

cos, foram obtidas, ainda em 1983, no campo de recombinação de irmãos germanos selecionados, 200 progênies de  $S_1$ . Estas progênies  $S_1$  foram plantadas em janeiro de 1984 e selecionadas para "stress" hídrico e cor de grãos amarelos. Em agosto de 1984, foram recombinadas as melhores progênies  $S_1$  selecionadas fenotipicamente, cujas sementes serão usadas para plantio da segunda recombinação em 1985, o que permitirá o lançamento desta variedade. — *Ricardo Magnavaca, Valdemar Naspolini Filho, Elto E. G. Gama, Ronaldo T. Viana.*

#### SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS IRMÃOS NA POPULAÇÃO CMS-08

A população Tuxpeño 1 foi introduzida do CIMMYT e, após um ciclo de seleção massal no CNPMS, recebeu a denominação de CMS-08. Devido às suas boas características agrônômicas e ao alto potencial de produção, este material foi lançado como BR-108 após três ciclos de seleção. Esta variedade é de porte baixo e de grãos brancos e dentados.

A cada 2 anos, realiza-se um ciclo de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Objetiva-se assim melhorar esta variedade e obterem-se, do lote de seleção, sementes genéticas suficientes para manutenção de estoques básicos de sementes. Em 1984, foram plantadas 400 progênies para seleção e obtenção de um novo ciclo de seleção. A variedade tem sido utilizada por agricultores que preferem grãos brancos. — *Valdemar Naspolini Filho, Elto E. G. Gama, Ronaldo T. Viana, Ricardo Magnavaca.*

população CMS-11. Posteriormente, esta população sofreu dois ciclos de seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos onde, em cada um dos anos agrícolas, foram testadas 400 progênies, em dois locais. Em 1981/82 foram testadas 400 progênies  $S_2$ , em dois locais (Ituiutaba-MG, Guaiúba-SP), obtidas das melhores progênies de irmãos germanos (Quadro 8). Em 1982/83, 72 progênies  $S_2$  foram plantadas para seleção e autofecundação, e destas selecionaram-se 12 linhagens  $S_3$  de grãos tipo duro. Em 1983, uma mistura de sementes destas 12 linhagens, mais 8 linhagens  $S_4$  selecionadas anteriormente através de teste de "top-cross", foram plantadas em lote isolado de recombinação. Das 400 melhores espigas oriundas desta primeira recombinação foram retiradas 40 sementes de cada espiga e foi feita uma mistura. Em 1984, plantou-se parte destas sementes em lote isolado. Deste campo foram selecionadas as melhores 300 plantas e suas sementes misturadas. Assim, foi formado o sintético CMS-11. Este material de grãos tipo duro continuará a ser melhorado utilizando-se o método de Seleção Recorrente Recíproca com o sintético CMS-12.

O sintético CMS-11 será lançado para uso pelos agricultores em 1985, oferecendo aos agricultores uma variedade de grãos duros, porte baixo e produtiva. A continuação de sua seleção, usando método de seleção recorrente recíproca, permitirá a melhoria de heterose entre as duas populações, visando a um programa de obtenção de linhagens e híbridos intervarietais. — *Elto E. G. Gama, Valdemar Naspolini Filho, Ronaldo T. Viana, Ricardo Magnavaca.*

#### MELHORAMENTO DA POPULAÇÃO CMS-12 ATRAVÉS DO MÉTODO DE SELEÇÃO RECORRENTE

O Pool 22 foi introduzido do CIMMYT em 1976/77

QUADRO 7 — Ganhos na seleção de famílias de irmãos germanos do CMS-07. CNPMS. Sete Lagoas, MG.

Limite	$\sigma_p^2$	$\sigma_A^2$	$\hat{h}_x^2$	GS
		(g/p)2	(%)	(%)
Superior ( $\sigma_D^2 = 0$ )	$1/2 \sigma_A^2$	552,57764	37,70	13,34
Inferior ( $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$ )	$3/4 \sigma_A^2$	368,38509	23,80	8,89

$\hat{h}_x^2$  = herdabilidade

GS = ganho da seleção

#### MELHORAMENTO DA POPULAÇÃO CMS-11 ATRAVÉS DO MÉTODO DE SELEÇÃO RECORRENTE

O material Pool 21, introduzido do CIMMYT no ano agrícola 1976/77, foi testado em diferentes áreas produtoras de milho no Brasil e mostrou ter bom potencial de produção. No CNPMS, inicialmente, sofreu um ciclo de seleção massal e recebeu a denominação de

e testado nas diferentes regiões produtoras de milho do Brasil, apresentando bom potencial de produção. No CNPMS, inicialmente, após um ciclo de seleção massal recebeu a denominação de CMS-12. Esta, posteriormente, sofreu dois ciclos de seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos onde, para cada ciclo foram testadas em dois locais 400 progênies. Obtiveram-se 400 progênies  $S_2$  a partir das melhores progênies de irmãos