ANÁLISE CIENCIOMÉTRICA DOS ASPECTOS MOLECULARES ASSOCIADOS AO TEOR E À QUALIDADE DE ÓLEO EM GERGELIM

Rebeca Almeida Gonçalves[1], Luziane Brandão Alves[1], Ariana Silva Santos[2], Roberto Henrique de Lima Ribeiro[1], Edilson Marques Júnior[3], Lucimara Cruz de Souza[1].

[1]Universidade Federal de Lavras/Departamento de Biologia, Trevo Rotatório Professor Edmir Sá Santos, s/n - 37203-202 – Lavras – MG, Brasil, rebecaalmeidarag@hotmail.com, luzianebalves@gmail.com, roberto.ribeiro3@estudante.ufla.br, lucimaracruz@ufla.br.
[2]Universidade Federal do Vale do São Francisco, Rua Tomaz Guimarães, s/n – Bairro Santos Dumont - 48970-000 - Senhor do Bonfim - BA, Brasil, ariana.ssantos@univasf.edu.br.
[3]Sebra Agrícola S.A., Departamento de Pesquisa e Desenvolvimento, Lote Canarana I, Chácara G08, 78640-000 – Canarana – MT, edilsonj@sebra.ag.

Resumo
O gergelim (*Sesamum indicum* L.) é uma oleaginosa de elevado valor nutricional, econômico, e o teor e a qualidade do óleo constituem características de interesse no melhoramento genético. Avanços em genômica e biologia molecular tem possibilitado a compreensão de mecanismos envolvidos na biossíntese de óleo na cultura. Considerando as mudanças no campo cientifico internacional durante a pandemia da Covid-19, o ano de 2020 foi utilizado como marco temporal nesse estudo e dessa forma, o objetivo desse trabalho foi caracterizar as produções cientificas sobre teor e qualidade de óleo em gergelim nos cinco anos anteriores e posteriores a 2020, compreendendo o período de 2015 a 2025. Foi realizada uma revisão cienciométrica em três bancos de dados, a partir de um conjunto de palavras-chaves estabelecidas e critérios de elegibilidade definidos. Foram selecionados 28 trabalhos com ênfase na caracterização molecular. A maioria dos estudos foram provenientes do continente asiático e Africano e tinham como ênfase a variação genética e identificação de loci/genes associados ao teor e à composição do óleo, o que contribui para o avanço nos estudos da cultura.
Palavras-chave: *Sesamum indicum*. Biossíntese de lipídios. Melhoramento genético.

Área do Conhecimento: Ciências Biológicas.

Introdução

O gergelim (*Sesamum indicum* L.) é uma cultura pertencente à família das Pedaliaceae e ao gênero *Sesamum*. O seu cultivo ocorre em diferentes regiões tropicais e subtropicais do mundo e dentre os caracteres de maior interesse econômico para os programas de melhoramento destaca-se o teor de óleo das sementes. O gergelim apresenta teor lipídico das sementes, frequentemente superior a 50%, e pela presença de compostos antioxidantes naturais, como sesamina e sesamolina, que contribuem para a estabilidade oxidativa e para a qualidade do óleo (Ma *et al*., 2022).

Nos últimos anos, avanços significativos no sequenciamento genômico e no desenvolvimento de ferramentas de biologia molecular e bioinformática têm contribuído para ampliar o conhecimento sobre a arquitetura genética do gergelim. Dessa forma, sua identificação e caracterização são fundamentais para compreender os mecanismos moleculares que determinam o teor e a qualidade do óleo em gergelim, além de fornecer subsídios para programas de melhoramento genético direcionados ao desenvolvimento de cultivares superiores (Zhang *et al.,* 2023; Kefale *et al.,* 2025).

De forma de reunir, avaliar e sintetizar as informações presentes sobre determinado campo de estudo, as revisões cienciométricas possibilita um mapeamento em larga escala por meio de uma avaliação quantitativa dos documentos publicados (Vaitsi et al., 2024). A abordagem realizada contribui na identificação de tendências e fornecem subsídios diante do tema em estudo.

O ano de 2020 foi utilizado como um marco temporal, considerando as mudanças observadas no cenário cientifico mundial durante a pandemia de COVID-19. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi caracterizar as produções cientificas sobre teor e qualidade de óleo em gergelim com enfoque nos aspectos moleculares considerando os cinco anos anteriores e posteriores a 2020 (2015 – 2025), como também o ano em si de 2020.

Metodologia

Foi realizada uma revisão cienciométrica, estruturada com base em procedimentos metodológicos voltados à identificação, seleção e análise de estudos científicos relacionados a biossíntese de óleo em gergelim a partir de uma abordagem molecular. A análise cienciométrica foi elaborada conforme as recomendações do *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses* (PRISMA), enquanto sua condução metodológica foi orientada pelo protocolo previamente estabelecido. A busca dos estudos foi realizada nas bases de dados *PubMed*, *Scopus* e *Web of Science* entre 2015 e 2025. As buscas foram realizadas por meio da combinação de descritores relacionados à espécie vegetal. A *string* de busca principal utilizada foi: ("*Sesamum indicum* L." OR "*Sesamum indicum*" OR Sesamum OR sesame) AND ("oil content" OR oil OR oils OR lipid OR "fatty acid" OR fatty) AND (gene OR "gene expression" OR geno OR expression OR breeding OR "genetic improvement" OR improvement). Os registros recuperados foram exportados para o *software* START (*State of the Art through Systematic Review),* utilizado para o gerenciamento das etapas de seleção e organização dos estudos.

Inicialmente, foram removidos os registros duplicados e os artigos que permaneceram foram classificados automaticamente pelo *software* com base em um *score* de relevância gerado a partir da ocorrência das palavras-chave definidas no protocolo. Posteriormente, foram selecionados artigos pertencentes a diferentes faixas de pontuação para avaliação do título, resumo e palavras-chave, buscando verificar a relação entre o score atribuído pelo software e a pertinência dos estudos ao tema da revisão. A partir dessa análise, estabeleceu-se o score mínimo de 15 pontos como critério para seleção dos estudos nas etapas subsequentes, por representar a menor faixa de pontuação em que foram identificados artigos compatíveis com os objetivos da pesquisa. Foram incluídos apenas estudos primários, em língua inglesa e alinhados ao tema da pesquisa. Os dados obtidos foram organizados e sintetizados permitindo a caracterização dos estudos selecionados e a sistematização das evidências disponíveis sobre a biossíntese de óleo em gergelim a partir da avaliação de artigo, ano, autores, revista, distribuição geográfica, palavras-chaves, objetivos e instituição.

Resultados

Foram identificados 3.034 registros. Após a remoção de 1.369 registros duplicados, permaneceram 1.665 estudos para a etapa de triagem por título e resumo. Nessa fase, 1.629 registros foram excluídos por não atenderem aos critérios de elegibilidade previamente estabelecidos. Em seguida, 36 artigos foram selecionados para leitura e avaliação do texto completo, e 28 trabalhos foram considerados elegíveis e incluídos na análise.

Tabela 1: Relação dos estudos selecionados através da revisão cienciométrica

(Continua)

Artigo	Referência
Associations of the seed fatty acid composition of sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm with agronomic traits and fad2 variations	Kim *et al*., 2024
Genome-wide association study of oil content and fatty acid composition in sesame (*Sesamum indicum* L.) under diverse environmental conditions	Elsafy *et al.,* 2025
Decoding gene expression dynamics during seed development in sesame (*Sesamum indicum* L.) through RNA-Seq analysis	Bekele *et al*., 2025
The effect of gene polymorphism on the production and quality of oil in the sesame plant seed	Saad, ALassi e AL mouhammedi, 2020
Modification of sesame (*Sesamum indic*um L.) for Triacylglycerol accumulation in plant biomass for biofuel applications	Muthulakshmi, Sivaranjani e Selvi, 2021
Increase in alpha-linolenic acid content by simultaneous expression of fatty acid metabolism genes in Sesame (*Sesamum indicum* L.)	Chellamuthu, Kumaresan e Subramanian, 2022
Integration of miRNAs, degradome, and transcriptome omics uncovers a complex regulatory network and provides insights into lipid and fatty acid synthesis during sesame seed development	Zhang *et al*., 2021

Tabela 1: Relação dos estudos selecionados através da revisão cienciométrica

(Continua)

Longer duration of active oil biosynthesis during seed development is crucial for high oil yield—lessons from genome-wide in silico mining and RNA-seq validation in sesame	Nawade *et al*., 2022
Sesamum indicum Oleosin L improves oil packaging in *Nicotiana benthamiana* leaves	Yee *et al*., 2021
Effects of domestication bottleneck and selection on fatty acid desaturases in Indian sesame germplasm	Mondal *et al*., 2015
Enhancement of α-linolenic acid content in transgenic tobacco seeds by targeting a plastidial ω-3 fatty acid desaturase (fad7) gene of *Sesamum indicum* to ER	Bhunia *et al*., 2016
Genome wide identification of sesame DOF transcription factors and functional analysis of SiDof8, SiDof10 and SiDof34 in fatty acid synthesis	Zhang *et al.,* 2025
Metabolome genome-wide association study provides biochemical and genetic insights into natural variation of primary metabolites in sesame	Song *et al*., 2022
functional analysis of sesame diacylglycerol acyltransferase and phospholipid: diacylglycerol acyltransferase genes using *in silico* and *in vitro* approaches	Chellamuthu *et al*., 2019
Genome-wide association analysis and transcriptome reveal novel loci and a candidate regulatory gene of fatty acid biosynthesis in sesame (*Sesamum indicum* L.)	Zhou *et al*., 2022
Generation of sesame mutant population by mutagenesis and identification of high oleate mutants by gc analysis	Wang *et al*., 2023
Overexpressing *Sesamum indicum* L.'s DGAT1 increases the seed oil content of transgenic soybean	Wang *et al*., 2019
Integrated lipidomic and transcriptomic analyses reveal the mechanism of lipid biosynthesis and accumulation during seed development in sesame	Zhang *et al*., 2023
Genetic discovery for oil production and quality in sesame	Wei *et a*l., 2015
Genomic evolution and insights into agronomic trait innovations of Sesamum species	Miao *et al*., 2023
Genome-wide analysis of nsLTP gene family and identification of SiLTPs contributing to high oil accumulation in sesame (*Sesamum indicum* L.)	Song *et al*., 2021
Gene expression profiles that shape high and low oil content sesames	Wang *et al*., 2019
Transcriptomic analysis of high oil-yielding cultivated white sesame and low oil-yielding wild black sesame seeds reveal differentially expressed genes for oil and seed coat colour	Dutta, Harper, Gangopadhyay, 2022
Exploring selection signatures in the divergence and evolution of lipid droplet (LD) associated genes in major oilseed crops	Parakkunnel *et al*., 2024
Comparative transcriptomic analysis provides insights into the genetic networks regulating oil differential production in oil crops	Chen *et al*., 2024
Improved assembly and annotation of the sesame genome	Wang *et al*.,2022
Genome-wide association study (GWAS) identifies genetic loci and candidate genes for variation in protein and oil content in *Sesamum indicum* L.	Kefale et al., 2025
Genome-wide identification and expression analysis of the lipoxygenase gene family in sesame reveals regulatory networks in response to abiotic stress	Tussi, Patidar e Ampasala, 2025
Integration of miRNAs, degradome, and transcriptome omics uncovers a complex regulatory network and provides insights into lipid and fatty acid synthesis during sesame seed development	Zhang *et al*., 2021
Longer duration of active oil biosynthesis during seed development is crucial for high oil yield—lessons from genome-wide in silico mining and RNA-seq validation in sesame	Nawade *et al*., 2022
Sesamum indicum Oleosin L improves oil packaging in *Nicotiana benthamiana* leaves	Yee *et al*., 2021
Effects of domestication bottleneck and selection on fatty acid desaturases in Indian sesame germplasm	Mondal *et al*., 2015

Tabela 1: Relação dos estudos selecionados através da revisão cienciométrica

(Conclusão)

Enhancement of α-linolenic acid content in transgenic tobacco seeds by targeting a plastidial ω-3 fatty acid desaturase (fad7) gene of *Sesamum indicum* to ER	Bhunia *et al*., 2016
Genome wide identification of sesame DOF transcription factors and functional analysis of SiDof8, SiDof10 and SiDof34 in fatty acid synthesis	Zhang *et al*., 2025
Metabolome genome-wide association study provides biochemical and genetic insights into natural variation of primary metabolites in sesame	Song *et al*., 2022
functional analysis of sesame diacylglycerol acyltransferase and phospholipid: diacylglycerol acyltransferase genes using *in silico* and *in vitro* approaches	Chellamuthu *et al*., 2019
Genome-wide association analysis and transcriptome reveal novel loci and a candidate regulatory gene of fatty acid biosynthesis in sesame (*Sesamum indicum* L.)	Zhou *et al*., 2022
Generation of sesame mutant population by mutagenesis and identification of high oleate mutants by gc analysis	Wang *et al*., 2023
Overexpressing *Sesamum indicum* L.'s DGAT1 increases the seed oil content of transgenic soybean	Wang *et al*., 2019
Integrated lipidomic and transcriptomic analyses reveal the mechanism of lipid biosynthesis and accumulation during seed development in sesame	Zhang *et al*., 2023
Genetic discovery for oil production and quality in sesame	Wei *et al*., 2015
Genomic evolution and insights into agronomic trait innovations of Sesamum species	Miao *et al*., 2023
Genome-wide analysis of nsLTP gene family and identification of SiLTPs contributing to high oil accumulation in sesame (*Sesamum indicum* L.)	Song *et al*., 2021
Gene expression profiles that shape high and low oil content sesames	Wang *et al*., 2019
Transcriptomic analysis of high oil-yielding cultivated white sesame and low oil-yielding wild black sesame seeds reveal differentially expressed genes for oil and seed coat colour	Dutta, Harper, Gangopadhyay, 2022
Exploring selection signatures in the divergence and evolution of lipid droplet (LD) associated genes in major oilseed crops	Parakkunnel *et al*., 2024
Comparative transcriptomic analysis provides insights into the genetic networks regulating oil differential production in oil crops	Chen *et al*., 2024
Improved assembly and annotation of the sesame genome	Wang *et al*.,2022
Genome-wide association study (GWAS) identifies genetic loci and candidate genes for variation in protein and oil content in *Sesamum indicum* L.	Kefale *et al*., 2025
Genome-wide identification and expression analysis of the lipoxygenase gene family in sesame reveals regulatory networks in response to abiotic stress	Tussi, Patidar e Ampasala, 2025

Entre o período analisado, 21,43% dos estudos foram presentes no ano de 2023, 17,86% e 14,28% estiveram presentes nos anos de 2025 e 2021, respectivamente. Os demais estudos foram alocados nos demais anos analisados, com exceção dos anos 2017 e 2018 que não foram identificados estudos dentro da temática.

Os artigos selecionados foram publicados em 25 periódicos científicos distintos, demonstrando ampla dispersão das publicações entre diferentes veículos de divulgação científica. Os periódicos *Plants* e *Frontiers in Plant Science* se destacaram por apresentarem três e duas publicações cada, enquanto os demais periódicos contribuíram com apenas um estudo.

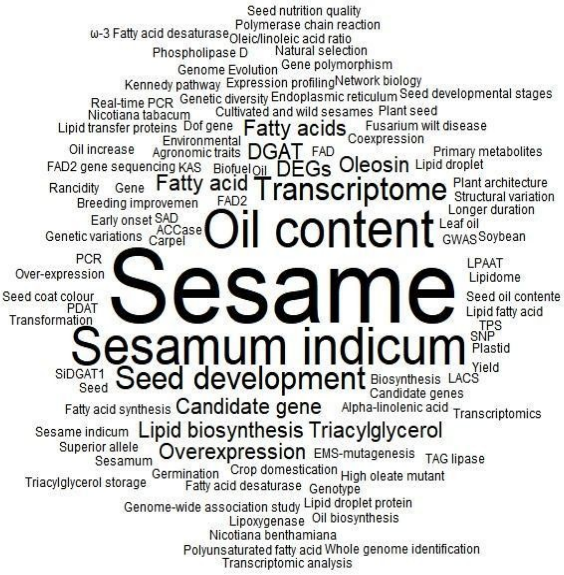
A análise da distribuição geográfica dos estudos, realizada com base no país de afiliação do autor correspondente, revelou concentração das pesquisas nos continentes da África e Ásia sobre a biossíntese de óleo em gergelim. A China apresentou a maior frequência de publicações entre os estudos incluídos, com treze artigos, seguida pela Índia, com nove. Em conjunto, os dois países corresponderam a 78,6% da amostra analisada. Demais países incluíram em menor quantidade, sendo eles, Coreia do Sul, Suécia, Etiópia, Iraque, Austrália e Estados Unidos.

Os autores com maior número de contribuições nos estudos analisados foram Linhai Wang e Xirong Zhang com 6 e 5 participações. Ambos atuam no Instituto de Pesquisa de Oleaginosas da Academia

Chinesa de Ciências Agrícolas na cidade de Wuhan, na China. E essa foi a instituição que também se destacou nos estudos.

Na investigação sobre os objetivos presentes nos estudos, eles foram predominantemente direcionados à investigação da variação genética e identificação de loci/genes associados ao teor e à composição do óleo, seguidos por estudos de expressão gênica, transcriptômica e regulação do metabolismo lipídico. A caracterização de genes e famílias gênicas relacionadas ao metabolismo lipídico e a validação funcional de genes candidatos também foram observados. Abordagens de genômica comparativa e evolução, estudos relacionados à resposta do metabolismo lipídico a estresses e à regulação do óleo e produtividade foram menos frequentes. Isso pode ser compreendido também nas palavras-chaves presentes nos estudos e a sua frequência, conforme observado na figura 1.

Figura 1 – Nuvem de palavras-chave dos artigos da revisão sistemática



Fonte: Do Autor, 2026.

A nuvem de palavras revelou que *Sesame*, *Sesamum indicum* e *Oil content* constituíram os termos de maior frequência entre as palavras-chave dos estudos incluídos.

Discussão

Os resultados demonstram que o avanço do conhecimento sobre a biossíntese de óleo em gergelim tem sido sustentado pela integração de abordagens transcriptômicas, genômicas, bioquímicas e funcionais. A complementaridade entre metodologias possibilita estruturar a relação com características de interesse para o melhoramento genético da cultura. A incorporação de abordagens multiômicas e de estratégias voltadas à integração de diferentes níveis de informação biológica tem contribuído para uma compreensão mais abrangente dos mecanismos genéticos associados a características complexas, incluindo aquelas relacionadas ao teor e à qualidade do óleo (Li *et al.*, 2023).

A dispersão sugere que o tema tem sido abordado em diferentes contextos de pesquisa, refletindo a natureza multifatorial da característica estudada e o interesse de diferentes áreas da ciência vegetal pelos mecanismos que regulam o acúmulo de óleo nas sementes (Li *et al*., 2023; Rauf *et al*., 2024). A Ásia concentra parcela expressiva da produção mundial da cultura e abriga importantes programas de pesquisa voltados ao melhoramento genético, genômica e biologia molecular de gergelim (Dossa *et al*., 2017; Teklu *et al*., 2022). A elevada participação da China observada nesta revisão coincide com a presença de diversos estudos genômicos desenvolvidos por instituições chinesas e com a disponibilização de importantes recursos genéticos para a espécie. (Wang *et al*., 2014; Wang *et al*., 2021). A literatura também descreve a Índia como uma das principais regiões de cultivo e conservação

de germoplasma de gergelim, apresentando ampla diversidade genética disponível para estudos de caracterização molecular e melhoramento genético (Dossa *et al.*, 2017; Teklu *et al.*, 2022).

Conclusão

O estudo oferece uma visão integrada dos mecanismos moleculares envolvidos na biossíntese e no acúmulo de óleo em gergelim. Os resultados obtidos fornecem subsídios para futuras pesquisas voltadas à validação funcional de estruturas gênicas, ao desenvolvimento de ferramentas aplicáveis ao melhoramento genético e ao aprofundamento do conhecimento sobre os fatores genéticos que influenciam o teor e a qualidade do óleo na espécie.

Referências

Dossa K, Diouf D, Wang L, Wei X, Zhang Y, Niang M, Fonceka D, Yu J, Mmadi MA, Yehouessi LW, Liao B, Zhang X and Cisse N. The emerging oilseed crop *Sesamum indicum* enters the "omics" era. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 8, art. 1154, 2017. Disponível em: https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01154

Kefale, H.; Zhou, R.; Berhe. M.; Abbas, A. A.; Ojiewo, C. O.; Li, H.; Zhou, T.; You, J.; Wang, L. Genome-wide association study (GWAS) identifies genetic loci and candidate genes for variation in protein and oil content in *Sesamum indicum* L. **Oil Crop Science**, v. 10, n. 4, p. 337-347, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.ocsci.2025.08.002.

Li, H.; Tahir ul Qamar, M.; Yang, L.; Liang, J.; You, J.; Wang, L. Current progress, applications and challenges of multi-omics approaches in sesame genetic improvement. **International Journal of Molecular Sciences**, Basel, v. 24, n. 4, art. 3105, 2023. Disponível em: https://doi.org/10.3390/ijms24043105

Rauf, S.; Basharat, T.; Gebeyehu, A.; Elsafy, M.; Rahmatov, M.; Ortiz, R.; Kaya, Y. Sesame, an underutilized oil seed crop: breeding achievements and future challenges. **Plants**, Basel, v. 13, n. 18, art. 2662, 2024. Disponível em: https://doi.org/10.3390/plants13182662

Ma, X.; Wang, Z.; Zheng, C.; Liu, C. A comprehensive review of bioactive compounds and processing technology of sesame seed. Oil Crop Science, v. 7, n. 2, p. 88-94, 2022. doi.org/10.1016/j.ocsci.2022.05.003

TEKLU, D. H.; SHIMELIS, H.; ABADY, S. Genetic improvement in sesame (*Sesamum indicum* L.): progress and outlook: a review. **Agronomy**, Basel, v. 12, n. 9, art. 2144, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.3390/agronomy12092144.

Vaitsi, G.A.; Bourganou, M.V.; Lianou, D.T.; Kiouvrekis, Y.; Michael, C.C.; Gougoulis, D.A.; Fthenakis, G.C. Scientometric Analysis: An Emerging Tool in Veterinary and Animal Scientific Research. Animals 2024, 14, 3132. doi.org/10.3390/ani14213132

Wang L, Yu J, Zhang Y, You J, Zhang X, Wang L. Sinbase 2.0: an updated database to study multi-omics in *Sesamum indicum*. **Plants**, Basel, v. 10, n. 2, art. 272, 2021. Disponível em: https://doi.org/10.3390/plants10020272.

Zhang, W. J.; Zhou, Y.; Zhang, Y.; Su, Y. H.; Xu, T. Protein phosphorylation: a molecular switch in plant signaling. **Cell Reports**, v. 42, n. 7, 2023. doi.org/10.1016/j.celrep.2023.112729.

Agradecimentos

A Universidade Federal de Lavras pelo suporte estrutural para o desenvolvimento do estudo, e a Sebra Agrícola, Capes e Fapeming pelo apoio financeiro na realização da pesquisa.