

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS NA INTERPOPULAÇÃO DE MILHO BR-105 X BR-106 E SUAS IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO<sup>1</sup>

CLÁUDIO L. SOUZA JUNIOR<sup>2</sup>, MANOEL XAVIER DOS SANTOS,  
RICARDO MAGNAVACA e ELTO E. GOMES E GAMA<sup>3</sup>

RESUMO - Avaliou-se o potencial genético das populações de milho (*Zea mays* L.) BR-105 e BR-106 para o melhoramento in interpopulacional. Utilizaram-se progênies de meios-irmãos interpopulacionais, que foram avaliadas em Sete Lagoas, MG, Goiânia, GO e Londrina, PR. A estimativa da heterose para peso de espigas foi de 19,23% e 17,86% em relação à média dos pais e ao pai superior, respectivamente. A variância da interação efeitos aditivos x locais foi 2,49 vezes superior à variância genética aditiva: apesar disto, existe variabilidade genética aditiva suficiente para permitir progresso substancial com seleção para uma ampla região, uma vez que o progresso estimado com seleção recorrente recíproca foi de 7,69%. A probabilidade esperada dos melhores híbridos de linhagens é, em média, 25% e 33% superior ao híbrido interpopulacional, antes e após dois ciclos de seleção, respectivamente. Com base nestes resultados, concluiu-se que estas populações possuem elevado potencial para serem utilizadas em programas de seleção recorrente recíproca e para obtenção de híbridos de linhagens.

Termos para indexação: *Zea mays*, seleção recorrente recíproca, meios-irmãos interpopulacionais.

## GENETIC PARAMETERS IN THE INTERPOPULATION MAIZE CROSS BR-105 X BR-106 AND THEIR IMPLICATIONS IN SELECTION

ABSTRACT - The genetic potential of two maize (*Zea mays* L.) populations BR-105 and BR-106 was evaluated for interpopulation improvement. Half-sib interpopulation progenies were evaluated at three locations: Sete Lagoas, MG, Goiânia, GO and Londrina, PR in Brazil. The estimate of the heterosis for ear weight was 19,23% and 17,86% in relation to the parental means and best parent, respectively. The additive x location interaction variance was 2,49 times superior to the additive genetic variance. The genetic variability was considered sufficient to permit selection progress for a large region because the estimated progress from reciprocal recurrent selection was 7,69%. The expected yield of the best hybrids were 25% and 33% superior to the yield of the interpopulation hybrid, before and after two cycles of selection, respectively. The results indicated that these populations have a good potential for use in breeding programs for reciprocal recurrent selection and production of inbred lines.

Index terms: *Zea mays*, reciprocal recurrent selection, half-sib interpopulation.

## INTRODUÇÃO

Com o objetivo de explorar eficientemente o vigor de híbrido, Comstock et al. (1949) sugeriram a seleção recorrente recíproca. Neste esquema, genótipos de duas populações são avaliados em cruzamentos com a população recíproca, e os

genótipos de cada população que apresentarem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinados entre si. Portanto, visa-se ao melhoramento do híbrido interpopulacional através do melhoramento das populações *per se* e da heterose que se manifesta nos cruzamentos, utilizando a capacidade geral e específica de combinação.

Após a sugestão de Comstock et al. (1949), vários programas de seleção recorrente recíproca foram iniciados (Collier 1959, Thomas & Grisson 1961, Moll & Stuber 1971, entre outros), e os progressos reportados por estes autores variam de

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 16 de outubro de 1992.

<sup>2</sup> Eng.-Agr., Ph.D., Prof. Dep. de Genética, ESALQ-USP, Caixa Postal 83, CEP 13418-900 Piracicaba, SP.

<sup>3</sup> Eng.-Agr., Ph.D. Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo - EMBRAPA, Caixa Postal 151, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG.

3,5% a 7,1% por ciclo de seleção. Apesar de esta metodologia ser considerada muito eficiente por aproveitar todos os efeitos genéticos, não é muito utilizada atualmente, uma vez que diversos inconvenientes devem ter acarretado progressos inferiores aos esperados (Paterniani 1980). Entretanto, novos esquemas têm sido propostos visando a aumentar a eficiência do método original (Paterniani & Vencovsky 1977 e 1978, Hallauer 1984).

Os componentes da variância genética interpopulacional são homólogos aos definidos dentro de cada população (Stuber 1965, Stuber & Cocke 1966), e as magnitudes das estimativas de variância genéticas aditivas interpopulacionais reportadas em milho para diversos caracteres são suficientes para permitir progressos substanciais com a seleção recorrente recíproca (Stuber et al. 1966, Obilana et al. 1979, Miranda Filho & Paterniani 1983, Souza Junior 1983).

A escolha das populações a serem utilizadas em programas de seleção recorrente recíproca devem ser baseadas no comportamento das populações *per se*, na heterose de seus cruzamentos e na variabilidade genética interpopulacional. Este trabalho reporta estimativas destes parâmetros das populações de milho BR-105 e BR-106, visando a conhecer o potencial genético destas populações para a seleção recorrente recíproca.

## MATERIAL E MÉTODOS

Utilizaram-se duas populações de milho do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo - CNPMS/EMBRAPA: BR-105 e BR-106. A população BR-105 possui porte baixo, ciclo precoce, grãos alaranjados duros, e baixa depressão por endogamia. Originalmente foi denominada de Suwan, tendo sido obtida na Tailândia através de seleção entre progênies  $S_1$ . Foi introduzida no Brasil em 1976; já foi submetida a cinco ciclos de seleção com irmãos germanos no Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (EMBRAPA). A população BR-106 possui porte baixo, ciclo precoce e grãos amarelos dentados, segregando em baixa frequência para grãos brancos. Foi obtida pelo intercruzamento das variedades tardias de porte alto: Centralmex, Composto Dentado e Maya, com o BR-108 (Tuxpeño-1), de ciclo precoce e porte baixo; após duas gerações de recombinação, seguiram-se três ciclos de seleção para redução da altura da planta e espiga.

Em maio de 1986, as populações BR-105 e BR-106, denominadas de 1 e 2, respectivamente, foram plantadas em lotes contíguos, com cerca de 2.000 plantas em

cada lote, em espaçamento de 1,0 m entre linhas e 0,40 entre linhas e 0,40 entre plantas dentro de linhas. Por ocasião do florescimento, nas plantas prolíficas selecionadas, as espigas inferiores foram autofecundadas, e as espigas superiores, polinizadas com uma mistura de pólen da outra população. Assim, em cada planta, as espigas superiores forneceram as progênies de meio-irmãos interpopulacionais, e as espigas inferiores, progênies  $S_1$ .

Após a colheita, selecionaram-se as plantas com sementes suficientes para avaliação e recombinação. Assim, obtiveram-se 200 pares de progênies de cada população. As progênies  $S_1$  foram armazenadas em câmara fria e seca, e no ano agrícola de 1985/86 as progênies de meio-irmãos interpopulacionais foram avaliadas em três locais: Sete Lagoas, MG, Londrina, PR e Goiânia, GO, em experimentos distintos para cada população, em látices 10 x 10, com duas repetições por local. Utilizaram-se como testemunhas o híbrido intervarietal BR-301 e o híbrido duplo XL 670, por constituírem materiais de boa aceitação no mercado. As testemunhas e as duas populações originais foram intercaladas no início e fim de cada bloco, alternadamente. As parcelas consistiram em 5 m<sup>2</sup>, com espaçamento de 1,0 e 0,20 m entre e dentro de linhas, respectivamente, perfazendo um total de 25 plantas por parcela após o desbaste (50.000 plantas/hectare). Foram tomados dados de peso de espigas despalhadas, os quais foram corrigidos para 15,5% de umidade; não foram realizadas correções para estandes por haverem ocorrido baixas variações em torno do ideal de 25 plantas por parcela.

Realizaram-se as análises de variância para cada experimento por local e após as análises conjuntas por experimento, considerando-se locais e progênies aleatórios. Em seguida, as análises conjuntas para cada experimento foram agrupadas. Destas análises, obtiveram-se: variâncias genéticas entre progênies ( $\hat{\sigma}_{p12}^2$  e  $\hat{\sigma}_{p21}^2$ ) a partir dos quadrados médios de progênies ( $QM_p$ ) e quadrados médios da interação progênies x locais ( $QM_{pl}$ ):  $\hat{\sigma}_{pl}^2 = (QM_p - QM_{pl}) / rl$ ; variâncias da interação progênies x locais ( $\hat{\sigma}_{pl12}^2$  e  $\hat{\sigma}_{pl21}^2$ ) a partir dos quadrados médios da interação progênies x locais ( $QM_{pl}$ ) e quadrados médios do erro ( $QM_e$ ):  $\hat{\sigma}_{pl}^2 = (QM_{pl} - QM_e) / r$ ; as variâncias fenotípicas entre médias de progênies ( $\hat{\sigma}_{F12}^2$  e  $\hat{\sigma}_{F21}^2$ ):  $\hat{\sigma}_F^2 = QM_p / rl = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_{pl/1}^2 + \hat{\sigma}_{e/rl}^2 + \hat{\sigma}_{d/nrl}^2$ , onde n, r e l referem-se ao número de plantas por parcela, repetições e locais, respectivamente. Em virtude de não serem tomados os dados de plantas individuais, considerou-se a

relação  $\hat{\sigma}_d^2 = 10\hat{\sigma}_e^2$ , sendo  $\hat{\sigma}_d^2$  a estimativa da variância fenotípica dentro de progênies.

A partir destas estimativas, obtiveram-se:

$\hat{\sigma}_{A12}^2 = 4\hat{\sigma}_{p12}^2$  - Variâncias genéticas aditivas interpopulacionais que surgem quando as

$\hat{\sigma}_{A21}^2 = 4\hat{\sigma}_{p21}^2$  populações 2 e 1 são utilizadas como machos nos cruzamentos, respectivamente;

$\hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 1/2(\hat{\sigma}_{A12}^2 + \hat{\sigma}_{A21}^2)$  - Variância genética aditiva interpopulacional;

$\hat{\sigma}_{A112}^2 = 4\hat{\sigma}_{p112}^2$  - Variâncias da interação efeitos adi-

$\hat{\sigma}_{A121}^2 = 4\hat{\sigma}_{p121}^2$  - tivos x locais;

$\hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 1/2(\hat{\sigma}_{A112}^2 + \hat{\sigma}_{A121}^2)$  - Variância genética interpopulacional aditiva x local;

$\hat{h}_{X12}^2 = (\hat{\sigma}_{p12}^2 / \hat{\sigma}_{F12}^2) \cdot 100$  - Herdabilidade ao nível

$\hat{h}_{X21}^2 = (\hat{\sigma}_{p21}^2 / \hat{\sigma}_{F21}^2) \cdot 100$  de progênies de meio-irmãos (interpopulacional);

$G_s = d_{s12}(1/4)(\sigma_{A12}^2 / \sigma_{F12}^2) + d_{s21}(1/4)(\sigma_{A21}^2 / \sigma_{F21}^2)$

- Progresso genético esperado com seleção recorrente recíproca com progênies de meio-irmãos e recombinação de  $S_1$ .

Os subíndices 12 e 21 referem-se aos cruzamentos entre as populações, onde o primeiro algarismo indica a população utilizada como fêmea, e o segundo, a população utilizada como macho. Na expressão do progresso esperado,  $d_s$  refere-se ao diferencial de seleção.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As populações BR-105 e BR-106 foram 8.23% e 6.07% menos produtivas que o híbrido duplo XL 670, enquanto o híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 apresentou uma produtividade 10.7% mais alta que o XL 670 (Tabela 1). Estas produtividades correspondem a 6.87; 7.03; 8.29 e 7.49 t/ha para BR-105, BR-106, BR-105 x BR-106 e XL 670, respectivamente. Verifica-se que o híbrido interpopulacional superou as testemunhas graças à heterose que se manifestou no cruzamento.

A heterose para peso de espigas, em relação à média dos pais  $h_{mp} = 19.23\%$ , corresponde a 1,36 t/ha; e em relação ao pai superior (BR-106)  $h_{ps} = 17.86\%$ , correspondente a 1,28 t/ha (Tabela 1). Em relação à média dos pais, em percentagem, a heterose observada é de magnitude semelhante às heteroses relatadas por Robinson et

**TABELA 1.** Valores médios obtidos para peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas populações, híbridos interpopulacionais, testemunhas e heterose em relação à média dos pais ( $h_{mp}$ ) e em relação ao pai superior ( $h_{ps}$ ).

População	PE (g/planta)	AP (cm/planta)	AE (cm/planta)
BR-105	139,97	192,71	114,86
BR-106	143,26	204,46	114,46
BR-105 x BR-106 <sup>a</sup>	168,47	201,50	121,64
BR-106 x BR-105 <sup>b</sup>	169,21	208,08	127,48
(a + b) <sup>2</sup>	168,84	204,79	124,56
$h_p$	27,23(19,23)	6,20(3,12)	6,10(5,15)
$h_{ps}$	25,58(17,86)	0,33(0,16)	2,51(2,06)
Testemunhas: BR-301	151,05	190,43	114,68
XL 670	152,52	209,73	126,11

<sup>a</sup> BR-105 utilizada como fêmea.

<sup>b</sup> BR-106 utilizada como fêmea.

Valores entre parênteses: heterose em percentagem.

al. (1958), Eberhart (1971) e Hallauer (1972); e em relação ao pai superior, a heterose observada é muito superior às obtidas por Souza Júnior (1983) e Souza Júnior & Zinsly (1985).

Moll et al. (1962, 1965) verificaram a existência de estreita relação entre a magnitude da heterose e a divergência genética das populações parentais, enquanto Cress (1966) concluiu que a ausência de heterose não significa que não existe divergência genética, mas sua presença evidencia a diversidade genética. Dessa maneira, estas populações devem ser muito divergentes geneticamente, haja vista a magnitude da heterose observada. Além disso, deve-se considerar que é incomum cruzamentos entre populações muito produtivas apresentarem níveis de heterose muito elevados (Hallauer & Miranda Filho 1981).

A diversidade genética é uma das condições para a escolha de populações para programas de seleção recorrente recíproca, uma vez que neste esquema, além do melhoramento das populações *per se*, espera-se um aumento na heterose com os ciclos de seleção (Miranda Filho & Paterniani 1983, Souza Júnior 1983), conforme pode ser visto na Tabela 1.

Outro aspecto a considerar é que a heterose só pode ser utilizada para fins comerciais se for positiva em relação à população parental superior, isto é, quando a produtividade do híbrido ultrapassa a população parental mais produtiva. Em relação ao pai superior, a heterose é expressa por  $h_{ps} = \sum_i (r_i - p_i) \alpha_i$ , onde  $r_i$  e  $p_i$  referem-se às frequências dos alelos favoráveis na população inferior e superior, respectivamente, e  $\alpha_i$  é o efeito de uma substituição gênica na população superior (Souza Júnior 1983). Portanto, para a  $h_{ps}$  ser positiva é necessário que os alelos favoráveis, cujas frequências são baixas na população superior, tenham elevadas frequências na população inferior. Conseqüentemente, a população inferior complementa a superior, e o híbrido oriundo deste cruzamento acumulará mais alelos favoráveis que a população superior.

A heterose em relação à população parental superior (BR-106) é de magnitude muito elevada:  $h_{ps} = 1,28$  t/ha (17,86%), e portanto, a população inferior (BR-105) complementa satisfatoriamente a população BR-106, acarretando a elevada produtividade do híbrido BR-105 x BR-106, o qual pode ser utilizado comercialmente.

Os resultados obtidos nas análises de variâncias (Tabela 2) mostram a existência de variação genética entre as progênies, e detectou-se, também, significância para a interação progênies x locais, indicando que o comportamento das pro-

gênies nos três locais não devem ser consistentes. Isto já era esperado, uma vez que os locais escolhidos, e que são representativos da área ser abrangida pelo programa de melhoramento, são muito distantes entre si e diferem quanto ao regime de chuvas, e ao tipo e fertilidade dos solos. Os coeficientes de variação experimental (11,33% e 8,99%) podem ser considerados bons para este tipo de experimentação; isto deve-se ao fato de o número final de plantas por parcela (estande) permanecer muito próximo do ideal (25 plantas/parcela); a média dos três locais foi de 24,55 plantas por parcela.

As estimativas dos parâmetros genéticos (Tabela 3) mostraram que os valores das variâncias genéticas entre progênies ( $\hat{\sigma}_{p12}^2$  e  $\hat{\sigma}_{p21}^2$ ), variâncias genéticas aditivas ( $\hat{\sigma}_{A12}^2$  e  $\hat{\sigma}_{A21}^2$ ) e coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênies ( $\hat{h}_{\bar{X}12}^2$  e  $\hat{h}_{\bar{X}21}^2$ ) são muito próximos para as duas populações, com ligeira superioridade quando a população BR-106 é utilizada como fêmea.

Na Tabela 4 encontra-se amplitude de variação das progênies selecionadas, diferenciais de seleção e progresso esperado com seleção. A média das 40 progênies selecionadas de cada tipo de cruzamento, correspondente a uma intensidade de seleção de 20%, são de 189,81 e 189,85 g/planta

**TABELA 2.** Valc.res, significâncias e esperanças dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, agrupadas por experimento, para peso de espigas despalhadas, das progênies de meios-irmãos interpopulacionais<sup>a</sup>.

F.V.	QM			
	G.L.	BR-105	BR-106	E(Q.M.) <sup>b</sup>
Locais (L) Exp.	3	34147,3701	13348,6909	
Progênies (P) Exp.	198	704,7988**	665,4956**	$\sigma^2 + r\sigma_{pl}^2 + rl\sigma_p^2$
P x L/Exp.	396	499,8694*	447,0263**	$\sigma^2 + r\sigma_{pl}^2$
Erro médio	486	364,4934	231,5081	$\sigma^2$
C.V. (%)		11,33	8,99	

<sup>a</sup> BR-105 e BR-106 são testadores recíprocos.

<sup>b</sup>  $\sigma^2 = \sigma_d^2 / n + \sigma_e^2$ ;

\*\* p < 0,01.

( $\cong 9,32$  t/ha) e os diferenciais de seleção (21,34 e 20,64 g/planta) correspondem a cerca de 1,0 ton/ha. O progresso esperado por seleção recor-

**TABELA 3.** Estimativas obtidas na interpopulação das variâncias genéticas ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e interações com locais ( $\hat{\sigma}_{pl}^2$ ), variâncias genéticas aditivas ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) e interações com locais ( $\hat{\sigma}_{Al}^2$ ) variâncias fenotípicas entre médias de progênies ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e herdabilidade ao nível de médias de progênies de meio-irmãos ( $\hat{h}_X^2$ ), para peso de espigas, dos cruzamentos entre as populações <sup>a</sup>BR-105 x BR-106.

Parâmetros	BR-105	BR-106
$\hat{\sigma}_p^2$	34,1549	36,4116
$\hat{\sigma}_{pl}^2$	67,6880	107,7591
$\hat{\sigma}_A^2$	136,6196	145,6464
$\hat{\sigma}_{Al}^2$	270,7520	431,0364
$\hat{\sigma}_F^2$	117,4665	110,9159
$\hat{h}_X^2$ (%)	29,08	32,83
$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$	141,1330	
$\hat{\sigma}_{Al(12)}^2$	350,8942	

<sup>a</sup> BR-105 e BR-106 são testadores recíprocos.

**TABELA 4.** Valores médios (gramas/planta) obtidos para: amplitude de variação das progênies, média das progênies selecionadas ( $\bar{X}_{ps}$ ), diferencial de seleção ( $d_s = \bar{X}_{ps} - \bar{X}_p$ ) e, progresso esperado ( $G_s$ ) com seleção no híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106.

Parâmetros	Valores médios (g/planta)	
	BR-105	BR-106
Amplitude	129,78 a 209,90	121,05 a 215,95
$X_{ps}$	189,81	189,85
$d_s$	21,34	20,64
$G_s$	12,98(7,69%)	

rente recíproca com progênies de meio-irmãos e recombinação de plantas  $S_1$  (Comstock et al. 1949) foi de 12,9 g/planta (637,32 kg/ha), o que corresponde a 7,69% em relação ao híbrido interpopulacional.

A média esperada do híbrido interpopulacional após um ciclo de seleção recorrente recíproca é de 181,82 g/planta (8,93 t/ha), que é 28,39% superior às populações parentais originais, sendo 9,16% graças ao progresso com seleção e 19,23% graças à heterose que se manifesta no cruzamento entre as populações originais. Além disso, pratica-se seleção para prolificidade por ocasião da obtenção das progênies, e, graças à forte correlação genética aditiva entre prolificidade e produtividade (Lonnquist 1967, Souza Júnior et al. 1985), devem-se esperar progressos adicionais na produtividade, uma vez que a expressão que fornece o progresso esperado não considera este aspecto.

A estimativa da variância da interação efeitos aditivos x locais ( $\hat{\sigma}_{Al(12)}^2 = 350,8942$ ) é 2,49 vezes maior que a estimativa da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 141,1330$ ). A  $\hat{\sigma}_{Al(12)}^2$  correspondente à covariância genética aditiva interpopulacional entre as progênies nos três ambientes é, portanto, a que será aproveitada na seleção realizada com base nas médias das progênies dos três ambientes. Portanto, a presença do valor relativamente elevado da interação  $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ , não implica que o melhoramento deva ser feito para cada local separadamente, uma vez que a magnitude da  $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ , e os coeficientes de herdabilidade ao redor de 30% permitirão progressos substanciais com seleção (Tabela 4), melhorando o híbrido interpopulacional para uma ampla região.

O desempenho de um híbrido interpopulacional representa o comportamento médio de todos os híbridos (simples, duplos ou triplos) possíveis oriundos de cruzamentos entre linhagens endógamas das populações parentais (Comstock 1964). Portanto, a presença de um híbrido interpopulacional muito produtivo mostra que se podem obter híbridos de cruzamentos entre linhagens endógamas de cada população que excedam em muito a produtividade do híbrido interpopulacional.

Para investigar este aspecto, estimaram-se os valores esperados dos híbridos simples e duplos

mais produtivos oriundos de cruzamentos entre linhagens das duas populações, antes e após dois ciclos de seleção recorrente recíproca. Para isto, utilizaram-se as propriedades da distribuição normal, considerando-se inalteradas as variâncias genéticas e fenotípicas com os ciclos de seleção, uma amostra de 500 híbridos e as seguintes relações:  $\sigma_{HD} = (1.18) [(\sigma_{F_{12}} + \sigma_{F_{21}})/2]$  e  $\sigma_{HS} = (1.43) [(\sigma_{F_{12}} e \sigma_{F_{21}})/2]$  (Souza Junior 1983), onde  $\sigma_{HD}$  e  $\sigma_{HS}$  correspondem aos desvios-padrões fenotípicos entre médias de híbridos duplos e simples, respectivamente.

Para as populações não selecionadas, encontram-se 207,30 e 215,44 g/planta para o híbrido duplo e simples mais produtivos, e que são 22,78% e 27,60% superiores ao híbrido interpopulacional, respectivamente. Após dois ciclos de seleção, encontraram-se 220,28 e 228,42 g/planta para o híbrido duplo e simples mais produtivos, e que são 30,47% e 35,29% mais produtivos que o híbrido interpopulacional, respectivamente. Uma vez que o híbrido interpopulacional é mais produtivo que o híbrido duplo comercial (XL 670), verifica-se o elevado potencial destas populações para um programa de híbridos de linhagens.

Com relação aos caracteres altura da planta e espiga, verifica-se que o híbrido interpopulacional possui porte semelhante ao híbrido duplo XL 670 e valores de heterose baixos, principalmente em relação à população parental superior (BR-106). Para estes caracteres, não foram apresentados dados de variabilidade genética interpopulacional e progressos esperados com seleção recorrente recíproca, dado o fato de que, nos caracteres de alta herdabilidade, a seleção massal é muito mais eficiente que a seleção recorrente recíproca e, portanto, tais caracteres devem ser selecionados apenas por ocasião da obtenção das progênes (Hallauer & Miranda Filho 1981, Souza Junior 1983).

As elevadas produtividades das populações *per se* e do híbrido interpopulacional, a heterose para peso de espigas relativamente alta, o porte das plantas semelhantes às testemunhas, a boa magnitude da variabilidade genética e do progresso com seleção, bem como a possibilidade de obtenção de híbridos de linhagens muito produtivos, evidenciam o potencial destas populações para serem uti-

lizadas em programas de seleção recorrente recíproca e de híbridos de linhagens.

## REFERÊNCIAS

- COLLIER, J.W. Three cycles of reciprocal recurrent selection. **Proceedings of the Hybrid Corn Industry Research Conference**, v.14, p.12-23, 1959.
- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. **Proceedings of the Hybrid Corn Industry Research Conference**, v.19, p.87-94, 1964.
- 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**, v.41, p.360-367, 1949.
- CRESS, C.E. A comparison of recurrent selection systems. **Genetics**, v.54, p.1371-1379, 1966.
- EBERHART, S.A. Regional maize diallels with U.S. and semi-exotic varieties. **Crop Science**, v.11, p.911-914, 1971.
- HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib selection in maize. **Crop Science**, v.24, p.755-759, 1984.
- HALLAUER, A.R. Third phase in the yield evaluation of synthetic varieties of maize. **Crop Science**, v.12, p.16-18, 1972.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 1981. 468p.
- LONNQUIST, J.H. Mass selection for prolificacy in maize. **Der Zuchter**, v.37, p.185-188, 1967.
- MIRANDA FILHO, J.B.; PATERNIANI, E. Intra and interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. **Revista Brasileira de Genética**, v.6, p.15-27, 1983.
- MOLL, R.H.; LONNQUIST, J.H.; FORTUNO, J.V.; JOHNSON, E.C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. **Genetics**, v.58, p.139-144, 1965.
- MOLL, R.H.; SALHUANA, W.S.; ROBINSON, H.F. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. **Crop Science**, v.2, p.197-198, 1962.
- MOLL, R.H.; STUBER, C.W. Comparisons of response of two alternative selection procedures

- initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.11, p.706-711, 1971.
- OBILANA, A.T.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Estimated genetic variability in a maize inter-population. **Journal of heredity**, v.70, p.127-132, 1979.
- PATERNIANI, E. Seleção recorrente recíproca. **Actas IV Congresso Latinoamericano Genética**, v.2, p.445-452, 1980.
- PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcross of half-sib families. **Maydica**, v.22, p.141-152, 1977.
- PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.23, p.209-219, 1978.
- ROBINSON, H.F.; KHALIL, A.; COMSTOCK, R.E.; COCKERHAM, C.C. Joint interpretation of heterosis and genetic variances in two open-pollinated varieties of corn and their crosses. **Genetics**, v.67, p.137-149, 1958.
- SOUZA JUNIOR, C.L. **Variabilidade genética em (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional**. Piracicaba: ESALQ, 1983. 151p. Tese de Doutorado.
- SOUZA JUNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Influence of tassel size on the expression of prolificacy in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.30, p.321-328, 1985.
- SOUZA JUNIOR, C.L.; ZINSLY, J.R. Relative genetic potential of brachytic maize (*Zea mays* L.) varieties as breeding populations. **Revista Brasileira de Genética**, v.8, p.523-533, 1985.
- STUBER, C.W. **Characterization and estimation of genetic interpopulation formed by crossing two populations of maize**. Raleigh: North Carolina State University, 1965. 105p. Tese de Doutorado.
- STUBER, C.W.; COCKERHAM, C.C. Gene effects and variances in hybrid populations. **Genetics**, v.54, p.1279-1286, 1966.
- STUBER, C.W.; MOLL, R.H.; HANSON, W.D. Genetic variances and interrelation-ship of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. **Crop Science**, v.6, p.455-458, 1966.
- THOMAS, W.I.; GRISSON, D.G. Cycle evaluation of reciprocal recurrent selection for popping volume, grain yield and resistance to root lodging in popcorn. **Crop Science**, v.1, p.197-200, 1961.