

CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO ENTRE 15 POPULAÇÕES DE MILHO DE CICLO SUPERPRECOCE NO BRASIL.

Gama, E.E.G.¹; Hallauer, A.R.²; Lopes, M. A.¹; Parentoni, S.N.¹; Santos, M.X.¹ e Guimarães, P.E.O.¹

Populações de milho de ciclo superprecoce são plantadas em áreas de estação curta de plantio e sua utilização vem crescendo gradualmente em regiões tropicais. O objetivo desse estudo foi o de determinar o potencial genético de 15 populações de milho de ciclo superprecoce através de um sistema de cruzamento dialélico. Este material genético foi formado por oito populações introduzidas do CIMMYT e sete populações sintetizadas no CNPMS. Foi utilizado um delineamento de látice triplo 12x12 e os ensaios foram avaliados em 13 ambientes no Brasil. A análise de variância conjunta para produção de grãos (PG), dias para o florescimento masculino (DFM) e altura de planta (AP) mostrou alta significância ($P < 0,01$) para tratamento, parental, heterose parental, heterose específica e interação de primeira ordem com ambiente. A heterose média foi significativa ($P < 0,01$) para DFM e não significativa para AP. A PG média variou de 3187 a 5213 Kg/ha para as populações e de 3041 a 6017 Kg/ha para os cruzamentos. As populações Pool 17 e CMS 52 apresentaram respectivamente o maior e o menor efeito de depressão por endogamia. O maior cruzamento específico para PG foi para Across 8528 x Pool 18. Nenhum dos cruzamentos foi superior aos híbridos comerciais testemunhas para os três caracteres estudados. Não houve associação entre tipo de endosperma e heterose. Os resultados sugerem que estas populações per se ou compostos sintetizados podem ser usados em programas de melhoramento de milho.

¹Pesquisadores EMBRAPA/CNPMS, Caixa Postal 151, Sete Lagoas-MG, 35701 970.

²Department of Agronomy, Iowa State University, Ames, Iowa 50011, USA.

Revisores: P.C. Magalhães (EMBRAPA/CNPMS) e I.A.Pereira Filho (EMBRAPA/CNPMS)