

Durante o processo de obtenção dessas linhagens, a densidade de plantio e seleção foi de 100.000 plantas/ha, efetuando-se rigorosa seleção de plantas com SFMF, prolíficas e resistentes ao acamamento e quebraamento.

Em julho de 1992, plantou-se um lote isolado com as linhagens S₄ individualizadas, utilizando-se a proporção de 1:1, fêmea e macho, respectivamente. Os machos foram formados por uma mistura balanceada de sementes das linhagens fêmeas. Na época da colheita, foram tomadas ao acaso vinte espigas dentro de cada fileira fêmea, selecionando-se dez grãos flints e alaranjados em cada espiga. Com o bulk das sementes selecionadas, efetuou-se a primeira recombinação (junho/1993), adotando-se os mesmos procedimentos já descritos. Após a seleção de campo e de laboratório, foram escolhidas 100 espigas, para posterior seleção de 50 grãos/espiga com as características desejadas. O segundo lote de recombinação foi plantado em fevereiro de 1994 e na época do florescimento serão selecionadas as plantas que apresentarem SFMF. Essas plantas serão cruzadas manualmente com uma mistura de pólen. A partir dessa geração, será iniciado o controle de estresse hídrico nas avaliações experimentais e no campo de recombinação. Em setembro/outubro de 1994, as famílias de meios-irmãos obtidas serão avaliadas em dois ambientes: irrigado e com controle de estresse hídrico no período de florescimento. - *Manoel Xavier dos Santos, Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães, Elto Eugênio Gomes e Gama, Cleso Antônio Patto Pacheco, Álvaro Eleutério da Silva.*

MELHORAMENTO DA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 28

A população de milho CMS 28 foi formada a partir de uma segregação para grãos amarelos do germoplasma Tuxpeño branco oriundo do CIMMYT, cuja introdução no Brasil foi efetuada na década de 70. O processo do seu desenvolvimento encontra-se nos Relatórios Técnicos Anuais do CNPMS publicados em 1991 e 1992. No inverno de 1990, foram recombinados os 10% de famílias de meios-irmãos superiores, avaliados no ano agrícola de 1989/90. A recombinação foi realizada em solo com saturação de alumínio ao redor de 36%, selecionando-se novas famílias para avaliação em 1991/92. Em decorrência de condições climáticas desfavoráveis, os ensaios ficaram perdidos, sendo necessário o plantio de novo campo de recombinação, onde foram selecionadas 196 famílias S₁. Estas foram avaliadas em 1992/93, nas localidades de Sete Lagoas, MG, e Ponta Grossa, PR, utilizando-se um látice simples 14x14. A parcela foi constituída por uma fileira de 5m, espaçada de 1m entre fileiras e 0,20m entre plantas dentro de fileiras. Na Tabela 250, podem ser vistas as estimativas de parâmetros genéticos em cada local e a média dos locais, verificando-se a potencialidade dessa população em termos dos progressos genéticos que podem ser obtidos com a

continuidade do programa de melhoramento. A média geral do peso de espigas das famílias avaliadas foi de 5.600 kg/ha e 6.868 kg/ha, respectivamente, em Sete Lagoas, MG, e Ponta Grossa, PR, sendo que a média nos dois ambientes foi de 6.234 kg/ha. Convém destacar, por outro lado, a excelente performance dessa população per se e como fonte para a extração de linhagens. - *Manoel Xavier dos Santos, Elto Eugênio Gomes e Gama, Cleso Antônio Patto Pacheco, Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães, Álvaro Eleutério da Silva.*

TABELA 250. Estimativas de parâmetros em 196 famílias endogâmicas S₁ para o caráter peso de espigas (g/pl) da população CMS 28, em 1992/93, nas localidades de Sete Lagoas, MG, Ponta Grossa, PR, e a média dos dois locais (análise conjunta). CNPMS, Sete Lagoas, MG, 1994.

Parâmetros ¹	Sete Lagoas	Ponta Grossa	Análise conjunta
$\sigma^2_{A LS}$	337,43	722,68	374,07
$\sigma^2_{A LI}$	269,94	578,15	299,25
Gs LS	26,07	42,46	28,47
LI	20,06	33,77	22,77
Gs% LS	18,27	33,36	21,02
LI	14,62	26,69	16,82
CV e %	13,23	14,46	13,87
CVg%	12,87	21,12	14,28
b	0,97	1,46	1,04
σ^2_{pxl} x (kg/ha)	-	-	140,79
	5.600	6.868	6.234

¹ σ^2_A = variância genética aditiva; Gs = ganho esperado com a seleção (g/pl) e em porcentagem em relação à média geral; CV e % = coeficiente de variação experimental; CVg% = coeficiente de variação genética; b = índice b; σ^2_{pxl} = variância da interação progênies x local; x = média geral do ensaio em kg/ha.

MELHORAMENTO DA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 50

Denominada de Composto Vega Precoce, a população CMS 50 foi formada pelo intercruzamento de três híbridos simples e dois híbridos duplos. Após o cruzamento inicial, foram realizadas três recombinações e dois ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos. O segundo ciclo de seleção foi completado depois da recombinação de 10% das melhores famílias avaliadas em 1990/91. No ano agrícola de 1991/92, foram avaliadas, em Sete Lagoas, MG, e Propriá, SE, 196 famílias endogâmicas S₁, através do delineamento experimental em látice simples 14 x 14, sendo a parcela constituída por uma fileira de 5m e com o espaçamento de 1m x 0,20m.

A análise conjunta evidenciou significância ao nível de 1% para tratamentos e para interação tratamentos x local. O coeficiente de variação experimental foi de 20,30%. A média do peso de espigas das progênies foi de