



Avaliação de genótipos de milho-doce em diferentes estádios de desenvolvimento

Diesiele Caroline Silveira Mota¹ (diesielecaroline@outlook.com), Isadora Gonçalves da Silva², Leticia Gonçalves Moreira¹, Ana Carolina Pires Jacinto², Jair Rocha do Prado¹, Renata Castoldi¹

¹ Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo, MG;

² Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

O milho-doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) é considerado uma das olerícolas mais difundidas nos EUA, Canadá e Europa. No Brasil, a produção destina-se quase que exclusivamente ao processamento industrial, devido ao restrito número de cultivares adaptadas ao clima tropical. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes genótipos de milho-doce em diferentes estádios de desenvolvimento. O experimento foi conduzido em campo, na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, campus Monte Carmelo-MG. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, em esquema de parcelas subdivididas no tempo, onde nas parcelas utilizou-se 20 genótipos de milho-doce (L1P9, L2P1, L2P11, L2P14, L2P33, L2P37, L2P45, L3P27, L4P5, L4P19, L5P3, L5P5, L5P18, L5P34, L5P37, L5P37, L5P42, L7P8, L7P9, SV0006SN, Tropical Plus) e nas subparcelas utilizou-se três estádios de desenvolvimento da cultura (R1, V4 e V7). Cada parcela experimental foi constituída por quatro linhas de plantio, com 32 plantas por parcela. As plantas foram dispostas no espaçamento de 0,7 m entrelinhas e 0,3 m entre plantas, sendo consideradas para avaliação agrônômica, cinco plantas por parcela, da área útil. Quando as plantas estavam nos estádios R1, V4 e V7 avaliou-se índice SPAD. Os dados foram submetidos ao teste Scott-Knott ao nível de 5% de significância, utilizando-se o aplicativo estatístico R: Core Team. Houve interação significativa entre genótipos e estádios de desenvolvimento. O maior índice SPAD foi obtido no estádio de desenvolvimento R1 para cerca de 70% dos genótipos. Os genótipos que apresentaram elevado índice SPAD em todos os estádios de desenvolvimento avaliados foram: L4P5, L5P37, L5P42, SV0006SN e Tropical Plus. Isto pode significar que, em todos os estádios de desenvolvimento avaliados, tais genótipos apresentaram alto teor de nitrogênio na planta, já que esse índice mede indiretamente o teor de nitrogênio foliar.

Palavras-chave: *Zea mays* L. subsp. *saccharata*, hortaliça, SPAD.