

METODOLOGIA PARA CONVERSÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO DE ENDOSPERMA NORMAL PARA QPM. Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães e Maurício Antônio Lopes. EMBRAPA/CNPMS, Sete Lagoas, MG.

O CIMMYT desenvolveu populações “Quality Protein Maize” (QPM), apresentando grãos de endospermas mais vítreos que o *opaco 2* e qualidade protéica superior aos milhos comuns. Para converter materiais normais em QPM foi utilizado um sistema tradicional de retrocruzamento, junto com seleção recorrente para grãos $o_2 o_2$ mais vítreos pela acumulação de modificadores nas gerações F2, F3 e F4 de cada retrocruzamento. Esta metodologia é eficiente, porém demanda tempo para recuperação do genótipo parental. Propomos uma metodologia que cruza progenitores recorrentes masculinos (selecionados para + o_2): RC1, RC2, RC3, RC4; ... RCN, respectivamente, com fêmeas: F2, RC1 x F2 = (MRC1), MRC2, MRC3, ... MRCN-1. Selecionando-se, em cada etapa, genótipos $o_2 o_2$ mais modificados, e obtendo-se, respectivamente, cerca de (50%), (62%), (75%) e (84%) do genótipo recorrente. Em sete ciclos, no modificado retrocruzamento 4 (MRC4), já é possível a obtenção de cerca de 90% do recorrente com grãos *opaco 2* mais vítreos e de alta qualidade protéica. A recuperação do recorrente poderá ser acelerada, selecionando-se em todas as etapas plantas com suas características. A utilização de marcadores moleculares facilitará intensamente a seleção de plantas masculinas + o_2 e também a rápida recuperação do genótipo recorrente. Por ser prática e rápida na conversão de linhagens e variedades normais elites em QPM, esta metodologia deverá incentivar diversos programas a investirem no melhoramento da qualidade protéica do milho.

CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE 15 POPULAÇÕES DE MILHO DE CICLO SUPERPRECOCE NO BRASIL. Elto Eugenio Gomes e Gama, Arnel Roy Hallauer, Maurício Antônio Lopes, Sidney Neto Parentoni, Manoel Xavier dos Santos e Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães. EMBRAPA/CNPMS, Sete Lagoas, MG.

Populações de milho de ciclo superprecoce são plantadas em áreas de estação curta de crescimento e em condições de uso mais intensivo do solo. A utilização destes materiais vem crescendo gradualmente nas regiões tropicais. O objetivo deste 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 8 populações introduzidas do CIMMYT e 7 populações sintetizadas no CNPMS. Foi utilizado um delineamento de látice triplo 12 x 12 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, 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 efeito específico para PG foi para o cruzamento 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 pelas mesmas, são promissoras para uso em programas de melhoramento de milho.