



## C A P Í T U L O 3

# Impacto do déficit hídrico nas características morfológicas de genótipos de milho-pipoca inoculados com *Bacillus cereus*

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.141112613013>

### **Monique de Souza Santos**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

### **Antônio Teixeira do Amaral Junior**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

### **Uéilton Alves de Oliveira**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

### **Samuel Henrique Kamphorst**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

### **Valter Jário de Lima**

Centro de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Estadual Vale do Acaraú – Brazil

### **Danielle Leal Lamêgo**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

### **Samuel Pereira da Silva**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

### **Jardel da Silva Figueiredo**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

**Flávia Nicácio Viana**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

**Talles de Oliveira Santos**

Laboratório de Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agrárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, RJ, Brasil

**RESUMO:** A seca ocasiona perdas na produtividade agrícola e o milho-pipoca é sensível à limitação hídrica. A associação com bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCV) pode promover uma melhor adaptação em ambientes com estresse hídrico. Diante disso, o objetivo da pesquisa foi analisar a resposta morfológica de genótipos de milho-pipoca em interação com a rizobactéria *Bacillus cereus*, sob condição de déficit hídrico. Duas linhagens (L61, sensível e L76, tolerante) e seu híbrido (WS01) foram avaliados em um delineamento de blocos completos casualizados em fatorial simples (considerando-se como fatores as fontes de variação genótipos e tipo de inoculação) com três repetições. Os substratos em tubos de PVC foram constituídos por 70% de basaplant e 30% de perlita. Em casa de vegetação, com a suspensão da irrigação 24 dias após a emergência das plantas, o potencial hídrico do solo foi baixando gradativamente conforme o consumo das plantas. Os tratamentos inoculados no plantio receberam 1 mL da suspensão de *Bacillus cereus* estirpe UENF LMS 71 com  $1,8 \times 10^9$  unidades formadoras de colônia (UFC) e os tratamentos não inoculados receberam 1 mL de meio sem bactérias. Os resultados mostraram que o efeito de genótipo foi significativo para todas as características morfológicas enquanto a inoculação teve efeito significativo em algumas características específicas de L61 e L76. Na massa seca das raízes, a inoculação resultou em aumentos em L76 e reduções em L61. O híbrido não apresentou diferenças significativas para nenhuma das características morfológicas avaliadas. A conclusão foi que a inoculação com *Bacillus cereus* tem potencial para promover o crescimento de milho-pipoca em estresse hídrico por seca, com variações dependentes do genótipo.

**PALAVRAS-CHAVE:** Déficit hídrico; rizobactérias; Zea mays L. var. everta

### Impact of water deficit on the morphological characteristics of popcorn genotypes inoculated with *Bacillus cereus*

**ABSTRACT:** Drought causes losses in agricultural productivity, and popcorn maize is sensitive to water limitation. Association with plant growth-promoting bacteria (PGPB) can enhance adaptation to water-stress environments. Therefore, the objective

of this study was to analyze the morphological response of popcorn maize genotypes in interaction with the rhizobacterium *Bacillus cereus* under water deficit conditions. Two inbred lines (L61, sensitive, and L76, tolerant) and their hybrid (WS01) were evaluated in a randomized complete block design with a simple factorial arrangement (genotypes and type of inoculation as factors), with three replications. The substrates in PVC tubes consisted of 70% Basaplant and 30% perlite. In a greenhouse, irrigation was suspended 24 days after plant emergence, and soil water potential gradually decreased according to plant water consumption. Treatments inoculated at planting received 1 mL of a suspension of *Bacillus cereus* strain UENF LMS 71 containing  $1.8 \times 10^9$  colony-forming units (CFU), while non-inoculated treatments received 1 mL of sterile medium without bacteria. The results showed that the genotype effect was significant for all morphological traits, whereas inoculation had a significant effect on specific traits of L61 and L76. For root dry mass, inoculation led to increases in L76 and reductions in L61. The hybrid did not show significant differences for any of the evaluated morphological traits. The conclusion was that inoculation with *Bacillus cereus* has the potential to promote popcorn maize growth under drought-induced water stress, with genotype-dependent responses.

**KEYWORDS:** Water deficit, rhizobacteria, *Zea mays* L. var. everta

## INTRODUÇÃO

Os efeitos das mudanças climáticas são uma preocupação mundial, pois impactam a segurança alimentar e a agricultura, bem como a capacidade de vida no planeta (OMM, 2022). Por alterar o ciclo da água, podem trazer prejuízos às áreas agrícolas, como secas e alagamentos, o que deve limitar a capacidade de produção de alimentos nestes locais (MALHI *et al.*, 2021). A ocorrência de secas nas áreas, tem sido responsável pela maioria das perdas na agricultura nas últimas décadas (LUNDUKA *et al.*, 2019) e têm se tornando cada vez mais frequentes (KUMAR *et al.*, 2020).

Quando a planta é submetida ao estresse hídrico ocorrem alterações no metabolismo, na fotossíntese e na nutrição (CAMPOS, SANTOS e NACARATH, 2021) que modificam sua capacidade produtiva (OLIVEIRA *et al.*, 2024). O potencial produtivo do milho-pipoca não tolerante à seca torna-se diminuído, pois a espécie *Zea mays* é altamente vulnerável a condições de deficiência hídrica (WALNE *et al.*, 2024), podendo ocorrer malformações das espigas e dos grãos, atingindo até o nível de incapacidade produtiva (SILVA *et al.*, 2021).

Devido ao efeito severo causado pelo déficit hídrico no crescimento e no desenvolvimento vegetal, o melhoramento genético apresenta-se como uma ferramenta eficaz para reduzir a vulnerabilidade das culturas agrícolas (CHALLINOR *et al.*, 2016). Melhoristas têm desenvolvido pesquisas para compreender as respostas

morfológicas, fisiológicas e agrônômicas das plantas sob deficiência hídrica, e assim, desenvolver genótipos mais adaptados a esse estresse ambiental (LIMA *et al.*, 2021). No entanto, esta não é uma tarefa fácil, uma vez que tolerância ou eficiência no uso da água são características de herança complexas que interagem fortemente com o ambiente (DIAS *et al.*, 2018).

No milho, assim como em seus tipos especiais, a exploração do vigor híbrido é a forma mais eficaz de se obter genótipos superiores e mitigar os efeitos do estresse hídrico (DURÃES *et al.*, 2001). O vigor híbrido ou heterose é a superioridade dos híbridos em relação aos genitores (HALLAUER, CARENA e MIRANDA FILHO, 2010). A complementaridade alélica é um fator crucial para o potencial produtivo dos híbridos.

Uma alternativa complementar para melhorar a tolerância do milho a estresses abióticos é a associação com bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCV) (GOMES *et al.*, 2022). As BPCV são indicadas por ofertar benefícios à planta, como produzir hormônios de crescimento como a auxina (RAMAKRISHNA *et al.*, 2020; RAMAKRISHNA, YADAV e LI, 2019), giberelinas e citocininas (KIM *et al.*, 2021), participar da solubilização de nutrientes, melhorar a performance do sistema oxidante (BACKER *et al.*, 2018) e promovendo o crescimento vegetal (BATISTA *et al.*, 2018), podendo atuar como biofertilizantes, bioprotetores e bioestimulantes (LOPES *et al.*, 2021).

Diversas estirpes bacterianas têm sido exploradas em estudos relacionados ao déficit hídrico, incluindo *Agrobacterium*, *Achromobacter*, *Azospirillum*, *Burkholderia*, *Enterobacter*, *Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Ralstonia* e *Bacillus*, especificamente *B. cereus* (BRESSON *et al.*, 2014; POLONCA, 2020). Esses microrganismos podem apresentar mecanismos distintos de promoção do crescimento vegetal, além de especificidade com determinadas espécies ou genótipos hospedeiros (GOMES *et al.*, 2022).

Diante disso, é importante avaliar a capacidade de interação entre BPCV e genótipos de milho-pipoca. Ainda há uma carência de estudos sobre se linhagens genitoras e híbridos apresentam diferentes capacidades de interação. Além disso, é fundamental para o desenvolvimento de inoculantes eficientes em milho-pipoca para aumentar a tolerância ao déficit hídrico. Apesar do potencial dos microrganismos em aumentar a tolerância ao déficit hídrico nas plantas, a utilização destes permanece um campo de pesquisa relativamente pouco explorado para a cultura do milho-pipoca.

Neste contexto, este estudo buscou investigar a capacidade da rizobactéria *B. cereus* em promover o crescimento vegetal em duas linhagens genitoras contrastantes (sensível e tolerante ao déficit hídrico) e seu híbrido de milho-pipoca, aumentando a tolerância ao déficit hídrico através da análise da resposta morfofisiológica de genótipos de milho-pipoca decorrente da interação com a rizobactéria *B. cereus*.

## MATERIAIS E MÉTODOS

### Material vegetal

Duas linhagens ( $S_7$ ) de milho-pipoca L61 e L76 e seu respectivo híbrido simples WS01 foram cultivados em casa de vegetação. As linhagens foram previamente avaliadas por Kamphorst *et al.* (2018) e classificadas como susceptível e tolerante ao déficit hídrico, respectivamente. Já o híbrido simples provém do estudo de Lima *et al.* (2019) e é classificado como tolerante ao déficit hídrico, tendo sido registrado no Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), nº de registro 46965, com denominação de “UENF WS01” (LIMA *et al.*, 2021).

### Seleção da bactéria e preparação do inóculo

Previamente, 22 cepas bacterianas foram inoculadas previamente em plântulas de milho-pipoca e avaliadas em condições de déficit hídrico e de irrigação adequada. Entre essas, a cepa de bactéria *B. cereus* (UENF LMS 71) foi identificada como a mais eficaz em melhorar as características morfológicas e fisiológicas das plantas submetidas ao estresse hídrico. A cepa bacteriana UENF LMS 71 foi isolada de uma cultivar de milho (SHS 5050) por Santos *et al.* (2021) e pertence a coleção do Laboratório de Biologia Celular e Tecidual da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Para a obtenção do inóculo da bactéria *B. cereus*, a cepa bacteriana foi inoculada por meio de plaqueamento, em placas de Petri, contendo meio sólido DYGS (Dextrose Yeast Glucose Sucrose), utilizando uma alça de platina calibrada. Posteriormente, as placas foram incubadas por três dias na estufa a uma temperatura de 30 °C, conforme metodologia descrita por Dobereiner *et al.* (1995) e Amaral *et al.* (2022).

O pré-inóculo foi obtido em meio líquido DYGS, utilizando uma alça bacteriológica para transferir a bactéria de uma colônia em Placa de Petri para um tubo de ensaio. A bactéria foi agitada por 24 horas a 30 °C em 180 rpm em um agitador orbital. O inóculo foi preparado com 150 µL do pré-inóculo em 100 mL de DYGS, mantido nas mesmas condições. Após 24 horas, a leitura de densidade óptica foi realizada a 600 nm, em espectrofotômetro, visando alcançar uma concentração de  $1,8 \times 10^9$  unidades formadoras de colônia (UFC mL<sup>-1</sup>).

### Preparo das sementes

As sementes das linhagens L76, L61 e do híbrido WS01 foram submetidas a um processo de desinfestação com hipoclorito de sódio (NaOCl) a 3% durante 3 minutos, seguido por uma imersão em álcool 70% durante 2 minutos. Após lavagem com

água destilada e desinfestação, as sementes foram embebidas em água destilada por 5 horas. Na pré-germinação, as sementes foram dispostas em papéis *germitest* (CIENLAB, Campinas, Brasil) umedecidos e levadas à câmara de germinação BOD a 30 °C por 24 horas. Após a germinação, as sementes foram semeadas, e 1 mL da bactéria UENF LMS 71 foi aplicado em cada semente por tubo a ser inoculado.

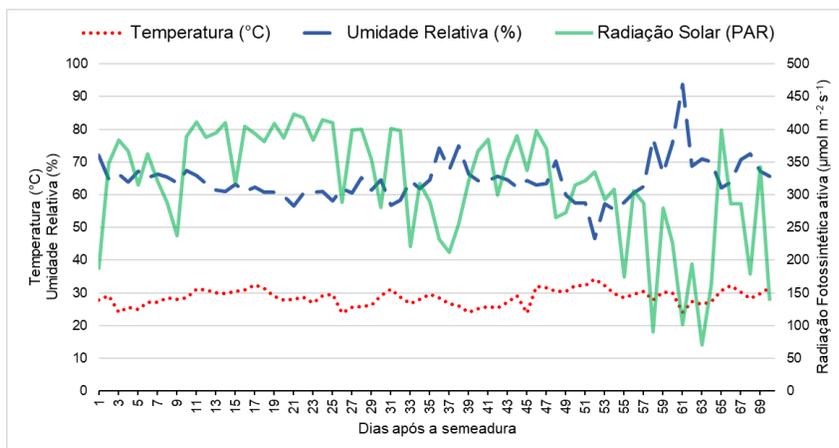
## Condições de crescimento e experimentais

O experimento foi realizado em casa de vegetação na UENF, situada na Unidade de Apoio Experimental, em Campos dos Goytacazes – RJ (Latitude: 21° 45' 16" S, Longitude: 41° 19' 28" O, 17 m acima do nível do mar). O delineamento experimental foi em blocos completos casualizados em fatorial simples, combinando genótipos (L61, L76 e WS01) e tipo de inoculação (com e sem), com três repetições. Para tanto, foram utilizados tubos de PVC com 10 cm de diâmetro e 1,50 m com substrato contendo 70% de substrato comercial Basaplant e 30% de perlita. Foi aplicado 1 mL do inóculo contendo a bactéria LMS 71 sobre as sementes dos tubos com bactéria (tratamento), enquanto os tubos sem bactérias (controle) receberam 1 mL do meio branco (não inoculado). Foi utilizada solução nutritiva de Hoagland e Arnon (1950), meia força, ofertada via irrigação, todos os dias até o final do experimento (69 dias após semeadura), de acordo com a demanda da planta e a capacidade de água no substrato do tubo.

Os genótipos inoculados e não inoculados foram expostos a condição de déficit hídrico do solo (WS) que foi imposta por meio da suspensão da irrigação, aos 24 dias após o plantio (DAP). Após 15 dias da suspensão da irrigação, os tubos gradativamente foram baixando o potencial hídrico e chegaram a 40% da sua capacidade de retenção de água no substrato, e permaneceram nessa condição por mais 29 dias.

Para estimar a capacidade de campo, o substrato de cada tubo foi regado com água em abundância e deixado por 72 horas sob percolação para que fosse drenado o excesso. Paralelamente, amostras do substrato foram secas em estufa a 70 °C por 72 horas. A capacidade de cada tubo foi estimada pela diferença entre o peso molhado (após drenagem do excesso) e o substrato seco (antes da saturação). Os tubos foram pesados e irrigados em intervalos de 2 dias para manter a respectiva capacidade. O peso das plantas foi desconsiderado do cálculo da capacidade de água dos tubos.

Ao longo do experimento, foram medidos à temperatura, a umidade relativa do ambiente e a radiação fotossintética ativa (Figura 1), com o auxílio da miniestação experimental WatchDog (A-Series Loggers, Spectrum Technologies Inc., Aurora, EUA).



**Figura 1. Gráfico de temperatura, umidade relativa do ar e radiação solar.** Condições experimentais entre 1 e 69 dias após a semeadura de três genótipos de milho-pipoca contrastantes para tolerância à seca (L61 e L76), e seu híbrido (WS01) submetidos à duas condições de inoculação da bactéria *B. cereus* (controle e inoculado). No gráfico médias de temperaturas (°C), umidade relativa (%) e radiação fotossintética ativa (PAR,  $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ ) são mostradas ao longo dos dias após semeadura.

Durante o experimento, a temperatura (°C) média por dia variou de 23,76 a 31,97 e a umidade relativa do ar (%) de 46,60 a 93,80 e radiação fotossintética ativa (PAR,  $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ ) teve uma máxima de 423,08 e mínima de 71 (Figura 1).

Durante as avaliações, a radiação fotossinteticamente ativa foi fixada em  $1.500 \mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ , a umidade relativa esteve entre 55% e 60% e a temperatura foi de 25 °C, a concentração de  $\text{CO}_2$  foi de  $400 \mu\text{mol mol}^{-1}$

## Características avaliadas

### Avaliações de crescimento e massa seca dos órgãos vegetais

Com o auxílio de uma régua foi medida a altura da planta (AP, cm) da superfície do substrato no tubo até a base da última folha completamente expandida. O diâmetro do colmo (DC – cm), foi medido com auxílio de um paquímetro digital. Após obtidos a largura (cm) e o comprimento da folha (cm), foi obtida a área foliar ( $\text{cm}^2$ ) de acordo índice proposto por Ferreira, Mello e Junior (2021).

Ao final do experimento, para calcular a matéria seca e fresca, foi feito o desbaste da folha e do colmo, para posterior estudo da biomassa de cada parte. As folhas e os colmos frescos foram pesados, envelopados e colocados em estufa de circulação

forçada de ar a 70 °C, até atingirem o peso constante. Em seguida, à pesagem foi feita em balança analítica de precisão.

## Características radiculares

O material radicular foi separado em 5 partes iguais (RB) desde a superfície, na inserção do colmo, até a base dos tubos, com porções de 0 a 30 cm, 30 a 60 cm, 60 a 90 cm, 90 a 120 cm e 120 a 150 cm. Após a remoção dos substratos de seus respectivos tubos, as raízes foram lavadas com água, levemente secas e armazenadas em geladeira (4 °C) para subsequente processamento.

As secções radiculares foram armazenadas em envelopes de papel e levadas à estufa de circulação (modelo MA037, Marconi, Piracicaba, SP, Brasil) a 70 °C até atingirem o peso constante. A massa seca radicular foi quantificada separadamente para cada uma das cinco secções.

## Cálculos das diferenças percentuais entre condições

As diferenças percentuais (%) de cada característica, considerando a comparação entre os tipos de inoculação (tratamento e controle) foram determinadas utilizando a seguinte fórmula:  $100 - \left[ \left( \frac{Y_{in}}{Y_{con}} \right) \cdot 100 \right]$  em que: representa a média geral da característica na condição de inoculação com *B. cereus*; e a média geral da característica na condição de controle (sem inoculação).

## Análises estatísticas

Foram realizadas análises de variância de fatorial simples e testes de médias Tukey 5%. As fontes de variação de genótipo (G) e tipo de inoculação (com ou sem bactéria) (T) e suas interações foram analisadas por meio de análise de variância fatorial, com o suporte do programa computacional Prism GraphPad (versão 9.0.0, Insightful Science, Califórnia, EUA).

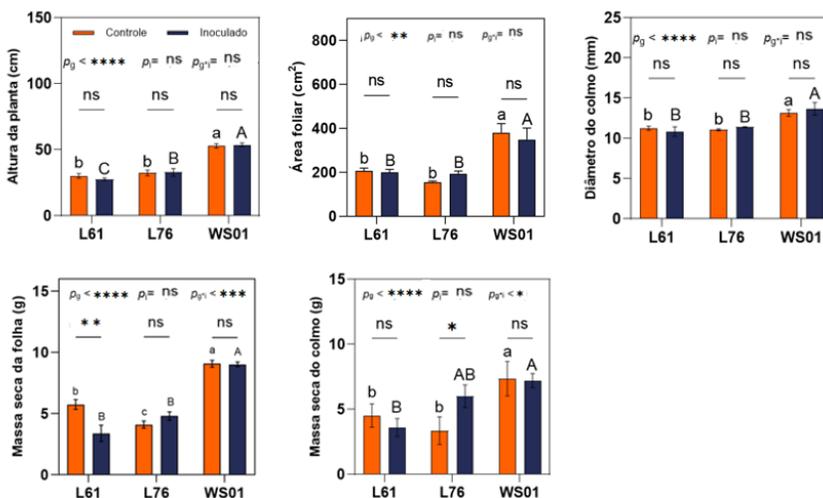
As análises de variância fatorial foram calculadas pela seguinte fórmula:  $Y_{ijk} = \mu + G_i + B / A_{jk} + A_j + G_{aij} + \varepsilon_{ijk}$ . Sendo:  $Y_{ijk}$  = à observação do i-ésimo genótipo, no j-ésimo tipo de inoculação e no j-ésimo bloco;  $\mu$  = constante geral;  $G_i$ : efeito fixo do i-ésimo genótipo;  $B / A_{jk}$  = é o efeito do k-ésimo bloco no j-ésimo ambiente;  $A_j$  = o efeito fixo do j-ésimo ambiente;  $GA_{ij}$  = o efeito fixo da interação entre o i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente; e  $\varepsilon$  = erro aleatório experimental médio associado à observação  $Y_{ijk}$ , sendo NID (0,  $\sigma^2$ ).

As significâncias utilizadas foram: <0,0001% (\*\*\*\*), 0,0002% (\*\*\*), 0,002% (\*\*), 0,05% (\*) e não significativo (<sup>ns</sup>). O teste de média Tukey 5% foi realizado para cada uma das características dos genótipos de milho-pipoca.

## RESULTADOS

### Impacto de *B. cereus* sobre a morfologia vegetal

Para análise de variância conjunta, o efeito de genótipo apresentou diferenças significativas para todas as características (Figura 2). O efeito da inoculação (WC) não foi significativo para nenhuma característica. No entanto, a interação entre genótipos x inoculação (G\*WC) mostrou diferença significativa para massa seca da folha e massa seca do colmo.

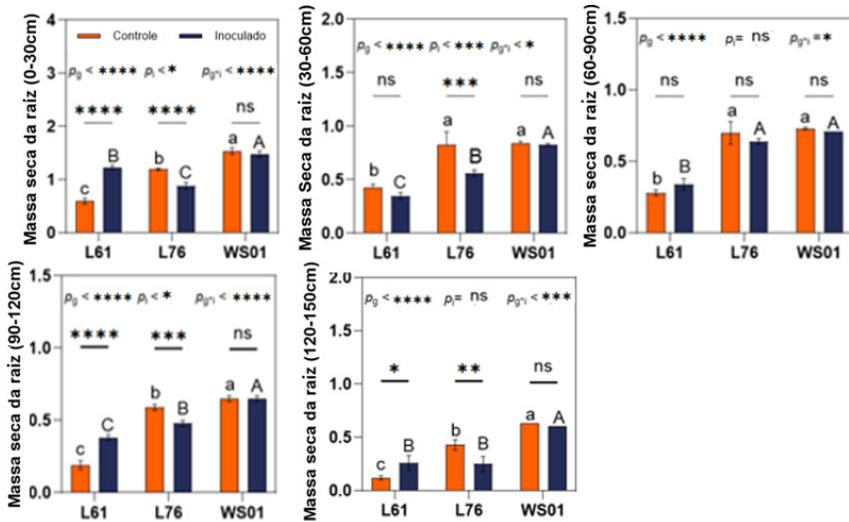


**Figura 2. Médias e desvio-padrão de características morfológicas de genótipos contrastantes de milho-pipoca no déficit hídrico.** Estimativas de médias e desvio-padrão de características morfológicas da parte aérea de duas linhagens de milho-pipoca contrastantes para tolerância à seca (sendo L61 sensível e L76, tolerante) e seu híbrido (WS01), submetidas ao estresse hídrico e em condições sem (controle) e com (inoculado) inoculação com bactéria *B. cereus*, no estágio de florescimento (R1), em casa de vegetação. Os *p* valores são referentes a análise de variância conjunta, considerando os fatores genótipos ( $p_g$ ), inoculação ( $p_i$ ) e sua interação ( $p_{gi}$ ). Significância a <0,0001% (\*\*\*\*), 0,0002% (\*\*\*), 0,002% (\*\*), 0,05% (\*) e não significativo (ns) correspondem a significância de cada genótipo na comparação entre as duas condições de inoculação avaliadas. As letras são referentes ao teste de média para genótipos dentro de cada condição de inóculo, genótipos seguidos de mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Na análise de variância individual, tanto a condição controle quanto a condição inoculada apresentaram diferença significativa para o efeito de genótipo. Comparando os genótipos dentro das condições avaliadas, em ambas, o híbrido apresentou as melhores médias para todas as características morfológicas. Apenas para a característica massa seca do colmo na condição inoculado o híbrido não diferiu estatisticamente da L76 (Figura 2). Além disso, a linhagem L76 apresentou melhor média que a linhagem L61 para altura de planta, enquanto a linhagem L61 apresentou melhor média que a linhagem L76 para massa seca de folha.

Avaliando as diferenças entre condições de inoculação, não foram identificadas variações significativas no híbrido WS01 para as características morfológicas da parte aérea (Figura 2). No entanto, o genótipo L61 apresentou diferença significativa na massa seca da folha, exibindo uma diminuição de 47,7% na condição inoculada. A linhagem L76, por sua vez, apresentou diferença significativa na massa seca do colmo, exibindo um aumento de 43,8% na condição inoculada (Figura 2).

No que concerne à massa seca das raízes, o material radicular foi separado em cinco partes iguais (secções) desde a superfície, na inserção do colmo, até a base dos tubos, com porções de 0 a 30 cm, 30 a 60 cm, 60 a 90 cm, 90 a 120 cm e 120 a 150 cm. Na análise de variância conjunta, houve efeito significativo de genótipo e da interação genótipos x inoculação (G\*WC) em todas as cinco secções avaliadas. O efeito de inoculação apresentou diferenças significativas para massa seca das secções (0-30cm), (30-60cm) e (90-120cm) (Figura 3).



**Figura 3. Médias e desvio-padrão da massa seca da raiz de genótipos contrastantes de milho-pipoca no déficit hídrico.** Características relacionadas à massa seca da raiz em diferentes secções de substrato avaliadas em duas linhagens de milho-pipoca contrastantes para tolerância à seca (sendo L61 sensível e L76, tolerante) e seu híbrido (WS01), submetidas ao estresse hídrico em duas condições de inoculação da bactéria *B. cereus*, no estágio de R1 folhas completamente expandidas (R1), em casa de vegetação. Secção: 0-30cm; secção: 30-60cm; secção: 60-90cm; secção: 90-120cm; secção: 120-150cm. Genótipos seguidos de letra maiúscula correspondem aos tratamentos inoculados, e genótipos seguidos de letras minúsculas correspondem aos tratamentos controle. Genótipos seguidos por letras iguais não diferem para as condições e genótipos seguidos por letras diferentes diferem para as condições. Os  $p$  valores são referentes a análise de variância conjunta, considerando os fatores genótipos ( $p_G$ ), inoculação ( $p_I$ ) e sua interação ( $p_{GI}$ ). Significância a  $<0,0001\%$  (\*\*\*\*),  $0,0002\%$  (\*\*\*),  $0,002\%$  (\*\*),  $0,05\%$  (\*) e não significativo (ns) correspondem a significância de cada genótipo na comparação entre as duas condições de inoculação avaliadas. As letras são referentes ao teste de média para genótipos dentro de cada condição de inóculo, genótipos seguidos de mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Na análise de variância individual, tanto a condição controle quanto a condição inoculada apresentaram diferenças significativas para massa seca da raiz das cinco secções (Figura 3). Ao comparar os genótipos dentro das condições avaliadas, em ambas, o híbrido apresentou as melhores médias em todas as secções da raiz. Todavia, na massa seca da raiz na secção 30-60cm no controle e na secção 60-90cm em ambas as condições, o híbrido não diferiu estatisticamente da linhagem L76 (Figura 3). Além disso, a linhagem L76 apresentou melhor média que a linhagem L61 na massa seca da raiz na secção 0-30 cm, 90-120 cm e 120-150cm no controle e nas secções 0-30cm, 30-60cm e 60-90 cm no inoculado. Por outro lado, a linhagem L61 apresentou melhor média que a linhagem L76 na massa seca da raiz na secção 0-30cm do inoculado.

Avaliando as diferenças entre condições de inoculação, não foram detectadas alterações significativas na massa seca da raiz em nenhuma seção no híbrido WS01. O genótipo L61 apresentou diferenças significativas entre as condições para massa seca nas seções 0-30 cm e 90-120 cm, com aumentos de 51,3% e 50,4%, respectivamente, na condição inoculada. Por outro lado, o genótipo L76 apresentou diferenças significativas para as seções 0-30 cm, 30-60 cm, 90-120 cm e 120-150 cm, apresentando reduções na condição inoculada de 35,9%, 49,1%, 23,6% e 76%, respectivamente.

## DISCUSSÃO

### A inoculação com *B. cereus* provoca mudanças no crescimento de plantas de milho-pipoca em condição de seca?

Os resultados deste estudo demonstram que o efeito de genótipos de milho-pipoca apresentou diferenças significativas em todas as características morfológicas avaliadas, incluindo altura de plantas, área foliar, diâmetro de colmo, massa seca da folha e massa seca do colmo. A variação genética é um fator crucial que influencia a capacidade das plantas de responderem a diferentes condições ambientais e tratamentos (SANTOS *et al.*, 2023), incluindo a inoculação com microrganismos benéficos como *B. cereus* (WALTERS *et al.*, 2018).

Embora o efeito da inoculação com *B. cereus* não foi significativo para nenhuma das características morfológicas na análise de variância conjunta, há tendência de valores superiores nas condições inoculadas, sugerindo que a bactéria pode ter um papel positivo, nas condições experimentais testadas. Isso pode ser atribuído à capacidade de *B. cereus* de promover o crescimento das plantas através de vários mecanismos, como a produção de fitohormônios, a solubilização de nutrientes (PICAZEVICZ, KUSDRA e MORENO, 2019; GOMES *et al.*, 2022; HATHURUSINGHE, AZIZOGLU e SHIN, 2024) e a indução de resistência sistêmica (KINSINGER *et al.*, 2003; NIE *et al.*, 2017; SINGH *et al.*, 2019; HANAKA *et al.*, 2021).

A interação entre genótipos e inoculação (G\*WC) mostrou-se significativa para a massa seca da folha e a massa seca do colmo. Este resultado indica que a resposta dos genótipos à inoculação não é uniforme, e que alguns genótipos podem se beneficiar mais da presença de *B. cereus* do que outros. Especificamente, a linhagem L61 exibiu uma diminuição significativa de 47,7% na massa seca da folha sob a condição inoculada. Esta redução pode ser um indicativo de uma possível alocação de recursos para outras partes da planta (OSAKABE, SHINOZAKI e TRAN, 2014; BIELACH e TOGNETTI *et al.*, 2017). Por outro lado, a linhagem L76 mostrou um aumento significativo de 43,8% na massa seca do colmo na condição inoculada, sugerindo uma resposta positiva à inoculação com *B. cereus*. Este aumento pode ser resultado da capacidade de *B. cereus* melhorar a absorção de água e nutrientes, especialmente sob condições de déficit hídrico, permitindo que a planta mantenha ou até aumente seu crescimento vegetativo (LOPES *et al.*, 2021).

Embora *B. cereus* não tenha mostrado efeitos significativos no híbrido e de forma isolada, a interação com determinados genótipos, como L76, pode ser explorada para melhorar a resiliência e produtividade das plantas em condições de déficit hídrico. A diminuição da biomassa é uma das características agrônômicas afetadas pelo estresse e que influencia no rendimento das plantas (HANAKA *et al.*, 2021). Como a L76 teve um aumento na massa seca do colmo, essa linhagem pode ser utilizada para seleção de genótipos superiores.

O híbrido WS01 apresentou as melhores médias para todas as características morfológicas em ambas as condições avaliadas, refletindo sua maior vigorosidade em comparação com as linhagens parentais. Este resultado corrobora com a hipótese de que híbridos tendem a apresentar vigor híbrido (heterose), manifestando características superiores devido à combinação genética das linhagens parentais (BIRCHLER *et al.*, 2010; KAMPHORST *et al.*, 2022).

A raiz é um dos primeiros órgãos a perceber a seca no solo e se adapta em escala morfoanatômica, fisiológica e molecular, permitindo que plantas desenvolvam mecanismos para resposta de tolerância ao ambiente estressante (AMTMANN *et al.*, 2022). A arquitetura do sistema radicular tem sido objeto de diversos estudos que buscam compreender as adaptações que favorecem a eficiência no uso da água ou tolerância à seca de diversas culturas (THORUP- KRISTENSEN *et al.*, 2020; LINCHY *et al.*, 2021a).

A distribuição espacial das raízes no solo é moldada principalmente pelo comprimento, ramificação, ângulo e espessura das raízes e é caracterizado por uma série de características que vem sendo utilizadas na seleção de genótipos superiores para a condição de seca, quais sejam: profundidade das raízes, ângulo de crescimento, relação raiz e parte área, diâmetro das raízes, densidade de peso radicular, área de superfície, volume das raízes, dentre outros (SIDDIQUI *et al.*, 2021).

Os resultados deste estudo revelam insights importantes sobre o impacto de *B. cereus* na massa seca das raízes de diferentes genótipos de milho-pipoca sob condições de déficit hídrico. A análise de variância conjunta mostrou que o genótipo e a interação genótipos x inoculação (G\*WC) influenciaram significativamente a massa seca das raízes em todas as seções avaliadas, enquanto o efeito de inoculação foi significativo em algumas seções específicas (a, b e d).

Esses achados estão alinhados com a literatura que descreve os efeitos promotores de crescimento de *Bacillus spp.* em várias culturas, especialmente em condições de estresse. Sati *et al.* (2023) destacam que *Bacillus spp.* são conhecidos por melhorar a resiliência das plantas ao estresse hídrico, provavelmente através da produção de fitohormônios e antioxidantes que auxiliam na adaptação ao estresse.

A variação na massa seca das raízes entre os genótipos e condições de inoculação sugere que *B. cereus* pode influenciar de maneira diferencial a distribuição da biomassa nas raízes. A redução significativa na massa seca das raízes de L76 em várias seções sob a condição inoculada pode indicar uma resposta adaptativa à presença de *B. cereus*. Enquanto *B. cereus* interagiu com o genótipo L76 aumentando a parte aérea, no genótipo L61 *B. cereus* provocou o aumento da massa seca radicular.

Esta resposta adaptativa pode estar relacionada com a produção de hormônios do crescimento como auxinas, citocinas, giberelinas, favorecerem o crescimento da parte aérea (ANKATI e PODILE, 2018) ou as bactérias podem estar ajudando as plantas a usarem a água e os nutrientes de forma mais eficiente, reduzindo a massa radicular, já que a planta pode obter o que precisa com um sistema radicular menor. Menores diâmetros radiculares, por exemplo, contribuem para maior condutância hidráulica, diminuindo a barreira hidráulica apoplástica da água que entra no xilema (EISSENSTAT e ACHOR, 1999; COMAS *et al.*, 2012; ALAGOZ *et al.*, 2023; LI *et al.*, 2024).

Por outro lado, o aumento na massa seca das raízes de L61 nas seções a e d na condição inoculada pode indicar uma melhoria na absorção de nutrientes e água proporcionada pela interação com *B. cereus*. Esses resultados são suportados por estudos que mostram que microrganismos como *Bacillus spp.* podem melhorar a estrutura e função do sistema radicular, facilitando uma melhor absorção de água e nutrientes, mesmo em condições de baixa disponibilidade hídrica (ORTIZ-CASTRO *et al.*, 2020).

A análise de variância individual revelou que o híbrido WS01 apresentou as melhores médias de massa seca em todas as seções das raízes, destacando sua superioridade em relação às linhagens L61 e L76 em termos de desenvolvimento radicular sob as condições testadas. Isso pode ser atribuído à combinação de características favoráveis herdadas dos genótipos parentais (MUKRI *et al.*, 2022), resultando em uma maior eficiência na utilização dos recursos e maior resiliência ao estresse hídrico.

No entanto, a falta de diferenças significativas na massa seca das raízes do híbrido entre as condições de controle e inoculada, sugere que a resposta à inoculação com *B. cereus* pode ser mais pronunciada em genótipos específicos, como L61 e L76. Isso é consistente com o conhecimento de que a eficácia de microrganismos promotores de crescimento pode variar amplamente entre diferentes genótipos de plantas devido a alteração de genes responsivos ao estresse (RADHAKRISHNAM, HASHEM e ABD-ALLAH, 2017); (ZONG *et al.*, 2020).

As linhagens parentais podem possuir genes específicos que permitem uma melhor interação com *B. cereus*, mas esses genes podem não se expressar de forma tão eficaz no híbrido devido à segregação genética e à recombinação durante a formação do híbrido (MACKAY *et al.*, 2020).

## CONCLUSÃO

A análise morfológica da parte aérea não mostrou diferenças significativas após a inoculação, com exceção de variações específicas observadas nas linhagens L61 e L76. O híbrido WS01, apesar de apresentar maior vigor, não demonstrou interações superiores com *B. cereus* nesse aspecto.

No que diz respeito à massa seca das raízes, observaram-se efeitos significativos da inoculação, com a linhagem L76 apresentando aumento e a linhagem L61 mostrando redução na massa seca. O híbrido WS01 não apresentou alterações significativas nesse parâmetro.

Por fim, a inoculação com *B. cereus* possui potencial para promover o crescimento em condições de estresse hídrico, variando conforme o genótipo avaliado. Portanto, programas de melhoramento genético devem considerar não apenas a tolerância ao estresse hídrico e a produtividade, mas também a interação específica com microrganismos promotores de crescimento, visando o desenvolvimento de cultivares de milho-pipoca mais resilientes e sustentáveis para a agricultura.

## REFERÊNCIAS

ALAGOZ, M.S.; ZAHRA, N.; KAMRANI, H.M.; LAJAYER, A.B.; NOBAHARAN, K.; ASTATKIE, T.; SIDDIQUE, M.H.K.; FAROOQ, M. Role of root hydraulics in plant drought tolerance. **Journal of Plant Growth Regulation**, v.42, p.6228-6243, 2023.

AMARAL, M. B.; RIBEIRO, T. G.; ALVES, G. C.; COELHO, M. R. R.; MATTA, F. de P.; BALDANI, J. I.; BALDANI, V. L. D. The occurrence of rhizobacteria from Paspalum genotypes and their effects on plant growth. **Scientia Agricola**, 79. Piracicaba, Braz.v.79, n.2, 2022.

AMTMANN, A.; BENNETT, M. J.; HENRY, A. Root phenotypes for the future. **Plant Cell & Environment**, v.45, n.3, p.595-601, mar. 2022.

ANKATI, S.; PODILE, A. R. **Understanding plant-beneficial microbe interactions for sustainable agriculture.** *Journal of Spices & Aromatic Crops*, v. 27, n. 2. p. 93-105, 2018.

BACKER, R.; ROKEM, J.S.; ILANGUMARAN, G.; LAMONT, J.; PRASLICKOVA, D.; RICCI, E.; SUBRAMANIAN, S.; SMITH, D. Plant Growth-Promoting Rhizobacteria: Context, Mechanisms of Action, and Roadmap to Commercialization of Biostimulants for Sustainable Agriculture. **Frontiers in Plant Science**, 2018.

BATISTA, B. D.; LACAVA, T.P.; FERRARI, A.; SILVA, T.S.N.; BONATELLI, L.M.; TSUI, S.; MONDIN, M.; KITAJIMA, W.E.; PEREIRA, O.J.; AZEVEDO, L.J.; QUECINE, C.M. Screening of tropically derived, multi-trait plant growth-promoting rhizobacteria and evaluation of corn and soybean colonization ability. **Microbiological Research**, v. 206, p. 33-42, 2018.

BIELACH, A.; TOGNETTI, V.B. Plants under Stress: Involvement of Auxin and Cytokinin. **International Journal of Molecular Sciences**, v.18, n.7, p. 427, 2017.

BIRCHLER, A.J.; CHUDALAYANDI, S.; VAIMAN, D.; VAITIA, A.R. Heterosis. **The plant cell**, v.22, n.7, p. 2105-2112, jul. 2010.

BRESSON, J.; VASSEUR, F.; DAUZAT, M.; LABADIE, M.; VAROQUAUX, F.; TOURAINE, B.; VILE, D. Interact to survive: *Phyllobacterium brassicacearum* improves Arabidopsis tolerance to severe water deficit and growth recovery. **PLoS ONE**, v. 9, n. 9, e107607, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0107607>.

CAMPOS, M.J.A.; SANTOS, M.S.; NACARATH, F.F.R.I. Water stress in plants: a review. **Research, Society and Development**, v.10, n.15, 2021.

CHALLINOR, A.J.; KOEHLER, K.A.; VILLEGAS, R.J.; WHITFIELD, S.; DAS, B. Current warming will reduce yields unless maize breeding and seed systems adapt immediately. **Nature Climate Change**, v.6, n.10, p.954-958, 2016.

COMAS, L. H.; MUELLER, K. E.; TAYLOR, L. L.; MIDFORD, P. E.; CALLAHAN, H. S.; BEERLING, D. J. Evolutionary patterns and biogeochemical significance of angiosperm root traits. **International Journal of Plant Sciences**, v.57, n.1, p. 584–595, jul. 2012.

DIAS, K.O.D.G.; GEZAN, S.A.; GUIMARÃES, C.T.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E. O.; CARNEIRO, N.P.; PORTUGAL, A.F.; BASTOS, E.A.; CARDOSO, M.J.; ANONI, C.O.; MAGALHÃES, J.V.; SOUZA, J.C.; GUIMARÃES, L.J.M.; PASTINA, M.M. Estimating Genotype x Environment Interaction for and Genetic Correlations among Drought Tolerance Traits in Maize via Factor Analytic Multiplicative Mixed Models. **Crop Science**, v.58, n.1, p.72, 2018.

DOBEREINER, J.; BALDANI, V.L.D.; BALDANI, J.I. **Como isolar e identificar bactérias diazotróficas de plantas não-leguminosas**. Brasília, DF: EMBRAPA-SPI; Itaguaí: EMBRAPA-CNPAB, p.60, 1995.

DURÃES, F. O. M.; SANTOS, M. X.; GAMA, E. E. G.; MAGALHÃES, P. C.; ALBUQUERQUE, P. E. P.; GUIMARÃES, C. T. Fenotipagem associada à tolerância a seca em milho para uso em melhoramento, estudos genômicos e seleção assistida por marcadores. Circular Técnica, n. 39, Sete Lagoas: Embrapa, p.17, 2004.

EISSENSTAT, D.M.; ACHOR, D.S. Anatomical characteristics of roots of citrus rootstocks that vary in specific root length. **New Phytologist Foundation**, v.141, p.309–321, 1999.

GOMES, A.E.; LANA, P.G.U.; ALVES, C.M.V.; OLIVEIRA-PAIVA, A.C.; GODINHO, V.T.B.; SOUSA, M.S. **Mecanismos das bactérias promotoras do crescimento de plantas na mitigação dos efeitos do déficit hídrico**. Embrapa. Minas Gerais, jun. 2022.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA, F.J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3 ed. Springer: Berlin, p. 500, 2010.

HANAKA, A.; OZIMEK, E.; RESZCZYNSKA, E.; JAROSZUK-SCISEL, J.; STOLARZ, M. Plant Tolerance to Drought Stress in the Presence of Supporting Bacteria and Fungi: An Efficient Strategy in Horticulture. **Horticulturae**, out. 2021.

HATHURUSINGHE, K.H.S.; AZIZOGLU, U.; SHIN, J. Holistic Approaches to Plant Stress Alleviation: A Comprehensive Review of the Role of Organic Compounds and Beneficial Bacteria in Promoting Growth and Health. **Plants**, v.13, n.5, p. 695, 2024.

HOAGLAND, D.R.; ARNON, D.L. **The water culture method for growing plants without soils**, 1950.

KAMPHORST, H.S.; JÚNIOR, A.T.A.; VERGARA-DIAZ, O.; GRACIA-ROMERO, A.; FERNANDEZ-GALLEGO, A.J.; CHANG-ESPINO, C.M.; BUCHAILLOT, L.M.; REZZOUK, Z.F.; LIMA, J.V.; SERRET, D.M.; ORTEGA, A.L.J. Heterosis and reciprocal effects for physiological traits of popcorn plants under different water conditions. **Agricultural Water Management**, v.261, mar. 2022.

KISINGER, R.S.; SHIRK, M.C.; FALL, R.A. Rapid surface motility in *Bacillus subtilis* is dependent on extracellular surfactin and potassium ion. **Journal of Bacteriology**, v.185, n.18, p-5627-5631, sep. 2003.

KUMAR, K. GAMBHIR, G., DASS, A., TRIPATHI, K. A., SINGH, A., JHA, K. A., YADAVA, P., CHOUDHARY, M., RAKSHIT, S. Genetically modified crops: current status and future prospects. **Plants**, v.251, n.91, p. 20, 2020.

LI, F.P.; MA, L.B.; WEI, F.X.; GUO, S.; MA, Q.Y. Deeper root distribution and optimized root anatomy help improve dryland wheat yield and water use efficiency under low water conditions. **Plant Soil**, fev. 2024.

LIMA, V. J. JÚNIOR, A. T. A., KAMPHORST, H. S., SANTOS, A., SCHMIDT, M. F. K., AZEREDO, C. V., LEITE, T. J., JUNIOR, S. R. D., SANTOS, O. T., BISPO, B. R., CARVALHO, M. C., SOUZA, P. Y., OLIVEIRA, T. F., CHAVES, M. M., OLIVEIRA, A. U., MAFRA, S. G., SANTOS, D. A. H. P. UENF WS01: popcorn hybrid with water use efficiency for the State of Rio de Janeiro. **Crop breeding and applied biotechnology**, v.21, n.04, e375821411, 2021.

LIMA, V.J.D.; AMARAL JÚNIOR, A.T.D.; KAMPHORST, S.H.; BISPO, R.B.; LEITE, J. T.; SANTOS, T.D.O.; GONÇALVES, G.M.B. Combined Dominance and Additive Gene Effects in Trait Inheritance of Drought Stressed and Full Irrigated Popcorn. **Agronomy**, v. 9, n. 12, p. 782, 2019.

LOPES, M. J. S.; SANTIAGO, B. S.; SILVA, I. N. B.; GURGEL, E. S. C. Microbial biotechnology: inoculation, mechanisms of action and benefits to plants *Biocología microbiana: inoculación, mecanismos de acción y beneficios de las plantas*. **Research, Society and Development**, v.10, n.12, e356101220585, 2021<sup>a</sup>.

LUNDUKA, R. W.; MATEVA, K. I.; MAGOROKOSHO, C.; MANJERU, P. Impact of adoption of drought-tolerant maize varieties on total maize production in south Eastern Zimbabwe. **Climate and development**, v. 11, n. 1, p. 35-46, 2019.

LYNCH, J.P.; STROCK, C.F.; SCHNEIDER, H.M.; SIDHU, J.S.; AJMERA, I.; GALINDO-CASTANEDA, T. Root anatomy and soil resource capture. **Plant & Soil**, v.466, p.21-63, 2021a.

MACKAY, J.I.; COCKRAM, J.; HOWELL, P.; POWELL, W. Understanding the classics: the unifying concepts of transgressive segregation, inbreeding depression and heterosis and their central relevance for crop breeding. **Plant Biotechnology Journal**, set. 2020.

MALHI, G.S.; KAUR, M.; KAUSKI, P. Impact of climate change on agriculture and its mitigation strategies: A review. **Sustainability**, v.13, n.3, p.1318, 2021.

MUKRI, G.; PATIL, S.M.; MOTAGI, N.B.; BHAT, S.J.; SINGH, C.; KUMAR, J. P.S.; GADAG, N.R.; GUPTA, C.N.; SIMAL-GANDARA, J. Genetic variability, combining ability and molecular diversity-based parental line selection for heterosis breeding in field corn (*Zea mays* L.). **Molecular Biology Reports**, v.49, p.4517-4524, 2022.

NIE, P.; LI, X.; WANG, S.; GUO, J.; ZHAO, H.; NIU, D. Induced Systemic Resistance against *Botrytis cinerea* by *Bacillus cereus* AR156 through a JA/ET- and NPR1-dependent signaling pathway and activates PAMP-triggered immunity in Arabidopsis. **Frontiers in Plant Science**, v.8, 2017.

OLIVEIRA, A. U., JUNIOR, A. T. A., LEITE, T. J., KAMPHORST, H. S., LIMA, J. V., BISPO, B. R., RIBEIRO, M. R., VIANA, N. F., LAMEGO, L. D., CARVALHO, M. C., SIMÃO, R. B., SANTOS, O. T., GONÇALVES, R. G., CAMPOSTRINI, E. Unveiling Drought-Resilient Latin American Popcorn Lines through Agronomic and Physiological Evaluation. **Life**, v.14, n.6, p. 743, 2024.

OMM. Organización Meteorológica Mundial. Estado del clima en América Latina y el Caribe 2021. Ginebra, 2022. 44p. (OMM-Nº1295). Disponível em: <<https://library.wmo.int/idurl/4/28347>>

ORTIZ-CASTRO, R.; CAMPOS-GARCIA, J.; LÓPEZ-BUCIO, J. **Pseudomonas putida e Pseudomonas fluorescens influenciam a arquitetura do sistema radicular de Arabidopsis por meio de uma resposta de auxina mediada por ciclodipeptídeos bioativos**. Journal of Plant Growth Regulation, v.39, p.254–265, 2020.

OSAKABE, Y.; SHINOZAKI, K.; TRAN, L.S.P. Response of plants to water stress. **Frontiers in Plant Sciences**, v.13, n.5, p. 86, 2014.

PICAZEVICZ, A.A.C.; KUSDRA, J.F.; MORENO, A.L. Crescimento do milho em resposta à rizobactérias, molibdênio e nitrogênio. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, v.10, n.4, p. 167-174, set. 2019.

POLONCA, S. Environment Shapes the Intra-species Diversity of *Bacillus subtilis* Isolates. **Microbial Ecology**, v.79, p. 853–864, 2020.

RADHAKRISHNAN, R.; HASHEN, A.; ABD-ALLAH, F.E. Bacillus: A Biological tool for crop Improvement through Bio-Molecular Changes in Adverse environment, **Frontiers in Physiology**, v.8, set. 2017.

RAMAKRISHNA, W.; RATHORE, P.; KUMARI, R.; YADAV, R. Brown Gold of Marginal Soil: Plant Growth Promoting Bacteria to Overcome Plant Abiotic Stress for Agriculture, Biofuels and Carbon Sequestration. **Science of The Total Environment**, v.711, e135062, 2020.

RAMAKRISHNA, W.; YADAV, R.; LI, K. Plant growth promoting bacteria in agriculture: Two sides of a coin. **Applied Soil Ecology**, v.138, p. 10-18, 2019.

SANTOS, S. J.; DARLENGO, E.F.J.; PENA, F.G.; SANTOS, L.L.; SANTOS, C.R.; ROSSI, B.A.A. Análise da diversidade genética de milhos crioulo (*Zea mays*L.) do Norte de Mato Grosso. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v.16, n.2, 2023.

SANTOS, F.L.; SOUTA, F.J.; SOARES, P.C.; ROCHA, O.L.; SANTOS, C.L.M.; GRATIVOL, C.; ROESCH, W.F.L.; OLIVARES, L.F. Insights into the structure and role of seed-borne bacteriome during maize germination. **FEMS MICROBIOLOGY ECOLOGY**, v.97, p. fiab024, 2021.

SATI, D.; PANDE, V.; PANDEY, C.S.; SAMANT, M. Recent Advances in PGPR and Molecular Mechanisms Involved in Drought Stress Resistance. **Journal of soil Science and plant nutrition**, v.23, p.106-124, 2023.

SIDDIQUI, M.N.; LEON, J.; NAZ, A. A.; BALLVORA, A. **Genetics and genomics of root system variation in adaptation to water stress in cereal crops**. *Journal of Experimental Botany*. v.72, n.4, p.1007–1019, fev. 2021.

SILVA, S.; SOUSA, P.C.A.; ARAÚJO, R.E.; SOARES, S.A.M.; TEODORO, I. **Parâmetros produtivos do milho sob déficit hídrico em diferentes fases fenológicas no semiárido brasileiro**. *Irriga, Bocatú, Edição Especial – Nordeste*, v.1, n.1, p.30-41, maio, 2021.

SINGH, H.B.; KESWANI, C.; REDDY, M.S.; SANSINENEA, E.; GARCIA-ESTRADA, C. Metabólitos secundários de rizomicroorganismos promotores do crescimento vegetal: descoberta e aplicações. **The plant cell**, Singapura, 2019.

THORUP-KRISTENSEN, K.; HALBERG, N.; NICOLAISEN, M.; OLESEN, J.E.; CREWS, T.E.; HINSINGER, P.; KIRKEGAARD, J.; PIERRET, A.; DRESBOLL, B.D. Digging Deeper for Agricultural Resources, the Value of Deep Rooting. **Trends in Plant Science**, v.25, n.4, p.406-417, apr. 2020.

WALNE, H. C., THENVEETIL, N., RAMAMOORTHY, P., BHEEMANAHALLI R., Reddy, N. K., REDDY, R. K. Unveiling drought-tolerant corn hybrids for early-season drought resilience using morpho-physiological traits. **Agriculture**, v.14, n.3, p. 425, 2024.

WALTERS, A.W.; JIN, Z.; YOUNGBLUT, N.; WALLACE, G.J.; SUTTER, J.; ZHANG, W.; GONZÁLEZ-PENA, A.; PEIFFER, J.; KOREN, O.; SHI, Q.; KNIGHT, R.; RIO, G.T.; TRINGE, G.S.; BUCKLER, S.E.; DANGL, L.J.; LEY, E. R. **Large-scale replicated field study of maize rhizosphere identifies heritable microbes**, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v.115, n.28, p. 7373, 2018.

ZONG, N.; WANG, H.; LI, Z.; MA, L.; XIE, L.; PANG, J.; FAN, Y.; ZHAO, J. Maize NCP1 negatively regulates drought and ABA responses through interacting with and inhibiting the activity of transcription factor ABP9. **Plant Molecular Biology**, v.102, p. 339–357, 2020.