

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

Prospecção, caracterização fenotípica e molecular de bactérias de solo e composto orgânico visando a construção de uma coleção microbiana para aplicação biotecnológica

Charles Araujo Teixeira
Magister Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2026**

CHARLES ARAUJO TEIXEIRA

Prospecção, caracterização fenotípica e molecular de bactérias de solo e composto orgânico visando a construção de uma coleção microbiana para aplicação biotecnológica

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientadora: Denise M. Soares Bazzolli

Coorientadores: Patricia Pereira Fontes
Olinto Liparini Pereira

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2026**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

T266p
2026

Teixeira, Charles Araujo, 2001-
Prospecção, caracterização fenotípica e molecular de
bactérias de solo e composto orgânico visando a construção de
uma coleção microbiana para aplicação biotecnológica / Charles
Araujo Teixeira. – Viçosa, MG, 2026.

1 dissertação eletrônica (106 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndices.

Orientador: Denise Mara Soares Bazzolli.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Microbiologia, 2026.

Referências bibliográficas: f. 79-91.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2026.424>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Micro-organismos do solo. 2. Pragas agrícolas - Controle
biológico. 3. Bactérias. 4. Solos - Amazônia. I. Bazzolli, Denise
Mara Soares, 1974-. II. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Microbiologia. Programa de Pós-Graduação
em Microbiologia Agrícola. III. Título.

CDD 22. ed. 631.46

CHARLES ARAUJO TEIXEIRA

Prospecção, caracterização fenotípica e molecular de bactérias de solo e composto orgânico visando a construção de uma coleção microbiana para aplicação biotecnológica

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 17 de abril de 2026.

Assentimento:

Charles Araujo Teixeira
Autor

Denise Mara Soares Bazzolli
Orientadora

Essa dissertação foi assinada digitalmente pelo autor em 11/09/2026 às 14:34:26 e pela orientadora em 15/09/2026 às 08:57:34. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **PKI8.4J4B.A9O5** e clique no botão 'Validar documento'.

AGRADECIMENTOS

Este trabalho foi realizado com o apoio das seguintes agências de pesquisa brasileiras: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola (32002017003P6) e ao Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária – Bioagro/UFV.

Agradeço à empresa Sítio Barreiras Fruticultura Ltda, Contrato UFV nº 105/2022, pelo apoio e financiamento concedidos e ao Programa MAI-DAI – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - Chamada Nº 068/2022 - Processo: 400001/2023-3, pela concessão da bolsa - Processo nº 130202/2024-0.

À minha orientadora Professora Denise Mara Soares Bazzolli pela orientação.

À Dra. Patrícia Fontes, minha coorientadora, pela disponibilidade, atenção e apoio constantes.

Ao Dr. Gilvan Ferreira da Silva, pela parceria, incentivo e por acreditar em meu potencial desde o início, contribuindo de forma decisiva para minha trajetória acadêmica.

Agradeço a todos os professores que contribuíram para minha formação acadêmica, em especial aos docentes do curso de Graduação em Biotecnologia da Universidade Federal do Amazonas.

Às amigas da graduação, Deisiane Moura, Elvira Souza e Rebecca Hanada, que, mesmo distantes, sempre estiveram presentes virtualmente, e a Thaisa Gonçalves e Maria Vitória, que vieram comigo para Viçosa.

Aos amigos da pós-graduação, Diana Lemos, a primeira pessoa com quem fiz amizade ao chegar em Viçosa, Thiago Rodrigues e José Soares, pelo companheirismo e apoio ao longo desta caminhada.

Em especial ao José Soares, pela presença constante ao longo destes dois anos, tornando essa trajetória possível.

Aos amigos que fiz por meio do laboratório, Lorena Cornélia, Maria Eduarda Assis, Mariana Melo e Clarissa Vidal, pela amizade, escuta e ajuda diária. À toda equipe do laboratório, em especial ao estudante de iniciação científica Fernando Lisboa, pelo auxílio nas atividades.

“Entre as pedras e o vento
Eu guardei aquele mesmo sentimento
Não perdi a vontade de voar”
(Urias)

RESUMO

TEIXEIRA, Charles Araujo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2026. **Prospecção, caracterização fenotípica e molecular de bactérias de solo e composto orgânico visando a construção de uma coleção microbiana para aplicação biotecnológica.** Orientadora: Denise Mara Soares Bazzolli. Coorientadores: Patricia Pereira Fontes e Olinto Liparini Pereira.

A perda de produtividade agrícola causada por fitopatógenos, aliada à crescente resistência a antimicrobianos, tem impulsionado a busca por soluções biotecnológicas sustentáveis. Nesse cenário, solos e compostos orgânicos de áreas estratégicas constituem reservatórios de diversidade microbiana, destacando-se bactérias com diferentes papéis ecológicos, como mixobactérias (*Myxococcota*), *Streptomyces* (*Actinomycetota*) e gêneros associados à rizosfera (*Dyella*, *Pseudomonas*, *Flavobacterium*), com atividade para biocontrole, promoção de crescimento vegetal e produção de compostos bioativos. O presente estudo teve como objetivo prospectar, isolar e caracterizar fenotípica e molecularmente esses grupos bacterianos a partir de solos amazônicos e de amostras da empresa Sítio Barreiras Fruticultura LTDA, no Ceará, visando à construção de uma coleção microbiana funcionalmente caracterizada para aplicações biotecnológicas sustentáveis. O estudo analisou 65 amostras de solo da Reserva de Desenvolvimento Sustentável do Rio Negro (Amazonas) e isolados de coleções prévias obtidas a partir de amostras da empresa Sítio Barreiras Fruticultura LTDA. O isolamento foi realizado por meio de metodologia de isca de papel de filtro e isca de esterco de coelho. A caracterização incluiu análises morfológicas, identificação molecular (16S rRNA) e ensaios funcionais: atividade enzimática (amilase, celulase, lipase), solubilização de fosfato, predação bacteriana, produção de compostos orgânicos voláteis (VOCs) em placas sanduíche e cultura pareada contra *Fusarium oxysporum*. O estudo contemplou 162 isolados, dos quais 44 pertenciam à coleção de bactérias do Laboratório de Genética Molecular de Bactérias e 118 foram isoladas de solos amazônicos. A caracterização das bactérias da coleção, permitiu caracterizar bactérias comumente isoladas por isca papel de filtro, onde foram detectados os gêneros *Pseudomonas*, *Flavobacterium* e *Chitinophaga* que mimetizam fenótipos de mixobactérias, reforçando a necessidade da identificação molecular. O isolamento de bactérias da Amazônia incluiu 69 mixobactérias (com 7 isolados identificados como *Myxococcus* e *Corallococcus*), 36 actinobactérias e 10 isolados do gênero *Dyella*, além de 3 bactérias não identificadas. Sete mixobactérias apresentaram predação contra *Ralstonia solanacearum*, *Xanthomonas*

campestris, *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus* e *Escherichia coli*. Oito isolados de *Dyella* solubilizaram fosfato de alumínio. O isolado UFV CAB-C 25 inibiu *Trichoderma* sp. em 90,1% por VOCs com efeito fungistático até o 15º dia de avaliação, enquanto os isolados UFV 41.1 e UFV SEC S-PF 42.2 inibiram *Fusarium oxysporum* em mais de 60 % em cultura pareada após 15 dias de cultivo. A coleção microbiana construída apresenta diversidade taxonômica e potencial funcional, incluindo o primeiro relato de isolamento de mixobactérias em solos amazônicos. Os isolados obtidos demonstraram potencial para o biocontrole de patógenos agrícolas e clínicos, a promoção do crescimento vegetal por meio da solubilização de fosfato e a produção de compostos voláteis com potencial aplicação na fumigação biológica pós-colheita, contribuindo para a prospecção e o desenvolvimento de bioinsumos sustentáveis.

Palavras-chave: Myxococcota; mixobactérias; *Dyella*; Actinobactérias; *Streptomyces*; biocontrole; solos amazônicos; bananicultura; compostos orgânicos voláteis; predação bacteriana

ABSTRACT

TEIXEIRA, Charles Araujo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2026. **Prospecting, phenotypic and molecular characterization of bacteria from soil and organic compost aiming at the construction of a microbial collection for biotechnological application.** Adviser: Denise Mara Soares Bazzolli. Co-advisers: Patricia Pereira Fontes and Olinto Liparini Pereira.

Agricultural productivity losses caused by phytopathogens, together with the increasing emergence of antimicrobial resistance, have driven the search for sustainable biotechnological solutions. In this context, soils and organic composts from strategic environments represent important reservoirs of microbial diversity, harboring bacterial groups with distinct ecological functions, including myxobacteria (Myxococcota), Streptomyces (Actinomycetota), and rhizosphere-associated genera such as *Dyella*, *Pseudomonas*, and *Flavobacterium*, which exhibit potential for biological control, plant growth promotion, and the production of bioactive compounds. This study aimed to prospect, isolate, and perform phenotypic and molecular characterization of these bacterial groups from Amazonian soils and samples collected from Sítio Barreiras Fruticultura LTDA (Ceará, Brazil), with the goal of establishing a functionally characterized microbial collection for sustainable biotechnological applications. A total of 65 soil samples from the Rio Negro Sustainable Development Reserve (Amazonas, Brazil) and bacterial isolates from previous collections obtained from Sítio Barreiras Fruticultura LTDA were analyzed. Bacterial isolation was performed using filter paper baiting and rabbit dung baiting methods. Characterization included morphological analyses, molecular identification based on 16S rRNA gene sequencing, and functional assays evaluating enzymatic activities (amylase, cellulase, and lipase), phosphate solubilization, bacterial predation, production of volatile organic compounds (VOCs) using the sandwich plate method, and dual culture assays against *Fusarium oxysporum*. A total of 162 bacterial isolates were evaluated, including 44 isolates from the Bacterial Molecular Genetics Laboratory collection and 118 isolates obtained from Amazonian soils. Characterization of the laboratory collection revealed that bacterial genera commonly recovered by the filter paper baiting method, including *Pseudomonas*, *Flavobacterium*, and *Chitinophaga*, may exhibit phenotypic traits that mimic those of myxobacteria, highlighting the importance of molecular identification for accurate taxonomic assignment. Isolation from Amazonian soils yielded 69 putative myxobacteria, including seven isolates identified as *Myxococcus* and *Corallococcus*, 36 actinobacteria, 10 isolates belonging to the genus *Dyella*, and three unidentified bacterial

isolates. Seven myxobacterial isolates exhibited predatory activity against *Ralstonia solanacearum*, *Xanthomonas campestris*, *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, and *Escherichia coli*. Eight *Dyella* isolates were able to solubilize aluminum phosphate. The isolate UFV CAB-C 25 inhibited *Trichoderma* sp. by 90.1% through VOC production, maintaining a fungistatic effect for up to 15 days of evaluation. In addition, isolates UFV 41.1 and UFV SEC S-PF 42.2 inhibited *Fusarium oxysporum* by more than 60% in dual culture assays after 15 days of incubation. The constructed microbial collection exhibits taxonomic diversity and functional potential, including the first report of myxobacterial isolation from Amazonian soils. The constructed microbial collection exhibits taxonomic diversity and functional potential, including the first report of myxobacterial isolation from Amazonian soils. The isolates obtained demonstrated potential for the biocontrol of agricultural and clinical pathogens, the promotion of plant growth through phosphate solubilization, and the production of volatile compounds with potential applications in biological fumigation for postharvest management, contributing to the prospecting and development of sustainable biological inputs.

Keywords: Myxococcota; myxobacteria; *Dyella*; Actinobacteria; *Streptomyces*; biocontrol; amazonian soils; banana production; volatile organic compounds; bacterial predation

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Ciclo de vida de <i>Myxococcus xanthus</i> .	18
Figura 2 - Representação esquemática do fluxo metodológico empregado neste estudo.	29
Figura 3 - Visão geral dos isolados estudados neste trabalho.	38
Figura 4 - Macromorfologia dos isolados por Medrado (2025).	42
Figura 5 - Aspecto morfológico de aglomerados celulares do isolado UFV-PM 91.	44
Figura 6 - Corpos de frutificação observados em isolamento por esterco de coelho.	47
Figura 7 - Corpos de frutificação observados em mixobactérias.	49
Figura 8 - Macromorfologia de colônias características de isolados de mixobactérias.	53
Figura 9 - Fluorescência de isolados de mixobactérias.	54
Figura 10 - Diversidade macromorfológica característica de colônias de actinobactérias.	58
Figura 11 - Morfologia de colônias do isolado UFV B-EC 8.1 (<i>Dyella</i> sp.).	58
Figura 12 - Árvore filogenética das mixobactérias.	60
Figura 13 - Árvore filogenética das bactérias do gênero <i>Dyella</i> .	62
Figura 14 - Ensaio qualitativo de solubilização de fosfato de alumínio.	66
Figura 15 - Ensaio de placas sanduíche para avaliação da atividade antifúngica.	67
Figura 16 - Índice de inibição do crescimento micelial de <i>Fusarium oxysporum</i> .	69
Figura 17 - Isolados com atividade antagonista frente a <i>F. oxysporum</i> .	70
Figura 18 - Ensaio de predação de isolados de mixobactérias.	73
Figura Suplementar 1 - Macromorfologia das colônias de mixobactérias.	105
Figura Suplementar 2 - Macromorfologia das colônias de actinobactérias.	106

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Caracterização quanto aos aspectos compatíveis com mixobactérias.	43
Tabela 2 - Identificação molecular dos isolados obtidos por Medrado (2025).	45
Tabela 3 - Caracterização macromorfológica dos isolados bacterianos.	56
Tabela 4 - Identificação molecular das bactérias da Amazônia.	63
Tabela 5 - Caracterização do potencial biotecnológico dos isolados do gênero <i>Dyella</i> .	65
Tabela 6 - Atividade predatória dos isolados de mixobactérias.	71
Tabela 7 - Isolados bacterianos promissores.	75
Tabela Suplementar 1 - Amostras de solo utilizadas para o isolamento bacteriano.	92
Tabela Suplementar 2 - Caracterização morfológica dos isolados	99

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1 Bactérias de solo como reservatório de funcionalidades biotecnológicas	15
2.2 O estilo de vida social das mixobactérias	16
2.3 Taxonomia do filo Myxococcota: da classificação clássica à era genômica	18
2.4 Métodos de isolamento de mixobactérias: princípios, abordagens e aplicações	20
2.5 O potencial biotecnológico das mixobactérias: antibióticos, enzimas líticas, pigmentos e metabólitos bioativos	22
2.6 O gênero <i>Streptomyces</i> : versatilidade metabólica e relevância biotecnológica	24
2.7 Compostos orgânicos voláteis (VOCs) como estratégia de biocontrole	25
2.8 Mineração de genomas e ativação de <i>clusters</i> biossintéticos silenciosos	26
3 OBJETIVOS	27
3.1 Objetivo geral	27
3.2 Objetivos específicos	27
4 MATERIAL E MÉTODOS	28
4.1 Caracterização do estudo	28
4.2 Local de realização da pesquisa	29
4.3 Amostras de solo e composto orgânico	30
4.4 Microrganismos utilizados, condições de cultivo e manutenção	30
4.4.1 Isolados da coleção do laboratório	30
4.4.2 Fungos utilizados nos ensaios	30
4.4.3 Bactérias presa utilizadas nos ensaios de predação	31
4.4.4 Manutenção dos isolados obtidos neste estudo	31
4.5 Obtenção de novos isolados	32
4.5.1 Pré-tratamento das amostras	32
4.5.2 Isolamento por isca com esterco de coelho	32
4.5.3 Isolamento pelo método da isca de papel de filtro	32
4.5.4 Obtenção de cultura pura dos isolados	33
4.6 Identificação morfológica e molecular	33
4.6.1 Caracterização morfológica	33
4.6.2 Identificação molecular	34
4.7 Caracterização funcional dos isolados	34
4.7.1 Avaliação da atividade enzimática	34
4.7.2 Avaliação da solubilização de fosfato	35
4.7.3 Teste de predação bacteriana	35
4.7.4 Avaliação da atividade antifúngica por compostos orgânicos voláteis (VOCs)	36
4.7.5 Teste de cultura pareada com actinobactérias	37
4.8 Análise dos dados	37
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	37

5.1 Visão geral da coleção microbiana: isolados obtidos e analisados	37
5.2 Isolados da coleção do laboratório: caracterização morfológica e molecular de possíveis interferentes no isolamento de mixobactérias	40
5.3 Isolamento de bactérias de solos amazônicos e obtenção de cultura pura	46
5.3.1 Isolamento por isca esterco de coelho	46
5.3.2 Isolamento por isca papel de filtro em ST21	48
5.4 Caracterização morfológica dos isolados da amazônia	51
5.4.1 Caracterização morfológica dos isolados obtidos sugestivos de mixobactérias	51
5.4.2 Caracterização morfológica de isolados sugestivos de actinobactérias	55
5.4.3 Caracterização morfológica de isolados sugestivos do gênero <i>Dyella</i>	57
5.5 Identificação molecular dos isolados provenientes de amostras amazônicas	59
5.6 Caracterização funcional dos isolados	63
5.6.1 Avaliação da atividade enzimática e solubilização de fosfato	63
5.6.2 Avaliação da atividade antifúngica por compostos orgânicos voláteis (VOCs)	66
5.6.3 Teste de cultura pareada dos isolados de actinobactérias contra <i>Fusarium oxysporum</i> CCF 316	68
5.6.4 Teste de predação bacteriana	71
5.7 Aspectos centrais sobre a coleção obtida e destaque dos isolados mais promissores	74
6 CONCLUSÕES	77
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	79
8 APÊNDICE	92

1 INTRODUÇÃO

A saúde pública e a agricultura mundial enfrentam desafios crescentes relacionados às perdas durante a produção e o período pós-colheita, impactando diretamente a segurança alimentar e a economia global (Gai & Wang, 2024). Parte expressiva dessas perdas está associada à ação de patógenos, especialmente fungos causadores de podridões e murchas, como espécies do gênero *Fusarium* (Aydin & Uzun, 2024). Entre as bactérias fitopatogênicas, destacam-se os gêneros *Ralstonia* e *Xanthomonas*, responsáveis por doenças vasculares e sistêmicas de difícil controle, que afetam culturas de elevada importância socioeconômica, como banana e tomate (Xue et al., 2020; Giovanardi et al., 2025). Paralelamente, a emergência e disseminação de bactérias multirresistentes a antimicrobianos, como *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus* e *Escherichia coli*, configuram uma crise silenciosa na saúde pública, reduzindo as opções terapêuticas e aumentando a mortalidade associada a infecções (Tran et al., 2020; Goh et al., 2023).

Além dos impactos diretos sobre a produtividade agrícola, a contaminação por micotoxinas produzidas por fungos dos gêneros *Aspergillus*, *Alternaria*, *Fusarium* e *Penicillium* representa uma ameaça adicional à segurança alimentar, com prevalência estimada entre 60 % e 80 % das culturas afetadas (Hamad et al., 2023). Essas toxinas são particularmente preocupantes devido à sua elevada estabilidade e dificuldade de eliminação, estando associadas a efeitos citotóxicos e genotóxicos; por serem produtos do metabolismo secundário fúngico, as micotoxinas podem ser formadas tanto no campo, quanto durante o armazenamento dos produtos agrícolas (Oztekin et al., 2023).

Embora o uso de agrotóxicos tenha aumentado cerca de 30 % nas últimas duas décadas (FAO, 2025), as estratégias tradicionais de controle baseadas em compostos químicos sintéticos têm se mostrado cada vez mais problemáticas (Haq et al., 2024). Fungicidas à base de cobre, por exemplo, apresentam baixa biodegradabilidade e elevada toxicidade para organismos não alvo, enquanto o uso indiscriminado de antimicrobianos contribui para a seleção de populações patogênicas resistentes (Corkley et al., 2022). Esse cenário evidencia a necessidade de novas abordagens de manejo fitossanitário e de combate a patógenos humanos que conciliem eficiência no controle e sustentabilidade (Reuveni et al., 2023).

Entre as estratégias mais promissoras destaca-se o controle biológico, que utiliza organismos vivos ou seus metabólitos para o manejo de patógenos, configurando uma abordagem ambientalmente segura e biologicamente eficiente (Nath et al., 2024). Nesse contexto, bactérias com diferentes papéis ecológicos e funcionais despertam especial interesse, as actinobactérias, especialmente o gênero *Streptomyces* (filo Actinomycetota), são reconhecidas por sua notável versatilidade metabólica, produzindo antibióticos, enzimas hidrolíticas e compostos orgânicos voláteis (VOCs) com aplicações nos setores agrícola, farmacêutico e ambiental (Du et al., 2024). As mixobactérias (filo Myxococcota), por sua vez, destacam-se pelo comportamento predatório complexo e pela produção de peptídeos não ribossomais, policetídeos e enzimas líticas, constituindo uma fonte ainda pouco explorada de moléculas bioativas (Arakal et al., 2022; Li et al., 2024). Além desses, outros grupos bacterianos frequentemente isolados de solos, como o gênero *Dyella*, *Pseudomonas*, *Flavobacterium*, *Variovorax* e *Chitinophaga* apresentam potencial na promoção de crescimento vegetal, solubilização de fosfato, produção de enzimas e controle de patógenos (Wang et al., 2025). A prospecção de novos isolados desses grupos permanece fundamental para ampliar a diversidade de compostos naturais disponíveis e suas possíveis aplicações (Ayaz et al., 2023).

Solos de áreas estratégicas como a Amazônia, além de sua reconhecida biodiversidade vegetal e animal, constituem um reservatório singular de diversidade microbiana, favorecido por condições ambientais específicas que promovem a evolução de microrganismos com elevado potencial biotecnológico (Pereira et al., 2016; Venturini et al., 2022). Estudos metataxonômicos já detectaram a presença de diversos gêneros bacterianos com potencial biotecnológico na região amazônica (Mandro et al., 2022). A caracterização genômica desses microrganismos têm revelado a presença de numerosos *clusters* biossintéticos associados à produção de metabólitos secundários desconhecidos, sugerindo que uma fração significativa do arsenal químico microbiano amazônico permanece inexplorada (Oliveira et al., 2024). Entretanto, ainda são escassos os registros de isolamento e caracterização fenotípica e molecular desses grupos, em especial, mixobactérias a partir de solos amazônicos.

Neste estudo, foram empregadas metodologias tradicionalmente utilizadas para o isolamento de mixobactérias (iscas de papel de filtro e esterco de coelho), as quais se mostraram eficientes também para o enriquecimento de actinobactérias e de outros grupos

bacterianos de interesse biotecnológico. Essa abordagem permitiu acessar simultaneamente diferentes componentes funcionais da microbiota edáfica, ampliando o escopo da prospecção.

Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo realizar a prospecção, caracterização fenotípica e molecular de bactérias dos grupos Myxococcota e *Streptomyces*, bem como de outros gêneros isolados concomitantemente, provenientes de solos amazônicos e de amostras coletadas em área de bananicultura, composto orgânico e floresta nativa do município de Missão Velha-CE, visando à construção de uma coleção microbiana caracterizada funcionalmente para aplicações biotecnológicas. A caracterização incluiu a avaliação de capacidades funcionais específicas para cada grupo: predação bacteriana (mixobactérias), produção de compostos orgânicos voláteis e antagonismo a fitopatógenos (*Streptomyces*), e solubilização de fosfato (*Dyella*). O estudo busca, assim, contribuir para o desenvolvimento de estratégias sustentáveis de controle de doenças e promoção de crescimento vegetal, a partir da diversidade microbiana do solo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Bactérias de solo como reservatório de funcionalidades biotecnológicas

O solo abriga uma das mais diversas e complexas comunidades microbianas do planeta, na qual diferentes grupos bacterianos coexistem e interagem por meio de estratégias como predação, competição por nutrientes e produção de antibióticos (Kiprotich et al., 2025). Essa diversidade funcional tem sido explorada para o desenvolvimento de soluções biotecnológicas sustentáveis, especialmente no controle de fitopatógenos e na promoção de crescimento vegetal (Nath et al., 2024).

Embora metodologias baseadas em iscas, como papel de filtro e esterco de coelho, sejam amplamente empregadas no isolamento desses microrganismos, elas apresentam baixa seletividade (Meliah et al., 2020), isso ocorre porque diversas bactérias do solo também são capazes de crescer nessas condições, em especial, microrganismos com habilidade de colonizar superfícies sólidas e apresentar motilidade por deslizamento (*gliding motility*) podem se desenvolver nas iscas, originando colônias e estruturas que se assemelham a diferentes estágios do ciclo de vida das mixobactérias, dificultando a triagem inicial (Vincent et al., 2022).

Entre os principais microrganismos que podem interferir na triagem de mixobactérias, destacam-se gêneros dos filos Bacteroidota, como os gêneros *Flavobacterium* e *Chitinophaga*, e Pseudomonadota, como os gêneros *Pseudomonas*, *Variovorax* e *Dyella*, esses grupos apresentam características fenotípicas semelhantes às das mixobactérias, o que pode levar a equívocos na identificação inicial (Seo et al., 2024; Yang et al., 2025).

Dentre essas semelhanças, observa-se a motilidade deslizante em *Flavobacterium* e *Chitinophaga*, que possibilita o espalhamento colonial semelhante ao padrão de enxameamento típico de mixobactérias (Vincent et al., 2022). Além disso, espécies de *Pseudomonas* e *Variovorax* podem formar biofilmes e agregados celulares, resultando em estruturas densas e rugosas em meios sólidos que podem ser confundidas com corpos de frutificação (Weaver et al., 2024).

Outro fator relevante é a produção de pigmentos, como carotenoides e outros compostos de coloração amarela, alaranjada ou rósea, frequentemente observados em *Flavobacterium* e em algumas espécies de *Pseudomonas* (Agarwal et al., 2023; Lee et al., 2024). Além disso muitos desses microrganismos apresentam capacidade de crescimento em meios oligotróficos, desenvolvendo-se adequadamente em ágar-água, o que também coincide com condições utilizadas para o isolamento de mixobactérias (Dethier et al., 2025).

Apesar de poderem representar desafios na triagem inicial, esses grupos co-isolados não devem ser desconsiderados, pois possuem importante potencial biotecnológico. Gêneros como *Dyella* e *Variovorax* são reconhecidos como promotores de crescimento vegetal, especialmente por sua capacidade de solubilizar fosfatos inorgânicos e produzir fitormônios (De Lima et al., 2021; Dethier et al., 2025). *Pseudomonas* e *Flavobacterium* incluem espécies com atividade antagônica a fitopatógenos e produção de compostos voláteis (Jeong et al., 2019; Almeida et al., 2023). Assim, a identificação precisa desses microrganismos, aliada à caracterização funcional, pode ampliar o escopo da coleção microbiana para aplicações em agricultura e biorremediação.

2.2 O estilo de vida social das mixobactérias

As mixobactérias constituem um dos grupos mais fascinantes entre os procariotos, distinguindo-se por um estilo de vida social complexo que as aproxima, em termos comportamentais, de organismos multicelulares (Contreras-Moreno et al., 2024).

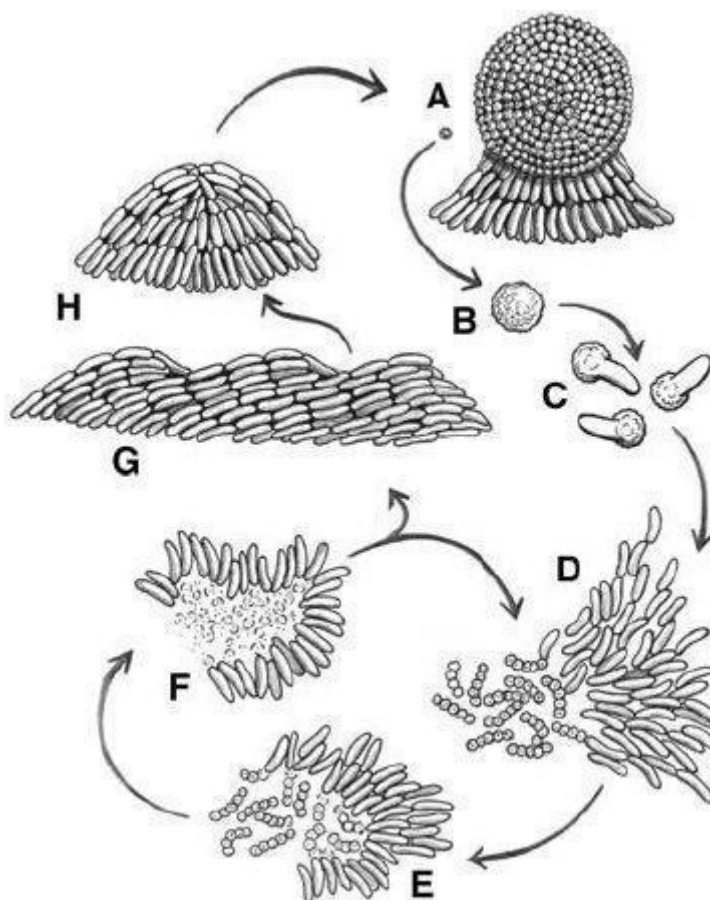
Diferentemente da maioria das bactérias, que se desenvolvem a partir de um indivíduo, as mixobactérias exibem ao longo de todo o seu ciclo de vida um comportamento verdadeiramente social, necessitando de concentração celular para se desenvolver, movimentando-se em enxames, alimentando-se cooperativamente e agregando-se para construir estruturas multicelulares complexas denominadas corpos de frutificação (Kroos et al., 2025).

Essas bactérias são bacilos Gram-negativos alongados, caracterizadas por três peculiaridades fundamentais que as distinguem dos demais grupos bacterianos: (1) locomovem-se de duas formas, de forma cooperativa por deslizamento sobre superfícies sólidas (*gliding*) e de forma individual por meio de Pili IV; (2) possuem um notável potencial morfogenético, culminando na formação de corpos de frutificação que contém mixósporos; e (3) são procariotos sociais, estas propriedades não são independentes entre si, encontrando sua explicação na ecologia e no modo de vida desses microrganismos (Wang et al., 2023).

A motilidade por deslizamento permite a locomoção em ambientes relativamente secos e sobre superfícies sólidas, como partículas de solo, restos vegetais e *pellets* de esterco, esta forma de deslocamento está intimamente associada à produção de material mucilaginoso de natureza polissacarídica, que serve tanto como meio de adesão ao substrato quanto como matriz para o deslocamento coordenado das células, (Faiza et al., 2025). As colônias de mixobactérias, denominadas enxames (*swarms*), formam estruturas delgadas e expansivas que podem atingir vários centímetros de diâmetro, contrastando fortemente com as colônias compactas da maioria das bactérias, e o movimento cooperativo forma ondas oscilatórias no interior dos enxames, denotando outra característica dessas bactérias (Ritchie et al., 2021).

O comportamento social das mixobactérias, como demonstrado na Figura 1, manifesta-se de maneira mais evidente na formação dos corpos de frutificação, quando as células são submetidas a condições de privação nutricional, centenas de milhares de indivíduos iniciam um processo coordenado de agregação, migrando em direção a centros específicos onde se empilham para formar estruturas macroscópicas com formas e cores características de cada espécie, durante este processo, as células vegetativas sofrem uma diferenciação celular completa, convertendo-se em mixósporos, células de resistência com morfologia alterada, geralmente esféricas ou bacilares curtas com pontas arredondadas e envoltas por espessa camada protetora (Lall et al., 2024).

Figura 1 - Ciclo de vida de *Myxococcus xanthus*. Estruturas multicelulares incluem corpo de frutificação contendo mixósporos resistentes (A), germinação e formação de enxame (B–D), comportamento predatório cooperativo (E–F) e organização multicelular (G–H).



Fonte: KAISER et al., (2010).

2.3 Taxonomia do filo Myxococcota: da classificação clássica à era genômica

A classificação taxonômica das mixobactérias passou por profundas transformações desde os primeiros estudos de Roland Thaxter em 1892, que inicialmente as descreveu como fungos devido à complexidade de seus corpos de frutificação. Durante grande parte do século XX, as mixobactérias foram classificadas dentro da ordem Myxobacterales, subdividida em dois subordens (Cystobacterineae e Sorangineae) com base em características morfológicas como forma celular, morfologia das colônias, comportamento tintorial do *slime* com vermelho Congo e padrões de pigmentos (Rosenberg et al., 2014).

Estudos de composição de bases do DNA (percentual de G+C) demonstraram que todas as mixobactérias formadoras de corpos de frutificação apresentam uma faixa estreita de 66-72 % G+C, distinguindo-se claramente de outras bactérias deslizantes como *Cytophaga* e *Sporocytophaga* (34-43 % G+C), que anteriormente faziam parte do mesmo filo (Treuner-Lange et al., 2017).

Em 2020, uma revisão taxonômica de grande impacto foi proposta por Waite e colaboradores, fundamentada em análises comparativas de genomas reconstruídos a partir de metagenomas ambientais. Nesse estudo, os autores demonstraram que o antigo agrupamento das mixobactérias dentro da classe Deltaproteobacteria, pertencente ao filo Pseudomonadota, não refletia adequadamente suas relações filogenéticas, recomendando a elevação da ordem Myxococcales ao nível de filo, sob a denominação Myxococcota. Essa proposta foi posteriormente validada como nomenclatura por Oren e Garrity em 2021, consolidando uma nova estrutura taxonômica para o grupo, essa reclassificação representou um avanço significativo na sistemática das mixobactérias, ao fornecer um arcabouço filogenético mais consistente para estudos evolutivos, ecológicos e de prospecção biotecnológica.

De acordo com os registros mais recentes do *Taxonomy* do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), o filo Myxococcota apresenta atualmente uma organização taxonômica composta por duas classes formalmente reconhecidas, Myxococcia e Polyangia. Essas classes englobam quatro ordens principais: Myxococcales (classe Myxococcia), Polyangiales, Nannocystales e Haliangiales (classe Polyangia). No nível de família, são reconhecidas nove famílias, incluindo Anaeromyxobacteraceae, Myxococcaceae, Vulgatibacteraceae (ordem Myxococcales), Polyangiaceae e Sandaracinaceae (ordem Polyangiales), Nannocystaceae (ordem Nannocystales) e Haliangiaceae (ordem Haliangiales). Atualmente, esse conjunto taxonômico compreende 33 gêneros e 127 espécies com nomes validados, além de 22 espécies adicionais ainda sem designação formal, o que evidencia que a diversidade do filo permanece em processo de expansão e refinamento taxonômico (NCBI, 2026).

Entre os táxons ainda em classificação provisória, destacam-se grupos cuja posição sistemática segue em avaliação. Um exemplo é a família Pendulisporaceae e o gênero *Pendulispora*, ambos associados à ordem Myxococcales, que permanecem sem validação nomenclatural formal (Garcia et al., 2024). Outro caso relevante é o gênero *Candidatus*

Fimimonas, pertencente à família Myxococcaceae, o qual representa linhagens ainda não cultivadas ou descritas de forma definitiva, sendo conhecido apenas a partir de dados metagenômicos (Gilroy et al., 2021). Adicionalmente, estudos recentes propuseram a classe Bradymonadia como um novo agrupamento dentro do filo Myxococcota, ampliando a compreensão sobre a diversidade filogenética desse grupo bacteriano (Wang et al., 2024).

2.4 Métodos de isolamento de mixobactérias: princípios, abordagens e aplicações

O isolamento de mixobactérias representa um desafio metodológico significativo, uma vez que esses microrganismos raramente são recuperados por técnicas convencionais de plaqueamento direto (Reichenbach & Dworkin, 1992). Essa limitação está diretamente relacionada às suas particularidades ecológicas e fisiológicas, incluindo o crescimento relativamente lento, com tempo de geração entre 4-10 h, a dependência de interações bióticas e a necessidade de condições específicas para expressão de características diagnósticas, como a formação de corpos de frutificação, dessa forma, as estratégias de isolamento descritas na literatura exploram atributos funcionais do grupo, como comportamento predatório, capacidade de degradação de polímeros complexos e desenvolvimento multicelular (Peterson, 1969; Reichenbach & Dworkin, 1992).

De modo geral, os métodos de isolamento de mixobactérias podem ser organizados em três grandes abordagens: (1) técnicas baseadas na observação direta de corpos de frutificação em substratos naturais, (2) métodos de enriquecimento por iscas, que exploram fontes específicas de nutrientes ou presas, e (3) estratégias seletivas que utilizam condições físico-químicas ou antibióticos para reduzir a microbiota competitiva (Rosenberg et al., 2014).

A abordagem mais clássica consiste no isolamento direto a partir de substratos naturais, como cascas de árvores, madeira em decomposição e folhas, nessa estratégia, as amostras são incubadas em condições de elevada umidade, frequentemente sobre papel de filtro umedecido, permitindo o desenvolvimento de corpos de frutificação diretamente sobre o substrato (Rosenberg et al., 2014). Essas estruturas são então coletadas e transferidas para meios de cultura apropriados, visando à obtenção de culturas puras. Esse método é particularmente eficaz para a recuperação de gêneros como *Chondromyces*, *Allostigmatella*, *Polyangium* e *Sorangium*, frequentemente associados a materiais lignocelulósicos (Peterson, 1969; Reichenbach & Dworkin, 1992).

Entre os métodos de enriquecimento, destaca-se o uso de iscas orgânicas, sendo o esterco de coelho uma das mais empregadas, esse substrato atua como um microambiente altamente favorável à atividade microbiana, rico em restos celulares provenientes do trato digestivo, funcionando como fonte de nutrientes e, simultaneamente, como atrativo para mixobactérias predadoras, nesse método, *pellets* de esterco previamente esterilizados são parcialmente enterrados em solo umedecido e incubados em câmara úmida, favorecendo a formação de corpos de frutificação sobre sua superfície, essa abordagem tem se mostrado eficiente para o isolamento de gêneros bacteriolíticos como *Myxococcus*, *Corallococcus*, *Cystobacter* e *Archangium*, sendo particularmente útil em amostras com baixa densidade de mixobactérias (Krzemieniewska & Krzemieniewski, 1926; Peterson, 1969; Reichenbach & Dworkin, 1992).

Outra estratégia amplamente utilizada baseia-se na capacidade de degradação de celulose por determinadas mixobactérias, nesse contexto, o método da isca de papel de filtro utiliza fragmentos de celulose como única fonte de carbono em meios minerais, como o meio ST21 e suas variações, esse sistema favorece o crescimento de mixobactérias celulolíticas, especialmente do gênero *Sorangium*, além de permitir o desenvolvimento secundário de outras espécies que se beneficiam dos produtos da degradação da celulose (Brockman & Boyd, 1963; Peterson, 1969; Reichenbach & Dworkin, 1992). Variações dessa técnica incluem o método de Stanier, no qual tiras de papel de filtro são dispostas sobre meios minerais sólidos, funcionando simultaneamente como substrato e suporte físico para o crescimento microbiano (Stanier, 1942).

A exploração do comportamento predatório constitui outra abordagem relevante para o isolamento de mixobactérias (Reichenbach & Dworkin, 1992). O método de placas com isca bacteriana, originalmente descrito por Singh, utiliza tapetes densos de bactérias como fonte de alimento (Singh, 1947). Nesse sistema, amostras de solo são inoculadas sobre áreas previamente colonizadas por bactérias suscetíveis, como *Escherichia coli* (Shingh, 1947). A atividade predatória das mixobactérias resulta na formação de zonas de lise e no desenvolvimento de enxames e estruturas multicelulares, permitindo sua posterior recuperação, esse método é particularmente eficaz para o isolamento de espécies bacteriolíticas, incluindo *Myxococcus* e *Corallococcus* (Singh, 1947; Peterson, 1969; Reichenbach & Dworkin, 1992).

Além das abordagens baseadas em interações ecológicas, estratégias seletivas também têm sido empregadas para reduzir a competição microbiana durante o isolamento, entre essas, destacam-se o uso de antibióticos e tratamentos físico-químicos, como secagem e aquecimento das amostras, a resistência relativa de mixobactérias a determinados antibióticos permite a supressão de bactérias competidoras, enquanto a formação de mixósporos confere tolerância a condições adversas, como temperaturas elevadas, métodos que combinam esses fatores, como o plaqueamento em meios suplementados com antibióticos após tratamento térmico, têm sido utilizados principalmente para o isolamento de *Myxococcus* a partir de solos (Karwowski et al., 1996; Reichenbach & Dworkin, 1992).

De maneira complementar, o plaqueamento de amostras previamente secas e aquecidas pode ser utilizado como etapa de purificação, explorando a resistência dos mixósporos em relação a microrganismos contaminantes, nesses casos, meios como CY e VY/2 são empregados para recuperação e crescimento dos isolados (Reichenbach & Dworkin, 1992).

Em síntese, a escolha da metodologia de isolamento deve considerar o tipo de amostra, o grupo de interesse e o nível de contaminação esperado. Frequentemente, a combinação de diferentes abordagens é necessária para maximizar a recuperação da diversidade de mixobactérias presentes no ambiente. Essa integração metodológica é especialmente relevante em ecossistemas complexos, como solos tropicais, onde a diversidade microbiana é elevada e ainda amplamente subexplorada.

2.5 O potencial biotecnológico das mixobactérias: antibióticos, enzimas líticas, pigmentos e metabólitos bioativos

As mixobactérias são reconhecidas por sua complexa biologia social, por serem exímias predadoras e por produzirem um vasto conjunto de metabólitos secundários bioativos, incluindo antibióticos, antifúngicos, compostos citotóxicos, enzimas hidrolíticas e compostos voláteis com potencial biotecnológico, estes metabólitos desempenham papéis centrais na predação e na competição ecológica, sendo atraentes para aplicações em saúde e agricultura (Saggu et al., 2023).

Estudos genômicos recentes revelam que mixobactérias apresentam vários *clusters* de genes biossintéticos (BGCs) para policetídeos, peptídeos não ribossomais e terpenóides,

muitos dos quais codificam moléculas com atividades antibacterianas, antifúngicas e antitumorais, em análise comparativa de genomas também mostra uma diversidade metabólica substancial, indicando um enorme potencial ainda pouco explorado da química natural microbiana (Ahearne et al., 2023).

Diversos compostos isolados de mixobactérias demonstraram atividade antagonista contra patógenos relevantes, por exemplo, misturas de policetídeos e peptídeos não ribossomais que exibiram eficácia contra fungos fitopatogênicos como *Botrytis cinerea* e espécies de *Fusarium*, sugerindo uso potencial no controle biológico de doenças de plantas (Kaur et al., 2018). Além disso, a identificação de compostos orgânicos voláteis (VOCs) produzidos por mixobactérias, como o isoetanol emitido por *Corallococcus* spp. ampliou o escopo de mecanismos antagonistas, com evidências de atividade contra *Fusarium oxysporum* e *Penicillium digitatum* (Ye et al., 2020; Wang et al., 2025).

Além disso, as mixobactérias são amplamente reconhecidas pela produção de diversos pigmentos, frequentemente carotenóides, que conferem colorações que variam do amarelo ao alaranjado, vermelho e até tons amarronzados. Esses pigmentos carotenóides, em geral intracelulares, contribuem diretamente para a coloração marcante dos corpos de frutificação, cuja a biossíntese pode ser induzida pela luz, estando relacionada a mecanismos de fotoproteção, especialmente contra radiação ultravioleta, além de atuar na dissipação de energia luminosa e na proteção contra estresse oxidativo (Graniczkowska et al., 2024). Assim como a produção de pigmentos fluorescentes em algumas espécies, visíveis sob luz UV, reforçando seu papel fotobiológico (Rosenberg et al., 2014).

Adicionalmente, a organização dos esporos dentro dos corpos de frutificação contribui para maior resistência à radiação UV, indicando uma integração entre estrutura e pigmentação na proteção ambiental, garantindo a algumas dessas bactérias a capacidade de iridescência (Lall et al., 2024). Do ponto de vista aplicado, pigmentos microbianos apresentam grande interesse biotecnológico por serem naturais, biodegradáveis e menos tóxicos, com potencial de uso nas indústrias de alimentos, de cosméticos e têxtil como alternativas sustentáveis aos corantes sintéticos (Barreto et al., 2023)

No campo das enzimas líticas, mixobactérias também são reconhecidas por produzir uma diversidade de hidrolases extracelulares (proteases, nucleases e carboidrases) que facilitam a degradação de biomoléculas em microrganismos-alvo, liberando nutrientes e

promovendo a predação eficiente, essas hidrolases têm aplicações potenciais em bioprocessos industriais, tais como degradação de resíduos e na indústria de biocatalisadores (Bhat et al., 2021).

De forma geral, a combinação de um repertório metabólico expandido, riqueza de *clusters* biossintéticos e mecanismos ecologicamente eficazes transforma as mixobactérias em um grupo microbiano promissor para a descoberta de novos antibióticos, novos antifúngicos, enzimas, bem como pigmentos. Enquanto as mixobactérias se destacam pelo comportamento predatório e pela produção de enzimas líticas, outro grupo bacteriano de enorme relevância biotecnológica é o gênero *Streptomyces*.

2.6 O gênero *Streptomyces*: versatilidade metabólica e relevância biotecnológica

O gênero *Streptomyces* constitui um dos mais notáveis grupos bacterianos do ponto de vista biotecnológico, sendo reconhecido como a principal fonte de antibióticos de origem natural utilizados na medicina humana e veterinária (Barka et al., 2016; Donald et al., 2022). Pertencentes ao filo Actinomycetota, ordem Streptomycetales, esses microrganismos Gram-positivos caracterizam-se por serem bactérias filamentosas, formarem micélio aéreo e produção de esporos, além de um metabolismo secundário extraordinariamente diversificado com mais de 1200 espécies (De Simeis & Serra, 2021; Lasch et al., 2025).

Estima-se que dois terços dos antibióticos clinicamente úteis sejam produzidos por actinobactérias, com destaque para o gênero *Streptomyces*, responsável por compostos como estreptomicina, tetraciclina, cloranfenicol, eritromicina e vancomicina (Meng et al., 2025). No entanto, o potencial metabólico deste gênero vai muito além dos antibióticos clássicos, abrangendo compostos bioativos como antifúngicos, antivirais, antitumorais, imunossupressores, herbicidas, inseticidas e enzimas de interesse industrial (Donald et al., 2022; Lacey & Rutledge, 2022).

Nas últimas duas décadas, o sequenciamento massivo de genomas revelou que as espécies de *Streptomyces* possuem genomas de tamanho considerável (entre 8 e 12 Mb), com alto conteúdo GC (70-72%) e, mais importante, contêm dezenas de *clusters* de genes biossintéticos (BGCs) responsáveis pela produção de metabólitos secundários (Lasch et al., 2025; Meng et al., 2025). Estima-se que cada genoma abrigue entre 20 e 50 BGCs, muitos dos quais permanecem silenciosos ou crípticos sob condições laboratoriais convencionais,

representando um vasto reservatório de compostos bioativos ainda inexplorados (Lasch et al., 2025; Meng et al., 2025; Nouioui et al., 2025).

2.7 Compostos orgânicos voláteis (VOCs) como estratégia de biocontrole

Entre os mecanismos de antagonismo microbiano mediados por *Streptomyces*, a produção de compostos orgânicos voláteis (VOCs) tem recebido atenção crescente como uma estratégia promissora para o controle biológico de fitopatógenos (Zhong et al., 2025; Russo et al., 2022). Os VOCs são moléculas de baixo peso molecular, alta pressão de vapor e lipofilicidade, capazes de se difundir rapidamente através da fase gasosa no solo e em espaços porosos, atuando como mediadores químicos de interações ecológicas à distância (Garbeva & Weiskopf, 2020; Russo et al., 2022).

Diferentemente dos metabólitos não voláteis, que requerem contato direto ou difusão em meio aquoso, os VOCs podem exercer efeitos antagônicos sem contato físico entre os microrganismos, o que os torna particularmente atrativos para aplicações pós-colheita, como agentes de fumigação biológica (He et al., 2022; Zhong et al., 2025). Estudos recentes têm demonstrado que VOCs produzidos por *Streptomyces* spp. apresentam atividade antifúngica contra uma ampla gama de fitopatógenos, incluindo espécies dos gêneros *Botrytis*, *Fusarium*, *Colletotrichum* e *Penicillium* (Li et al., 2024; Lu et al., 2024; Zhong et al., 2025).

O trabalho de Zhong e colaboradores (2025) com *Streptomyces lactacystinicus* ZZ-84 demonstrou que os VOCs produzidos por esta linhagem inibiram significativamente o crescimento micelial e a germinação de conídios de *Colletotrichum scovillei*, agente causal da antracnose em pimenta. A análise transcriptômica revelou que os VOCs afetaram múltiplas vias metabólicas do patógeno, incluindo síntese proteica, integridade da membrana celular, homeostase, potencial redox e conversão de energia. Compostos como 2-metil-1-butanol e 6-metil-2-heptanona foram identificados como os principais agentes antifúngicos (Zhong et al., 2025).

De forma semelhante, outras espécies do gênero têm sido descritas como produtoras de metabólitos voláteis com atividade antifúngica específica. *Streptomyces corchorusii* CG-G2 produz metil 2-metilbutirato e hexanonitrila, compostos que reduzem significativamente a infecção por *Colletotrichum gloeosporioides* (Li et al., 2024). *Streptomyces noursei* C27 produz uma mistura complexa de alcenos, álcoois e ésteres voláteis

capaz de suprimir o desenvolvimento de *Botrytis cinerea* (Lu et al., 2024). Esses resultados reforçam que a atividade antagonista de *Streptomyces* não se limita à produção de antibióticos clássicos, mas envolve uma ampla diversidade de moléculas químicas, incluindo metabólitos voláteis capazes de atuar à distância.

O mecanismo de ação dos VOCs antifúngicos envolve múltiplos alvos celulares. Estudos com *S. lactacystinicus* demonstraram que os VOCs causaram alterações na morfologia das hifas, aumento da permeabilidade da membrana celular, indução de estresse oxidativo (aumento das concentrações de espécies reativas de oxigênio e malondialdeído) e inibição da atividade ATPásica (Zhong et al., 2025). A análise transcriptômica revelou expressão diferencial de genes relacionados à síntese de proteínas ribossomais, metabolismo energético, resposta ao estresse oxidativo e biossíntese de parede celular (Zhong et al., 2025).

2.8 Mineração de genomas e ativação de *clusters* biossintéticos silenciosos

A era genômica revolucionou a compreensão do potencial metabólico de *Streptomyces*. O sequenciamento de genomas revelou que o número de BGCs presentes em cada linhagem é muito superior à quantidade de metabólitos detectados em condições laboratoriais, indicando que a maioria desses *clusters* permanece silenciosa ou críptica sob condições padronizadas de cultivo (Lasch et al., 2025; Meng et al., 2025).

Este fenômeno, conhecido como "silenciamento biossintético", representa tanto um desafio quanto uma oportunidade, o desafio reside na dificuldade de acessar quimicamente os produtos desses *clusters* silenciosos; a oportunidade, no fato de que sua ativação pode levar à descoberta de moléculas inéditas com novas atividades biológicas (Meng et al., 2025). Diversas estratégias têm sido desenvolvidas para a ativação de BGCs silenciosos, incluindo variação de condições de cultivo, como a abordagem uma cepa, muitos compostos (OSMAC), cocultivo microbiano, adição de indutores químicos, manipulação genética (superexpressão de reguladores positivos, deleção de reguladores negativos) e expressão heteróloga em hospedeiros otimizados (Lasch et al., 2025; Meng et al., 2025).

A expressão heteróloga em linhagens de *Streptomyces* geneticamente manipuladas tem se consolidado como uma das abordagens mais promissoras para acessar o metabolismo secundário críptico (Lasch et al., 2025). Revisão recente analisou mais de 450 estudos publicados entre 2004 e 2024 sobre expressão heteróloga de BGCs em *Streptomyces*,

demonstrando uma trajetória crescente de publicações, impulsionada pelo desenvolvimento de ferramentas de biologia sintética, métodos avançados de captura de BGCs (como TAR - *transformation-associated recombination* e CATCH - *Cas9-assisted targeting of chromosome segments*) e engenharia de linhagens hospedeiras (Lasch et al., 2025).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

Prospectar, isolar e caracterizar fenotípica e molecularmente bactérias de solo e composto orgânico obtidas por metodologias para mixobactérias, abrangendo diferentes grupos funcionais (*Myxococcus*, *Streptomyces*, *Dyella* e outros), visando à construção de uma coleção microbiana identificada e com potencial para aplicações biotecnológicas em biocontrole e promoção de crescimento vegetal.

3.2 Objetivos específicos

- Isolar bactérias a partir de amostras de solos amazônicos empregando metodologias preconizadas para mixobactérias (isca de papel de filtro em meio ST21 e isca de esterco de coelho).
- Caracterizar morfológicamente os isolados obtidos por Medrado (2025), de composto orgânico utilizado em bananicultura, de solos de bananicultura e de floresta nativa do município de Missão Velha-CE, avaliando aspectos como padrão de crescimento, formação de enxames, produção de pigmentos, formação de corpos de frutificação e outros traços fenotípicos relevantes em diferentes meios de cultivo.
- Realizar a identificação molecular dos isolados selecionados por meio do sequenciamento do gene 16S rRNA.
- Avaliar o potencial predatório de isolados do filo Myxococcota frente a bactérias de interesse agrícola como: *Ralstonia solanacearum*, *Xanthomonas campestris* e clínico *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, por meio de ensaios de predação *in vitro*.
- Investigar a capacidade de solubilização de fosfato (alumínio e ferro) e a produção de enzimas hidrolíticas (amilase, celulase, lipase).

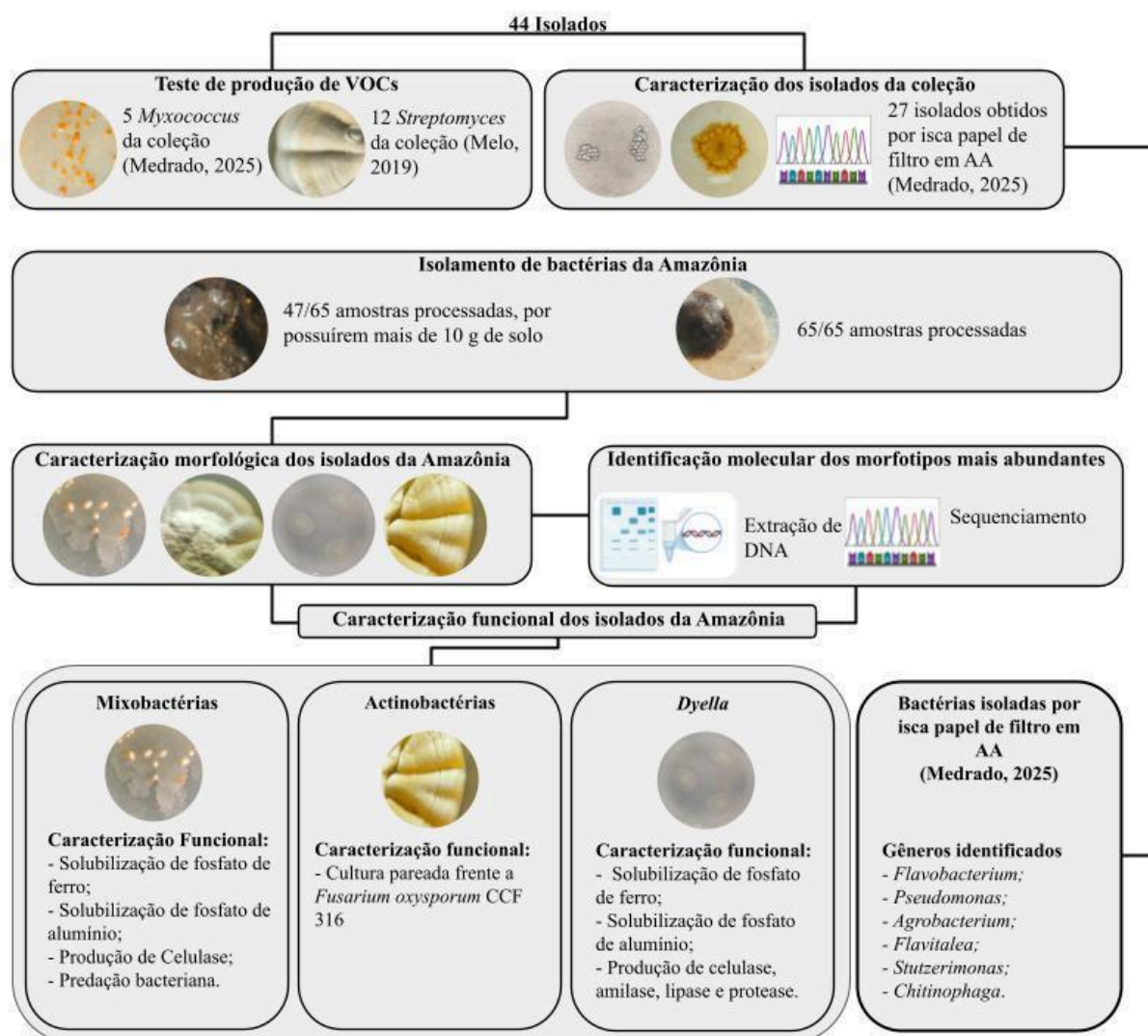
- Avaliar o potencial antagonista de novos isolados de potenciais actinobactérias obtidos de solos amazônicos contra o fitopatógeno *Fusarium oxysporum* por meio de ensaios de cultura pareada e o potencial de produção de compostos orgânicos voláteis (VOCs) por isolados de *Streptomyces* spp. da coleção do laboratório, determinando o espectro de atividade antifúngica contra *Fusarium oxysporum*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Trichoderma* sp. e *Beauveria* sp. e o mecanismo de ação (fungistática ou fungicida) da inibição.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Caracterização do estudo

O presente trabalho consistiu em um estudo exploratório e prospectivo, de natureza experimental, com foco no estabelecimento de uma coleção de bactérias com potencial biotecnológico. Em função do escopo de análises com a perspectiva de uma coleção com atributos específicos, nem todos os isolados obtidos foram submetidos a todos os ensaios descritos. A seleção das bactérias avaliadas em cada experimento foi determinada por critérios de viabilidade experimental, comportamento fenotípico e objetivos específicos de cada etapa do estudo. A Figura 2 ilustra o fluxo de trabalho seguido no estudo.

Figura 2 - Representação esquemática do fluxo metodológico empregado neste estudo. Inicialmente, foi avaliada a produção de compostos orgânicos voláteis (VOCs) por isolados da coleção do laboratório, seguida da caracterização morfológica e molecular de isolados previamente obtidos. Posteriormente, foram realizados novos isolamentos de bactérias a partir de amostras de solo da Amazônia utilizando as metodologias de isca de esterco de coelho e isca de papel de filtro. Os isolados obtidos foram caracterizados morfológicamente, parcialmente identificados por sequenciamento do gene 16S rRNA e agrupados conforme suas características fenotípicas e moleculares preliminares para posterior avaliação de diferentes atividades biotecnológicas.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

4.2 Local de realização da pesquisa

O estudo foi realizado no Laboratório de Genética Molecular de Bactérias (LGMB), sala 312, do Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO), da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

4.3 Amostras de solo e composto orgânico

Isolados previamente obtidos por Medrado (2025) e Melo (2019) a partir de amostras de composto orgânico, solo de floresta nativa e solo provenientes de áreas de produção da empresa Sítio Barreiras Fruticultura LTDA., localizada no município de Missão Velha, Ceará, Brasil, foram utilizados para estudos comparativos e caracterização funcional.

Foram utilizadas 65 amostras de solo coletadas na Reserva de Desenvolvimento Sustentável do Rio Negro (RDS Rio Negro), no município de Novo Airão, Amazonas, Brasil, em março de 2025 (Tabela Suplementar 1), dessas amostras 47 possuíam 10 g e 18 possuíam 3 g de solo. As amostras ambientais foram cedidas pelo Dr. Gilvan Ferreira da Silva, do Laboratório de Inovação em Microbiologia Aplicada da Amazônia (AmazonMicro-Biotech), da Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, Amazonas, Brasil.

4.4 Microrganismos utilizados, condições de cultivo e manutenção

4.4.1 Isolados da coleção do laboratório

As bactérias provenientes da coleção isoladas por Medrado (2025) estavam preservadas em glicerol a 15 % (v/v) a -80°C . Para reativação, os isolados de mixobactérias foram cultivados em meio VY/2, composto por fermento biológico seco (5 g/L), $\text{CaCl}_2 \cdot \text{H}_2\text{O}$ (1,36 g/L) e ágar (10 g/L), com pH ajustado para 7,4 (Brockman & Bold, 1963). O meio foi autoclavado a 121°C por 15 minutos e, posteriormente, suplementado com vitamina B_{12} (0,5 mg/L). As culturas foram incubadas a 30°C por um período mínimo de 10 dias.

Os isolados de *Streptomyces* spp. (Melo, 2019) estavam armazenadas a -80°C em meio à base de crioprotetor (composição confidencial) foram reativados em meio ISP2, constituído por extrato de levedura (4 g/L), extrato de malte (10 g/L), dextrose (4 g/L) e ágar (20 g/L), com pH ajustado para 7,2. Após a inoculação, as placas foram incubadas a 28°C por 4 a 7 dias.

4.4.2 Fungos utilizados nos ensaios

Os fungos fitopatogênicos *Colletotrichum gloeosporioides*, cedido pelo professor Robson Ricardo Teixeira do Departamento de Química (DEQ/UFV), e *Fusarium oxysporum* CCF316, cedido pelo professor Olinto Liparini Pereira do Laboratório Micologia e Etiologia

de Doenças Fúngicas de Plantas (UFV), bem como os fungos não patogênicos *Trichoderma* sp. cedido pelo Professor Newton Moreno Sanches do Instituto de Ciências Biológicas (IBF/UFV) e *Beauveria* sp. cedido pelo professor Olinto Liparini Pereira do Laboratório Micologia e Etiologia de Doenças Fúngicas de Plantas (UFV) estavam preservados pelo método de Castellani e foram previamente reativados em meio BDA (batata-dextrose-ágar) incubados a 28 °C de 7-14 dias.

4.4.3 Bactérias presa utilizadas nos ensaios de predação

Os ensaios de predação foram conduzidos contra quatro bactérias de importância médica: *Klebsiella pneumoniae* KP13 (cedida pela Universidade Federal do Rio de Janeiro – UFRJ), *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 (cedida pelo Prof. Hilário Cuquetto Mantovani – DMB/UFV), *Escherichia coli* ATCC 25922 e *Staphylococcus aureus* ATCC 6538 (pertencentes à Coleção de Microrganismos de Referência em Vigilância Sanitária da Fundação Osvaldo Cruz – FIOCRUZ), e duas bactérias de importância agrícola: *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* e *Ralstonia solanacearum*, cedidas pelo André da Silva Xavier, coordenador do Laboratório de Biotecnologia Agrícola e Ambiental (BIOTA) da Universidade Federal do Espírito Santo - UFES e pela Professora Poliane Alfenas Zerbini, coordenadora do Laboratório de Vírus/UFV, respectivamente. Todas as culturas foram armazenadas a -80 °C em meio à base de crioprotetor (composição confidencial) e foram reativadas em meio LB, as linhagens *K. pneumoniae* KP13, *Pseudomonas aeruginosa* PAO1, *Escherichia coli* ATCC 25922 e *Staphylococcus aureus*, em caldo nutriente a linhagem *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* e em meio CPG a linhagem *Ralstonia solanacearum*.

4.4.4 Manutenção dos isolados obtidos neste estudo

Os isolados obtidos neste estudo foram preservados por diferentes métodos, visando garantir sua viabilidade e estabilidade a longo prazo. As mixobactérias foram mantidas em estoque seco à temperatura ambiente. Após a purificação, os isolados foram cultivados em meio sólido VY/2 até a formação de corpos de frutificação, em seguida, discos de ágar contendo essas estruturas foram recortados e transferidos para papel de filtro estéril, os fragmentos foram mantidos em dessecador até completa secagem, posteriormente, os papéis contendo o material biológico foram acondicionados em frascos de vidro contendo sílica gel previamente esterilizada, sendo separados por uma camada de algodão para evitar o contato

direto com as células e, para reativação, fragmentos do papel de filtro contendo as células dessecadas foram inoculados em meio sólido fresco VY/2 a 30 °C (Rosenberg et al., 2014).

Adicionalmente, tanto as mixobactérias quanto os demais isolados foram preservados em meio contendo crioprotetor (composição confidencial) e armazenados a -80 °C.

4.5 Obtenção de novos isolados

4.5.1 Pré-tratamento das amostras

As amostras de solo foram tratadas com cicloheximida (25 µg/mL) para inibição do crescimento fúngico e incubadas por 24 horas a 28 °C, na ausência de luz, conforme descrito por Nguyen et al. (2023).

4.5.2 Isolamento por isca com esterco de coelho

Placas de Petri foram preenchidas com solo umedecido até a capacidade de retenção de água destilada contendo cicloheximida (25 µg/mL). *Pellets* de esterco de coelho, cedidos pela Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Cunicultura (UEPE) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), foram previamente esterilizados em autoclave por 3 vezes a 121 °C por 15 minutos e parcialmente enterrados nas amostras. As placas foram incubadas a 30 °C em câmara úmida e o crescimento de corpos de frutificação foi monitorado periodicamente sob microscópio estereoscópico, conforme descrito por Krzemieniewska e Krzemieniewski (1946).

4.5.3 Isolamento pelo método da isca de papel de filtro

Para o isolamento foi utilizado o meio ágar ST21, conforme proposto por Brockman e Boyd (1963). O meio foi preparado em duas soluções: solução A, contendo K₂HPO₄ (0,1 % p/v), extrato de levedura (0,002 % p/v) e ágar (1 % p/v), completando-se dois terços do volume final com água destilada; e solução B, composta por KNO₃ (0,1 % p/v), MgSO₄·7H₂O (0,1 % p/v), CaCl₂·2H₂O (0,1 % p/v) e MnSO₄·7H₂O (0,01 % p/v), esta solução possui aspecto levemente avermelhado e presença de leve precipitação dos compostos, completando-se o volume restante com água destilada, sem ajuste de pH.

As soluções foram autoclavadas separadamente à 121 °C por 15 minutos. Após a esterilização, foram adicionados 1 mL da solução traço de Drews (10 X) contendo:

MnCl₂·4H₂O (100 mg/L), CoCl₂ (20 mg/L), CuSO₄ (10 mg/L), Na₂MoO₄·2H₂O (10 mg/L), ZnCl₂ (20 mg/L), LiCl (5 mg/L), SnCl₂·2H₂O (5 mg/L), H₃BO₃ (10 mg/L), KBr (20 mg/L), KI (20 mg/L) e EDTA-FeNa·3H₂O (8 g/L), dissolvidos em água destilada e esterilizados por filtração em membrana de 0,22 µm, 1 mL de solução filtrada de FeCl₃ (20 g/L) e, opcionalmente, cicloheximida (25 µg/mL). Fragmentos de papel de filtro (qualitativo quadrado 80 gramas 40 cm) foram adicionados à superfície do meio, sobre os quais foi depositada uma pequena quantidade de solo. As placas foram incubadas a 30 °C em câmara úmida (Brockman & Boyd, 1963).

4.5.4 Obtenção de cultura pura dos isolados

As placas contendo os meios/condições de isolamento com os métodos de isca papel de filtro e de isca esterco de coelho foram monitoradas até a visualização de corpos de frutificação. Uma vez identificados possíveis corpos de frutificação estes foram transferidos tripontualmente, com auxílio de fio de níquel-cromo (0,2 mm), para placas contendo ágar WAT (CaCl₂·2H₂O 0,1 % p/v, ágar 10 % p/v) (Reichenbach & Dworkin, 1992), ágar WAT suplementado com cristal violeta a 0,1 % (p/v) diluído em água destilada esterilizado por filtração, e ágar VY/2. Os repiques foram repetidos em ágar VY/2 até a obtenção de culturas puras (Zhang et al., 2003; Rosenberg et al., 2006). Isolados com morfologia de actinobactérias foram transferidos para ágar ISP2 e purificados por estrias sucessivas.

4.6 Identificação morfológica e molecular

4.6.1 Caracterização morfológica

A identificação dos isolados foi realizada por meio da análise macromorfológica em diferentes meios de cultivo. Para os isolados com características de mixobactérias, foram utilizados os meios VY/2, CTT (Casitone 10 g/L, MgSO₄·7H₂O 8 mM, tampão fosfato de potássio 1 mM, tampão Tris 10 mM, ágar 15 g/L, pH 7,6) conforme Hodgkin e Kaiser (1979), e WAT (CaCl₂·H₂O 1,0 g/L, ágar 15 g/L, pH 7,4) segundo Rosenberg et al. (2014). Para os isolados de *Streptomyces*, foi utilizado o meio ISP2 a 28 °C.

As colônias foram avaliadas quanto à coloração, produção de pigmentos intracelulares e extracelulares e fluorescência. A presença de fluorescência foi avaliada sob luz UV utilizando fotodocumentador para gel e membrana (L-PIX CHEMI, Locus), sob luz UV, com exposição de 1 s e 10 ms, filtro 605BP50 e cor ajustada para verde. Também foram

avaliados parâmetros macromorfológicos, incluindo iridescência, transparência, padrão de espalhamento, formação de enxames, forma e desenvolvimento dos corpos de frutificação e formação de halo de consumo de levedura em meio VY/2, conforme descrito por Rosenberg et al. (2014). Para as actinobactérias, foram analisadas a morfologia do micélio aéreo, bem como a textura das colônias. As observações foram realizadas com auxílio de microscópio estereoscópico e registradas por documentação fotográfica.

4.6.2 Identificação molecular

Para a identificação molecular, foi realizada a amplificação do gene 16S rRNA pela técnica de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) utilizando os *primers* universais para bactérias 8-27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') e 1492R (5'-GGTTACCTTGTACGACTT-3'), conforme descrito por Lane (1991). As reações de PCR foram conduzidas em volume final de 50 µL, contendo tampão 1×, dNTPs (0,2 mM), *primers* (0,2 µM cada), DNA molde (20 ng), 1,5 U de Taq DNA polimerase (GoTaq®, Promega) e água ultrapura estéril.

As reações de amplificação foram realizadas com desnaturação inicial a 95 °C por 3 minutos, seguida de 34 ciclos de 95 °C por 30 segundos, 55 °C por 30 segundos e 72 °C por 1 minuto e 40 segundos, com extensão final a 72 °C por 10 minutos. Os produtos de PCR foram verificados por eletroforese em gel de agarose a 2 % (m/v). Os amplicons foram purificados e submetidos ao sequenciamento pelo método de Sanger na Rede de Plataformas Tecnológicas da Fundação Osvaldo Cruz (FIOCRUZ, Belo Horizonte, MG, Brasil).

As sequências obtidas foram editadas no *software* UGENE para remoção de regiões de baixa qualidade, e as leituras *forward* e *reverse* foram alinhadas para geração da sequência consenso. As sequências consenso foram comparadas com o banco de dados do NCBI utilizando o algoritmo BLASTn para identificação taxonômica (Kumar et al., 2017).

4.7 Caracterização funcional dos isolados

4.7.1 Avaliação da atividade enzimática

A produção de amilase foi avaliada em meio contendo extrato de carne (1 g/L), extrato de levedura (2 g/L), peptona (5 g/L), cloreto de sódio (5 g/L), ágar (15 g/L) e amido solúvel (2 g/L), pH 7,0, após incubação por 4 dias a 30 °C, as placas foram reveladas com

solução de iodo, sendo a atividade evidenciada pela formação de halos claros ao redor das colônias (Guta et al., 2024).

A produção de celulase foi avaliada em meio contendo carboximetilcelulose (5 g/L), NaNO_3 (3 g/L), K_2HPO_4 (1 g/L), KCl (0,5 g/L), $\text{FeSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$ (0,01 mg/L) e ágar (20 g/L) (Wood et al., 1982). Após incubação por 4 dias a 30 °C, as placas foram reveladas com solução de vermelho Congo (2,5 g/L), lavadas com NaCl 1 mol/L, e a atividade foi evidenciada pela formação de halos de degradação (Guta et al., 2024).

A produção de lipase foi avaliada em placas com meio contendo peptona (10 g/L), cloreto de sódio (5 g/L), cloreto de cálcio (0,1 g/L), ágar (20 g/L) e Tween 80 (1 mL/L), pH 7,4. Após incubação por 4 dias a 30 °C, a atividade lipolítica sendo verificada pela formação de cristais ao redor das colônias (Guta et al., 2024).

4.7.2 Avaliação da solubilização de fosfato

A capacidade de solubilização de fosfato de ferro e de alumínio foi avaliada utilizando meio Pikovskaya (Pikovskaya, 1948), composto por extrato de levedura (0,5 g/L), glicose (10 g/L), sulfato de amônio (0,5 g/L), cloreto de potássio (0,2 g/L), sulfato de magnésio (0,1 g/L), sulfato de manganês (0,0001 g/L), sulfato ferroso (0,0001 g/L) e ágar (15 g/L), suplementado com 2,5 g/L de fosfato de ferro ou fosfato de alumínio.

Após a esterilização em autoclave a 121 °C por 15 minutos, foi adicionada solução de verde de bromocresol (5 g/L) diluída em etanol, e o pH foi ajustado para 5,0. O meio contendo fosfato de alumínio apresentou coloração azul, enquanto o meio contendo fosfato de ferro apresentou coloração verde. A capacidade de solubilização foi avaliada pela mudança de coloração do meio após a inoculação (Joe et al., 2018).

4.7.3 Teste de predação bacteriana

Trinta isolados de mixobactérias foram selecionados para os ensaios de predação com base nos resultados de identificação e caracterização morfológica. Os ensaios foram conduzidos contra as seis bactérias presas descritas no item 4.6.

As bactérias presas foram cultivadas em caldo LB (*E. coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *S. aureus*), caldo nutriente (*X. campestris*) ou meio CPG (*R. solanacearum*), sob

agitação a 37 °C (bactérias de importância médica) ou 28 °C (bactérias de importância agrícola). Após 18 horas de incubação, as culturas foram centrifugadas a $4.000 \times g$ por 30 minutos. Os sedimentos celulares foram lavados duas vezes com tampão TMP (Tris-HCl 10 mM, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 8 mM, tampão fosfato de potássio 1 mM, pH 7,6) e ressuspensos no mesmo tampão. As suspensões finais foram ajustadas para densidade óptica de 100 (600 nm), valor suficiente para a formação de um tapete celular denso após o plaqueamento (Berleman & Kirby, 2009).

O ensaio foi conduzido em triplicata em placas contendo ágar-água (Sigma-Aldrich, 1,5 %), de modo que as bactérias presas constituíssem a única fonte de nutrientes. Após o plaqueamento das presas, um corpo de frutificação de cada isolado de mixobactéria foi depositado sobre o tapete bacteriano. As placas foram incubadas a 30 °C por 4 a 7 dias. A atividade de predação foi avaliada pela observação do consumo do tapete bacteriano, sendo os resultados documentados por registros fotográficos (Berleman & Kirby, 2009).

4.7.4 Avaliação da atividade antifúngica por compostos orgânicos voláteis (VOCs)

A atividade antifúngica dos compostos orgânicos voláteis (VOCs) produzidos por isolados de *Streptomyces* spp. da coleção do laboratório foi avaliada utilizando a técnica de placas sanduíche, adaptada de Adra et al. (2024), que permite a separação física entre os microrganismos produtores de VOCs e os fungos-alvo, mantendo a interação exclusivamente pela fase gasosa.

Os isolados de *Streptomyces* spp. foram cultivados por estria simples em meio ISP2 e incubadas a 28 °C por 4 a 7 dias, até o início da esporulação visível. Em seguida, discos de micélio fúngico (5 mm de diâmetro) dos fungos *F. oxysporum*, *C. gloeosporioides*, *Trichoderma* sp. e *Beauveria* sp. foram posicionados no compartimento oposto da placa sanduíche contendo meio BDA. As placas foram imediatamente vedadas com filme plástico para garantir a acumulação dos voláteis e evitar trocas gasosas com o exterior (Adra et al., 2024).

A atividade antifúngica foi determinada pelo cálculo do índice de inibição do crescimento micelial (I %) nos tempos de 5, 10 e 15 dias de incubação, conforme a equação:

$$I\% = \frac{CR-R}{CR} \times 100$$

Onde CR corresponde à média do raio da colônia no controle e R à média do raio da colônia no tratamento.

Para caracterizar a natureza da inibição fúngica (fungistática e/ou fungicida), foi realizado um teste de recuperação ao final do período experimental (15 dias), os discos de micélio fúngico que permaneceram inibidos na presença dos VOCs foram mantidos na placa de BDA (sem a presença da bactéria produtora de VOCs) e incubados por mais 7 a 10 dias a 28 °C, a retomada do crescimento micelial foi monitorada diariamente, considerou-se o efeito como fungistático quando o fungo retomou o crescimento após a remoção da fonte de VOCs, e como fungicida quando não houve retomada do crescimento (Kaddes et al., 2019).

4.7.5 Teste de cultura pareada com actinobactérias

Os isolados de actinobactérias obtidos neste estudo foram submetidos ao teste de cultura pareada contra *Fusarium oxysporum* CCF316. O ensaio consistiu na inoculação das actinobactérias em uma extremidade de placas de Petri de 9 cm de diâmetro contendo meio BDA, formando uma linha reta de aproximadamente 2 cm. As placas foram incubadas por 4 dias a 28 °C para o estabelecimento das colônias bacterianas (Anith et al., 2019).

Posteriormente, um disco de micélio fúngico (5 mm de diâmetro) foi inoculado na extremidade oposta da placa. O crescimento fúngico foi avaliado no 5º, 10º e 15º dias de incubação, e o percentual de inibição foi calculado conforme a equação descrita no item 4.7.4 (Anith et al., 2019).

4.8 Análise dos dados

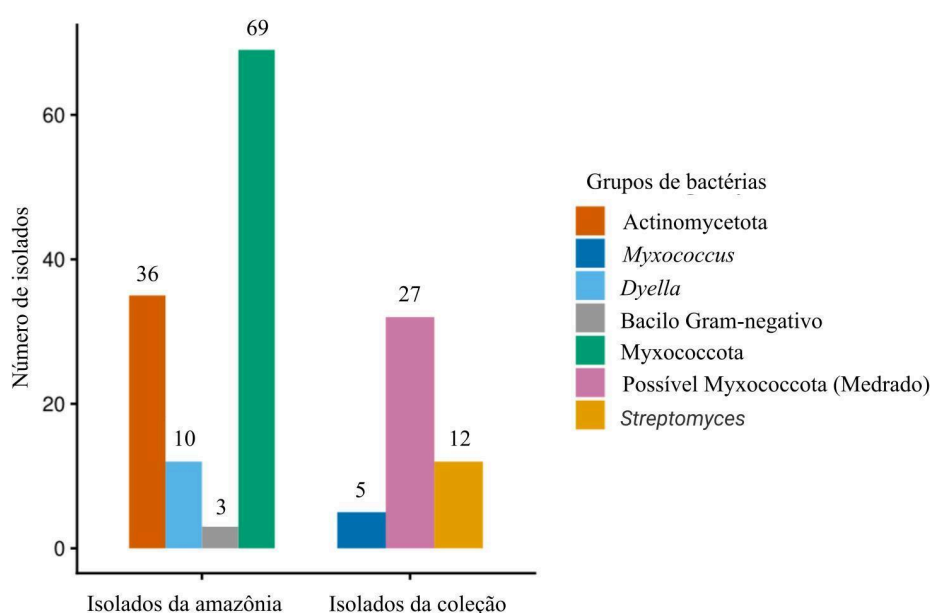
Os dados obtidos nos ensaios quantitativos (inibição do crescimento micelial) foram expressos como média das réplicas. As análises foram realizadas utilizando o Microsoft Excel. Para os ensaios qualitativos (atividade enzimática, solubilização de fosfato, predação), os resultados foram registrados de forma descritiva (presença ou ausência de atividade), sendo documentados por registros fotográficos. Análises estatísticas inferenciais não foram aplicadas devido à natureza qualitativa e exploratória dos dados.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Visão geral da coleção microbiana: isolados obtidos e analisados

Neste estudo foram avaliados 167 isolados bacterianos (Figura 3) que constituem uma coleção taxonomicamente diversificada. Essa caracterização permitiu realizar uma identificação preliminar, tanto em nível taxonômico quanto em relação ao potencial biotecnológico, considerando especialmente os grupos com maior número de representantes.

Figura 3 - Visão geral dos isolados estudados neste trabalho elencados conforme a origem e grupos taxonômicos.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Os 44 isolados provenientes da coleção do Laboratório de Genética Molecular de Bactérias, fornecem um importante contraponto metodológico. Os 27 isolados obtidos por Medrado (2025), por meio do método de isca de papel de filtro em ágar-água, apresentaram pelo menos uma característica fenotípica associada a mixobactérias (detalhes no item 5.2), como crescimento em meios oligotróficos, motilidade deslizante, formação de agregados celulares, o que levou à sua inclusão inicial como potenciais candidatos.

Os 5 isolados confirmados como *Myxococcus* por Medrado (2025) (códigos UFV-M001, UFV-M083, UFV-M121, UFV-M122, UFV-M123), provenientes de amostras do

Ceará, representam um núcleo comparativo validado, sendo incorporados à coleção como referência para comparação com os isolados amazônicos.

Os 12 isolados *Streptomyces* spp. obtidos e identificados por Melo (2019) a partir das mesmas amostras da empresa Sítio Barreiras Fruticultura LTDA. ampliam a representatividade de actinobactérias na coleção. *Streptomyces* é reconhecido como o gênero de maior importância biotecnológica entre as actinobactérias, sendo responsável pela produção de antibióticos naturais conhecidos e por uma ampla gama de metabólitos bioativos (Alam et al., 2022).

Entre os 118 isolados obtidos neste estudo a partir de solos amazônicos (detalhes no item 5.3), 69 apresentaram características morfológicas compatíveis com o filo Myxococcota (14 obtidos por isca de esterco de coelho, código UFV AM-EC; 55 obtidos por isca de papel de filtro, código UFV AM-PF). Desses, sete foram identificados molecularmente como pertencentes ao gênero *Myxococcus* e quatro ao gênero *Corallococcus*, ambos da família Myxococcaceae (Item 5.4 e 5.5). A obtenção de 69 isolados com morfologia típica de mixobactérias demonstra a alta eficiência das metodologias empregadas para o isolamento desse grupo, corroborando estudos que apontam as iscas de celulose e esterco como estratégias eficazes para o isolamento de mixobactérias em solos (Meliah & Lisdiyanti, 2018; Rachedi et al., 2021).

É importante notar que, embora 69 isolados tenham sido classificados como mixobactérias, apenas 7 tiveram sua identidade molecular confirmada até o momento (4 *Myxococcus*, 3 *Corallococcus*). Esse dado reflete a necessidade de sequenciamento para identificação precisa, especialmente considerando que características morfológicas como corpos de frutificação simples e pigmentação alaranjada são compartilhadas por diferentes espécies de mixobactérias, geralmente pertencentes a família Myxococcaceae (Rosenberg et al., 2014). A elevada proporção de isolados ainda não sequenciados (62 dos 69) representa um vasto acervo a ser explorado em estudos futuros, com possibilidade de identificação de novas linhagens ou até mesmo espécies não descritas, considerando a escassez de prospecções sistemáticas de mixobactérias na Amazônia (Pereira et al., 2016; Venturini et al., 2022).

Além das mixobactérias, os métodos empregados permitiram o isolamento de outros grupos bacterianos de elevado interesse biotecnológico. Foram obtidos 36 isolados com morfologia típica de actinobactérias filamentosas (código UFV S detalhados no e item 5.4.2),

representando 29,4 % dos isolados amazônicos. A presença de actinobactérias em meios de isolamento tradicionalmente utilizados para mixobactérias não é inesperada, uma vez que ambas compartilham a capacidade de crescer em condições oligotróficas sendo comum o uso de meios como ágar com extrato de solo como fonte de isolamento (Huang et al., 2021). Estudos prévios demonstram que o meio ST21, originalmente desenvolvido para mixobactérias celulolíticas, também favorece o desenvolvimento de actinobactérias devido à sua composição mineral e à presença de oligoelementos (Brockman & Boyd, 1963).

Dez isolados do gênero *Dyella* foram identificados (detalhes no item 5.4.3), destacando-se como um dos grupos mais frequentes entre os co-isolados. *Dyella* spp. são bacilos Gram-negativos, aeróbios, frequentemente associados à rizosfera de plantas, e reconhecidas por sua capacidade de solubilizar fosfatos inorgânicos e promover o crescimento vegetal (Weon et al., 2009; Fu et al., 2019; De Lima et al., 2021). A presença recorrente desse gênero nos métodos de isca com papel de filtro e esterco de coelho sugere que *Dyella* possui capacidade de se desenvolver em meios com baixa disponibilidade de nutrientes, características que a tornam um competidor eficiente em ambientes oligotróficos (Dethier et al., 2025).

Além desses, foram obtidos 3 isolados com código UFV B (bactérias Gram-negativas móveis não identificadas molecularmente), que representam uma fração da diversidade ainda não acessada por sequenciamento, reforçando a necessidade de continuidade dos estudos de identificação.

Nos tópicos subsequentes, serão detalhados os resultados referentes à caracterização morfológica, molecular e funcional dos diferentes grupos bacterianos, com ênfase nos ensaios de predação (mixobactérias), produção de compostos orgânicos voláteis e antagonismo a fitopatógenos (*Streptomyces*), e solubilização de fosfato (*Dyella*).

5.2 Isolados da coleção do laboratório: caracterização morfológica e molecular de possíveis interferentes no isolamento de mixobactérias

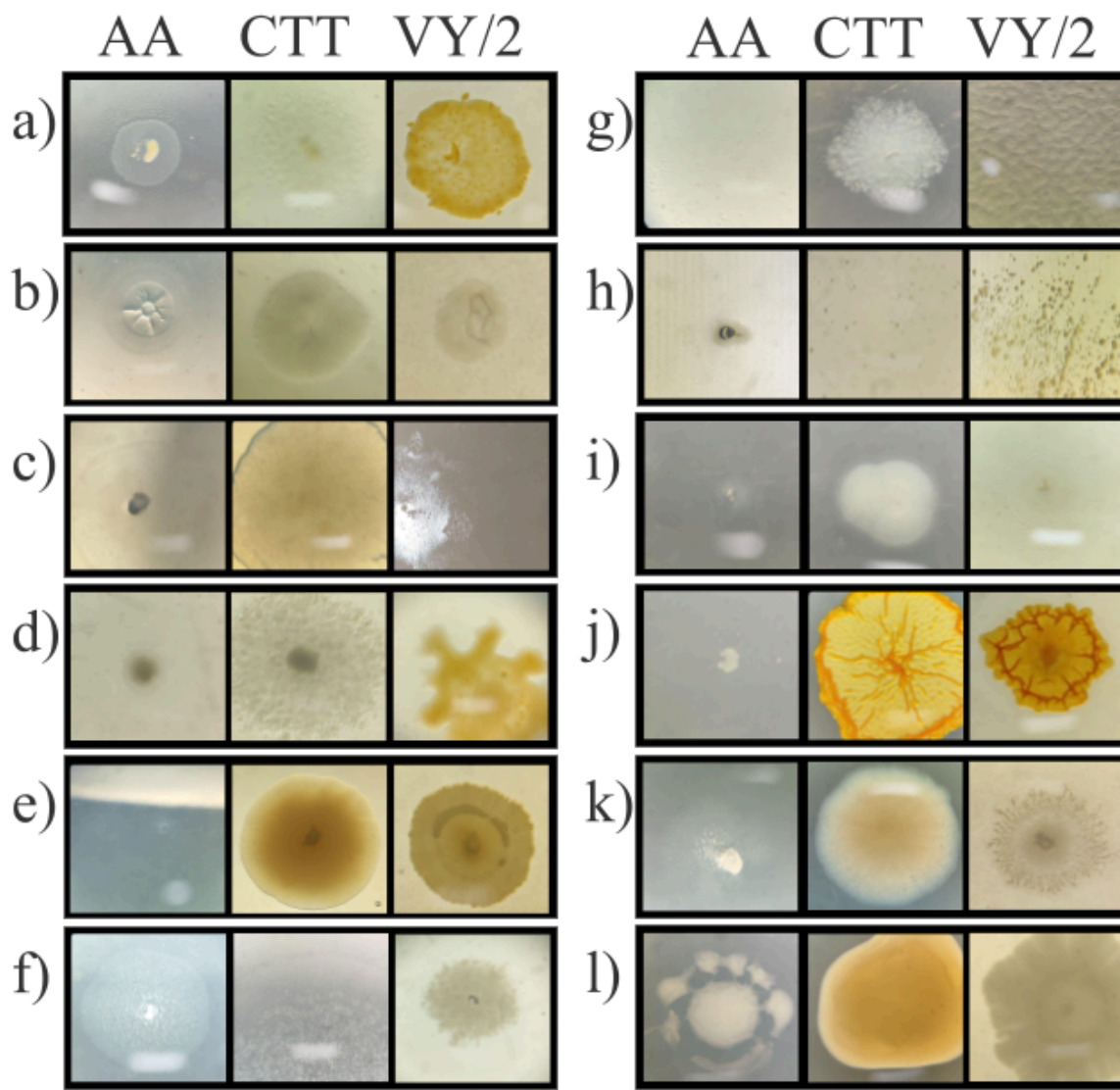
O isolamento de mixobactérias é uma tarefa desafiadora, além das metodologias, outro gargalo limitante é a identificação correta das características morfológicas do grupo em condições de isolamento, em especial isca de papel de filtro em ST21, o meio oligotrófico induz diferentes grupos bacterianos a se desenvolverem em resposta ao estresse, estruturas que podem ser confundidas com corpos de frutificação, diversos outros grupos bacterianos do solo podem expressar fenótipos semelhantes quando cultivados em meios oligotróficos

(Brockman & Bold, 1963; Rosenberg et al., 2014). Para ilustrar esse problema e fornecer um conjunto de referências visuais e moleculares que auxiliassem na triagem dos isolados amazônicos, os 27 isolados obtidos por Medrado (2025) a partir do método de isca de papel de filtro em meio ágar-água foram reativados e submetidos a uma caracterização morfológica e molecular detalhada. O objetivo desta etapa não foi obter novas mixobactérias, mas sim reconhecer e documentar os fenótipos de bactérias não pertencentes ao filo Myxococcota, que se desenvolveram abundantemente nesta metodologia de isolamento e que podem ser confundidas com o grupo, dando suporte para melhor triagem dos isolados para que tais características fossem rapidamente identificadas e os falsos positivos descartados.

Os 27 isolados foram inicialmente avaliados quanto à morfologia celular, resposta à coloração de Gram e presença de motilidade (Tabela 2). Esse primeiro filtro visou restringir a análise a bacilos Gram-negativos com motilidade, que correspondem ao perfil básico das mixobactérias (Meliah & Lisdiyanti, 2018). Dos 27 isolados, 13 não apresentaram o perfil básico de mixobactérias, ou seja, não apresentaram motilidade ou apresentaram forma de cocos ou resposta de Gram-positiva. Ao final, restaram 12 isolados (Figura 4) com perfil morfológico compatível (bacilos Gram-negativos, móveis), que foram então cultivados em diferentes meios para avaliar sua capacidade de expressar fenótipos típicos de mixobactérias.

Os 12 isolados selecionados foram cultivados em três meios de cultura comumente utilizados para mixobactérias: ágar-água (AA), CTT e VY/2. A Figura 4 mostra que a morfologia colonial variou drasticamente conforme o meio, com a formação de agregados celulares, espalhamento radial e produção de pigmentos em tons de amarelo, laranja e creme, fenótipos que, isoladamente, poderiam levar à confusão com mixobactérias.

Figura 4 - Macromorfologia dos isolados bacterianos com perfil básico de mixobactérias obtidos por Medrado (2025) pelo método de isca de papel de filtro em ágar-água, cultivados em três meios de cultura: ágar-água (AA), CTT (Casitone 10 g/L, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 8 mM, tampão fosfato de potássio 1 mM, tampão Tris 10 mM, ágar 15 g/L, pH 7,6) e VY/2 (fermento biológico seco 5 g/L, $\text{CaCl}_2 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 1,36 g/L e ágar 10 g/L, com pH ajustado para 7,4). Cada linha representa um isolado, disposto em triplicata nos três meios, conforme identificação: a) UFV-PM13; b) UFV-PM62; c) UFV-PM63; d) UFV-PM66; e) UFV-PM80; f) UFV-PM91; g) UFV-PM96; h) UFV-PM98; i) UFV-PM103; j) UFV-PM111; k) UFV-PM115; l) UFV-PM118. Barra de escala = 2 mm.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

A Tabela 1 resume a presença ou ausência de características frequentemente associadas a mixobactérias. Nenhum dos isolados apresentou o conjunto completo de características diagnósticas: todos careciam de mixósporos e, em muitos casos, os agregados celulares não se formavam em todos os meios ou não apresentavam a organização típica de

corpos de frutificação. A ausência de mixósporos é particularmente relevante, pois a formação de mixósporos dentro de corpos de frutificação é um dos traços mais distintivos do filo Myxococcota (Dawid, 2000; Rosenberg et al., 2014).

Tabela 1 - Caracterização quanto aos aspectos compatíveis com mixobactérias. Motilidade, presença de aglomerados celulares, produção de pigmentos e formação de estruturas compatíveis com corpos de frutificação.

Código	Motilidade	Mixósporos	Aglomerados	Pigmento	fluorescente	Pigmento difundido (VY/2, AA, CTT)
UFV-PM13	+	-	+	+	-	-
UFV-PM62	+	-	+	-	-	-
UFV-PM63	+	-	-	-	-	-
UFV-PM66	+	-	+	+	-	-
UFV-PM80	+	-	-	-	-	-
UFV-PM91	+	-	+	-	-	-
UFV-PM96	+	-	+	-	-	-
UFV-PM98	+	-	+	-	-	-
UFV-PM103	+	-	-	-	-	-
UFV-PM111	+	-	-	+	-	-
UFV-PM115	+	-	-	-	-	-
UFV-PM118	+	-	-	+	-	+

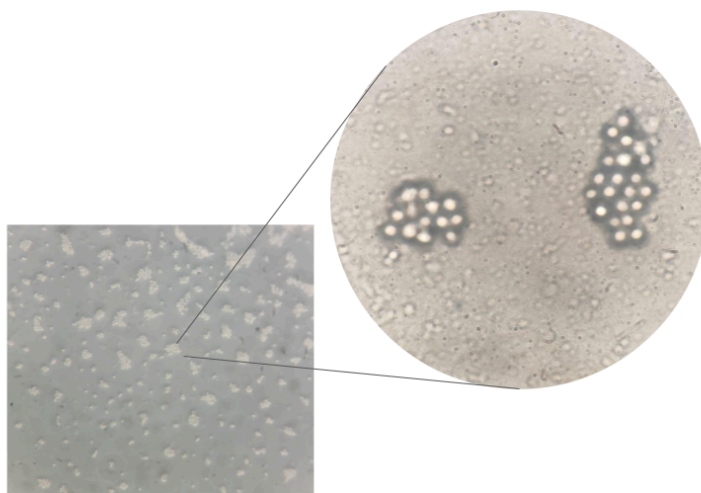
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Entretanto, tais estruturas e comportamento não foram observadas de maneira uniforme em todos os meios testados, como esperado para mixobactérias (Rosenberg et al., 2014), indicando que a morfologia dos isolados foi fortemente influenciada pelas condições nutricionais do meio de cultivo. Os meios VY/2 e CTT favoreceram de forma mais evidente a formação de colônias pigmentadas e a visualização de agregados celulares bem definidos, ao passo que, no meio AA (ágar-água), observou-se crescimento mais difuso, com menor definição estrutural. Adicionalmente, alguns isolados, como o UFV-PM13 (posteriormente identificado como pertencente ao gênero *Flavobacterium*, Tabela 2), apresentaram comportamento de espalhamento superficial compatível com motilidade deslizante, característica frequentemente associada às mixobactérias. Apesar disso, não foi possível observar a formação de mixósporos por meio de análise microscópica, o que inviabilizou a confirmação do ciclo de desenvolvimento típico de mixobactérias com base exclusivamente em critérios morfológicos, conforme descrito na Tabela 1. Esperava-se que houvesse motilidade positiva, formação de mixósporos, formação de aglomerados celulares compatíveis

com corpos de frutificação e produção de pigmento em todos os meios. Adicionalmente, foi analisada a formação de pigmentos fluorescentes e pigmentos difundidos, características possíveis em mixobactérias (Rosenberg et al., 2014).

Um exemplo particularmente sugestivo foi observado nos isolados UFV-PM62, UFV-PM91, UFV-PM96 e UFV-PM98, que em meio ágar-água formaram agregados celulares puntiformes elevados (Figura 5), lembrando estruturas descritas para *Nannocystis*, que apresenta corpos de frutificação extremamente simples: esporângios solitários, de tamanho variável, frequentemente embutidos no ágar ou sobre a superfície, sem agrupamentos complexos, a morfologia é menos informativa para diferenciação do gênero, mas a capacidade de corroer profundamente o ágar e formar trilhas características auxilia no reconhecimento do grupo (Rosenberg et al., 2014). A microscopia óptica revelou aglomerados compactos que, a olho destreinado, poderiam ser interpretados como corpos de frutificação deste gênero.

Figura 5 – Aspecto morfológico de aglomerados celulares do isolado UFV-PM 91. À esquerda, visualização em microscópio estereoscópico de uma colônia do isolado UFV-PM 91 em meio ágar água com formação de aglomerados. À direita, observação microscópica à fresco em objetiva de 40 X evidenciando estruturas compactas semelhantes aos esporângios de mixobactérias.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Esses resultados demonstram que a simples presença de agregados celulares ou de pigmentação não é suficiente para confirmar a identidade de uma mixobactéria, sendo um passo importante a caracterização da variação fenotípica em diferentes meios (Rosenberg et al., 2014). No caso desses isolados, a ausência de mixósporos e a dependência do meio para a expressão dos agregados indicam que se tratam de outros grupos. Estudos anteriores já

relatarem que *Pseudomonas* spp. (filo Pseudomonadota) podem formar biofilmes densos e agregados em meios pobres (Weaver et al., 2024), e que *Flavobacterium* e *Chitinophaga* (filo Bacteroidota) exibem motilidade deslizante e colônias expansivas, podendo simular o comportamento social de mixobactérias (Vincent et al., 2022). A produção de pigmentos carotenoides, comum em *Methylobacterium* e *Sphingomonas* (filo Pseudomonadota), também pode levar à confusão (Lee et al., 2024; Elfeky et al., 2025). Portanto, a ocorrência isolada de qualquer uma dessas características não constitui evidência suficiente para filiação ao filo Myxococcota.

Outro aspecto relevante refere-se à formação de agregados celulares e estruturas multicelulares aparentes, que podem gerar colônias de aparência complexa e organização espacial distinta, um exemplo representativo é *Herpetosiphon tianshanensis* (filo Chloroflexota), uma bactéria filamentosa do solo que, quando cultivada em ágar WAT, forma agregados densos e estruturas que se assemelham visualmente a corpos de frutificação simples. Ressalta-se que essas bactérias podem ser isoladas por metodologias semelhantes às empregadas para o cultivo de mixobactérias, o que reforça o potencial de sobreposição fenotípica entre diferentes grupos bacterianos do solo, apesar de não serem capazes de formar esporos (Han et al., 2025).

Para sanar a dúvida, os 12 isolados foram identificados por sequenciamento do gene 16S rRNA (Tabela 2). Nenhum dos isolados pertenceu ao filo Myxococcota, foram identificados os gêneros *Pseudomonas*, *Variovorax*, *Agrobacterium* e *Stutzerimonas* pertencentes ao filo Pseudomonadota e os gêneros *Flavobacterium*, *Flavitalea* e *Chitinophaga* do filo Bacterioidota sendo todos conhecidos por compartilharem os fenótipos observados.

Tabela 2 - Identificação molecular dos isolados obtidos por Medrado (2025) a partir da sequência do gene 16S rRNA e por comparação com o banco de dados GenBank (BLASTn).

Código	Espécie mais próxima	Cobertura	E value	Identidade
UFV-PM13	<i>Flavobacterium anhuiense</i>	100 %	0.0	97.50 %
UFV-PM62	<i>Pseudomonas</i> sp.	100 %	0.0	99.73 %
UFV-PM63	<i>Pseudomonas citronellolis</i>	100 %	0.0	100 %
UFV-PM66	<i>Agrobacterium pusense</i>	100 %	0.0	100 %
UFV-PM82	<i>Flavitalea</i> sp.	100 %	0.0	99.68 %
UFV-PM84	<i>Variovorax paradoxus</i>	100 %	0.0	100 %
UFV-PM91	<i>Pseudomonas</i> sp. HL-10	100 %	0.0	100 %

Tabela 2 - Continuação

Código	Espécie mais próxima	Cobertura	E value	Identidade
UFV-PM96	<i>Pseudomonas</i> sp.	100 %	0.0	100 %
UFV-PM98	<i>Pseudomonas</i> sp.	100 %	0.0	99.86 %
UFV-PM103	<i>Stutzerimonas stutzeri</i>	100 %	0.0	99.86 %
UFV-PM111	<i>Chitinophaga</i> sp.	100 %	0.0	99.22 %
UFV-PM115	<i>Pseudomonas</i> H48(2010)	100 %	0.0	99.72 %

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

A caracterização destes 27 isolados serviu como um repertório visual e molecular de potenciais interferentes. A experiência adquirida permitiu que, durante o isolamento das amostras amazônicas (seção 5.3), as colônias que exibiam apenas uma ou duas características típicas de mixobactérias, mas não o conjunto completo, fossem rapidamente descartadas, concentrando os esforços naquelas que efetivamente apresentavam o fenótipo esperado. Assim a combinação de triagem fenotípica em múltiplos meios e confirmação molecular mostrou-se indispensável para evitar a inclusão de falsos positivos na coleção. Esta etapa do estudo demonstra que a simples observação de colônias pigmentadas, espalhadas ou com agregados em meios de isolamento não é suficiente para garantir que se trata de uma mixobactéria. A ausência de mixósporos, a variabilidade fenotípica entre meios e a identificação molecular revelaram a verdadeira natureza desses isolados. Para um pesquisador iniciante, conhecer esses padrões é crucial para não investir tempo de forma desnecessária com isolamentos que não levarão ao grupo de interesse (Sukiasyan et al., 2024). Portanto, os dados desta etapa não apenas caracterizaram os isolados obtidos por Medrado (2025), mas também forneceram uma base concreta para refinar a triagem morfológica durante o isolamento das bactérias amazônicas, garantindo que os isolados selecionados para os ensaios funcionais fossem realmente representantes do filo Myxococcota e de outros grupos de interesse.

5.3 Isolamento de bactérias de solos amazônicos e obtenção de cultura pura

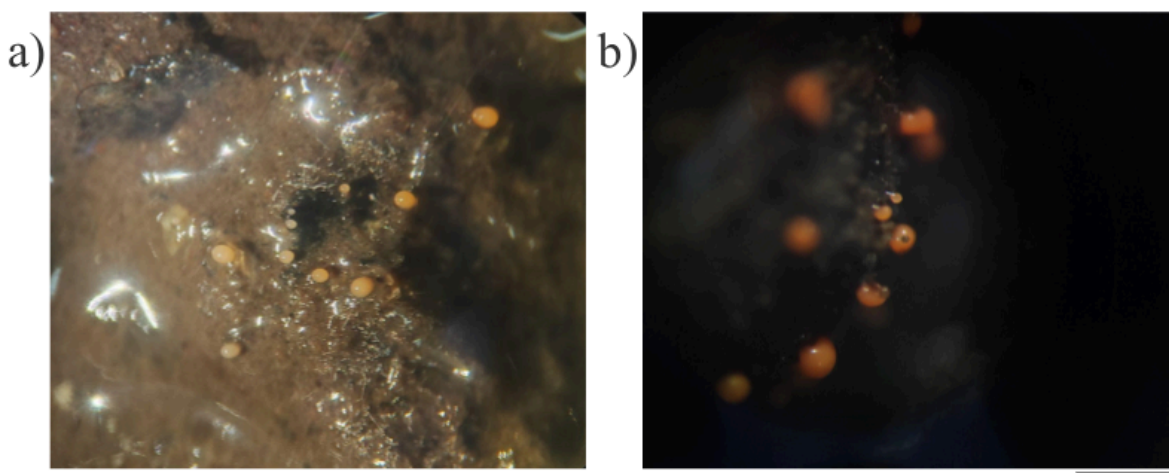
5.3.1 Isolamento por isca esterco de coelho

Foram processadas 47 amostras de solo utilizando a metodologia de isca com esterco de coelho. Essa técnica requer uma quantidade maior de solo (aproximadamente 10 g) para cobrir o fundo da placa de Petri (6 cm), sendo aplicada apenas nas amostras que dispunham

desse volume, as 18 amostras restantes, com apenas 3 g de solo, foram processadas exclusivamente pelo método de papel de filtro (item 5.3.2).

Após cerca de 10 dias de incubação em câmara úmida a 30 °C, observou-se o surgimento de estruturas globosas pigmentadas sobre os *pellets* de esterco e, em alguns casos, diretamente sobre o solo adjacente (Figura 6). Essas estruturas apresentaram morfologia compatível com corpos de frutificação de mixobactérias, exibindo coloração que variou de creme a alaranjado intenso, formato esférico e tamanhos variados. A consistência maleável e a textura cremosa após o rompimento reforçaram a identificação preliminar (Rosenberg et al., 2014). A morfologia simples e esférica observada é consistente com as descrições clássicas dos gêneros da família Myxococcaceae, comumente isolados de solos por esta técnica (Meliáh & Lisdiyanti, 2018; Dawid, 2000).

Figura 6 – Corpos de frutificação observados em isolamento por esterco de coelho. Os isolados a) UFV AM-EC 6.1 e b) UFV AM-EC 6.4. Os isolados foram provenientes do ponto TN 2500 RDS RNMD 18. As imagens foram obtidas por estereomicroscópio, à esquerda corpos de frutificação amarelos observados diretamente no solo e à direita corpos de frutificação alaranjados observados sobre o esterco de coelho. Barra de escala = 2 mm.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Para a obtenção de cultura pura, os corpos de frutificação foram coletados com fio de níquel-cromo sob estereomicroscópio e transferidos para três meios de cultivo: ágar WAT, ágar WAT acrescido de cristal violeta e ágar VY/2. Apenas o meio VY/2 permitiu o desenvolvimento efetivo dos isolados com características de mixobactérias; nos demais meios, o crescimento foi limitado ou suprimido pela proliferação de fungos e bactérias

contaminantes. Dessa forma, o meio VY/2 foi adotado como padrão para os cultivos subsequentes.

A aplicação da metodologia com esterco de coelho resultou no isolamento de 20 bactérias. Deste total, 14 apresentaram características morfológicas de mixobactérias (formação de corpos de frutificação, pigmentos, enxameamento e formação de halo em VY/2), enquanto os demais 6 isolados não exibiram fenótipos compatíveis com o grupo. Entre os 14 isolados com morfologia típica, quatro foram identificados molecularmente como pertencentes ao gênero *Myxococcus* e três ao gênero *Corallococcus* (Tabela 4, item 5.5). Os outros sete isolados, embora não sequenciados, mantiveram morfologia compatível e foram considerados potenciais mixobactérias.

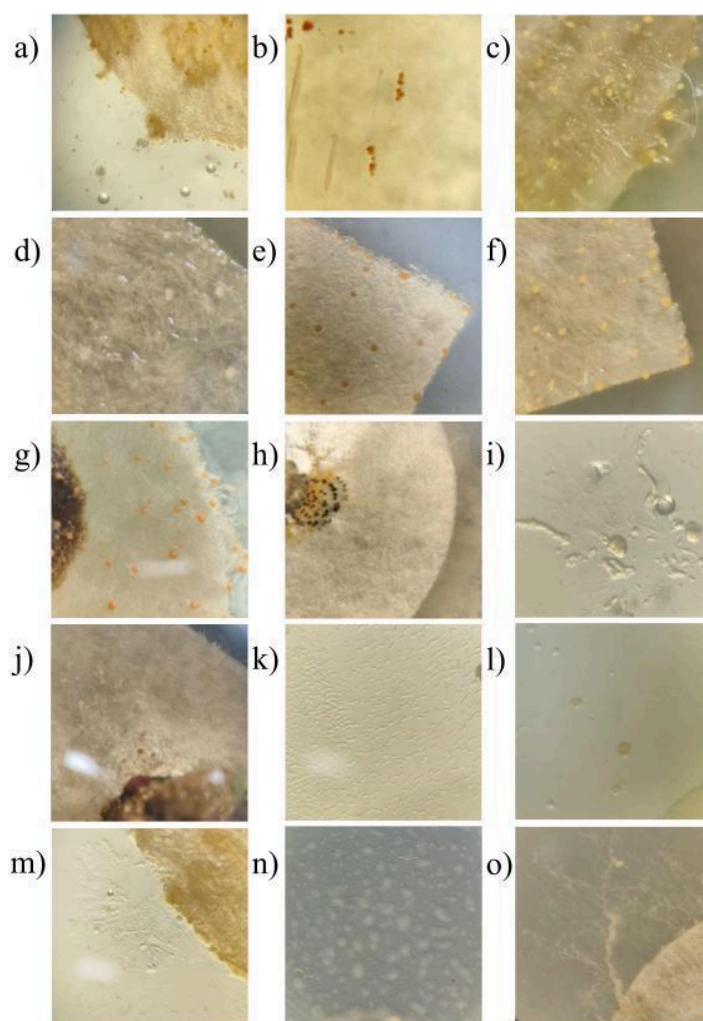
Além das mixobactérias, essa metodologia também permitiu o isolamento de 3 actinobactérias com morfologia filamentosa (uma delas identificada como *Streptomyces*, Tabela 4, item 5.5) e 2 outras bactérias, posteriormente identificadas como pertencentes ao gênero *Dyella*, filo Pseudomonadota (Tabela 4, item 5.5) e um não identificado, porém Gram-negativo com motilidade. A presença desses grupos evidencia que a isca com esterco de coelho possibilita o desenvolvimento de diversos microrganismos com capacidade de colonizar substratos ricos em matéria orgânica e de crescer em condições oligotróficas (Rosenberg et al., 2014; Rachedi et al., 2021).

5.3.2 Isolamento por isca papel de filtro em ST21

Foram processadas 65 amostras de solo utilizando a metodologia de isca com papel de filtro em meio ST21. Essa abordagem mostrou-se particularmente útil para amostras com massa reduzida (inferior a 3 g).

Após cerca de 10 dias, observou-se intenso crescimento microbiano, incluindo bactérias com motilidade, fungos filamentosos e estruturas compatíveis com corpos de frutificação de mixobactérias, tanto sobre o papel de filtro quanto diretamente no meio de cultura (Figura 7). As estruturas apresentaram forma esférica e coloração variando de branco a laranja intenso, com tamanhos diversos. A presença de estruturas escuras em determinados pontos sugeriu possível pigmentação diferenciada, possivelmente associada a condições de cultivo ou estágios de desenvolvimento (Rosenberg et al., 2014).

Figura 7 – Corpos de frutificação observados em mixobactérias por estereomicroscopia do papel de filtro sobre ágar ST21 após 15 dias de incubação a 30 °C. Os painéis (a–g) mostram a diversidade morfológica de corpos de frutificação formados diretamente sobre o meio ou sobre o papel de filtro, com coloração variando de branco a laranja intenso e tamanhos semelhantes. Os pontos de isolamento foram a) L02 2900 RDSRNMD 26; b) L02 4350 RDSRNMD2; c) TN 4500 RDSRNMD 18; d) TS 1500 RDSRNMD18; e) TS 0300 RDSRNMD18; f) TN 2000 RDS RNMD 18; g) TN 1550 RDSRNMD 50 e h), observam-se estruturas escuras compatíveis com corpos de frutificação pigmentados (TN 0500 RDSRNMD 50). O painel i) evidencia padrão de produção de biofilme e formação de agregados celulares esbranquiçados (TN 1750 RDSRNMD 50). Em j), observa-se crescimento filamentoso adjacente ao solo sobre o papel de filtro (TS 3500 RDSRNMD 18). O painel k) apresenta agregados celulares translúcidos sobre ágar (TN 2000 RDS RNMD 18), enquanto em l) observa-se um agregado celular circular, translúcido e de coloração alaranjada (TS 3500 RDSRNMD 18). Em m), observa-se movimentação bacteriana sobre o ágar sem formação de corpos de frutificação, enquanto no papel de filtro há produção de pigmento alaranjado (TS 4500 RDSRNMD 18). O painel n) mostra agregados celulares com morfologia semelhante à observada em isolados identificados como *Pseudomonas* da coleção (TN 2500 RDSRNMD 50). Em o), observa-se crescimento filamentoso sobre o ágar e movimentação bacteriana a partir do papel de filtro (TS 2500 RDSRNMD 50). Barra de escala = 2 mm.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

A partir dessa metodologia, foram obtidas 98 bactérias, das quais 55 apresentaram características típicas de mixobactérias (corpos de frutificação, enxameamento, formação de halo em meio VY/2) e foram classificadas como mixobactérias (Figura Suplementar 1; Tabela Suplementar 2). Os 33 isolados com morfologia filamentosa foram identificadas como actinobactérias (Figura Suplementar 2; item 5.4.2), enquanto 8 isolados móveis, sem formação de corpos de frutificação, foram posteriormente identificados como pertencentes ao gênero *Dyella* (item 5.4.3) e 2 Gram-negativos não identificados. A alta eficiência do método de papel de filtro (55 isolados de mixobactérias em 65 amostras 84%) superou a obtida com esterco de coelho (14 isolados em 47 amostras 29,8%), corroborando estudos que apontam o solo florestal como um ambiente favorável para o isolamento de mixobactérias e o papel de filtro como uma isca eficiente para o isolamento de mixobactérias (Rachedi et al., 2021).

5.4 Caracterização morfológica dos isolados da Amazônia

As duas metodologias resultaram no isolamento de 118 isolados obtidos a partir de solos amazônicos foram submetidos à caracterização morfológica em meio VY/2 (para bactérias Gram-negativas com motilidade) e ISP2 (para potenciais actinobactérias) a 30 °C, com avaliação após 10 dias de cultivo. Com base nos fenótipos observados, os isolados foram agrupados em três categorias principais: mixobactérias (69 isolados), actinobactérias (36 isolados) e bactérias do gênero *Dyella* (10 isolados). O 3 isolado restante apresentou morfologia de bastonetes Gram-negativos móvel, sem formação de corpos de frutificação.

5.4.1 Caracterização morfológica dos isolados obtidos sugestivos de mixobactérias

Os 69 isolados classificados como potenciais mixobactérias exibiram um conjunto de características fenotípicas consistentes com a família Myxococcaceae. Os membros da família Myxococcaceae produzem corpos de frutificação simples, geralmente de forma globosa, esférica ou em forma de pequenos montículos, as estruturas são macias, de consistência mucoide, e raramente apresentam haste, a coloração varia entre tons de creme, amarelo, laranja e vermelho (Rosenberg et al., 2014). Os gêneros *Myxococcus* e *Corallococcus* são os representantes mais típicos dessa família, onde os corpos de frutificação são geralmente lisos, sem parede rígida, e os mixósporos são esféricos e em *Corallococcus*, as estruturas podem ser mais duras, e mantém a simplicidade estrutural básica (Reichenbach & Dworkin, 1992; Dawid, 2000; Rosenberg et al., 2014.). Em meio VY/2, todas os isolados formaram colônias delgadas e expansivas (enxames), com formação de halo visível em 61 dos 69 isolados

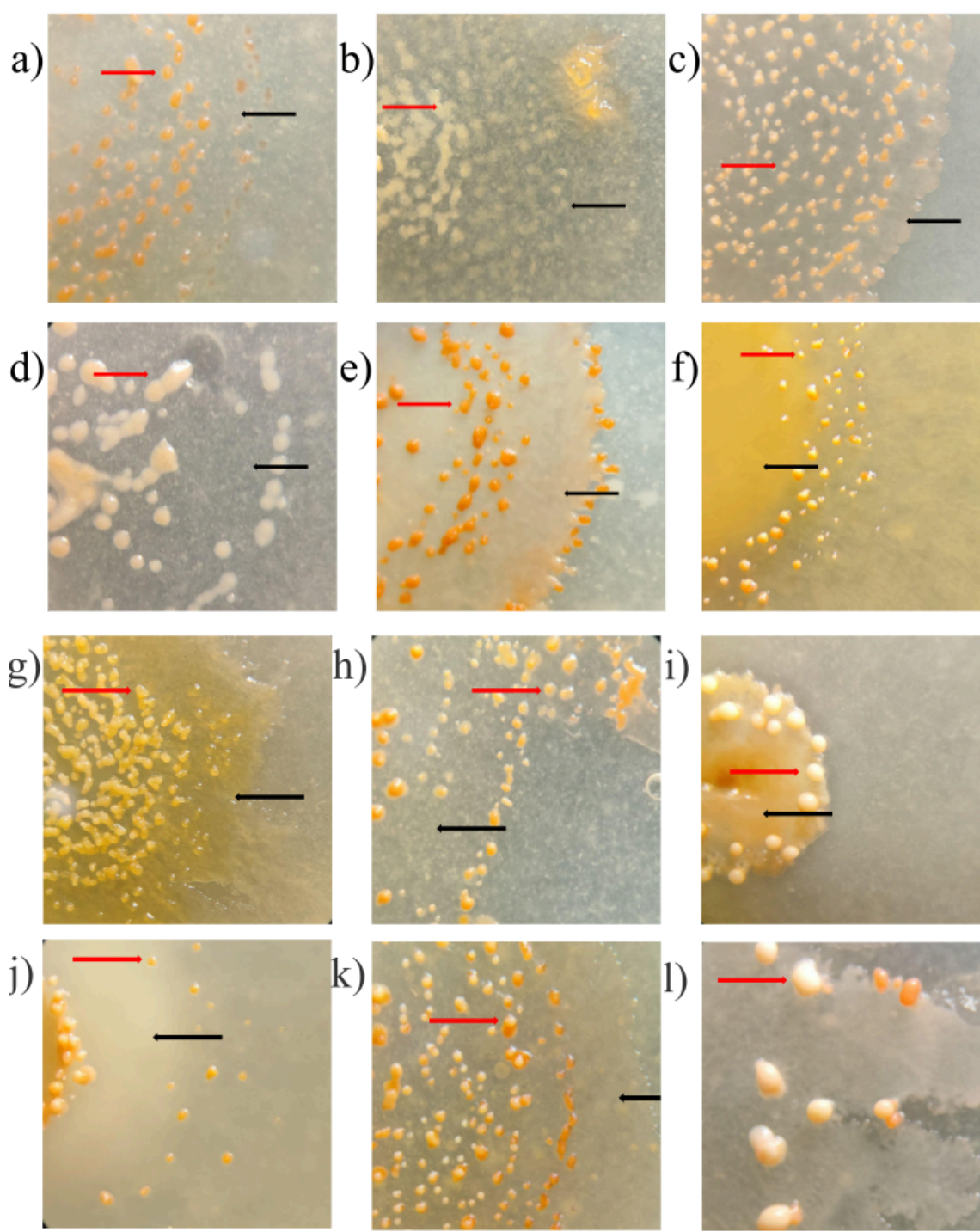
(88,4%; Tabela Suplementar 2), indicando atividade hidrolítica sobre os componentes da levedura autolisada, fenômeno associado à secreção de enzimas como proteases, nucleases e lipases, que atuam na degradação de macromoléculas e na lise de outros microrganismos (Morgan et al., 2010).

A formação de corpos de frutificação foi observada em todos os 69 isolados, sendo uma característica marcante e diagnóstica do grupo. Essas estruturas apresentaram morfologia predominantemente simples e esférica, com coloração variando entre tons de creme, amarelo, laranja salmão e laranja avermelhado (Figura 8; Figura Suplementar 1; Tabela Suplementar 2). A simplicidade morfológica observada, corpos de frutificação globosos, sem ornamentações complexas, é consistente com o descrito para os gêneros *Myxococcus* e *Corallococcus*, que produzem estruturas do tipo agregados mucoides, diferindo de gêneros como *Chondromyces* ou *Allostigmatella*, que formam corpos de frutificação mais elaborados (Dawid, 2000; Rosenberg et al., 2014).

Todos os 69 isolados apresentaram pigmento intracelular, enquanto 22 isolados (31,9 %) também produziram pigmento difusível no meio (Tabela Suplementar 2). A variação cromática é atribuída à produção de pigmentos carotenoides, amplamente documentada em mixobactérias e associada à proteção contra estresse oxidativo e radiação luminosa (Meliah & Lisdiyanti, 2018). A predominância de pigmentação intracelular em detrimento da extracelular (68,1% dos isolados sem pigmento difusível) está de acordo com o descrito para os gêneros *Myxococcus* e *Corallococcus*, cujos carotenoides permanecem majoritariamente associados à membrana celular (Rachedi et al., 2021).

Dos isolados, 60 (86,9 %) apresentaram colônias translúcidas em meio VY/2, característica que facilita a visualização dos corpos de frutificação e do padrão de enxameamento (Figura 8; Tabela Suplementar 2). A translucidez está relacionada à produção de exopolissacarídeos que formam uma matriz hidratada, característica das colônias de mixobactérias em fase vegetativa (Rosenberg et al., 2014). Os nove isolados restantes (13,1 %) exibiram colônias opacas, possivelmente devido à maior produção de pigmentos ou à formação de agregados celulares mais densos, fenômeno já descrito para algumas linhagens de *Myxococcus* (Berleman & Kirby, 2009).

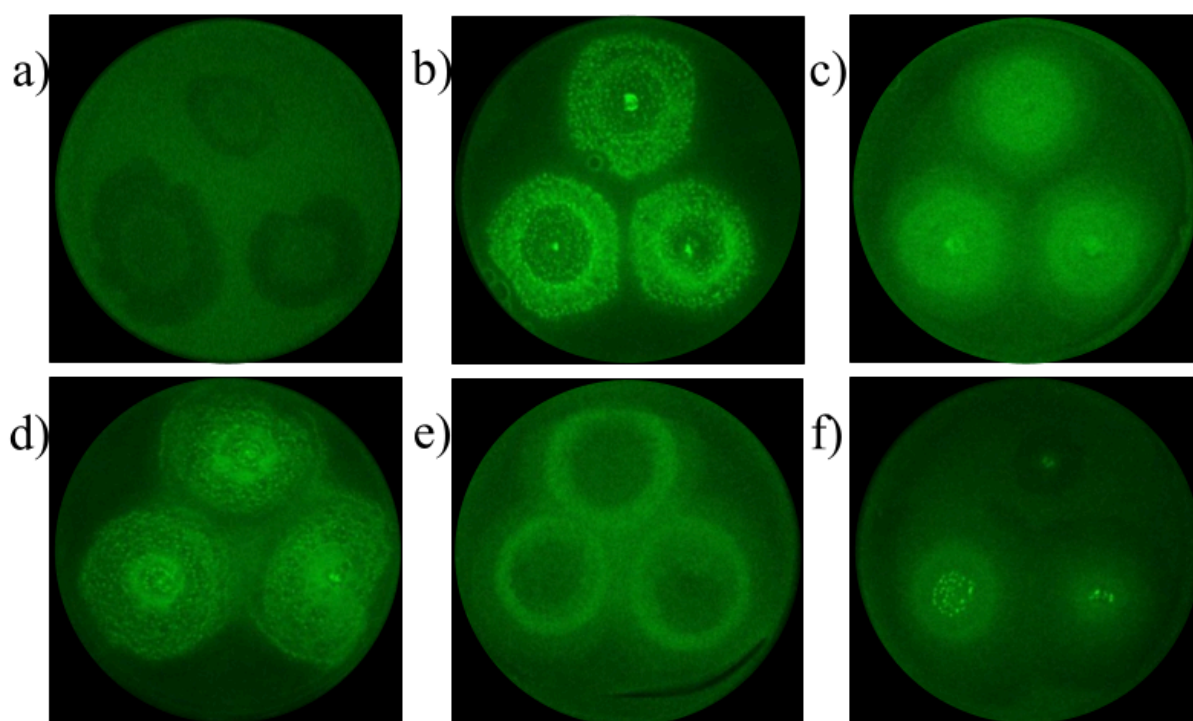
Figura 8 - Macromorfologia de colônias e corpos de frutificação característicos de isolados de mixobactérias. As setas vermelhas indicam os corpos de frutificação, enquanto as setas pretas destacam os enxames formados por células vegetativas. Bactérias inoculadas em meio ágar VY/2 e incubados a 30 °C por 10 dias. a) UFV AM-EC 5.1.2; b) UFV AM-EC 6.4; c) UFV AM-EC 7.1; d) UFV AM-EC 10.1; e) UFV AM-EC 25.2; f) UFV AM-EC 36.1; g) UFV AM-PF 11.1.2; h) UFV AM-PF 6.1; i) UFV AM-PF 49.2.2; j) UFV AM-PF 59.1; k) UFV AM-PF 57.2.1; l) UFV AM-PF 44.1. Barra de escala = 2 mm.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

A fluorescência sob luz UV foi avaliada em seis isolados representativos (UFV AM-EC 1.1, 5.1.1, 5.1.2, 6.1, 6.4 e 7.1.7), dos quais cinco apresentaram fluorescência detectável (Figura 9; Tabela Suplementar 2). Embora não seja uma característica universal ou diagnóstica para mixobactérias, a fluorescência é ocasionalmente descrita em *Myxococcus* e *Corallococcus* (Rosenberg et al., 2014).

Figura 9 - Fluorescência de isolados de mixobactérias cultivados em meio VY/2, visualizados em fotodocumentador para gel e membrana (L-PIX CHEMI, Locus) sob luz UV. As imagens foram obtidas com tempo de exposição de 1 s e 10 ms, utilizando filtro 605BP50 e pseudocoloração ajustada para verde. a) Controle negativo UFV-M121; b) UFV AM-EC 1.1; c) UFV AM-EC 5.1.1; d) UFV AM-EC 5.1.2; e) UFV AM-EC 6.1; f) UFV AM-EC 7.1.1.



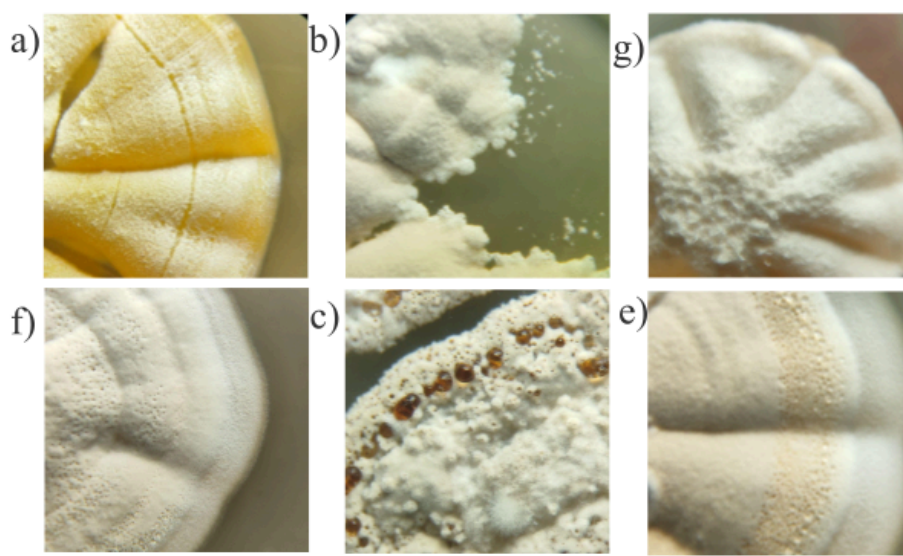
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

A iridescência foi observada em 15 isolados (21,7%) (Tabela Suplementar 2), manifestando-se como reflexos esverdeados ou amarelados na superfície ou borda das colônias. Esse fenômeno está associado à organização celular em biofilmes ou à formação de estruturas de superfície que refratam a luz, sendo ocasionalmente relatado em mixobactérias cultivadas em condições específicas, como meios ricos em polissacarídeos ou sob estresse osmótico (Berleman & Kirby, 2009; Rosenberg et al., 2014).

5.4.2 Caracterização morfológica de isolados sugestivos de actinobactérias

Os 36 isolados com morfologia filamentosa foram cultivados em meio ISP2 a 28 °C e avaliados após 7 dias. Todos apresentaram as características típicas das actinobactérias (Figura 10, Tabela 3 e Figura suplementar 2): colônias de consistência coriácea, formação de micélio aéreo bem desenvolvido com coloração variável (branca, cinza, rosa, ou amarela) e, em alguns casos, produção de pigmentos extracelulares difusíveis (Tabela 3). A diversidade de cores e texturas observada é consistente com a ampla variabilidade fenotípica descrita para o gênero *Streptomyces* (Saha et al., 2022). A maioria dos isolados apresentou micélio aéreo pulverulento, indicativo de esporulação, enquanto alguns exibiram micélio aéreo mais cottonoso ou colônias lisas, sugerindo diferentes estágios de desenvolvimento ou variações intraespecíficas. A presença de pigmentos difusíveis em parte dos isolados é um fenótipo frequentemente associado à produção de metabólitos secundários, como antraquinonas, melaninas e outros compostos bioativos, muitos dos quais com propriedades antimicrobianas (Barka et al., 2016).

Figura 10 – Diversidade macromorfológica característica de colônias de actinobactérias. Micrografias obtidas em estereomicroscópio de actinobactérias isoladas pela metodologia de isca de papel de filtro em meio ST21, após 10 dias de crescimento em meio ISP2. Observa-se a diversidade morfológica característica do grupo, incluindo variações na coloração do micélio aéreo, textura das colônias e produção de pigmentos. a) UFV S-PF 22.1; b) UFV S-PF 28.1; c) UFV S-PF 28.5; d) UFV S-PF 36.1; e) UFV S-PF 23.1; f) UFV S-PF 41.1. Barra de escala = 2 mm.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Tabela 3 - Caracterização macromorfológica dos isolados bacterianos quanto à presença de micélio aéreo e produção de pigmentos intra e extracelulares.

Código	Micélio aéreo	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular
UFV S-EC 6.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-EC 41.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-EC 41.2	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 22.1	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 23.1	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 26.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 28.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 28.2	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 28.3	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 28.4	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 28.5	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 29.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 35.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 36.1	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 38.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 41.1	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 42.2	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 42.3	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 42.4	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 42.5	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 44.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 45.1	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 46.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 47.1	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 47.4	Presente	Presente	Presente
UFV S-PF 48.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 48.2	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 48.3	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 51.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 51.2	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 51.3	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 60.1	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 63.1	Presente	Presente	Presente

Tabela 3 - Continuação

Código	Micélio aéreo	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular
UFV S-PF 63.2	Presente	Presente	Ausente
UFV S-PF 64.1	Presente	Presente	Ausente

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

5.4.3 Caracterização morfológica de isolados sugestivos do gênero *Dyella*

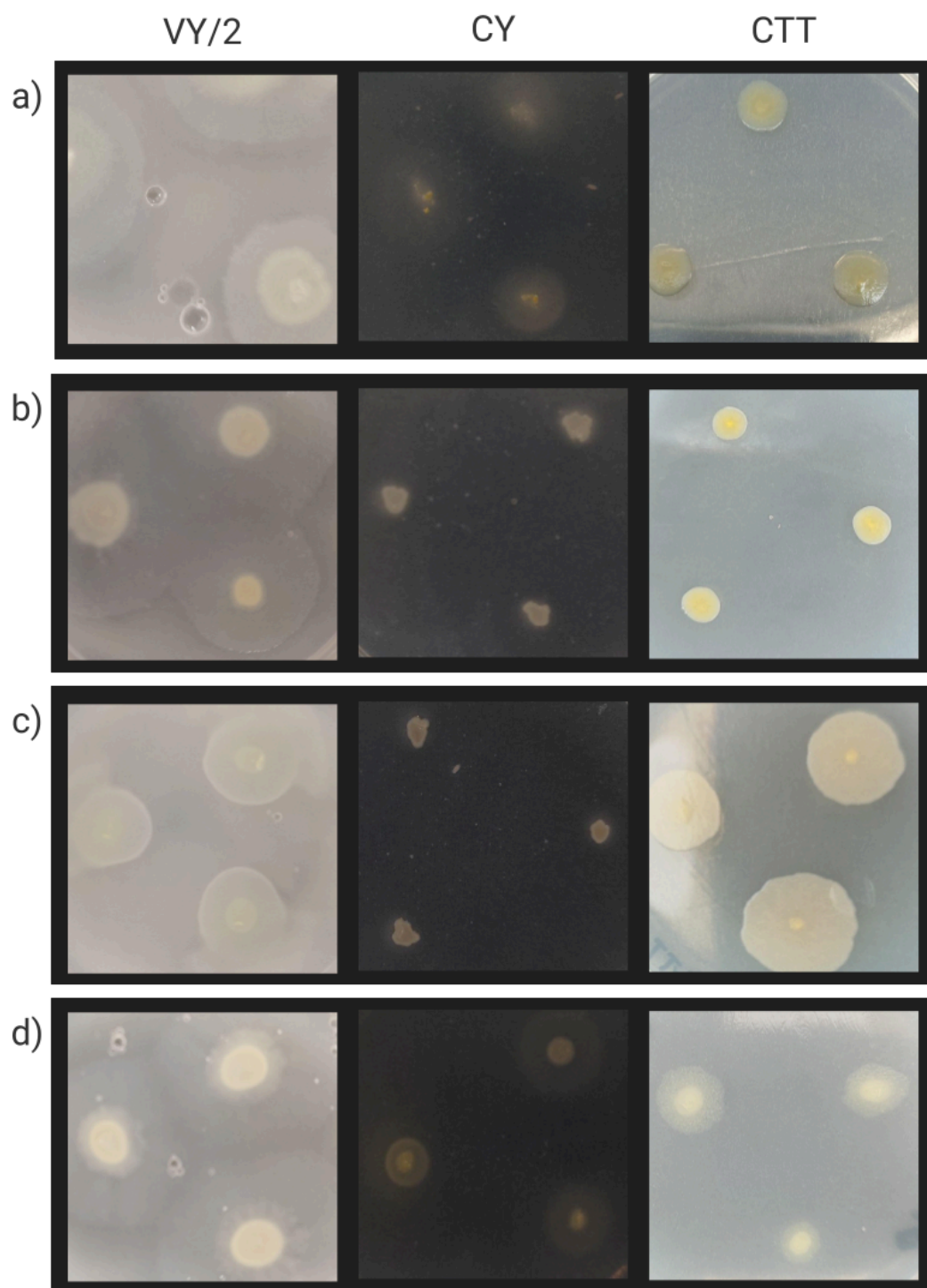
Da amostra total de 118 bactérias de importância ecológica e biotecnológica isoladas, 10 foram identificadas como pertencentes ao gênero *Dyella*, sendo 8 obtidas por meio da metodologia de isca com papel de filtro e 2 por isca com esterco de coelho. A predominância de isolados obtidos por papel de filtro sugere que esse método favorece a recuperação de bactérias com maior capacidade de crescimento em condições oligotróficas, característica frequentemente associada ao gênero *Dyella* (Dethier et al., 2025).

A partir do isolamento e da avaliação do crescimento em meio VY/2, CY e CTT, os isolados apresentaram características morfológicas distintas, porém consistentes entre si (Figura 11). Em meio VY/2, as colônias eram circulares, com acentuado espalhamento radial, sem elevação (planas), apresentando centro esbranquiçado e bordas translúcidas, além de aspecto brilhante. O diâmetro médio das colônias foi de aproximadamente 2 cm após o período de incubação.

Em meio CY, observou-se menor capacidade de espalhamento, com colônias de coloração creme, sem elevação, bordas irregulares e superfície brilhante. Já em meio CTT, as colônias apresentaram espalhamento radial menos pronunciado, com diâmetro variando entre 5 e 10 mm, elevação convexa, coloração variando de creme a amarelado e aspecto brilhante.

De modo geral, os isolados não apresentaram produção de pigmentos visíveis. O padrão de espalhamento radial observado, especialmente em VY/2 e CTT, é consistente com a presença de motilidade bacteriana, refletindo estratégias de colonização ativa do substrato, conforme descrito para o gênero *Dyella* (Weon et al., 2009; Fu et al., 2019).

Figura 11 - Morfologia de colônias do isolado a) UFV B-PF 5.2; b) UFV B-EC 5.3; c) UFV B-PF 6.3.1 e d) UFV B-PF 6.4 cultivados em ágar VY/2, CY e CTT em placa de Petri (9 cm), sob inoculação tripontual, após 4 dias de incubação a 30 °C.

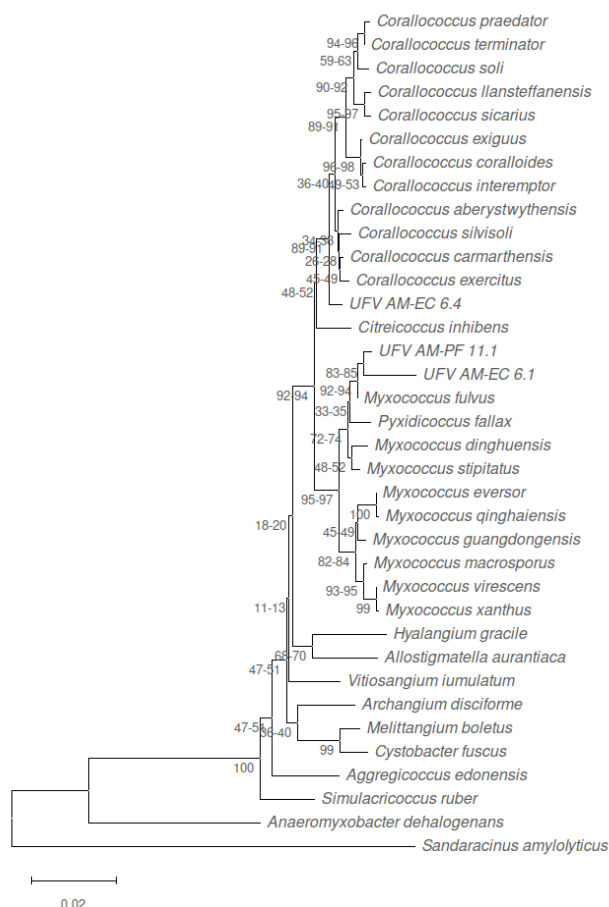


Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

5.5 Identificação molecular dos isolados provenientes de amostras amazônicas

A análise revelou que os isolados com morfologia típica de mixobactérias foram identificados como pertencentes aos gêneros *Myxococcus* (3 isolados) e *Corallococcus* (4 isolados), ambos da família Myxococcaceae (Tabela 4, Figura 12). Esses resultados confirmam a eficácia das metodologias de isca empregadas para o enriquecimento de mixobactérias, corroborando estudos anteriores que demonstraram a eficiência dessas técnicas em solos florestais (Meliah & Lisdiyanti, 2018; Rachedi et al., 2021). A presença de dois gêneros distintos dentro da família Myxococcaceae indica que a diversidade de mixobactérias nos solos amazônicos amostrados não se restringe a um único táxon, abrindo perspectivas para a exploração de diferentes estratégias predatórias e metabólicas (Wang et al., 2023).

Figura 12 - Árvore filogenética baseada em sequências do gene 16S rRNA evidenciando o posicionamento taxonômico de isolados de solo amazônico em relação a espécies representativas da família Myxococcaceae, dados com baixa qualidade foram desconsiderados. A análise foi conduzida no software MEGA 12 pelo método de Neighbor-Joining, com 1000 réplicas de bootstrap. A espécie *Sandaracinus amylolyticus* foi utilizada como grupo externo à família Myxococcaceae.



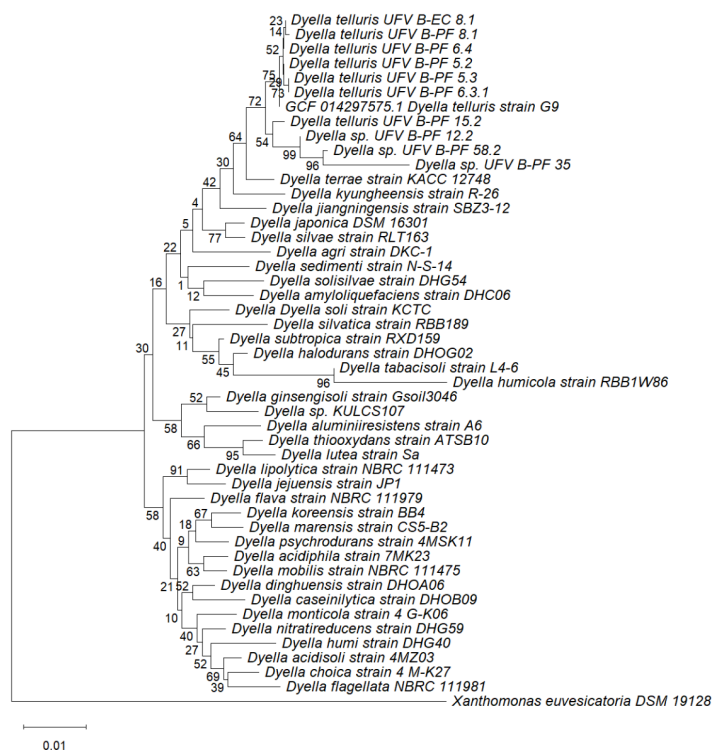
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Além das mixobactérias, a análise molecular baseada no gene 16S rRNA (Tabela 4) revelou que a maioria dos isolados ($n = 6$) apresentou alta similaridade com a espécie *Dyella telluris* ($\geq 99\%$), enquanto 4 foram identificados somente em nível do gênero *Dyella* (similaridade entre 98,72 % e 99,72 %). O isolado *Dyella* sp. UFV B-PF 35 apresentou identidade mais baixa (96,66 %), evidenciado polimorfismo genético, mesmo dentro da espécie, o que reforça o potencial do solo amazônico como reservatório de diversidade microbiana de bactérias pouco exploradas.

A árvore filogenética baseada no gene 16S rRNA (Figura 13) evidenciou que os isolados obtidos se agrupam majoritariamente em um clado associado a *Dyella telluris* G9T, indicando proximidade evolutiva entre os isolados obtidos e a espécie tipo. No entanto, observa-se que esses isolados não formam um agrupamento completamente homogêneo, distribuindo-se em subclados distintos com diferentes níveis de suporte de bootstrap. Esse padrão sugere a presença de diversidade intraespecífica significativa, possivelmente relacionada a adaptações locais às condições edáficas da Amazônia.

A distribuição dos isolados ao longo da árvore, aliada às diferenças observadas nos valores de identidade das sequências dos genes 16S rRNA, indica que, embora haja predominância de isolados próximos à espécie tipo *D. telluris*, foi evidenciado polimorfismo genético relevante entre os isolados estudados.

Figura 13 - Árvore filogenética baseada em sequências do gene 16S rRNA evidenciando o posicionamento taxonômico de isolados de solo amazônico em relação a espécies representativas do gênero *Dyella*. A análise foi conduzida no software MEGA 12 pelo método de Neighbor-Joining, com 1000 réplicas de bootstrap. A espécie *Xanthomonas euvesicatoria* DSM 19128T foi utilizada como grupo externo.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Foi também identificado um isolado como *Streptomyces*, reforçando a eficiência das metodologias empregadas para o isolamento de actinobactérias. A presença de *Streptomyces*, conhecido pela produção de uma ampla gama de metabólitos secundários bioativos (Barka et al., 2016), amplia ainda mais o potencial biotecnológico da coleção.

Os resultados obtidos evidenciam a importância da identificação molecular como etapa indispensável na construção de coleções microbianas confiáveis. A confirmação taxonômica permitiu excluir falsos positivos (como os isolados que mimetizavam mixobactérias, conforme discutido na seção 5.2), organizar os isolados por grupos de interesse e direcionar futuras aplicações biotecnológicas. A coleção formada proveniente de solos amazônicos apresenta representantes dos gêneros *Myxococcus*, *Corallococcus*, *Streptomyces* e *Dyella*, grupos amplamente associados ao controle biológico e à promoção de crescimento vegetal, além de outros gêneros com potencial exploratório.

Tabela 4 - Identificação molecular das bactérias da Amazônia selecionadas por grupos morfológicamente distintos como representantes para triagem e isolamento correto com base no sequenciamento parcial do gene 16S rRNA e comparação com o banco de dados GenBank (BLASTn). Acesso em 10/2025.

Código	Espécie mais próxima	Cobertura	Identidade
UFV AM-EC 1.1	<i>Streptomyces</i> sp.	100 %	100 %
UFV AM-EC 1.1	<i>Corallococcus</i> sp.	100 %	99.85 %
UFV AM-EC 10.1	<i>Corallococcus</i> sp.	100 %	100 %
UFV AM-EC 11.1	<i>Myxococcus fulvus</i>	100 %	97.91 %
UFV AM-EC 11.2.1	<i>Myxococcus</i> sp.	100 %	99.86%
UFV AM-EC 5.1.1	<i>Myxococcus</i> sp.	100 %	100 %
UFV AM-EC 6.1	<i>Myxococcus fulvus</i>	100 %	94.18 %
UFV AM-EC 6.4	<i>Corallococcus</i> sp.	100 %	98.76 %
UFV B-EC 5.2	<i>Dyella telluris</i>	100 %	98.69 %
UFV B-PF 5.3	<i>Dyella telluris</i>	100 %	95.85 %
UFV B-PF 6.3.1	<i>Dyella telluris</i>	100 %	100 %
UFV B-PF 6.4	<i>Dyella telluris</i>	100 %	99.85 %
UFV B-EC 8.1	<i>Dyella telluris</i>	100 %	99.59 %
UFV B-PF 8.1	<i>Dyella telluris</i>	99 %	96.90 %
UFV B-PF 12.1	<i>Dyella</i> sp.	100 %	100 %
UFV B-PF 15.2	<i>Dyella</i> sp.	100 %	95.85 %
UFV B-PF 35	<i>Dyella</i> sp.	99 %	97.75 %
UFV B-PF 58.2	<i>Dyella</i> sp.	100 %	100 %

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

5.6 Caracterização funcional dos isolados

5.6.1 Avaliação da atividade enzimática e solubilização de fosfato

Os ensaios funcionais foram conduzidos em subconjuntos específicos de isolados, de acordo com sua classificação preliminar. Mixobactérias (69 isolados) foram testadas quanto à atividade celulolítica; destas, 10 isolados obtidos por isca de esterco de coelho foram adicionalmente avaliados quanto à solubilização de fosfato. Isolados do gênero *Dyella* (10 isolados) foram avaliados quanto à solubilização de fosfato e quanto à produção das enzimas amilase, celulase e lipase.

Todos os 69 isolados com morfologia compatível com mixobactérias foram submetidos ao teste de atividade celulolítica em meio contendo carboximetilcelulose. Nenhum dos isolados apresentou halo de degradação após revelação com vermelho Congo, indicando

ausência de atividade celulolítica detectável nas condições testadas. A literatura demonstra que espécies dos gêneros *Myxococcus* e *Corallococcus* são predadoras bacteriolíticas e não celulolíticas, obtendo nutrientes por meio da lise de outros microrganismos, e não pela degradação direta de celulose (Morgan et al., 2010). No contexto do isolamento em meio ST21 com isca de papel de filtro, é importante destacar que essa metodologia não é seletiva para mixobactérias celulolíticas, apesar de ser indicada para o isolamento destas (Rosenberg et al., 2014). O papel de filtro pode ser colonizado por bactérias celulolíticas que, ao se desenvolverem servem como presa para mixobactérias predadoras; dessa forma, a isca atua indiretamente, promovendo o crescimento de microrganismos que alimentam os predadores (Rosenberg et al., 2014; Rachedi et al., 2021). A ausência de celulase nos isolados deste estudo, aliada a sua morfologia típica da família Myxococcaceae, sugere fortemente que se trata de representantes deste grupo funcional predador.

Os 10 isolados de mixobactérias obtidos por isca de esterco de coelho foram avaliados quanto à solubilização de fosfato de ferro e fosfato de alumínio. Adicionalmente, os 10 isolados do gênero *Dyella* foram avaliados quanto à produção das enzimas amilase e lipase (Tabela 5). Nenhum dos isolados de mixobactérias apresentou atividade de solubilização de fosfato; as mixobactérias não foram testadas para amilase e lipase neste ensaio. Dos isolados de *Dyella* avaliados, oito apresentaram capacidade de solubilização de fosfato de alumínio (Tabela 5), evidenciada pela alteração de coloração do meio Pikovskaya de azul para amarelo/esverdeado (Figura 14). Nenhum isolado solubilizou fosfato de ferro. Quanto à produção enzimática, nenhum apresentou atividade celulolítica, amilolítica ou lipolítica detectável nas condições testadas.

O gênero *Dyella* tem sido descrito na literatura como integrante do grupo de bactérias promotoras de crescimento vegetal (PGPR), especialmente por sua capacidade de solubilizar fosfatos inorgânicos por meio da produção de ácidos orgânicos e da acidificação do meio extracelular (De Lima et al., 2021). A solubilização de fosfato de alumínio é particularmente relevante em solos tropicais, onde o fósforo encontra-se frequentemente associado a óxidos de alumínio e ferro, tornando-se indisponível para as plantas (Vinha et al. 2021). A seletividade observada, solubilização de fosfato de alumínio, mas não de fosfato de ferro, pode estar relacionada à maior solubilidade dos complexos de alumínio em pH ácido, ou à especificidade dos ácidos orgânicos produzidos por esses isolados (Li et al., 2021). Os resultados indicam que parte dos isolados do gênero *Dyella* obtidos neste estudo apresenta potencial agrônomo

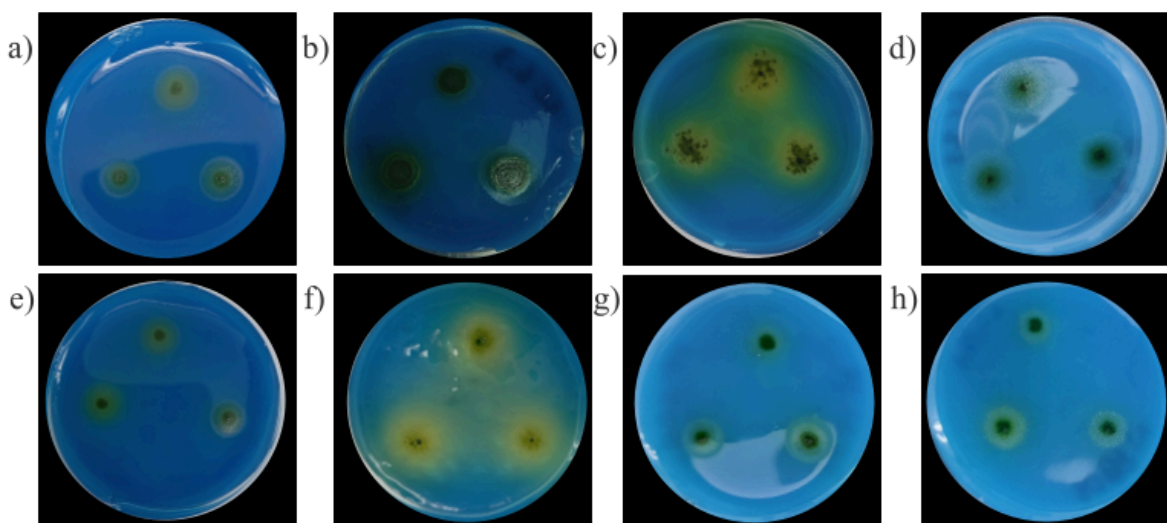
associado à mobilização de fósforo, justificando sua inclusão na coleção como candidatos para futuros estudos de promoção de crescimento vegetal.

Tabela 5 - Caracterização do potencial biotecnológico dos isolados do gênero *Dyella* quanto à solubilização de fosfatos (de alumínio e de ferro) e à produção das enzimas amilase, celulase e lipase, avaliada por ensaios qualitativos *in vitro*.

Código	Identificação	Fosfato de Alumínio	Fosfato de Ferro	Amilase	Celulase	Lipase
UFV B-PF 5.2	<i>Dyella telluris</i>	+	-	-	-	-
UFV B-EC 5.3	<i>Dyella telluris</i>	+	-	-	-	-
UFV B-PF 6.3.1	<i>Dyella telluris</i>	-	-	-	-	-
UFV B-PF 6.4	<i>Dyella telluris</i>	+	-	-	-	-
UFV B-EC 8.1	<i>Dyella telluris</i>	-	-	-	-	-
UFV B-PF 8.1	<i>Dyella telluris</i>	+	-	-	-	-
UFV B-PF 12.1	<i>Dyella</i> sp.	+	-	-	-	-
UFV B-PF 15.2	<i>Dyella</i> sp.	+	-	-	-	-
UFV B-PF 35	<i>Dyella</i> sp.	+	-	-	-	-
UFV B-PF 58.2	<i>Dyella</i> sp.	-	-	-	-	-

Fonte: Elaborado pelo próprio autor

Figura 14 - Ensaio qualitativo de solubilização de fosfato de alumínio por isolados do gênero *Dyella* investigados. Nas imagens (a-h) pode ser evidenciado os resultados positivos dos isolados, pela alteração de coloração do meio Pikovskaya suplementado com fosfato insolúvel com coloração sendo alterada para esverdeado em baixo das colônias, sem presença de halo ao redor da colônia nos isolados a) UFV B-PF 5.2, b) UFV B-EC 5.3 d) UFV B-PF 8.1, e) UFV B-PF 12.1, g) UFV B-PF 35 e h) UFV B-PF 58.2, enquanto nos isolados c) UFV B-PF 6.4 e f) UFV B-PF 15.2 sendo possível visualizar a coloração do halo modificando-se para amarelo esverdeado.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

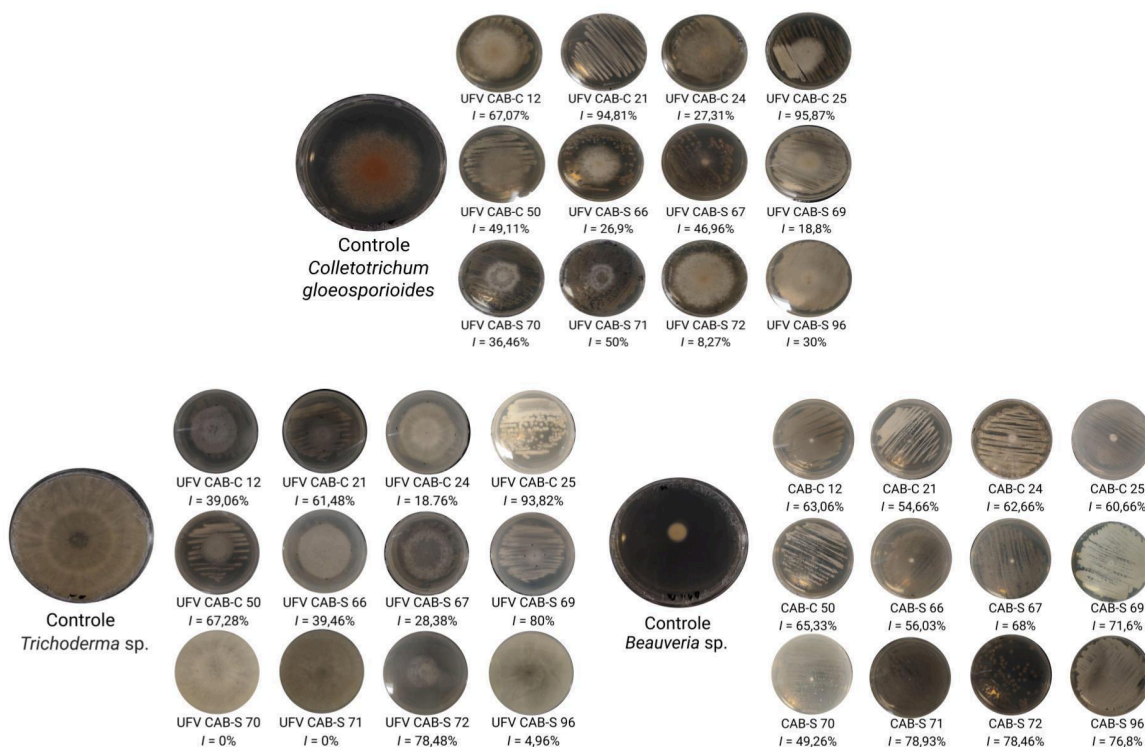
5.6.2 Avaliação da atividade antifúngica por compostos orgânicos voláteis (VOCs)

A triagem da atividade antifúngica mediada por compostos orgânicos voláteis (VOCs) revelou um perfil de antagonismo dependente do isolado bacteriano e do fungo-alvo. Embora a coleção do laboratório incluísse mixobactérias (UFV M001, 083, 121, 122 e 123), atividades significativas neste ensaio foram observadas apenas em isolados do gênero *Streptomyces*. Não foi constatado efeito inibitório sobre *Fusarium oxysporum* por nenhum dos 12 isolados de *Streptomyces*, indicando uma intrínseca resistência deste fitopatógeno aos voláteis produzidos sob as condições experimentais adotadas.

Em contrapartida, os resultados iniciais (5 dias) apontaram para um potencial biotecnológico promissor contra *Colletotrichum gloeosporioides* e *Trichoderma* sp. (Figura 15). Os isolados UFV CAB-C21 e UFV CAB-C25 destacaram-se na inibição de *C. gloeosporioides* com mais de 70 % de inibição, enquanto UFV CAB-C25, UFV CAB-S69 e UFV CAB-S72 apresentaram índices de inibição superiores a 70 % contra *Trichoderma* sp.

Este padrão inicial corrobora estudos recentes que identificam linhagens de *Streptomyces* como produtoras de VOCs com espectro de ação antifúngica variado (LI et al., 2024).

Figura 15 - Ensaio de placas sanduíche para avaliação da atividade antifúngica de compostos orgânicos voláteis (VOCs) produzidos por isolados de *Streptomyces* spp. contra os fungos *Colletotrichum gloeosporioides*, *Trichoderma* sp. e *Beauveria* sp.. da coleção do Laboratório de Genética Molecular de Bactérias. As imagens representam o desenvolvimento dos fungos *Colletotrichum gloeosporioides*, *Trichoderma* sp. e *Beauveria* sp. após cinco dias de co-cultivo indireto com os isolados. Observa-se um perfil de inibição variável, dependendo da interação isolado-fungo, com os isolados UFV CAB-C21 e UFV CAB-C25 destacando-se na inibição de *C. gloeosporioides* e *Trichoderma* sp. (I % > 70 % em alguns casos).



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Entretanto, a análise temporal evidenciou uma natureza transitória da atividade antagonista. Ao longo do período experimental, observou-se um declínio progressivo da atividade antagonista. Após dez dias de incubação, apenas os isolados UFV CAB-C25 e UFV CAB-S 69 mantiveram inibições acima de 70 %, restritas ao fungo *Trichoderma* sp. No 15º dia, a atividade contra *C. gloeosporioides* e *Beauveria* sp. foi nula e apenas o isolado UFV CAB-C25 manteve um desempenho excepcional, com 90,1 % de inibição sobre *Trichoderma* sp.

Para elucidar o mecanismo de ação, foi realizado um teste de recuperação onde as placas sanduíche foram separadas após 15 dias. A retomada do crescimento micelial de *Trichoderma* sp., que colonizou completamente a placa na ausência da bactéria UFV CAB-C25, confirmou que o efeito dos VOCs foi fungistático e não fungicida. Os voláteis produzidos pelo isolado UFV CAB-C25 agiram inibindo processos metabólicos vitais temporariamente, sem causar morte celular. Este resultado está alinhado com a literatura atual, que sugere que muitos VOCs bacterianos atuam como moduladores do crescimento fúngico, interferindo na respiração celular ou na parede celular, mas permitindo a viabilidade do patógeno enquanto a pressão química persiste (Cruz-Magalhães et al, 2019).

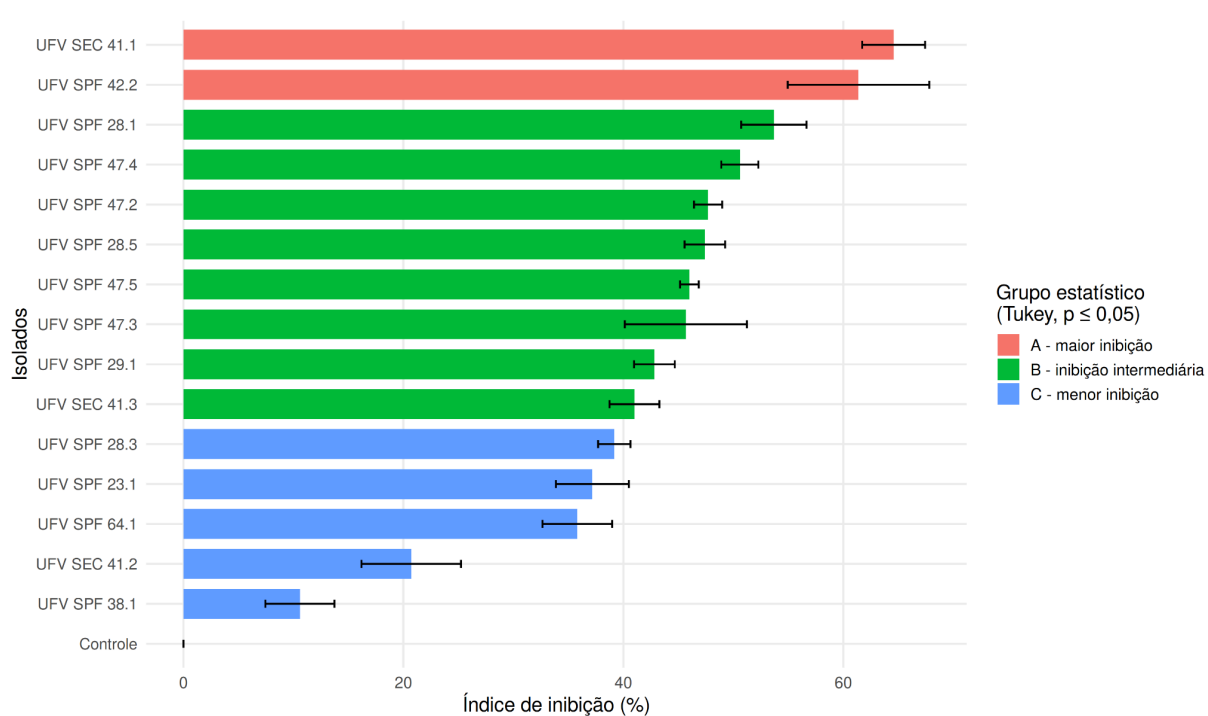
Embora a atividade prolongada não tenha sido observada para todos os patógenos, a inibição significativa nos estágios iniciais e o efeito supressor duradouro do isolado UFV CAB-C25 sobre *Trichoderma* sp. validam a importância desta triagem. Os resultados demonstram que a coleção microbiana abriga isolados capazes de produzir VOCs complexos.

5.6.3 Teste de cultura pareada dos isolados de actinobactérias contra *Fusarium oxysporum* CCF 316

A triagem dos isolados de bactérias filamentosas provenientes de solos amazônicos revelou que 15 dos 36 isolados obtidos (41,66 %) apresentaram atividade antagonista contra o fitopatógeno *Fusarium oxysporum* CCF316 em ensaio de cultura pareada (Figura 17). A análise de variância revelou diferenças significativas entre os isolados quanto à capacidade de inibição do crescimento micelial do patógeno ($p < 0,05$), e o teste de Tukey permitiu a formação de três grupos estatísticos distintos (Figura 16).

Os isolados UFV SEC 41.1 e UFV SPF 42.2 compuseram o Grupo A, caracterizado pelos maiores índices de inibição do crescimento micelial de *F. oxysporum*. O Grupo B foi formado pelos isolados UFV SPF 28.1, UFV SPF 47.4, UFV SPF 47.2, UFV SPF 28.5, UFV SPF 47.5, UFV SPF 47.3, UFV SPF 29.1 e UFV SEC 41.3, os quais apresentaram atividade antagonista intermediária. Já os isolados UFV SPF 28.3, UFV SPF 23.1, UFV SPF 64.1, UFV SPF 41.2 e UFV SPF 38.1 foram agrupados no Grupo C, apresentando os menores índices de inibição entre os isolados com atividade antagonista detectável. Os demais 21 isolados avaliados não apresentaram efeito inibitório detectável nas condições experimentais utilizadas.

Figura 16 - Índice de inibição do crescimento micelial de *Fusarium oxysporum* pelos isolados bacterianos em ensaio de cultura pareada após 15 dias de incubação. As barras representam a média $\pm$ desvio padrão de três repetições independentes. Os isolados foram agrupados com base no teste de Tukey ($p \leq 0,05$), sendo os grupos estatísticos representados pelas cores A, B e C.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 17 - Isolados com atividade antagonista frente a *F. oxysporum* em ensaio de cultura pareada.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

É possível que eles abriguem BGCs únicos ou variantes genéticas de compostos conhecidos, conferindo uma vantagem adaptativa contra patógenos fúngicos (Mantri et al., 2021). Além do antagonismo direto observado *in vitro*, a aplicação desses isolados em campo pode beneficiar-se de mecanismos sinérgicos, pesquisas recentes indicam que actinobactérias rizosféricas podem atuar na indução de resistência sistêmica nas plantas (ISR) e na competição por nichos e nutrientes, potencializando o controle de doenças vasculares como as causadas por *F. oxysporum* (Wang et al., 2023).

Dessa forma, a identificação de isolados com inibição superior a 60 % confirma a eficiência das estratégias de isolamento utilizadas em ecossistemas tropicais. Os isolados UFV SEC 41.1 e UFV SPF 42.2, dentre todos os analisados, são agora candidatos prioritários para estudos de caracterização molecular e identificação química dos metabólitos responsáveis pela atividade antagonista visando futuras formulações biotecnológicas.

5.6.4 Teste de predação bacteriana

Trinta isolados de mixobactérias, selecionados com base na diversidade morfológica presentes na Tabela Suplementar 2, foram submetidos a ensaios de predação contra um painel de seis patógenos-alvo: quatro de importância médica (*Klebsiella pneumoniae* KP13, *Pseudomonas aeruginosa* PAO1, *Staphylococcus aureus* 6538, e *Escherichia coli* 25922) e dois fitopatógenos (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris* e *Ralstonia solanacearum*).

A avaliação revelou que todos os 30 isolados testados exibiram atividade predatória contra pelo menos um dos microrganismos testados (Tabela 6), confirmando a eficácia da metodologia de isolamento em selecionar linhagens predadoras. Sete isolados destacaram-se, apresentando consumo do tapete microbiano em cinco dos seis patógenos testados: UFV AM-EC 6.1, UFV AM-EC 5.2, UFV AM-EC 10.1, UFV AM-PF 23.3, UFV AM-PF 25.3, UFV AM-PF 26.1 e UFV AM-PF 29.1 (Figura 18). Por outro lado, nenhum dos isolados de mixobactérias demonstrou capacidade de predação sobre *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 sob as condições experimentais testadas.

Tabela 6 - Atividade predatória dos isolados de mixobactérias frente a patógenos de interesse clínico (*Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*) e agrônômico (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris* e *Ralstonia solanacearum*). (S = positivo; N = negativo).

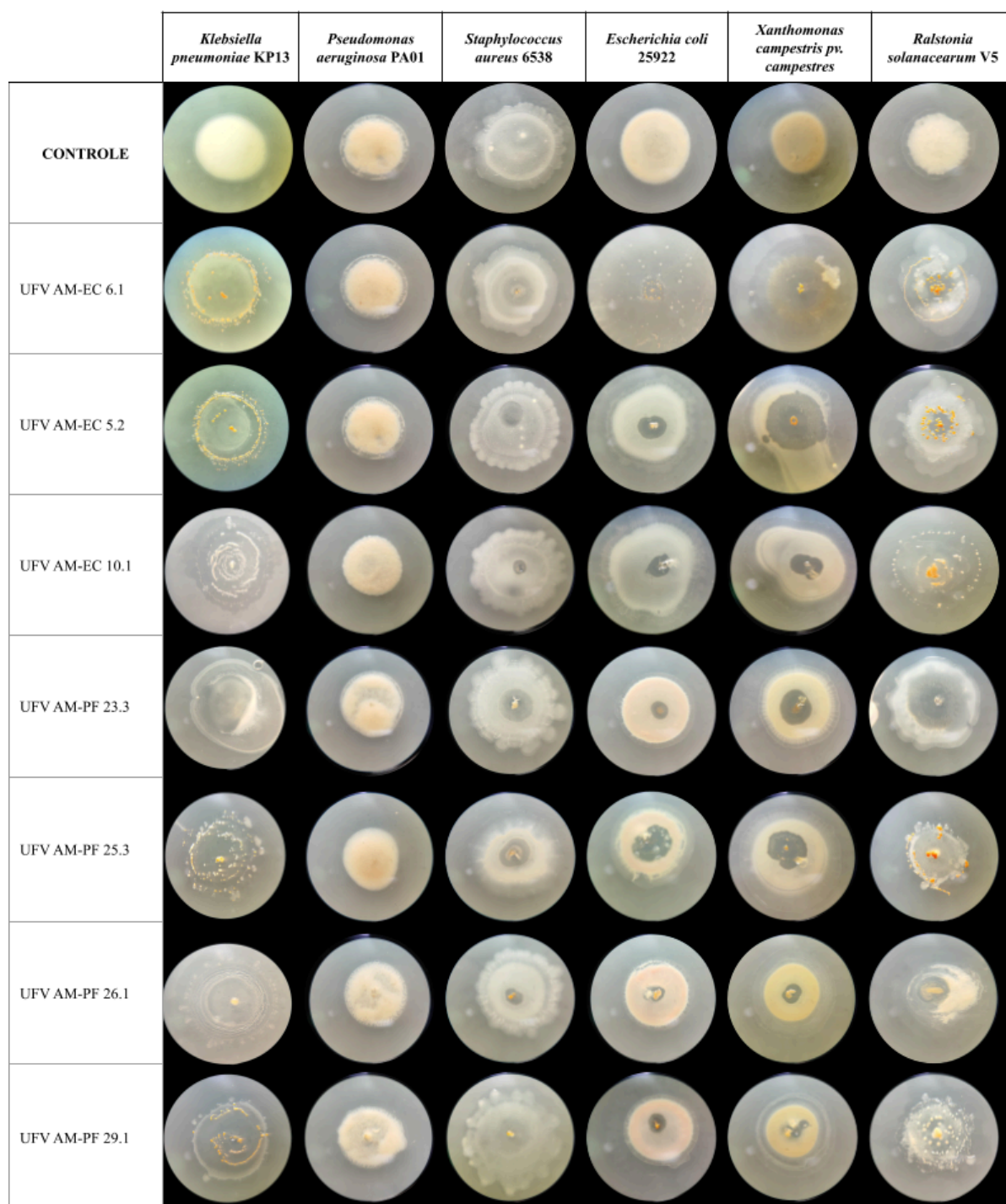
Código	<i>Klebsiella pneumoniae</i> KP13	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1	<i>Staphylococcus aureus</i> 6538	<i>Escherichia coli</i> 25922	<i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>campestris</i>	<i>Ralstonia solanacearum</i> V5
UFV AM-EC 1.1	N	N	N	S	N	S
UFV AM-EC 6.1	S	N	S	S	S	S
UFV AM-PF 6.1	S	N	N	N	S	S
UFV AM-EC 6.4	S	N	N	N	S	N
UFV AM-EC 5.1.2	N	N	N	N	N	N
UFV AM-EC 5.2	S	N	N	S	S	S
UFV AM-EC 7.1	S	N	N	S	N	S
UFV AM-EC 10.1	S	N	S	S	S	S
UFV AM-EC 11.1	N	N	N	S	S	N

Tabela 6 - Continuação

Código	<i>Klebsiella pneumoniae</i> KP13	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1	<i>Staphylococcus aureus</i> 6538	<i>Escherichia coli</i> 25922	<i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>campestris</i>	<i>Ralstonia solanacearum</i> V5
UFV AM-PF 11.2.1	S	N	S	S	S	N
UFV AM-PF 25.1	S	N	S	N	N	S
UFV AM-PF 23.2	S	N	S	S	N	S
UFV AM-PF 23.3	S	N	S	S	S	S
UFV AM-PF 42.1	S	N	N	S	S	S
UFV AM-PF 55.5	N	N	N	N	N	N
UFV AM-PF 25.3	S	N	S	S	S	S
UFV AM-PF 25.4	S	N	N	N	N	S
UFV AM-PF 26.1	S	N	S	S	S	S
UFV AM-PF 29.1	S	N	S	S	S	S
UFV AM-EC 36.1	S	N	S	S	S	N
UFV AM-PF 44.3	S	N	N	S	N	N
UFV AM-PF 49.3	S	N	N	S	N	N
UFV AM-PF 49.2	S	N	S	S	N	N
UFV AM-PF 51.1	S	N	N	S	N	S
UFV AM-PF 5.1.1	S	N	N	S	N	S
UFV AM-PF 57.1	S	N	N	S	N	N
UFV AM-PF 57.2	N	N	N	S	N	N
UFV AM-PF 57.3	N	N	N	S	N	N
UFV AM-PF 59.1	N	N	N	S	N	N
UFV AM-PF 60.1	S	N	S	N	N	S

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 18 - Ensaio de predação de isolados de mixobactérias sobre diferentes bactérias-alvo. A atividade predatória é evidenciada pela formação de halos de lise ao redor do inóculo, indicando degradação do tapete bacteriano. Observa-se variação na intensidade da predação entre os isolados, com casos de lise mais pronunciada, como o isolado UFV AM-EC 6.1 frente a *E. coli*, e atividade mais discreta, como UFV AM-PF 26.1 frente a *X. campestris*.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

O comportamento de predação generalista exibido pelos isolados de destaque, está alinhado com a descrição de mixobactérias como exímias predadoras do microbioma do solo, capazes de secretar coquetéis complexos de enzimas hidrolíticas e antibióticos durante o ciclo de lise celular, esses resultados sugerem que a coleção construída abriga isolados com um arsenal genético robusto para o antagonismo microbiano (Wang et al., 2023).

A atividade predatória efetiva contra *Ralstonia solanacearum* e *Xanthomonas campestris* representa um resultado de alto interesse agrícola. Ambos são patógenos de difícil controle devido à sua longevidade no solo e à resistência a pesticidas químicos, a literatura recente tem destacado o uso de mixobactérias, especialmente dos gêneros *Myxococcus* como alternativa promissora para o manejo de doenças de plantas, atuando não apenas por predação direta, mas também modulando a comunidade microbiana rizosférica e produzindo compostos supressivos de doenças (Dong et al., 2021).

Em suma, a diversidade funcional observada, com isolados apresentando amplo espectro de ação, valida o sucesso da prospecção em biomas biodiversos. Os isolados emergem como candidatos prioritários para o desenvolvimento de bioinoculantes ou para a prospecção de novos antibióticos, focando principalmente em alvos como *Klebsiella* e fitopatógenos agrícolas.

A incapacidade total da coleção em predação *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 é um achado ecologicamente informativo. *P. aeruginosa* é uma bactéria Gram-negativa conhecida por sua excepcional resistência a agentes antimicrobianos e predadores (Lorusso et al., 2022; Goh et al., 2023). Esse patógeno utiliza múltiplas barreiras de defesa simultâneas: a formação de biofilmes densos e matriciais que impedem a penetração física, e a produção de pigmentos fenazínicos como a piocianina, que possui propriedades redox e antimicrobianas capazes de induzir estresse oxidativo ou morte em predadores (Kang & Lee, 2022). Portanto, a ausência de predação não indica necessariamente uma falha dos isolados de mixobactérias, mas reflete a complexidade da interação química interespecífica, onde presas altamente adaptadas podem resistir até mesmo a predadores especializados nessas condições experimentais.

5.7 Aspectos centrais sobre a coleção obtida e destaque dos isolados mais promissores

A caracterização dos 162 isolados que compõem a coleção microbiana permitiu a identificação de isolados com elevado potencial para aplicações biotecnológicas,

especialmente nos contextos de biocontrole de patógenos e promoção do crescimento vegetal. A Tabela 7 sintetiza os principais candidatos dentro de cada grupo funcional, evidenciando suas competências biológicas e possíveis aplicações.

Tabela 7 - Isolados bacterianos promissores selecionados a partir dos ensaios funcionais e suas respectivas aplicações potenciais biotecnológicas.

Código	Identificação	Possíveis Aplicações biotecnológicas
UFV AM-EC 6.1	<i>Myxococcus fulvus</i>	Predar <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Xanthomonas campestris</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i> - Controle de bactérias
UFV AM-EC 5.2	<i>Myxococcota</i>	Predar <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Xanthomonas campestris</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i> - Controle de bactérias
UFV AM-EC 10.1	<i>Corallococcus</i> sp.	Predar <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Xanthomonas campestris</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i> - Controle de bactérias
UFV AM-PF 23.3	<i>Myxococcota</i>	Predar <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Xanthomonas campestris</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i> - Controle de bactérias
UFV AM-PF 25.3	<i>Myxococcota</i>	Predar <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Xanthomonas campestris</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i> - Controle de bactérias
UFV AM-PF 26.1	<i>Myxococcota</i>	Predar <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Xanthomonas campestris</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i> - Controle de bactérias
UFV AM-PF 29.1	<i>Myxococcota</i>	Predar <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Xanthomonas campestris</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i> - Controle de bactérias
UFV B-EC 5.2	<i>Dyella telluris</i>	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante
UFV B-PF 5.3	<i>Dyella telluris</i>	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante
UFV B-PF 6.4	<i>Dyella telluris</i>	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante
UFV B-PF 8.1	<i>Dyella telluris</i>	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante
UFV B-PF 12.1	<i>Dyella</i> sp.	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante
UFV B-PF 15.2	<i>Dyella</i> sp.	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante

Tabela 7 - Continuação

Código	Identificação	Possíveis Aplicações biotecnológicas
UFV B-PF 35	<i>Dyella</i> sp.	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante
UFV B-PF 58.2	<i>Dyella</i> sp.	Solubilizar fosfato de alumínio – biofertilizante
UFV CAB-C 25	<i>Streptomyces graminearus</i>	Produzir VOCs - Controle de fungos
UFV S-PF 41.1	Actinomycetota	Inibir crescimento de <i>Fusarium oxysporum</i> – Controle de fusariose
UFV S-PF 42.2	Actinomycetota	Inibir crescimento de <i>Fusarium oxysporum</i> – Controle de fusariose

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Dentre os isolados avaliados, sete isolados de mixobactérias (UFV AM-EC 6.1, UFV AM-EC 5.2, UFV AM-EC 10.1, UFV AM-PF 23.3, UFV AM-PF 25.3, UFV AM-PF 26.1 e UFV AM-PF 29.1) destacaram-se pelo comportamento predatório, configurando-se como recursos estratégicos para o desenvolvimento de agentes de biocontrole de amplo espectro. A capacidade de predação simultânea sobre fitopatógenos (*Ralstonia solanacearum* e *Xanthomonas campestris*) e patógenos de relevância clínica (*Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus* e *Escherichia coli*) sugere a produção de um repertório metabólico complexo, potencialmente composto por peptídeos não ribossomais, policetídeos e enzimas hidrolíticas com diferentes especificidades (Saggu et al., 2023; Ahearne et al., 2023). Tal versatilidade funcional é amplamente descrita para mixobactérias, reconhecidas como fontes prolíficas de metabólitos bioativos com múltiplos alvos biológicos (Bhatt et al., 2021).

Nesse contexto, os isolados UFV AM-EC 6.1 e UFV AM-EC 10.1 emergem como candidatos prioritários para estudos aprofundados de bioprospecção. Abordagens baseadas em genômica comparativa e metabolômica são particularmente promissoras para elucidar os *clusters* biossintéticos envolvidos na produção de metabólitos secundários e seu papel ecológico na predação microbiana.

Adicionalmente, oito isolados do gênero *Dyella* demonstraram capacidade de solubilizar fosfato de alumínio, característica de grande relevância para sistemas agrícolas tropicais, nos quais a baixa disponibilidade de fósforo constitui um dos principais fatores

limitantes à produtividade (Vinha et al., 2021). A solubilização preferencial dessa forma de fosfato, em detrimento do fosfato de ferro, sugere a produção seletiva de ácidos orgânicos, como cítrico, málico e oxálico, capazes de complexar o alumínio e promover a liberação do fósforo para a solução do solo (Aliyat et al., 2022).

Streptomyces graminearus (isolado UFV CAB-C25) destacou-se pela produção de compostos orgânicos voláteis (VOCs) com efeito fungistático prolongado sobre *Trichoderma* sp. Embora este gênero seja amplamente empregado como agente de biocontrole, a capacidade de inibição por compostos voláteis amplia as possibilidades de aplicação desse isolado, especialmente em sistemas de fumigação biológica. Apesar da ausência de efeito direto sobre os fitopatógenos testados neste estudo, evidências prévias demonstram a atividade desses voláteis contra bactérias de importância clínica e agrícola, incluindo *Staphylococcus aureus* USA300, *Pectobacterium carotovorum*, *Ralstonia solanacearum*, *Xanthomonas campestris* e *Bacillus thuringiensis* subsp. *krutarsi*, indicando a versatilidade metabólica desse isolado (Moreira, 2025). Esses resultados reforçam a necessidade de expansão dos ensaios para outros alvos, como patógenos de pós-colheita e microrganismos associados à deterioração de grãos armazenados.

Por fim, os isolados UFV S-PF 41.1 e UFV S-PF 42.2 apresentaram capacidade de inibição superior a 60 % frente a *Fusarium oxysporum* CCF 316, destacando-se como candidatos promissores para o controle da fusariose, uma das doenças mais impactantes na bananicultura e em diversas culturas de importância econômica (Zakaria, 2023).

Em conjunto, os isolados selecionados constituem uma coleção funcionalmente diversa, englobando agentes com atividade antibacteriana e antifúngica, microrganismos promotores de crescimento vegetal por mobilização de nutrientes e produtores de metabólitos voláteis com potencial aplicação em fumigação biológica. A coleção microbiana consolidada neste estudo representa, portanto, um recurso estratégico para o desenvolvimento de bioinsumos sustentáveis, alinhados às demandas contemporâneas por redução do uso de insumos químicos na agricultura e pela prospecção de novas alternativas frente à crescente crise de resistência antimicrobiana.

6 CONCLUSÕES

O presente trabalho apresenta o primeiro relato de isolamento de Mixobactérias da Amazônia e permitiu a construção de uma coleção bacteriana estruturada e diversificada, composta por 162 isolados bacterianos, dos quais 118 foram obtidos de solos amazônicos e 44 provenientes de coleções prévias (Melo, 2019; Medrado, 2025). A integração entre metodologias de isolamento (isca de esterco de coelho e isca de papel de filtro em meio ST21) e técnicas de caracterização fenotípica e molecular mostrou-se essencial para a identificação dos diferentes grupos bacterianos e para a avaliação de seu potencial biotecnológico.

A caracterização dos isolados da coleção de Medrado (2025) revelou que gêneros como *Pseudomonas*, *Flavobacterium*, *Chitinophaga*, *Variovorax*, *Agrobacterium*, *Flavitalea* e *Stutzerimonas* podem mimetizar fenótipos típicos de mixobactérias quando cultivados em meios oligotróficos, reforçando a necessidade de associar a triagem morfológica à identificação molecular para evitar falsos positivos. Esse aprendizado foi aplicado no isolamento das bactérias amazônicas, resultando em uma coleção robusta.

Entre os 118 isolados obtidos de solos amazônicos, destacaram-se 69 mixobactérias (família Myxococcaceae), das quais sete isolados (*Corallococcus* sp., *Corallococcus* sp. e cinco não identificados molecularmente) apresentaram predação contra patógenos de relevância agrônômica (*Ralstonia solanacearum*, *Xanthomonas campestris*) e clínica (*Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*). Esses isolados constituem candidatos prioritários para o desenvolvimento de agentes de biocontrole de amplo espectro e para a prospecção de novos antibióticos e enzimas líticas.

O gênero *Dyella* foi isolado recorrentemente (10 isolados), e oito desses isolados demonstraram capacidade de solubilizar fosfato de alumínio, um fenótipo de grande relevância para a fertilidade de solos tropicais. Esses isolados apresentaram atividade que pode ser usada para aplicação como biofertilizantes, contribuindo para a redução da dependência de insumos fosfatados solúveis.

A prospecção de actinobactérias resultou no isolamento de 36 isolados com morfologia filamentosa típica, das quais UFV SEC 41.1 e UFV S-PF 42.2 inibiram *Fusarium oxysporum* em mais de 60 % em cultura pareada, indicando seu potencial para o controle biológico da fusariose, uma das principais doenças da bananicultura. Além disso,

Streptomyces graminearus, isolado UFV CAB-C25, manteve inibição de 90,1 % sobre *Trichoderma* sp. por meio de compostos orgânicos voláteis (VOCs) até o 15º dia de incubação, com efeito fungistático, destacando-se como candidato para fumigação biológica.

A coleção microbiana consolidada neste estudo representa um recurso estratégico para o desenvolvimento de bioinsumos sustentáveis, abrangendo agentes de biocontrole de bactérias e fungos fitopatogênicos, promotores de crescimento vegetal por solubilização de fósforo e produtores de voláteis com aplicação em armazenamento de produtos agrícolas. A validação da Amazônia como reservatório de microrganismos com elevado potencial biotecnológico reforça a importância de estudos sistemáticos da microbiota desse bioma, abrindo perspectivas para investigações futuras de genômica, metabolômica e validação agrônoma dos isolados selecionados.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADRA, C.; PANCHALINGAM, H.; FOSTER, K.; TOMLIN, R.; HAYES, R. A.; KURTBÖKE, D. Í. *In vitro* biological control of *Pyrrhoderma noxium* using volatile compounds produced by termite gut-associated *Streptomyces*. *Frontiers in Plant Science*, v. 15, p. 1371285, 2024. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1371285>

AGARWAL, H.; BAJPAI, S.; MISHRA, A.; KOHLI, I.; VARMA, A.; FOUILLAUD, M.; DUFOSSÉ, L.; JOSHI, N. C. Bacterial pigments and their multifaceted roles in contemporary biotechnology and pharmacological applications. *Microorganisms*, v. 11, n. 3, p. 614, 2023. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11030614>.

AHEARNE, A.; PHILLIPS, K. E.; KNEHANS, T.; HOING, M.; DOWD, S. E.; STEVENS, D. C. Chromosomal organization of biosynthetic gene clusters, including those of nine novel species, suggests plasticity of myxobacterial specialized metabolism. *Frontiers in Microbiology*, v. 14, 2023. [10.3389/fmicb.2023.1227206](https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1227206).

ALAM, K.; MAZUMDER, A.; SIKDAR, S.; ZHAO, Y., M.; HAO, J.; SONG, C.; WANG, Y.; SARKAR, R.; ZHANG, Y.; LI, A. *Streptomyces*: the biofactory of secondary metabolites. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.968053>

ALIYAT, F. Z.; MALDANI, M.; EL GUILLI, M.; NASSIRI, L.; IBIJBIJEN, J. Phosphate-solubilizing bacteria isolated from phosphate solid sludge and their ability to solubilize three inorganic phosphate forms: calcium, iron, and aluminum phosphates. *Microorganisms*, [S.l.], v. 10, n. 5, p. 980, 2022. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050980>

ALMEIDA, O. A. C.; ARAUJO, N. O.; DIAS, B. H. S.; FREITAS, C. S.; COERINI, L. F.; RYU, C. M.; OLIVEIRA, J. V. C. The power of the smallest: the inhibitory activity of microbial volatile organic compounds against phytopathogens. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, p. 951130, 2023. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.951130>

ANITH, K. N.; NYSANTH, N. S.; NATARAJAN, C. Novel and rapid agar plate methods for *in vitro* assessment of bacterial biocontrol isolates antagonism against multiple fungal phytopathogens. *Letters in Applied Microbiology*, v. 73, n. 2, p. 229–236, 2021. <https://doi.org/10.1111/lam.13495>

ARAKAL, B. S.; WHITWORTH, D. E.; JAMES, P. E.; ROWLANDS, R.; MADHUSOODANAN, N. P.; BAIJOO, M. R.; LIVINGSTONE, P. G. *In silico* and *in vitro* analyses reveal promising antimicrobial peptides from myxobacteria. *Probiotics and Antimicrobial Proteins*, v. 15, n. 1, p. 202–214, 2023. <https://doi.org/10.1007/s12602-022-10036-4>.

AYAZ, M.; LI, C. H.; ALI, Q.; ZHAO, W.; CHI, Y. K.; SHAFIQ, M.; ALI, F.; YU, X. Y.; YU, Q.; ZHAO, J. T.; YU, J. W.; QI, R. D.; HUANG, W. K. Bacterial and fungal biocontrol agents for plant disease protection: journey from lab to field, current status, challenges, and global perspectives. *Molecules*, v. 28, n. 18, p. 6735, 2023. <https://doi.org/10.3390/molecules28186735>.

AYDIN, M. H.; CANPOLAT, S.; UZUN, T. Some soilborne pathogens causing root rot and wilting of pistachio trees in southeastern Turkey. *Canadian Journal of Plant Pathology*, v. 46, n. 4, p. 395–409, 2024. <https://doi.org/10.1080/07060661.2023.2282549>.

BARKA, E.; VATSA, P.; SANCHEZ, L.; GAVEAU-VAILLANT, N.; JACQUARD, C.; MEIER-KOLTHOFF, J. P.; KLENK, H.-P.; CLÉMENT, C.; OUHDOUCH, Y.; VAN WEZEL, G. P. Taxonomy, physiology, and natural products of Actinobacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, v. 80, n. 1, p. 1–43, 2016. 10.1128/MMBR.00019-15.

BARRETO, J. V. O.; CASANOVA, L. M.; NEVES JUNIOR, A.; REIS-MANSUR, M. C. P. P.; VERMELHO, A. B. Microbial pigments: major groups and industrial applications. *Microorganisms*, v. 11, n. 12, p. 2920, 2023. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11122920>.

BHAT, M. A.; MISHRA, A. K.; BHAT, M. A.; BANDAY, M. I.; BASHIR, O.; RATHER, I. A.; RAHMAN, S.; SHAH, A. A.; JAN, A. T. Myxobacteria as a source of new bioactive compounds: a perspective study. *Pharmaceutics*, v. 13, n. 8, p. 1265, 2021. <https://doi.org/10.3390/pharmaceutics13081265>

BERLEMAN, J. E.; KIRBY, J. R. Deciphering the hunting strategy of a bacterial wolfpack. *FEMS Microbiology Reviews*, v. 33, p. 942–957, 2009. 10.1111/j.1574-6976.2009.00185.x

BROCKMAN, E. R.; BOYD, W. L. Myxobacteria from soils of the Alaskan and Canadian Arctic. *Journal of Bacteriology*, v. 86, n. 3, p. 605–606, 1963. <https://doi.org/10.1128/jb.86.3.605-606.1963>

CONTRERAS-MORENO, F. J.; PÉREZ, J.; MUÑOZ-DORADO, J.; MORALEDA-MUÑOZ, A.; MARCOS-TORRES, F. J. *Myxococcus xanthus* predation: an updated overview. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, 23 jan. 2024. 10.3389/fmicb.2024.1339696.

CORKLEY, I.; FRAAIJE, B.; HAWKINS, N. Fungicide resistance management: maximizing the effective life of plant protection products. *Plant Pathology*, v. 71, n. 1, p. 150–169, 2022. <https://doi.org/10.1111/ppa.13467>.

CRUZ-MAGALHÃES, V.; NIETO-JACOBO, M. F.; VAN ZIJLL DE JONG, E.; ROSTÁS, M.; PADILLA-ARIZMENDI, F.; KANDULA, D.; KANDULA, J.; HAMPTON, J.; HERRERA-ESTRELLA, A.; STEYAERT, J. M.; STEWART, A.; LOGUERCIO, L. L.; MENDOZA-MENDOZA, A. The NADPH oxidases Nox1 and Nox2 differentially regulate volatile organic compounds, fungistatic activity, plant growth promotion and nutrient assimilation in *Trichoderma atroviride*. *Frontiers in Microbiology*, v. 9, p. 3271, 2019. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.03271>.

DAWID, W. Biology and global distribution of myxobacteria in soils. *FEMS Microbiology Reviews*, v. 24, n. 4, p. 403–427, 2000. 10.1111/j.1574-6976.2000.tb00548.x

DE LIMA, D. R. M.; DOS SANTOS, I. B.; OLIVEIRA, J. T. C.; DA COSTA, D. P.; DE QUEIROZ, J. V. J.; ROMAGNOLI, E. M.; ANDREOTE, F. D.; FREIRE, F. J.; KUKLINSKY-SOBRA, J. Genetic diversity of N-fixing and plant growth-promoting bacterial community in different sugarcane genotypes, association habitat and phenological phase of the crop. *Archives of Microbiology*, v. 203, n. 3, p. 1089–1105, 2021. <https://doi.org/10.1007/s00203-020-02103-7>.

DE SIMEIS, D.; SERRA, S. Actinomycetes: A never-ending source of bioactive compounds an overview on antibiotics production. *Antibiotics*, v. 10, n. 5, p. 483, 2021. 10.3390/antibiotics10050483

DETHIER, L.; JESPERSEN, J. R. P.; LLOYD, J.; PUPI, E.; LI, R.; ZHOU, W.; LIU, F.; BAI, Y.; HALKIER, B. A.; XU, D. Isolation of a novel plant growth-promoting *Dyella* sp. from a Danish natural soil. *Environmental Microbiology Reports*, v. 17, n. 5, e70186, 2025. 10.1111/1758-2229.70186.

DONALD, L.; PIPITE, A.; SUBRAMANI, R.; OWEN, J.; KEYZERS, R. A.; TAUF, T. *Streptomyces*: Still the biggest producer of new natural secondary metabolites, a current perspective. *Microbiology Research*, [S.l.], v. 13, n. 3, p. 418–465, 2022. <https://doi.org/10.3390/microbiolres13030031>.

DONG, H.; XU, X.; GAO, R.; LI, Y.; LI, A.; YAO, Q.; ZHU, H. *Myxococcus xanthus* R31 suppresses tomato bacterial wilt by inhibiting the pathogen *Ralstonia solanacearum* with secreted proteins. *Frontiers in Microbiology*, v. 12, p. 801091, 2021. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.801091>.

DU, Y.; HAN, W.; HAO, P.; HU, Y.; HU, T.; ZENG, Y. A genomics-based discovery of secondary metabolite biosynthetic gene clusters in the potential novel strain *Streptomyces* sp. 21So2-11 isolated from Antarctic soil. *Microorganisms*, v. 12, n. 6, p. 1228, 2024. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12061228>

DREWS, G. Mikrobiologisches Praktikum. 2. Aufl. Berlin; Heidelberg; New York: Springer-Verlag, 1974. VIII, 230 p. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-96204-2>

ELFEKY, N.; HELAL, S. H. A.; AHMED, A. A. S.; EL-SABBAGH, S. M. Characterization of carotenoid production and antioxidant capacity in an Egyptian soil bacterium. *Letters in Applied Microbiology*, v. 78, n. 12, eovaf142, 2025. 10.1093/lambio/ovaf142.

FAIZA, N.; WELCH, R.; PATTESON, A. Substrate stiffness modulates collective colony expansion of the social bacterium *Myxococcus xanthus*. *APL Bioengineering*, v. 9, n. 1, p. 016104, 2025. 10.1063/5.0226619.

FAO. World food and agriculture – *statistical yearbook* 2025. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2025. 10.4060/cd4313en.

FU, J. C.; GAO, Z. H.; WU, T. T.; CHEN, M. H.; QIU, L. H. *Dyella amyloliquefaciens* sp. nov., isolated from forest soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 69, n. 11, p. 3560, 2019. 10.1099/ijsem.0.003660.

GAI, Y.; WANG, H. Plant disease: a growing threat to global food security. *Agronomy*, v. 14, n. 8, p. 1615, 2024. <https://doi.org/10.3390/agronomy14081615>.

GARBEVA, P.; WEISSKOPF, L. Airborne medicine: bacterial volatiles and their influence on plant health. *New Phytologist*, v. 226, n. 1, p. 32-43, 2020. <https://doi.org/10.1111/nph.16282>

GARCIA, R.; POPOFF, A.; BADER, C. D.; LÖHR, J.; WALESCH, S.; WALT, C.; BOLDT, J.; BUNK, B.; HAECKL, F. P. J.; GUNESCH, A. P.; BIRKELBACH, J.; NÜBEL, U.; PIETSCHMANN, T.; BACH, T.; MÜLLER, R. Discovery of the *Pendulisporaceae*: an extremotolerant myxobacterial family with distinct sporulation behavior and prolific specialized metabolism. *Chem*, v. 10, n. 8, p. 2518–2537, 2024. 10.1016/j.chempr.2024.04.019.

GILROY, R.; RAVI, A.; GETINO, M.; PURSLEY, I.; HORTON, D. L.; ALIKHAN, N.-F.; BAKER, D.; GHARBI, K.; HALL, N.; WATSON, M.; ADRIAENSSENS, E. M.; FOSTER-NYARKO, E.; JARJU, S.; SECKA, A.; ANTONIO, M.; OREN, A.; CHAUDHURI, R. R.; LA RAGIONE, R.; HILDEBRAND, F.; PALLEEN, M. J. Extensive microbial diversity within the chicken gut microbiome revealed by metagenomics and culture. *PeerJ*, v. 9, e10941, 2021. 10.7717/peerj.10941.

GIOVANARDI, D.; BIONDI, E.; BIONDO, N.; QUIROGA, N.; MODICA, F.; PUOPOLO, G.; PÉREZ FUENTEALBA, S. Sustainable and innovative biological control strategies against *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, *Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseolicola* and *Xanthomonas* spp. affecting vegetable crops: a review. *Frontiers in Plant Science*, v. 16, p. 1536152, 2025. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1536152>.

GOH, Y. F.; RØDER, H. L.; CHAN, S. H.; ISMAIL, M. H.; MADSEN, J. S.; LEE, K. W. K.; SØRENSEN, S. J.; GIVSKOV, M.; BURMØLLE, M.; RICE, S. A.; MCDUGALD, D. Associational resistance to predation by protists in a mixed species biofilm. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 89, n. 2, p. e01741-22, 2023. <https://doi.org/10.1128/aem.01741-22>.

GRANICZKOWSKA, K. B.; BIZHGA, D.; NODA, M.; LEON, V.; SARAF, N.; FELIZ, D.; SHARMA, G.; NUGENT, A. C.; SINGER, M.; STOJKOVIĆ, E. A. Photomorphogenesis of *Myxococcus macrosporus*: new insights for light-regulation of cell development.

Photochemical & Photobiological Sciences, v. 23, p. 1857–1870, 2024. <https://doi.org/10.1039/D4PP00174AG>UTA, M.; ABEBE, G.; BACHA, K.; COOLS, P. Screening and characterization of thermostable enzyme-producing bacteria from selected hot springs of Ethiopia. *Microbiology Spectrum*, v. 12, n. 3, e03710-23, 2024. [10.1128/spectrum.03710-23](https://doi.org/10.1128/spectrum.03710-23).

HAN, J.; LV, W.; JI, W.; WANG, R.; LUO, M.; FU, B. A novel gliding filamentous bacterium *Herpetosiphon tianshanensis* sp. nov. NSE202 is a promising biocontrol agent for fire blight. *Pest Management Science*, 2025. <https://doi.org/10.1002/ps.8933>.

HAMAD, G. M.; MEHANY, T.; SIMAL-GANDARA, J.; ABOU-ALELLA, S.; ESUA, O. J.; ABDEL-WAHHAB, M. A.; HAFEZ, E. E. A review of recent innovative strategies for controlling mycotoxins in foods. *Food Control*, v. 144, p. 109350, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2022.109350>.

HAQ, I. U.; RAHIM, K.; YAHYA, G.; IJAZ, B.; MARYAM, S.; PAKER, N. P. Eco-smart biocontrol strategies utilizing potent microbes for sustainable management of phytopathogenic diseases. *Biotechnology Reports*, p. e00859, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2024.e00859>.

HE, Y.; GUO, W.; PENG, J.; GUO, J.; MA, J.; WANG, X.; ZHANG, C.; JIA, N.; WANG, E.; HU, D.; WANG, Z. Volatile organic compounds of *Streptomyces* sp. TOR3209 stimulated tobacco growth by up-regulating the expression of genes related to plant growth and development. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, p. 891245, 2022. [10.3389/fmicb.2022.891245](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.891245).

HODGKIN, J.; KAISER, D. Genetics of gliding motility in *Myxococcus xanthus*. *Molecular & General Genetics*, v. 171, p. 177–191, 1979. <https://doi.org/10.1007/BF00270004>.

HUANG, Z.; MO, S.; YAN, L.; WEI, X.; HUANG, Y.; ZHANG, L.; ZHANG, S.; LIU, J.; XIAO, Q.; LIN, H.; GUO, Y. A simple culture method enhances the recovery of culturable Actinobacteria from coastal sediments. *Frontiers in Microbiology*, v. 12, p. 675048, 2021. [10.3389/fmicb.2021.675048](https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.675048).

JEONG, J.-J.; SAJIDAH, S.; OH, J. Y.; SANG, M. K.; KIM, K.-S.; KIM, K. D. Complete genome sequence data of *Flavobacterium anhuiense* strain GSE09, a volatile-producing biocontrol bacterium isolated from cucumber (*Cucumis sativus*) root. *Data in Brief*, v. 25, p. 104270, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2019.104270>.

JOE, M. M.; DEIVARAJ, S.; BENSON, A.; HENRY, A. J.; NARENDRAKUMAR, G. Soil extract calcium phosphate media for screening of phosphate-solubilizing bacteria. *Agriculture and Natural Resources*, v. 52, n. 3, p. 305–308, jun. 2018. <https://doi.org/10.1016/j.anres.2018.09.014>.

KADDES, A.; FAUCONNIER, M.-L.; SASSI, K.; NASRAOUI, B.; JIJAKLI, M. H. Antifungal properties of two volatile organic compounds on barley pathogens and introduction to their mechanism of action. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, v. 16, n. 16, p. 2866, 2019. <https://doi.org/10.3390/ijerph16162866>.

KAISER, D.; ROBINSON, M.; KROOS, L. Myxobacteria, polarity, and multicellular morphogenesis. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, v. 2, n. 8, p. a000380, 2010. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a000380>.

KANG, J.; CHO, Y. H.; LEE, Y. Pyocyanin and 1-hydroxyphenazine promote anaerobic killing of *Pseudomonas aeruginosa* via single-electron transfer with ferrous iron. *Microbiology Spectrum*, v. 10, n. 6, 2022. <https://doi.org/10.1128/spectrum.02312-22>.

KARWOWSKI, J. P.; SUNGA, G. N.; KADAM, S.; McALPINE, J. B. A method for the selective isolation of *Myxococcus* directly from soil. *Journal of Industrial Microbiology*, v. 16, p. 230–236, 1996. 10.1007/BF01570027.

KAUR, R.; KUMARI, A.; KAUR, R.; KAUR, R. Myxobacteria: producers of enormous bioactive secondary metabolites. *International Journal of Research in Pharmaceutical Sciences*, 2018. <https://doi.org/10.26452/ijrps.v9i2.1440>

KIPROTICH, K.; MUEMA, E.; WEKESA, C.; NDOMBI, T.; MUOMA, J.; Omayio, D.; OCHIENO, D.; MOTSI, H.; MNCEDI, S.; TARUS, J. Unveiling the roles, mechanisms and prospects of soil microbial communities in sustainable agriculture. *Discover Soil*, v. 2, art. 10, 2025. <https://doi.org/10.1007/s44279-025-00010-0>.

KROOS, L.; WALL, D.; ISLAM, S. T.; WHITWORTH, David E.; MUÑOZ-DORADO, J.; HIGGS, P. I.; SINGER, M.; MAURIELLO, E. M. F.; TREUNER-LANGE, A.; SØGAARD-ANDERSEN, L.; KAIMER, C.; ELÍAS-ARNANZ, M.; STOJKOVIĆ, E. A.; MÜLLER, R.; VOLZ, C.; VELICER, G. J.; NAN, B. Milestones in the development of *Myxococcus xanthus* as a model multicellular bacterium. *Journal of Bacteriology*, v. 207, n. 7, e00071-25, 2025. <https://doi.org/10.1128/jb.00071-25>.

KRZEMIENIEWSKA, H.; KRZEMIENIEWSKI, S. Myxobacteria of the species *Chondromyces* Berkeley and Curtis. *Bulletin de l'Académie Polonaise des Sciences et des Lettres, Classe des Sciences Mathématiques et Naturelles, Série B*, v. 1, p. 31–48, 1946.

KUMAR, S.; YADAV, A. K.; CHAMBEL, P.; KAUR, R. Molecular and functional characterization of myxobacteria isolated from soil in India. *3 Biotech*, v. 7, p. 1–9, 2017. <https://doi.org/10.1007/s13205-017-0722-9>.

LACEY, H. J.; RUTLEDGE, P. J. Recently discovered secondary metabolites from *Streptomyces* species. *Molecules*, v. 27, n. 3, p. 887, 2022. 10.3390/molecules27030887.

LALL, D.; GLASER, M. M.; HIGGS, P. I. *Myxococcus xanthus* fruiting body morphology is important for spore recovery after exposure to environmental stress. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 90, n. 10, 4 out. 2024. 10.1128/aem.01660-24.

LANE, D. J. 16S/23S rRNA sequencing. In: STACHEBRANDT, E.; GOODFELLOW, M. (Ed.). *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. New York: John Wiley & Sons, 1991. p. 115–175.

LASCH, C.; MYRONOVSKIY, M.; LUZHETSKYY, A. *Streptomyces* as a versatile host platform for heterologous production of microbial natural products. *Natural Product Reports*, v. 43, n. 2, p. 371–390, 2026. 10.1039/D5NP00036J.

- LEE, H.; KIM, I.; PARK, S.; WOO, H.; YOOK, S.; SEO, T. *Sphingomonas rustica* sp. nov. and *Sphingomonas agrestis* sp. nov., novel carotenoid-producing bacterial species isolated from farm soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 74, n. 10, 2024. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006551>.
- LI, X. L.; ZHAO, X. Q.; DONG, X. Y.; MA, J. F.; SHEN, R. F. Secretion of gluconic acid from *Nguyenibacter* sp. L1 is responsible for solubilization of aluminum phosphate. *Frontiers in Microbiology*, [S.l.], v. 12, p. 784025, 2021. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.784025>.
- LI, X.; ZHANG, L.; ZHAO, Y.; FENG, J.; CHEN, Y.; LI, K.; ZHANG, M.; QI, D.; ZHOU, D.; WEI, Y.; WANG, W.; XIE, J.; Biocontrol potential of volatile organic compounds produced by *Streptomyces corchorusii* CG-G2 to strawberry anthracnose caused by *Colletotrichum gloeosporioides*. *Food Chemistry*, v. 437, pt. 2, p. 137938, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2023.137938>.
- LORUSSO, A. B.; CARRARA, J. A.; BARROSO, C. D. N.; TUON, F. F.; FAORO, H. Role of efflux pumps on antimicrobial resistance in *Pseudomonas aeruginosa*. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 23, n. 24, p. 15779, 2022. [10.3390/ijms232415779](https://doi.org/10.3390/ijms232415779).
- LU, Y.; SONG, W.; WANG, J.; CAO, Y.; HAN, X.; XU, C.; WANG, F.; GE, B. Biocontrol of *Botrytis cinerea* by *Streptomyces noursei* C27 and preliminary identification of antimicrobial metabolites. *Biological Control*, v. 196, p. 105561, set. 2024. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2024.105561>.
- MANDRO, J. A.; NAKAMURA, F. M.; GONTIJO, J. B.; TSAI, S. M.; VENTURINI, A. M. Metagenome-assembled genomes from Amazonian soil microbial consortia. *Microbiology Resource Announcements*, v. 11, n. 11, e00804-22, 2022. [10.1128/mra.00804-22](https://doi.org/10.1128/mra.00804-22).
- MANTRI, S. S.; NEGRI, T.; SALES-ORTELLS, H.; ANGELOV, A.; PETER, S.; NEIDHARDT, H.; OELMANN, Y.; ZIEMERT, N. Metagenomic sequencing of multiple soil horizons and sites in close vicinity revealed novel secondary metabolite diversity. *mSystems*, v. 6, n. 5, p. e01018-21, 2021. <https://doi.org/10.1128/msystems.01018-21>.
- MEDRADO, P. H. S. Predatory bacteria: isolation, characterization and biotechnological evaluation of its ability to control human and plant bacterial pathogens. 2025. Tese (Doutorado em Microbiologia Agrícola) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2025.
- MELIAH, S.; LISDIYANTI, P. Isolation, characterization and molecular identification of myxobacteria from two outermost islands of Indonesia. *Biotropia*, v. 25, n. 2, p. 121-129, 2018. <https://doi.org/10.11598/btb.2018.25.2.796>
- MELIAH, S.; KUSUMAWATI, D. I.; ILYAS, M. Preliminary study of myxobacteria as biocontrol agents for panama disease pathogen, tropical race 4 *Fusarium odoratissimum*. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, v. 457, art. 012060, 2020. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/457/1/012060>.
- MELO, R. C. C. Microbiota do solo de bananeira comercial e do composto orgânico, isolamento de actinobactérias e avaliação do potencial biotecnológico. 2019. 204 f. Tese (Doutorado em Microbiologia Agrícola) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2019.

MENG, J.; GAO, W.; WANG, J. Methods and challenges for efficient antibiotic discovery from *Streptomyces* sp. *BIO Web of Conferences*, v. 174, p. 02020, 2025. <https://doi.org/10.1051/bioconf/202517402020>.

MOREIRA, A. D. O. Atividade antimicrobiana *in vitro* de *Streptomyces* spp. contra patógenos bacterianos de importância agrícola e médica. 2025. Dissertação (Mestrado em Microbiologia Agrícola) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2025.

MORGAN, A. D.; MACLEAN, R. C.; HILLESAND, K. L.; VELICER, G. J. Comparative analysis of *Myxococcus* predation on soil bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 76, n. 20, p. 6920–6927, 2010. 10.1128/AEM.00414-10.

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (NCBI). Taxonomy Browser: Myxococcota. Bethesda, MD: NCBI, 2026. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=246196>. Acesso em: 25 fev. 2026.

NATH, B.; SINGH, R. P.; KUMAR, A.; DAS, D. K.; MAHATO, D. K.; GUPTA, D. K. Research and technologies to reduce grain postharvest losses: a review. *Foods*, v. 13, n. 12, p. 1875, 2024. <https://doi.org/10.3390/foods13121875>.

NGUYEN, Y. T. N.; DUONG, C. D.; NGUYEN, H. T. K.; NGUYEN, C. P.; VO, N. T.; DINH, L. T. L.; NGUYEN, N. L. B.; NGUYEN, T. M.; NGUYEN, N. D.; NGUYEN, A. T. Myxobacteria from Vietnam: isolation, phylogenetic analysis and bioprospection. *bioRxiv*, p. 2022.04.27.489816, 2022. <https://doi.org/10.1101/2022.04.27.489816>

NOUIOUI, I.; DERR, E.; ZIMMERMANN, A.; JANDO, M.; PÖTTER, G.; KIRSTEIN, S.; NEUMANN-SCHAAL, M.; SPRÖER, C.; BUNK, B.; MAST, Y. Polyphasic taxonomic description of *Streptomyces okerensis* sp. nov. and *Streptomyces stoeckheimensis* sp. nov. and their biotechnological potential. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 75, n. 3, 2025. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006716>.

OLIVEIRA, A. C. F. M.; VIEIRA, B. D.; DE FELÍCIO, R.; DA SILVA E SILVA, L.; VERAS, A. A. O.; DAS GRAÇAS, D. A.; SILVA, A.; BARAÚNA, R. A.; TRIVELLA, D. B. B.; SCHNEIDER, M. P. C. A metabologenomics approach reveals the unexplored biosynthetic potential of bacteria isolated from an Amazon Conservation Unit. *Microbiology Spectrum*, v. 13, n. 1, p. e00996-24, 2024. <https://doi.org/10.1128/spectrum.00996-24>.

OREN, A.; GARRITY, G. M. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, Reading, v. 71, n. 10, p. 1–7, 2021. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005056>.

OZTEKIN, S.; DIKMETAS, D. N.; DEVECIOGLU, D.; ACAR, E. G.; KARBANCIOGLU-GULER, F. Recent insights into the use of antagonistic yeasts for sustainable biomanagement of postharvest pathogenic and mycotoxigenic fungi in fruits with their prevention strategies against mycotoxins. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, v. 71, n. 26, p. 9923–9950, 2023. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c00315>.

PEREIRA, J. O.; SOUZA, A. Q. L.; SOUZA, A. D. L.; FRANÇA, S. C.; OLIVEIRA, L. A. Overview on biodiversity, chemistry, and biotechnological potential of microorganisms from

the Brazilian Amazon. In: VIEIRA, R. P.; SAGGIN, J. L. (org.). *Diversity and benefits of microorganisms from the tropics*. p. 71–103, 2017. https://doi.org/10.1007/978-3-319-55804-2_5.

PETERSON, J. E. The myxobacteria: their isolation, cultivation and maintenance. In: NORRIS, J. R.; RIBBONS, D. W. (Ed.). *Methods in Microbiology*. London: Academic Press, 1969. v. 3B, p. 185–210.

PIKOVSKAYA, R. I. Mobilization of phosphorus in soil in connection with the vital activity of some microbial species. *Microbiologiya*, v. 17, p. 362–370, 1948.

RACHEDI, M.; DJELLOULI, A. Etablissement d'une méthodologie d'étude des Myxobactéries. 2021. Dissertação (Mestrado em Biologia – Microbiologia Aplicada) – Université Dr. Moulay Tahar, Saïda, 2021.

REUVENI, M.; ARROYO, C. J.; OVADIA, S. An effective hybrid fungicide containing tea tree oil and difenoconazole for grape powdery mildew management. *Agriculture*, v. 13, n. 5, p. 979, 2023. <https://doi.org/10.3390/agriculture13050979>.

RITCHIE, L. J.; CURTIS, E. R.; MURPHY, K. A.; WELCH, R. D. Profiling *Myxococcus xanthus* swarming phenotypes through mutation and environmental variation. *Journal of Bacteriology*, v. 203, n. 23, e00306-21, 2021. [10.1128/jb.00306-21](https://doi.org/10.1128/jb.00306-21).

ROSENBERG, E.; DE LONG, E. F.; LOY, S.; STACKEBRANDT, E.; THOMPSON, F. The Prokaryotes: Deltaproteobacteria and Epsilonproteobacteria. Berlin: *Springer-Verlag Berlin Heidelberg*, 2014. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-39044-9>

RUSSO, A.; POLLASTRI, S.; RUOCCO, M.; MONTI, M. M.; LORETO, F. Volatile organic compounds in the interaction between plants and beneficial microorganisms. *Journal of Plant Interactions*, v. 17, n. 1, p. 840–852, 2022. [10.1080/17429145.2022.2107243](https://doi.org/10.1080/17429145.2022.2107243).

SAGGU, S. K.; NATH, A.; KUMAR, S. Myxobacteria: biology and bioactive secondary metabolites. *Research in Microbiology*, v. 174, n. 7, p. 104079, 2023. [10.1016/j.resmic.2023.104079](https://doi.org/10.1016/j.resmic.2023.104079).

SAHA, A. K.; NAHER, N.; HAQUE, M. E.; HARUN-OR-RASHID, M.; MUZAHID-E-RAHMAN, M. Isolation of pathogenic *Streptomyces* spp. and determination of variability among the strains collected from potato. *Journal of Bioscience and Agriculture Research*, v. 29, n. 2, p. 2472–2483, 2022. <https://doi.org/10.18801/jbar.290222.299>.

SEO, H.; KIM, J. H.; LEE, S. M.; LEE, S. W. The plant-associated *Flavobacterium*: a hidden helper for improving plant health. *The Plant Pathology Journal*, v. 40, n. 3, p. 251–260, 2024. <https://doi.org/10.5423/PPJ.RW.01.2024.0019>.

SINGH, B. N. Myxobacteria in soils and composts: their distribution, number and lytic action on bacteria. *Journal of General Microbiology*, v. 1, n. 1, p. 1–10, 1947. [10.1099/00221287-1-1-1](https://doi.org/10.1099/00221287-1-1-1).

STANIER, R. Y. The *Cytophaga* group: a contribution to the biology of myxobacteria. *Bacteriological Reviews*, Washington, v. 6, n. 3, p. 143–196, 1942. <https://journals.asm.org/doi/10.1128/br.6.3.143-196.1942>.

SUKIASYAN, A.; STEPANYAN, L.; SULTAN, M.; HAMBARDZUMYAN, A.; KHACHATRYAN, H.; BARSEGHYAN, J.; CHAILYAN, S.; MADROYAN, R. Identification of pathogen microorganisms via morphological, cultural and biochemical properties. *Journal of Biomedical and Life Sciences*, v. 16, n. 3, 2024. 10.35248/0974-8369.23.16.664.

THAXTER, R. On the Myxobacteriaceae: a new order of schizomycetes. *Proceedings of the American Academy of Arts and Sciences*, v. 27, p. 61–128, 1892.

TRAN, M. T.; WIBOWO, D.; REHM, B. H. A. *Pseudomonas aeruginosa* biofilms. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 21, n. 22, p. 8671, 2020. <https://doi.org/10.3390/ijms21228671>.

TREUNER-LANGE, A.; BRUCKSKOTTEN, M.; RUPP, O.; GOESMANN, A.; SØGAARD-ANDERSEN, L. Draft genome sequence of the fruiting myxobacterium *Nannocystis exedens* DSM 71. *Genome Announcements*, v. 5, n. 43, 2017. 10.1128/genomea.01227-17.

VENTURINI, A. M.; GONTIJO, J. B.; MANDRO, J. A.; PAULA, F. S.; YOSHIURA, C. A.; FRANÇA, A. G.; TSAI, S. M. Genome-resolved metagenomics reveals novel archaeal and bacterial genomes from Amazonian forest and pasture soils. *Microbial Genomics*, v. 8, n. 7, p. 000853, 2022. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000853>.

VINCENT, M. S.; COMAS HERVADA, C.; SEBBAN-KREUZER, C.; LE GUENNO, H.; CHABALIER, M.; KOSTA, A.; GUERLESQUIN, F.; MIGNOT, T.; MCBRIDE, M. J.; CASCALES, E.; DOAN, T. Dynamic proton-dependent motors power type IX secretion and gliding motility in *Flavobacterium*. *PLoS Biology*, v. 20, n. 3, p. e3001443, 2022. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3001443>.

VINHA, A. P. C.; CARRARA, B. H.; SOUZA, E. F. S.; SANTOS, J. A. F.; ARANTES, S. A. C. M. Adsorção de fósforo em solos de regiões tropicais. *Nativa*, v. 9, n. 1, p. 30–35, 2021. 10.31413/nativa.v9i1.10973.

WAITE, D. W.; CHUVOCHINA, M.; PELIKAN, C.; PARKS, D. H.; YILMAZ, P.; WAGNER, M.; LOY, A.; NAGANUMA, T.; NAKAI, R.; WHITMAN, W. B.; HAHN, M. W.; KUEVER, J.; HUGENHOLTZ, P. Proposal to reclassify the proteobacterial classes Deltaproteobacteria and Oligoflexia, and the phylum Thermodesulfobacteria into four phyla reflecting major functional capabilities. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 70, n. 11, p. 5972–6016, 2020. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004213>.

WANG, C.; XIAO, Y.; WANG, Y.; LIU, Y.; YAO, Q.; ZHU, H. Comparative genomics and transcriptomics insight into myxobacterial metabolism potentials and multiple predatory strategies. *Frontiers in Microbiology*, v. 14, p. 1146523, 2023. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1146523>.

WANG, D.; WU, F.; DONG, Y.; YAO, S.; SHEN, J.; XIE, T.; JI, Y.; QIN, C.; YE, X.; CUI, Z. Biocontrol effects of volatile organic compounds released from *Burkholderia* sp. NAU16 against *Penicillium digitatum* ACCC 30389 and its application in postharvest preservation of citrus. *Food Microbiology*, v. 132, p. 104825, 2025. 10.1016/j.fm.2025.104825.

WANG, H.; ELYAMINE, A. M.; LIU, M.; SHI, H.; WANG, R.; ZHANG, H.; QI, J.; LI, W. Bacterial abundance and co-acclimation in mangrove rhizosphere and non-rhizosphere soils under pyrene stress. *Frontiers in Microbiology*, v. 16, p. 1661315, 2025. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1661315>.

WANG, S.; GONG, Y.; CHEN, G.-J.; DU, Z.-J. The predatory properties of Bradymonabacteria, the representative of facultative prey-dependent predators. *Microorganisms*, v. 12, n. 10, p. 2008, 2024. [10.3390/microorganisms12102008](https://doi.org/10.3390/microorganisms12102008).

WANG, X.; DU, Z.; CHEN, C.; GUO, S.; MAO, Q.; WU, W.; WU, R.; HAN, W.; XIE, P.; ZENG, Y.; SHAN, W.; WANG, Z.; YU, X. Antifungal effects and biocontrol potential of lipopeptide-producing *Streptomyces* against banana Fusarium wilt fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. *Frontiers in Microbiology*, v. 14, p. 1177393, 2023. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1177393>.

WEAVER, A. A.; JIA, J.; CUTRI, A. R.; MADUKOMA, C. S.; VAEREWYCK, C. M.; BOHN, P. W.; SHROUT, J. D. Alkyl quinolones mediate heterogeneous colony biofilm architecture that improves community-level survival. *Journal of Bacteriology*, v. 206, n. 4, p. e00095-24, 2024. <https://doi.org/10.1128/jb.00095-24>.

WEON, H.-Y.; ANANDHAM, R.; KIM, B.-Y.; HONG, S.-B.; JEON, Y.-A.; KWON, S.-W. *Dyella soli* sp. nov. and *Dyella terrae* sp. nov., isolated from soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 59, n. 7, p. 1685–1690, 2009. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.004838-0>.

XUE, H.; LOZANO-DURÁN, R.; MACHO, A. P. Insights into the root invasion by the plant pathogenic bacterium *Ralstonia solanacearum*. *Plants*, v. 9, n. 4, p. 516, 2020. <https://doi.org/10.3390/plants9040516>.

YANG, R.; DU, X.; KHOJASTEH, M.; SHAH, S., M., A.; PENG, Y.; ZHU, Z.; XU, Z.; CHEN, G. Green guardians: the biocontrol potential of *Pseudomonas*-derived metabolites for sustainable agriculture. *Biological Control*, v. 201, p. 105699, 2025. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2025.105699>.

YE, X.; CHEN, Y.; MA, S.; YUAN, T.; WU, Y.; LI, Y.; ZHAO, Y.; CHEN, S.; ZHANG, Y.; LI, L.; LI, Z.; HUANG, Y.; CAO, H.; CUI, Z. Biocidal effects of volatile organic compounds produced by the myxobacterium *Coralloccoccus* sp. EGB against fungal phytopathogens. *Food Microbiology*, v. 91, p. 103502, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2020.103502>.

ZAKARIA, L. *Fusarium* species associated with diseases of major tropical fruit crops. *Horticulturae*, v. 9, n. 3, p. 322, 2023. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9030322>.

ZHANG, L.; WANG, H.; FANG, X.; STACKEBRANDT, E.; DING, Y. Improved methods of isolation and purification of myxobacteria and development of fruiting body formation of two strains. *Journal of Microbiological Methods*, v. 54, n. 1, p. 21–27, 2003. [https://doi.org/10.1016/s0167-7012\(02\)00257-9](https://doi.org/10.1016/s0167-7012(02)00257-9).

ZHONG, Jie; BAI, Xin Yi; ZHANG, Zhuo; LI, Xiao Gang; ZHU, Jun Zi. Biocontrol potential of *Streptomyces lactacystinicus* producing volatile organic compounds against postharvest

anthracnose of chili pepper. *Postharvest Biology and Technology*, v. 230, p. 113758, 2025.
<https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2025.113758>.

8 APÊNDICE

Tabela Suplementar 1 - Amostras de solo utilizadas para o isolamento bacteriano, incluindo código da amostra, área de coleta, fitofisionomia, data de coleta, estado, município e coletor responsável. As amostras foram provenientes da Reserva de Desenvolvimento Sustentável do Rio Negro (RDS Rio Negro), localizada no município de Novo Airão, estado do Amazonas, Brasil, e coletadas no mês de março de 2025. A fitofisionomia refere-se ao tipo de solo predominante no local de coleta (ripário solo perto de igarapés, mais úmido e com mais matéria orgânica, campinas, solo de areia e uniforme, solo firme). Os códigos das amostras correspondem à identificação atribuída pelo laboratório responsável pelo processamento e armazenamento do material.

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
1	RDS RN MD26 L02 2900	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.042736966°	W 60.74029701°
2	RDS RN MD26 L02 4350	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.036939036°	W 60.72833997°
3	RDS RN MD50 TN 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.929290002°	W 60.84943199°
4	RDS RN MD18 TN 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.927801041°	W 60.84069603°
5	RDS RN MD18 TN 1650	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.092280971°	W 60.66501°
6	RDS RN MD18 TN 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.090115003°	W 60.66198598°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
7	RDS RN MD18 TN 2650	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.086939016°	W 60.65718097°
8	RDS RN MD18 TN 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.926213006°	W 60.83188397°
9	RDS RN MD18 TN 3500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.924547018°	W 60.82302002°
10	RDS RN MD18 TN 3950	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.080222011°	W 60.64734497°
11	RDS RN MD18 TN 4500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.077494036°	W 60.64309602°
12	RDS RN MD18 TS 0300	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.105898965°	W 60.67006798°
13	RDS RN MD18 TS 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.104953989°	W 60.668332°
14	RDS RN MD18 TS 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.100102041°	W 60.66075803°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
15	RDS RN MD18 TS 1550	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.099919986°	W 60.66059601°
16	RDS RN MD18 TS 2100	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.097071983°	W 60.656381°
17	RDS RN MD18 TS 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.095175996°	W 60.65324499°
18	RDS RN MD18 TS 3450	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.090262022°	W 60.64617201°
19	RDS RN MD18 TS 4500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.085315023°	W 60.63817299°
20	RDS RN MD26 CAMP B	Campina	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.052414041°	W 60.75374099°
21	RDS RN MD50 TN 0150	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.929871036°	W 60.852368°
22	RDS RN MD50 TN 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.929290002°	W 60.84943199°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
23	RDS RN MD50 TN 0700	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.929018009°	W 60.84758°
24	RDS RN MD50 TN 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.927801041°	W 60.84069603°
25	RDS RN MD50 TN 1550	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.099919986°	W 60.66059601°
26	RDS RN MD50 TN 1750	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.927490994°	W 60.83833996°
27	RDS RN MD50 TN 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.926213006°	W 60.83188397°
28	RDS RN MD50 TN 2650	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.925863983°	W 60.83025°
29	RDS RN MD50 TN 3500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.924547018°	W 60.82302002°
30	RDS RN MD50 TN 4500	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.923098961°	W 60.81420897°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
31	RDS RN MD50 TN 4600	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.922842978°	W 60.81342802°
32	RDS RN MD50 TN 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.926213006°	W 60.83188397°
33	RDS RN MD50 TO 0500	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.934416961°	W 60.85331499°
34	RDS RN MD50 TS 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.93825604°	W 60.84791101°
35	RDS RN MD50 TS 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.936679991°	W 60.83903097°
36	RDS RN MD50 TS 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.934990032°	W 60.830164°
37	RDS RN MD50 TS 3500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.933568964°	W 60.82125496°
38	RDS RN MD50 TS 4500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.931860983°	W 60.81243804°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
39	RDS RN MD26 CAMP A	Campina	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.057593973°	W 60.76226698°
40	RDS RN MD26 CAMP C	Campina	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.047026992°	W 60.72804803°
41	RDS RN MD26 CAMP D	Campina	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.060317002°	W 60.75386002°
42	RDS RN MD26 L01 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.050546972°	W 60.73548001°
43	RDS RN MD26 L01 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.060540967°	W 60.75623101°
44	RDS RN MD26 L01 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.056486975°	W 60.74789202°
45	RDS RN MD26 L01 3050	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.052629959°	W 60.739649°
46	RDS RN MD26 L01 3500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.050546972°	W 60.73548001°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
47	RDS RN MD26 L01 4500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.048726004°	W 60.73159098°
48	RDS RN MD26 L02 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.044744013°	W 60.72353899°
49	RDS RN MD26 L02 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.048114963°	W 60.75195104°
50	RDS RN MD26 L02 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.044342017°	W 60.74343°
51	RDS RN MD26 L02 3500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.040751042°	W 60.735421°
52	RDS RN MD26 L02 4500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.036591019°	W 60.72709199°
53	RDS RN MD26 L01 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.060540967°	W 60.75623101°
54	RDS RN MD26 L01 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.056486975°	W 60.74789202°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
55	RDS RN MD26 L01 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.052629959°	W 60.739649°
56	RDS RN MD26 L01 3500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.048726004°	W 60.73159098°
57	RDS RN MD26 L01 4500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.044744013°	W 60.72353899°
58	RDS RN MD26 NS1 050	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.03839799°	W 60.72173696°
59	RDS RN MD26 NS2 0550	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.061758019°	W 60.760257°
60	RDS RN MD18 TS 0500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.93825604°	W 60.84791101°
61	RDS RN MD18 TS 1500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.936679991°	W 60.83903097°
62	RDS RN MD18 TS 2500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.934990032°	W 60.830164°

Tabela Suplementar 1 - Continuação

Número da amostra	Código	Fitofisionomia	Data de coleta	Estado	Município	Latitude	Longitude
63	RDS RN MD18 TS 3500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.933568964°	W 60.82125496°
64	RDS RN MD18 TS 4500	Uniforme	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 2.931860983°	W 60.81243804°
65	RDS RN MD26 TV RIP0	Ripária	março/2025	Amazonas	Novo Airão	S 3.056902969°	W 60.75253903°

Fonte: Elaborado pelo próprio autor

Tabela Suplementar 2 - Caracterização morfológica dos isolados bacterianos investigados neste estudo. Os códigos dos isolados seguem a seguinte nomenclatura: UFV indica Universidade Federal de Viçosa; AM refere-se a isolados de potenciais mixobactérias provenientes de amostras da Amazônia; B corresponde a isolados bacterianos Gram-negativos, com motilidade positiva, não mixobacterianos; PM, a isolados classificados como potenciais mixobactérias; e M, a isolados confirmados como mixobactérias. As siglas EC e PF indicam, respectivamente, isolados obtidos pelos métodos de isca com esterco de coelho e isca com papel de filtro. A numeração (por exemplo, 1.1) corresponde ao ponto de coleta seguido do número sequencial do isolado obtido naquele ponto. A tabela apresenta a avaliação da presença de pigmentos intracelulares e extracelulares, fluorescência iridescente, cor e transparência das colônias, formação de corpos de frutificação, capacidade de formar halo em meio VY/2 e a referência de origem dos isolados. Os isolados da coleção de Medrado (2025) foram obtidos a partir de amostras coletadas na área de produção da empresa Sítio Barreiras Fruticultura LTDA., localizada no município de Missão Velha, Ceará, Brasil. Onde consta “-” foram os isolados que não foram testados quanto a essa característica.

Código	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular	Fluorescência	Iridescente	Cor da colônia	Transparência	Corpo de frutificação	Halo em VY/2	Referência
UFV AM-EC 1.1	Presente	Ausente	Presente	Não	Laranja salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 10.1	Presente	Ausente	-	Não	Creme	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 11.1	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-EC 36.1	Presente	Presente	-	Sim	Laranja avermelhado	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 5.1.1	Presente	Ausente	Presente	Não	Creme amarelado	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 5.1.2	Presente	Ausente	Presente	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 5.2	Presente	Ausente	-	Não	Laranja salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 6.1	Presente	Ausente	Presente	Não	Laranja salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 6.4	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelado a laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 7.1.1	Presente	Ausente	Presente	Não	Rosado	Opaca	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-EC 7.1.2	Presente	Ausente	-	Sim	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 11.2.1	Presente	Presente	-	Não	Amarelo intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 11.2.2	Presente	Presente	-	Não	Amarelo intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 23.1	Presente	Presente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho

Tabela Suplementar 2 - Continuação

Código	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular	Fluorescência	Iridescente	Cor da colônia	Transparência	Corpo de frutificação	Halo em VY/2	Referência
UFV AM-PF 23.2	Presente	Presente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 23.3	Presente	Ausente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 25.1	Presente	Presente	-	Não	Laranja avermelhado	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 25.2.1	Presente	Ausente	-	Sim	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 25.2.2	Presente	Ausente	-	Sim	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 25.2.3	Presente	Ausente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 25.3.1	Presente	Presente	-	Não	Laranja avermelhado	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 25.3.2	Presente	Ausente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 25.4	Presente	Presente	-	Sim	Laranja avermelhado	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 26.1	Presente	Ausente	-	Não	Laranja salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 29.1	Presente	Ausente	-	Não	Laranja avermelhado	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 42.1	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Opaca	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 42.2	Presente	Presente	-	Sim	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 42.3	Presente	Ausente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 44.1	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 44.2	Presente	Ausente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 44.3	Presente	Ausente	-	Sim	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 44.4	Presente	Ausente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 44.5.1	Presente	Ausente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 45.5.2	Presente	Presente	-	Sim	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho

Tabela Suplementar 2 - Continuação

Código	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular	Fluorescência	Iridescente	Cor da colônia	Transparência	Corpo de frutificação	Halo em VY/2	Referência
UFV AM-PF 48.2	Presente	Ausente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 48.3	Presente	Ausente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.1	Presente	Presente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.2	Presente	Ausente	-	Sim	Creme	Opaca	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.2.2	Presente	sim	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.2.3	Presente	Presente	-	Sim	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.3	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Opaca	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.4	Presente	Presente	-	Não	Salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.5	Presente	Presente	-	Sim	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.6	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 49.6.2	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 51.1	Presente	Ausente	-	Não	Rosa claro	Opaca	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 51.2	Presente	Ausente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 55.1	Presente	Presente	-	Sim	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 55.1.2	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 55.2	Presente	Ausente	-	Não	Salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 55.3	Presente	Ausente	-	Não	Salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 55.4	Presente	Ausente	-	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho

Tabela Suplementar 2 - Continuação

Código	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular	Fluorescência	Iridescente	Cor da colônia	Transparência	Corpo de frutificação	Halo em VY/2	Referência
UFV AM-PF 55.5	Presente	Ausente	-	Não	Laranja avermelhado	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 57.1	Presente	Ausente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 57.2	Presente	Presente	-	Não	Laranja intenso	Opaca	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 57.2.2	Presente	Ausente	-	Não	Salmão	Translúcida	Presente	Negativo	Este trabalho
UFV AM-PF 57.3	Presente	Ausente	-	Não	Salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 57.4.1	Presente	Presente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 57.4.2	Presente	Presente	-	Não	Laranja intenso	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 58.1	Presente	Ausente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 59.1	Presente	Presente	-	Não	Laranja	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 59.2	Presente	Ausente	-	Sim	Laranja salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 6.1	Presente	Ausente	-	Não	Laranja salmão	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 60.1.1	Presente	Presente	-	Não	Bordas laranja, centro salmão	Opaca	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 60.1.2	Presente	Presente	-	Não	Creme	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 60.2	Presente	Ausente	-	Não	Creme	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV AM-PF 60.3	Presente	Ausente	-	Não	Creme	Translúcida	Presente	Positivo	Este trabalho
UFV B-EC 5.3	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-EC 6.3	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-EC 6.3.2	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho

Tabela Supl ementar 2 - Continuação

Código	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular	Fluorescência	Iridescente	Cor da colônia	Transparência	Corpo de frutificação	Halo em VY/2	Referência
UFV B-EC 8.1	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-EC 15.1	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-EC 20.1	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-EC 20.2	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 5.3	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 6.2	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 6.4	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 8.1	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 11.2.2	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 15.2	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 15.3	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV B-PF 20.1	Ausente	Ausente	-	Não	Branca	Opaca	Ausente	Negativo	Este trabalho
UFV-PM12	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM13	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM62	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Ausente	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM63	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM66	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Ausente	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM68	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM71	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Branco	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)

Tabela Suplementar 2 - Continuação

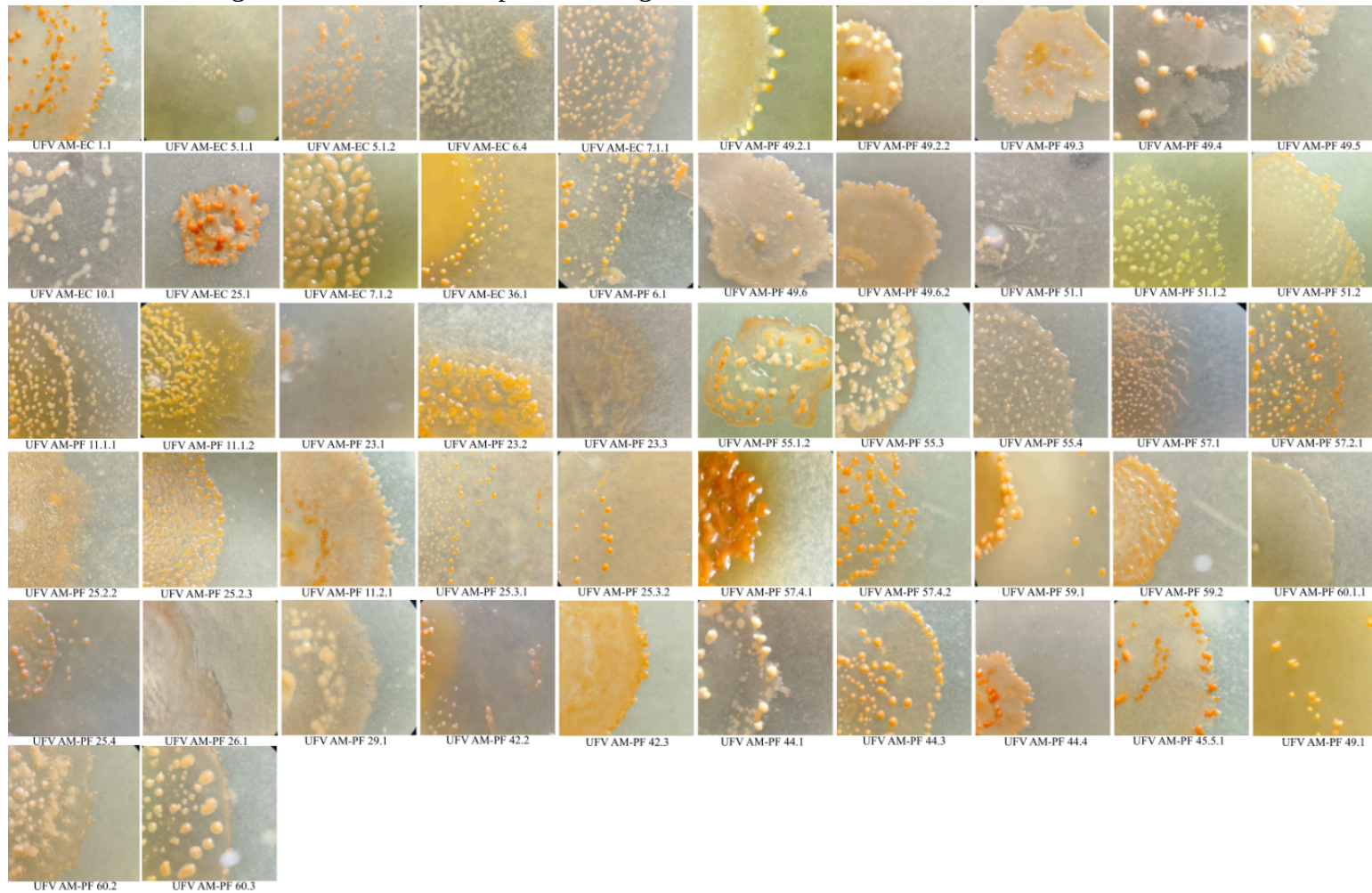
Código	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular	Fluorescência	Iridescente	Cor da colônia	Transparência	Corpo de frutificação	Halo em VY/2	Referência
UFV-PM72	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM76	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM80	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM81	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Branco	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM82	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM84	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM85	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM91	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Ausente	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM96	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Ausente	Translúcida	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM98	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM99	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM103	Ausente	Ausente	Ausente	Não	Branco	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM109	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM111	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM114	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM115	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM116	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM117	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-PM118	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)

Tabela Suplementar 2 - Continuação

Código	Pigmento intracelular	Pigmento extracelular	Fluorescência	Iridescente	Cor da colônia	Transparência	Corpo de frutificação	Halo em VY/2	Referência
UFV-PM120	Presente	Ausente	Ausente	Não	Creme	Opaca	Ausente	Negativo	Medrado (2025)
UFV-M001	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Medrado (2025)
UFV-M083	Presente	Presente	Ausente	Não	Salmão	Opaca	Presente	Positivo	Medrado (2025)
UFV-M121	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Medrado (2025)
UFV-M122	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Ausente	Positivo	Medrado (2025)
UFV-M123	Presente	Ausente	Ausente	Não	Amarelo	Translúcida	Presente	Positivo	Medrado (2025)

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura Suplementar 1 - Macromorfologia das colônias de potenciais mixobactérias isoladas em meio sólido VY/2. As imagens apresentam a diversidade morfológica observada entre os isolados, incluindo variações na forma, borda, produção de estruturas/frutificações e pigmentos. Abaixo de cada imagem está indicado o respectivo código.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura Suplementar 2 - Macromorfologia das colônias de potenciais actinobactérias isoladas sobre ágar ISP2. As imagens apresentam a diversidade morfológica observada entre os isolados, incluindo variações na forma, borda, produção de estruturas e pigmentos. Abaixo de cada imagem está indicado o respectivo código do isolado.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.