

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E
VETERINÁRIAS DE JABOTICABA
Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental**

**CARACTERIZAÇÃO DA MICROBIOTA BACTERIANA ENDOFÍTICA
EM FOLHAS DE PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS:
DIVERSIDADE TAXONÔMICA E NÚCLEO MICROBIANO**

CINARA RAMOS SALES

Relatório de Pós-doutorado realizado na
Universidade Estadual Paulista “Júlio de
Mesquita Filho” (UNESP), Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, Câmpus de
Jaboticabal.

Supervisora: Prof^ª Dr^ª Eliana Gertrudes de
Macedo Lemos

PROGRAMA DE PÓS-DOCTORADO DA UNESP

Jaboticabal

2026

RESUMO

As Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANCs) constituem fontes pouco exploradas de diversidade microbiana, podendo abrigar bactérias endofíticas com potencial aplicação em sistemas agrícolas sustentáveis. Este trabalho teve como objetivo caracterizar a microbiota bacteriana endofítica associada a folhas de PANCs, com ênfase na diversidade taxonômica, na comparação entre faces foliares e na identificação do núcleo microbiano. Foram avaliadas cinco espécies vegetais: *Stachys byzantina*, *Lactuca indica*, *Pereskia aculeata*, *Tropaeolum majus* e *Rumex acetosa*. A comunidade bacteriana foi analisada por sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA, seguido de processamento bioinformático, avaliação da diversidade alfa, análise da composição taxonômica e determinação do núcleo microbiano em nível de família e gênero. Os resultados revelaram comunidades bacterianas diversas, sem separação evidente entre as faces superior e inferior das folhas, indicando estabilidade geral da diversidade alfa entre as microregiões foliares. A composição taxonômica, entretanto, variou entre as amostras, sugerindo influência da espécie vegetal hospedeira na estruturação da microbiota. O núcleo microbiano incluiu gêneros como *Pseudonocardia*, *Brevundimonas*, *Leucobacter*, *Niabella*, *Dietzia*, *Devosia*, *Chryseobacterium* e *Lysobacter*, grupos associados a ambientes vegetais e com potencial interesse biotecnológico. Os dados indicam que PANCs representam reservatórios promissores de bactérias endofíticas e fornecem subsídios para estudos futuros de bioprospecção, controle biológico e desenvolvimento de bioinsumos.

Palavras-chave: microbioma vegetal; bactérias endofíticas; PANCs; gene 16S rRNA; núcleo microbiano; bioinsumos.

1. INTRODUÇÃO

A intensificação dos sistemas agrícolas tem contribuído para o aumento da produtividade, mas também ampliou a dependência de fertilizantes, pesticidas e outros insumos químicos, com reflexos sobre a qualidade do solo, a biodiversidade microbiana e a sustentabilidade dos agroecossistemas (Hardoim et al., 2015). Nesse cenário, estratégias baseadas no uso da microbiota associada às plantas têm ganhado destaque como alternativas para fortalecer processos biológicos naturais, reduzir impactos ambientais e favorecer sistemas produtivos mais resilientes (Hardoim et al., 2015; Fanai et al., 2024; Tariq et al., 2025).

O microbioma vegetal é composto por comunidades microbianas que colonizam diferentes compartimentos da planta, incluindo rizosfera, filosfera e endosfera (Ali et al., 2024). Entre esses grupos, as bactérias endofíticas apresentam especial interesse biotecnológico por colonizarem tecidos internos sem causar sintomas de doença e por estabelecerem interações funcionais com o hospedeiro. Essas bactérias podem contribuir para a promoção do crescimento vegetal, solubilização e mobilização de nutrientes, produção de fitohormônios, síntese de sideróforos, produção de enzimas hidrolíticas, indução de resistência e supressão de fitopatógenos (Hardoim et al., 2015; Morales-Cedeño et al., 2021).

A utilização de bactérias endofíticas como fontes de bioinsumos depende não apenas do isolamento de microrganismos cultiváveis, mas também da compreensão da estrutura das comunidades microbianas associadas às plantas (Lundberg et al., 2013). Nesse sentido, abordagens baseadas no sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA permitem acessar a fração cultivável e não cultivável da microbiota bacteriana, identificar padrões de composição taxonômica e reconhecer grupos recorrentes que podem compor o núcleo microbiano do hospedeiro (Shade; Handelsman, 2012; Toju et al., 2018). A identificação desses grupos é relevante porque microbiomas nativos e recorrentes podem desempenhar funções importantes na adaptação vegetal, na estabilidade da comunidade e na resposta da planta a estresses bióticos e abióticos (Zhou et al., 2024).

As Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANCs) representam um grupo vegetal de elevado valor alimentar, ecológico e cultural, mas ainda pouco explorado em estudos de microbiologia agrícola (Kinupp; Lorenzi, 2014). Essas plantas incluem

espécies nativas, espontâneas ou cultivadas, frequentemente negligenciadas pelas cadeias produtivas convencionais, apesar de seu potencial nutricional e de sua adaptação a diferentes condições ambientais (Kinupp; Lorenzi, 2014). Por apresentarem rusticidade, ampla diversidade biológica e menor grau de domesticação quando comparadas às culturas agrícolas convencionais, as PANCs podem abrigar comunidades endofíticas particulares, possivelmente associadas à sua capacidade de adaptação e sobrevivência em ambientes contrastantes.

Apesar dos avanços recentes no estudo de microrganismos promotores de crescimento e agentes de biocontrole em culturas agrícolas tradicionais, ainda são escassas as informações sobre a microbiota bacteriana endofítica associada às PANCs. Permanece pouco compreendido como essas comunidades se distribuem entre diferentes espécies vegetais e faces foliares, quais famílias e gêneros bacterianos são predominantes e quais táxons compõem o núcleo microbiano dessas plantas. Essa lacuna limita a identificação de grupos bacterianos prioritários para estudos posteriores de bioprospecção, controle biológico e desenvolvimento de bioinsumos.

Diante disso, torna-se relevante investigar a diversidade taxonômica e a estrutura da microbiota bacteriana endofítica associada às folhas de PANCs, considerando a variação entre espécies vegetais, a comparação entre faces foliares e a identificação de táxons recorrentes. O presente relatório apresenta as atividades desenvolvidas na caracterização da microbiota bacteriana endofítica de PANCs, com ênfase na composição taxonômica, no núcleo microbiano e no potencial biotecnológico dos principais grupos bacterianos detectados.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Caracterizar a microbiota bacteriana endofítica associada a folhas de Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANCs), com ênfase na diversidade taxonômica, na comparação entre espécies vegetais e faces foliares, na identificação do núcleo microbiano e na indicação de grupos bacterianos de interesse para futuras aplicações em bioprospecção, controle biológico e desenvolvimento de bioinsumos.

2.2 Objetivos específicos

- Caracterizar a diversidade bacteriana endofítica associada às folhas de PANCs por meio do sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA;
- Comparar a composição da microbiota bacteriana entre espécies vegetais e faces foliares;
- Determinar a diversidade alfa da comunidade bacteriana, com base na riqueza observada de ASVs e no índice de Shannon;
- Identificar as principais famílias e gêneros bacterianos associados às PANCs avaliadas;
- Caracterizar o núcleo microbiano em nível de família e gênero;
- Indicar grupos bacterianos de interesse para estudos futuros de bioprospecção, controle biológico e desenvolvimento de bioinsumos;
- Contribuir para a formação de recursos humanos em microbiologia agrícola, análise de microbiomas e bioprospecção microbiana.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Espécies vegetais avaliadas

Foram avaliadas cinco espécies de Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANCs): *Stachys byzantina* K. Koch, conhecida como peixinho-da-horta; *Lactuca indica* L., conhecida como almeirão-roxo; *Pereskia aculeata* Mill., conhecida como ora-pro-nóbis; *Tropaeolum majus* L., conhecida como capuchinha; e *Rumex acetosa* L., conhecida como azedinha. Essas espécies foram selecionadas em razão de sua rusticidade, relevância alimentar e potencial de abrigar comunidades microbianas endofíticas associadas a funções ecológicas e biotecnológicas.

As folhas foram utilizadas como tecido vegetal de referência para a caracterização da microbiota bacteriana endofítica, considerando separadamente as faces superior e inferior, a fim de avaliar possíveis variações na composição microbiana associadas às microregiões foliares.

3.2 Preparação do material vegetal e extração de DNA total

As amostras foliares foram submetidas à desinfecção superficial para reduzir a interferência de microrganismos epifíticos e favorecer a análise da comunidade endofítica. Após esse procedimento, as folhas foram maceradas em nitrogênio líquido com pistilo e cadinho, e aproximadamente 100 mg do material macerado foram utilizados para a extração de DNA total.

O DNA total foi extraído utilizando-se o DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen), conforme recomendações do fabricante. A qualidade e a integridade do DNA extraído foram verificadas por eletroforese em gel de agarose, enquanto a concentração foi determinada por fluorometria em Qubit® 2.0 Fluorometer, utilizando o Qubit™ DNA BR Assay Kit. O DNA obtido foi utilizado para a construção das bibliotecas de amplicons da região V4 do gene 16S rRNA.

3.3 Construção da biblioteca e sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA

A caracterização da comunidade bacteriana endofítica foi realizada por meio do sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA, marcador amplamente utilizado em estudos de diversidade bacteriana e análise de microbiomas vegetais (Caporaso et al., 2010; Lundberg et al., 2013). A construção das bibliotecas foi conduzida de acordo com protocolo de amplificação em duas etapas, utilizando primers específicos para a região V4 do gene 16S rRNA.

O sequenciamento foi realizado em plataforma Illumina MiSeq, permitindo a obtenção de leituras pareadas para posterior análise da composição taxonômica da microbiota bacteriana associada às folhas das PANCs.

3.4 Processamento bioinformático das sequências

As sequências obtidas foram processadas no ambiente QIIME2, plataforma amplamente empregada para análise reprodutível de dados de microbioma (Bolyen et al., 2019). Inicialmente, foram realizadas etapas de controle de qualidade, remoção de primers, filtragem das leituras, remoção de quimeras e união das leituras pareadas.

A inferência das variantes de sequência de amplicons, denominadas ASVs, foi realizada com o algoritmo DADA2, que permite maior resolução taxonômica em comparação aos métodos tradicionais baseados em unidades taxonômicas operacionais (OTUs) (Callahan et al., 2016). Sequências atribuídas a cloroplastos e mitocôndrias foram removidas das análises, visando manter apenas sequências bacterianas.

A atribuição taxonômica das ASVs foi realizada com base no banco de dados SILVA, utilizado como referência para classificação de sequências ribossomais bacterianas (Quast et al., 2013).

3.5 Análises de diversidade alfa e composição taxonômica

A diversidade alfa da comunidade bacteriana endofítica foi avaliada por meio da riqueza observada de ASVs e do índice de Shannon. Esses parâmetros permitiram estimar, respectivamente, a riqueza taxonômica e a diversidade da comunidade bacteriana associada às folhas das PANCs.

A composição taxonômica foi avaliada em nível de família e gênero, considerando a abundância relativa dos principais grupos bacterianos detectados nas amostras. As análises foram realizadas comparando as diferentes espécies vegetais e as faces superior e inferior das folhas, com o objetivo de verificar padrões de distribuição da microbiota bacteriana endofítica entre os hospedeiros avaliados.

3.6 Análise de agrupamento hierárquico

Para avaliar padrões de similaridade na composição bacteriana entre as amostras, foi realizada análise de agrupamento hierárquico com base na abundância relativa dos gêneros bacterianos. Os dados foram organizados em mapas de calor, permitindo visualizar a distribuição dos principais táxons entre as espécies de PANCs e identificar possíveis agrupamentos associados à planta hospedeira ou à região foliar.

3.7 Determinação do núcleo microbiano

O núcleo microbiano foi determinado com base na recorrência dos táxons bacterianos nas amostras avaliadas. Foram incluídos na composição do núcleo

microbiano os táxons com abundância relativa mínima de 0,01% e prevalência em pelo menos 20% das amostras, considerando o conjunto total das amostras.

A identificação do núcleo microbiano foi realizada em nível de família e gênero, considerando o conjunto total das amostras e, quando pertinente, as faces superior e inferior das folhas separadamente. Essa abordagem teve como finalidade reconhecer táxons recorrentes e indicar grupos bacterianos de interesse para estudos futuros de bioprospecção, controle biológico, promoção de crescimento vegetal e desenvolvimento de bioinsumos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises realizadas permitiram caracterizar a microbiota bacteriana endofítica associada às folhas de Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANCs), considerando a diversidade alfa, a composição taxonômica em nível de família e gênero, os padrões de agrupamento entre amostras e a identificação do núcleo microbiano. Essa abordagem possibilitou avaliar não apenas quais grupos bacterianos estão presentes nas folhas das PANCs, mas também como esses táxons se distribuem entre espécies vegetais e faces foliares, contribuindo para a seleção de grupos com potencial interesse biotecnológico.

4.1 Diversidade alfa da microbiota bacteriana endofítica

A diversidade alfa foi avaliada com base na riqueza observada de ASVs e no índice de Shannon. A análise indicou distribuição semelhante da diversidade bacteriana entre as faces superior e inferior das folhas, sem separação evidente entre os grupos avaliados (Figura 1). Embora tenha sido observada variação entre as amostras, tanto a riqueza de ASVs quanto o índice de Shannon sugerem que ambas as regiões foliares abrigam comunidades bacterianas endofíticas com diversidade relativamente equilibrada.

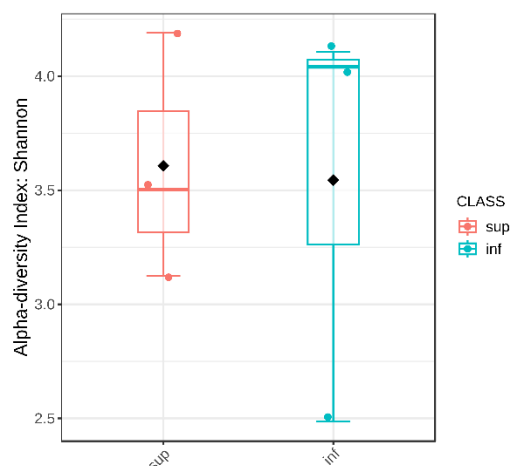


Figura 1. Diversidade alfa da microbiota bacteriana endofítica associada às faces superior e inferior das folhas de PANCs, estimada pelo índice de Shannon.

Esse resultado sugere que a região foliar, isoladamente, não foi o principal fator determinante da diversidade alfa da microbiota bacteriana endofítica nas PANCs avaliadas. Em microbiomas vegetais, diferenças entre compartimentos da planta podem influenciar fortemente a estrutura microbiana, especialmente entre rizosfera, filosfera e endosfera; no entanto, dentro de um mesmo tecido, como a folha, essas diferenças podem ser mais sutis e dependentes da espécie vegetal, das condições ambientais e da composição química do hospedeiro (Bulgarelli et al., 2013; Hardoim et al., 2015; Trivedi et al., 2020).

Embora a diversidade alfa tenha sido semelhante entre as faces foliares, esse resultado não implica ausência de variação na composição da comunidade. Índices como riqueza observada e Shannon descrevem o número e a distribuição dos táxons, mas não necessariamente capturam mudanças na identidade dos grupos bacterianos presentes. Por isso, a análise da composição taxonômica em nível de família e gênero foi essencial para compreender melhor os padrões de organização da microbiota endofítica das PANCs.

4.2 Composição taxonômica em nível de família

A análise da abundância relativa em nível de família revelou que as folhas das PANCs abrigaram comunidades bacterianas complexas, compostas por diferentes grupos taxonômicos associados a ambientes vegetais. Entre as famílias mais representativas, destacaram-se Halomonadaceae, Microbacteriaceae, Xanthomonadaceae, Caulobacteraceae, Chitinophagaceae, Pseudonocardiaceae, Rhizobiaceae, Micrococcaceae, Comamonadaceae, Sphingomonadaceae e Sphingobacteriaceae.

A presença recorrente de Microbacteriaceae, Caulobacteraceae, Xanthomonadaceae e Sphingomonadaceae é relevante, pois essas famílias incluem representantes frequentemente detectados em microbiomas vegetais e associados à colonização de tecidos internos, adaptação a ambientes foliares e interação com plantas hospedeiras (Vorholt, 2012; Bulgarelli et al., 2013; Hardoim et al., 2015). Microbacteriaceae, por exemplo, compreende bactérias comumente relatadas como endofíticas e capazes de sobreviver em diferentes tecidos vegetais, enquanto

representantes de Caulobacteraceae e Sphingomonadaceae são frequentemente encontrados em ambientes associados à filosfera e endosfera.

A composição taxonômica também variou entre as amostras avaliadas, indicando que a estrutura da comunidade bacteriana não foi homogênea entre as PANCs. Algumas amostras apresentaram maior participação relativa de Halomonadaceae, enquanto outras foram caracterizadas por maior contribuição de Xanthomonadaceae, Microbacteriaceae, Caulobacteraceae, Chitinophagaceae ou Pseudonocardiaceae. Esse padrão reforça a hipótese de que a espécie vegetal hospedeira atua como filtro ecológico, selecionando parte da microbiota associada a seus tecidos. A influência do genótipo e das características fisiológicas da planta na composição da microbiota já foi descrita em diferentes sistemas vegetais, sendo considerada um dos principais fatores envolvidos na estruturação das comunidades endofíticas (Lundberg et al., 2012; Bulgarelli et al., 2013; Compant et al., 2021).

4.3 Composição taxonômica em nível de gênero

Em nível de gênero, a microbiota bacteriana endofítica das folhas de PANCs apresentou composição diversa, com destaque para *Leucobacter*, *Brevundimonas*, *Pseudonocardia*, *Niabella*, *Dietzia*, *Devosia*, *Xanthomonas*, *Chryseobacterium*, *Lysobacter*, *Asticcacaulis*, *Thermomonas* e *Mycobacterium*. A distribuição desses gêneros entre as amostras evidenciou variação na abundância relativa dos principais táxons, indicando diferenças na estrutura da comunidade bacteriana associada às espécies vegetais avaliadas (Figura 2). Também foi observada fração expressiva de sequências não atribuídas em nível de gênero, representadas como “Not_Assigned”, sugerindo a presença de diversidade bacteriana ainda não completamente resolvida taxonomicamente.

A presença de *Pseudonocardia* é particularmente relevante, uma vez que esse gênero é reconhecido pela produção de metabólitos secundários com atividade antimicrobiana e por sua participação em interações ecológicas associadas à proteção contra microrganismos antagonistas (Barke et al., 2010; Van Arnem et al., 2018). Da mesma forma, gêneros como *Lysobacter* e *Chryseobacterium* incluem representantes associados à produção de enzimas extracelulares e compostos com potencial atividade contra fitopatógenos, o que os torna interessantes para estudos futuros de bioprospecção (Expósito et al., 2015; Schlatter et al., 2017).

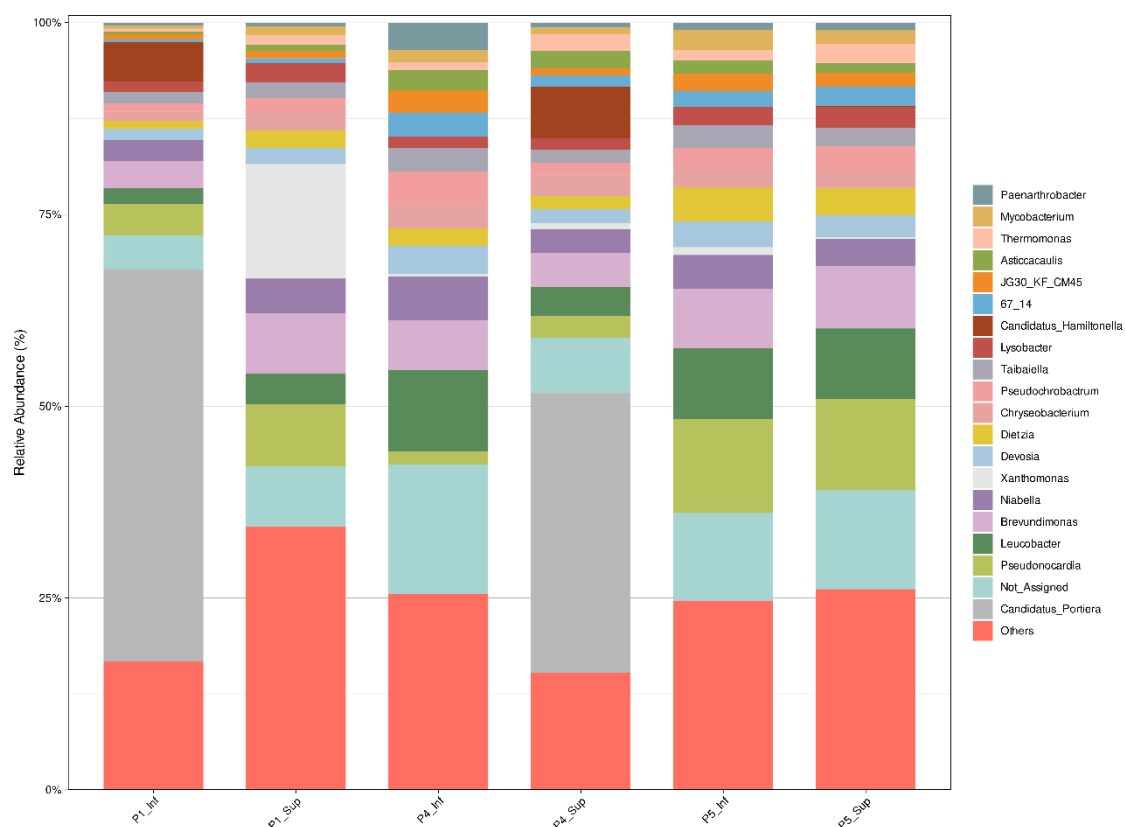


Figura 2. Abundância relativa dos principais gêneros bacterianos detectados em folhas de PANCs, considerando as amostras individuais e as faces foliares avaliadas.

Os gêneros *Leucobacter* e *Brevundimonas* também se destacaram entre os táxons detectados, sendo frequentemente relatados em ambientes associados a plantas e possivelmente relacionados à colonização vegetal, adaptação ao ambiente foliar e interação com o hospedeiro. Já *Niabella*, pertencente à família Chitinophagaceae, merece atenção por integrar um grupo bacteriano associado à degradação de polímeros complexos e à produção de enzimas de interesse ecológico e biotecnológico.

É importante ressaltar que a identificação taxonômica baseada no sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA permite inferir a composição bacteriana da comunidade, mas não comprova diretamente funções biológicas específicas. Assim, a associação desses táxons ao potencial biotecnológico deve ser interpretada como um indicativo para a seleção de grupos prioritários, cuja funcionalidade deverá ser confirmada por isolamento, triagens biológicas, análises genômicas e caracterização metabólica.

4.4 Padrões de agrupamento entre amostras

A análise de agrupamento hierárquico baseada na abundância relativa dos gêneros bacterianos evidenciou variações na composição da microbiota entre as amostras de PANCs. O mapa de calor indicou que determinados gêneros apresentaram maior abundância em amostras específicas, sugerindo a existência de assinaturas microbianas associadas às plantas hospedeiras (Figura 3).

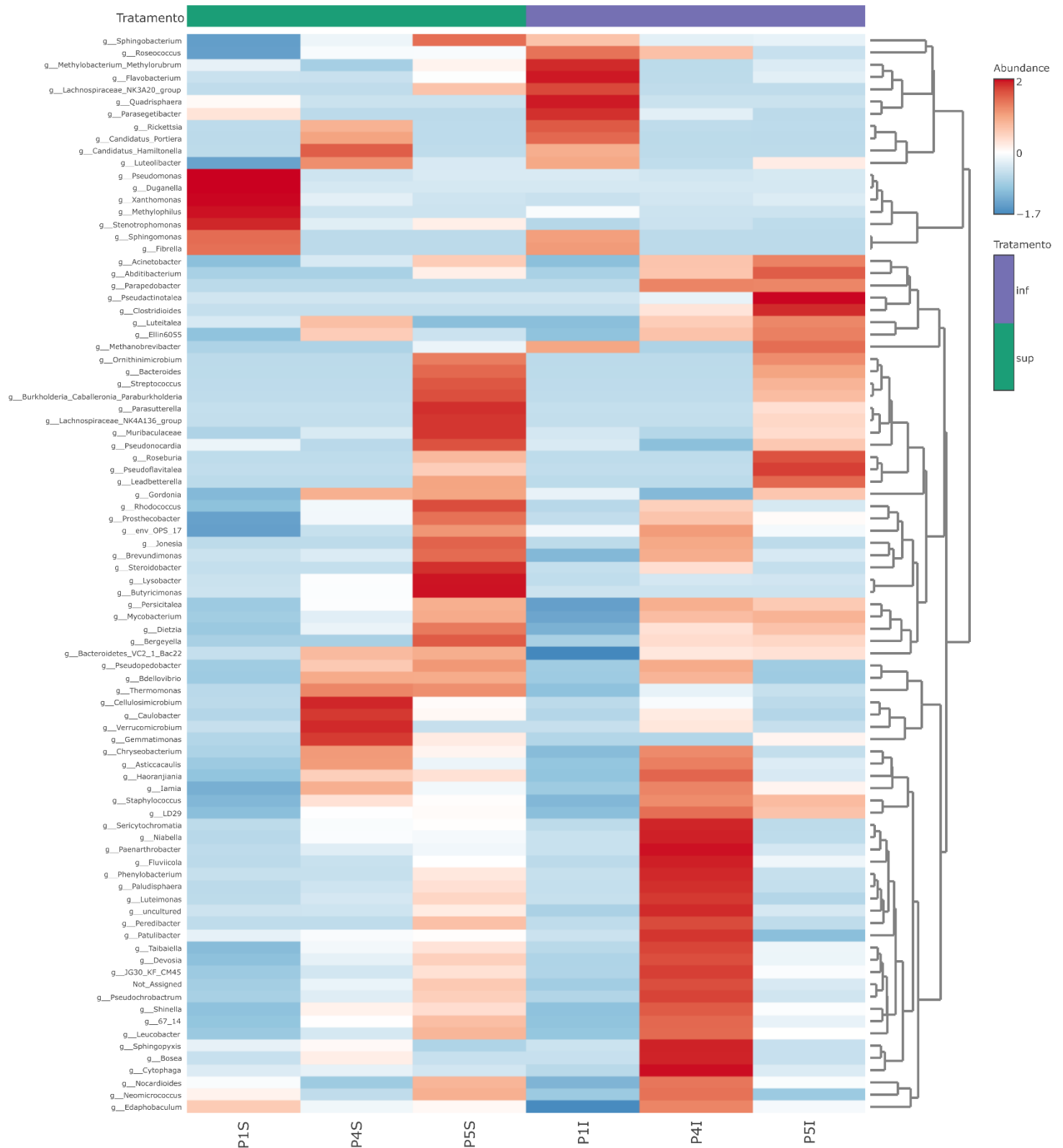


Figura 3. Mapa de calor da abundância relativa dos principais gêneros bacterianos associados às folhas de PANCs, com agrupamento hierárquico das amostras. A escala de cores representa a abundância relativa normalizada dos táxons.

Esse padrão é coerente com a ideia de que a comunidade endofítica não é formada ao acaso, mas resulta de processos de seleção mediados pela planta, pelo ambiente e pelas interações entre microrganismos. Características como composição química dos tecidos, disponibilidade de nutrientes, presença de metabólitos vegetais, estrutura anatômica e respostas imunes do hospedeiro podem influenciar quais bactérias conseguem colonizar e permanecer no interior dos tecidos vegetais (Hardoim et al., 2015; Trivedi et al., 2020; Compant et al., 2021).

A visualização por heatmap também demonstrou que alguns táxons foram mais concentrados em determinadas amostras, enquanto outros apresentaram distribuição mais ampla. Essa diferença entre táxons específicos e táxons recorrentes é relevante para a bioprospecção, pois grupos altamente abundantes em uma única amostra podem indicar relações particulares com determinada espécie vegetal, enquanto grupos recorrentes podem compor um conjunto microbiano mais estável e potencialmente importante para a funcionalidade da comunidade.

4.5 Núcleo microbiano em nível de família e gênero

A análise do núcleo microbiano permitiu identificar famílias e gêneros bacterianos recorrentes nas amostras avaliadas. Em nível de família, destacaram-se grupos como Caulobacteraceae, Microbacteriaceae, Chitinophagaceae, Pseudonocardiaceae, Rhizobiaceae, Xanthomonadaceae, Micrococcaceae, Comamonadaceae, Weeksellaceae e Devosiaceae. Esses grupos apresentaram diferentes padrões de prevalência conforme o limite de detecção considerado, indicando que parte da microbiota endofítica das PANCs é compartilhada entre amostras, ainda que com variação na abundância relativa.

Em nível de gênero, o núcleo microbiano incluiu táxons como *Pseudonocardia*, *Brevundimonas*, *Leucobacter*, *Niabella*, *Dietzia*, *Devosia*, *Chryseobacterium*, *Pseudoxanthomonas* e *Lysobacter*, além de sequências não atribuídas em nível de gênero (Figura 4). A presença desses grupos no núcleo microbiano é relevante porque sugere

recorrência ecológica nas folhas avaliadas, podendo indicar maior adaptação ao ambiente endofítico das PANCs.

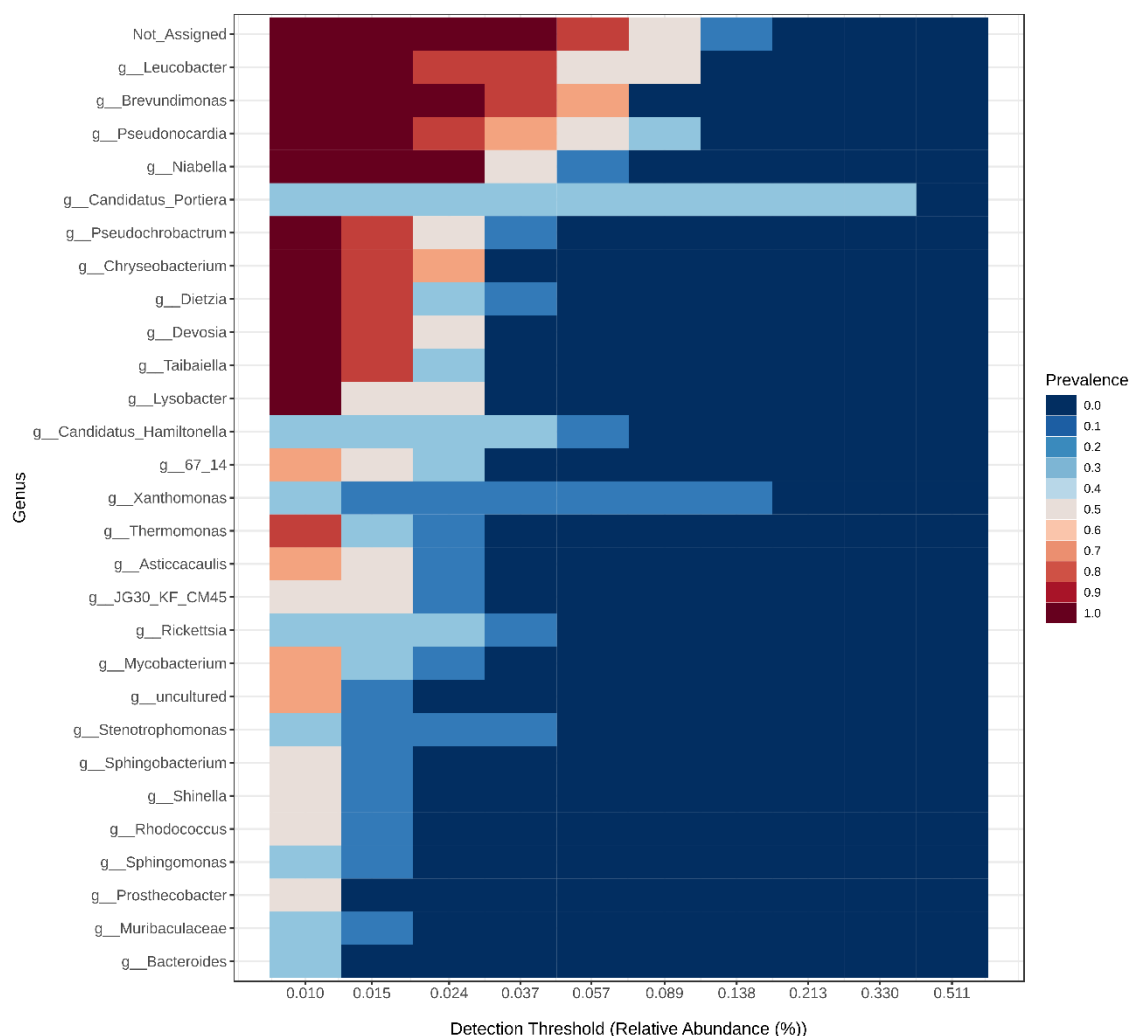


Figura 4. Núcleo microbiano em nível de gênero associado às folhas de PANCs, definido com base na prevalência dos táxons em diferentes limiares de abundância relativa.

O conceito de núcleo microbiano é importante em estudos de microbioma vegetal porque permite identificar táxons persistentes, potencialmente associados a funções essenciais para a estabilidade da comunidade e para a interação planta-microrganismo (Shade; Handelsman, 2012; Toju et al., 2018). No presente estudo, a identificação de famílias e gêneros recorrentes fornece uma base para priorizar microrganismos em estudos futuros, especialmente aqueles relacionados ao controle biológico, à promoção de crescimento vegetal e à produção de metabólitos bioativos.

A comparação entre os núcleos microbianos das faces superior e inferior indicou que muitos táxons foram compartilhados entre as regiões foliares, reforçando os

resultados de diversidade alfa, que apontaram semelhança geral entre as faces. Entretanto, algumas diferenças de prevalência entre os grupos foram observadas, sugerindo que a região foliar pode influenciar a abundância relativa de determinados táxons, ainda que não altere drasticamente a diversidade total da comunidade.

4.6 Potencial biotecnológico dos grupos bacterianos detectados

A detecção de famílias e gêneros bacterianos associados a ambientes vegetais e a funções de interesse agrícola reforça o potencial das PANCs como fontes de microrganismos para bioprospecção. A presença de grupos como Pseudonocardiaceae, Chitinophagaceae, Microbacteriaceae, Caulobacteraceae, Xanthomonadaceae e Comamonadaceae indica que as folhas dessas plantas abrigam bactérias com possível relevância ecológica, incluindo adaptação ao ambiente vegetal, produção de enzimas, competição microbiana e interação com o hospedeiro.

Gêneros como *Pseudonocardia*, *Lysobacter*, *Chryseobacterium*, *Brevundimonas*, *Leucobacter* e *Niabella* representam alvos interessantes para estudos posteriores. Alguns desses grupos são associados à produção de compostos antimicrobianos, enzimas extracelulares, degradação de polímeros e interação com plantas, características desejáveis em microrganismos candidatos ao desenvolvimento de bioinsumos (Barke et al., 2010; Expósito et al., 2015; Schlatter et al., 2017; Van Arnem et al., 2018).

No entanto, a interpretação funcional desses dados deve ser feita com cautela. A análise da microbiota por sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA permite identificar padrões taxonômicos, mas não substitui ensaios funcionais. Dessa forma, os resultados obtidos indicam grupos prioritários para investigação, mas a confirmação do potencial de biocontrole depende de etapas complementares, como isolamento dos microrganismos, testes de antagonismo contra fitopatógenos, avaliação da produção enzimática, análise de metabólitos e caracterização genômica.

5. CONCLUSÕES

As folhas de Plantas Alimentícias Não Convencionais abrigam comunidades bacterianas endofíticas diversas, com composição variável entre as espécies avaliadas e relativa estabilidade entre as faces superior e inferior das folhas. A identificação de

famílias e gêneros recorrentes no núcleo microbiano indica que as PANCs podem atuar como reservatórios de bactérias com potencial interesse biotecnológico.

Embora o sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA não comprove diretamente funções biológicas, os resultados indicam grupos prioritários para estudos futuros de bioprospecção, controle biológico, promoção de crescimento vegetal e desenvolvimento de bioinsumos. Além disso, o período contribuiu para a produção científica e para a formação de recursos humanos, fortalecendo a integração entre pesquisa, ensino e inovação em microbiologia agrícola.

6. ARTIGOS, CAPÍTULOS DE LIVROS E PRODUÇÕES CIENTÍFICAS NA VIGÊNCIA DO PROJETO

Durante o período de desenvolvimento do pós-doutorado, foram realizadas atividades relacionadas à produção, organização e consolidação de manuscritos científicos vinculados às linhas de microbiologia agrícola, bioprospecção microbiana, controle biológico, bioinsumos e agricultura sustentável.

6.1 Artigos em preparação

Artigo em fase final de redação intitulado “Diversidade taxonômica e núcleo bacteriano endofítico em folhas de Plantas Alimentícias Não Convencionais”. (ANEXO A)

6.2 Capítulos de livros

Capítulo de livro aceito para publicação, em fase de correções sugeridas pelos revisores, intitulado “Metagenomics and the Soil Microbiome Applied to Agriculture: From Microbial Diversity to Functional Applications”. (ANEXO B)

7. TRABALHOS APRESENTADOS EM EVENTOS

1. Potencial inseticida do isolado *Enterococcus mundtii* no controle sustentável de *Spodoptera frugiperda*. (ANEXO C)
2. Sequencing, assembly, and annotation of the genome of *Enterococcus mundtii* (JBC 60). (ANEXO D)

3. Investigation of entomopathogenic genes in *Enterococcus mundtii* strain JBC 60 na modalidade Genética e Ômicas. (ANEXO E)
4. Estudo *in silico* de quitinases bacterianas visando o biocontrole de fungos fitopatogênicos. (ANEXO F)
5. Caracterização de *Bacillus safensis* endofítico de PANCs: perfil antagonista e produção enzimática com potencial aplicação no biocontrole de fitopatógenos. (ANEXO G)
6. Atividade antifúngica e perfil enzimático de *Bacillus rugosus* endofítico isolado de PANCs para aplicação no controle biológico de fitopatógenos da soja. (ANEXO H)
7. Bioprospecção de enzimas com potencial aplicação no controle biológico: identificação e estudo de mecanismos de ação. 1ª Fase do XXXVII Congresso de Iniciação Científica e Tecnológica Unesp. (ANEXO I)
8. Bioprospecção de enzimas com potencial aplicação no controle biológico: identificação e estudo de mecanismos de ação. 2ª Fase do XXXVII Congresso de Iniciação Científica e Tecnológica Unesp. (ANEXO J)
9. Caracterização genômica de *Serratia marcescens* LB1: potenciais genes associados ao biocontrole e promoção do crescimento vegetal. 1ª Fase do XXXVII Congresso de Iniciação Científica e Tecnológica Unesp. (ANEXO K)

8. ORIENTAÇÕES E SUPERVISÕES

Durante o período de vinculação ao pós-doutorado, a pesquisadora contribuiu para a formação de recursos humanos por meio da orientação e supervisão de discentes de graduação, iniciação científica e pós-graduação. As atividades envolveram acompanhamento científico, planejamento experimental, apoio metodológico, cultivo e manutenção de microrganismos, avaliação de atividade biológica, discussão e interpretação de resultados, além da orientação na estruturação de projetos relacionados à microbiologia agrícola, controle biológico, bioprospecção microbiana e promoção de crescimento vegetal. Essas ações fortaleceram a integração entre pesquisa científica e formação acadêmica no âmbito do laboratório.

8.1 Orientações e supervisões concluídas

Julia Tomazeli (ANEXO L)

Título: Potencial de *Serratia surfactantfaciens* no controle biológico de fungos fitopatogênicos e promoção de crescimento de plantas

Tipo: Iniciação Científica

Ano: 2025

Julia Tomazeli (ANEXO M)

Título: Potencial de *Serratia surfactantfaciens* no controle biológico de fungos fitopatogênicos e promoção de crescimento de plantas

Tipo: Trabalho de Conclusão de Curso / Graduação

Ano: 2025

Vitória Brito Françoso (ANEXO N)

Título: Bioprospecção de enzimas com potencial aplicação no controle biológico: identificação e estudo de mecanismos de ação

Tipo: Iniciação Científica

Ano: 2025

8.2 Orientações e supervisões em andamento

Felipe Ricardo Santos de Almeida (ANEXO O)

Título: Caracterização Genômica e Funcional de Genes Inseticidas em *Enterococcus mundtii* Isolado de Lagartas Infectadas com Microrganismos do Solo

Tipo: Dissertação

Ano: 2026

Vitória Brito Françoso (ANEXO P)

Título: Validação de *Bacillus* endofíticos de PANCs no controle de *Rhizoctonia solani* e no estabelecimento inicial de plântulas de soja

Tipo: Trabalho de Conclusão de Curso / Graduação

Ano: 2026

9. INFRAESTRUTURA E COLABORAÇÕES

As atividades foram desenvolvidas no âmbito da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Câmpus de Jaboticabal, com apoio do Laboratório de Bioquímica de Microrganismos e Plantas (LBMP) e do Instituto de Pesquisa em Bioenergia (IPBEN).

O desenvolvimento do projeto contou com infraestrutura para preparo de amostras vegetais, extração de DNA, construção de bibliotecas e análise da diversidade microbiana por sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA, além de suporte às atividades de

microbiologia agrícola e bioprospecção. As atividades desenvolvidas também contribuíram para a consolidação de colaborações científicas e formação de recursos humanos na área de microbiologia agrícola, com interface em biocontrole, bioinsumos, bioprospecção e sustentabilidade agrícola.

10. COMENTÁRIOS DO SUPERVISOR

Os comentários da supervisora sobre as atividades desenvolvidas durante o período de vinculação ao pós-doutorado encontram-se apresentados no Anexo Q.

11. REFERÊNCIAS

ALI, M. A.; AHMED, T.; IBRAHIM, E.; RIZWAN, M.; CHONG, K. P.; YONG, J. W. H. A review on mechanisms and prospects of endophytic bacteria in biocontrol of plant pathogenic fungi and their plant growth-promoting activities. **Heliyon**, v. 10, n. 11, e31573, 2024. DOI: 10.1016/j.heliyon.2024.e31573.

BARKE, J. et al. A mixed community of actinomycetes produce multiple antibiotics for the fungus farming ant *Acromyrmex octospinosus*. **BMC Biology**, v. 8, n. 1, p. 109, 2010. DOI: 10.1186/1741-7007-8-109.

BOLÍVAR-ANILLO, H. J.; GARRIDO, C.; COLLADO, I. G. Endophytic microorganisms for biocontrol of the phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea*. **Phytochemistry Reviews**, v. 19, n. 3, p. 721-740, 2020.

BOLYEN, E. et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. **Nature Biotechnology**, v. 37, n. 8, p. 852-857, 2019. DOI: 10.1038/s41587-019-0209-9.

BULGARELLI, D. et al. Structure and functions of the bacterial microbiota of plants. **Annual Review of Plant Biology**, v. 64, p. 807-838, 2013. DOI: 10.1146/annurev-arplant-050312-120106.

CALLAHAN, B. J. et al. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. **Nature Methods**, v. 13, n. 7, p. 581-583, 2016. DOI: 10.1038/nmeth.3869.

CAPORASO, J. G. et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. **Nature Methods**, v. 7, n. 5, p. 335-336, 2010. DOI: 10.1038/nmeth.f.303.

COMPANT, S. et al. A review on the plant microbiome: ecology, functions, and emerging trends in microbial application. **Journal of Advanced Research**, v. 19, p. 29-37, 2019. DOI: 10.1016/j.jare.2019.03.004.

DE SILVA, N. I. et al. Use of endophytes as biocontrol agents. **Fungal Biology Reviews**, v. 33, n. 2, p. 133-148, 2019. DOI: 10.1016/j.fbr.2018.10.001.

EXPÓSITO, R. G.; POSTMA, J.; RAAIJMAKERS, J. M.; DE BRUIJN, I. Diversity and activity of *Lysobacter* species from disease suppressive soils. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, p. 1243, 2015. DOI: 10.3389/fmicb.2015.01243.

FANAI, A.; BOHIA, B.; LALREMURATI, F.; LALHRIATPUII, N.; LALROKIMI LALMUANPUII, R.; SINGH, P. K.; ZOTHANPUIA. Plant growth promoting bacteria (PGPB)-induced plant adaptations to stresses: an updated review. **PeerJ**, v. 12, e17882, 2024. DOI: 10.7717/peerj.17882.

HARDOIM, P. R. et al. The hidden world within plants: ecological and evolutionary considerations for defining functioning of microbial endophytes. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 79, n. 3, p. 293-320, 2015. DOI: 10.1128/MMBR.00050-14.

KINUPP, V. F.; LORENZI, H. **Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANC) no Brasil: guia de identificação, aspectos nutricionais e receitas ilustradas**. São Paulo: Instituto Plantarum, 2014.

LUNDBERG, D. S. et al. Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome. **Nature**, v. 488, p. 86-90, 2012. DOI: 10.1038/nature11237.

LUNDBERG, D. S. et al. Practical innovations for high-throughput amplicon sequencing. **Nature Methods**, v. 10, n. 10, p. 999-1002, 2013. DOI: 10.1038/nmeth.2634.

MORALES-CEDENO, L. R. et al. Plant growth-promoting bacterial endophytes as biocontrol agents of pre- and post-harvest diseases: fundamentals, methods of application and future perspectives. **Microbiological Research**, v. 242, 126612, 2021. DOI: 10.1016/j.micres.2020.126612.

QUAST, C. et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. **Nucleic Acids Research**, v. 41, n. D1, p. D590-D596, 2013. DOI: 10.1093/nar/gks1219.

RANIERI, G. R. et al. **Guia prático sobre PANCs: plantas alimentícias não convencionais**. São Paulo: Instituto Kairós, 2017.

SCHLATTER, D.; KINKEL, L.; THOMASHOW, L.; WELLER, D.; PAULITZ, T. Disease suppressive soils: new insights from the soil microbiome. **Phytopathology**, v. 107, n. 11, p. 1284-1297, 2017. DOI: 10.1094/PHYTO-03-17-0111-RVW.

SHADE, A.; HANDELSMAN, J. Beyond the Venn diagram: the hunt for a core microbiome. **Environmental Microbiology**, v. 14, n. 1, p. 4-12, 2012. DOI: 10.1111/j.1462-2920.2011.02585.x.

TARIQ, A. et al. Endophytes: key role players for sustainable agriculture: mechanisms, omics insights and future prospects. **Plant Growth Regulation**, v. 105, n. 6, p. 1969-1990, 2025. DOI: 10.1007/s10725-025-01370-y.

TOJU, H. et al. Core microbiomes for sustainable agroecosystems. **Nature Plants**, v. 4, p. 247-257, 2018. DOI: 10.1038/s41477-018-0139-4.

TRIVEDI, P.; LEACH, J. E.; TRINGE, S. G.; SA, T.; SINGH, B. K. Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health. **Nature Reviews Microbiology**, v. 18, p. 607-621, 2020. DOI: 10.1038/s41579-020-0412-1.

VAN ARNAM, E. B. et al. Selvamycin, an atypical antifungal polyene from two alternative genomic contexts. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 113, n. 46, p. 12940-12945, 2016. DOI: 10.1073/pnas.1613285113.

VORHOLT, J. A. Microbial life in the phyllosphere. **Nature Reviews Microbiology**, v. 10, p. 828-840, 2012. DOI: 10.1038/nrmicro2910.

ZHOU, Y.; LIU, D.; LI, F.; DONG, Y.; JIN, Z.; LIAO, Y.; LI, X.; PENG, S.; DELGADO-BAQUERIZO, M.; LI, X. Superiority of native soil core microbiomes in supporting plant growth. **Nature Communications**, v. 15, n. 1, 6599, 2024. DOI: 10.1038/s41467-024-50685-3.

Diversidade taxonômica e núcleo bacteriano endofítico em folhas de Plantas Alimentícias Não Convencionais

Cinara Ramos Sales ^{a,b}, Pamela Aparecida Maldaner Pereira ^a, Camila Cesario Fernandes Sartini ^b, Eliana Gertrudes de Macedo Lemos ^{a,b}

^a Laboratório de Bioquímica de Microrganismos e Plantas, Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo, Brasil

^b Laboratório de Biologia Molecular, Instituto de Pesquisa em Bioenergia (IPBEN), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: Tel.: +55 77 99834 6537, e-mail: cinara.sales@unesp.br

RESUMO

As Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANCs) constituem fontes pouco exploradas de microrganismos endofíticos com potencial aplicação agrícola. Este estudo teve como objetivo caracterizar a diversidade bacteriana associada às folhas de *Stachys byzantina*, *Lactuca indica*, *Pereskia aculeata*, *Tropaeolum majus* e *Rumex acetosa*, integrando isolamento bacteriano e sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA. Foram obtidos 112 isolados bacterianos endofíticos morfologicamente distintos. A análise metataxonômica revelou comunidades bacterianas diversas nas faces superior e inferior das folhas, sem diferenças significativas para riqueza e diversidade alfa. O perfil taxonômico evidenciou a predominância de famílias como Microbacteriaceae, Caulobacteraceae, Xanthomonadaceae e Sphingomonadaceae, além de gêneros com potencial biotecnológico, incluindo *Pseudonocardia*, *Niabella*, *Leucobacter* e *Brevundimonas*. A estrutura da comunidade foi mais influenciada pela espécie vegetal do que pela posição foliar. Os resultados demonstram que PANCs são reservatórios promissores de bactérias endofíticas e fornecem subsídios para a seleção de microrganismos aplicáveis ao desenvolvimento de bioinsumos e estratégias sustentáveis de manejo agrícola.

Palavras-chave: bactérias endofíticas; PANCs; microbioma vegetal; metataxonômica; bioprospecção microbiana; bioinsumos.



Iva Horvat

para mim, luis.chicoma@unesp.br, eliana.lemos@unesp.br, camila.c.fernandes@unesp.br, felipe.rs.almeida@unesp.br ▼

12 de jun. de 2026, 05:21 (há 10 dias)



Parece que esta mensagem está em inglês



[Traduzir para o português](#)

Dear Dr. Ramos Sales,

I am happy to let you know that your chapter titled "Metagenomics and the Soil Microbiome Applied to Agriculture: From Microbial Diversity to Functional Applications," submitted to the book under the working title "Metagenomics - History, Progression, and Current Status," has been reviewed. The Academic Editor has requested that you implement some minor changes outlined in the review comments.

In the attachment you will find the Academic Editor's feedback for changes that will improve the overall quality of your chapter.

CURRENT STEP: Upload Revision

Over the next five days, please incorporate the review comments and upload your revised chapter via your Author Panel: https://publish.intechopen.com/s/author-panel?c__uiState=task&c__chapterId=a09Tc000006GxK1IAK

If you have any additional questions or concerns, do not hesitate to contact me.

Thank you,

Iva Horvat

Publishing Process Manager

ANEXO B

ANEXO C

204/2382

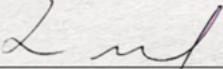


"A Microbiologia no Contexto das Mudanças Climáticas e da Inteligência Artificial"

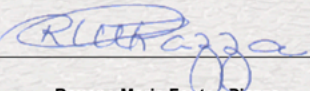
CERTIFICADO

Certificamos que o trabalho "POTENCIAL INSETICIDA DO ISOLADO ENTEROCOCCUS MUNDII NO CONTROLE SUSTENTÁVEL DE SPODOPTERA FRUGIPERDA" apresentado por ALMEIDA FRSD e tendo como autor(es) ALMEIDA FRSD, SALES CR, SARTINI CCF, ANDRADE RBD, e LEMOS EGDM, foi apresentado na categoria PÔSTER - MICROBIOLOGIA AMBIENTAL, dia 25 de outubro de 2025 a 28 de outubro de 2025, durante o(a) 33º CBM - CONGRESSO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA, em Aracaju/SE.

Aracaju, 28 de outubro de 2025.

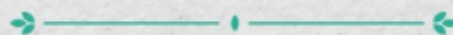

Luis Henrique S. Guimarães
Presidente SBM


Luis Augusto Nero
Presidente BRAFP

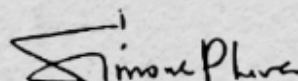

Roxane Maria Fontes Piazza
1ª Secretária SBM

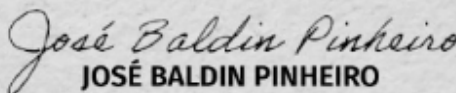
ANEXO D

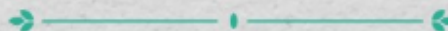
CERTIFICADO



Certificamos que **FELIPE RICARDO SANTOS DE ALMEIDA** submeteu o trabalho: **Sequencing, assembly, and annotation of the genome of Enterococcus mundtii (JBC 60)**, na modalidade Genética e Ômicas: FELIPE RICARDO SANTOS DE ALMEIDA, CINARA RAMOS SALES, ANA PAULA FELICIANO FARIAS, RENATA BARRONCAS DE ANDRADE, JOÃO VICTOR DOS ANJOS ALMEIDA, CAMILA CESARIO FERNANDES SARTINI, ELIANA GERTRUDES DE MACEDO LEMOS trabalho apresentado na **VII SMAGRO - Simpósio de Microbiologia Agrícola: Inovação e sustentabilidade para transformar o campo**, realizado no período de 18/05/2026 à 21/05/2026.

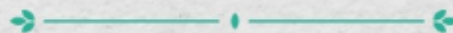

SIMONE POSSEDENTE LIRA
Coordenador(a)


JOSÉ BALDIN PINHEIRO
Diretor Presidente

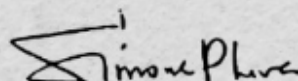


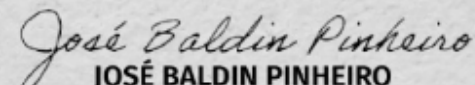
ANEXO E

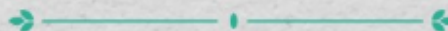
CERTIFICADO



Certificamos que **FELIPE RICARDO SANTOS DE ALMEIDA** submeteu o trabalho: **Investigation of entomopathogenic genes in Enterococcus mundtii strain JBC 60** na modalidade Genética e Ômicas: FELIPE RICARDO SANTOS DE ALMEIDA, CINARA RAMOS SALES, ANA PAULA FELICIANO FARIAS, RENATA BARRONCAS DE ANDRADE, JOÃO VICTOR DOS ANJOS ALMEIDA, CAMILA CESARIO FERNANDES SARTINI, ELIANA GERTRUDES DE MACEDO LEMOS trabalho apresentado na **VII SMAGRO - Simpósio de Microbiologia Agrícola: Inovação e sustentabilidade para transformar o campo**, realizado no período de 18/05/2026 à 21/05/2026.


SIMONE POSSEDENTE LIRA
Coordenador(a)


JOSÉ BALDIN PINHEIRO
Diretor Presidente



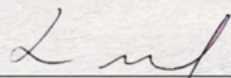


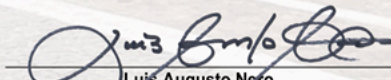
"A Microbiologia no Contexto das Mudanças Climáticas e da Inteligência Artificial"

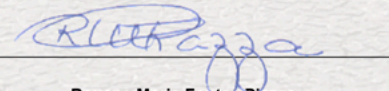
CERTIFICADO

Certificamos que o trabalho "ESTUDO IN SILICO DE QUITINASES BACTERIANAS VISANDO O BIOCONTROLE DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS" apresentado por ANDRADE RBD e tendo como autor(es) ANDRADE RBD, ALMEIDA FRSD, LIMA NSM, SALES CR, SARTINI CCF, e LEMOS EGDM, foi apresentado na categoria PÔSTER - MICROBIOLOGIA AMBIENTAL, dia 25 de outubro de 2025 a 28 de outubro de 2025, durante o(a) 33º CBM - CONGRESSO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA, em Aracaju/SE.

Aracaju, 28 de outubro de 2025.


Luis Henrique S. Guimarães
Presidente SBM


Luis Augusto Nero
Presidente BRAFP


Roxane Maria Fontes Piazza
1ª Secretária SBM

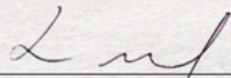


"A Microbiologia no Contexto das Mudanças Climáticas e da Inteligência Artificial"

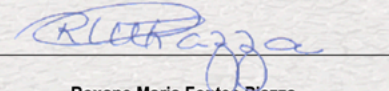
CERTIFICADO

Certificamos que o trabalho "CARACTERIZAÇÃO DE BACILLUS SAFENSIS ENDOFÍTICO DE PANCS: PERFIL ANTAGONISTA E PRODUÇÃO ENZIMÁTICA COM POTENCIAL APLICAÇÃO NO BIOCONTROLE DE FITOPATÓGENOS" apresentado por FRANÇOZO VB e tendo como autor(es) FRANÇOZO VB, SALES CR, e LEMOS EGDM, foi apresentado na categoria PÔSTER - MICROBIOLOGIA INDUSTRIAL E BIOTECNOLOGIA, dia 25 de outubro de 2025 a 28 de outubro de 2025, durante o(a) 33º CBM - CONGRESSO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA, em Aracaju/SE.

Aracaju, 28 de outubro de 2025.


Luis Henrique S. Guimarães
Presidente SBM


Luis Augusto Nero
Presidente BRAFP


Roxane Maria Fontes Piazza
1ª Secretária SBM

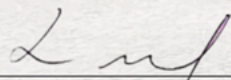


"A Microbiologia no Contexto das Mudanças Climáticas e da Inteligência Artificial"

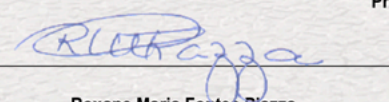
CERTIFICADO

Certificamos que o trabalho "ATIVIDADE ANTIFÚNGICA E PERFIL ENZIMÁTICO DE BACILLUS RUGOSUS ENDOFÍTICO ISOLADO DE PANCS PARA APLICAÇÃO NO CONTROLE BIOLÓGICO DE FITOPATÓGENOS DA SOJA" apresentado por FRANÇOZO VB e tendo como autor(es) FRANÇOZO VB, SALES CR, e LEMOS EGDM, foi apresentado na categoria PÔSTER - MICROBIOLOGIA INDUSTRIAL E BIOTECNOLOGIA, dia 25 de outubro de 2025 a 28 de outubro de 2025, durante o(a) 33º CBM - CONGRESSO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA, em Aracaju/SE.

Aracaju, 28 de outubro de 2025.


Luis Henrique S. Guimarães
Presidente SBM


Luis Augusto Nero
Presidente BRAFP


Roxane Maria Fontes Piazza
1ª Secretária SBM



XXXVII CIC Unesp

Congresso de Iniciação Científica e Tecnológica da Unesp
"Ciência e liberdade de pensamento em uma época de extremos"



CERTIFICADO

Certificamos que **Vitoria FRANCOSO** apresentou o trabalho intitulado **BIOPROSPECÇÃO DE ENZIMAS COM POTENCIAL APLICAÇÃO NO CONTROLE BIOLÓGICO: IDENTIFICAÇÃO E ESTUDO DE MECANISMOS DE AÇÃO**, de autoria de Vitoria FRANCOSO e Cinara Ramos Sales, na 1ª fase do XXXVII Congresso de Iniciação Científica da Unesp, realizada de 29 de setembro a 02 de outubro de 2025, na cidade de Jaboticabal/SP, contabilizando carga horária total de 15 horas.

Jaboticabal, 02 de outubro de 2025.



Paola Castro Moraes

Presidente da Comissão Permanente de Pesquisa
FCAV/Unesp



XXXVII CIC Unesp

Congresso de Iniciação Científica e Tecnológica da Unesp

"Ciência e liberdade de pensamento em uma época de extremos"

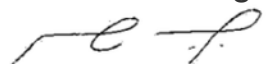


ANEXO J

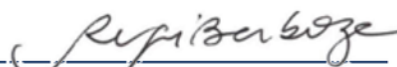
CERTIFICADO

Certificamos que **Vitoria FRANCOSO** participou presencialmente da **2ª Fase do XXXVII Congresso de Iniciação Científica e Tecnológica Unesp**, realizado em 25/11/2025 a 27/11/2025, na cidade de Águas de Lindóia - SP, como autor(a) e apresentador(a) do trabalho intitulado **BIOPROSPECÇÃO DE ENZIMAS COM POTENCIAL APLICAÇÃO NO CONTROLE BIOLÓGICO: IDENTIFICAÇÃO E ESTUDO DE MECANISMOS DE AÇÃO**, contabilizando carga horária total de 18 horas.

Águas de Lindóia, 27 de novembro de 2025.


Edson Cocchieri Botelho
Pró-Reitor de Pesquisa
Presidente do CIC




Reginaldo Barboza da Silva
Coordenador de Iniciação Científica
Vice-Presidente do CIC





XXXVII CIC Unesp

Congresso de Iniciação Científica e Tecnológica da Unesp
"Ciência e liberdade de pensamento em uma época de extremos"**CERTIFICADO**

Certificamos que **Julia Araujo Tomazeli** apresentou o trabalho intitulado **CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE *Serratia marcescens* LB1: POTENCIAIS GENES ASSOCIADOS AO BIOCONTROLE E PROMOÇÃO DO CRESCIMENTO VEGETAL**, de autoria de Julia Araujo Tomazeli, Cinara Ramos Sales, Saura Rodrigues Silva, Vitor Fernandes O. de Miranda e DANIEL GUARIZ PINHEIRO, na 1ª fase do XXXVII Congresso de Iniciação Científica da Unesp, realizada de 29 de setembro a 02 de outubro de 2025, na cidade de Jaboticabal/SP, contabilizando carga horária total de 15 horas.

Jaboticabal, 02 de outubro de 2025.


Paola Castro MoraesPresidente da Comissão Permanente de Pesquisa
FCAV/Unesp

Jaboticabal, 17 de junho de 2026

DECLARAÇÃO

Eu, Prof. Dr. Daniel Gariz Pinheiro, docente e pesquisador do Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus de Jaboticabal, atesto, para os devidos fins, que a Dra. Cinara Ramos Sales exerceu a função de coorientadora da aluna de Iniciação Científica Julia Tomazeli, no projeto intitulado “POTENCIAL DE *Serratia surfactantifacies* NO CONTROLE BIOLÓGICO DE FUNGOS FITOPATÓGENOS E PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO DE PLANTAS”, desenvolvido no âmbito do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC), com bolsa financiada pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Documento assinado digitalmente
 **DANIEL GUARIZ PINHEIRO**
Data: 19/06/2026 11:50:08-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro
Professor Assistente Doutor
Coordenador do Laboratório de Bioinformática

Júlia Araujo Tomazeli

Potencial de *Serratia marcescens* LB1 na promoção do crescimento vegetal e no biocontrole de fungos fitopatógenos: abordagem genômica e experimental

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, para obtenção do título de Bacharel em **Ciências Biológicas**.

Orientador: Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro

Coorientador (se houver): Dra. Cinara Ramos Sales

Área de Concentração: Microbiologia Agropecuária

Trabalho aprovado em 04/12/2025

Banca Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **DANIEL GUARIZ PINHEIRO**
Data: 05/12/2025 19:04:23-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro

UNESP - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Campus de Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **MAURO DE MEDEIROS OLIVEIRA**
Data: 05/12/2025 12:40:27-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Mauro de Medeiros Oliveira

UFRJ – Universidade Federal do Rio de Janeiro

Documento assinado digitalmente
 **HECTOR JOSE VALERIO ARDON**
Data: 05/12/2025 14:27:02-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Me. Hector José Valério Ardon

UNESP - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Campus de Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **JAIRO OSVALDO CAZETTA**
Data: 08/12/2025 16:06:24-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Jairo Osvaldo Cazetta
Chefe do Departamento

Jaboticabal, 17 de junho de 2026

DECLARAÇÃO

Eu, Prof.^a Dra. Eliana G. Macedo Lemos, docente e pesquisadora do Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus de Jaboticabal, atesto, para os devidos fins, que a Dra. Cinara Ramos Sales exerceu a função de coorientadora da aluna de Iniciação Científica Vitoria Brito Françoso, no projeto intitulado “BIOPROPECÇÃO DE ENZIMAS COM PONTENCIAL APLICAÇÃO NO CONTROLE BIOLÓGICO: IDENTIFICAÇÃO E ESTUDO DE MECANISMOS DE AÇÃO” desenvolvido no âmbito do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC), com bolsa financiada pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Prof.^a Dra. Eliana G. Macedo Lemos

Professora Titular e Sênior

Coordenadora do Laboratório de Bioquímica de Microrganismos e Plantas



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
CÂMPUS DE JABOTICABAL
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE
JABOTICABAL
SEÇÃO TÉCNICA DE PÓS-GRADUAÇÃO

Jaboticabal, 17 de junho de 2026

DECLARAÇÃO

Eu, Prof.^a Dra. Eliana G. Macedo Lemos, docente e pesquisadora do Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus de Jaboticabal, atesto, para os devidos fins, que a Dra. Cinara Ramos Sales exerce a função de coorientadora do aluno de mestrado Felipe Ricardo Santos de Almeida, no projeto intitulado “Caracterização Genômica e Funcional de Genes Inseticidas em *Enterococcus mundtii* Isolado de Lagartas Infectadas com Microrganismos do Solo” em desenvolvimento no Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agropecuária.



Documento assinado digitalmente

ELIANA GERTRUDES DE MACEDO LEMOS

Data: 22/06/2026 10:53:17-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof.^a Dra. Eliana G. Macedo Lemos
Professora Titular e Sênior
Coordenadora do Laboratório de Bioquímica de Microrganismos e Plantas

Jaboticabal, 17 de junho de 2026

DECLARAÇÃO

Eu, Prof.^a Dra. Eliana G. Macedo Lemos, docente e pesquisadora do Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus de Jaboticabal, atesto, para os devidos fins, que a Dra. Cinara Ramos Sales exerce a função de coorientadora da aluna de graduação Vitória Brito Françoso, do curso de Ciências Biológicas, em seu Trabalho de Conclusão de Curso, intitulado “VALIDAÇÃO DE *Bacillus* ENDOFÍTICOS DE PANCS NO CONTROLE DE *Rhizoctonia solani* E NO ESTABELECIMENTO INICIAL DE PLÂNTULAS DE SOJA”, em desenvolvimento no Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental.

Prof.^a Dra. Eliana G. Macedo Lemos
Professora Titular e Sênior
Coordenadora do Laboratório de Bioquímica de Microrganismos e Plantas

Jaboticabal, 17 de junho de 2026

DECLARAÇÃO

Declaro, para os devidos fins, que a pós-doutoranda Dra. Cinara Ramos Sales desenvolveu atividades acadêmicas e científicas no âmbito do projeto “Abordagens ômicas aplicadas à prospecção de bactérias com potencial de biocontrole em microbiomas de Plantas Alimentícias Não Convencionais”, vinculado ao Programa de Pós-doutorado da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

Durante o período de vinculação, a pesquisadora atuou no desenvolvimento de atividades de pesquisa relacionadas à microbiologia agrícola, bioprospecção de bactérias endofíticas, caracterização de comunidades microbianas associadas a PANCs e avaliação do potencial biotecnológico desses microrganismos. Também colaborou com a formação de recursos humanos por meio da orientação e supervisão de estudantes de iniciação científica, graduação e pós-graduação, contribuindo para o planejamento experimental, execução de análises e discussão de resultados.

A Dra. Cinara Ramos Sales demonstrou comprometimento, autonomia científica, capacidade técnica e habilidade na condução de atividades de pesquisa e formação acadêmica. Suas contribuições foram relevantes para o fortalecimento das linhas de pesquisa em microbiologia agrícola, controle biológico e desenvolvimento de bioinsumos sustentáveis.

Prof.^a Dra. Eliana G. Macedo Lemos
Professora Titular e Sênior
Coordenadora do Laboratório de Bioquímica de Microrganismos e Plantas