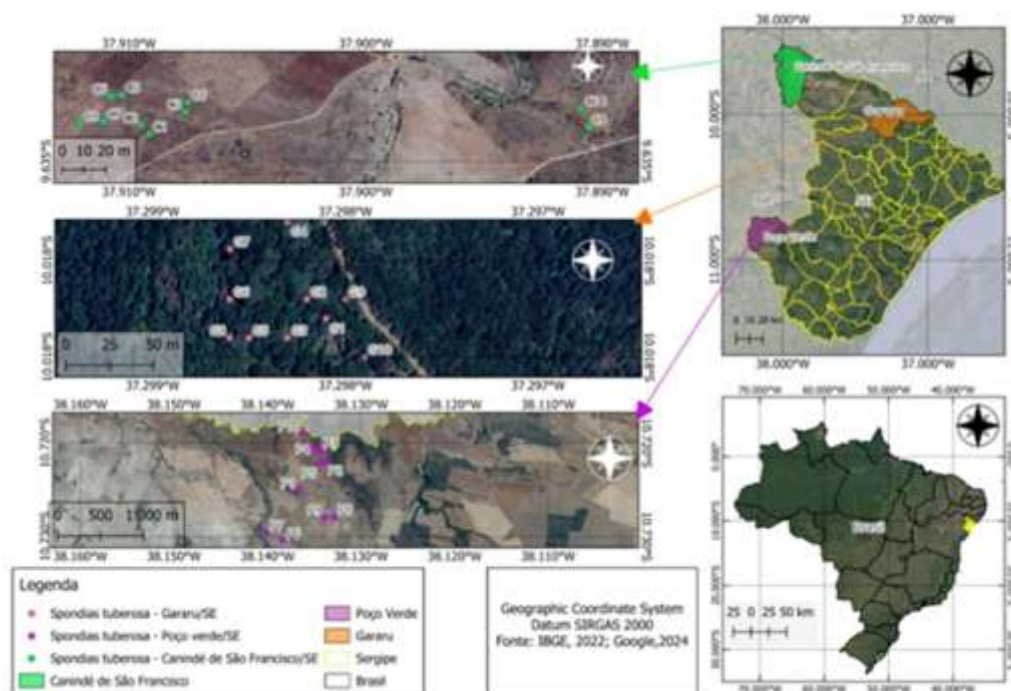


Figura 1. Mapa de localização da região de coleta dos frutos e endocarpos de umbuzeiro.

Com auxílio de uma pinça, foi removido o arilo, estrutura esponjosa quando ainda presente no fruto maduro e fibrosa e lignificada após a secagem, de 300 endocarpos armazenamentos por um ano, provenientes de três populações naturais de *S. tuberosa* em Sergipe, sendo 86 de Gararu, 107 de Poço Verde e 107 de Canindé de São Francisco. A remoção do arilo foi realizada até a completa visualização da estrutura que envolve o embrião e dos orifícios laterais. Em seguida, foi pesado 1,0 grama de arilo para cada população, formando uma amostra composta de 3,0 gramas. Esse material biológico foi homogeneizado e colocado em amostra única em tubo tipo Falcon autoclavado, embalado e enviado ao Laboratório de Análises Genômicas e Biotecnologia (LAGBIO, <https://www.lagbio.com>) para realização da análise metagenômica.

6.2.2 Análise metagenômica

a. Preparação da biblioteca e sequenciamento

O material biológico foi submetido ao processo de desinfestação superficial em câmara de fluxo, seguindo os procedimentos prescritos: álcool 70% por 2 minutos, seguido de hipoclorito 2% por 3 minutos e, por fim, de lavagem com água destilada autoclavada por 1 minuto, repetida três vezes. Após o processo, o material foi deixado para secagem. Para a extração do DNA genômico total, foi utilizado 0,25 grama da amostra composta, com base no protocolo descrito no Kit Dneasy® PowerSoil® Pro (QIAGEN®). O DNA extraído foi quantificado e analisado quanto à sua qualidade e pureza.

Por conseguinte, a biblioteca metagenômica ou preparação de DNA para análise metagenômica, que consiste em preparar o material genômico para o sequenciamento, passando por várias etapas de purificação e limpeza do DNA, foi realizada com protocolo descrito na literatura para o kit de preparação de biblioteca de DNA Nextera XT Library Prep (Illumina®) (Breitwieser *et al.*, 2019). Essa biblioteca passou pelo processo de normalização do DNA e, posteriormente, foi sequenciada.

Para o sequenciamento de próxima geração (NGS), as bibliotecas metagenômicas foram submetidas ao sistema de sequenciamento MiSeq Illumina®, utilizando o MiSeq Reagent Kits v2, com comprimento máximo de 2 x 300 pb, que originou 50.284 leituras brutas da amostra. Esse kit possui a capacidade de manter em equilíbrio a intensidade fluorescente, importante para o bom desempenho final das sequências brutas.

b. Análise de bioinformática

As sequências genômicas FastQ brutas foram submetidas ao processo de controle de qualidade com suporte do software Sickel (Joshi e Fass, 2011), que permite a filtração, remoção dos contaminantes e reparação de sequências menores que 50 pb de baixa qualidade, gerando as sequências de trabalho denominadas arquivo FastQ filtrado.

O arquivo FastQ filtrado foi utilizado para a identificação da diversidade, abundância e funcionalidade microbiana, por meio do alinhamento em bases de dados taxonômicos biológicos com uso do algoritmo do Kraken (Wood, 2014), por meio do acesso ao RefSeq do NCBI (Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia), resultando em um arquivo report.next. Esse arquivo foi submetido ao pacote Pavian (Breitwieser *et al.*, 2020) no software RStudio (R Core Team, 1999), que possibilita uma exploração detalhada dos dados extensos obtidos na metagenômica de forma prática e organizada, com mapeamento de tendências e disponibilidade de relatório informativo (Breitwieser *et al.*, 2019) (Figura 2).

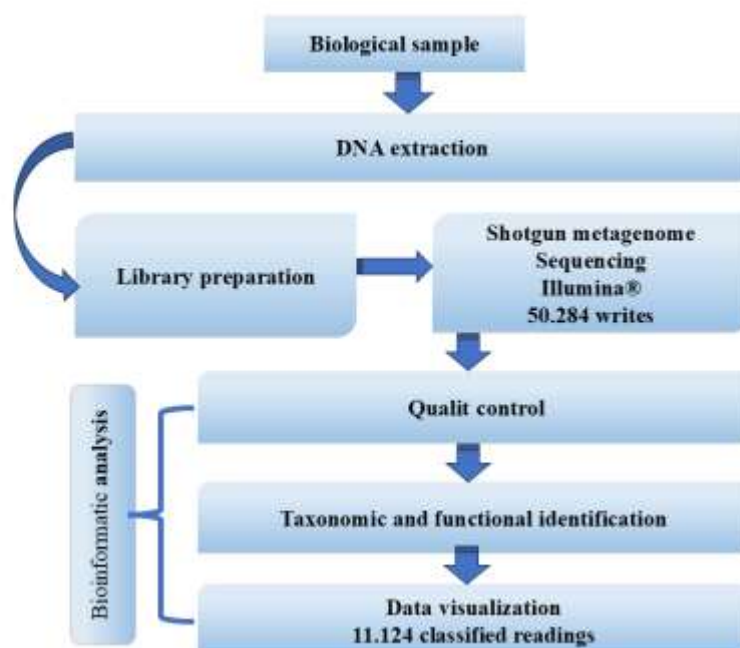


Figura 2. Resumo com as principais etapas da análise metagenômica.

6.2.3 Validação de microrganismos cultiváveis do endocarpo de umbuzeiro

Essa etapa de cultivo tradicional de microrganismos foi realizada no Laboratório de Ensino em Tecnologia de Sementes da Universidade Federal de Sergipe, seguindo a metodologia descrita por Zanudin *et al.* (2023), com algumas modificações adaptadas à espécie.

Para este experimento de cultivo tradicional de microrganismos, foram utilizados nove endocarpos armazenados por 20 meses na geladeira, sendo três endocarpos representantes de cada população de umbuzeiro supracitada. O material foi submetido a protocolo de desinfestação, envolvendo imersão em álcool 70% por 2 minutos, em hipoclorito de sódio 2% por 3 minutos e lavagem em água autoclavada por 1 minuto, repetida três vezes. Após o procedimento de desinfestação, os endocarpos foram dispostos para secagem em papel filtro esterilizado, em câmara de fluxo laminar.

Para a obtenção das colônias bacterianas, os endocarpos foram previamente cultivados em tubos tipo Falcon de 50 mL, contendo meio sólido com Ágar Batata Dextrose (BDA) (200 g/L de infusão de batata, 20 g/L de glicose e 17 g/L de Ágar) e tubos Falcon com meio líquido utilizando Caldo Batata Dextrose (BDC), incubados a 28 °C por 3 dias.

Após a incubação, os endocarpos foram transferidos para placas de Petri contendo meio sólido formulado com Ágar Batata Dextrose (BDA) (200 g/L de infusão de batata, 20 g/L de glicose e 17 g/L de Ágar), suplementado com antifúngico fluconazol (100 mg/L), com o objetivo de inibir o crescimento de fungos e favorecer o isolamento de bactérias.

Todo material empregado foi previamente autoclavado a 120 °C por um período de 20 minutos para garantir a esterilidade. Os microrganismos que cresceram sobre os endocarpos passaram pelo método de esgotamento em estrias para o isolamento das colônias. Esse método de esgotamento consistiu na utilização de alças de platina flambadas para o transporte das colônias, desenhadas em estrias para novas placas de Petri contendo meio sólido, sendo incubadas em BOD a 28 °C para o novo crescimento do microrganismo isolado e observadas diariamente por um período de 1 a 7 dias, com o objetivo de monitorar o crescimento e morfologia das colônias bacterianas.

Repiques sucessivos foram realizados para o isolamento de espécies de bactérias cultivadas. A caracterização foi realizada através de comparações visuais por meio de análise no equipamento *GroundEye*, informações do teste Gram e microscopia.

Após a purificação, as colônias de bactérias foram submetidas ao teste de coloração Gram, com kit comercial ACS de 500 mL (Lugol para Gram, fucsina diluída, solução de violeta

cristal e decolorante para Gram), realizado seguindo as normas do fabricante, onde é possível a visualização do formato das células por meio das lâminas Gram em microscópio.

Para o isolamento dos fungos, os endocarpos também foram submetidos a tubos tipo Falcon 50 mL, contendo meio sólido com Ágar Batata Dextrose (BDA) (200 g/L de infusão de batata, 20 g/L de glicose e 17 g/L de Ágar) e meio líquido contendo Caldo Batata Dextrose (BDC), e incubados a 28 °C por 7 dias. Posteriormente, foram transferidos para placas de Petri contendo meio de cultivo sólido com Ágar Batata Dextrose (BDA) ou líquido sem Ágar, adicionado com antibiótico estreptomicina 50 mg/L. Repiques sucessivos foram realizados com a utilização da alça de platina flambada, e as placas foram submetidas à incubadora BOD por um período de 7 a 15 dias, seguidos de mais 7 dias em refrigeração para a observação da formação de estruturas metabólicas. Todos os utensílios e meios utilizados foram autoclavados.

Após a purificação, os fungos foram caracterizados mediante visualização em microscópio de estruturas de reprodução com auxílio de lâminas, adesivos e corantes. Além disso, as placas foram submetidas à captura de imagem no equipamento *GroundEye* para a caracterização visual. As estruturas de cada microrganismo foram armazenadas em microtubos contendo água destilada.

6.2.4 Análise estatística

O aplicativo Microsoft Excel 2018 foi utilizado para análise dos dados descritos no relatório fornecido pelo LAGBIO. Os dados foram extraídos e analisados no software RStudio (R Core Team, 1999) para análise detalhada das funcionalidades, através da análise de frequência, componentes principais, correlação e Diagrama de Venn, importante para uma melhor descrição do microbioma endofítico do arilo presente em endocarpos de umbuzeiro.

6.3. Resultados

6.3.1 Análise metagenômica

A abordagem metagenômica realizada em amostras de arilo de umbuzeiro (nome: 1426_S65_L001_report.txt) resultou em 50.284 leituras brutas, limpas e purificadas. Destas, 11.124 leituras foram classificadas, 99 leituras de acordes, 39.160 leituras não foram classificadas segundo as bases de dados disponíveis e não foram encontradas leituras artificiais, resultando em 11.025 leituras sequenciadas.

Essas 11.025 leituras identificadas pertencem a uma grande diversidade de bactérias e fungos. Ao nível de filo, a maior abundância ocorre em Ascomycota, Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Cyanobacteria, Basidiomycota, Apicomplexa, Euryarchaeota e Tenericutes; ao nível de família: Hypocreaceae, Nectriaceae, Saccharomycetaceae, Debaryomycetaceae, Bacillaceae, Staphylococcaceae. Cerca de 342 gêneros foram identificados. Foram identificadas 579 espécies diferentes e, dentre elas, dez foram mais abundantes e podem ser consideradas como tendências de estudos: *Trichoderma asperellum*, *Staphylococcus aureus*, *Fusarium verticillioides*, *Paenarthrobacter nicotinovorans*, *Marinilabiliaceae bacterium*, *Acinetobacter baumannii*, *Halomonas heolongliangensis*, *Streptomyces* sp., *Meyerozyma guilliermondii* e *Aureobasidium namibiae* (Figura 3).

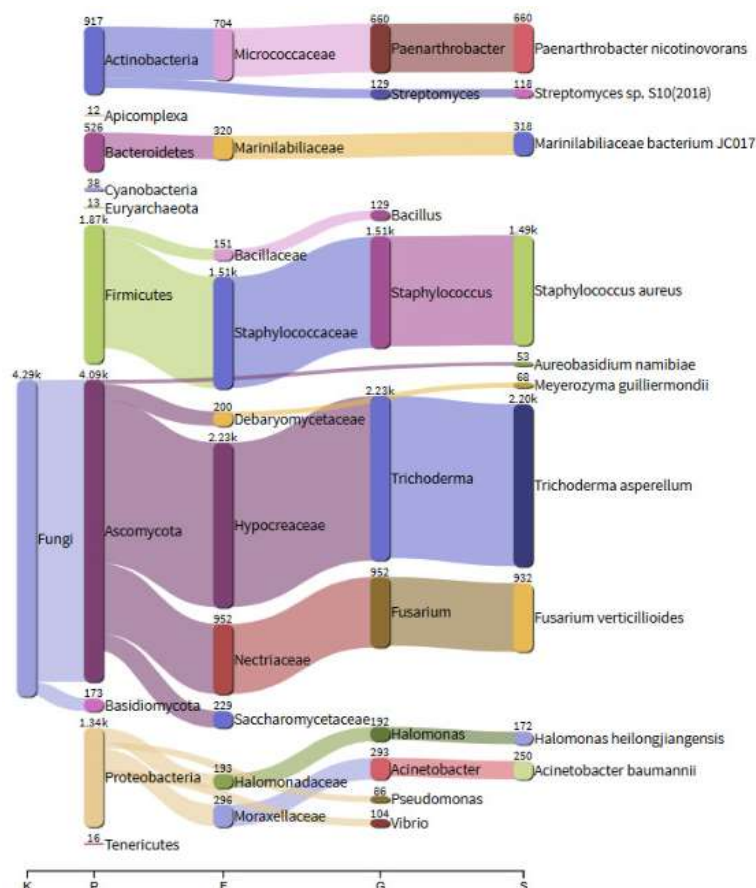


Figura 3. Diagrama de Sankey da classificação resumida do metagenoma de arilo do umbuzeiro.

6.3.2 Perfil metagenômico de bactérias

O microbioma representado por bactérias apresentou uma distinção significativa ao nível de gênero na porcentagem de DNA encontrado na amostra. Isso pode estar ligado à proximidade entre esses indivíduos, representados em dois clusters e subdivididos em sete subclusters finais, totalizando 31 gêneros, sendo os mais diferentes *Lactobacillus* sp., *Paenibacillus* sp., *Azorhizobium* sp., *Pantoea*, *Pseudomonas* sp., *Bacillus* sp. e *Streptomyces* sp (Figura 4).

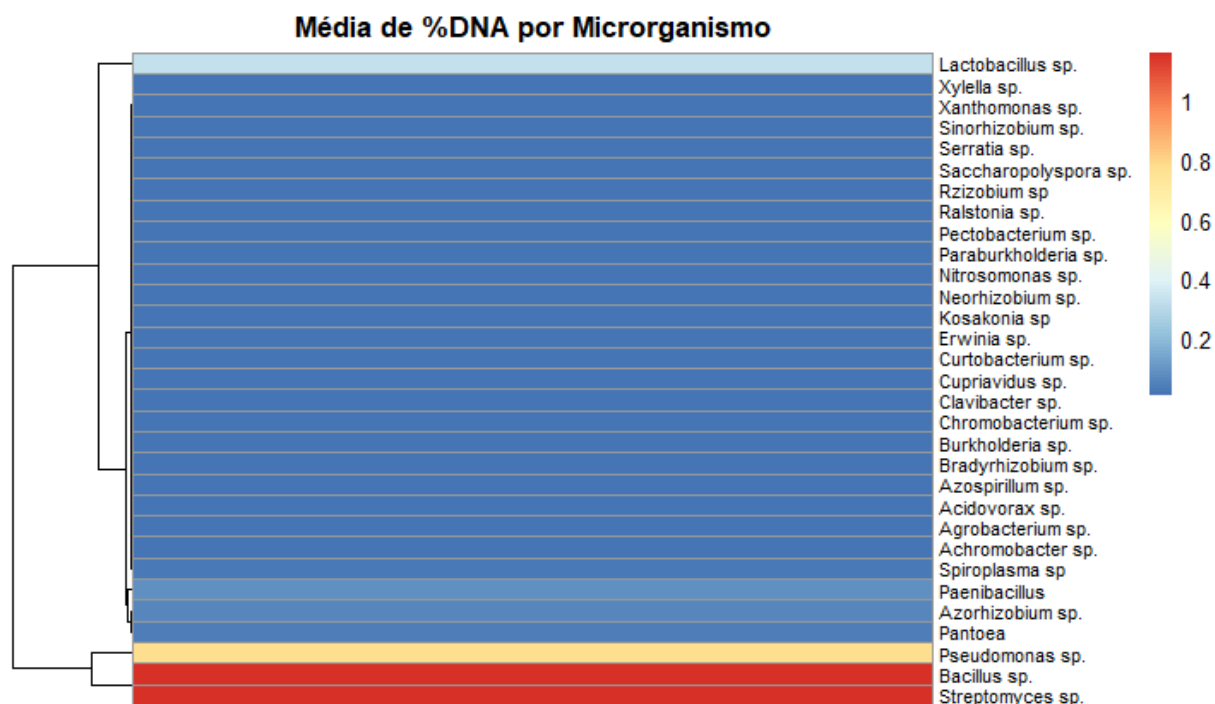


Figura 4. Mapa de calor representando a abundância de DNA das bactérias encontradas na amostra de arilo de umbu.

No primeiro cluster, os gêneros que se mostraram mais divergentes entre os demais foram *Streptomyces* sp., *Bacillus* sp. e *Pseudomonas* sp.. O segundo cluster foi subdividido em outros dois clusters, sendo o gênero *Lactobacillus* o que se mostrou mais divergente dentro desse grupo. A outra extremidade formou três subclusters, com diferenças menores para *Paenibacillus*, *Azorhizobium* sp. e *Pantoaea*, enquanto o outro subcluster incluiu 24 gêneros.

Na Figura 5, representada pelo Diagrama de Venn, podem ser notadas diferenças dos microrganismos dentro do microbioma através das suas funções. Cada círculo compõe microrganismos que desempenham uma função diferente, mostrando que existem microrganismos que podem atuar de diversas maneiras.

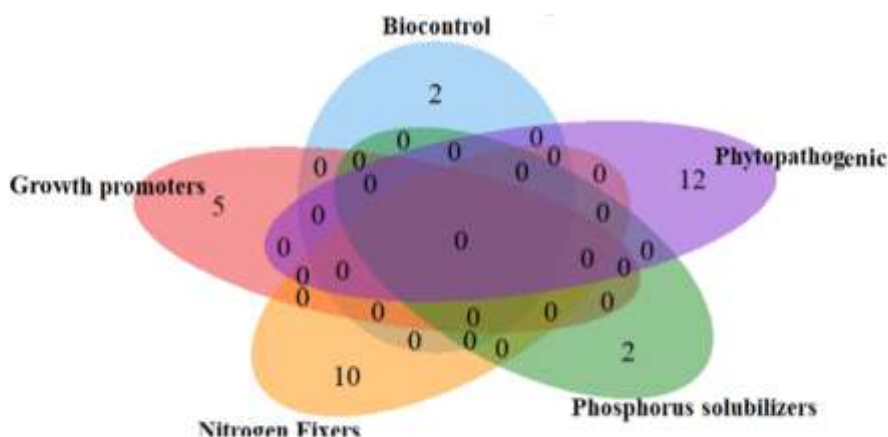


Figura 5. Diagrama de Venn, representando o comportamento do microbioma de acordo com o potencial das bactérias sequenciadas na metagenômica do arilo de umbuzeiro.

A análise de componentes principais entre bactérias revelou diferenças significativas nas contribuições das funções no microbioma. De acordo com esses dados, o primeiro componente explica 24% da variância e o segundo componente explica 21,3%, pode-se inferir que esses dois componentes explicam quase 50% da variância total analisada. Obviamente, isso

demonstra uma magnitude semelhante dos diferentes grupos potenciais em que cada um exerce uma contribuição significativa dentro do microbioma do endocarpo do umbu, relacionando-se positivamente ou negativamente. A categoria de microrganismos promotores de crescimento, fixadores de nitrogênio e solubilizadores de fósforo são correlacionados positivamente entre si, e negativamente relacionados com os fitopatogênicos e de controle biológico (Figura 6).

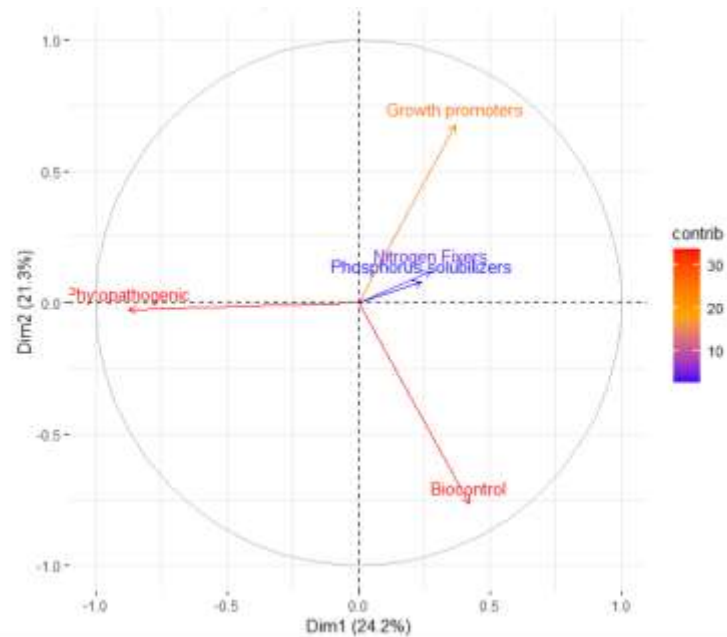


Figura 6. Componentes principais relacionados a potenciais funções das bactérias.

O mapa de correlação fornece uma visualização mais detalhada da força dessas correlações entre as bactérias desse microbioma. Assim, pode-se perceber que a correlação entre esses microrganismos apresenta pouca discrepância, concentrados em forte positivo, representado pela cor azul e fraco negativo representado pela cor rosa fraco. A ausência da cor vermelha demonstra que eles não se correlacionam negativamente dentro do bioma (Figura 7).

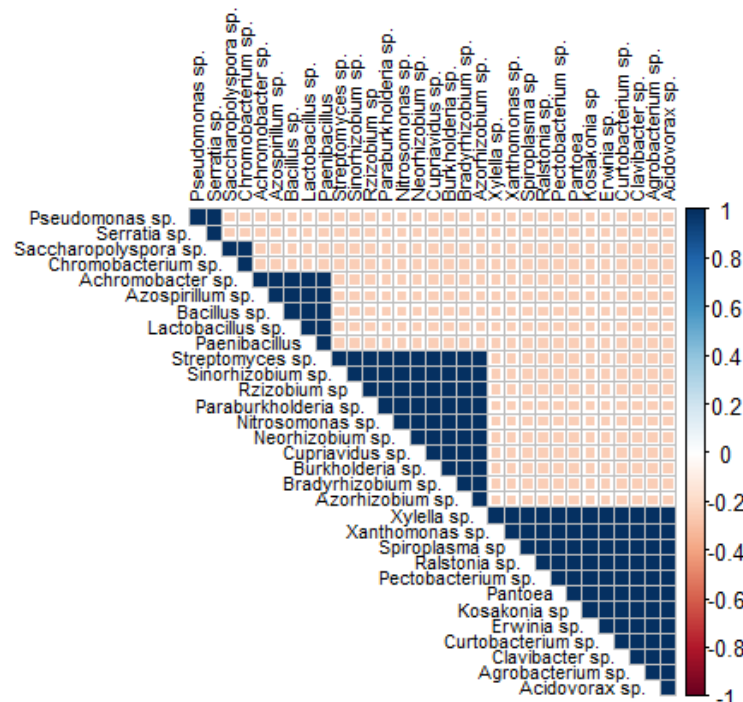


Figura 7. Mapa de calor das correlações entre as bactérias.

6.3.3 Perfil metagenômico de fungo

O microbioma representado por fungos apresentou diferenças significativas na abundância de DNA disponível. Foram encontrados 36 gêneros diferentes, que se comportam de maneiras distintas e se organizam em dois grupos, sendo um deles representado pelo *Trichoderma*, gênero mais abundante. O outro grupo subdivide-se em mais dois clusters, isolando o *Fusarium* em um deles, e no outro novas subdivisões que resultam em oito subgrupos (Figura 8).

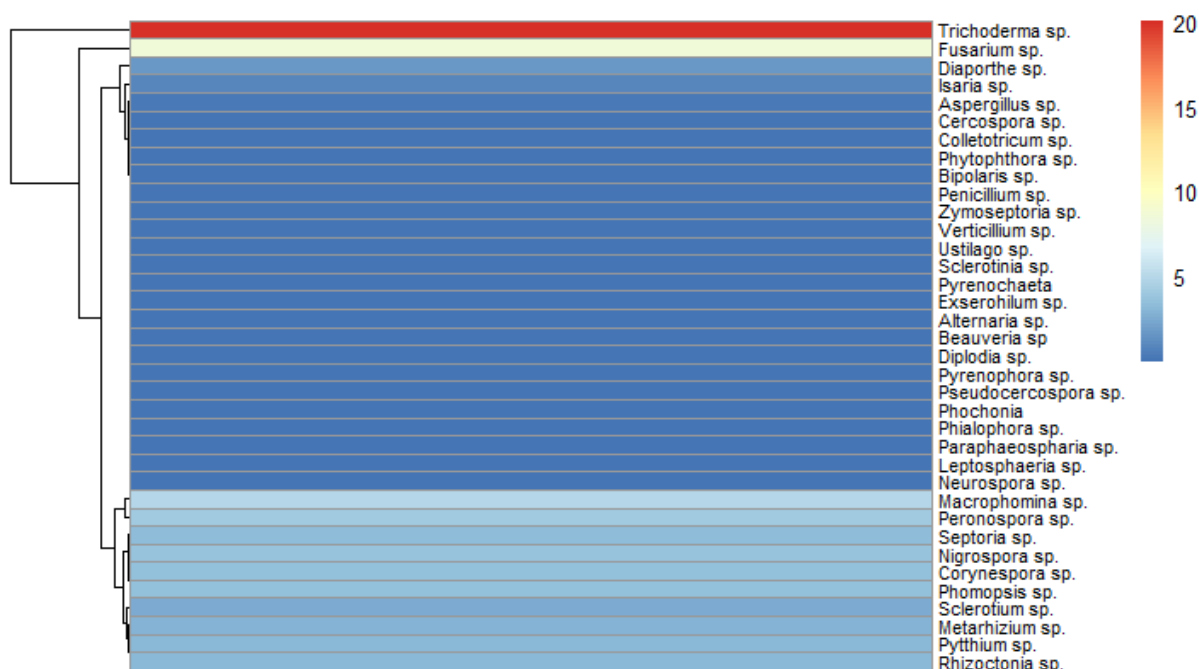


Figura 8. Mapa de calor representando a abundância de DNA dos fungos encontrados na amostra de arilo de umbu.

O potencial de maior importância dos fungos é voltado para duas categorias: o controle biológico, que representa uma excelente alternativa para o controle sustentável de pragas e doenças na lavoura, e os fitopatogênicos, que podem causar danos às plantas. Os círculos no Diagrama de Venn demonstram que essas duas categorias não se agrupam, ou seja, não ocorre sobreposição entre elas, indicando que são indivíduos com funções específicas, informação útil para o desenvolvimento de multiprodutos comerciais (Figura 9).

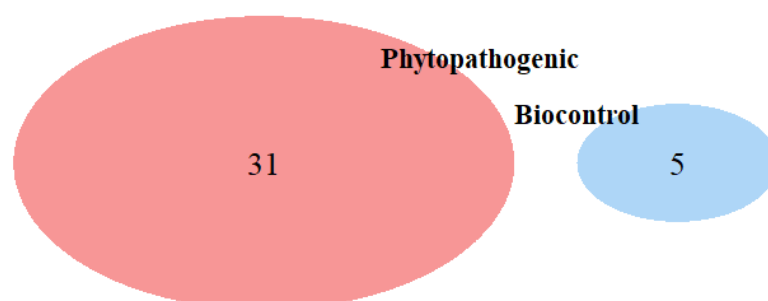


Figura 9. Diagrama de Venn para fungos.

A matriz de correlação destacada pelo mapa de calor corrobora as informações anteriores de que os fungos que realizam as funções não se correlacionam. No gráfico, é possível destacar que os fungos que desempenham potencial para o biocontrole, como *Trichoderma* sp., *Phochonia*, *Metarhizium* sp., *Isaria* sp. e *Beauveria* sp., possuem correlação positiva forte entre si e altamente negativa com os demais fungos descritos na figura, como o *Fusarium* sp., *Alternaria* sp. e *Aspergillum* sp., fitopatogênicos que, da mesma forma, possuem correlação positiva forte entre si e negativamente forte com os de biocontrole (Figura 10).

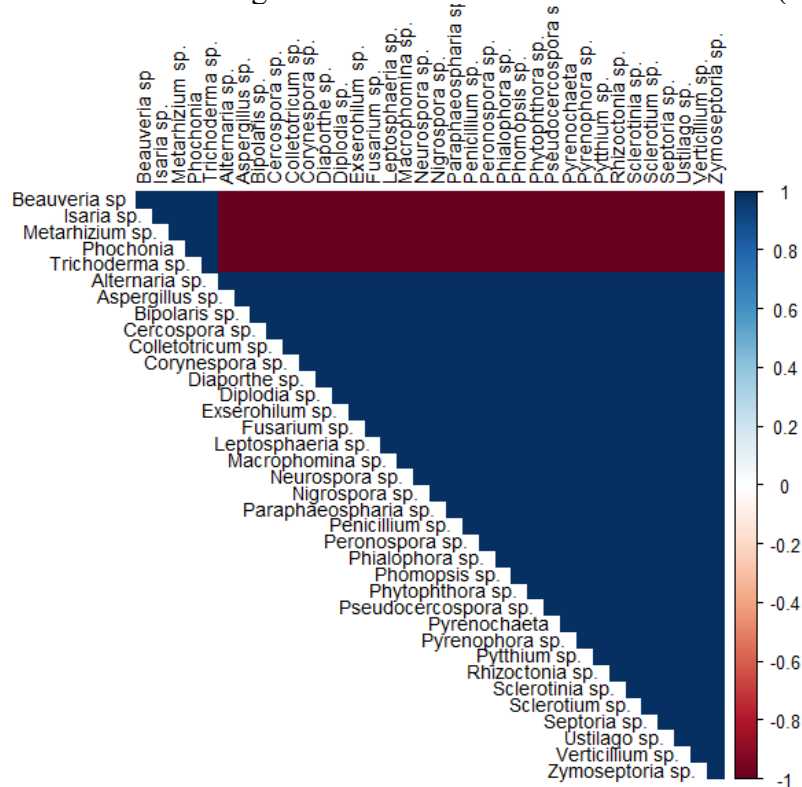


Figura 10. Mapa de calor das correlações para os fungos do arilo de umbuzeiro.

6.3.4 Identificação do perfil metagenômico ao nível de espécie

A abordagem metagenômica da amostra de arilo do umbuzeiro identificou 579 espécies diferentes (Dados Suplementares). Destas, dez espécies destacaram-se como as mais abundantes e pertencem a variedades de fungos (quatro gêneros) e variedades de bactérias (seis gêneros). O fungo *Trichoderma asperellum* foi encontrado em maior abundância com 19,77% e *Fusarium verticillioides* (8,38%), sequencialmente, as bactérias *Staphylococcus aureus* (13,40%), *Paenarthrobacter nicotinovorans* (5,93%), *Marinilabiliaceae bacterium* JC017 (2,86%), *Acinetobacter baumannii* (2,25%), *Halomonas heilongjiangensis* (1,55%), *Streptomyces* sp. S10 (1,06%) e fungos *Meyerozyma guilliermondii* (0,61%) e *Aureobasidium namibiae* (0,48%) (Tabela 1).

Tabela 1. Espécies mais abundantes encontradas no arilo de *Spondias tuberosa* por meio da metagenômica.

Espécies mais abundantes	% DNA
<i>Trichoderma asperellum</i>	19,77
<i>Staphylococcus aureus</i>	13,4
<i>Fusarium verticillioides</i>	8,38
<i>Paenarthrobacter nicotinovorans</i>	5,93
<i>Marinilabiliaceae bacterium</i> JC017	2,86
<i>Acinetobacter baumannii</i>	2,25
<i>Halomonas heilongjiangensis</i>	1,55

<i>Streptomyces sp. S10(2018)</i>	1,06
<i>Meyerozyma guilliermondii</i>	0,61
<i>Aureobasidium namibiae</i>	0,48

Espécies potenciais de *Bacillus* também foram identificadas na análise metagenômica do arilo de umbu. As espécies do gênero *Bacillus* mostraram menos abundantes em relação à quantidade de DNA das espécies anteriormente relatadas, porém, apresentaram uma maior diversidade de espécies no mesmo gênero com 25 espécies identificadas dentro do gênero, sendo a grande maioria descrita com potencial benéfico para plantas (Tabela 2).

Tabela 2. Diversidade e abundância de espécies de *Bacillus* do arilo de *Spondias tuberosa*.

Espécies de <i>Bacillus</i>	% DNA
<i>Bacillus altitudinis</i>	0,4
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	0,2
<i>Bacillus aquimaris</i>	0,2
<i>Bacillus cecembensis</i>	0,2
<i>Bacillus cereus</i>	0,11
<i>Bacillus fastidiosus</i>	0,1
<i>Bacillus massilionigeriensis</i>	0,2
<i>Bacillus massiliosenegalensis</i>	0,2
<i>Bacillus megaterium</i>	0,4
<i>Bacillus panaciterrae</i>	0,2
<i>Bacillus simplex</i>	0,2
<i>Bacillus sinesaloumensis</i>	0,2
<i>Bacillus sp. LL01</i>	0,16
<i>Bacillus sp. MUM 116</i>	0,1
<i>Bacillus sp. OG2</i>	0,13
<i>Bacillus sp. PK3_68</i>	0,2
<i>Bacillus sp. SAJI</i>	0,2
<i>Bacillus sp. SRB_28</i>	0,2
<i>Bacillus sp. SRB_8</i>	0,4
<i>Bacillus sp. T33-2</i>	0,2
<i>Bacillus sp. UMB0728</i>	0,2
<i>Bacillus sp. V5-8f</i>	0,2
<i>Bacillus sporothermodurans</i>	0,1
<i>Bacillus thuringiensis</i>	0,1
<i>Bacillus toyonensis</i>	0,3

6.3.5 Estudo dependente de cultivo

Pelo método dependente de cultivo, foram observados nove possíveis gêneros de bactérias, com características visuais distintas e diferenças no teste Gram, indicando haver bactérias que são Gram-negativas e outras Gram-positivas, a exemplo do *Bacillus*, *Lactobacillus* e *Streptomyces*, que geralmente são bactérias Gram-positivas, e *Pseudomonas*, que geralmente são bactérias Gram-negativas (Figura 11).

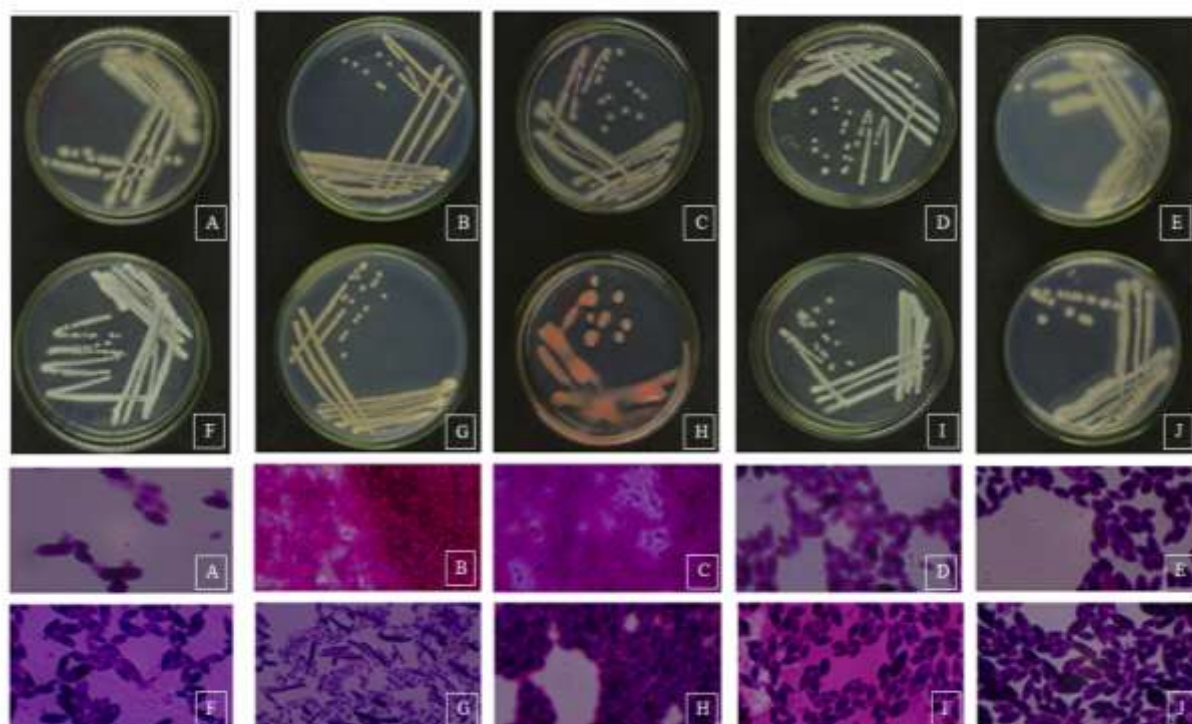


Figura 11. Visualizações microbiana e microscopia de bactérias Gram-negativas (A, B, C, D e E) e bactérias Gram-positivas (F, G, H, I e J) isoladas do arilo de *Spondias tuberosa*.

O estudo baseado em técnicas dependentes de cultivo permitiu a recuperação de uma diversidade de gêneros previamente identificados por meio da análise metagenômica. A análise preliminar ao nível de gênero necessita de uma caracterização detalhada para desmistificar a possibilidade de ocorrência tanto de espécies já descritas na literatura quanto de potenciais novas espécies ainda inexploradas associada a *S. tuberosa* (Figura 12).

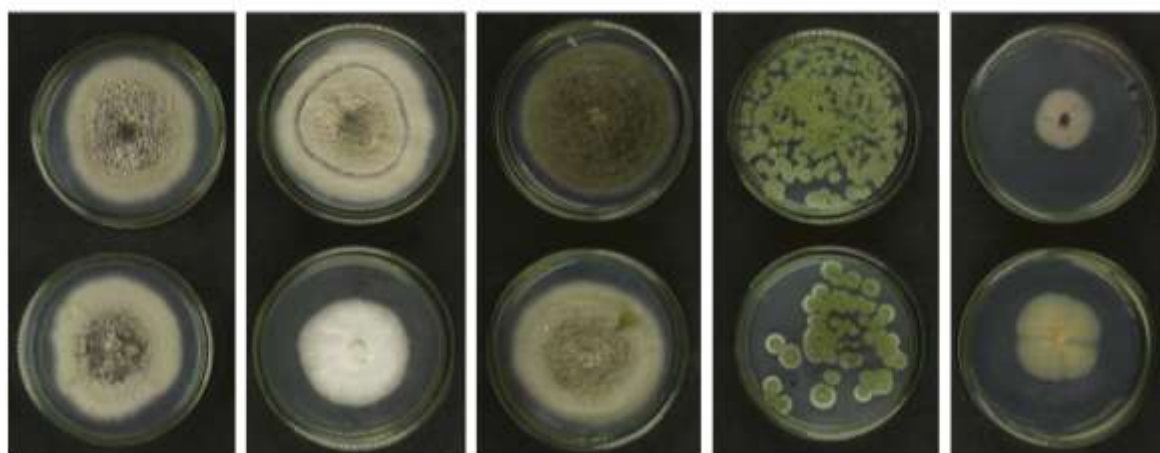


Figura 12. Fungos isolados do arilo de *Spondias tuberosa*.

Dentre os fungos avaliados estão o *Fusarium verticiloides*, *Trichoderma asperillum* e *Aureobasidium namibiae*, encontrados em maior abundância na análise metagenômica (Figura 13).

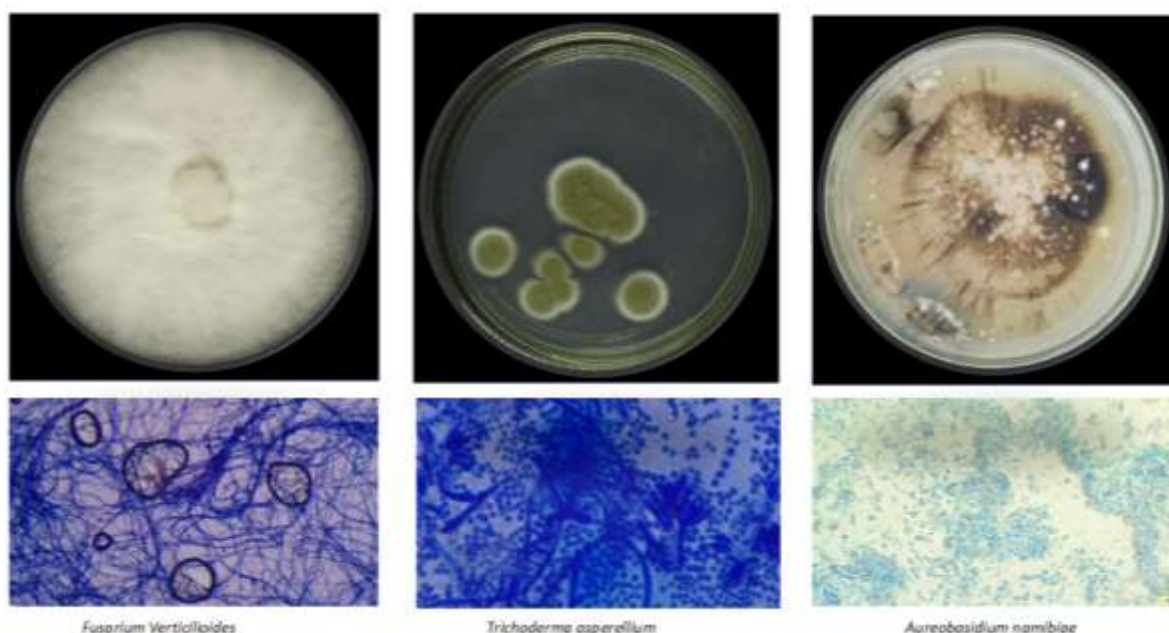


Figura 13. Espécies de fungos isolados do arilo de *Spondias tuberosa* e suas respectivas visualizações microscópicas.

Os fungos e bactérias obtidos do arilo de *Spondias tuberosa* neste experimento apresentaram algumas características visuais e sensoriais, como cor, viscosidade, disposição das colônias e cheiros específicos, como o de baunilha exalado pelo fungo *Aureobasidium namibiae*, um possível promissor para a utilização de baunilha natural para o mercado.

6.4. Discussão

Os resultados da análise metagenômica revelaram avanços nos estudos relacionados ao perfil taxonômico do microbioma do arilo (endocarpo) de umbu, demonstrando uma vasta diversidade de bactérias e fungos nos níveis de gênero e espécie.

As espécies identificadas em maior abundância, *Trichoderma asperellum*, *Fusarium verticillioides*, *Staphylococcus aureus*, *Streptomyces* sp. S10, *Halomonas heilongjiangensis*, *Actinobacter baumannii*, *Aureobasidium namibiae*, *Paenarthrobacter nicotinovorans*, *Marinilabiliaceae bacterium JC017* e *Meyerozyma guilliermondii*, apresentam potencialidades que possibilitam sua classificação como agentes benéficos às plantas, em aplicações como biocontrole, biofertilizante, fixação de nitrogênio, ciclagem de nutrientes, tolerância à salinidade, além de propriedades antimicrobianas, antioxidantes e de resistência ao estresse abiótico. Embora algumas espécies sejam tradicionalmente descritas como fitopatogênicas, como *Fusarium verticillioides* e *Staphylococcus aureus*, ou associadas a riscos à saúde humana, como *Actinobacter baumannii*, em determinadas condições ambientais essas espécies patogênicas podem estabelecer interações bioestimulantes à planta (Kumari *et al.*, 2022).

Trichoderma asperellum é um fungo filamentoso que foi detectado com abundância nos dois métodos de prospecção realizados nessa pesquisa: metagenômica e cultivo dependente de cultivo. Trata-se de um fungo amplamente comercializado e utilizado como agente de controle biológico, devido à capacidade de produzir compostos voláteis e diversas enzimas hidrolíticas, como proteases, amilases, celulasas e lactases. Além disso, é capaz de sintetizar substâncias bioativas, como sideróforos (moléculas carreadoras de ferro), auxinas e amônia, que promovem o crescimento conhecido no mercado global de bioprodutos naturais (Yu *et al.*, 2021).

A aplicação de bioinsumos à base de *Trichoderma asperellum* tem sido associada a práticas agrícolas sustentáveis, uma vez que permite a redução do uso de pesticidas e

fertilizantes químicos, favorecendo o equilíbrio ecológico e a segurança ambiental (Wang *et al.*, 2021).

Streptomyces sp. S10 foi descrita pela primeira vez em 2018. Possui grande importância na engenharia genética por ser uma espécie ativadora de genes transposons (PoTeM), utilizados para transferência de genes de interesse para um hospedeiro, fazendo com que ocorra a expressão heteróloga, ou seja, a produção de uma proteína antes inexistente, e a ativação da cobamida, que auxilia na ampla síntese de proteínas funcionais, principalmente antitumorais e antioxidantes (Liu *et al.*, 2018).

Halomonas produz uma enzima, 1,2-dioxigenase, capaz de degradar o fenol produzido por microrganismos fungicidas e bactericidas em ambientes onde ocorre níveis excessivos de salinidade e pH. O fenol causa diversos prejuízos às plantas, inclusive durante o processo de desenvolvimento de frutos e sementes, que pode desencadear alterações no aparelho respiratório e fotossintético, levando-as à morte. Como o fenol acaba prejudicando o crescimento das plantas, a bactéria *Halomonas* atua na proteção e, consequentemente, favorecendo os processos metabólicos em frutos e sementes (Abbas *et al.*, 2022).

O gênero cultivado *Trichoderma asperellum* foi identificado como o mais abundante obtido nas duas metodologias de prospecção aplicadas: metagenômica e cultivo dependente de cultura. O fungo é um excelente estimulador dos processos que envolvem o crescimento vegetal e amplamente conhecido no mercado global de bioprodutos naturais (Yu *et al.*, 2021).

Aureobasidium, gênero de fungos semelhantes às leveduras, tem sido reconhecido pela ampla produção de compostos bioativos, como as enzimas liomocina, compostos fenólicos polimalato e moléculas quelantes, como sideróforo com aplicações industriais. A alta facilidade de edição genômica do gênero desperta o interesse científico, porém as lacunas de informações relacionadas aos processos biossintéticos e ao mapeamento gênico da espécie contribuem para a falta de produtos comerciais no mercado (Wang *et al.*, 2022).

A presença do cheiro de baunilha no fungo isolado do umbu indica a necessidade de pesquisas futuras, principalmente sobre as vias metabólicas para a produção de compostos voláteis orgânicos.

O gênero *Fusarium* apresenta uma ampla capacidade de biossíntese de metabólitos de interesse tanto agrícola quanto industrial. Além disso, o gênero possui genes transposons compatíveis com bactérias e leveduras, o que abre caminhos na engenharia genética para a manipulação dos potenciais existentes no *Fusarium* em outros gêneros que não apresentem riscos patológicos (Pessoa *et al.*, 2017). Esses microrganismos também apresentam propriedades promotoras de crescimento vegetal, o que sugere uma possível atuação sinérgica em benefício do processo de germinação.

Isso significa que esses microrganismos podem ser alvos biotecnológicos para a formulação de produtos comerciais que auxiliem na promoção da germinação, nutrição, crescimento das plantas, entre outros benefícios, visando a diminuição de produtos químicos e fortalecendo a expansão do uso de biofertilizantes na agricultura que ajudam a minimizar problemas agrícolas globais, como o aumento do tempo de vida dos alimentos perecíveis (Arjjumend *et al.*, 2020).

Por outro lado, essas descobertas abrem caminhos para o esclarecimento que auxilia na solução do grande desafio da própria espécie *S. tuberosa*, que consiste em aumentar a taxa de germinação e a quebra de dormência.

Os microrganismos estimuladores biogênicos ou bioestimulantes têm a capacidade de atuar desde a germinação até o completo ciclo vital da planta, promovendo a eficiência do seu metabolismo no uso e processos dos recursos naturais, tolerância aos estressores abióticos, manipulação da ciclagem e absorção de nutrientes, consequentemente, melhoria na qualidade da planta (Shahrajabian *et al.*, 2021).

Esses microrganismos devem ser eficientemente cultivados em larga escala. Notavelmente, 38.180 leituras não apresentaram correspondência com sequências disponíveis em bancos de dados públicos e, portanto, permanecem não identificados. Esse achado sugere

que a espécie nativa da Caatinga brasileira pode abrigar uma diversidade microbiana ainda inexplorada, com aplicação biotecnológica e industrial.

Ambientes com condições abióticas extremas, como os encontrados no bioma Caatinga, caracterizado por irregularidades na distribuição pluviométrica e por longos períodos de seca, podem induzir níveis elevados de estresse fisiológico nas plantas. Em resposta a esses estresses, é comum ocorrer a ativação da liberação de exsudatos, compostos que atuam em função das interações microbianas, favorecendo a atração e o estabelecimento de microrganismos promotores de crescimento vegetal (PGPR) (Upadhyay *et al.*, 2022).

6.5. Conclusões

A aplicação da metagenômica funcional na caracterização da microbiota endofítica do arilo dos endocarpos de *Spondias tuberosa* permitiu revelar uma diversidade microbiana expressiva, composta por espécies com alto potencial biotecnológico. Foram identificadas bactérias e fungos associados a funções como promoção de crescimento vegetal, fixação de nitrogênio, solubilização de fósforo, controle biológico e produção de compostos bioativos. A presença predominante de gêneros como *Trichoderma*, *Streptomyces*, *Pseudomonas*, *Bacillus* e *Aureobasidium* reforça o valor funcional dos endocarpos, tradicionalmente descartados nas cadeias produtivas.

A validação por meio de métodos tradicionais de cultivo confirmou parte dos microrganismos detectados via sequenciamento, reforçando a robustez dos dados gerados. No entanto, a alta proporção de leituras não classificadas também aponta para uma microbiota ainda pouco explorada, com potencial para descoberta de novas espécies e de genes de interesse.

Os resultados obtidos sustentam a hipótese de que os resíduos de frutos do umbuzeiro, especialmente o arilo, representam um recurso estratégico para o desenvolvimento de bioinsumos agrícolas, agregando valor à biodiversidade local e contribuindo para a construção de modelos produtivos mais sustentáveis e integrados à economia circular. Além disso, os microrganismos identificados podem atuar como agentes bioestimulantes para a germinação e crescimento de sementes, oferecendo alternativas para superar os desafios relacionados à propagação da espécie.

Dessa forma, este estudo contribui significativamente para o avanço do conhecimento científico sobre o umbuzeiro e sua microbiota associada, fortalecendo iniciativas de conservação e uso sustentável de espécies nativas da Caatinga.

6.6. Referências Bibliográficas

ABBAS, N. H.; ELSAYED, A.; HASSAN, H. A.; EL-SABBAGH, S.; ELBAZ, A. F.; KHALIL, H. Characterization and expression analysis of extradiol and intradiol dioxygenase of phenol-degrading haloalkaliphilic bacterial isolates. *Current Microbiology*, v. 79, n. 10, p. 294, 2022. <https://doi.org/10.1007/s00284-022-02981-8>

ARJJUMEND, H.; KOUTOUKI, K.; DONETS, O. Comparative advantage of using biopesticides in ukrainian agroecosystems. *European Journal of Agriculture and Food Sciences*, v. 2, n. 6, 2020. <https://doi.org/10.24018/ejfood.2020.2.6.183>

BLOW, N. Exploring unseen communities. *Nature*, v. 453, p. 687-689, 2008.

BREITWIESER, F. P.; LU, J.; SALZBERG, S. L. A review of methods and databases for metagenomic classification and assembly. *Briefings in Bioinformatics*, v. 20, n. 4, p. 1125-1136, 2019. <https://doi.org/10.1093/bib/bbx120>

BREITWIESER, F. P.; SALZBERG, S. L. Pavian: interactive analysis of metagenomics data for microbiome studies and pathogen identification. *Bioinformatics*, v. 36, n. 4, p. 1303-1304, 2020. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz715>

HANSEN, E. H.; MOLLER, B. L.; KOCK, G. R.; BÜNNER, C. M.; KRISTENSEN, C.; JENSEN, O. R.; OKKELS, F. T.; OLSEN, C. E.; MOTAWIA, M. S.; HANSEN, J. De novo biosynthesis of vanillin in fission yeast (*Schizosaccharomyces pombe*) and baker's yeast (*Saccharomyces cerevisiae*). *Applied and Environmental Microbiology*, v. 75, n. 9, p. 2765-2774, 2009. <https://doi.org/10.1128/AEM.02681-08>

JOSHI, N. A.; FASS, J. N. *Sickle: a sliding-window, adaptive, quality-based trimming tool for FastQ files*, 1.33 ed., 2011. Disponível em: <https://github.com/najoshi/sickle>. Acesso em: 10 de maio de 2025.

KUMARI, M.; SWARUPA, P.; KESARI, K. K.; KUMAR, A. Microbial inoculants as plant biostimulants: a review on risk status. *Life*, v. 13, n. 1, p. 12, 2022. <https://doi.org/10.3390/life13010012>

LEMA, N. K.; GEMEDA, M. T.; WOLDESEMAYAT, A. A. Recent advances in metagenomic approaches, applications, and challenges. *Current Microbiology*, v. 80, n. 11, 347, 2023. <https://doi.org/10.1007/s00284-023-03451-5>

LIU, Y.; WANG, H.; SONG, R.; CHEN, J.; LI, T.; LI, Y.; DU, L.; SHEN, Y. Targeted discovery and combinatorial biosynthesis of polycyclic tetramate macrolactam combamides A–E. *Organic Letters*, v. 20, n. 12, p. 3504-3508, 2018. <https://doi.org/10.1021/acs.orglett.8b01285>

LÓPEZ-GARCÍA, E.; BENÍTEZ-CABELLO, A.; RAMIRO-GARCÍA, J.; ROMERO-GIL, V.; RODRÍGUEZ-GÓMEZ, F.; ARROYO-LÓPEZ, F. N. New insights into microbial diversity of the traditional packed table olives aloreña de Málaga through metataxonomic analysis. *Microorganisms*, v. 9, n. 3, p. 561, 2021. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9030561>

MAHMOUD, A. M.; REYAD, A. M.; KHALAF, M. H.; SHETEIWY, M. S.; DAWOOD, M. F. A.; EL-SAWAH, A. M.; SHABAN AHMED, E.; MALIK, A.; AL-QAHTANI, W. H.; ABDEL-MAKSoud, M. A.; MOUSA, N. H. S.; ALYAFEI, M.; ABDELGAWAD, H. Investigating the endophyte Actinomycetota sp. JW0824 strain as a potential bioinoculant to enhance the yield, nutritive value, and chemical composition of different cultivars of anise (*Pimpinella anisum* L.) Seeds. *Biology*, v. 13, n. 8, p. 553, 2024. <https://doi.org/10.3390/biology13080553>

MATOS, F. S.; FREITAS, I. A. S.; PEREIRA, V. L. G.; PIRES, W. K. L. Effect of gibberellin on growth and development of *Spondias tuberosa* seedlings. *Revista Caatinga*, v. 33, n. 4, p. 1124-1130, 2020. <https://doi.org/10.1590/1983-21252020v33n427rc>

NAM, N. DO, H.; LOAN TRINH, K.; LEE, N. Metagenomics: an effective approach for exploring microbial diversity and functions. *Foods*, v. 12, n. 11, p. 2140, 2023. <https://doi.org/10.3390/foods12112140>

PESSÔA, M. G.; PAULINO, B. N.; MANO, M. C. R.; NERI-NUMA, I. A.; MOLINA, G.; PASTORE, G. M. *Fusarium* species a promising tool box for industrial biotechnology.

Applied Microbiology and Biotechnology, v. 101, n. 9, p. 3493-3511, 2017.
<https://doi.org/10.1007/s00253-017-8255-z>

R CORE TEAM. *Writing R Extensions*. R Foundation for Statistical Computing, 4.6.0 ed., 1999.

RODRIGUES, A. M. B.; TORRES, M. F. O.; NUNES, V. V.; SOUZA, J. L.; SANTANA, N. A.; SILVA-MANN, R. Unveiling the structure of *Spondias tuberosa* dispersal units through X-ray imaging. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 71, n. 2, p. 947-956, 2024.
<https://doi.org/10.1007/s10722-023-01751-0>

RODRIGUES, N. L.; COSTA SOUZA, A. L.; OLIVEIRA, C. C.; CARVALHO, M. G.; LIMA, B. R.; ALMEIDA AKUTSU, R. C. C.; LANA, V. S.; RAPOSO, A.; SARAIVA, A.; HAN, H.; DE CARVALHO, I. M. M. Nutritional and biological attributes of *Spondias tuberosa* (Umbu) fruit: An integrative review with a systematic approach. *Journal of Food Composition and Analysis*, v. 130, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2024.106196>

SHAHRAJABIAN, M. H.; CHASKI, C.; POLYZOS, N.; PETROPOULOS, S. A. Biostimulants application: a low input cropping management tool for sustainable farming of vegetables. *Biomolecules*, v. 11, n. 5, p. 698, 2021. <https://doi.org/10.3390/biom11050698>

SILVA, V. P. Umbu physicochemical quality, diversity in the Caatinga biome and promising genotypes for consumption. *Comunicata Scientiae*, v. 15, e3721, 2024
<https://doi.org/10.14295/cs.v15.3721>

SOHAIB, H.; FAYS, M.; KHATIB, A.; RIVIÈRE, J.; EL AOUAD, N.; DESOIGNIES, N. Contribution to the characterization of the seed endophyte microbiome of *Argania spinosa* across geographical locations in Central Morocco using metagenomic approaches. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, 2024. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1310395>

TRAN, D. M.; NGUYEN, D. S.; NGUYEN, T. H.; TRAN, T. P. H.; NGUYEN, A. D. Shotgun metagenomic dataset of root endophytic microbiome of citrus (*Citrus nobilis* L.). *Data in Brief*, v. 56, n. 110777, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2024.110777>

TRINDADE, R. C.; RESENDE, M. A.; PIMENTA, R. S.; LACHANCE, M.; ROSA, C. A. *Candida sergipensis*, a new asexual yeast species isolated from frozen pulps of tropical fruits. *Antonie van Leeuwenhoek*, v. 86, p. 27-32, 2004.

UPADHYAY, S. K.; SRIVASTAVA, A. K.; RAJPUT, V. D.; CHAUHAN, P. K.; BHOJIYA, A. A.; JAIN, D.; CHAUBEY, G.; DWIVEDI, P.; SHARMA, B.; MINKINA, T. Root exudates: mechanistic insight of plant growth promoting rhizobacteria for sustainable crop production. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.916488>

WANG, H.; ZHANG, R.; DUAN, Y.; JIANG, W.; CHEN, X.; SHEN, X.; YIN, C.; MAO, Z. The endophytic strain *Trichoderma asperellum* 6S-2: an efficient biocontrol agent against apple replant disease in China and a potential plant-growth-promoting fungus. *Journal of Fungi*, v. 7, n. 12, p. 1050, 2021. <https://doi.org/10.3390/jof7121050>

WANG, P.; JIA, S.-L.; LIU, G.-L.; CHI, Z.; CHI, Z.-M. *Aureobasidium* spp. and their applications in biotechnology. *Process Biochemistry*, v. 117, p. 72-83, 2022.
<https://doi.org/10.1016/j.procbio.2022.03.006>

WOOD, D. S. S. Kraken: ultrafast metagenomic sequence classification using exact alignments. *Genome Biology*, v. 15, n. R46, p. 1-12, 2014.

XU, J. Invited review: microbial ecology in the age of genomics and metagenomics: concepts, tools, and recent advances. *Molecular Ecology*, v. 15, n. 7, 1713-1731, 2006.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.02882.x>

YU, Z.; WANG, Z.; ZHANG, Y.; WANG, Y.; LIU, Z. Biocontrol and growth-promoting effect of *Trichoderma asperellum* TaspHu1 isolate from *Juglans mandshurica* rhizosphere soil. *Microbiological Research*, v. 242, n. 126596, 2021.
<https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126596>

ZANUDIN, N. A. M.; HASAN, N.; MANSOR, P. Identification and characterization of endophytic fungi from *Garcinia atroviridis* for potential antagonistic against phytopathogenic, *Colletotrichum gloeosporioides*. *Malaysian Applied Biology*, v. 52, n. 4, 97-106, 2023.
<https://doi.org/10.55230/mabjournal.v52ia.d148>

ZHOU, Y.; LIU, M.; YANG, J. Recovering metagenome-assembled genomes from shotgun metagenomic sequencing data: Methods, applications, challenges, and opportunities. *Microbiological Research*, v. 260, n. 127023, 2022.
<https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127023>

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados obtidos ao longo desta dissertação evidenciam a relevância de uma abordagem integrada entre análises fenotípicas e metagenômicas para a compreensão da biodiversidade funcional associada aos endocarpos de *Spondias tuberosa*, uma espécie emblemática da Caatinga. A partir da caracterização morfofisiológica de frutos e sementes, foi possível identificar variabilidade significativa entre genótipos, com implicações diretas para estratégias de conservação, melhoramento genético e uso agroindustrial da espécie.

Paralelamente, a aplicação de técnicas metagenômicas revelou um microbioma endofítico diverso, com destaque para microrganismos com potencial biotecnológico em promoção de crescimento, biocontrole e resistência ao estresse abiótico. A detecção de genes funcionais e metabólitos associados à germinação e à viabilidade das sementes sugere que a comunidade microbiana presente nos endocarpos exerce papel estratégico na fisiologia reprodutiva da planta.

Dessa forma, se reafirma a importância de preservar os recursos genéticos nativos da Caatinga e propõe que os frutos do umbuzeiro sejam valorizados não apenas pelo seu valor nutricional e socioeconômico, mas também como reservatórios de informação genética e funcional, tanto da planta quanto de seus microrganismos associados.

Recomenda-se que estudos futuros aprofundem a interação entre microrganismos endofíticos e os mecanismos de dormência e germinação das sementes de *S. tuberosa*, com vistas à aplicação de bioinsumos na propagação e cultivo da espécie. Além disso, políticas públicas de fomento à bioeconomia devem considerar os resultados aqui apresentados como subsídios para o desenvolvimento sustentável da agricultura no semiárido brasileiro.

ANEXOS

ANEXO A. Laudo da metagenômica realizada no Laboratório de Genética e Biotecnologia (LAGBIO), utilizado nos resultados do Artigo 3, sobre a metagenômica do arilo de *Spondias tuberosa*.

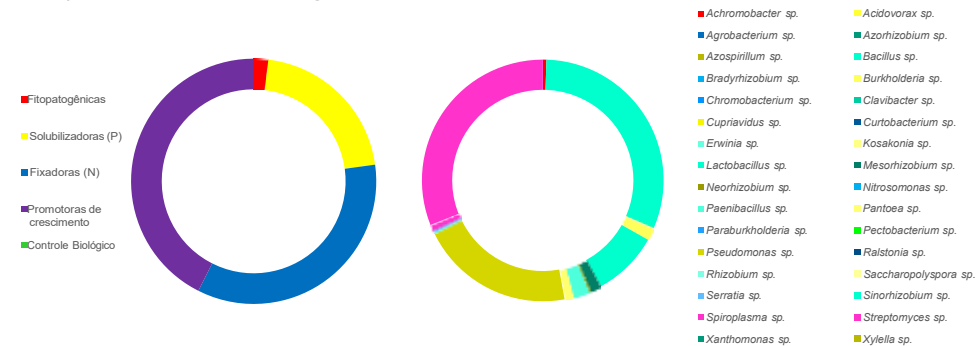


Rodovia estadual, PR182 conexão com a BR163.
Biopark, sala 212.
Toledo, Paraná - BR.
contato@lagbio.com.br



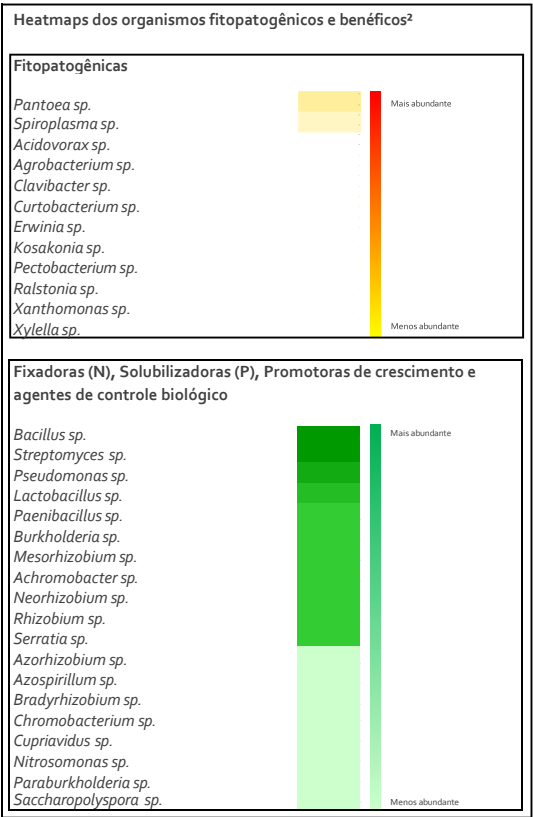
Amostra:	1426M24	Responsável:	Suzana/ Renata	Rótulo:	CEP/Arilo
Data:	nov24	Empresa:	UFS		
A análise metagenômica fornece dados para identificação genotípica das bactérias e fungos presentes, considerando a quantidade do DNA do microrganismo presente na amostra no momento da coleta.					

Distribuição das bactérias de importância agronômica¹

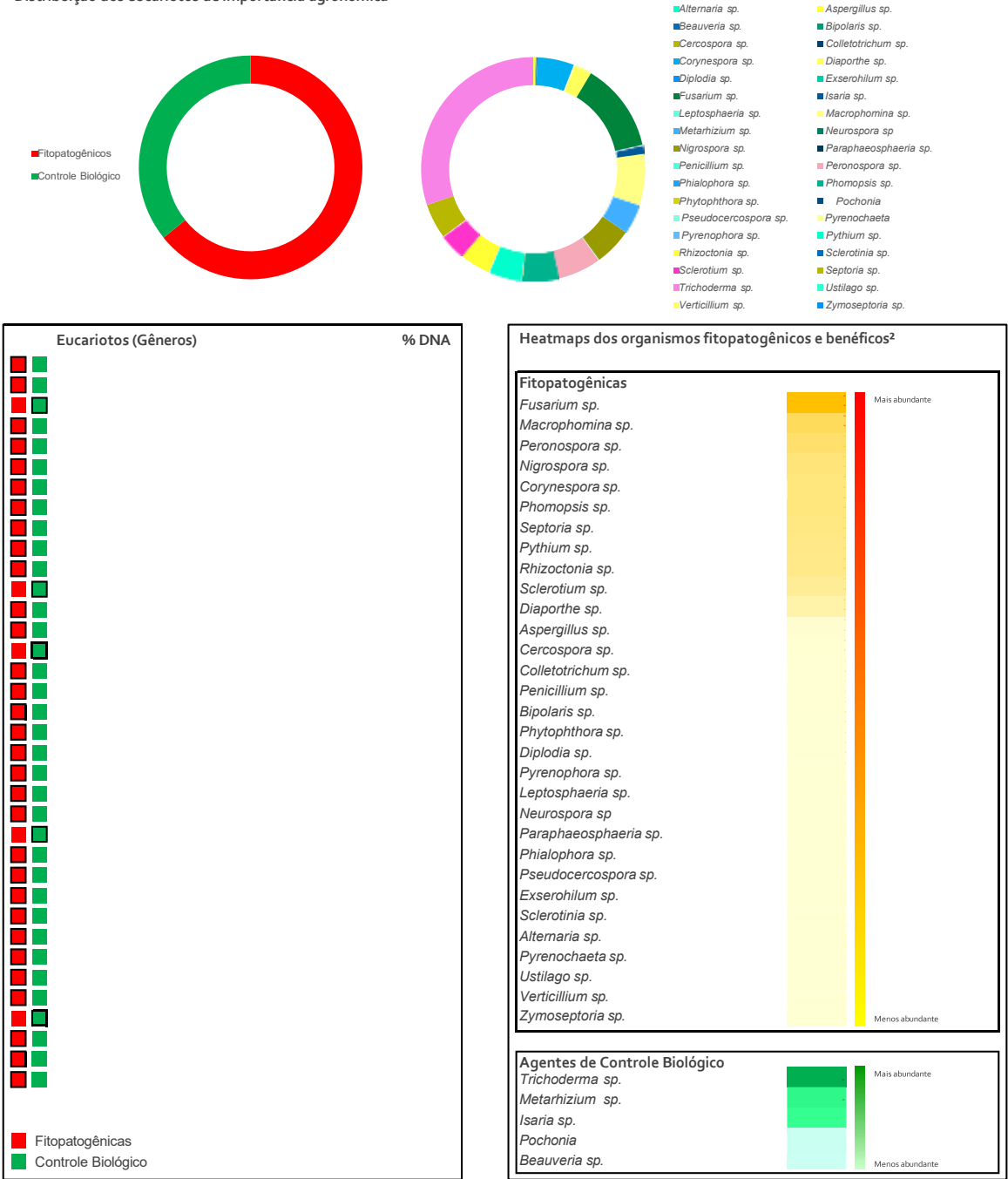


Bactérias (Gêneros)	% DNA
<i>Achromobacter</i> sp.	0.02
<i>Acidovorax</i> sp.	<0.01
<i>Agrobacterium</i> sp.	<0.01
<i>Azorhizobium</i> sp.	<0.01
<i>Azospirillum</i> sp.	<0.01
<i>Bacillus</i> sp.	1.16
<i>Bradyrhizobium</i> sp.	<0.01
<i>Burkholderia</i> sp.	0.06
<i>Chromobacterium</i> sp.	<0.01
<i>Clavibacter</i> sp.	<0.01
<i>Cupriavidus</i> sp.	<0.01
<i>Curtobacterium</i> sp.	<0.01
<i>Erwinia</i> sp.	<0.01
<i>Kosakonia</i> sp.	<0.01
<i>Lactobacillus</i> sp.	0.33
<i>Mesorhizobium</i> sp.	0.05
<i>Neorhizobium</i> sp.	0.01
<i>Nitrosomonas</i> sp.	<0.01
<i>Paenibacillus</i> sp.	0.08
<i>Pantoea</i> sp.	0.04
<i>Paraburkholderia</i> sp.	<0.01
<i>Pectobacterium</i> sp.	<0.01
<i>Pseudomonas</i> sp.	0.77
<i>Ralstonia</i> sp.	<0.01
<i>Rhizobium</i> sp.	0.01
<i>Saccharopolyspora</i> sp.	<0.01
<i>Serratia</i> sp.	0.01
<i>Sinorhizobium</i> sp.	<0.01
<i>Spiroplasma</i> sp.	0.03
<i>Streptomyces</i> sp.	1.16
<i>Xanthomonas</i> sp.	<0.01
<i>Xylella</i> sp.	<0.01
Outros ²	96.26

■ Fitopatogênicas
■ Solubilizadoras (P)
■ Fixadoras (N)
■ Promotoras de crescimento
■ Controle Biológico



Distribuição dos eucariotos de importância agrônômica¹



Análises complementares

Gêneros mais abundantes

	%
<i>Trichoderma</i>	20.05
<i>Staphylococcus</i>	13.56
<i>Fusarium</i>	8.56
<i>Paenarthrobacter</i>	5.93
<i>Macrophomina</i>	4.90
<i>Peronospora</i>	4.18
<i>Nigrospora</i>	3.62
<i>Corynespora</i>	3.52
<i>Phomopsis</i>	3.51
<i>Septoria</i>	3.35

Espécies mais abundantes

	%
<i>Trichoderma asperellum</i>	19.77
<i>Staphylococcus aureus</i>	13.40
<i>Fusarium verticillioides</i>	8.38
<i>Paenarthrobacter nicotinovorans</i>	5.93
<i>Marinilabiliaceae bacterium JCo17</i>	2.86
<i>Acinetobacter baumannii</i>	2.25
<i>Halomonas heilongjiangensis</i>	1.55
<i>Streptomyces</i> sp. S10(2018)	1.06
<i>Meyerozyma guilliermondii</i>	0.61
<i>Aureobasidium namibiae</i>	0.48



LAGBIO
 Análises Genômicas e Biotecnologia
 Cassia Renata Pinheiro
 Responsável técnica - Dra em Genética e melhoramento