

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES
FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E
NUTRICIONAIS DE GENÓTIPOS DE MILHO**

TESE DE DOUTORADO

Bruna Mendonça Alves

Santa Maria, RS, Brasil

2015

**CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES
FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E
NUTRICIONAIS DE GENÓTIPOS DE MILHO**

Bruna Mendonça Alves

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de
Doutor em Agronomia

Orientador: Prof. Dr. Alberto Cargnelutti Filho

Santa Maria, RS, Brasil

2015

Ficha catalográfica elaborada através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Central da UFSM, com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Alves, Bruna Mendonça
Correlações canônicas entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais de genótipos de milho / Bruna Mendonça Alves.-2015.
97 f.; 30cm

Orientador: Alberto Cargnelutti Filho
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, RS, 2015

1. Zea mays L. 2. Análise multivariada 3. Qualidade nutricional I. Cargnelutti Filho, Alberto II. Título.

© 2015

Todos os direitos autorais reservados a Bruna Mendonça Alves. A reprodução de partes ou do todo deste trabalho só poderá ser feita mediante a citação da fonte.

E-mail: brunamalves11@gmail.com

Universidade Federal de Santa Maria
Centro de Ciências Rurais
Programa de Pós-Graduação em Agronomia

A Comissão Examinadora, abaixo assinada,
aprova a Tese de Doutorado

**CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES
FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS
DE GENÓTIPOS DE MILHO**

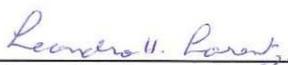
elaborada por
Bruna Mendonça Alves

como requisito parcial para obtenção do grau de
Doutor em Agronomia

COMISSÃO EXAMINADORA:



Alberto Cargnelutti Filho, Dr. (UFSM)
(Presidente/Orientador)



Leandro Homrich Lorentz, Dr. (UNIPAMPA)



Lindolfo Storck, Dr. (UTFPR)



Maria Helena Rigão, Dr. (UFSM)



Sidinei José Lopes, Dr. (UFSM)

Santa Maria, 18 de dezembro de 2015.

Ao meu orientador, **Dr. Alberto Cargnelutti Filho**

Aos meus pais, **Luiz Augusto Franco Alves** e **Marilene Mendonça Alves**

A minha irmã, **Darlene Mendonça Alves**

Dedico este trabalho!

AGRADECIMENTOS

À Deus pela vida, pela sabedoria e por todas as oportunidades e desafios.

Aos meus pais, Luiz Augusto e Marilene, pelo exemplo de caráter, amor e apoio incondicional em todos os momentos da minha vida, e em mais essa etapa. Sou eternamente grata a vocês! Amo vocês!

A minha irmã Darlene, pela amizade, carinho e constantes palavras de incentivo.

Ao Luis Henrique, pelo amor, apoio, incentivo e compreensão.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Alberto Cargnelutti Filho, por ter acreditado no meu potencial e por todas as oportunidades que me deu, pela orientação, incentivo, confiança e amizade.

A Universidade Federal de Santa Maria e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia.

A empresa Adisseo Brasil, na pessoa do Sr. Washington Neves, pela realização das análises laboratoriais.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudos.

A minha amiga Cláudia Burin pela amizade e companheirismo.

Aos amigos e colegas do grupo de pesquisa em Experimentação Agrícola: Giovani Facco, André Lavezo, Cleiton Antonio Wartha, Ismael Mário Márcio Neu, Jéssica Andiará Kleinpaul, Daniela Lixinski Silveira, Fernanda Martins Simões, Gabriela Görgen Chaves, Daniela Barbieri Uliana, Cláudia Marques de Bem, Denison Esequiel Schabarum, Rafael Vieira Pezzini, Diego Nicolau Follmann, Lucas Stefanelo e todos os demais componentes do grupo de pesquisa que tive o prazer de conviver durante a realização do doutorado.

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia, em especial ao João Colpo.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho, o meu muito obrigada!

RESUMO GERAL

Tese de Doutorado
Programa de Pós-Graduação em Agronomia
Universidade Federal de Santa Maria

CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS DE GENÓTIPOS DE MILHO

AUTORA: BRUNA MENDONÇA ALVES

ORIENTADOR: ALBERTO CARGNELUTTI FILHO

Data e Local da Defesa: Santa Maria, 18 de dezembro de 2015.

O presente trabalho teve como objetivo verificar por meio da análise de correlação canônica, se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais proteicos e nutricionais energéticos em genótipos de milho de ciclo precoce, de ciclo superprecoce e transgênicos. Três experimentos foram realizados no ano agrícola 2009/2010, na área experimental do Departamento de Fitotecnia, na Universidade Federal de Santa Maria, no delineamento blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 76 genótipos de milho (36 precoces, 22 superprecoces e 18 transgênicos). Os caracteres mensurados em cada grupo canônico foram: fenológicos - número de dias da semeadura até o florescimento masculino e número de dias da semeadura até o florescimento feminino; morfológicos - altura de planta na colheita, altura de inserção de espiga na colheita e posição relativa da espiga; produtivos - número de plantas, número de espigas, índice de espiga, peso de espiga, produtividade de grãos e peso de mil grãos; nutricionais proteicos - proteína bruta, lisina, metionina, cisteína, treonina, triptofano, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina; nutricionais energéticos - energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio, extrato etéreo, amido e amilose. Para cada caractere foi realizada a análise de variância. Foi determinada a matriz de coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres e realizado o diagnóstico de multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres. Posteriormente, para os genótipos de ciclo precoce, superprecoce e transgênicos foi realizada a análise de correlação canônica entre os seguintes grupos: fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos, produtivos e nutricionais proteicos, fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos. Em genótipos de ciclo superprecoce a correlação canônica significativa entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos e entre produtivos e nutricionais proteicos indica dependência linear. Em genótipos de ciclo precoce, existe dependência linear entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos e em genótipos superprecoces a correlação canônica significativa entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e nutricionais energéticos, indica dependência linear. Em genótipos transgênicos há dependência linear entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos.

Palavras-chave: *Zea mays* L.. Análise multivariada. Qualidade nutricional.

GENERAL ABSTRACT

Doctoral Thesis
Programa de Pós-Graduação em Agronomia
Universidade Federal de Santa Maria

CANONICAL CORRELATION AMONG PHENOLOGICAL, MORPHOLOGICAL, PRODUCTIVE, AND NUTRITIONAL TRAITS IN GENOTYPES OF MAIZE

AUTHOR: BRUNA MENDONÇA ALVES
ADVISOR: ALBERTO CARGNELUTTI FILHO
Local and Date: Santa Maria/RS, December 18th, 2015.

The aim of this study was to identify through canonical correlation analysis if there is linear dependence among the phenological, morphological, and productive traits with protein-nutritional and energetic-nutritional traits in early maturing, super-early maturing, and transgenic maize genotypes. Three experiments were carried out in the agricultural year of 2009/2010 at the experimental area of the Plant Science department, in the Federal University of Santa Maria. The experiments were designed utilizing the randomized block design with three repetitions. In total, 76 maize genotypes were evaluated (36 early maturing, 22 super-early maturing, and 18 transgenic genotypes). The following traits were measured in each canonical group: phenological - number of days from sowing until male flowering and number of days from sowing until female flowering; morphological - plant height at harvest, ear insertion height at harvest, and relative ear placement; productive - number of plants, number of ears, ear index, ear weight, grain yield, and thousand grains weight; protein-nutritional - crude protein, lysine, methionine, cysteine, threonine, tryptophan, valine, isoleucine, leucine, phenylalanine, histidine and arginine; and energetic-nutritional - apparent metabolizable energy corrected for nitrogen, ether extract, starch, and amylose. The variance analysis was performed for each trait. It was determined the matrix of phenotypic correlation coefficients among the traits and the multicollinearity diagnosis was conducted within each group of traits. Posteriorly, it was held canonical correlation analysis for the early maturing, super-early maturing, and transgenic maize genotypes, within the following groups: phenological and protein-nutritional, morphological and protein-nutritional, productive and protein-nutritional, phenological and energetic-nutritional, morphological and energetic-nutritional, and productive and energetic-nutritional. In super-early maturing genotypes, the significant canonical correlation between phenological and protein-nutritional traits and between productive and protein-nutritional traits indicates linear dependence. In early maturing genotypes, there is linear dependence between phenological and energetic-nutritional traits. Furthermore, in super-early maturing genotypes, the significant canonical correlation between phenological, morphological, and productive traits and energetic-nutritional traits indicates linear dependence. Moreover, there is linear dependence between phenological and energetic-nutritional traits in transgenic genotypes.

Key words: *Zea mays* L.. Multivariate analysis. Nutritional quality.

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

- Tabela 1** - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica⁽²⁾ entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos de 36 genótipos de milho de ciclo precoce, no ano agrícola 2009/2010.47
- Tabela 2** - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica⁽²⁾ entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos de 22 genótipos de milho de ciclo superprecoce, no ano agrícola 2009/2010.....48
- Tabela 3** - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos e produtivos e nutricionais proteicos de 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.49
- Tabela 4** - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos e produtivos e nutricionais proteicos de 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.50

CAPÍTULO II

- Tabela 1** - Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo, média, mínimo, máximo, coeficiente de variação (CV), acurácia seletiva (AS) e valor-p dos testes de atendimento às pressuposições de análise de variância, valor-p do teste de Kolmogorov-Smirnov para normalidade da distribuição dos erros (Norm) e valor-p do teste de qui-quadrado do teste de Bartlett para homogeneidade de variâncias residuais (Homog), para caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de milho, de um experimento com 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.69
- Tabela 2** - Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo, média, mínimo, máximo, coeficiente de variação (CV), acurácia seletiva (AS) e valor-p dos testes de atendimento às pressuposições de análise de variância, valor-p do teste de Kolmogorov-Smirnov para normalidade da distribuição dos erros (Norm) e valor-p do teste de qui-quadrado do teste de Bartlett para homogeneidade de variâncias residuais (Homog), para caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de milho, de um experimento com 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.70

- Tabela 3** - Correlações fenotípicas⁽¹⁾ entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de 36 genótipos de milho de ciclo precoce (diagonal superior) e de 22 genótipos de milho de ciclo superprecoce (diagonal inferior), no ano agrícola 2009/2010.71
- Tabela 4** - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos de 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.72
- Tabela 5** - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos de 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.73

CAPÍTULO III

- Tabela 1** - Matriz de coeficientes de correlação fenotípica⁽¹⁾ entre 27 caracteres de 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010.90
- Tabela 2** - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos, produtivos e nutricionais proteicos de 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010.91
- Tabela 3** - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos, produtivos e nutricionais energéticos de 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010.92

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

- Figura 1** - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos, de um experimento com 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.43
- Figura 2** - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres nutricionais proteicos, de um experimento com 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.44
- Figura 3** - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos, de um experimento com 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.45
- Figura 4** - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres nutricionais proteicos, de um experimento com 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.46

CAPÍTULO III

- Figura 1** - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos, de um experimento com 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.88
- Figura 2** - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres nutricionais proteicos, de um experimento com 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.89

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AE – altura de inserção de espiga
AMD – amido
AMEn – energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio
AML – amilose
AP – altura de planta
Arg – arginina
AS – acurácia seletiva
CV – coeficiente de variação
Cys – cisteína
EE – extrato etéreo
Fc – valor do teste F
FEPAGRO – Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária
FF – número de dias da semeadura até o florescimento feminino
FM – número de dias da semeadura até o florescimento masculino
His – histidina
Homog – homogeneidade de variâncias residuais
IE – índice de espiga
Ile – isoleucina
Leu – leucina
Lys – lisina
Met – metionina
NC – número de condição
NE – número de espigas
NIRS – Espectroscopia de Refletância no Infravermelho Próximo
Norm – normalidade dos erros
NP – número de plantas
PB – proteína bruta
PE – peso de espiga
Phe – fenilalanina
PMG – peso de mil grãos
PRE – posição relativa da espiga
PROD – produtividade de grãos
Thr – treonina
Trp – triptofano
UFMS – Universidade Federal de Santa Maria
Val – valina
VIF – fator de inflação da variância

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	14
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	17
2.1	Cultura de milho (<i>Zea mays</i> L.)	17
2.2	Relações lineares entre caracteres	19
2.2.1	Correlação linear	19
2.2.2	Correlação canônica	20
3	CAPÍTULO I - RELAÇÕES LINEARES ENTRE CARACTERES FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS PROTEICOS EM GENÓTIPOS DE MILHO DE CICLO PRECOCE E SUPERPRECOCE	23
	RESUMO	23
	ABSTRACT	24
3.1	INTRODUÇÃO	25
3.2	MATERIAL E MÉTODOS	27
3.2.1	Experimentos em campo	27
3.2.2	Mensuração das variáveis e procedimentos laboratoriais	28
3.2.3	Análise de variância e histogramas de frequência.....	29
3.2.4	Matriz de coeficientes de correlação fenotípica e diagnóstico de multicolinearidade.....	29
3.2.5	Análise de correlação canônica	30
3.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
3.3.1	Análise de variância e histogramas de frequência.....	31
3.3.2	Matriz de coeficientes de correlação fenotípica e diagnóstico de multicolinearidade.....	35
3.3.3	Análise de correlação canônica	37
3.4	CONCLUSÕES	38
3.5	REFERÊNCIAS	39
4	CAPÍTULO II - ASSOCIAÇÕES LINEARES ENTRE CARACTERES FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS ENERGÉTICOS EM MILHO	51
4.1	INTRODUÇÃO	53
4.2	MATERIAL E MÉTODOS	55
4.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	58
4.4	CONCLUSÕES	64
4.5	REFERÊNCIAS	65
5	CAPÍTULO III - CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS EM GENÓTIPOS TRANSGÊNICOS DE MILHO	74
5.1	INTRODUÇÃO	76

5.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	77
5.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	80
5.4	CONCLUSÕES	84
5.5	REFERÊNCIAS	85
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	93
	REFERÊNCIAS GERAIS	94

1 INTRODUÇÃO GERAL

O milho (*Zea mays* L.) está entre os cereais mais cultivados em nível mundial. No Brasil, o cultivo de milho tem importância econômica e social, e o país é o terceiro maior produtor de grãos. Na safra 2014/2015, da produção total de grãos de milho, o Brasil contribuiu com 84,73 milhões de toneladas, em uma área cultivada de 15,74 milhões de hectares (CONAB, 2015). No Brasil as regiões Centro-Oeste, Sul e Sudeste contribuem com o maior percentual da produção total. A produtividade média do Rio Grande do Sul foi de 6,56 toneladas por hectare, valor superior a produtividade média brasileira que foi de 5,38 toneladas por hectare. No Rio Grande do Sul, da safra 2013/2014 para a safra 2014/2015 houve redução na área plantada. No entanto, houve expressivo incremento na produtividade de grãos, na ordem de 1,02 toneladas por hectare (CONAB, 2015).

Devido a grande parte da produção ser destinada a alimentação humana e animal, especialmente como fonte proteica e energética de rações, a caracterização produtiva e nutricional de grãos é de grande importância. Os programas de melhoramento genético de milho têm buscado o aumento da produtividade de grãos sem, contudo, prejudicar a composição nutricional dos grãos. Porém, é conhecido que a seleção de plantas mais produtivas apresenta relação inversa com os teores de alguns componentes nutricionais de interesse (DUVICK, 2005).

Os grãos de milho apresentam em média, cerca de 70 a 75% de carboidratos, 3 a 5% de lipídeos, 9% de fibras e 8 a 11% de proteínas (LANDRY et al., 2005). Embora seja desejada a seleção de grãos com maiores teores de proteínas, é importante um teor de amido adequado, pois o mesmo corresponde a um expressivo valor percentual de ingestão diária de dietas humana e animal.

Embora a produtividade de grãos seja o item mais importante, como caractere mais sustentável da cultura, em programas de melhoramento genético de milho, outros caracteres merecem a atenção dos melhoristas, como os fenológicos, morfológicos e nutricionais. A caracterização nutricional (proteica e energética) de grãos de milho pode ser realizada de maneira rápida, confiável e não destrutiva por meio da técnica NIRS (*Near Infrared Spectroscopy Reflectance*). É uma técnica amplamente utilizada, especialmente em indústrias, pois dispensa o uso de produtos

químicos, reduz o tempo de análise e permite que várias determinações sejam realizadas ao mesmo tempo (DALE et al., 2010). No entanto, é necessário equipamento de alto custo e mão de obra especializada (RAHMAN et al., 2015).

Diante disso, torna-se de fundamental importância o conhecimento das relações lineares existentes entre esses grupos de caracteres em genótipos de milho. O estudo de relações lineares possibilita identificar, precocemente, genótipos que apresentem caracteres de interesse, principalmente quando a seleção de um caractere é dificultada. Também, pela sua dificuldade de medição e identificação, ou pelo seu alto custo financeiro ou até mesmo pela sua baixa herdabilidade (CRUZ; REGAZZI, 1997).

As complexas associações lineares, por exemplo, entre os grupos de caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais de milho, dificultam a classificação da importância individual de cada caractere dentro do grupo ou entre os grupos. Essa é uma informação de caráter multidimensional, devido aos antagonismos e interações entre os caracteres, e outros fatores abióticos, a qual dificulta o trabalho de melhoristas na seleção de genótipos superiores. Diante disso, a análise de correlação canônica é um procedimento estatístico multivariado que permite verificar estas correlações lineares existentes entre dois grupos ou conjuntos de variáveis (X e Y) (JOHNSON; WICHERN, 1998).

Alguns trabalhos, os quais foram realizados utilizando a análise de correlação canônica: avaliando populações híbridas de *Tripsacum*-milho, Lemos et al. (2005) verificaram por meio da correlação canônica que o caractere altura de plantas e altura de inserção de espiga estão associados a uma redução na produção de grãos, indicando a seleção indireta de plantas com porte reduzido. Caracteres de tubérculos de batata foram estudados por Rigão et al. (2009) e verificaram por meio da correlação canônica que existe associação entre as medidas dos caracteres de tubérculos plantados e colhidos nas três primeiras gerações clonais de batata. Em mamoneira, Brum et al. (2011) avaliaram os grupos de caracteres de semente, plântula, planta adulta e produção de grãos em dois híbridos. Os autores concluíram que para o híbrido Sara existem correlações canônicas significativas entre semente e plântula; plântula e planta adulta; plântula e produção e entre planta adulta e produção de grãos. No entanto, para o híbrido Lyra correlações canônicas significativas ocorrem somente entre os grupos de variáveis de plântulas e plantas adultas e entre plantas adultas e de produção. Esse estudo revelou que há

variabilidade entre híbridos dentro de uma mesma cultura. Em milho, Souza et al. (2015) estudaram as correlações canônicas entre caracteres morfológicos e produtivos e verificaram que os grupos estudados são dependentes.

As pesquisas de Lemos et al. (2005), Rigão et al. (2009), Brum et al. (2011) e Souza et al. (2015), comprovaram que a análise de correlação canônica é adequada para ser utilizada em estudos com culturas agrícolas em que se deseja verificar as relações entre grupos de caracteres. Esses estudos proporcionam informações importantes para serem utilizadas em programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de plantas.

Não foram encontrados trabalhos na literatura com o objetivo de estimar as correlações canônicas entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos relacionados aos caracteres nutricionais de milho. Também, não foram encontrados estudos visando a identificação precoce de caracteres facilmente mensuráveis que possam ser indicativos de qualidade nutricional desses grãos, bem como para a seleção de plantas superiores a serem mantidas como plantas matrizes ou usadas em etapas posteriores no melhoramento genético de milho. Assim, o presente trabalho teve como objetivo verificar por meio da análise de correlação canônica, se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais proteicos e nutricionais energéticos em genótipos de milho de ciclo precoce, ciclo superprecoce e transgênicos.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Cultura de milho (*Zea mays* L.)

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais mais importantes em nível mundial. É uma planta que pertence à família *Poaceae*. É uma espécie diplóide e alógama, originária do México e da América Central. É considerado um dos vegetais mais estudados, devido possuir caracterização genética detalhada e um dos mais antigos dentre as plantas cultivadas. Devido ao elevado nível de domesticação e ao melhoramento genético, essa cultura tornou-se completamente dependente da ação humana.

O desenvolvimento e a produtividade das plantas de milho são influenciados diretamente pelas condições climáticas. A cultura pertence ao grupo com metabolismo fotossintético C4, caracterizando assim o elevado potencial produtivo, desde que a máxima área foliar coincida com a maior disponibilidade de radiação solar e não ocorra déficit hídrico (BERGAMASCHI et al., 2004).

No Rio Grande do Sul, o ciclo vegetativo da cultura varia entre 120 e 160 dias, de acordo com a caracterização dos genótipos em ciclo superprecoce, precoce ou normal. Período este que é compreendido desde a semeadura até a maturação fisiológica (RODRIGUES; SILVA, 2011). Seu cultivo pode ser realizado em todo o Estado e variações na produtividade de grãos ocorrem em função da época de semeadura e do local (RODRIGUES; SILVA, 2011). A cultura é produzida em vários países, pois apresenta ampla adaptação ambiental e a diferentes sistemas de cultivo (FRIZZI et al., 2008).

O desenvolvimento do milho e a duração do período fenológico são influenciados por condições ambientais, tais como: temperatura do ar, fotoperíodo e precipitação. Recomendações técnicas e tratos culturais são fundamentados em estádios fenológicos, como a emergência e o florescimento. Esses estádios são críticos para o desenvolvimento da cultura, pois a ocorrência de déficit hídrico é prejudicial, ocasionando perdas na produtividades de grãos (RODRIGUES; SILVA, 2011). Diante disso, a avaliação de caracteres fenológicos são imprescindíveis para

que técnicas de manejo, como por exemplo, a semeadura de genótipos seja realizada de modo a coincidir com o período de florescimento, com os dias que de precipitações mais elevadas, favorecendo assim, o desenvolvimento da planta e, conseqüentemente, maior expressão do seu potencial produtivo.

Os caracteres morfológicos altura de planta e altura de inserção de espiga são caracteres agrônômicos importantes para o melhoramento genético de plantas de milho, pois são de natureza quantitativa e são controlados por vários genes (ZANG et al., 2006). A altura de planta e altura de inserção de espiga estão relacionados com o acamamento de plantas (LI et al., 2007). O acamamento pode ser definido como um estado de modificação da posição do colmo em relação a posição original, o que resulta em plantas recurvadas e até mesmo na quebra de colmos. Muitas vezes causa ruptura dos tecidos, o que interrompe a vascularização do colmo impedindo a recuperação da planta, afeta a estrutura anatômica essencial para o transporte de água e nutrientes (ZANATTA; OERLECKE, 1991), conseqüentemente, reduz a produtividade de grãos de milho.

Segundo a FAO (2010), o Brasil ocupa o terceiro lugar no ranking mundial de produção de milho. No entanto, não está entre os países com elevados níveis de produtividade, pois no Brasil o milho é produzido por pequenos produtores. No Brasil, a produção de milho cresce constantemente, porém o consumo aumentou mais do que a produção. Devido a cultura ser responsiva a altas tecnologias de produção, aliado a manejo e a escolha da cultivar adequada é possível que ocorra um aumento na produção de grãos para atender a essa demanda (RODRIGUES; SILVA, 2011).

Em países da Ásia, África e América Latina, o milho é o ingrediente majoritário da alimentação diária de mais de 1,2 bilhões de pessoas (HULSHOF et al., 2007). Segundo Landry et al. (2005), os grãos de milho apresentam cerca de 70 a 75% de carboidratos, 3 a 5% de lipídeos, 9% de fibras e 8 a 11% de proteínas.

Dentre as culturas agrícolas, o milho é, sem dúvida, o exemplo mais notável da utilização do processo de hibridação. Segundo Ramalho (1993), a hibridação é um dos métodos mais importantes para aumentar a variabilidade genética e a produtividade dos genótipos, o que pode gerar novos genótipos adaptados às diversas finalidades de uso. Para que ocorram aumentos na produção e na demanda deste cereal para consumo humano, bem como, para o consumo animal, é necessário melhorias na produtividade e na qualidade dos grãos.

A qualidade da proteína dos grãos, ou seja, o tipo e a quantidade de aminoácidos pode determinar o preço final do produto. Com isso, torna-se importante a determinação do teor e da qualidade proteica dos grãos de milho. Com relação a qualidade nutricional dos grãos de milho, um dos entraves é a qualidade e não a quantidade de proteína nos grãos. Estudo realizado por Tsai et al. (1992) mostram que o aumento de proteína devido ao nitrogênio não está relacionado a proteína de qualidade, e sim em proteína deficiente em lisina e triptofano, que são aminoácidos essenciais para aves e suínos. Melhorias na qualidade proteica dos grãos podem trazer benefícios durante a colheita, como a redução de quebra dos grãos e conseqüentemente, a redução de perdas no beneficiamento dos grãos (TSAI et al., 1992).

A mensuração de caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos e energéticos em genótipos de milho é importante, pois permite conhecer as relações entre caracteres que podem ser utilizados no melhoramento genético de plantas por meio da seleção indireta.

2.2 Relações lineares entre caracteres

2.2.1 Correlação linear

O estudo das relações lineares entre os caracteres é de grande importância nos programas de melhoramento genético, visando a identificação dos caracteres para serem utilizados na seleção indireta. A seleção indireta é uma prática muito utilizada e pode ser uma alternativa vantajosa em programas de melhoramento genético, devido a presença de caracteres inter-relacionados (CARVALHO; LORENCETTI; BENIN, 2004).

Por meio do estudo das relações lineares é possível estimar as correlações entre os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais de milho. A partir disso, é possível, por meio seleção indireta, identificar caracteres que, futuramente, possam ser utilizados como indicativo de valor nutricional de grãos.

Devido ao alto custo das análises laboratoriais para se determinar esses caracteres nutricionais nos grãos, o estudo das relações lineares se torna de grande importância no melhoramento genético de plantas de milho. Isso é válido especialmente quando o caractere de interesse a ser melhorado apresenta baixa herdabilidade e dificuldade de mensuração. Assim como, quando se deseja a seleção precoce de plantas ou linhagens ou até mesmo, quando se deseja a seleção simultânea para mais de um caractere (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A correlação simples permite avaliar a magnitude e o sentido da correlação entre duas variáveis. É bastante utilizada em programas de melhoramento, por permitir que se realize a seleção indireta, que em alguns casos, pode ser mais rápida do que a seleção direta da variável desejada (CRUZ, 2001). O estudo das relações lineares entre caracteres pode ser realizado por meio da análise dos coeficientes de correlação linear (CRUZ; REGAZZI, 1997).

2.2.2 Correlação canônica

A análise de correlação canônica foi proposta por Hotelling (HOTELLING, 1935; HOTELLING, 1936) e tem por objetivo determinar uma combinação linear para cada grupo de caracteres (dependentes e independentes) que maximize a correlação entre os dois grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). É a técnica multivariada mais adequada em situações nas quais se analisam muitos caracteres dependentes e independentes (HAIR et al., 2009) e apresenta alto potencial para fins preditivos (MINGOTI, 2005; HAIR et al., 2009). É utilizada quando se quer identificar e quantificar a relação entre dois conjuntos ou grupos de caracteres quantitativos, via combinações lineares entre características que compõe cada grupo (CRUZ; REGAZZI, 1997; JOHNSON; WICHERN, 1998), sendo ainda considerada uma extensão da técnica de regressão, cujo objetivo é quantificar a intensidade da relação existente entre dois vetores de caracteres, representados pelos dependentes e independentes (HAIR et al., 2009).

A análise caracteriza-se por avaliar relações entre dois grupos influenciados, no mínimo, por dois caracteres em cada grupo, considerando que o primeiro grupo é estabelecido por p caracteres e o segundo, por q caracteres. O número de

correlações canônicas é igual ao menor número de caracteres que constitui um dos grupos (p ou q) e sua magnitude sempre decresce com a ordem em que são estimadas. No entanto, o primeiro coeficiente canônico é sempre maior ou igual, em valor absoluto, a qualquer coeficiente de correlação simples ou múltipla, entre os caracteres do primeiro e do segundo grupo. Portanto, as inferências devem ser realizadas, preferencialmente, com base no primeiro coeficiente do par canônico significativo (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Na análise de correlação canônica, os grupos de caracteres X e Y são definidos da seguinte forma:

$X' = [x_1, x_2 \dots x_p]$ é o vetor de medidas de p caracteres que constituem o grupo I.

$Y' = [y_1, y_2 \dots y_q]$ é o vetor das medidas de q caracteres que constituem o grupo II.

Esses conjuntos de variáveis identificam os vetores a' e b' , respectivamente. Esses vetores formam os pares de combinações lineares para que a correlação entre $U = a'X$ e $V = b'Y$ seja máxima (CRUZ et al., 2004).

Essa técnica multivariada é muito usada em estudos exploratórios, pois permite ter um conjunto grande de caracteres, mas o interesse é apenas em poucas combinações lineares de caracteres desse conjunto. É calculada com base em matrizes de correlação, que pode ser genotípica, fenotípica e ambiental, em que são encontradas combinações lineares de cada conjunto de caracteres. Ainda, permite identificar a estrutura de cada vetor de caracteres que maximiza a relação entre os caracteres, ou seja, a estrutura de relações existentes entre dois conjuntos ou grupos de caracteres (p e q), de forma que as correlações entre os conjuntos sejam maximizadas (CRUZ et al., 2004).

A análise de correlação canônica tem sido empregada para verificar as associações e a interdependência entre grupos de caracteres. Nesse âmbito foram realizados trabalhos com diversas culturas agrícolas, dentre elas o feijão (COIMBRA et al., 2000), soja (MARTIN et al., 2005), arroz (ZENG et al., 2006), cana-de-açúcar (SILVA et al., 2007), trigo (ÖZKAN et al., 2008), batata (RIGÃO et al., 2009), mamoneira (BRUM et al., 2011) e milho (LEMOS et al., 2005; YANG et al., 2006; XU et al., 2008; SOUZA et al., 2015). Também foi encontrado estudo com a espécie florestal eucalipto (TRUGILHO; LIMA; MORI, 2003). De maneira geral, esses estudos revelam que a análise de correlação canônica têm sido uma ferramenta importante no melhoramento genético de plantas, pois permite verificar as

associações existentes entre os grupos de caracteres e identificar os caracteres promissores que podem ser utilizados na seleção indireta.

3 CAPÍTULO I

RELAÇÕES LINEARES ENTRE CARACTERES FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS PROTEICOS EM GENÓTIPOS DE MILHO DE CICLO PRECOCE E SUPERPRECOCE

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi verificar por meio da análise de correlação canônica, se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais proteicos em genótipos de milho de ciclo precoce e superprecoce. Os experimentos foram realizados no ano agrícola 2009/2010, no delineamento blocos casualizados, com três repetições. Em um experimento foram avaliados 36 genótipos de milho de ciclo precoce e no outro experimento 22 genótipos de milho de ciclo superprecoce. Os grupos canônicos foram determinados entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos. Os caracteres pertencentes a cada grupo canônico foram: fenológicos - número de dias da sementeira até o florescimento masculino e número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos - altura de planta na colheita, altura de inserção de espiga na colheita e posição relativa da espiga; produtivos - número de plantas, número de espigas, índice de espiga, peso de espiga, produtividade de grãos e peso de mil grãos; e nutricionais proteicos - proteína bruta, lisina, metionina, cisteína, treonina, triptofano, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina. Para cada caractere foi realizada a análise de variância e teste F a 5% de significância. Após, foi determinada a matriz de coeficientes de correlação fenotípica entre os 23 caracteres. Depois foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres, por meio do número de condição e do fator de inflação da variância. Posteriormente, para os genótipos de ciclo precoce e superprecoce, foi realizada a análise de correlação canônica entre os seguintes grupos: fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos e produtivos e nutricionais proteicos. Em genótipos de milho de ciclo precoce as correlações canônicas não foram significativas entre os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais

proteicos indicando que os caracteres não apresentam dependência linear. Em genótipos de ciclo superprecoce, a correlação canônica significativa entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos e entre produtivos e nutricionais proteicos indicam dependência linear, com exceção dos caracteres morfológicos e nutricionais proteicos que são independentes. Os caracteres número de dias da sementeira até o florescimento feminino, número de espigas e produtividade de grãos podem ser utilizados na seleção indireta como indicativos de qualidade nutricional proteica em grãos de milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L., correlação canônica, perfil aminoacídico.

**LINEAR RELATIONSHIPS AMONG PHENOLOGICAL, MORPHOLOGICAL,
PRODUCTIVE AND PROTEIN-NUTRITIONAL TRAITS IN EARLY MATURING AND
SUPER-EARLY MATURING MAIZE GENOTYPES**

ABSTRACT

The objective of this study was to verify through canonical correlation analysis if there is linear dependence among phenological, morphological, and productive traits with protein-nutritional traits in early maturing and super-early maturing maize genotypes. The experiments were carried out in the agricultural year 2009/2010, utilizing a randomized block design with three repetitions. In one experiment, 36 early maturing maize genotypes were evaluated and in another experiment 22 super-early maturing maize genotypes were also evaluated. The canonical groups were determined among phenological, morphological, productive, and protein-nutritional traits. The traits belonging to each canonical group were: phenological - number of days from sowing to the male flowering and number of days from sowing to female flowering; morphological - plant height at harvest, ear height at harvest, and relative ear placement; productive - number of plants, number of ears, ear index, ear weight, grain yield, and thousand grains weight; and protein-nutritional - crude protein, lysine, methionine, cysteine, threonine, tryptophan, valine, isoleucine, leucine, phenylalanine, histidine, and arginine. The variance analysis and the F test at 5% of significance were performed for each trait. Further, it was determined the matrix of

phenotypic correlation coefficients among 23 traits. Thereafter, the multicollinearity diagnosis was conducted within each group of traits using the condition number and the variance inflation factor. Posteriorly, the canonical correlation analysis was performed for the early maturing and super-early maturing maize genotypes within the following groups: phenological and protein-nutritional, morphological and protein-nutritional, and productive and protein-nutritional. In early maturing maize genotypes, the canonical correlations were not significant among phenological, morphological, and productive traits and protein-nutritional traits indicating that the traits do not exhibit linear dependence. In super-early maturing maize genotypes, the significant canonical correlation between phenological and protein-nutritional traits and between productive and protein-nutritional traits indicate linear dependence, with the exception of morphological and protein-nutritional traits that are independent. The traits number of days from sowing to female flowering, number of ears, and grain yield can be used for indirect selection as indicative of protein nutritional quality in grains of maize.

Key words: *Zea mays* L., canonical correlation, aminoacidic profile.

3.1 INTRODUÇÃO

Com aumento da população, a demanda por alimentos cresceu de forma expressiva. Para atender a essa demanda, torna-se necessário o aumento da produção de frutas, hortaliças, leguminosas, oleaginosas e cereais, como o milho, com melhoria da qualidade nutricional para atendimento das demandas humanas e animais, principalmente por proteína e energia. Diante da demanda por cereais, o milho se destaca em volume de produção mundial, estimada em 1.006,87 milhões de toneladas para a safra 2015/2016. No cenário mundial, os Estados Unidos é o maior produtor, seguido da China e do Brasil, com produções estimadas para safra 2015/2016 de 345,07, 226,04 e 84,31 milhões de toneladas, respectivamente (Fao, 2015).

Nos programas de melhoramento genético de milho são almejadas melhorias principalmente na estabilidade de cultivares aos ambientes e aumentos na produtividade de grãos, por ser este, até o momento, o caractere mais sustentável da cultura. Com previsões de aumento da demanda deste cereal, para alimentação

humana e animal, melhorias na qualidade nutricional, principalmente na composição proteica e aminoacídica desse cereal se fazem necessárias. Os genótipos de milho devem ser desenvolvidas conforme o propósito o qual será destinado. Estudo realizado por Krivanek et al. (2007), com milho de alta qualidade proteica (QPM - *quality protein maize*), verificou aumentos na composição de aminoácidos como lisina e triptofano. Aumentos na qualidade proteica e aminoacídica em milho podem trazer resultados expressivos na nutrição animal, com melhorias no desempenho animal, redução de custos, com menor incremento de aminoácidos sintéticos e na alimentação humana, especialmente nos países em desenvolvimento, no qual o milho é uma fonte proteica.

A qualidade e composição química de grãos é um termo amplo e muito importante para a dieta humana e animal. O teor médio de proteínas, óleo e amido em grãos de milho é de 9%, 4% e 73%, respectivamente (Balconi et al., 2007). Esses teores podem ser determinados atualmente por método não destrutivo, preciso e de fácil mensuração, denominado Espectroscopia de Refletância no Infravermelho Próximo (NIRS) (Dale et al., 2010). No entanto, esse equipamento apresenta alto custo e necessita de mão de obra especializada, restringindo assim a utilização do mesmo (Rahman et al., 2015).

No melhoramento genético de plantas via seleção indireta, o conhecimento das associações lineares entre caracteres agronômicos, visando à identificação de genótipos que apresentem caracteres de interesse, é de grande importância, principalmente quando o caractere, a ser melhorado, apresenta baixa herdabilidade, dificuldade de medição e identificação, alto custo financeiro ou, até mesmo, quando se deseja a seleção simultânea para mais de um caractere (Cruz e Regazzi, 1997).

A correlação genética, utilizada na orientação de programas de seleção, pode explicar por meio de mecanismos genéticos, a variação conjunta de duas variáveis, permitindo a seleção indireta de caracteres, com base em caracteres de alta herdabilidade (Robinson et al., 1951). Já, a correlação fenotípica é a associação entre dois caracteres diretamente observados, e é governada pelos componentes genético e ambiental (Falconer e Mackay, 1996).

Visando a identificação de combinações lineares de dois conjuntos de caracteres, que são correlacionados entre si, a análise de correlação canônica pode ser utilizada (Witten e Tibshirani, 2009). A análise de correlação canônica é um procedimento estatístico multivariado, que permite verificar as relações lineares

entre dois grupos, ou conjuntos de caracteres (X e Y). Por meio desse método, é possível estimar a máxima correlação entre dois grupos de caracteres, principalmente quando há um grande número de caracteres em estudo, possibilitando encontrar combinações lineares de caracteres em cada grupo, a fim de estudar as inter-relações entre dois grupos determinados por um número arbitrário de caracteres (Cruz e Regazzi, 1997).

A análise de correlação canônica tem sido empregada em diversas culturas, tais como feijão (Coimbra et al., 2000), cana-de-açúcar (Silva et al., 2007), batata (Rigão et al., 2009), mamoneira (Brum et al., 2011) e trigo (Carvalho et al., 2015). Estudo da correlação canônica entre grupos de caracteres morfológicos e produtivos em híbridos de milho foi realizado por Souza et al. (2015).

Estudos visando a caracterização de genótipos de milho e a divergência genética por meio da análise de agrupamento em genótipos de ciclos precoce e superprecoce foram realizados por Alves et al. (2014) e Alves et al. (2015). No entanto, estudos sobre associação entre grupos de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e caracteres nutricionais proteicos por meio de correlações canônicas na cultura de milho não foram encontrados na literatura. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar, por meio da análise de correlação canônica, se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais proteicos em genótipos de milho de ciclo precoce e superprecoce.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Experimentos em campo

Os experimentos com a cultura de milho (*Zea mays* L.) foram realizados no ano agrícola 2009/2010, na área experimental do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Santa Maria, Estado do Rio Grande do Sul, a 29°42'S, 53°49'W e a 95m de altitude. Foram avaliados 36 genótipos de milho de ciclo precoce (experimento 1) e 22 genótipos de milho de ciclo superprecoce (experimento 2), pertencentes à Rede de Avaliação de Cultivares de Milho do Rio Grande do Sul, coordenada pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária

(FEPAGRO). A descrição completa dos genótipos avaliados foi apresentada por Alves et al. (2014) e Alves et al. (2015).

O delineamento experimental foi blocos casualizados, com três repetições. As unidades experimentais foram compostas de duas fileiras com 5m de comprimento, espaçadas em 0,80m entre fileiras e 0,20m entre plantas na fileira. A semeadura de milho foi realizada, manualmente, em 26 de outubro de 2009, com adubação de base de 37,5 kg ha⁻¹ de nitrogênio (N), 150 kg ha⁻¹ de fósforo (P₂O₅) e 150 kg ha⁻¹ de potássio (K₂O). A emergência das plantas ocorreu entre 01 e 03 de novembro de 2009 e a população foi ajustada, por meio de desbaste, para 62.500 plantas ha⁻¹. Em cobertura foram aplicados 200 kg ha⁻¹ de nitrogênio, divididos em três aplicações, quando as plantas apresentaram três, cinco e dez folhas. A colheita das espigas de milho foi realizada manualmente no dia 15 de março de 2010.

3.2.2 Mensuração das variáveis e procedimentos laboratoriais

Em cada unidade experimental de cada genótipo, em campo, foram mensurados os caracteres fenológicos e morfológicos. Os caracteres fenológicos mensurados foram o número de dias da semeadura até o florescimento masculino (FM) e o número de dias da semeadura até o florescimento feminino (FF), os quais foram considerados quando 50% das plantas da parcela apresentaram florescimento masculino e feminino, respectivamente. Os caracteres morfológicos altura de planta na colheita (AP, em cm), altura de inserção de espiga na colheita (AE, em cm) e posição relativa da espiga (PRE=AE/AP) foram mensurados em todas plantas da parcela. No dia 15 de março de 2010, colheu-se as espigas de milho. Nesse momento foram mensurados os caracteres produtivos: número de plantas (NP, plantas ha⁻¹), número de espigas (NE, espigas ha⁻¹), índice de espiga (IE=NE/NP), peso de espiga (PE, em t ha⁻¹), produtividade de grãos a 13% de umidade (PROD, em t ha⁻¹) e peso de mil grãos (PMG, em gramas). Posteriormente, de cada parcela, separou-se uma amostra de 500 gramas de grãos de milho, que foi acondicionada em um saco de papel e levada a estufa de circulação forçada de ar até atingir umidade de 10%. Após a secagem, os grãos foram moídos em micromoinho (MA-630, Marconi), a fim de obter uma amostra com granulometria entre 0,30 e 0,50mm. Cada amostra moída foi acondicionada em embalagem hermeticamente fechada até o momento das análises nutricionais dos grãos. Com essas amostras de cada

genótipo de cada bloco foram determinados os caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (PB); lisina (Lys), metionina (Met), cisteína (Cys), treonina (Thr), triptofano (Trp), valina (Val), isoleucina (Ile), leucina (Leu), fenilalanina (Phe), histidina (His) e arginina (Arg), todas em porcentagem da matéria bruta (%MB). As avaliações foram realizadas por meio de Espectroscopia de Refletância no Infravermelho Próximo (NIRS - Near Infrared Spectroscopy Reflectance), usando ajuste de calibração pelo procedimento analítico CEAN 010 da Adisseo Brasil AS.

3.2.3 Análise de variância e histogramas de frequência

Para os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos, em cada experimento (precoce e superprecoce) foram testadas as pressuposições do modelo matemático: normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias residuais. A normalidade dos erros foi verificada por meio do teste de Kolmogorov-Smirnov (Campos, 1983) e a homogeneidade de variâncias residuais pelo teste qui-quadrado de Bartlett (Steel et al., 1997). Posteriormente, foi realizada a análise de variância a 5% de significância e anotadas as estimativas do teste F para genótipo (Fc) e calculada a acurácia seletiva (AS) conforme descrita por Resende e Duarte (2007). A partir das médias de cada genótipo, para cada caractere mensurado, em cada um dos experimentos, foram elaborados histogramas de frequência.

3.2.4 Matriz de coeficientes de correlação fenotípica e diagnóstico de multicolinearidade

Foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e, por meio do teste t de *Student*, a 5% de probabilidade de erro, foi verificada a significância do r, entre os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos para os experimentos de ciclo precoce e superprecoce, separadamente. Após a obtenção das duas matrizes de correlação fenotípica (precoce e superprecoce), procedeu-se o diagnóstico do grau de multicolinearidade.

O diagnóstico de multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres (fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos) e a magnitude da multicolinearidade foi verificada e classificada conforme o critério de Montgomery e

Peck (1982), descrito em Cruz e Carneiro (2006), utilizando o número de condição (NC) e o fator de inflação da variância (VIF). Assim, conforme critérios, se o número de condição (NC) apresentar $NC \leq 100$, considera-se multicolinearidade fraca entre os caracteres, não sendo necessária a eliminação de caracteres; $100 < NC < 1.000$, multicolinearidade moderada a forte e $NC \geq 1.000$, multicolinearidade severa. No caso de multicolinearidade moderada a forte ou severa, é necessária a eliminação de caracteres altamente correlacionados. Valores de VIF menores que 10 são considerados adequados, indicando a ausência de multicolinearidade e valores de VIF acima de 10 indicam um alto grau de colinearidade entre os caracteres e torna-se necessária a eliminação de caracteres (Kutner et al., 2005).

3.2.5 Análise de correlação canônica

Na análise de correlação canônica, para verificar as associações entre os grupos de caracteres em genótipos de ciclo precoce foram correlacionados os fenológicos (FM e FF) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg), os morfológicos (AP e AE) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg) e os produtivos (NP, NE, PROD e PMG) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg). Em genótipos de ciclo superprecoce foram correlacionados os grupos fenológicos (FM e FF) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp e Leu), os morfológicos (AP e AE) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp e Leu) e os produtivos (NP, NE, PROD e PMG) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp e Leu). Os procedimentos foram realizados conforme descritos em Cruz et al. (2004).

As medidas de associação entre os grupos de caracteres foram apresentadas por meio dos coeficientes dos pares canônicos e acompanhados dos respectivos coeficientes canônicos. Para avaliar a significância das associações canônicas, utilizou-se o teste qui-quadrado, a 5% de significância. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software GENES (Cruz, 2013) e do aplicativo Microsoft Office Excel®.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 Análise de variância e histogramas de frequência

Foram verificados os pressupostos do modelo matemático para os experimentos de genótipos de ciclos precoce e superprecoce. Com relação à normalidade dos erros, verificou-se que 82,60% dos caracteres mensurados apresentaram distribuição normal, por meio do teste de Kolmogorov-Smirnov, nos dois experimentos. Em 60,86% e 86,96% dos caracteres mensurados nos experimentos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente, as variâncias residuais foram homogêneas pelo teste qui-quadrado de Bartlett. Os resultados mostram que, de modo geral, as pressuposições matemáticas (normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias residuais) requeridas para a realização da análise de variância e estudos posteriores, foram atendidas o que confere confiabilidade aos resultados.

A acurácia seletiva (AS) foi moderada (AS=0,63) para o caractere número de plantas (NP) e alta para os caracteres altura de planta (AP) (AS=0,81) e proteína bruta (PB) (AS=0,78). Os demais 20 caracteres apresentaram AS muito alta (AS≥0,90) para genótipos de ciclo precoce. (Figuras 1 e 2) Para genótipos de ciclo superprecoce a AS foi alta para os caracteres NP (AS=0,75), peso de mil grãos (PMG) (AS=0,83), proteína bruta (PB) (AS=0,87) e metionina (Met) (AS=0,86). Para os demais 19 caracteres a AS foi muito alta (AS≥0,90) (Figuras 3 e 4). Considerando a elevada precisão experimental e o atendimento dos pressupostos do modelo matemático, na maioria dos caracteres mensurados nos dois experimentos, pode-se inferir que existe credibilidade nos experimentos e nos resultados obtidos nesse estudo.

O efeito de genótipo foi significativo, a 5% de probabilidade de erro, para todos os caracteres, o que demonstra a existência de variabilidade genética entre os genótipos em estudo (Figuras 1, 2, 3 e 4). O número de dias da semente até o florescimento masculino (FM) apresentou valor médio de 74 dias e 72 dias para os genótipos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente. Já o número de dias da semente até o florescimento feminino (FF), apresentou valor médio de 80 dias e 77 dias em genótipos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente (Figuras 1 e 3). É importante salientar que a definição de ciclo não foi realizada com base

nessas informações fenológicas, mas sim por indicação das empresas detentoras de cada genótipo que compôs os experimentos.

Em média, a AP foi de 187,04cm e 202,27cm, para genótipos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente (Figuras 1 e 3). Estudos realizados por Pinto et al. (2010) e Paziani et al. (2009) encontraram valor médio superior para o caractere AP. A média da altura de espiga (AE) foi de 96,33cm em genótipos de ciclo precoce e 104,97cm em genótipos de ciclo superprecoce. Em trabalho desenvolvido por Paziani et al. (2009), avaliando híbridos para silagem, encontraram valor médio de 119cm. A média do caractere posição relativa da espiga (PRE) foi de 0,51 em genótipos de ciclo precoce e 0,52 em genótipos de ciclo superprecoce (Figuras 1 e 3).

O caractere NP apresentou valor médio de 63.043 plantas ha⁻¹ e 62.632 plantas ha⁻¹ em genótipos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente (Figuras 1 e 3). O caractere NP apresentou valores médios esperados em genótipos de ciclo precoce e superprecoce, devido ser um caractere já definido na implantação da cultura. Destaca-se que a densidade de semeadura atua diretamente sobre o número final de plantas e, por isso, a comparação entre trabalhos com diferentes densidades de semeadura deve ser evitada.

Em genótipos de ciclo precoce e superprecoce, o valor médio do número de espigas (NE) foi de 55.277 espigas ha⁻¹ e de 58.522 espigas ha⁻¹, respectivamente (Figuras 1 e 3). Com relação ao NE, Lovatto et al. (2006) encontraram valor médio inferior aos verificados em ambos experimentos. Os caracteres NP e NE são de grande importância, pois são os caracteres que possuem maior grau de interferência na produtividade final de grãos, diretamente na produtividade de grãos (Storck et al., 2002).

O valor médio para o caractere índice de espiga (IE) em genótipos de ciclo precoce foi de 0,88 e em genótipos de ciclo superprecoce foi de 0,93. Valor médio superior (1,0) para esse caractere produtivo foi observado por Paziani et al. (2009). O caractere peso de espiga (PE), em genótipos de ciclo precoce apresentou média de 6,13 t ha⁻¹ e, em genótipos de ciclo superprecoce, a média foi de 7,27 t ha⁻¹ (Figuras 1 e 3). Os genótipos de ciclo precoce apresentaram média de produtividade de grãos (PROD) de 5,00 t ha⁻¹ e de 265,16 gramas para o caractere peso de mil grãos (PMG) (Figura 1). Já em genótipos de ciclo superprecoce, o valor médio da PROD foi de 5,92 t ha⁻¹ e de 268,51 gramas para PMG (Figura 3).

Observa-se incremento na produtividade de grãos, de aproximadamente uma tonelada de grãos por hectare em genótipos de ciclo superprecoce, se comparado a genótipos de ciclo precoce. Porém, com relação ao peso de mil grãos, as diferenças entre os genótipos não são expressivas. No entanto, trabalho realizado por Storck et al. (2002), avaliando cultivares de ciclo precoce, superprecoce e normais, verificaram que as cultivares de ciclo precoce apresentaram a maior produtividade média de grãos de $7,64t\ ha^{-1}$, seguido das cultivares de ciclo superprecoce que apresentaram produtividade média de grãos de $6,08t\ ha^{-1}$. Portanto, os resultados encontrados no presente estudo divergem dos encontrados por Storck et al. (2002). Esse fato pode ser explicado devido a produtividade de grãos ser influenciada pelo arranjo de plantas, que é uma das práticas de manejo de grande importância para otimizar a produtividade de grãos de milho. Esse arranjo influencia diretamente a interceptação da radiação solar, que é um dos principais fatores determinantes da produtividade de grãos (Argenta et al., 2001).

A produtividade média brasileira de grãos de milho na safra 2009/2010 foi de 4,86 toneladas por hectare (Conab, 2011). No presente estudo os genótipos de ciclo precoce e superprecoce apresentaram produtividade superior à média do Rio Grande do Sul para safra 2009/2010, evidenciando assim, o potencial produtivo e adequado desempenho dos genótipos em campo.

A variabilidade existente para os caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos não deve ser atribuída somente ao genótipo, pois variações climáticas e de local contribuem para essa variabilidade. Essa variabilidade permite que o melhoramento de plantas realize melhorias na cultura de milho, não somente em busca de elevadas produtividades e sim visando atender as demandas nutricionais, seja para alimentação humana ou animal.

O teor médio de PB em genótipos de ciclo precoce e superprecoce foi de 7,54% e 7,31%, respectivamente (Figuras 2 e 4). Idikut et al. (2009) avaliando cinco híbridos e Lovatto et al. (2006) estudando 42 híbridos de milho, dentre eles simples, duplo e triplo descreveram valores superiores. Valores semelhantes ao do presente estudo, foram verificados por Vieira et al. (2007). Já Moore et al. (2008), avaliando seis híbridos de milho encontraram valor médio inferior para o caractere proteína bruta (PB).

Em genótipos de ciclo precoce, o valor médio de cada aminoácido mensurado em percentagem de matéria bruta (%MB), foi de 0,21% lisina (Lys), 0,14% metionina

(Met), 0,16% cisteína (Cys), 0,21% treonina (Thr), 0,05% triptofano (Trp), 0,30% valina (Val), 0,18% isoleucina (Ile), 0,79% leucina (Leu), 0,27% fenilalanina (Phe), 0,19% histidina (His) e 0,33% arginina (Arg) (Figura 2). Já nos genótipos de ciclo superprecoce, o valor médio foi de 0,22% lisina (Lys), 0,15% metionina (Met), 0,16% cisteína (Cys), 0,22% treonina (Thr), 0,05% triptofano (Trp), 0,31% valina (Val), 0,19% isoleucina (Ile), 0,84% leucina (Leu), 0,29% fenilalanina (Phe), 0,19% histidina (His) e 0,33% arginina (Arg) (Figura 4).

O nitrogênio é um constituinte essencial das proteínas, pois possui papel fundamental no metabolismo vegetal, participando diretamente da biossíntese de proteína (Andrade et al., 2003). A qualidade da proteína dos grãos de milho depende do perfil aminoacídico. O teor de PB e a qualidade aminoacídica dos grãos apresentam influência da quantidade de nitrogênio aplicado na cultura. Aumentos ou reduções no teor de proteína bruta nos grãos podem explicar os resultados encontrados por outros autores. No entanto, deve-se ter cuidado, pois o aumento no teor de proteína bruta devido ao nitrogênio não está relacionado a proteína de qualidade e sim em proteína deficiente em lisina e triptofano (Tsai et al., 1992).

No estudo realizado por Moore et al. (2008), os autores encontraram valores inferiores, com exceção dos caracteres Trp, Ile e Phe que apresentaram valores iguais em cultivares de ciclo precoce e Trp e Ile em genótipos de ciclo superprecoce. Valores superiores ao do presente estudos foram relatados por Piovesan et al. (2010). Lovatto et al. (2006) também encontraram valores superiores para os aminoácidos Lys, Met, Thr, Trp, Val, Ile, Leu, Phe, His e Arg.

Devido os grãos serem destinados principalmente a alimentação animal de aves e suínos, é de grande importância a identificação de genótipos que apresentem não somente elevados teores de proteína bruta, e sim com melhor qualidade do perfil aminoacídico, especialmente em Lys e Trp. Os resultados do presente estudo, juntamente com os trabalhos encontrados na literatura mostram que existe variabilidade nos teores de aminoácidos em grãos de milho. Essa variabilidade possibilita que melhorias sejam realizadas na qualidade proteica de grãos de milho, permitindo o desenvolvimento de genótipos com qualidade nutricional proteica desejada, especialmente quando o destino dos grãos é a nutrição animal.

Esses resultados revelam ampla variabilidade dos genótipos avaliados nos dois experimentos com relação a caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos. Os resultados estão de acordo com trabalhos encontrados na

literatura, evidenciando assim confiabilidade nos resultados. Diante disso, fica evidente que a utilização da análise de correlação canônica entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos de genótipos de ciclo precoce e superprecoce de milho é adequada. Com isso, é possível identificar a dependência linear entre grupos de caracteres e selecionar caracteres promissores para melhoramento genético de plantas por meio da seleção indireta.

3.3.2 Matriz de coeficientes de correlação fenotípica e diagnóstico de multicolinearidade

As estimativas de correlação fenotípica em genótipos de ciclo precoce oscilaram de $r=-0,85$ a $r=0,99$ (Tabela 1) e em genótipos de ciclo superprecoce oscilaram de $r=-0,87$ a $r=0,99$ (Tabela 2). Em genótipos de ciclo precoce, os caracteres fenológicos apresentaram correlação positiva com todos os caracteres nutricionais proteicos. Os caracteres morfológicos apresentaram, em sua maioria correlação positiva, porém em alguns casos a correlação foi nula. Já os caracteres produtivos, apresentaram correlação negativa ou de baixa magnitude com todos os caracteres nutricionais proteicos (Tabela 1).

Em genótipos de ciclo superprecoce, os caracteres fenológicos apresentaram correlação positiva com os nutricionais proteicos. Os caracteres morfológicos em sua maioria também apresentaram correlação positiva. No entanto, o caractere AP apresentou baixa correlação com os caracteres nutricionais proteicos (Tabela 2). Essas estimativas de correlação permitem verificar as associações existentes entre os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos. Os resultados permitem verificar as relações existentes entre os caracteres e a possibilidade de que sejam realizadas melhorias em determinados caracteres por meio da seleção indireta.

Em genótipos de ciclo superprecoce os caracteres produtivos PE e PROD foram os que apresentaram as maiores correlações com a PB (Tabela 2). Os coeficientes de correlação fenotípica entre o caractere PROD e a PB apresentaram estimativas de $r=-0,10$ e $r=-0,27$, para genótipos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente (Tabelas 1 e 2). Os coeficientes de correlação fenotípica entre PROD e PB estão de acordo com os encontrados por Idikut et al. (2009), Aliu et al. (2012), Mahesh et al. (2013) e Bekele e Rao (2014). Verificou-se que melhorias em

ambos os caracteres é inviável, pois, os caracteres apresentam relações inversamente proporcionais, ou seja, aumento na produtividade de grãos acarreta redução no teor de proteína bruta dos grãos.

Estudo sobre as correlações entre caracteres produtivos e nutricionais proteicos (proteína bruta e a composição aminoacídica) de 42 híbridos de milho, foi realizado por Lovatto et al. (2006). Os autores verificaram que os caracteres produtivos NP, NE e PROD apresentaram correlação negativa com a PB e os aminoácidos. Também estudaram a correlação entre os caracteres morfológicos (AP e AE) e os caracteres nutricionais proteicos. A correlação positiva entre o caractere AE e os caracteres nutricionais proteicos também foi verificada por Lovatto et al. (2006). Resultados verificados por Lovatto et al. (2006), mostram que apenas as correlações entre AP e Met e entre AP e Arg, foram positivas, porém de baixa magnitude. Segundo os autores, os demais aminoácidos correlacionados com a AP, apresentaram correlação negativa.

As matrizes de coeficientes de correlação fenotípica foram submetidas ao diagnóstico do grau de multicolinearidade com base no número de condição (NC) e no fator de inflação da variância (VIF). Para genótipos de ciclo precoce, os caracteres fenológicos apresentaram NC inferior a 100 e VIF inferior a 10, indicando multicolinearidade fraca. Os caracteres morfológicos apresentaram multicolinearidade severa e foi necessária a eliminação do caractere PRE, por ser altamente correlacionado com o caractere AE. Em caracteres produtivos, foram eliminados os caracteres IE e PE. Em caracteres nutricionais proteicos foram eliminados Th), Va), Ile, Phe e His. Após a eliminação dentro de cada grupo permaneceram os caracteres fenológicos: FM e FF; morfológicos: AP e AE; produtivos: NP, NE, PROD e PMG e os nutricionais proteicos: PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg.

Em genótipos de ciclo superprecoce, os caracteres fenológicos não apresentaram multicolinearidade. Em caracteres morfológicos foi eliminado o caractere PRE. Em caracteres produtivos foram eliminados os caracteres IE e PE. Em caracteres nutricionais proteicos foram eliminados Thr, Val, Ile, Phe, His e Arg. Após a eliminação dentro de cada grupo permaneceram os caracteres fenológicos FM e FF; morfológicos: AP e AE; produtivos: NP, NE, PROD e PMG e os nutricionais proteicos: P), Lys, Met, Cys, Trp e Leu.

3.3.3 Análise de correlação canônica

Na análise de correlação canônica, o número de caracteres que compõem cada grupo foi variável e por isso, o número de coeficientes dos pares canônicos em cada correlação canônica é variado. Embora o número de coeficientes dos pares canônicos seja igual ao número de caracteres do menor grupo, geralmente somente as primeiras duas ou três funções canônicas são fidedignas, sendo assim, as que são utilizadas na interpretação dos resultados. A significância de pelo menos um coeficiente do par canônico, leva a conclusão de que os grupos considerados são dependentes, podendo utilizar seus coeficientes para estudar as associações entre os caracteres dos grupos.

Em genótipos de ciclo precoce, a análise de correlação canônica indicou que as associações por meio do primeiro coeficiente do par canônico foram não significativas e apresentaram correlação de $r=0,565$, $r=0,560$ entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos e morfológicos e nutricionais proteicos, respectivamente. Entre caracteres produtivos e nutricionais proteicos a correlação foi de $r=0,718$ e $r=0,643$ e não significativas para o primeiro e segundo coeficientes dos pares canônicos, respectivamente (Tabela 3).

As correlações entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos de genótipos de ciclo precoce foram não significativas a 5% de probabilidade, ou seja, foram independentes. A independência linear entre os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos mostra que não é possível realizar seleção precoce de caracteres fenológicos, morfológicos ou produtivos que sejam indicativos de qualidade nutricional proteica em genótipos de ciclo precoce. No entanto, a avaliação de outros genótipos de mesmo ciclo, em outros ambientes deve ser realizada para uma melhor elucidação dos resultados.

A análise de correlação canônica em genótipos de ciclo superprecoce, mostrou que o primeiro coeficiente do par canônico para caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, foi significativo, com $r=0,844$. Esse primeiro coeficiente do par canônico significativo evidencia que, na medida em que aumenta o FF, há acréscimo no teor de Cys nos grãos. Já os coeficientes dos pares canônicos entre caracteres morfológicos e nutricionais proteicos, foram não significativos, indicando que esses grupos são independentes, ou seja, não apresentam dependência linear (Tabela 4). Já, a correlação canônica entre caracteres produtivos e nutricionais proteicos

apresentou o primeiro coeficiente do par canônico significativo ($r=0,901$), a 5% de significância. As relações estabelecidas mostram que quanto maior a PROD, menor o teor de Cys nos grãos (Tabela 4).

Os genótipos de ciclo precoce e superprecoce apresentaram comportamentos distintos, e esse fato pode ser explicado devido aos genótipos pertencerem a diferentes ciclos e a diferentes empresas detentoras de cada genótipo que compuseram cada ciclo. Em genótipos de ciclo precoce, não é possível indicar caracteres para seleção indireta, devido aos caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos não apresentarem dependência linear. Já em genótipos de ciclo superprecoce, existe dependência linear entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos e produtivos e nutricionais proteicos. Na seleção indireta de plantas, como caractere promissor, é possível a utilização do caractere fenológico FF e dos caracteres produtivos NE e PROD, como indicativos de qualidade nutricional proteica em genótipos de ciclo superprecoce.

O presente estudo pode auxiliar ao processo de melhoramento genético de plantas de milho, tendo em vista a seleção precoce de genótipos com maior qualidade nutricional proteica. Para elucidar e ampliar a compreensão da relação entre os grupos de caracteres estudados é recomendada a repetição com outros materiais genéticos, e em outros ambientes, pois na literatura pesquisada não foram encontrados trabalhos utilizando a correlação canônica entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e nutricionais proteicos em milho.

3.4 CONCLUSÕES

Em genótipos de milho de ciclo precoce as correlações canônicas não foram significativas entre os grupos de caracteres evidenciando que os caracteres não podem ser utilizados como indicativos de qualidade nutricional proteica na seleção indireta de plantas.

Em genótipos de ciclo superprecoce, a correlação canônica significativa entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos e entre produtivos e nutricionais proteicos indicam que os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento feminino, número de espigas e produtividade de grãos podem ser utilizados na seleção indireta como indicativos de qualidade nutricional proteica em grãos de milho.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas aos autores. A empresa Adisseo Brasil, na pessoa do Sr. Washington Neves, pela realização das análises laboratoriais. Aos alunos bolsistas e voluntários pelo auxílio na coleta de dados.

3.5 REFERÊNCIAS

- Aliu, S., Rusinovci, I., Fetahu, S., Simeonovska, E., 2012. Genetic diversity and correlation estimates for grain yield and quality traits in Kosovo local maize (*Zea mays* L.) populations. *Acta agriculturae Slovenica* 99, 121-128.
- Alves, B.M., Cargnelutti Filho, Al., Silva L.P.da., Toebe, M., Burin, C., Pretto, A., 2015. Genetic divergence of corn cultivars in relation to grain productivity, crude protein content and amino acid profile. *African Journal of Agricultural Research* 10, 3134-3149.
- Alves, B.M., Cargnelutti Filho, Al., Toebe, M., Burin, C., Silva L.P.da., 2014. Variability of grain productivity and energy profile of maize (*Zea mays* L.) genotypes. *Journal of Cereal Science* 60, 164-171.
- Andrade, A.C., Fonseca, D.M.da., Queiroz, D.S., Salgado, L.T., Cecon, P.R., 2003. Adubação nitrogenada e potássica em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum. cv. Napier). *Revista Ciência e Agrotecnologia*, edição especial, 1643-1651.
- Argenta, G., Silva, P.R.F.da., Bortolini, C.G., Forsthofer, E.L., Manjabosco, E.A., Neto, V.B., 2001. Resposta de híbridos simples de milho à redução no espaçamento entre linhas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 36, 71-78.
- Balconi, C., Hartings, H., Lauria, M., Pirona, R., Rossi, V., Motto, M., 2007. Gene discovery to improve maize grain quality traits. *Maydica* 52, 357-373.
- Bekele, A., Rao, T.N., 2014. Estimates of heritability, genetic advance and correlation study for yield and it's attributes in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Plant Sciences* 2, 1-4.

- Brum, B., Lopes, S.J., Storck, L., Lúcio, A.D., Oliveira, P.H.de., Milani, M., 2011. Correlações canônicas entre variáveis de semente, plântula, planta e produção de grãos em mamoneira. *Ciência Rural* 41, 404-411.
- Campos, H., 1983. *Estatística experimental não-paramétrica*. 4 ed. Piracicaba: Departamento de Matemática e Estatística: ESALQ, 349p.
- Carvalho, I.R., Souza, V.Q.de., Nardino, M., Follmann, D.N., Schmidt, D., Baretta, D., 2015. Correlações canônicas entre caracteres morfológicos e componentes de produção em trigo de duplo propósito. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 50, 690-697.
- Coimbra, J.L.M., Guidolin, A.F., Carvalho, F.I.F.de. Azevedo, R.de., 2000. Correlações canônicas: II – Análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. *Ciência Rural* 30, 31-35.
- Conab – Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2010/2011 – Sexto Levantamento, Março/2011 / Companhia Nacional de Abastecimento. Brasília - DF: Conab, 2011.
- Cruz, C.D., 2013. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy* 35, 271-276.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., 2006. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.ed, v.2. Viçosa: UFV, 585p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S., 2004. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 480p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J., 1997. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.ed. Viçosa: UFV, 390p.
- Dale, L.M., Rotar, I., Vidican, R., Morea, A., Mogos, A., 2010. Determination of Chemical Composition of Maize by Destructive and Non-Destructive Method. *Bulletin of University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine Cluj- napoca. Agriculture* 67, 68-73.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1996. *Introduction to quantitative genetics*. Harlow: Longman. 464p.
- Fao - Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2015. Recuperado de <http://statistics.amis-outlook.org/data>.
- Idikut, L., Atalay, A.I., Kara, S.N., Kamalak, A., 2009. Effect of Hybrid on Starch, Protein and Yields of Maize Grain. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 8, 1945-1947.

- Krivanek, A.F., Groote, H.de., Gunaratna, N.S., Diallo, A.O., Friesen, D., 2007. Breeding and disseminating quality protein maize (QPM) for Africa. *African Journal of Biotechnology* 6, 312-324.
- Kutner, M.H., Nachtsheim, C., Neter, J., Li, W., 2005. *Applied linear models*. 5th ed. New York: McGraw-Hill Irwin.
- Lovatto, P.A., Mallmann, C. A., Ceccantini, M., Hauschild, L., Storck, L., Dilkin, P., 2006. Relations entre les caractéristiques agronomiques, nutritionnelles et mycotoxicologiques de différents hybrides de maïs. *Journées Recherche Porcine* 38, 163-170.
- Mahesh, N., Wali, M.C., Gowda, M.V.C., Motagi, B.N., Uppinal, N.F., 2013. Correlation and path analysis of yield and kernel components in maize. *Karnataka Journal Agricultural Science* 26, 306-307.
- Montgomery, D.C., Peck, E.A., 1982. *Introduction to linear regression analysis*. New York: John Wiley & Sons, 504p.
- Moore, S.M., Stalder, K.J., Beitz, D.C., Stahl, C.H., Fithian, W.A., Bregendahl, K., 2008. The correlation of chemical and physical corn kernel traits with production performance in broiler chickens and laying hens. *Poultry Science* 87, 665–676.
- Paziani, S.F. Duarte, A.P., Nussio, L.G., Gallo, P.B., Bittar, C.M.M., Zopollatto, M., Reco, P.C., 2009. Características agrônômicas e bromatológicas de híbridos de milho para produção de silagem. *Revista Brasileira de Zootecnia* 38, 411-417.
- Pinto, A.P., Lançanova, J.A.C., Lugão, S.M.B., Roque, A.P., Abrahão, J.J.S., Oliveira, J.S., Leme, M.C.J., Mizubuti, I.Y., 2010. Avaliação de doze cultivares de milho (*Zea mays* L.) para silagem. *Semina: Ciências Agrárias* 31,1071-1078.
- Piovesan, V., Oliveira, V.de., Araújo, J.S., 2010. Predição do conteúdo de aminoácidos essenciais do grão de milho. *Ciência e Agrotecnologia* 34, 758-764.
- Rahman, A., Bayram, I., Khanum, S., Ullah, S., 2015. Use and calibration of Near Infrared Reflectance Spectroscopy in feed analysis: a mini review. *Pakistan Journal of Life and Social Sciences*, 13, 1-7.
- Resende, M.D.V., Duarte, J.B., 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 182-194.

- Rigão, M.H., Storck, L., Bisognin, D.A. Lopes, S.J., 2009. Correlação canônica entre caracteres de tubérculos para seleção precoce de clones de batata. *Ciência Rural* 39, 2347-2353.
- Robinson, H.F., Comstock, R.E., Harvey, P.H., 1951. Genotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agronomy Journal* 43, 282-284, 1951.
- Silva, J.W.da., Soares, L., Ferreira, P.V., Silva, P.P.da., Silva, M.J.C.da., 2007. Correlações canônicas de características agroindustriais em cana-de-açúcar. *Acta Scientiarum: Agronomy* 29, 345-349.
- Souza, V.Q.de., Baretta, D., Nardino, M., Carvalho, I.R., Follmann, D.N., Konflanz, V.A, Schmidt, D., 2015. Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. *Científica* 43, 246-253.
- Steel, R.G.D., Torrie, J.H., Dickey, D.A., 1977. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 3.ed. New York: McGraw Hill Book, 666p.
- Storck, L., Lúcio, A.D., Martin, T.N., Lorenz, L.H., Souza, M.F.de., 2002. Diferenças de produtividade de grãos entre cultivares indicados de milho, ajustado para um mesmo número de plantas ou de espigas. *Ciência Rural* 32, 745-750.
- Vieira, R.O., Rodrigues, P.B., Freitas, R.T.F.de., Nascimento, G.A.J.do., Silva, E.L.da., Hespanho, R., 2007. Composição química e energia metabolizável de híbridos de milho para frangos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia* 36, 832-838.
- Witten, D.M., Tibshirani, R.J., 2009. Extensions of sparse canonical correlation analysis with applications to genomic data. *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology* 8, 1-27.

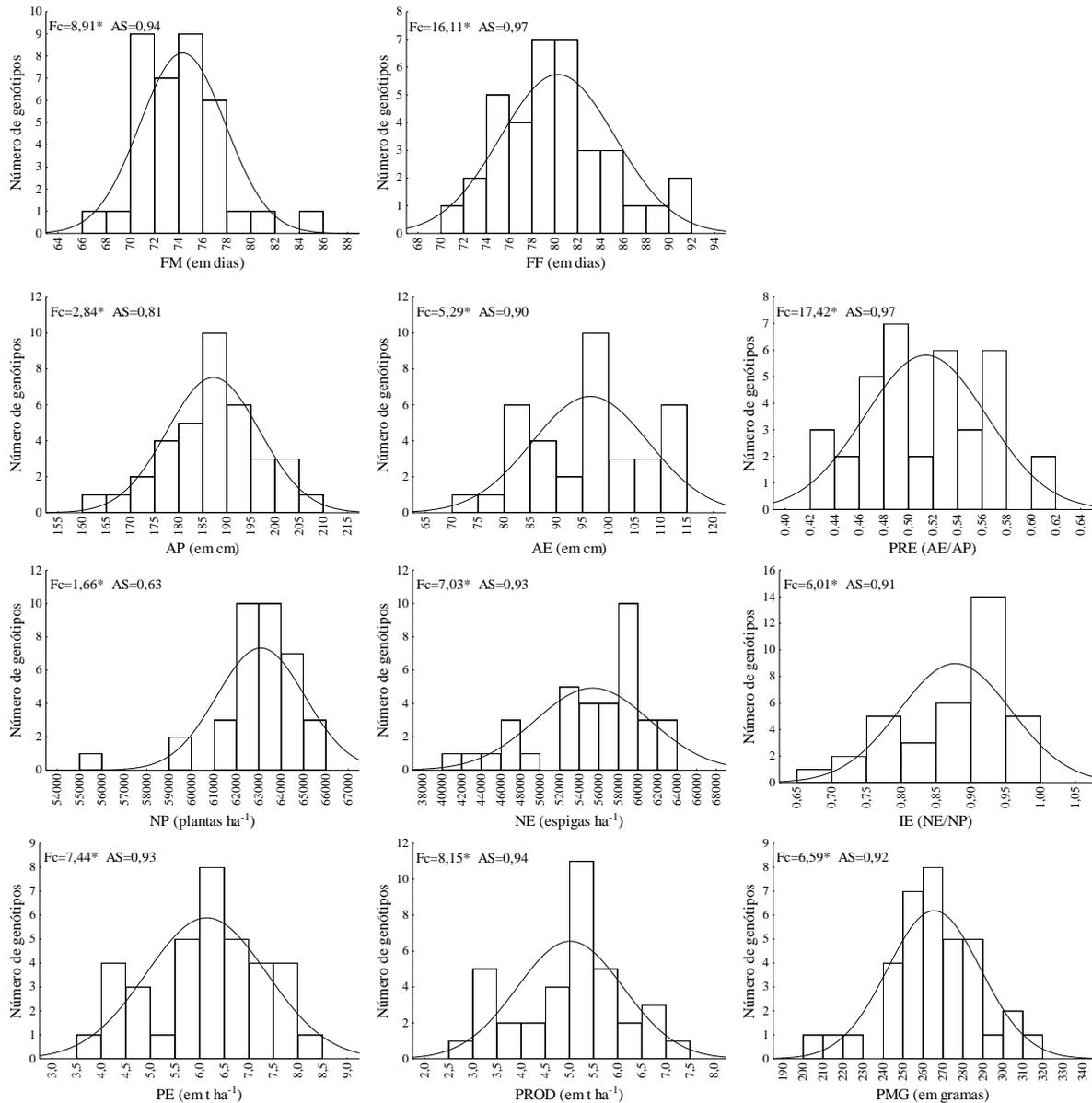


Figura 1 - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos, de um experimento com 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.

(1) Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm; PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g. * Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

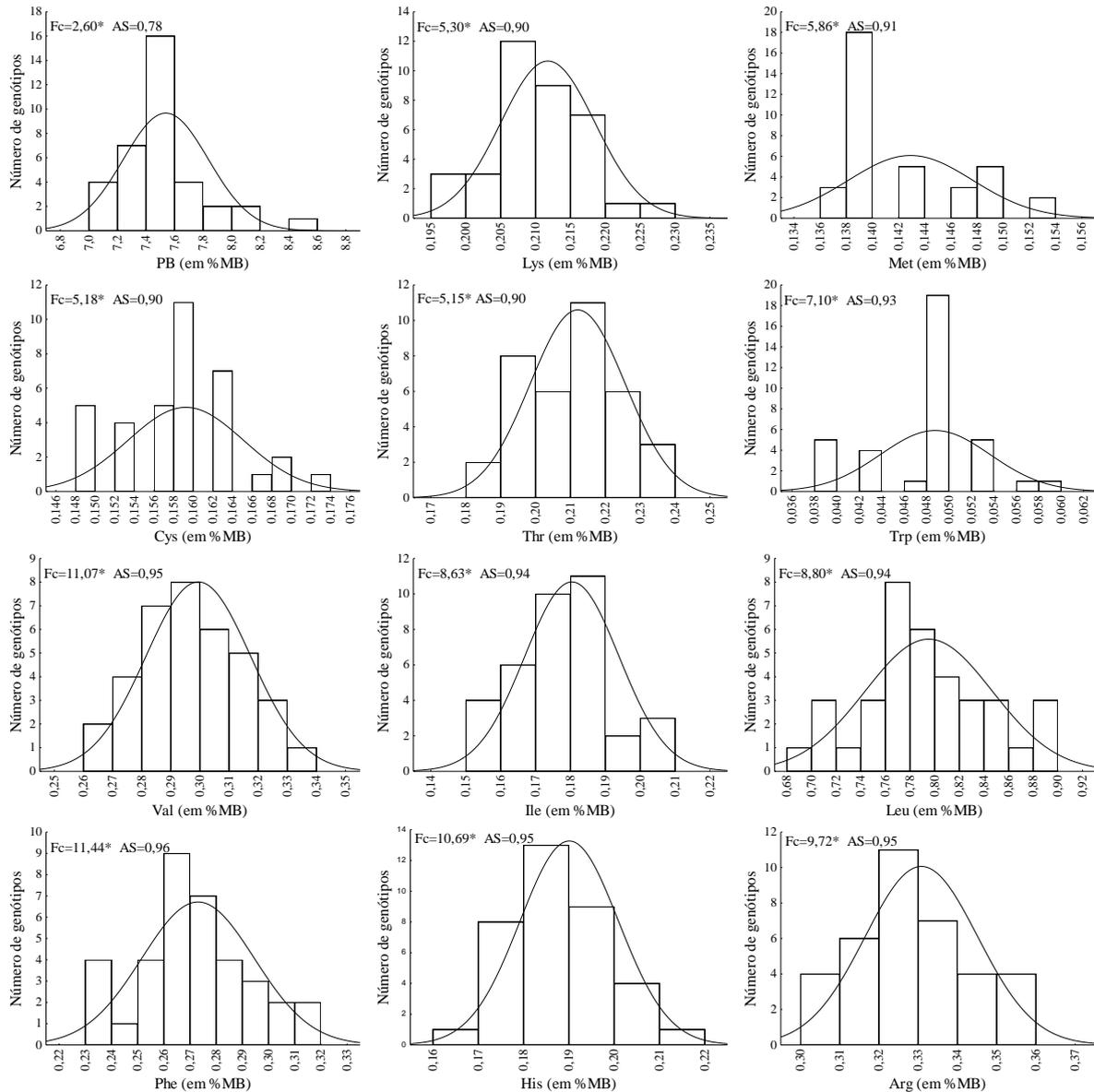


Figura 2 - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres nutricionais proteicos, de um experimento com 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.

⁽¹⁾ Nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Thr= treonina, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Val= valina, em %MB; Ile= isoleucina, em %MB; Leu= leucina, em %MB; Phe= fenilalanina, em %MB; His= histidina, em %MB e Arg= arginina, em %MB. * Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

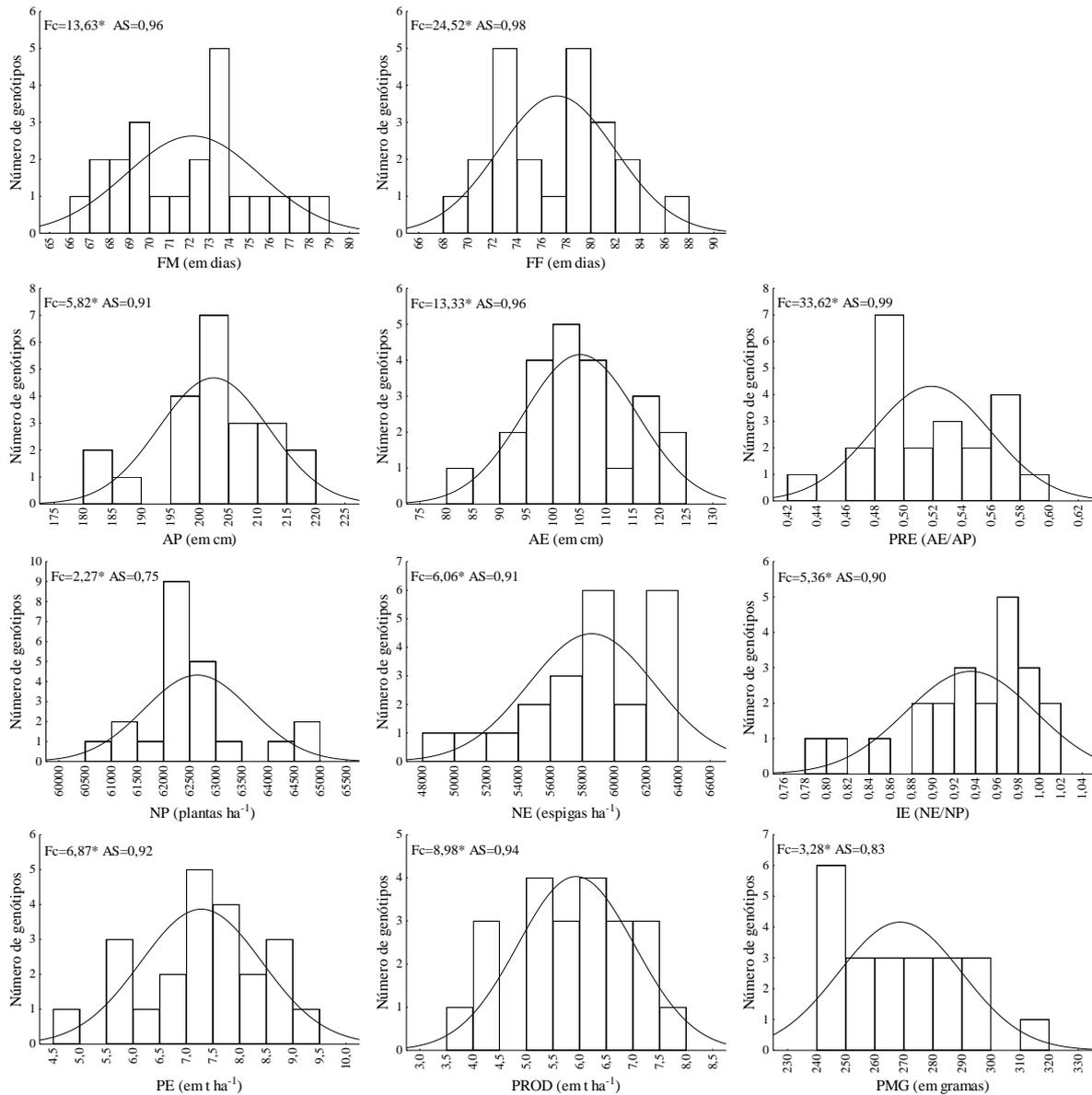


Figura 3 - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos, de um experimento com 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.

(¹) Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm; PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g. * Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

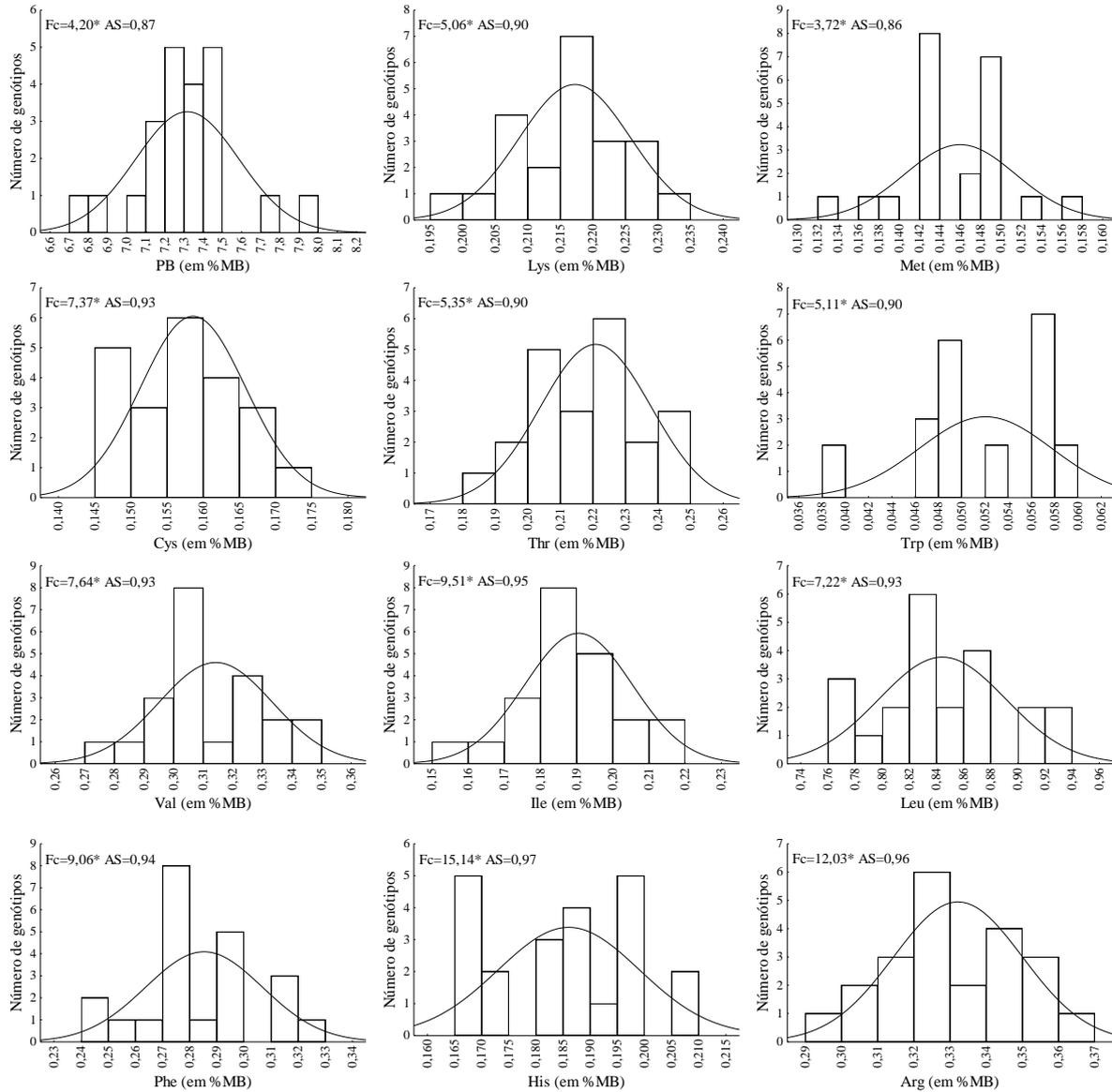


Figura 4 - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres nutricionais proteicos, de um experimento com 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.

⁽¹⁾ Nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Thr= treonina, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Val= valina, em %MB; Ile= isoleucina, em %MB; Leu= leucina, em %MB; Phe= fenilalanina, em %MB; His= histidina, em %MB e Arg= arginina, em %MB. * Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

Tabela 1 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica⁽²⁾ entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos de 36 genótipos de milho de ciclo precoce, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere ⁽¹⁾	FF	AP	AE	PRE	NP	NE	IE	PE	PROD	PMG	PB
FM	0,87*	0,08 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,43*	-0,73*	-0,71*	-0,53*	-0,51*	0,06 ^{ns}	0,05 ^{ns}
FF		0,14 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,43*	-0,85*	-0,85*	-0,69*	-0,70*	0,08 ^{ns}	0,03 ^{ns}
AP			0,58*	0,17 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,36*	0,12 ^{ns}
AE				0,90*	-0,13 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,34*
PRE					-0,13 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,34*
NP						0,60*	0,37*	0,48*	0,47*	0,06 ^{ns}	-0,22 ^{ns}
NE							0,97*	0,82*	0,80*	-0,01 ^{ns}	-0,10 ^{ns}
IE								0,80*	0,78*	-0,02 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
PE									0,99*	0,37*	-0,09 ^{ns}
PROD										0,37*	-0,10 ^{ns}
PMG											-0,10 ^{ns}
	Lys	Met	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg
FM	0,32 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,33*	0,38*	0,38*	0,32 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,33*	0,33*
FF	0,46*	0,37*	0,42*	0,50*	0,50*	0,48*	0,49*	0,39*	0,48*	0,45*	0,42*
AP	0,19 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,20 ^{ns}
AE	0,26 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,34*	0,12 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,36*
PRE	0,21 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,32 ^{ns}
NP	-0,29 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,33*	-0,40*	-0,24 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-0,35*	-0,23 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,33*	-0,41*
NE	-0,43*	-0,34*	-0,37*	-0,47*	-0,40*	-0,41*	-0,43*	-0,34*	-0,42*	-0,45*	-0,47*
IE	-0,40*	-0,31 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	-0,42*	-0,38*	-0,39*	-0,39*	-0,32	-0,39*	-0,41*	-0,40*
PE	-0,46*	-0,29 ^{ns}	-0,40*	-0,58*	-0,53*	-0,46*	-0,52*	-0,47*	-0,50*	-0,50*	-0,50*
PROD	-0,51*	-0,32 ^{ns}	-0,45*	-0,62*	-0,59*	-0,52*	-0,57*	-0,53*	-0,56*	-0,54*	-0,54*
PMG	-0,07 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
PB	Lys	Met	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg
	0,30 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,42*	0,25 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,34*	0,21 ^{ns}	0,39*	0,29 ^{ns}	0,50*	0,49*
Lys		0,68*	0,77*	0,83*	0,82*	0,78*	0,73*	0,66*	0,79*	0,74*	0,84*
Met			0,57*	0,72*	0,64*	0,71*	0,75*	0,55*	0,75*	0,54*	0,68*
Cys				0,71*	0,82*	0,86*	0,79*	0,78*	0,84*	0,90*	0,84*
Thr					0,88*	0,88*	0,90*	0,75*	0,89*	0,77*	0,86*
Trp						0,88*	0,86*	0,79*	0,88*	0,82*	0,82*
Val							0,95*	0,89*	0,97*	0,89*	0,89*
Ile								0,83*	0,95*	0,80*	0,83*
Leu									0,92*	0,82*	0,78*
Phe										0,85*	0,87*
His											0,92*

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm; PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g; nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Thr= treonina, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Val= valina, em %MB; Ile= isoleucina, em %MB; Leu= leucina, em %MB; Phe= fenilalanina, em %MB; His= histidina, em %MB e Arg= arginina, em %MB. ⁽²⁾ Coeficiente significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t de Student, com 34 graus de liberdade.

Tabela 2 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica⁽²⁾ entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos de 22 genótipos de milho de ciclo superprecoce, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere ⁽¹⁾	FF	AP	AE	PRE	NP	NE	IE	PE	PROD	PMG	PB
FM	0,89*	0,43*	0,78*	0,75*	0,15 ^{ns}	-0,60*	-0,66*	-0,52*	-0,54*	-0,30 ^{ns}	0,26 ^{ns}
FF		0,40 ^{ns}	0,73*	0,70*	0,02 ^{ns}	-0,84*	-0,87*	-0,72*	-0,76*	-0,24 ^{ns}	0,29 ^{ns}
AP			0,67*	0,26 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,13 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
AE				0,89*	0,00 ^{ns}	-0,55*	-0,57*	-0,40 ^{ns}	-0,43*	0,02 ^{ns}	0,10 ^{ns}
PRE					0,03 ^{ns}	-0,59*	-0,61*	-0,49*	-0,51*	-0,05 ^{ns}	0,15 ^{ns}
NP						0,26 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,08 ^{ns}
NE							0,97*	0,82*	0,85*	0,14 ^{ns}	-0,19 ^{ns}
IE								0,79*	0,83*	0,14 ^{ns}	-0,1 ^{ns}
PE									0,99*	0,39 ^{ns}	-0,26 ^{ns}
PROD										0,35 ^{ns}	-0,27 ^{ns}
PMG											-0,06 ^{ns}
	Lys	Met	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg
FM	0,29 ^{ns}	0,45*	0,54*	0,48*	0,48*	0,45*	0,45*	0,40 ^{ns}	0,46*	0,57*	0,49*
FF	0,44*	0,61*	0,68*	0,62*	0,54*	0,63*	0,64*	0,56*	0,61*	0,69*	0,62*
AP	0,02 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,14 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,14 ^{ns}
AE	0,25 ^{ns}	0,51*	0,38 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,48*	0,43*
PRE	0,30 ^{ns}	0,48*	0,43*	0,38 ^{ns}	0,46*	0,41 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,50*	0,48*
NP	-0,04 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,04 ^{ns}
NE	-0,53*	-0,52*	-0,68*	-0,63*	-0,57*	-0,69*	-0,65*	-0,64*	-0,64*	-0,69*	-0,62*
IE	-0,54*	-0,56*	-0,70*	-0,67*	-0,57*	-0,70*	-0,67*	-0,62*	-0,65*	-0,71*	-0,65*
PE	-0,56*	-0,50*	-0,66*	-0,66*	-0,68*	-0,73*	-0,73*	-0,73*	-0,71*	-0,57*	-0,60*
PROD	-0,59*	-0,54*	-0,68*	-0,69*	-0,68*	-0,74*	-0,74*	-0,74*	-0,72*	-0,61*	-0,64*
PMG	0,16 ^{ns}	0,29 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,15 ^{ns}
PB	0,52*	0,31 ^{ns}	0,69*	0,55*	0,52*	0,50*	0,53*	0,51*	0,57*	0,61*	0,57*
Lys		0,77*	0,81*	0,91*	0,85*	0,90*	0,85*	0,79*	0,86*	0,80*	0,89*
Met			0,67*	0,80*	0,70*	0,85*	0,84*	0,73*	0,81*	0,75*	0,84*
Cys				0,90*	0,87*	0,90*	0,89*	0,84*	0,91*	0,94*	0,92*
Thr					0,90*	0,93*	0,93*	0,82*	0,93*	0,89*	0,95*
Trp						0,91*	0,89*	0,85*	0,92*	0,86*	0,91*
Val							0,98*	0,94*	0,98*	0,91*	0,95*
Ile								0,92*	0,97*	0,87*	0,91*
Leu									0,96*	0,84*	0,85*
Phe										0,91*	0,94*
His											0,96*

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm; PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g; nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Thr= treonina, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Val= valina, em %MB; Ile= isoleucina, em %MB; Leu= leucina, em %MB; Phe= fenilalanina, em %MB; His= histidina, em %MB e Arg= arginina, em %MB. ⁽²⁾ Coeficiente significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t de Student, com 20 graus de liberdade.

Tabela 3 - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos e produtivos e nutricionais proteicos de 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
	-----Fenológicos-----	
FM ⁽¹⁾	-0,970	1,761
FF	1,718	-1,046
	-----Nutricionais proteicos-----	
PB	-0,397	0,264
Lys	0,703	-1,106
Met	-0,207	0,499
Cys	0,000	0,382
Trp	0,221	1,285
Leu	0,588	-1,531
Arg	-0,193	0,676
Correlação canônica (r)	0,565 ^{ns}	0,361 ^{ns}
χ^2	8,390	2,229
Graus de liberdade	14	6

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
	-----Morfológicos-----	
AP	0,280	1,195
AE	0,812	-0,920
	-----Nutricionais proteicos-----	
PB	0,101	-0,737
Lys	0,259	0,706
Met	-0,123	-0,492
Cys	1,065	1,022
Trp	-1,190	-1,196
Leu	-0,411	1,085
Arg	0,831	-0,844
Correlação canônica (r)	0,560 ^{ns}	0,420 ^{ns}
χ^2	9,120	3,108
Graus de liberdade	14	6

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos			
	1º	2º	3º	4º
	-----Produtivos-----			
NP	-0,299	0,450	0,642	0,941
NE	-0,235	-0,730	1,130	-1,765
PROD	0,944	1,291	-1,233	0,842
PMG	0,448	-0,986	0,716	-0,100
	-----Nutricionais proteicos-----			
PB	0,394	0,245	-0,173	-0,580
Lys	-0,275	0,377	-0,237	1,474
Met	0,963	-0,586	0,559	0,016
Cys	0,866	-0,708	0,465	-0,521
Trp	-1,032	0,422	0,348	-0,567
Leu	-0,576	-0,028	0,815	-0,108
Arg	-0,450	-0,556	-1,823	-0,062
Correlação canônica (r)	0,718 ^{ns}	0,643 ^{ns}	0,368 ^{ns}	0,194 ^{ns}
χ^2	21,633	10,766	2,765	0,577
Graus de liberdade	28	18	10	4

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm e AE= altura de inserção de espiga, em cm; produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g; nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Leu= leucina, em %MB e Arg= arginina, em %MB. *significativo pelo teste qui-quadrado a 5 % de probabilidade de erro.

Tabela 4 - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos e produtivos e nutricionais proteicos de 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
	-----Fenológicos-----	
FM ⁽¹⁾	-0,582	2,133
FF	1,484	-1,639
	-----Nutricionais proteicos-----	
PB	-0,406	0,378
Lys	-0,536	-1,601
Met	0,597	0,446
Cys	1,572	-0,199
Trp	-0,471	2,205
Leu	-0,025	-1,082
Correlação canônica (r)	0,844*	0,515 ^{ns}
χ^2	25,681	5,084
Graus de liberdade	12	5

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
	-----Morfológicos-----	
AP	-0,346	1,309
AE	1,200	-0,627
	-----Nutricionais proteicos-----	
PB	-0,229	-0,160
Lys	-1,080	-0,239
Met	1,061	0,908
Cys	0,922	0,655
Trp	0,853	-1,851
Leu	-0,849	0,478
Correlação canônica (r)	0,681 ^{ns}	0,442 ^{ns}
χ^2	13,882	3,594
Graus de liberdade	12	5

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos			
	1º	2º	3º	4º
	-----Produtivos-----			
NP	-0,282	-0,536	0,178	0,820
NE	0,504	1,684	0,599	0,811
PROD	0,577	-1,793	-0,373	-0,898
PMG	-0,485	0,313	0,946	-0,176
	-----Nutricionais proteicos-----			
PB	0,577	0,609	0,302	0,350
Lys	-0,131	0,235	0,785	-1,119
Met	-0,363	-0,345	1,027	1,000
Cys	-1,154	-2,103	-0,940	-0,641
Trp	0,596	0,723	-0,933	2,118
Leu	-0,264	1,455	-0,117	-1,283
Correlação canônica (r)	0,901*	0,652 ^{ns}	0,517 ^{ns}	0,310 ^{ns}
χ^2	40,784	14,954	6,390	1,562
Graus de liberdade	24	15	8	3

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm e AE= altura de inserção de espiga, em cm; produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g; nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Trp= triptofano, em %MB e Leu= leucina, em %MB. *significativo pelo teste qui-quadrado a 5 % de probabilidade de erro.

4 CAPÍTULO II

ASSOCIAÇÕES LINEARES ENTRE CARACTERES FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS ENERGÉTICOS EM MILHO

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi investigar se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais energéticos, por meio da análise de correlação canônica, em genótipos de milho de ciclo precoce e superprecoce. Os experimentos foram conduzidos no ano agrícola 2009/2010, no delineamento blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 36 genótipos de ciclo precoce e 22 genótipos de ciclo superprecoce e mensurados os seguintes caracteres fenológicos - número de dias da semeadura até o florescimento masculino e número de dias da semeadura até o florescimento feminino; morfológicos - altura de planta na colheita, altura de inserção de espiga na colheita e calculada a posição relativa da espiga; produtivos - número de plantas, número de espigas, índice de espiga, peso de espiga, produtividade de grãos e peso de mil grãos e os nutricionais energéticos - energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio, extrato etéreo, amido e amilose. Para cada caractere foi realizada a análise de variância e teste F a 5% de significância. Após, foi determinada a matriz de coeficientes de correlação fenotípica entre os 15 caracteres. Depois foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres, por meio do número de condição e do fator de inflação da variância. Posteriormente, para genótipos de ciclo precoce e superprecoce, foi realizada a análise de correlação canônica entre os caracteres: fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos. Em genótipos de ciclo precoce a correlação canônica significativa entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos indica que o caractere altura de planta pode ser utilizado na seleção indireta de plantas como indicativo de qualidade nutricional energética em grãos de milho. Em genótipos de ciclo superprecoce as correlações canônicas significativas entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e

nutricionais energéticos e entre produtivos e nutricionais energéticos mostram que os caracteres número de dias da sementeira até o florescimento feminino, altura de planta, número de espigas e peso de mil grãos podem ser utilizados no melhoramento genético de plantas por meio da seleção indireta como indicativos de qualidade nutricional energética nos grãos de milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L., análise multivariada, composição química.

LINEAR ASSOCIATIONS AMONG PHENOLOGICAL, MORPHOLOGICAL, PRODUCTIVE, AND ENERGETIC-NUTRITIONAL TRAITS IN MAIZE

ABSTRACT

The aim of this study was to investigate through the canonical correlation analysis if there is linear dependence among phenological, morphological, and productive traits with energetic-nutritional traits in early maturing and super-early maturing maize genotypes. The experiments were carried out in the agricultural year 2009/2010, in a randomized block design with three repetitions. It was evaluated 36 early maturing and 22 super-early maturing maize genotypes and the following traits were measured: phenological - number of days from sowing to the male flowering and number of days from sowing to female flowering; morphological - plant height at harvest, ear height at harvest, and relative ear placement; productive - number of plants, number of ears, ear index, ear weight, grain yield and thousand grains weight; and energetic-nutritional - apparent metabolizable energy corrected for nitrogen, ether extract, starch, and amylose. The variance analysis and the F test at 5% of significance were performed for each trait. Further, it was determined the matrix of phenotypic correlation coefficients among 15 traits. Thereafter, the multicollinearity diagnosis was conducted within each group of traits using the condition number and the variance inflation factor. Subsequently, the canonical correlation analysis was performed for the early maturing and super-early maturing maize genotypes within the following groups: phenological and energetic-nutritional, morphological and energetic-nutritional, and productive and energetic-nutritional. In early maturing maize genotypes, there is significant canonical correlation between phenological and energetic-nutritional traits indicating that the plant height trait can be used for indirect

selection of plants as an indicative of nutritional quality in grains of maize. Moreover, in super-early maturing maize genotypes, the significant canonical correlations between phenological and energetic-nutritional traits, morphological and energetic-nutritional traits, and productive and energetic-nutritional traits demonstrate that the traits number of days from sowing to female flowering, plant height, number of spikes, and thousand grains weight can be used in plant breeding through indirect selection as indicative of energetic-nutritional quality in grains of maize.

Key words: *Zea mays* L., multivariate analysis, chemical composition.

4.1 INTRODUÇÃO

O milho é o ingrediente energético majoritário utilizado em rações animais, sendo que cerca de 80% da produção brasileira total de milho é destinada para esse fim (Oliveira et al., 2011). O conhecimento dos teores nutritivos e energéticos dos grãos de milho como energia metabolizável, extrato etéreo, amido e amilose são importantes na formulação de rações animais, para permitir o atendimento às exigências nutricionais e o correto balanceamento da dieta (Silva et al., 2008).

Variações na composição energética dos grãos de milho podem influenciar significativamente a lucratividade da produção de suínos, pois a composição energética possui influência direta na conversão alimentar (Dozier et al., 2011). A caracterização fenológica, morfológica, produtiva e nutricional energética de grãos de milho é de grande importância devido à cultura ser amplamente utilizada na alimentação humana e animal, principalmente como ingrediente majoritário em rações animais, pelo seu elevado teor energético. Diante disso, estudos sobre a caracterização química e energética de milho foram realizados com o objetivo de avaliar o desempenho de suínos (Li et al., 2014), frangos de corte e galinhas poedeiras (Moore et al., 2008).

Dentre os constituintes energéticos presentes nos grãos de milho, a energia metabolizável aparente é a melhor forma de expressar a energia realmente disponível nos alimentos. Por mais que a energia metabolizável aparente não seja um nutriente propriamente dito, entretanto é a energia produzida quando são oxidados pelo metabolismo, visando o máximo desempenho animal. O extrato etéreo denominado gordura bruta, é encontrado no gérmen do grão de milho e

também é fonte de energia nas rações (Paes, 2006). O amido é um dos maiores componentes individuais presente nos grãos de milho, fonte de energia primária por ser um carboidrato de reserva e é constituído de amilose e amilopectina (Li et al., 2008; Idikut et al., 2009). Os teores de amilose e amilopectina nos grãos apresentam influência sobre a digestibilidade e a taxa de degradação do amido, ou seja, grãos com menores teores de amilose apresentam maior digestibilidade (Kabir et al., 1998). Esses teores podem ser avaliados por meio de métodos indiretos como a técnica NIRS (*Near Infrared Spectroscopy Reflectance*), que segundo Dale et al. (2010) é um método rápido, preciso e permite a integridade das amostras devido ser um método não destrutivo.

No melhoramento genético de plantas, informações sobre a caracterização nutricional dos grãos são de grande importância, especialmente no momento da definição dos cruzamentos em programas de melhoramento genético, visando aplicação direcionada nas rações animais, a fim de aumentar a eficiência e minimizar custos produtivos para os avanços no melhoramento genético. Dessa forma, é fundamental o conhecimento dos caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de genótipos de milho para possibilitar a identificação precocemente de caracteres até mesmo em campo, que sejam indicativos de qualidade nutricional nos grãos.

O conhecimento da associação entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos em genótipos de milho de ciclo precoce e superprecoce, permite verificar se há dependência linear entre os caracteres e a magnitude da associação. Outra forma de se verificar a associação entre dois grupos de caracteres é por meio da análise de correlações canônicas, a qual é realizada de forma multidimensional, de modo que a correlação entre essas combinações seja máxima (Cruz et al., 2004).

A análise de correlação canônica é uma técnica multivariada, utilizada em estudos exploratórios, que permite descrever a associação entre os grupos de caracteres (X e Y). Nessa técnica, cada par de variáveis canônicas é denominado de função canônica e o número de funções canônicas que pode ser obtido é igual ao número de caracteres do menor grupo, ou seja, se o menor grupo tiver três caracteres, o número de funções canônicas será igual a três, sendo que o primeiro coeficiente do par canônico apresenta a maior correlação existente entre os grupos de caracteres (Johnson e Wichern, 2007; Hair et al., 2009).

Estudos sobre a associação entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais de milho foram realizados por Malik et al. (2005); Moore et al. (2008); Moradi e Azarpour (2011); Li et al. (2014) e Nataraj et al. (2014). Já, estudos sobre a associação entre grupos de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e nutricionais energéticos, por meio de correlações canônicas são desconhecidos na literatura. Diante da ausência de trabalhos que mostrem as relações lineares entre grupos de caracteres de campo e caracteres nutricionais energéticos em milho, o objetivo deste trabalho foi investigar se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais energéticos, por meio da análise de correlação canônica em genótipos de milho de ciclo precoce e superprecoce.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados nesse estudo são provenientes de dois experimentos, conduzidos no ano agrícola 2009/2010, com a cultura de milho (*Zea mays* L.), na área experimental do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Santa Maria, Estado do Rio Grande do Sul, a 29°42'S, 53°49'W e a 95m de altitude. Um experimento foi composto por 36 genótipos de milho de ciclo precoce e o outro por 22 genótipos de milho de ciclo superprecoce. Os genótipos avaliados pertencem à Rede de Avaliação de Cultivares de Milho do Rio Grande do Sul, coordenada pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO).

Nos dois experimentos, o delineamento experimental foi blocos casualizados, com três repetições. As unidades experimentais foram compostas de duas fileiras com 5m de comprimento, espaçadas em 0,80m entre fileiras e 0,20m entre plantas na fileira. A semeadura de milho foi realizada, manualmente, em 26 de outubro de 2009, com adubação de base de 37,5 kg ha⁻¹ de nitrogênio (N), 150 kg ha⁻¹ de fósforo (P₂O₅) e 150 kg ha⁻¹ de potássio (K₂O). A emergência das plantas ocorreu entre 01 e 03 de novembro de 2009 e a população foi ajustada, por meio de desbaste para 62.500 plantas ha⁻¹. Em cobertura foram aplicados 200 kg ha⁻¹ de nitrogênio, divididos em três aplicações, quando as plantas apresentaram três, cinco e dez folhas.

Em cada unidade experimental de cada genótipo, em campo, foram mensurados os caracteres fenológicos e morfológicos. Os caracteres fenológicos

mensurados foram o número de dias da sementeira até o florescimento masculino (FM) e o número de dias da sementeira até o florescimento feminino (FF), os quais foram considerados quando 50% das plantas da parcela apresentaram florescimento masculino e feminino, respectivamente. Os caracteres morfológicos altura de planta na colheita (AP, em cm), altura de inserção de espiga na colheita (AE, em cm) e posição relativa da espiga ($PRE=AE/AP$) foram mensurados em todas as plantas da parcela. No dia 15 de março de 2010, foi realizada a colheita das espigas de milho. Nesse momento foram mensurados os caracteres produtivos: número de plantas (NP, plantas ha^{-1}), número de espigas (NE, espigas ha^{-1}), índice de espiga ($IE=NE/NP$), peso de espiga (PE, em $t\ ha^{-1}$), produtividade de grãos a 13% de umidade (PROD, em $t\ ha^{-1}$) e peso de mil grãos (PMG, em gramas).

Posteriormente, de cada parcela, separou-se uma amostra de 500 gramas de grãos de milho, que foi acondicionada em um saco de papel e levada a estufa de circulação forçada de ar até atingir umidade de 10%. Após a secagem, os grãos foram moídos em micromoinho (MA-630, Marconi), a fim de obter uma amostra com granulometria entre 0,30 e 0,50mm. Cada amostra moída foi acondicionada em embalagem hermeticamente fechada até o momento das análises nutricionais dos grãos. Com essas amostras de cada genótipo de cada bloco foram determinados os caracteres nutricionais energéticos: energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (AMEn, em $kcal\ kg^{-1}$), extrato etéreo (EE), amido (AMD) e amilose (AML) em porcentagem da matéria bruta (%MB). As quantificações dos teores de energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio, extrato etéreo e amido foram realizadas por meio de Espectroscopia de Refletância no Infravermelho Próximo (NIRS - *Near Infrared Spectroscopy Reflectance*), usando ajuste de calibração pelo procedimento analítico CEAN 010 da Adisseo Brasil AS. Devido o equipamento NIRS não estar calibrado para determinar o teor de amilose nos grãos de milho, esse caractere foi determinado conforme técnica iodométrica descrita por Martinez e Cuevas-Perez (1989), seguindo as etapas de dissolução, gelatinização, acidificação e adição de solução de iodo para complexação com o amido e leitura em espectrofotômetro a 620nm.

Foram testadas as pressuposições do modelo matemático em cada um dos grupos de caracteres. A normalidade dos erros foi verificada por meio do teste de Kolmogorov-Smirnov (Campos, 1983) e a homogeneidade de variâncias residuais pelo teste de Bartlett (Steel et al., 1997). Depois, foi realizada a análise de variância,

a 5% de significância, estimados os coeficientes de correlação fenotípicos entre os 15 caracteres e, por meio do teste t de *Student*, a 5% de probabilidade de erro, foi verificada a significância do *r* para os experimentos de ciclo precoce e superprecoce. Após, foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres (fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos) para os experimentos de ciclo precoce e superprecoce.

Os métodos utilizados para verificar o grau de multicolinearidade da matriz de correlação fenotípica foram: o número de condição (NC) e o fator de inflação da variância (VIF). O NC, que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação, foi utilizado como critério de decisão, conforme classificação proposta por Montgomery e Peck (1982) e descrita por Cruz e Carneiro (2006). Assim, se o NC foi $NC \leq 100$, considerou-se multicolinearidade fraca entre os caracteres, $100 < NC < 1.000$, multicolinearidade moderada a forte e $NC \geq 1.000$, multicolinearidade severa. No caso de multicolinearidade moderada a forte ou severa, procedeu-se a eliminação de caracteres altamente correlacionados. E o VIF representa o quanto da variância do coeficiente está inflacionado em comparação ao que seria se o caractere não estivesse correlacionado com qualquer outro caractere do modelo. Valores de VIF menores que 10 são considerados adequados, indicando a ausência de colinearidade e valores de VIF acima de 10 indicam um alto grau de colinearidade entre os caracteres (Kutner et al., 2005).

Posteriormente, realizou-se a análise de correlação canônica para os genótipos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente. Os grupos de caracteres foram correlacionando da seguinte maneira: fenológicos (FM e FF) e nutricionais energéticos (AMEn, EE, AMD e AML), morfológicos (AP e AE) e nutricionais energéticos (AMEn, EE, AMD e AML) e produtivos (NP, NE, PROD e PMG) e nutricionais energéticos (AMEn, EE, AMD e AML). As medidas de associação entre os grupos foram apresentadas por meio dos coeficientes dos pares canônicos e acompanhadas dos respectivos coeficientes canônicos. Para avaliar a significância das associações canônicas entre os grupos de caracteres, utilizou-se o teste qui-quadrado, a 5% de significância (Cruz e Regazzi, 1997). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software GENES (Cruz, 2013) e do aplicativo Microsoft Office Excel®.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após a aplicação dos testes para verificar o atendimento as pressuposições do modelo matemático, com relação à normalidade dos erros por meio do teste de Kolmogorov-Smirnov, verificou-se que em genótipos de ciclo precoce todos os caracteres mensurados apresentaram distribuição normal. Já em genótipos de ciclo superprecoce, apenas o caractere número de planta (NP) não apresentou distribuição normal. Além disso, em 10 e 13 dos 15 caracteres mensurados nos experimentos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente, as variâncias residuais foram homogêneas pelo teste qui-quadrado de Bartlett (Tabelas 1 e 2), conferindo credibilidade aos resultados.

A análise de variância para os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos, evidenciou a existência de variabilidade genética entre os genótipos de ciclo precoce e superprecoce (Tabela 1). Em genótipos de ciclo precoce, 14 caracteres apresentaram diferença significativa para genótipo. Apenas o caractere amido (AMD) não apresentou diferença significativa. Já, em genótipos de ciclo superprecoce, todos os caracteres apresentaram diferença significativa para genótipo.

Em genótipos de ciclo precoce, o valor médio do número de dias da semeadura até o florescimento masculino (FM) foi de 74 dias, oscilando de 65 dias a 88 dias e o número de dias da semeadura até o florescimento feminino (FF), apresentou valor médio de 80 dias variando de 69 dias a 94 dias (Tabela 1). Em genótipos de ciclo superprecoce o FM apresentou valor médio de 72 dias, oscilando entre 66 dias e 82 dias e o FF, variou de 69 dias a 87 dias, com valor médio de 77 dias (Tabela 2). Trabalho realizado por Golam et al. (2011) encontraram valor médio de 63 dias para o FM e 65 dias para o FF. Bekele e Rao (2014) também avaliaram o FM e o FF e encontraram valores médios de 52 dias e 57 dias, respectivamente.

Os valores médios de altura de planta (AP) foram de 187,04cm e 202,27cm em genótipos de ciclo precoce e superprecoce, respectivamente. A altura de inserção de espiga (AE) apresentou valor médio de 96,33cm, variando entre 66,58cm e 132,61cm em genótipos de ciclo precoce e valor médio de 104,97cm, oscilando de 80,08cm a 127,20cm em genótipos de ciclo superprecoce (Tabelas 1 e 2). Estudo realizado por Golam et al. (2011), encontraram valores médios superiores para os caracteres AP e AE, de 205,87cm e 79,57cm, respectivamente. Trabalho

realizado por Bekele e Rao (2014) encontraram valores médios de 188,99cm para AP e 86,19cm para AE, valores considerados semelhantes ao presente estudo. Esses resultados mostram que existe ampla variabilidade com relação à morfologia das plantas de milho cultivadas mundialmente. A posição relativa da espiga (PRE) apresentou valor médio de 0,51 em genótipos de ciclo precoce e 0,52 em genótipos de ciclo superprecoce (Tabelas 1 e 2).

O NP apresentou média de 63.044 plantas ha^{-1} , oscilando entre 50.000 e 67.500 plantas ha^{-1} em genótipos de ciclo precoce. Em genótipos de ciclo superprecoce a média foi de 62.632 plantas ha^{-1} , com valor mínimo de 58.750 plantas ha^{-1} e máximo de 66.250 plantas ha^{-1} (Tabelas 1 e 2). Em genótipos de ciclo precoce e superprecoce o valor médio para o caractere número de espigas (NE) foi de 55.277 espigas ha^{-1} e de 58.522 espigas ha^{-1} , respectivamente. O índice de espiga (IE) apresentou média de 0,88 em genótipos de precoce e de 0,93 em genótipos de ciclo superprecoce. O caractere peso de espiga (PE) apresentou valor médio de 6,13 t ha^{-1} , com valor mínimo de 2,73 t ha^{-1} e máximo de 9,69 t ha^{-1} em genótipos de ciclo precoce, e média de 7,27 t ha^{-1} , e valor mínimo de 3,97 t ha^{-1} e 9,89 t ha^{-1} , em genótipos de ciclo superprecoce. Em genótipos de ciclo precoce, a produtividade de grãos (PROD) variou de 2,15 t ha^{-1} a 8,34 t ha^{-1} , com média de 5,00 t ha^{-1} e em genótipos de ciclo superprecoce oscilou de 3,09 t ha^{-1} a 8,23 t ha^{-1} , com média de 5,92 t ha^{-1} (Tabelas 1 e 2). Na safra 2009/2010, a produtividade média de grãos de milho foi de 4,86 toneladas por hectare (Conab, 2011). Diante disso, os genótipos estudados apresentaram, com relação a produtividade média do Rio Grande do Sul, adequado e desempenho em campo.

O caractere massa de mil grãos (PMG) obteve valor médio de 265,16 gramas, com valor mínimo de 186,72 gramas e máximo de 322,42 gramas em genótipos de ciclo precoce, e valor médio de 268,51 gramas, com mínimo de 212,37 gramas e máximo de 341,91 gramas em genótipos de ciclo superprecoce (Tabelas 1 e 2). Valores médios superiores foram encontrados por Golam et al. (2011) de 284,14 gramas e por Moore et al. (2008) de 316,80 gramas.

De maneira geral, os genótipos de ciclo precoce e superprecoce apresentam variabilidade em caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos. Diante dessa variabilidade pode-se inferir que os genótipos podem ser utilizados no processo de escolha de cruzamentos adequados entre genótipos divergentes. Verificou-se que

resultados obtidos por outros autores na cultura de milho, também encontram variabilidade entre genótipos e entre caracteres.

Em relação aos caracteres nutricionais energéticos, os genótipos de ciclo precoce apresentaram valor médio para energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (AMEn) de 3.434,87 kcal kg⁻¹, oscilando entre 3.382,00 kcal kg⁻¹ a 3.479,00 kcal kg⁻¹ e em genótipos de ciclo superprecoce a AMEn obteve média de 3.416,05 kcal kg⁻¹, variando de 3.332,00 kcal kg⁻¹ a 3.473,00 kcal kg⁻¹ (Tabelas 1 e 2). Valor médio semelhante (3.438,51 kcal kg⁻¹) foi encontrado em estudo desenvolvido por Li et al. (2014). O teor médio de extrato etéreo (EE) foi de 3,76%MB, variando de 3,37%MB a 4,18%MB, em genótipos de ciclo precoce e valor médio de 3,72%MB, oscilando de 3,21%MB a 4,09%MB em genótipos de ciclo superprecoce (Tabelas 1 e 2). Valores inferiores de EE, oscilando entre 2,55% e 3,25% foram encontrados por Moore et al. (2008), na avaliação de seis híbridos de milho e Li et al. (2014) encontraram valor médio de 3,18% de EE. Já Aliu et al. (2012), encontraram média superior (4,44%) a encontrada no presente estudo.

Em genótipos de ciclo precoce, o valor médio para o caractere AMD foi de 68,64%MB, com valor mínimo de 64,57%MB e máximo de 73,65%MB e em genótipos de ciclo superprecoce o valor médio foi de 68,92%MB, variando de 65,75%MB a 72,22%MB (Tabelas 1 e 2). Aliu et al. (2012) encontraram valor médio de 69,90%, variando de 67,39% a 72,15%. Valor médio inferior de 63,68% foi encontrado por Li et al. (2014). O teor de amilose (AML) em genótipos de ciclo precoce apresentou valor médio de 28,96%MB, variando de 26,83%MB a 31,47%MB e em genótipos de ciclo superprecoce a média foi de 28,61%MB, oscilando de 26,04%MB a 30,68%MB (Tabelas 1 e 2). Já estudo realizado por Moore et al. (2008), encontraram valores de AML entre 26,57% e 37,48%.

Esses resultados, comparados com estudos já realizados, demonstram a confiabilidade e ampla variabilidade genética de caracteres nutricionais energéticos em genótipos de milho. Esse estudo é de grande importância, pois a ampla variabilidade encontrada nesses caracteres possibilita identificar caracteres promissores para o melhoramento genético de plantas de milho por meio da seleção indireta.

Com base nos valores médios para cada caractere avaliado no presente estudo, comparados com os verificados na literatura, pode-se inferir que existe expressiva variabilidade. A existência de variabilidade é uma premissa do

melhoramento genético de plantas e abre a possibilidade de serem realizadas por meio de estratégias do melhoramento de plantas de milho, cruzamentos entre indivíduos passíveis de se obter melhorias na qualidade nutricional energética sem comprometer a produtividade de grãos.

As estatísticas de precisão experimental mostram que, em genótipos de ciclo precoce, a acurácia seletiva (AS) variou de 0,46 para o caractere AMD a 0,97 para os caracteres FF e PRE. Em 86,66% dos caracteres mensurados a AS foi muito alta, com exceção dos caracteres NP e AMD que apresentaram AS moderada e baixa, respectivamente (Tabela 1). Em genótipos de ciclo superprecoce, a AS foi muito alta em 79,92% dos caracteres, moderada em 19,98% dos caracteres, sendo a maior AS igual a 0,99 para o caractere posição relativa da espiga (PRE) e o menor valor de AS (0,75) para o caractere número de plantas (NP) (Tabela 2). A estatística de precisão Teste F (F_c) variou de 1,27 para o caractere amido (AMD) a 17,42 para o caractere PRE, em genótipos de ciclo precoce e de 2,27 para o caractere NP a 33,62 para posição PRE, em genótipos de ciclo superprecoce. O coeficiente de variação (CV) para os caracteres AMEn e produtividade de grãos (PROD) oscilou entre 0,37% e 13,32% para genótipos de ciclo precoce e entre 0,29% e 10,64% para genótipos de ciclo superprecoce (Tabelas 1 e 2).

De maneira geral, o CV nos dois experimentos apresentou CV baixo indicando precisão experimental alta. Apenas os caracteres produtivos PE e PROD apresentaram valores de CV médios em ambos os experimentos (Tabelas 1 e 2). De acordo com as estatísticas de precisão, os resultados demonstram que os experimentos apresentam boa precisão experimental com base nas estatísticas AS, Teste F (F_c) e CV. Segundo estudo realizado por Cargnelutti Filho e Storck (2009) em milho mostra que as estatísticas AS e F_c são consideradas as mais adequadas para se realizar inferências de precisão experimental.

O diagnóstico de multicolinearidade, com base na matriz de correlação fenotípica em cada grupo de caracteres realizado com base número de condição (NC) e no fator de inflação da variância (VIF) para os genótipos de ciclo precoce e superprecoce, nos caracteres fenológicos apresentaram NC inferior a 100 e VIF inferior a 10, indicando multicolinearidade fraca. Em genótipos de ciclo precoce e superprecoce, os caracteres morfológicos apresentaram multicolinearidade severa e foi necessária a eliminação do caractere PRE, por ser altamente correlacionado com o caractere AE. Em caracteres produtivos, foram eliminados os caracteres IE e PE,

pois causavam problemas de multicolinearidade. Já, em caracteres nutricionais energéticos não foi necessária a eliminação de caracteres.

A existência de correlação entre os caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e nutricionais energéticos de genótipos de ciclo precoce e superprecoce foi confirmada por meio das matrizes de correlação fenotípica. Em genótipos de ciclo precoce, as estimativas de correlação fenotípica variaram de $r=-0,847$ entre os caracteres FF e IE a $r=0,993$ entre FF e NE e entre os caracteres PE e PROD (Tabela 3). Para genótipos de ciclo superprecoce, as estimativas de correlação fenotípica oscilaram de $r=-0,873$ entre os caracteres FF e IE a $r=0,991$ entre os caracteres PE e PROD (Tabela 3). Com base nessas estimativas, pode-se afirmar que existem caracteres em milho que apresentam dependência linear e podem ser utilizados na seleção indireta.

Os resultados do presente estudo mostram que para genótipos de ciclo precoce existe correlação negativa entre os caracteres FM e FF com os caracteres produtivos, NP, NE, IE, PE e PROD, com exceção do PMG que apresentou correlação baixa. Em genótipos de ciclo superprecoce a correlação entre os caracteres FM e FF e os caracteres produtivos NE, IE, PE, PROD e PMG apresentaram correlação negativa, com exceção do caractere NP que apresentou correlação positiva de baixa magnitude com o caractere FM ($r=0,149$) e baixa correlação com o caractere FF ($r=0,024$) (Tabela 3). Esses resultados estão de acordo com Malik et al. (2005) e Bekele e Rao (2014). Os genótipos de ciclo precoce e superprecoce apresentaram correlação positiva entre os caracteres PMG e a PROD, com $r=0,370$ e $r=0,346$, respectivamente. Trabalhos realizados por Gautam et al. (1999) e Prakash et al. (2006) também obtiveram correlações positivas entre esses caracteres.

A correlação entre os caracteres PROD e AMD, em genótipos de ciclo precoce foi de $r=-0,141$ e em genótipos de ciclo superprecoce de $r=0,029$ (Tabela 3). Esses resultados vão de encontro aos verificados por Geetha e Jayaraman, (2000) e Prakash et al. (2006). Em contrapartida, estudo realizado por Idikut et al. (2009) indicou correlação positiva e não significativa de $r=0,486$. A PROD apresentou correlação positiva com o caractere PMG e PE em genótipos de ciclo precoce e superprecoce (Tabela 3). Esses resultados estão de acordo com os encontrados por Maia et al. (1997) e Khatun et al. (1999). O caractere PE apresentou correlação positiva de $r=0,993$ e $r=0,991$ com a PROD para genótipos de ciclo precoce e

superprecoce, respectivamente (Tabela 3). Resultados encontrados por Carvalho et al. (2004) corroboram com os verificados no presente estudo.

Em genótipos de ciclo precoce a correlação entre os caracteres FM e EE e entre FF e EE foram não significativas de $r=0,234$ e $r=0,314$, respectivamente. E em genótipos de ciclo superprecoce a correlação entre os caracteres FM e EE foi de $r=0,617$ e entre FF e EE foi de $r=0,674$. Correlação positiva, no entanto, de baixa magnitude entre os caracteres acima citados também foram encontrados por Wali et al. (2006) e Chukwu et al. (2013). Essas correlações positivas indicam que os pares de caracteres avaliados, são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variação ambiental (Cruz e Regazzi, 2001). Então, para genótipos de ciclo precoce e superprecoce, quanto maior o FM e o FF, maior é o teor de extrato etéreo nos grãos.

Em genótipos de ciclo precoce, a correlação canônica entre os grupos de caracteres morfológicos e nutricionais energéticos apresentaram o primeiro coeficiente do par canônico significativo ($r=0,545$), a 5% de probabilidade. O coeficiente do par canônico significativo mostra que plantas mais altas apresentam menor teor de AML nos grãos e menor é a AMEn. Isso mostra que é possível verificar na fase morfológica de genótipos de ciclo precoce indicativos de qualidade energética nos grãos de milho (Tabela 4). Pode-se observar que as correlações canônicas estabelecidas com base em caracteres fenológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos foram não significativas, pelo teste de qui-quadrado. Verificou-se que os grupos considerados são independentes, ou seja, não apresentam dependência linear entre os caracteres.

Os genótipos de ciclo superprecoce apresentam associação entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos com o primeiro coeficiente do par canônico significativo ($r=0,779$) a 5% de probabilidade. O coeficiente do par canônico significativo mostra que quanto maior o FF, maior é o teor de EE nos grãos (Tabela 5). A associação entre os caracteres morfológicos e nutricionais energéticos apresentou correlação canônica significativa ($r=0,736$) somente no primeiro coeficiente do par canônico. O coeficiente do par canônico significativo mostra que plantas com maior altura de espiga, apresentam maior teor de extrato etéreo nos grãos (Tabela 5). Esses resultados mostraram que os caracteres FF e AE podem ser utilizados na seleção indireta de plantas como indicativos de maior teor de EE nos grãos.

Os dois primeiros coeficientes dos pares canônicos foram significativos para relação entre caracteres produtivos e nutricionais energéticos (Tabela 5). O primeiro coeficiente do par canônico significativo apresentou correlação canônica de $r=0,900$ e o segundo coeficiente do par canônico de $r=0,733$. O primeiro coeficiente do par canônico significativo evidencia que quanto menor o NE, maior é o teor de EE nos grãos. E o segundo coeficiente do par canônico significativo mostra que quanto maior o PMG, maior é a AMEn nos grãos de milho (Tabela 5). Os caracteres produtivos NE e PMG podem ser utilizados na orientação de programas de melhoramento genético de milho por meio da seleção indireta.

A análise de correlação canônica mostrou que os caracteres morfológicos e nutricionais energéticos em genótipos de ciclo precoce e os caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e nutricionais energéticos são dependentes, apresentando relacionamento linear entre os caracteres em estudo. Desse modo, pode-se inferir que é possível identificar caracteres por meio da seleção indireta que sejam indicativos de qualidade nutricional energética em grãos de milho. Essas informações são de grande importância no melhoramento genético de plantas, visando identificar precocemente plantas que apresentem maior qualidade nutricional de grãos com foco na nutrição animal.

4.4 CONCLUSÕES

Em genótipos de ciclo precoce a correlação canônica significativa entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos indica que o caractere altura de planta pode ser utilizado na seleção indireta de plantas como indicativo de qualidade nutricional energética em grãos de milho.

Em genótipos de ciclo superprecoce as correlações canônicas significativas entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e entre produtivos e nutricionais energéticos mostram que os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento feminino, altura de planta, número de espigas e peso de mil grãos podem ser utilizados no melhoramento genético de plantas por meio da seleção indireta como indicativos de qualidade nutricional energética nos grãos de milho.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas aos autores. A empresa Adisseo Brasil, na pessoa do Sr. Washington Neves, pela realização das análises laboratoriais. Aos alunos bolsistas e voluntários pelo auxílio na coleta de dados.

4.5 REFERÊNCIAS

- Aliu, S., Rusinovci, I., Fetahu, S., Simeonovska, E., 2012. Genetic diversity and correlation estimates for grain yield and quality traits in Kosovo local maize (*Zea mays* L.) populations. *Acta Agric. Slov.* 99, 121-128.
- Bekele, A., Rao, T.N., 2014. Estimates of heritability, genetic advance and correlation study for yield and it's attributes in maize (*Zea mays* L.). *J Plant. Sci.* 2, 1-4.
- Campos, H., 1983. Estatística experimental não-paramétrica. 4 ed. Piracicaba: Departamento de Matemática e Estatística – ESALQ.
- Cargnelutti Filho, A., Storck, L., 2009. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. *Pesq. agropec. bras.* 44, 111-117.
- Carvalho, F.I.F., Lorencetti, C., Benin, G., 2004. Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal. Pelotas: Ed. Universitária da UFPel, 2004.
- Chukwu, S.C., Ekwu, L. G., Onyishi, G.C., Okporie, E.O., Obi, I.U., 2013. Correlation between Agronomic and Chemical Characteristics of Maize (*Zea Mays* L.) Genotypes after Two Years of Mass Selection. *Int J Sci Res.* 4, 1708-1712.
- Conab – Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2010/2011 – Sexto Levantamento, Março/2011 / Companhia Nacional de Abastecimento. Brasília - DF: Conab, 2011.
- Cruz C.D., Regazzi, A.J., 2001. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: UFV.
- Cruz C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S., 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV.
- Cruz, C.D., 2013. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta. Sci. Agron.* 35, 271-276.

- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., 2006. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed, Viçosa: UFV.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., 1997. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. Viçosa: UFV.
- Dale, L.M., Rotar, I., Vidican, R., Morea, A., Mogos, A., 2010. Determination of Chemical Composition of Maize by Destructive and Non-Destructive Method. Bulletin UASVM Agriculture. 67, 68-73.
- Dozier, W.A., Gehring, C.K., Corzo, A., Olanrewaju, H.A., 2011. Apparent metabolizable energy needs of male and female broilers from 36 to 47 days of age. Poultry Sci. 90, 804–814.
- Gautam, A.S., Mittal, R.K., Bhandari, J.C., 1999. Correlations and path coefficient analysis in maize (*Zea mays* L.). Ann. Agri. Biol. Res. 4, 1169-1171.
- Geetha, K., Jayaraman, N., 2000. Path analysis in maize (*Zea mays* L.). Agric. Sci. Dig. 20, 60-1.
- Golam, F., Farhana, N., Zain, M.F, Majid, N.A., Rahman, Rahman, M.M, Kadir, M.A., 2011. Grain yield and associated traits of maize (*Zea mays* L.) genotypes in Malaysian tropical environment. Afr. J. Agric. Res. 6, 6147-6154.
- Hair, J.F., Anderson, R.E., Tatham, R.L., Black, W.C., 2009. Análise multivariada de dados. 6 ed. Porto Alegre: Bookman.
- Idikut, L., Atalay, A.I., Kara, S.N., Kamalak, A., 2009. Effect of Hybrid on Starch, Protein and Yields of Maize Grain. J. Anim. Vet. Adv. 8, 1945-1947.
- Johnson, R. A., Wichern, D.W., 2007. Applied Multivariate Statistical Analysis. 6. ed. New Jersey: Prentice Hall.
- Kabir, M., Rizkalla, S.W., Champ, M., Luo, J., Boillot, J., Bruzzo, F., Slama, G., 1998. Dietary amylose-amylopectin starch content affects glucose and lipid metabolism in adipocytes of normal and diabetic rats. J. Nutr. 128, 35-43.
- Khatun, F., Begum, S., Motin, A., Yasmin, S., Islam, M.R., 1999. Correlation coefficient and path analysis of some maize (*Zea mays* L.) hybrids. Bangladesh J. Bot. 28, 9-15.
- Kutner, M. H., Nachtsheim, C.J., Neter, J., Li, W. 2005. Applied linear models. 5th ed. New York: McGraw-Hill Irwin.
- Li, L., Jiang, H., Campbell, M., Blanco, M., Jane, J., 2008. Characterization of maize amylose-extender (ae) mutant starches. Part I: Relationship between resistant starch contents and molecular structures. Carbohydr. Polym. 74, 396-404.

- Li, Q., Zang, J., Liu, D., Piao, X., Lai, C., Li, D., 2014. Predicting corn digestible and metabolizable energy content from its chemical composition in growing pigs. *J. Anim. Sci. Biotechnol.* 11, 1-8.
- Maia, J.D.G., Osuna, J.A., Tozetti, A.D., 1997. Recurrent selection and path coefficient analysis in maize (*Zea mays* L.) S1 progenies. *Eco.* 22, 68-73.
- Malik, H.N., Malik, S.I. Hussain, M., Chughtai, S.U.R., Javed, H.I., 2005. Genetic correlation among various quantitative characters in maize (*Zea mays* L.) hybrids. *J. Agric. & Social Sci.* 1, 262–265.
- Martinez, C., Cuevas-Perez, F., 1989. Evaluación de localidad culinária y molineradel arroz. 3ª ed. Cali: CIAT.
- Montgomery, D.C., Peck, E.A., 1982. Introduction to linear regression analysis. New York: John Wiley & Sons.
- Moore, S.M., Stalder, K.J., Beitz, D.C., Stahl, C.H., Fithian, W.A., Bregendahl, K., 2008. The correlation of chemical and physical corn kernel traits with production performance in broiler chickens and laying hens. *Poult. Sci.* 87, 665–676.
- Moradi, M., Azarpour, E., 2011. Determination of most important part of yield components by Path Analysis in corn. *J. Am. Sci.* 5, 646-650.
- Nataraj, V., Shahi, J.P., Agarwal, V., 2014. Correlation and Path Analysis in Certain Inbred Genotypes of Maize (*Zea mays* L.) at Varanasi. *Int. J. Innov. Res. Dev.* 3, 14-17.
- Oliveira, G. C., Moreira, I., Souza, A.L.P., Murakami, A.E., Parra, A.R.P., Carvalho, P.L.O., Borile, M.D., 2011. Corns with different nutritional profiles on growing and finishing pigs feeding (30 to 90 kg). *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 24, 982-992.
- Paes, M.C.D., 2006. Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo (Circular técnica, 75).
- Prakash, O., Shanthi, P., Satyanarayana, E., Sai, K.R., 2006. Studies on inter relationship and path analysis for yield improvement in sweet corn genotypes (*Zea mays* L.). *Int. J. Plant. Sci. Res.* 33, 91-98.
- Resende, M.D.V., Duarte, J.B., 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesq. Agropec. Trop.* 37, 182-194.
- Silva, C.S., Silva, C.S., Couto, H.P., Ferreira, R.A., Fonseca, J.B., Gomes, A.V.C., Soares, R.T.R.N., 2008. Valores nutricionais de milhos de diferentes qualidades para frangos de corte. *R. Bras. Zootec.* 37, 883-889.

Steel, R.G.D., Torrie, J.H., Dickey, D.A., 1997. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 3.ed. New York: McGraw Hill Book.

Wali, M.C., Salimath, P.M., Prashanth, M., Harlapur, S.I., 2006. Studies on character association as influenced by yield, starch and oil in maize (*Zea mays* L.). Karnataka J. Agric. Sci. 19, 932-935.

Tabela 1 - Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo, média, mínimo, máximo, coeficiente de variação (CV), acurácia seletiva (AS) e valor-p dos testes de atendimento às pressuposições de análise de variância, valor-p do teste de Kolmogorov-Smirnov para normalidade da distribuição dos erros (Norm) e valor-p do teste de qui-quadrado do teste de Bartlett para homogeneidade de variâncias residuais (Homog), para caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de milho, de um experimento com 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caracteres ⁽¹⁾	Fc	Média	Mínimo	Máximo	CV	AS ⁽²⁾	Norm	Homog
FM	8,91*	74,28	65,00	88,00	2,76	0,94	0,8434	0,3423
FF	16,11*	80,19	69,00	94,00	2,70	0,97	0,7841	0,7966
AP	2,84*	187,04	155,32	230,07	5,24	0,81	0,8325	0,1355
AE	5,29*	96,33	66,68	132,61	8,68	0,90	0,8992	0,2033
PRE	17,42*	0,51	0,42	0,63	4,00	0,97	0,3841	0,0366
NP	1,66*	63.044	50.000	67.500	4,17	0,63	0,2451	0,0017
NE	7,03*	55.277	37.500	67.500	6,89	0,93	0,8161	0,6803
IE	6,01*	0,88	0,63	1,02	6,46	0,91	0,9622	0,6223
PE	7,44*	6,13	2,73	9,69	12,46	0,93	0,3940	0,0008
PROD	8,15*	5,00	2,15	8,34	13,32	0,94	0,6425	0,0003
PMG	6,59*	265,16	186,72	322,42	5,91	0,92	0,9951	0,7323
AMEn	7,51*	3.434,87	3.382,00	3.479,00	0,37	0,93	0,8304	0,1850
EE	7,17*	3,76	3,37	4,18	2,58	0,93	0,7544	0,0777
AMD	1,27	68,64	64,57	73,65	2,05	0,46	0,4647	0,0155
AML	5,33*	28,96	26,83	31,47	1,93	0,90	0,4109	0,3791

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da semeadura até o florescimento masculino e FF= número de dias da semeadura até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm e PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= massa de mil grãos, em g; nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB).

*Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro. ^{ns} não significativo.

⁽²⁾ Limites de classes estabelecidos por Resende e Duarte (2007), sendo, muito alta (AS ≥ 0,90), alta (0,70 ≤ AS < 0,90), moderada (0,50 ≤ AS < 0,70) e, baixa (AS < 0,50).

Tabela 2 - Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo, média, mínimo, máximo, coeficiente de variação (CV), acurácia seletiva (AS) e valor-p dos testes de atendimento às pressuposições de análise de variância, valor-p do teste de Kolmogorov-Smirnov para normalidade da distribuição dos erros (Norm) e valor-p do teste de qui-quadrado do teste de Bartlett para homogeneidade de variâncias residuais (Homog), para caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de milho, de um experimento com 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caracteres ⁽¹⁾	Fc	Média	Mínimo	Máximo	CV	AS ⁽²⁾	Norm	Homog
FM	13,63*	72,12	66,00	82,00	2,17	0,96	0,0682	0,9001
FF	24,52*	77,18	69,00	87,00	2,14	0,98	0,5338	0,8676
AP	5,82*	202,27	178,15	223,51	3,33	0,91	0,8691	0,2538
AE	13,33*	104,97	80,08	127,20	4,77	0,96	0,8202	0,5512
PRE	33,62*	0,52	0,43	0,59	2,34	0,99	0,6099	0,6195
NP	2,27*	62.632	58.750	66.250	1,86	0,75	0,0055	0,1988
NE	6,06*	58.522	42.500	65.000	4,72	0,91	0,8920	0,1282
IE	5,36*	0,93	0,68	1,02	4,85	0,90	0,7959	0,0244
PE	6,87*	7,27	3,97	9,89	10,32	0,92	0,7668	0,9624
PROD	8,98*	5,92	3,09	8,23	10,64	0,94	0,6643	0,9375
PMG	3,28*	268,51	212,37	341,91	7,51	0,83	0,9942	0,2278
AMEn	20,75*	3.416,05	3.332,00	3.473,00	0,29	0,98	0,9793	0,3741
EE	12,70*	3,72	3,21	4,09	2,69	0,96	0,3952	0,0155
AMD	2,62*	68,92	65,75	72,22	1,63	0,79	0,7942	0,3676
AML	6,90*	28,61	26,04	30,68	2,15	0,92	0,8725	0,3511

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm e PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= massa de mil grãos, em g; nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB).

*Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro. ^{ns} não significativo.

⁽²⁾ Limites de classes estabelecidos por Resende e Duarte (2007), sendo, muito alta (AS ≥ 0,90), alta (0,70 ≤ AS < 0,90), moderada (0,50 ≤ AS < 0,70) e, baixa (AS < 0,50).

Tabela 3 - Correlações fenotípicas⁽¹⁾ entre caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de 36 genótipos de milho de ciclo precoce (diagonal superior) e de 22 genótipos de milho de ciclo superprecoce (diagonal inferior), no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	FM	FF	AP	AE	PRE	NP	NE	IE
FM		0,868*	0,081 ^{ns}	0,301 ^{ns}	0,297 ^{ns}	-0,431*	-0,728*	-0,709*
FF	0,892*		0,141 ^{ns}	0,173 ^{ns}	0,107 ^{ns}	-0,428*	-0,847*	-0,847*
AP	0,432*	0,402 ^{ns}		0,580*	0,169 ^{ns}	-0,028 ^{ns}	-0,183 ^{ns}	-0,207 ^{ns}
AE	0,779*	0,732*	0,674*		0,900*	-0,129 ^{ns}	-0,215 ^{ns}	-0,201 ^{ns}
PRE	0,747*	0,704*	0,255 ^{ns}	0,886*		-0,130 ^{ns}	-0,132 ^{ns}	-0,102 ^{ns}
NP	0,149 ^{ns}	0,024 ^{ns}	-0,012 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,028 ^{ns}		0,599*	0,373*
NE	-0,601*	-0,838*	-0,195 ^{ns}	-0,548*	-0,586*	0,259 ^{ns}		0,966*
IE	-0,658*	-0,873*	-0,206 ^{ns}	-0,571*	-0,613*	0,021 ^{ns}	0,971*	
PE	-0,525*	-0,721*	-0,044 ^{ns}	-0,403 ^{ns}	-0,493*	0,230 ^{ns}	0,817*	0,788*
PROD	-0,542*	-0,757*	-0,069 ^{ns}	-0,426 ^{ns}	-0,509*	0,223 ^{ns}	0,852*	0,826*
PMG	-0,301 ^{ns}	-0,245 ^{ns}	0,127 ^{ns}	0,018 ^{ns}	-0,054 ^{ns}	0,043 ^{ns}	0,141 ^{ns}	0,136 ^{ns}
AMEn	0,405 ^{ns}	0,489*	0,395 ^{ns}	0,618*	0,572*	0,096 ^{ns}	-0,440*	-0,480*
EE	0,617*	0,674*	0,312 ^{ns}	0,668*	0,681*	0,198 ^{ns}	-0,592*	-0,661*
AMD	-0,092 ^{ns}	-0,188 ^{ns}	0,019 ^{ns}	-0,034 ^{ns}	-0,067 ^{ns}	-0,298 ^{ns}	0,192 ^{ns}	0,270 ^{ns}
AML	0,201 ^{ns}	0,284 ^{ns}	0,181 ^{ns}	0,387 ^{ns}	0,416 ^{ns}	-0,223 ^{ns}	-0,313 ^{ns}	-0,270 ^{ns}

Caractere	PE	PROD	PMG	AMEn	EE	AMD	AML
FM	-0,528*	-0,509*	0,058 ^{ns}	0,216 ^{ns}	0,234 ^{ns}	0,037 ^{ns}	-0,281 ^{ns}
FF	-0,687*	-0,699*	0,081 ^{ns}	0,198 ^{ns}	0,314 ^{ns}	-0,017 ^{ns}	-0,359*
AP	0,064 ^{ns}	0,064 ^{ns}	0,358*	0,065 ^{ns}	0,308 ^{ns}	-0,074 ^{ns}	-0,413*
AE	0,006 ^{ns}	0,023 ^{ns}	0,233 ^{ns}	0,388*	0,311 ^{ns}	0,053 ^{ns}	-0,066 ^{ns}
PRE	-0,001 ^{ns}	0,017 ^{ns}	0,092 ^{ns}	0,421*	0,214 ^{ns}	0,095 ^{ns}	0,147 ^{ns}
NP	0,476*	0,466*	0,059 ^{ns}	-0,211 ^{ns}	-0,231 ^{ns}	-0,009 ^{ns}	0,169 ^{ns}
NE	0,820*	0,805*	-0,006 ^{ns}	-0,292 ^{ns}	-0,242 ^{ns}	-0,134 ^{ns}	0,307 ^{ns}
IE	0,799*	0,783*	-0,024 ^{ns}	-0,267 ^{ns}	-0,202 ^{ns}	-0,144 ^{ns}	0,306 ^{ns}
PE		0,993*	0,368*	-0,252 ^{ns}	-0,122 ^{ns}	-0,188 ^{ns}	0,202 ^{ns}
PROD	0,991*		0,370*	-0,244 ^{ns}	-0,170 ^{ns}	-0,141 ^{ns}	0,216 ^{ns}
PMG	0,393 ^{ns}	0,346 ^{ns}		0,083 ^{ns}	0,109 ^{ns}	-0,040 ^{ns}	-0,107 ^{ns}
AMEn	-0,120 ^{ns}	-0,203 ^{ns}	0,466*		0,523*	0,041 ^{ns}	-0,072 ^{ns}
EE	-0,319 ^{ns}	-0,388 ^{ns}	0,264 ^{ns}	0,896*		-0,341*	-0,347*
AMD	0,017 ^{ns}	0,029 ^{ns}	0,240 ^{ns}	0,111 ^{ns}	0,086 ^{ns}		0,246 ^{ns}
AML	-0,121 ^{ns}	-0,171 ^{ns}	0,044 ^{ns}	0,575*	0,377 ^{ns}	-0,108 ^{ns}	

⁽¹⁾Valor superior a |0,341| para genótipos de milho de ciclo precoce, e |0,432| para genótipos de milho de ciclo superprecoce é significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, com 34 e 20 graus de liberdade, respectivamente.

⁽²⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm e PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= massa de mil grãos, em g; nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB).

Tabela 4 - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos de 36 genótipos de ciclo precoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
-----Fenológicos-----		
FM ⁽¹⁾	-0,220	1,999
FF	1,185	-1,625
-----Nutricionais energéticos-----		
AMEn	0,078	0,985
EE	0,544	-0,686
AMD	0,293	0,349
AML	-0,708	-0,125
Correlação canônica (r)	0,438 ^{ns}	0,170 ^{ns}
χ^2	7,650	0,925
Graus de liberdade	8	3

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
-----Morfológicos-----		
AP	1,178	0,345
AE	-0,964	0,760
-----Nutricionais energéticos-----		
AMEn	-0,735	0,420
EE	0,256	0,618
AMD	0,049	0,304
AML	-0,751	-0,303
Correlação canônica (r)	0,545*	0,408 ^{ns}
χ^2	16,811	5,726
Graus de liberdade	8	3

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos			
	1º	2º	3º	4º
-----Produtivos-----				
NP	0,022	1,151	-0,333	0,389
NE	0,656	-0,922	1,631	1,020
PROD	0,357	0,151	-1,775	-1,219
PMG	-0,370	-0,521	0,130	1,127
-----Nutricionais energéticos-----				
AMEn	-0,453	-0,003	0,673	0,920
EE	-0,246	-0,743	-0,076	-1,105
AMD	-0,485	0,564	0,235	-0,794
AML	0,669	-0,399	0,682	-0,318
Correlação canônica (r)	0,482 ^{ns}	0,157 ^{ns}	0,064 ^{ns}	0,031 ^{ns}
χ^2	8,977	0,911	0,154	0,030
Graus de liberdade	16	9	4	1

(1) Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm e AE= altura de inserção de espiga, em cm; produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= massa de mil grãos, em g; nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB). * Significativo pelo teste qui-quadrado a 5 % de probabilidade de erro.

Tabela 5 - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos de 22 genótipos de ciclo superprecoce de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
-----Fenológicos-----		
FM ⁽¹⁾	0,194	2,203
FF	0,823	-2,052
-----Nutricionais energéticos-----		
AMEn	-1,133	-1,816
EE	1,784	1,445
AMD	-0,217	0,724
AML	0,306	0,091
Correlação canônica (r)	0,779*	0,288 ^{ns}
χ^2	17,829	1,512
Graus de liberdade	8	3

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
-----Morfológicos-----		
AP	-0,554	1,235
AE	1,286	-0,423
-----Nutricionais energéticos-----		
AMEn	-0,765	2,691
EE	1,465	-1,864
AMD	-0,070	-0,109
AML	0,420	-0,695
Correlação canônica (r)	0,736*	0,371 ^{ns}
χ^2	16,233	2,596
Graus de liberdade	8	3

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos			
	1º	2º	3º	4º
-----Produtivos-----				
NP	0,671	0,020	0,581	0,533
NE	-1,392	0,123	-0,202	1,453
PROD	0,622	-0,104	0,928	-1,798
PMG	-0,016	1,016	-0,337	0,337
-----Nutricionais energéticos-----				
AMEn	-0,260	2,495	1,053	-0,735
EE	1,126	-1,627	-1,066	0,990
AMD	-0,586	0,133	-0,748	0,393
AML	-0,139	-0,781	-0,854	-0,704
Correlação canônica (r)	0,900*	0,733*	0,421 ^{ns}	0,316 ^{ns}
χ^2	45,033	17,676	4,945	1,731
Graus de liberdade	16	9	4	1

(1) Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm e AE= altura de inserção de espiga, em cm; produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= massa de mil grãos, em g; nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB). * Significativo pelo teste qui-quadrado a 5 % de probabilidade de erro.

5 CAPÍTULO III

CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES FENOLÓGICOS, MORFOLÓGICOS, PRODUTIVOS E NUTRICIONAIS EM GENÓTIPOS TRANSGÊNICOS DE MILHO

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi verificar as relações entre os grupos de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais proteicos e energéticos em genótipos transgênicos de milho. O experimento foi conduzido no ano agrícola 2009/2010, no delineamento blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliadas 18 genótipos transgênicos e mensurados os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos, nutricionais proteicos e nutricionais energéticos. Para cada um dos 27 caracteres mensurados foi realizada a análise de variância e teste F a 5% de probabilidade, determinada a matriz de coeficientes de correlação fenotípica e realizado o diagnóstico de multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres, por meio do número de condição e do fator de inflação da variância. Posteriormente, foi realizada a análise de correlação canônica entre os grupos de caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos e produtivos e nutricionais proteicos e entre fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos. Os genótipos transgênicos de milho apresentam dependência linear entre os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento masculino e número de dias da semeadura até o florescimento feminino podem ser utilizados na seleção indireta como indicativo de qualidade nutricional energética nos grãos de milho. As demais correlações entre os grupos de caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos e morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos são independentes da qualidade nutricional em grãos de milho e não podem ser utilizados na seleção indireta.

Palavras-chave: *Zea mays* L., relações lineares entre caracteres, qualidade nutricional, multicolinearidade.

CANONICAL CORRELATION AMONG PHENOLOGICAL, MORPHOLOGICAL, PRODUCTIVE AND NUTRITIONAL TRAITS IN TRANSGENIC GENOTYPES OF MAIZE

ABSTRACT

The goal of this study was to investigate the relations among groups of traits phenological, morphological, and productive traits with protein-nutritional and energetic-nutritional traits in transgenic maize genotypes. The experiment was carried out in the agricultural year of 2009/2010. The experiments were designed utilizing the randomized block design with three repetitions. It was assessed 18 transgenic maize genotypes and the phenological, morphological, productive, protein-nutritional, and energetic-nutritional traits were measured. The variance analysis and the F test at 5% of significance were performed for 27 measured traits. Moreover, it was determined the matrix of phenotypic correlation coefficients and the multicollinearity diagnosis was performed within each group of traits using the condition number and the variance inflation factor. Subsequently, the canonical correlation analysis was performed among groups of phenological and protein-nutritional, morphological and protein-nutritional, and productive and protein-nutritional traits and between phenological and energetic-nutritional, morphological and energetic-nutritional and productive and energetic-nutritional traits. Transgenic corn genotypes present linear dependence between phenological and energetic-nutritional traits demonstrating that the trait number of days from sowing to the male flowering and number of days from sowing to female flowering can be used for indirect selection as an indicative of energetic-nutritional quality in grains of maize. The other correlations among groups of phenological, morphological, productive and protein-nutritional and morphological, productive and energetic-nutritional traits are independent of the nutritional quality in grains of maize and they cannot be used for indirect selection.

Key words: *Zea mays* L., linear relations among traits, nutritional quality, multicollinearity.

5.1 INTRODUÇÃO

A cultura de milho (*Zea mays* L.) no cenário mundial, apresenta os Estados Unidos como maior produtor, seguido da China e do Brasil com produções estimadas para safra 2015/2016 de 345,07, 226,04 e 84,31 milhões de toneladas, respectivamente (Fao, 2015). No Brasil, as maiores regiões produtoras deste grão são Centro-Oeste, Sul e Sudeste, com aproximadamente 90% da produção brasileira (Conab, 2015). Entidades de pesquisa e segmentos interessados no melhoramento genético da cultura de milho se esforçam no sentido de obter um crescimento na produção grãos aliada a qualidade nutricional dos mesmos, devido sua produção ser destinada principalmente para alimentação animal e humana.

Avanços significativos na cultura de milho foram realizados nas últimas décadas, dentre eles a transgenia, que tem sido empregada visando aumentos na produtividade de grãos e redução na aplicação de defensivos agrícolas. A constante busca por redução nos custos de produção e elevadas produtividades de grãos, faz com que os milhos transgênicos sejam utilizados (Qaim & Matuschke, 2005). No entanto, é preciso melhorias na qualidade nutricional dos grãos, devido a produção de grãos ser destinada principalmente a alimentação animal (aves e suínos). Melhorias na qualidade proteica e energética dos grãos de milho podem ter impactos expressivos na elaboração de rações animais.

No melhoramento genético, a obtenção de novos genótipos, é uma tarefa de longo prazo e elevado custo. A seleção precoce de plantas, até mesmo no campo, com elevada qualidade nutricional dos grãos apresenta vantagens por agilizar os programas de melhoramento genético. Diante disso, a análise de correlação canônica é utilizada para a determinação das inter-relações existentes entre caracteres (Cruz & Regazzi, 1997) fenológicos, morfológicos, produtivos, nutricionais proteicos e nutricionais energéticos em grãos de milho.

O estudo da associação entre dois grupos de caracteres pode ser realizado por meio da análise de correlação canônica, que tem por finalidade determinar uma combinação linear para cada grupo de variáveis que maximize a correlação entre os dois grupos (Cruz et al., 2004), sendo uma técnica mais adequada em situações nas quais se analisam muitos caracteres (Hair et al., 2009) e apresenta alto potencial para fins preditivos (Mingoti, 2005; Hair et al., 2009). Caracteriza-se por avaliar relações entre dois grupos influenciados, no mínimo, por dois caracteres em cada

grupo, considerando que o primeiro grupo é estabelecido por p caracteres e o segundo, por q . O número de correlações canônicas é igual ao menor número de caracteres que constitui um dos grupos (p ou q) e sua magnitude sempre decresce com a ordem em que são estimadas. No entanto, o primeiro coeficiente é sempre maior ou igual, em valor absoluto, a qualquer coeficiente de correlação simples ou múltipla, entre os caracteres do primeiro e do segundo grupo, portanto inferências devem ser realizadas preferencialmente com base no primeiro coeficiente do par canônico significativo (Cruz & Regazzi, 1997).

Estudo visando a caracterização de genótipos de milho e a divergência genética por meio da análise de agrupamento em genótipos transgênicos, já foi realizado por Alves et al. (2015). No entanto, estudos sobre associação entre grupos de caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e caracteres nutricionais proteicos e nutricionais energéticos por meio de correlações canônicas na cultura de milho não foram encontrados na literatura. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar por meio da análise de correlação canônica, se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais proteicos e energéticos em genótipos transgênicos de milho.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 18 genótipos transgênicos de milho (*Zea mays* L.), na área experimental localizada a 29°42'S, 53°49'W e 95m de altitude, no ano agrícola 2009/2010. O experimento foi realizado no delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e as unidades experimentais foram compostas de duas fileiras com 5m de comprimento, espaçadas em 0,80m entre fileiras e 0,20m entre plantas na fileira. Os genótipos que compuseram o experimento pertencem à Rede de Avaliação de Cultivares de Milho do Rio Grande do Sul, coordenada pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO).

A semeadura de milho foi realizada, manualmente, em 26 de outubro de 2009 e a emergência das plantas ocorreu entre 01 e 03 de novembro de 2009 e a população foi ajustada, por meio de desbaste, para 62.500 plantas ha⁻¹. A adubação de base foi de 37,5kg ha⁻¹ de nitrogênio (N), 150kg ha⁻¹ de fósforo (P₂O₅) e 150kg ha⁻¹ de potássio (K₂O). Em cobertura foram aplicados 200kg ha⁻¹ de nitrogênio,

divididos em três aplicações, quando as plantas apresentaram três, cinco e dez folhas, respectivamente.

Em cada unidade experimental de cada genótipo, em campo, foram mensurados os caracteres fenológicos e morfológicos. Os caracteres fenológicos mensurados foram o número de dias da sementeira até o florescimento masculino (FM) e o número de dias da sementeira até o florescimento feminino (FF), os quais foram considerados quando 50% das plantas da parcela apresentaram florescimento masculino e feminino, respectivamente. Os caracteres morfológicos altura de planta na colheita (AP, em cm), altura de inserção de espiga na colheita (AE, em cm) e posição relativa da espiga ($PRE=AE/AP$) foram mensurados em todas plantas da parcela. No dia 15 de março de 2010, colheu-se as espigas de milho. Nesse momento foram mensurados os caracteres produtivos: número de plantas (NP, plantas ha^{-1}), número de espigas (NE, espigas ha^{-1}), índice de espiga ($IE=NE/NP$), peso de espiga (PE, em $t\ ha^{-1}$), produtividade de grãos a 13% de umidade (PROD, em $t\ ha^{-1}$) e peso de mil grãos (PMG, em gramas).

Posteriormente, de cada parcela, separou-se uma amostra de 500 gramas de grãos de milho, que foi acondicionada em um saco de papel e levada a estufa de circulação forçada de ar até atingir umidade média de 10%. Após a secagem, os grãos foram moídos em micromoinho (MA-630, Marconi), a fim de obter uma amostra com granulometria entre 0,30 e 0,50mm. Cada amostra moída foi acondicionada em embalagem hermeticamente fechada até o momento das análises nutricionais dos grãos. Com essas amostras de cada genótipo de cada bloco foram determinados os caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (PB); lisina (Lys), metionina (Met), cisteína (Cys), treonina (Thr), triptofano (Trp), valina (Val), isoleucina (Ile), leucina (Leu), fenilalanina (Phe), histidina (His) e arginina (Arg); e os nutricionais energéticos: energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (AMEn, em $kcal\ kg^{-1}$), extrato etéreo (EE), amido (AMD) e amilose (AML), todos em porcentagem da matéria bruta (%MB). As avaliações foram realizadas por meio de Espectroscopia de Refletância no Infravermelho Próximo (NIRS - *Near Infrared Spectroscopy Reflectance*), usando ajuste de calibração pelo procedimento analítico CEAN 010 da Adisseo Brasil AS. Devido o equipamento NIRS não estar calibrado para determinar o teor de amilose nos grãos de milho, esse caractere foi determinado conforme técnica iodométrica descrita por Martinez e Cuevas-Perez (1989), seguindo as etapas de dissolução, gelatinização, acidificação e adição de

solução de iodo para complexação com o amido e leitura em espectrofotômetro a 620nm.

Preliminarmente, foram testadas as pressuposições do modelo matemático normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias residuais para os 27 caracteres mensurados. A normalidade dos erros foi verificada por meio do teste de Kolmogorov-Smirnov (Campos, 1983) e a homogeneidade de variâncias residuais pelo teste qui-quadrado de Bartlett (Steel et al., 1997). Posteriormente, foi realizada a análise de variância a 5% de significância e anotados as estimativas do teste F para genótipo (Fc) e calculada a acurácia seletiva (AS) conforme descrita por Resende & Duarte (2007). A partir das médias de cada genótipo para cada dos 27 caracteres foram elaborados histogramas de frequência.

Entre os 27 caracteres foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e a significância do “r” foi verificada por meio do teste t de Student, a 5% de probabilidade de erro. Após a obtenção das matrizes de correlação fenotípica, realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres (fenológicos, morfológicos, produtivos, nutricionais proteicos e nutricionais energéticos). A magnitude da multicolinearidade dentro de cada grupo de caracteres foi verificada por meio do número de condição (NC) e do fator de inflação da variância (VIF) e classificada conforme o critério de Montgomery & Peck (1982), descrito em Cruz & Carneiro (2006).

Foi realizada a análise de correlação canônica para verificar as associações existentes entre os grupos de caracteres. Foram correlacionados os fenológicos (FM e FF) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg), os morfológicos (AP e AE) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg), os produtivos (NP, NE, PROD e PMG) e nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg), os fenológicos (FM e FF) e nutricionais energéticos (AMEn, EE, AMD e AML), os morfológicos (AP e AE) e nutricionais energéticos (AMEn, EE, AMD e AML) e os produtivos (NP, NE, PROD e PMG) e nutricionais energéticos (AMEn, EE, AMD e AML). Os procedimentos foram realizados conforme descritos em Cruz et al. (2004).

As correlações canônicas entre os grupos de caracteres foram apresentadas por meio dos coeficientes dos pares canônicos e dos coeficientes canônicos. A significância das correlações canônicas foram testadas por meio do teste qui-quadrado, a 5% de significância. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software GENES (Cruz, 2013) e do aplicativo Microsoft Office Excel®.

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os caracteres metionina (Met) e triptofano (Trp) não atenderam ao pressuposto de normalidade da distribuição dos erros ($p \leq 0,05$). Os demais 25 caracteres, ajustaram-se à distribuição normal. Os caracteres posição relativa da espiga (PRE) e energia metabolizável corrigida para nitrogênio (AMEn), não atenderam ao pressuposto de homogeneidade de variâncias residuais ($p \leq 0,05$). Os demais 25 caracteres apresentam variâncias residuais homogêneas. Esses resultados demonstram que, de modo geral, que as pressuposições matemáticas requeridas para a realização da análise de variância e estudos posteriores foram atendidas. Os valores médios para caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos, nutricionais proteicos e energéticos avaliadas estão apresentados nos histogramas de frequência (Figuras 1 e 2).

De maneira geral, os caracteres apresentam variabilidade genética, com exceção dos caracteres número de plantas (NP), número de espigas (NE), índice de espiga (IE), Met e amido (AMD), que não apresentaram diferença significativa para genótipo. Estudos realizados em milho também verificaram que existe variabilidade em caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais (Idikut et al., 2009; Mahesh et al., 2013; Munawar et al., 2013; Bekele & Rao, 2014; Li et al., 2014; Scrob et al., 2014).

Observa-se que para o caractere NP não foi possível calcular a acurácia seletiva (AS), devido o baixo valor do teste F (F_c). Os caracteres NP, Met e AMD a AS foi moderada. Para os demais 22 caracteres a AS foi de alta a muito alta ($AS > 0,76$). De maneira geral, a precisão experimental para os caracteres mostra a credibilidade do experimento e dos resultados obtidos no estudo.

Os resultados relativos às estimativas de correlação fenotípica entre os 27 caracteres mensurados são apresentados na tabela 1. A magnitude dos coeficientes de correlação variou de $r = -0,63$ entre os caracteres produtividade de grãos (PROD) e Trp a $r = 0,97$ entre os caracteres altura de inserção de espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE). Constatou-se correlação fenotípica positiva entre os caracteres fenológicos e os nutricionais (proteicos e energéticos), com exceção da correlação entre os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento feminino (FF) e leucina (Leu) que foi negativa, porém de baixa magnitude. Os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento masculino (FM) e FF,

apresentaram correlação positiva e significativa com o extrato etéreo (EE). A correlação positiva e significativa entre esses caracteres evidencia que quanto maior o número de dias da semeadura até o florescimento masculino e feminino, maior é o teor de EE nos grãos. Estudos realizados por Wali et al. (2006) e Bekele & Rao (2014) também verificaram correlação positiva, porém de baixa magnitude entre esses caracteres.

De maneira geral, as correlações entre os caracteres morfológicos e nutricionais proteicos foram não significativas e de baixa magnitude. As estimativas de correlação fenotípica entre os caracteres morfológicos e nutricionais energéticos foram positivas. Correlação positiva e significativa foi verificada entre os caracteres AE e EE ($r=0,48$) e entre PRE e EE ($r=0,50$) (Tabela 1).

Entre os caracteres produtivos NP, NE, IE, peso de espiga (PE) e PROD e nutricionais (proteicos e energéticos) as correlações foram, em sua maioria, negativas. Correlação negativa e significativa foi verificada entre os caracteres PE e lisina (Lys) ($r=-0,56$), PE e Met ($r=-0,55$), PE e treonina (Thr) ($r=-0,47$), PE e Trp ($r=-0,53$), PROD e Lys ($r=-0,56$), PROD e Met ($r=-0,58$), PROD e Thr ($r=-0,54$) e entre PROD e Trp ($r=-0,63$). Já, entre o caractere produtivo peso de mil grãos (PMG) e os caracteres nutricionais (proteicos e energéticos), em geral as correlações foram positivas e não significativas. Estudo realizado por Li et al. (2014) também verificaram correlação positiva e não significativa entre os caracteres PMG e proteína bruta (PB) ($r=0,25$). Já, Scrob et al. (2014) encontraram correlação positiva e significativa entre esses caracteres em dois anos agrícolas.

Verificou-se que os aminoácidos de maior interesse para a nutrição animal (triptofano e lisina) apresentam correlação negativa e significativa com a produtividade de grãos, não permitindo selecionar plantas com elevadas produtividades e elevados teores de Trp e Lys.

A PROD apresentou correlação negativa com a PB ($r=-0,38$). Correlação negativa entre esses caracteres também foi verificada por Idikut et al. (2009) com correlação de $r=-0,71$, Mahesh et al. (2013) com correlação de $r=-0,15$ e Bekele e Rao (2014) com correlação de $r=-0,14$. Verificou-se que o caractere proteína bruta apresenta relação inversa com a produtividade de grãos. Devido a proteína bruta ser formada por aminoácidos, estes também apresentam correlação negativa com a produtividade de grãos. Esses caracteres são inversamente proporcionais, ou seja,

aumento na produtividade de grãos ocasiona uma redução no teor de proteína e aminoácidos.

Entre os caracteres PROD e o teor de amido (AMD) nos grãos, a correlação foi positiva e de baixa magnitude ($r=0,18$). Trabalho realizado por Mahesh et al. (2013) também encontraram correlação positiva e significativa de $r=0,57$ entre esses caracteres. Entre os caracteres produtividade de grãos (PROD) e teor de extrato etéreo (EE) a correlação foi negativa e de baixa magnitude ($r=-0,18$). Correlação negativa entre esses caracteres foram verificadas por Bekele & Rao (2014) com correlação de $r=-0,89$ e por Mahesh et al. (2013) com correlação de $r=-0,23$. Esses resultados evidenciam que é possível realizar melhorias no teor de amido nos grãos, sem comprometer a produtividade de grãos em genótipos de milho transgênico. No entanto, melhorias no teor de extrato etéreo pode comprometer a produtividade de grãos.

Com isso, pode-se inferir que os resultados apresentados são coerentes com os resultados encontrados na literatura e que as estimativas de correlação constituem uma estratégia básica para estabelecer diretrizes e orientar o melhoramento genético de milho. Esses resultados possibilitam obter ganhos para um dos caracteres por meio da seleção indireta, tornando o processo do melhoramento mais rápido.

As matrizes de correlação fenotípica foram submetidas ao diagnóstico de multicolinearidade com base no número de condição (NC) e no fator de inflação da variância (VIF). Os caracteres fenológicos apresentaram NC inferior a 100 e VIF inferior a 10, indicando multicolinearidade fraca, não sendo necessário a eliminação de caracteres. O grupo de caracteres morfológicos apresentou multicolinearidade severa e foi necessária a eliminação do caractere posição relativa da espiga (PRE). No grupo de caracteres produtivos, foram eliminados os caracteres índice de espiga (IE) e peso de espiga (PE), pois causavam multicolinearidade. Em nutricionais proteicos foram eliminados os caracteres treonina (Thr), valina (Val), isoleucina (Ile), fenilalanina (Phe) e histidina (His). Já, no grupo de caracteres nutricionais energéticos não foi necessário eliminar caracteres por não apresentarem multicolinearidade. Com os caracteres que restaram dentro de cada grupo fenológicos (FM e FF), morfológicos (AP e AE), produtivos (NP, NE, PROD e PMG), nutricionais proteicos (PB, Lys, Met, Cys, Trp, Leu e Arg) e nutricionais energéticos

(AMEn, EE, AMD e AML) foi realizada a análise de correlação canônica (Tabelas 2 e 3).

A análise de correlação canônica indicou que as associações por meio do primeiro coeficiente do par canônico são não significativas e apresentaram correlação de $r=0,846$ e $r=0,833$ entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos e morfológicos e nutricionais proteicos, respectivamente. Os quatro coeficientes dos pares canônicos obtidos entre caracteres produtivos e nutricionais proteicos foram não significativos, com correlações canônicas de $r=0,954$, $r=0,645$, $r=0,556$ e $r=0,336$, respectivamente. Pode-se inferir que os grupos considerados são independentes e não existe dependência linear entre esses grupos de caracteres (Tabela 2). Com isso, não é possível identificar caracteres promissores para o melhoramento genético de plantas que sejam indicativos de qualidade nutricional energética em genótipos de milho transgênico.

A análise de correlação canônica permite observar que apenas os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos considerados apresentam dependência linear, ou seja, os grupos são dependentes. Apenas o primeiro coeficiente do par canônico ($r=0,836$) é significativo pelo teste qui-quadrado, portanto, é o único par de interesse no estudo. As associações entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos são estabelecidas, principalmente, pelos caracteres número de dias da semeadura até o florescimento masculino (FM), número de dias da semeadura até o florescimento feminino (FF), energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (AMEn), extrato etéreo (EE) e amido (AMD) (Tabela 2). Já o caractere amilose (AML), apresentou baixa contribuição na associação intergrupos.

A correlação significativa entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos mostra que quando se tem um maior FM e menor FF determinam maior teor de EE e de AMD nos grãos, no entanto, a AMEn é reduzida (Tabela 2). Os resultados mostram que é possível por meio da seleção indireta realizar melhorias na qualidade energética de grãos de milho. As melhorias devem ser realizadas de acordo com o destino que será dado aos grãos. Pois, grãos com elevados teores de extrato etéreo estão associados a menor durabilidade e a maior deterioração em comparação a grãos com elevados teores de amido (Copeland & McDonald, 2001).

As correlações canônicas entre caracteres morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos apresentaram ausência de coeficiente do par canônico significativo. Entre caracteres morfológicos e nutricionais

energéticos as correlações foram de $r=0,763$ e $r=0,295$, para o primeiro e segundo coeficiente do par canônico respectivamente. Já, entre caracteres morfológicos e nutricionais energéticos houve a formação de quatro coeficientes dos pares canônicos com correlações não significativas de $r=0,533$, $r=0,477$, $r=0,333$ e $r=0,109$, respectivamente (Tabela 3).

Pode-se inferir que entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, existe dependência linear entre os caracteres. No melhoramento genético de plantas o caractere FM pode ser utilizado na seleção indireta como indicativo de qualidade nutricional energética em grãos de milho. No entanto, entre caracteres morfológicos e nutricionais energéticos e produtivos e nutricionais energéticos não existe dependência linear, ou seja, os grupos são independentes. Com isso, não é possível indicar caracteres morfológicos e produtivos que sejam promissores para o melhoramento genético de plantas de milho.

Diante da escassez de trabalhos utilizando a correlação canônica para verificar a dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos e caracteres nutricionais proteicos e nutricionais energéticos em milho, recomenda-se a realização de mais estudos, com outros genótipos e em outros locais. Do ponto de vista do melhoramento, estes resultados apontam para o interesse em selecionar genótipos com maior número de dias da semeadura até o florescimento masculino, como indicativo de qualidade nutricional energética nos grãos de milho transgênicos.

5.4 CONCLUSÕES

Os genótipos transgênicos de milho apresentam dependência linear entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, evidenciando que os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento masculino e número de dias da semeadura até o florescimento feminino podem ser utilizados na seleção indireta como indicativo de qualidade nutricional energética nos grãos de milho. As demais correlações entre os grupos de caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais proteicos e morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos são independentes da qualidade nutricional em grãos de milho e não podem ser utilizados na seleção indireta.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas aos autores. A empresa Adisseo Brasil, na pessoa do Sr. Washington Neves, pela realização das análises laboratoriais. Aos alunos bolsistas e voluntários pelo auxílio na coleta de dados.

5.5 REFERÊNCIAS

- Alves, B. M., Cargnelutti Filho, A., Burin, C., Toebe, M., & Silva, L. P. (2015). Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. *Ciência Rural*, 45, 884-891. http://www.scielo.br/pdf/cr/2015nahead/1678-4596-cr-0103_8478cr20140471.pdf
- Bekele, A., & Rao, T. N. (2014). Estimates of heritability, genetic advance and correlation study for yield and its attributes in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Plant Sciences*, 2, 1-4. <http://article.sciencepublishinggroup.com/pdf/10.11648/j.jps.20140201.11.pdf>
- Campos, H. (1983). *Estatística experimental não-paramétrica*. 4ª ed. Piracicaba: Departamento de Matemática e Estatística – ESALQ. 349 p.
- Conab - Companhia Nacional de Abastecimento (2015). *Acompanhamento da safra brasileira de grãos – primeiro levantamento*. Brasília: Conab. 104 p. http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_10_16_10_52_19_safra_o_tu_2015.pdf
- Copeland, L. O., & McDonald, M. B. (2001). *Principles of seed science and technology*, 4th ed. Kluwer Academic Publishers. 488 p.
- Cruz, C. D., & Carneiro, P. C. S. (2006). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2ª ed, v.2. Viçosa: UFV. 585 p.
- Cruz, C. D. (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35, 271-276. <http://www.scielo.br/pdf/asagr/v35n3/v35n3a01>
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2004). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV. 480 p.

- Fao - Food and Agriculture Organization of the United Nations (2015). <http://statistics.amis-outlook.org/data>
- Hair, J. F., Anderson, R. E., Tatham, R. L., Black, W. C., & Babin, B. J. (2009). *Análise multivariada de dados*. 6ª ed. Porto Alegre: Bookman. 688 p.
- Idikut, L., Atalay, A. I, Kara, S. N., & Kamalak, A. (2009). Effect of hybrid on starch, protein and yields of maize grain. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 8, 1945-1947. <http://docsdrive.com/pdfs/medwelljournals/javaa/2009/1945-1947.pdf>
- Li, Q., Zang, J., Liu, D., Piao, X., Lai, C., & Li, D. (2014). Predicting corn digestible and metabolizable energy content from its chemical composition in growing pigs. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 11, 1-8. <http://www.jasbsci.com/content/5/1/11>
- Mahesh, N., Wali, M. C., Gowda, M. V. C., Motagi, B. N., & Uppinal, N. F. (2013). Correlation and path analysis of yield and kernel components in maize. *Karnataka Journal Agricultural Science*, 26, 306-307. <http://www.inflibnet.ac.in/ojs/index.php/KJAS/article/viewFile/1941/1644>
- Martinez, C., & Cuevas-Perez, F. (1989). *Evaluación de localidad culinária y molineradel arroz*. 3ª ed. Cali: CIAT. 75 p.
- Mingoti, S. A. (2005). *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada*. Belo Horizonte: Ed. UFMG. 295 p.
- Montgomery, D. C., & Peck, E. A. (1982). *Introduction to linear regression analysis*. New York: John Wiley & Sons. 504 p.
- Munawar, M., Shahbaz, M., Hammada, G., & Yasir, M. (2013). Correlation and path analysis of grain yield components in exotic maize (*Zea Mays* L.) hybrids. *International Journal of Sciences: Basic and Applied Research*, 12, 22-27. <http://gssrr.org/index.php?journal=JournalOfBasicAndApplied&page=article&op=view&path%5B%5D=1139&path%5B%5D=1109>
- Qaim, M., & Matuschke, I. (2005). Impacts of genetically modified crops in developing countries: A survey. *Quarterly Journal of International Agriculture*, 44, 207-217.
- Resende, M. D. V. & Duarte, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 182-194. <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/32984/1/Pecisao-e-controle-de-qualidade-em-experimentos.pdf>
- Scrob, S., Muste, S., Haş, I., Mureşan, C., Socaci, S., & Fărcaş, A. (2014). The biochemical composition and correlation estimates for grain quality in maize. *Journal*

of Agroalimentary Processes and Technologies, 20, 150-155. [http://www.journal-of-agroalimentary.ro/admin/articole/24109L23_Vol_20\(2\)_2014_150_155.pdf](http://www.journal-of-agroalimentary.ro/admin/articole/24109L23_Vol_20(2)_2014_150_155.pdf)

Steel, R. G. D., Torrie, J. H., & Dickey, D. A. (1997). Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 3^a ed. New York: McGraw Hill Book. 666 p.

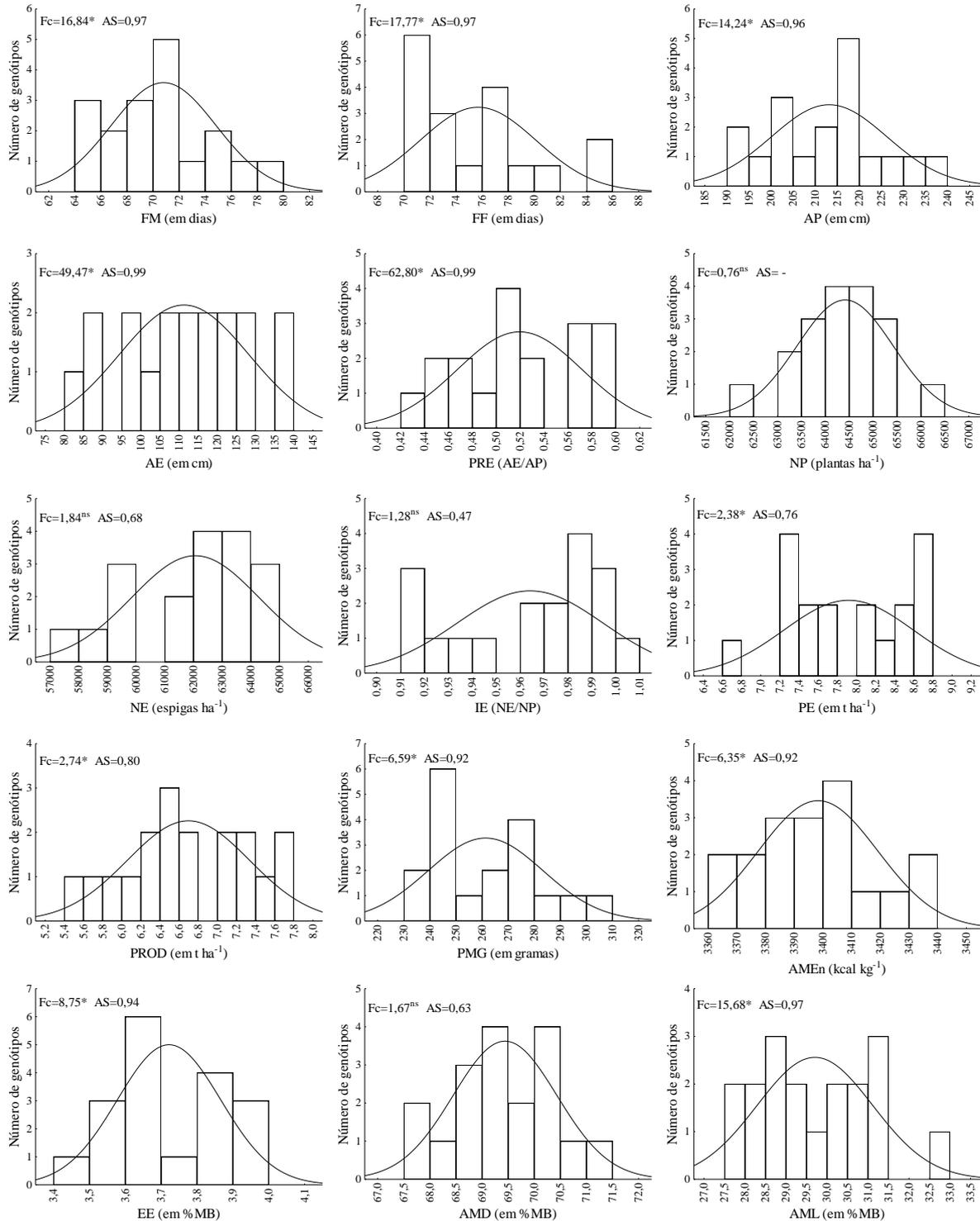


Figura 1 - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos, de um experimento com 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.

* Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro. ^{ns} não significativo.

(1) Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm e PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= massa de mil grãos, em g; Nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB).

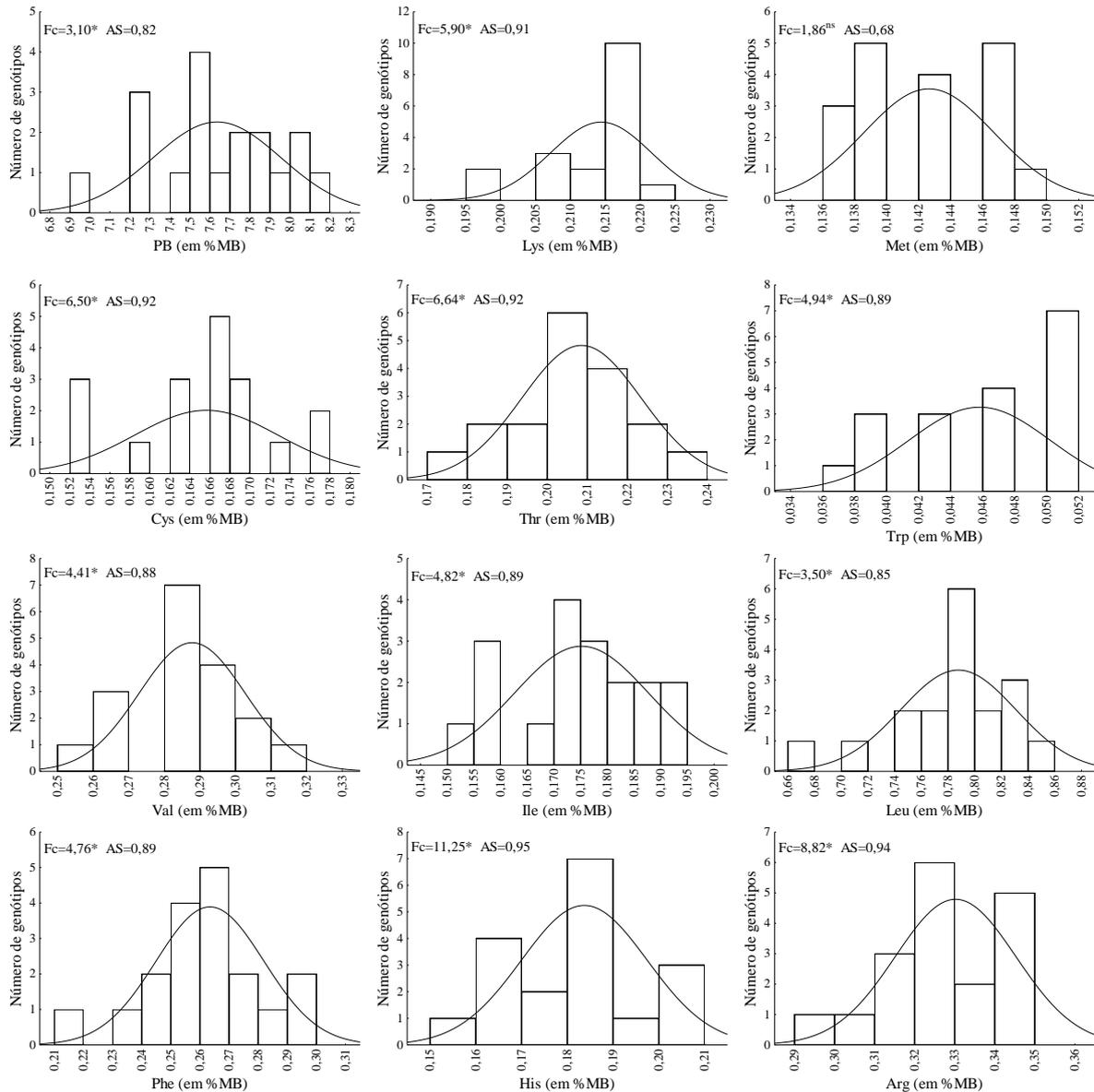


Figura 2 - Histogramas de frequência com valores médios de caracteres nutricionais proteicos, de um experimento com 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS). Nos histogramas, a linha representa a curva de distribuição normal.

* Efeito significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

(1) Nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Thr= treonina, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Val= valina, em %MB; Ile= isoleucina, em %MB; Leu= leucina, em %MB; Phe= fenilalanina, em %MB; His= histidina, em %MB e Arg= arginina, em %MB

Tabela 1 - Matriz de coeficientes de correlação fenotípica⁽¹⁾ entre 27 caracteres de 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	FF	AP	AE	PRE	NP	NE	IE	PE	PROD	PMG	PB	Lys	Met
FM	0,91*	0,69*	0,80*	0,82*	-0,06 ^{ns}	-0,41 ^{ns}	-0,42 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,47*	0,15 ^{ns}	0,48*	0,18 ^{ns}	0,10 ^{ns}
FF		0,71*	0,76*	0,73*	-0,12 ^{ns}	-0,51*	-0,50*	-0,39 ^{ns}	-0,53*	-0,04 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,05 ^{ns}
AP			0,92*	0,80*	0,00 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	0,03 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,27 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-0,07 ^{ns}
AE				0,97*	0,04 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	0,06 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
PRE					0,05 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,16 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
NP						0,44 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,14 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	-0,02 ^{ns}
NE							0,91*	0,20 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,13 ^{ns}
IE								0,17 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,30 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,14 ^{ns}
PE									0,95*	0,53*	-0,31 ^{ns}	-0,56*	-0,55*
PROD										0,39 ^{ns}	-0,38 ^{ns}	-0,56*	-0,58*
PMG											0,23 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,06 ^{ns}
PB												0,53*	0,20 ^{ns}
Lys													0,65*
Met													
	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg	AMEn	EE	AMD	AML
FM	0,35*	0,28 ^{ns}	0,48*	0,45 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,54*	0,41 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,62*	0,45 ^{ns}	0,29 ^{ns}
FF	0,14 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,09 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,47*	0,16 ^{ns}	0,27 ^{ns}
AP	-0,03 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,38 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,33 ^{ns}
AE	0,05 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,25 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,48*	0,29 ^{ns}	0,43 ^{ns}
PRE	0,10 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,50*	0,36 ^{ns}	0,45 ^{ns}
NP	-0,06 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	-0,28 ^{ns}
NE	-0,01 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,36 ^{ns}
IE	0,04 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,09 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
PE	-0,08 ^{ns}	-0,47*	-0,53*	-0,37 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	-0,28 ^{ns}	-0,39 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	-0,31 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,21 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,05 ^{ns}
PROD	-0,09 ^{ns}	-0,54*	-0,63*	-0,44 ^{ns}	-0,32 ^{ns}	-0,23 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,00 ^{ns}
PMG	0,34 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,39 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
PB	0,66*	0,55*	0,61*	0,66*	0,54*	0,53*	0,61*	0,73*	0,73*	0,15 ^{ns}	0,38*	0,45 ^{ns}	-0,14 ^{ns}
Lys	0,52*	0,84*	0,79*	0,75*	0,66*	0,65*	0,74*	0,57*	0,82*	0,33 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,00 ^{ns}
Met	0,06 ^{ns}	0,67*	0,58*	0,54*	0,53*	0,50*	0,63*	0,14 ^{ns}	0,45*	0,22 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-0,08 ^{ns}	-0,26 ^{ns}
	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg	AMEn	EE	AMD	AML
Cys		0,48*	0,42 ^{ns}	0,73*	0,65*	0,73*	0,71*	0,92*	0,82*	0,41 ^{ns}	0,54*	0,61*	0,08 ^{ns}
Thr			0,89*	0,88*	0,89*	0,69*	0,88*	0,59*	0,83*	0,18 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,14 ^{ns}
Trp				0,77*	0,74*	0,52*	0,72*	0,58*	0,76*	0,22 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,14 ^{ns}
Val					0,94*	0,82*	0,96*	0,84*	0,93*	0,29 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,15 ^{ns}
Ile						0,81*	0,93*	0,71*	0,83*	0,18 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,18 ^{ns}
Leu							0,92*	0,70*	0,79*	0,23 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,41 ^{ns}	-0,06 ^{ns}
Phe								0,75*	0,88*	0,23 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,40 ^{ns}	0,03 ^{ns}
His									0,91*	0,52*	0,63*	0,68*	0,19 ^{ns}
Arg										0,50*	0,50*	0,59*	0,12 ^{ns}
AMEn											0,83*	0,55*	0,15 ^{ns}
EE												0,52*	0,10 ^{ns}
AMD													0,24 ^{ns}

(1) Valor superior a |0,47| é significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, com 16 graus de liberdade.

(2) Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm e PRE= posição relativa da espiga (PRE = AE/AP); produtivos: NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; IE= índice de espiga; PE= peso de espiga, em t ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g; nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Thr= treonina, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Val= valina, em %MB; Ile= isoleucina, em %MB; Leu= leucina, em %MB; Phe= fenilalanina, em %MB; His= histidina, em %MB e Arg= arginina, em %MB; nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB).

Tabela 2 - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, morfológicos e nutricionais proteicos, produtivos e nutricionais proteicos de 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
	-----Fenológicos-----	
FM ⁽¹⁾	2,297	-0,694
FF	-1,799	1,588
	-----Nutricionais proteicos-----	
PB	0,538	-0,240
Lys	-1,111	-0,309
Met	0,223	0,417
Cys	-0,347	1,399
Trp	-0,172	1,449
Leu	-0,175	-1,150
Arg	1,690	-1,098
Correlação canônica (r)	0,846 ^{ns}	0,661 ^{ns}
χ^2	21,983	6,885
Graus de liberdade	14	6

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1º	2º
	-----Morfológicos-----	
AP	0,191	2,603
AE	0,821	-2,478
	-----Nutricionais proteicos-----	
PB	-0,224	-0,863
Lys	-1,765	-0,515
Met	0,322	0,488
Cys	0,302	-0,204
Trp	0,855	0,790
Leu	-0,834	0,420
Arg	1,242	-0,038
Correlação canônica (r)	0,833 ^{ns}	0,497 ^{ns}
χ^2	17,620	3,411
Graus de liberdade	14	6

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos			
	1º	2º	3º	4º
	-----Produtivos-----			
NP	-0,411	0,705	0,224	-0,727
NE	-0,068	0,257	0,227	1,110
PROD	1,010	0,221	0,331	-0,145
PMG	-0,521	-0,706	0,638	-0,279
	-----Nutricionais proteicos-----			
PB	-0,620	0,763	0,041	-0,465
Lys	0,183	0,124	-1,673	-0,509
Met	-1,102	0,335	0,785	0,648
Cys	-1,150	0,570	0,733	-0,544
Trp	-0,686	0,045	-0,311	-0,332
Leu	0,616	0,465	-0,580	0,826
Arg	1,364	-2,413	1,106	0,566
Correlação canônica (r)	0,954 ^{ns}	0,645 ^{ns}	0,556 ^{ns}	0,336 ^{ns}
χ^2	37,808	11,293	5,385	1,319
Graus de liberdade	28	18	10	4

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm; NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g; nutricionais proteicos: PB= proteína bruta, em %MB; Lys= lisina, em %MB; Met= metionina, em %MB; Cys= cisteína, em %MB; Trp= triptofano, em %MB; Leu= leucina, em %MB e Arg= arginina, em %MB. * Significativo pelo teste qui-quadrado a 5 % de probabilidade de erro.

Tabela 3 - Correlações e coeficientes dos pares canônicos estimados entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos, produtivos e nutricionais energéticos de 18 genótipos transgênicos de milho, no ano agrícola 2009/2010.

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos		
	1º	2º	
	-----Fenológicos-----		
FM ⁽¹⁾	1,754	-1,637	
FF	-0,912	2,219	
	-----Nutricionais energéticos-----		
AMEn	-0,767	-1,030	
EE	1,114	1,288	
AMD	0,574	-0,818	
AML	0,178	0,424	
Correlação canônica (r)	0,836*	0,644 ^{ns}	
χ^2	23,399	7,226	
Graus de liberdade	8	3	

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos		
	1º	2º	
	-----Morfológicos-----		
AP	-1,350	2,234	
AE	2,103	-1,546	
	-----Nutricionais energéticos-----		
AMEn	-0,970	0,894	
EE	1,263	0,111	
AMD	0,282	-1,070	
AML	0,547	0,365	
Correlação canônica (r)	0,763 ^{ns}	0,295 ^{ns}	
χ^2	13,013	1,228	
Graus de liberdade	8	3	

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos			
	1º	2º	3º	4º
	-----Produtivos-----			
NP	0,060	0,001	-0,531	0,979
NE	0,807	-0,119	-0,304	-0,773
PROD	0,448	0,741	0,630	0,232
PMG	-0,766	0,481	-0,621	-0,226
	-----Nutricionais energéticos-----			
AMEn	0,554	0,975	0,421	-1,428
EE	-1,116	-1,252	-0,633	0,351
AMD	-0,267	0,879	-0,294	0,770
AML	-0,422	-0,175	0,921	0,088
Correlação canônica (r)	0,533 ^{ns}	0,477 ^{ns}	0,333 ^{ns}	0,109 ^{ns}
χ^2	9,018	4,849	1,623	0,149
Graus de liberdade	16	9	4	1

⁽¹⁾ Fenológicos: FM= número de dias da sementeira até o florescimento masculino e FF= número de dias da sementeira até o florescimento feminino; morfológicos: AP= altura de planta, em cm; AE= altura de inserção de espiga, em cm; NP= número de plantas, em plantas ha⁻¹; NE= número de espigas, em espiga ha⁻¹; PROD= produtividade de grãos, em t ha⁻¹ e PMG= peso de mil grãos, em g; nutricionais energéticos: AMEn= energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE= extrato etéreo (%MB); AMD= amido (%MB) e AML= amilose (%MB). * Significativo pelo teste qui-quadrado a 5 % de probabilidade de erro.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Para genótipos de milho de ciclo precoce, existe dependência linear entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos. Plantas mais altas são determinantes de menor teor de amilose nos grãos e menor energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio. As demais correlações canônicas entre os grupos de caracteres estudados em genótipos de ciclo precoce não apresentam dependência linear.

Em genótipos de ciclo superprecoce existe dependência linear entre caracteres fenológicos e nutricionais proteicos, entre produtivos e nutricionais proteicos. Esses resultados indicam que os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento feminino, número de espigas e produtividade de grãos podem ser utilizados na seleção indireta como indicativos de qualidade nutricional proteica. Entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos e entre produtivos e nutricionais energéticos também existe dependência linear. A significância entre esses grupos de caracteres evidencia que os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento feminino, altura de espiga, número de espigas e peso de mil grãos podem ser utilizados na seleção indireta em busca de melhorias na qualidade nutricional energética dos grãos de milho.

Já, os genótipos de milho transgênico apresentam dependência linear apenas entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos. Os caracteres número de dias da semeadura até o florescimento masculino e número de dias da semeadura até o florescimento feminino são de interesse na seleção indireta, quando se busca melhorias na qualidade energética dos grãos. As demais correlações não apresentam dependência linear, ou seja, são independentes.

As correlações canônica significativas encontradas no presente estudo, mostram que existe uma variabilidade nutricional entre os ciclos dos genótipos, pois não apresentaram o mesmo desempenho para os genótipos de ciclo precoce, ciclo superprecoce e transgênicos estudados. Com isso, em programas de melhoramento genético de milho essa técnica pode ser utilizada para o direcionamento da seleção indireta de caracteres de interesse dos pesquisador e produtores.

REFERÊNCIAS GERAIS

BERGAMASCHI, H. et al. Distribuição hídrica no período crítico do milho e produção de grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, p. 831-839, 2004.

BRUM, B. et al. Correlações canônicas entre variáveis de semente, plântula, planta e produção de grãos em mamoneira. **Ciência Rural**, v. 41, p. 404-411, 2011.

CARVALHO, F. I. F. de; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Ed. Universitária da UFPel, 2004. 142 p.

COIMBRA, J. L. M. et al. Correlações canônicas: II - análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. **Ciência Rural**, v. 30, p. 31-35, 2000.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2014/2015 – Décimo segundo levantamento, Setembro/2015 / Companhia Nacional de Abastecimento**. Brasília - DF: CONAB, 2015.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2001. 648 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S., **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DALE, L. M. et al. Determination of Chemical Composition of Maize by Destructive and Non-Destructive Method. **Bulletin of University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine Cluj- napoca. Agriculture**, v. 67, p. 68-73. 2010.

DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy**, v. 86, p. 83-145, 2005.

FAO - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. FAOSTAT: **Countries by commodity – Top Production – Maize – 2010**. FAO, 2010.

FRIZZI, A. et al. Modifying lysine biosynthesis and catabolism in cor with a single bifunctional/silencing transgene cassette. **Plant Biotechnology Journal**, v. 6, p. 13-21, 2008.

HAIR, J. F. et al. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688 p.

HOTELLING, H. Relations between two sets of variates. **Biometrika**, v. 28, p. 321-377. 1936.

HOTELLING, H. The most predictable criterion. **Journal of Educational Psychology**, v. 26, p. 139-142, 1935.

HULSHOF, P. J. M. et al. Quick screening of maize kernels for provitamin A content. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 20, p. 655-661, 2007.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied Multivariate Statistical Analysis**. 6. ed. New Jersey: Prentice Hall. 2007. 794 p.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied Multivariate Statistical Analysis**. Fourth Edition. New Jersey. Printice Hall, 1998.

LANDRY, J. et al. Effect of the Opaque and Flourey mutations on the accumulation of dry matter and protein fractions in maize endosperm. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 43, p. 549-556, 2005.

LEMOS, G. C. da. S et al. Biometric analysis of *Tripsacum*-maize hybrid populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 64-70, 2005.

LI, Q. et al. Predicting corn digestible and metabolizable energy content from its chemical composition in growing pigs. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v. 11, p. 1-8, 2014.

LI, Y. et al. The genetics relationships among plant-height traits found using multiple trait QTL mapping of a dent corn and popcorn cross. **Genome**, v. 50, p. 357-364, 2007.

MARTIN, N. F.; BOLLERO, G.; BULLOCK, D. G. Associations between field characteristics and soybean plant performance using canonical correlation analysis. **Plant and Soil**, v. 273, p. 39-55, 2005.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada**. Belo Horizonte: Ed. UFMG, 2005. 295 p.

ÖZKAN, M. M.; ADAK, M. S.; KOCABAŞ, Z. An investigation on the relationship between yield and canopy components in wheat (*Triticum aestivum*). **Tarım Bilimleri Dergisi**, v. 14, p. 148-153, 2008.

RAHMAN, A. et al. Use and calibration of Near Infrared Reflectance Spectroscopy in feed analysis: a mini review. **Pakistan Journal of Life and Social Sciences**, v. 13, p. 1-7, 2015.

RAMALHO, M. A. P. **Genética quantitativa em plantas autógamas; aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

RIGÃO, M. H. et al. Correlação canônica entre caracteres de tubérculos para seleção precoce de clones de batata. **Ciência Rural**, v. 39, p. 2347-2353, 2009.

RODRIGUES, L. R.; SILVA, P. R. F.da. **Indicações técnicas para o cultivo do milho e do sorgo no Rio Grande do Sul: Safras 2011/2012 e 2012/2013**. Porto Alegre: Fepagro, 2011. 140 p.

SILVA, et al., Correlações canônicas de características agroindustriais em cana-de-açúcar. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 29, p. 345-349, 2007.

SOUZA, V. Q. et al. Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. **Científica**, v. 43, p. 246-253, 2015.

TRUGILHO, P. F.; LIMA, J. T.; MORI, F. A. Correlação canônica das características químicas e físicas da madeira de clones de *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus saligna*. **Cerne**, v. 9, p. 66-80, 2003.

TSAI, C. Y. et al. Interrelationship of nitrogen nutrition with maize (*Zea mays* L.) grain yield, nitrogen efficiency and grain quality. **Journal of Science and Food Agriculture**, v. 58, p. 1-8, 1992.

XU, H. et al. Application research of canonical correlation analysis in maize breeding. **Journal of Hennan Institute of Science and Technology**, v. 3, p. 6-8, 2008.

YANG, Y. F. et al. Canonical correlation among kernel quality characters in top-quality protein maize. **Chinese Journal of Eco-Agriculture**, v. 14, p. 28-33, 2006.

ZANATTA, A. C. A; OERLECKE, D. Efeito de genes de nanismo sobre alguns caracteres agronômicos e morfológicos de *Triticum aestivum* (L.) Thell. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 26, p. 1001-1016, 1991.

ZENG, X. P.; LI, Q. X.; LV, J. Q. Canonical correlation analysis between quality and yield characters of hybrid rice. **Southwest China Journal of Agricultural Sciences**, v. 19, p. 991-995, 2006.

ZHANG, F.; WAN, X. Q.; PAN, G. T. QTL mapping of fusarium moniliforme ear rot resistance in maize. 1. Map construction with microsatélite and AFLP markers. **Journal of Applied Genetics**, v. 47, p. 9-15, 2006.