

Este trabalho teve como objetivo desenvolver ferramentas genéticas de precisão para aumentar a produtividade e a sustentabilidade do milho (*Zea mays*) por meio da otimização da interação planta–inoculante, através de duas abordagens: perfis de expressão gênica e edição gênica. No Capítulo I, identificamos e validamos uma plataforma molecular de “teste diagnóstico” baseada em perfis de expressão gênica, capaz de prever a responsividade de diferentes genótipos de milho a bioinoculantes. A partir de RNA seq em cana de açúcar e milho inoculados com bactérias diazotróficas, selecionamos genes envolvidos em assimilação de nutrientes, metabolismo de aminoácidos e fotossíntese. Em dois genótipos de milho tratados com *Azospirillum baldaniorum* Sp245 e com Biofree®, validamos esses marcadores por RT qPCR, correlacionando-os com parâmetros fenotípicos (altura, biomassa aérea e radicular, teor de clorofila) e com a eficiência de colonização bacteriana. O painel de expressão gênica demonstrou alta sensibilidade e especificidade na identificação de variedades com mais alto desempenho sob inoculação, e evoluiu para um protótipo de teste comercial, desenvolvido em parceria com a empresa HapiSeeds, para seleção precoce de cultivares responsivos a bioinoculantes. No Capítulo II, caracterizamos linhagens de milho editadas por CRISPR–Cas9 tendo como alvo o gene AIP10, caracterizado previamente em *Arabidopsis thaliana* pelo seu papel central na coordenação entre ciclo celular e metabolismo primário, com melhor associação com bioinoculantes. Linhagens knock out (*aip10-1*, *aip10-2* e *aip10-4*) exibiram aumento significativo no conteúdo de clorofila, na eficiência fotossintética, no sequestro de CO₂, na eficiência de uso da água e na biomassa foliar e radicular, além de maior deposição de lignina e celulose nas raízes. Análises metagenômicas de raiz mostraram que *aip10-1* desenvolve, mesmo sem inoculação, um microbioma mais diverso e rico em bactérias promotoras do crescimento vegetal (BPCV), assim como a rizosfera ao seu redor. Em conjunto, esse trabalho desenvolve tecnologias inovadoras, do diagnóstico molecular à edição genética, que permitem (i) selecionar precocemente genótipos de milho ideais para bioinoculação e (ii) potencializar geneticamente a resposta da planta a BPCVs, levando à formação de microbiomas benéficos para a planta e para a regeneração de solos ao seu redor. Essas ferramentas de genética de precisão poderão ser incorporadas em programas de melhoramento genético, acelerando a obtenção de sistemas agrícolas de alta produtividade, numa agricultura mais sustentável e regenerativa.