

**POTENCIAL DA INTERPOPULAÇÃO DE MILHO CMS 53 E CMS 61 PARA MELHORAMENTO.** Elto Eugenio Gomes e Gama <sup>(1)</sup>; Romário Gava Ferrão <sup>(2)</sup>; Sidney Netto Parentoni <sup>(1)</sup>; Cleso Antônio Patto Pacheco <sup>(1)</sup>; Manoel Xavier dos Santos <sup>(1)</sup>; Walter Fernandes Meirelles <sup>(1)</sup> & Maurício Antônio Lopes <sup>(1)</sup> - <sup>(1)</sup> Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas – MG. – <sup>(2)</sup> Emcapa, Linhares – ES.

Palavras-chave: Zea mays L., populações, progênie endogâmica, topcross, parâmetro genético e fenotípico.

O método de seleção recorrente recíproca tem sido eficientemente utilizado para o melhoramento interpopulacional de milho ( Eberhart et al.,1973; Gevers, 1974; Hallauer, 1977 e 1984; Moll et al., 1978; Hallauer & Miranda Filho, 1981; Souza Junior, 1987). No melhoramento interpopulacional, os genótipos de cada uma das populações são avaliados em cruzamentos com a população contrastante e os genótipos de cada população que apresentarem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinadas entre si. Portanto, busca-se o melhoramento do híbrido interpopulacional utilizando-se a capacidade geral e específica de combinação, ou seja, todos os tipos de ação gênica. A escolha das populações a serem usadas num programa de seleção recorrente recíproca, sugerida por Comstock et al.(1949), deve ser baseada no comportamento das populações per se, na heterose de seus cruzamentos e na variabilidade genética interpopulacional. Procurou-se estudar, através do uso de híbridos topcrosses obtidos de progênes endogâmicas S<sub>2</sub> de duas populações CMS 6,1 germoplasma tuxpeño de grãos dentados e CMS 53 e germoplasma caribenho de grãos duros, o potencial destas duas populações como fontes de extração de linhagens e como materiais para serem utilizados num programa de seleção recorrente recíproca. Os híbridos foram obtidos em duas áreas isoladas, através de cruzamento em topcross entre 100 progênes S<sub>2</sub> de cada uma das populações, com as respectivas populações contrastantes. Os 200 topcrosses foram testados usando-se o delineamento de látice 10 x 10 com duas repetições por local. Os ensaios foram instalados em três locais: Sete Lagoas (MG), Londrina (PR) e Goiânia (GO), no ano agrícola 1996/97. A análise da variância conjunta mostrou significância (P<0,01) para a interação tratamentos e tratamentos e locais. Nas Tabelas 1 e 2, encontram-se os valores médios para produção de espigas despalhadas dos 15 melhores topcrosses selecionados das populações CMS 53 e CMS 61, por local e em conjunto. Observa-se que houve maior coincidência de híbridos topcrosses promissores selecionados em Londrina e Goiânia e, em menor proporção entre Sete Lagoas e Londrina. A heterose encontrada para os topcrosses selecionados dos cruzamentos entre CMS 61(S<sub>2</sub>) e CMS 53 foi 3,63% superior aos topcrosses selecionados entre CMS 53(S<sub>2</sub>) e CMS 61. Na média de locais, o maior valor observado do topcross foi para a progênie 87 (10.359 kg/ha) da CMS 53, em cruzamento com a CMS 61, enquanto que o maior valor para a população CMS 61 foi para a progênie 89 (10.712 kg/ha) em cruzamento com a CMS 53. Concordando com os resultados encontrados por Pena Neto (1982), foi possível identificar cruzamentos superiores, a partir da alta capacidade de combinação, eliminando-se, assim, um grande número de progênes que não seriam aproveitadas no final do processo de seleção. As estimativas dos componentes da variância genética e fenotípica para peso de espigas despalhadas (kg/ha), dos dois tipos de topcrosses, encontram-se nas Tabelas 3 e 4. Os valores das estimativas da variância genética entre progênes (topcrosses) de meios-irmãos (V<sup>2</sup><sub>P</sub>) foram maiores para os híbridos entre CMS 61 (S<sub>2</sub>) e CMS 53 que os dos cruzamentos entre CMS 53(S<sub>2</sub>)ex CMS 61. As estimativas da variância fenotípica média entre topcrosses (V<sup>2</sup><sub>F</sub>) foram superiores para os topcrosses com o testador CMS 61. Os valores médios

dos coeficientes de variação genético (CVg) foram, respectivamente, de 6,54% e 9,06% e para os topcrosses entre CMS 53(S<sub>2</sub>) e CMS 61 e CMS 61(S<sub>2</sub>) e CMS 53; esses valores foram de similar amplitude aos encontrados para os coeficientes de variação experimental (CVe) (Tabelas 1e2). As estimativas médias do coeficiente de herdabilidade (h<sup>2</sup>) foram maiores para os topcrosses com o testador CMS 53 (h<sup>2</sup>=68,36%) que para os topcrosses com o testador CMS 61 (h<sup>2</sup>=48,73%), semelhantes aos valores das estimativas encontrados por Pelicano (1990) para as cultivares BR 105 e BR 106. As estimativas das magnitudes dos parâmetros genéticos encontrados para as duas populações indicam bom potencial para serem usadas num programa de melhoramento para formação de sintéticos heteróticos e para obtenção de híbridos.

## Bibliografia

- Eberhart, S.A.; Debela, S.; Hallauer, A.R. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and BSCB1 maize varieties and half sib selection in BSSS. *Crop Science*, Madison, 13:451-456, 1973.
- Gevers, H.O. Three cycles of reciprocal recurrent selection in maize under two systems of parent selection. *Agroplanta*, Pretoria, 7: 107-8, 1974.
- Hallauer, A.R. Four cycles of reciprocal full sib selection. Ames, Iowa State university/North Cent. *Corn Breed. Res. Comm.*, 1977. (NCR, 2).
- Hallauer, A.R. Reciprocal full sib selection in maize. *Crop Science*, Madison, 24: 755-9, 1984.
- Moll, R.H.; Cockerham, C.C.; Stuber, C.W.; Williams, W.P. Selection responses, genetic-environmental interactions and heterosis with recurrent selection for yield in maize. *Crop Science*, Madison, 18: 641-5, 1978.
- Hallauer, A.R. & Miranda Filho, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1981. 486 p.
- Souza Junior, C.L. Reciprocal recurrent selection with half sib progenies obtained alternately from non inbred (S<sub>0</sub>) and inbred (S<sub>1</sub>) plants in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 32: 19-31, 1987.
- Comstock, R.E.; Robinson, H.F.; Harvey, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*. Madison, 41: 360-7. 1949.
- Pelicano, I.J. Potencial da interpopulação de milho (*Zea Mays* L.) BR 105 x Br 106 para o melhoramento genético. Piracicaba: USP/ESALQ, 1990, p139. (Dissertação- Mestrado em genética e melhoramento de plantas).
- Pena Neto, A.M. Avaliação da capacidade de combinação de progênies S<sub>2</sub> obtidas de compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: USP/ESALQ, 1982, p 62. (Dissertação- Mestrado em genética e melhoramento de plantas).

**Tabela 1.** Valores de produtividade de espigas (PE) dos 15 melhores híbridos topcrosses entre progênies S2 da população CMS 53 e a população CMS 61, selecionados em Sete Lagoas (SL), Goiânia (GO), Londrina (LO) e da análise conjunta. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, 1997.

SL		GO		LO		Conjunta	
Progenies	PE (Kg/ha)	Progenies	PE (Kg/ha)	Progênies	PE (Kg/ha)	Progênies	PE (Kg/ha)
66	11277	87	11087	47	10250	87	10359
13	10927	3	10521	13	10247	13	10288
20	10649	27	10418	87	9565	66	9755
87	10425	43	10408	80	8988	74	9496
36	10359	48	10315	65	8882	27	9460
71	10322	74	10277	66	8843	47	9392
79	10096	89	10198	74	8742	3	9363
44	10080	18	10034	89	8717	80	9337
54	9995	14	9791	7	8653	54	9328
69	9974	80	9788	96	8607	43	9215
38	9899	22	9736	21	8525	65	9114
60	9873	65	9723	15	8462	89	9068
30	9868	41	9708	27	8423	18	9044
59	9848	88	9689	54	8358	30	8992
46	9793	13	9688	22	8346	71	8977
Média	10225,67	Média	10092,07	Média	8907,2	Média	9412,53
Méd.Geral	8753,46	Méd. Geral	8829,70	Méd.Geral	7363,74	Méd. Geral	8315,63
CV%	12,53	CV%	10,80	CV%	13,41	CV%	9,37

**Tabela 2** Valores das produtividades de espigas (PE) dos 15 melhores híbridos topcrosses entre progênies S2 da população CMS 61 e a população CMS 53, selecionados em Sete Lagoas (SL), Goiania (GO), Londrina (LO) e da análise conjunta. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, 1997.

SL		GO		LO		Conjunta	
Progênies	PE (Kg/ha)	Progênies	PE (Kg/ha)	Progênies	PE (Kg/ha)	Progênies	PE (Kg/ha)
89	14021	32	12423	21	9095	89	10712
36	12329	86	11368	31	8978	32	9985
37	11905	10	11257	20	9828	10	9907
93	11536	35	11093	93	8427	29	9888
74	11379	29	10915	54	8329	97	9843
81	11342	62	10869	89	8228	31	9762
49	11278	20	10781	84	8178	84	9730
97	11259	21	10516	72	8162	93	9732
28	11129	9	10503	69	8149	54	9710
85	11041	54	10432	97	8065	49	9709
62	10922	79	10395	25	8011	21	9651
41	10902	60	10335	10	8004	36	9581
32	10875	84	10308	61	7986	69	9498
4	10860	89	10235	58	7939	60	9444
29	10811	31	10218	29	7939	35	9372
Média	11439,27	Média	10776,53	Média	8354,53	Média	9768,27
Méd.Geral	9529,3	Méd. Geral	8944,38	Méd.Geral	6704,50	Méd. Geral	8392,73
CV%	12,85	CV%	14,46	CV%	13,89	CV%	10,96

**Tabela 3.** Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos dos topcrosses formados pelos cruzamento de 100 S2 das populações CMS 53 com a população CMS 61 para peso de espigas despalhadas (kg/ha). Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, 1997.

Parâmetro	SL	GO	LO	Conjunto
$\sigma_p^2$	395765,50	265983,95	503154,05	295899,60
$\sigma_{\bar{F}}^2$	601714,80	454810,90	487980,43	498311,90
CVg	7,19	5,84	9,63	6,54
$h^2$ (%)	32,89	29,24	51,55	48,73

$\sigma_p^2$

= Variância genética entre topcrosses

$\sigma_{\bar{F}}^2$

= Variância fenotípica média entre topcrosses

CVg = Coeficiente de variação genética entre as médias dos topcrosses

$h^2$  (%) = Coeficiente de herdabilidade no sentido amplo.

**Tabela 4.** Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos dos topcrosses formados pelos cruzamentos de 100 S2 da população CMS 61 com a população CMS 53 para peso de espigas despalhadas (kg/ha). Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, 1997.

Parâmetro	SL	GO	LO	Conjunto
$\sigma_p^2$	762740,17	637602,95	480580,30	577924,56
$\sigma_{\bar{F}}^2$	749208,61	836339,50	433897,37	281810,04
CVg	9,16	8,93	10,34	9,06
$h^2$ (%)	50,90	38,12	55,38	68,36

$\sigma_p^2$

= Variância genética entre topcrosses

$\sigma_{\bar{F}}^2$

= Variância fenotípica média entre topcrosses

CVg = Coeficiente de variação genética entre as médias dos topcrosses

$h^2$  (%) = Coeficiente de herdabilidade no sentido amplo.

\