



A Ciência e os caminhos do desenvolvimento

Seleção de genótipos de milho doce para resistência a *Nothorn Leaf Blight*

Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves, Jose Crossa, Juan Burgueño, Jocarla Ambrosim Crevelari, Flavia Nicácio Viana, Vivane Lanhellas Gonçalves, José Arantes Ferreira Júnior, Messias Gonzaga Pereira

A *Northern Leaf Blight of Maize* (NLB) – conhecida no Brasil como Mancha de Turcicum – é uma das doenças mais comuns no milho. Estima-se que no ano de 2015 ela tenha causado prejuízos de 1,9 mi de dólares no Canadá e EUA. Tais danos econômicos provocados por esta doença estão muitas vezes relacionados a manejo inadequado e cultivares susceptíveis. Com o objetivo de selecionar genótipos de milho doce com maior grau de resistência a NLB, foram avaliados 18 híbridos simples *topcross* (HST), 6 populações, 4 híbridos interpopulacionais e duas testemunhas em dois ensaios de campo realizados em dois ambientes do Norte Fluminense. Os genótipos foram avaliados em três datas espaçadas em uma semana com uso de escala diagramática representando os diferentes níveis de severidade. Os resultados foram analisados por meio de modelos lineares mistos e medidas repetidas no tempo. Para melhoria na qualidade das análises, foi incluído a covariável dias para florescimento (FLO) na análise. Também foram estimados os parâmetros genéticos dos genótipos e a correlação entre as variáveis. Os resultados de correlação indicam haver maior rendimento e maior severidade em genótipos precoces, o que reforça o papel da covariável FLO na análise. Em todas as análises a acurácia seletiva foi elevada, superior a 0.86. Para NLB as médias das populações e híbridos simples oscilaram de um ambiente para outro, enquanto que para rendimento os híbridos simples foram sempre superiores. Na análise conjunta de NLB, houve diferença significativa entre Genótipo (Gen) e interação Gen x Local, Linhagem x Local, Controle x Local e Interclasse x Local. No rendimento, Gen, HST, População, Interclasse, Gen x Local, HST x Local e Interclasse x Local foram significativos. A população P8HS, bem como os híbridos interpopulacionais e HS derivados desta população apresentaram menor severidade na análise conjunta. Portanto, o programa de melhoramento deve priorizar linhagens derivadas da população P8HS para selecionar genótipos mais resistentes a NLB e com elevado Rendimento.

Palavras-chave: Medidas repetidas; *Topcross*; Shrunken2; Doença do Milho; *Exserohilum turcicum*.

Instituição de fomento: Agradecimento a FAPERJ (Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro) e CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pelo suporte financeiro e pela concessão de bolsa de estudos.