

CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS E NUTRICIONAIS PROTEICOS E ENERGÉTICOS EM GENÓTIPOS DE MILHO

BRUNA MENDONÇA ALVES¹, ALBERTO CARGNELUTTI FILHO¹,
CLÁUDIA BURIN¹ e MARCOS TOEBE²

¹Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil - brunamalves11@gmail.com,
alberto.cargnelutti.filho@gmail.com, clauburin@gmail.com;

²Fundação Universidade Federal do Pampa, Itaqui, RS, Brasil - m.toebe@gmail.com

Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.15, n.2, p. 171-185, 2016

RESUMO - Estudos de correlações canônicas são importantes para conhecer a dependência linear entre grupos de caracteres. O objetivo deste trabalho foi verificar se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com caracteres nutricionais proteicos e energéticos em genótipos de milho. O experimento foi conduzido no ano agrícola 2009/2010, no delineamento blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 18 genótipos transgênicos e mensurados os caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos, nutricionais proteicos e nutricionais energéticos. Para cada um dos 27 caracteres, foi realizada a análise de variância e teste F a 5% de probabilidade. Foi determinada a matriz de coeficientes de correlação fenotípica e realizado o diagnóstico de multicolinearidade. Foi realizada a análise de correlação canônica entre os grupos de caracteres. Há dependência linear entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos de milho. Os caracteres fenológicos 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*, relações lineares entre caracteres, qualidade nutricional, multicolinearidade.

CANONICAL CORRELATION BETWEEN AGRONOMIC TRAITS AND PROTEIN-NUTRITIONAL AND ENERGETIC-NUTRITIONAL TRAITS IN GENOTYPES OF MAIZE

ABSTRACT - Studies of canonical correlations stand out as relevant to know the linear dependence among groups of traits. The goal of this study was to investigate the relations among groups of phenological, morphological, and productive traits with protein-nutritional and energetic-nutritional traits in 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. Eighteen transgenic maize genotypes were assessed 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. The canonical correlation analysis was performed among groups. Linear dependence was observed between phenological and energetic-nutritional traits. The phenological traits 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*, linear relations among traits, nutritional quality, multicollinearity.

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 de grãos aliado à qualidade nutricional dos mesmos, devido ao fato de 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 a aumentos na produtividade de grãos e a redução na aplicação de defensivos agrícolas. A constante busca por redução nos custos de produção e por elevadas produtividades de grãos faz com que os milhos transgênicos sejam utilizados (Qaim & Matuschke, 2005). No entanto, são necessárias melhorias na qualidade nutricional dos grãos, devido à produção de grãos ser destinada principalmente à 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

interrelações 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 (Witten & Tibshirani, 2009), sendo uma técnica mais adequada em situações nas quais se analisam muitos caracteres e apresenta alto potencial para fins preditivos (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 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 grupos; 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 se há dependência linear entre caracteres fenológicos, morfológicos e produtivos com

caracteres nutricionais proteicos e energéticos em genótipos de milho.

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 95 m 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 5 m de comprimento, espaçadas em 0,80 m entre fileiras e 0,20 m 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) (Tabela 1).

A semeadura de milho foi realizada, manual-

mente, em 26 de outubro de 2009, 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 37,5 kg ha⁻¹ de nitrogênio (N), 150 kg ha⁻¹ de fósforo (P₂O₅) e 150 kg ha⁻¹ de potássio (K₂O). Em cobertura, foram aplicados 200 kg 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 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 fe-

Tabela 1. Número do genótipo, nome comercial, base genética, empresa e textura do grão de 18 genótipos transgênicos de milho em um experimento conduzido no ano agrícola 2009/2010 (Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, 2009/2010).

Número do genótipo	Nome comercial	Base genética	Empresa	Textura do grão
1	AS 1551 YG	Híbrido simples	Agroeste	Semi duro
2	AS 1555 YG	Híbrido simples	Agroeste	Duro
3	AS 1572 YG	Híbrido triplo	Agroeste	Duro
4	AS 1573 YG	Híbrido simples	Agroeste	Semi duro
5	AS 1578 YG	Híbrido simples	Agroeste	Duro
6	DKB 240 YG	Híbrido simples	Dekalb	Semi duro
7	DKB 566 YG	Híbrido triplo	Dekalb	Semi dentado
8	2B604HX	Híbrido simples	Dow	Semi duro
9	P30B39Y	Híbrido simples modificado	Pioneer	Semi duro
10	P30F36Y	Híbrido simples	Pioneer	Semi duro
11	P30F53Y	Híbrido simples	Pioneer	Semi duro
12	P30F53H	Híbrido simples	Pioneer	Semi duro
13	P32R48Y	Híbrido simples	Pioneer	Semi duro
14	BG 7060Y	Híbrido triplo	Pioneer	Semi duro
15	AG 8011 YG	Híbrido simples modificado	Agrocerec	Semi dentado
16	AG 9020 YG	Híbrido simples	Agrocerec	Semi dentado
17	BG 8124 YG	Híbrido simples	Agrocerec	Semi duro
18	BG8418YG	Híbrido simples	Agrocerec	Semi duro

Fonte: A relação dos genótipos que compuseram o experimento pertence à Rede de Avaliação de Cultivares de Milho do Rio Grande do Sul, coordenada pela Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (Fepagro) (Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, 2009/2010).

minino, 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, colheram-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 1.000 grãos (PMG, em g).

Posteriormente, de cada parcela, separou-se uma amostra de 500 g 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 0,50 mm. 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 ao 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 & 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 620 nm.

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 foram anotadas 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 um 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 fenológi-

cos (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).

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 foi testada 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®.

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, 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 avaliados 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), metionina (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 número de plantas (NP), não foi possível calcular a acurácia seletiva (AS) devido ao baixo valor do teste F (Fc). Os caracteres número de plantas, metionina e amido apresentaram acurácia seletiva (AS) moderada. Para os demais 22 caracteres, a acurácia seletiva 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 2. A magnitude dos coeficientes de correlação variou de $r = -0,63$ entre os caracteres produtividade de grãos (PROD) e triptofano a $r = 0,97$ entre os caracteres altura de inserção de espiga (AE) e posição relativa da espiga. 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 e número de dias da semeadura até o florescimento feminino apresentaram correlação positiva e significativa com o extrato etéreo (EE). A correlação positiva e significativa entre esses caracteres evidencia que, quanto

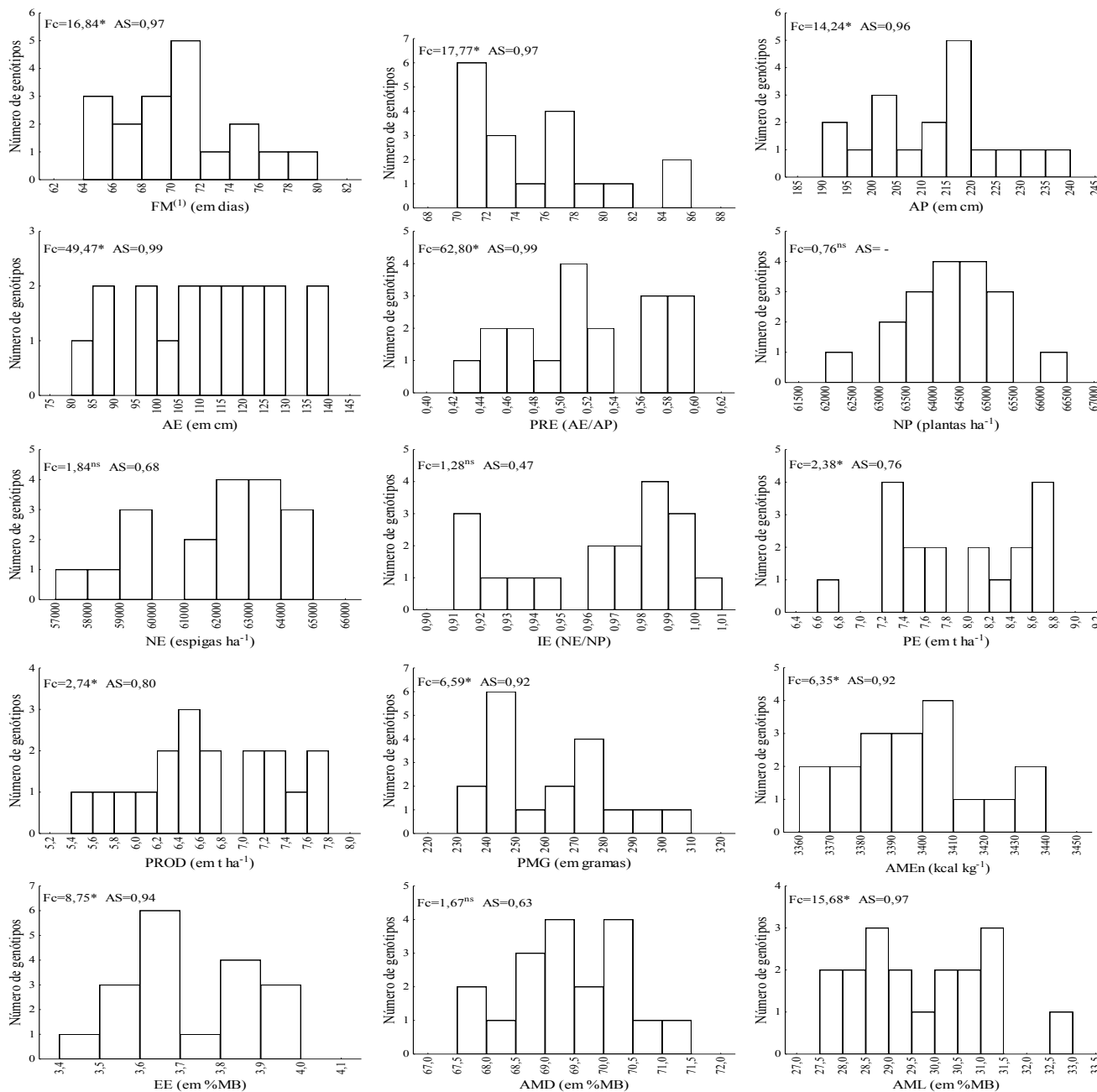


Figura 1. Histogramas de frequência com valores médios de caracteres fenológicos, morfológicos, produtivos e nutricionais energéticos de um experimento com 18 genótipos transgênicos de milho no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS) (Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, 2009/2010).

* 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 espigas 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 1.000 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).

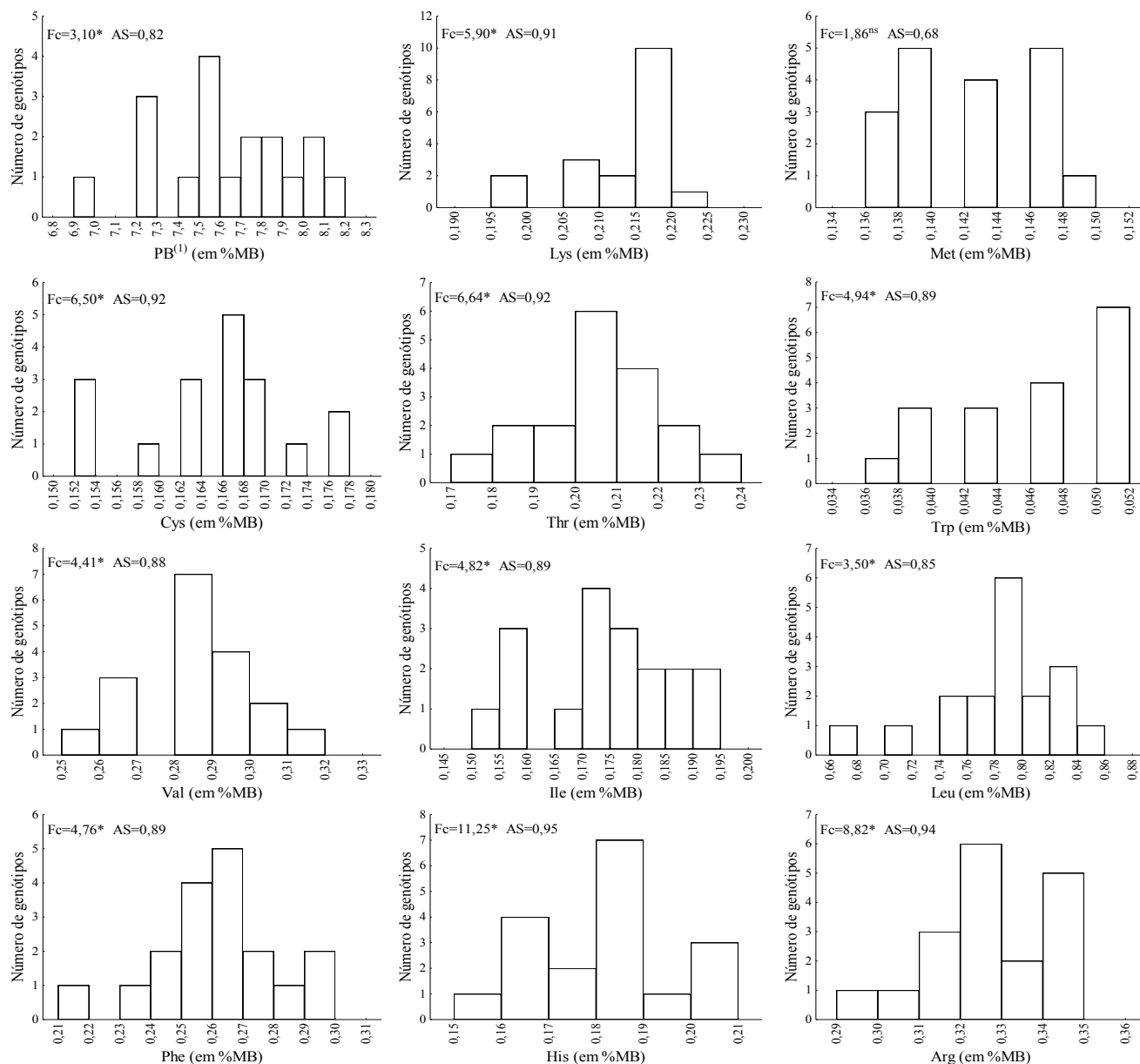


FIGURA 2. Histogramas de frequência com valores médios de caracteres nutricionais proteicos de um experimento com 18 genótipos transgênicos de milho no ano agrícola 2009/2010. Valor do teste F (Fc) da análise de variância para o efeito de genótipo e acurácia seletiva (AS) (Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, 2009/2010).

* 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; Nutricionais energéticos: AMEn = energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio (kcal kg⁻¹); EE = extrato etéreo (% MB); AMD = amido (% MB); e AML = amilose (% MB).

maior o número de dias da semeadura até o florescimento masculino e feminino, maior é o teor de extrato etéreo 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 altura de inserção de espiga e extrato etéreo ($r = 0,48$) e entre posição relativa da espiga e extrato etéreo ($r = 0,50$) (Tabela 2).

Entre os caracteres produtivos número de plantas, número de espigas, índice de espiga, peso de espiga (PE) e produtividade de grãos 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) ($r = - 0,56$), peso de espiga e metionina ($r = - 0,55$), peso de espiga e treonina (Thr) ($r = - 0,47$), peso de espiga e triptofano ($r = - 0,53$), produtividade de grãos e lisina ($r = - 0,56$), produtividade de grãos e metionina ($r = - 0,58$), produtividade de grãos e treonina ($r = - 0,54$) e entre produtividade de grãos e triptofano ($r = - 0,63$). Já entre o caractere produtivo peso de 1.000 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 verificou correlação positiva e não significativa entre os caracteres peso de 1.000 grãos 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 in-

teresse 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 triptofano e lisina.

A produtividade de grãos apresentou correlação negativa com a proteína bruta ($r = - 0,38$). 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 & Rao (2014), com correlação de $r = - 0,14$. Verificou-se que o caractere proteína bruta apresenta relação inversa com a produtividade de grãos. Devido ao fato de 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 redução no teor de proteína e aminoácidos.

Entre os caracteres produtividade de grãos e o teor de amido 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 e teor de extrato etéreo, a correlação foi negativa e de baixa magnitude ($r = - 0,18$). Correlações negativas 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 podem comprometer a produtividade de grãos.

Com isso, pode-se inferir que os resultados apresentados são coerentes com os resultados encon-

Tabela 2. Matriz de coeficientes de correlação fenotípica ⁽¹⁾ entre 27 caracteres de 18 genótipos transgênicos de milho (Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, 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}
		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 espigas 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 1.000 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).

trados 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 necessária a eliminação de caracteres. O grupo de caracteres morfológicos apresentou multicolinearidade severa e foi necessária a eliminação do caractere posição relativa da espiga. 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, 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 (número de dias da semeadura até o florescimento masculino e número de dias da semeadura até o florescimento feminino); morfológicos (altura de planta e altura de inserção de espiga); produtivos (número de plantas, número de espigas, produtividade de grãos e peso de 1.000 grãos); nutricionais proteicos (proteína bruta, lisina, metionina, cisteína, triptofano, leucina e arginina); e nutricionais energéticos (energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio, extrato etéreo, amido e amilose), foi realizada a análise de correlação canônica (Tabelas 3 e 4).

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 3). 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, número de dias da semeadura até o florescimento feminino, energia metabolizável aparente corrigida para nitrogênio, extrato etéreo e amido (Tabela 4). Já o caractere amilose apresentou baixa contribuição na associação intergrupos.

A correlação significativa entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos mostra que, quando se tem um maior número de dias da semeadura até o florescimento masculino e menor número de dias da semeadura até o florescimento feminino, determina-se maior teor de extrato etéreo e de amido nos grãos; no entanto, a energia metabolizável aparente corrigida

Tabela 3. 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 (Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, 2009/2010).

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos	
	1°	2°
	-----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	
	1°	2°
	-----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			
	1°	2°	3°	4°
	-----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 1.000 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 energéticos, morfológicos e nutricionais energéticos, produtivos e nutricionais energéticos de 18 genótipos transgênicos de milho (Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, 2009/2010).

Caractere	Coeficientes dos pares canônicos			
	1°	2°	3°	4°
	-----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		
	-----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		
	-----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 espigas ha⁻¹; PROD = produtividade de grãos, em t ha⁻¹; e PMG = peso de 1.000 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.

para nitrogênio é reduzida (Tabela 4). 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 com 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 o segundo coeficientes 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 4).

Pode-se inferir que, entre caracteres fenológicos e nutricionais energéticos, existe dependência linear entre os caracteres. No melhoramento genético de plantas, o caractere número de dias da semeadura até o florescimento masculino 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.

Conclusões

Há dependência linear entre os caracteres fenológicos e nutricionais energéticos de milho. Os caracteres fenológicos 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. À 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.

Referências

- ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L. P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 5, p. 884-891, 2015. DOI: 10.1590/0103-8478cr20140471.
- BEKELE, A.; RAO, T. N. Estimates of heritability, genetic advance and correlation study for yield and its attributes in maize (*Zea mays* L.). **Journal of Plant Sciences**, New York, v. 2, n. 1, p. 1-4, 2014. DOI: 10.11648/j.jps.20140201.11.
- CAMPOS, H. **Estatística experimental não-paramétrica**. 4. ed. Piracicaba: ESALQ, 1983. 349 p.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos: safra 2015/16: primeiro levantamento**. Brasília, 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_10_16_10_52_19_safra_outu_2015.pdf>. Acesso em: 02 mar. 2016.
- COPELAND, L. O.; McDONALD, M. B. **Principles of seed science and technology**. 4. ed. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 2001. 488 p.
- CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagr.v35i3.21251.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390 p.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **World - maize at a glance**. Rome: 2015. Disponível em: <<http://statistics.amis-outlook.org/data>>. Acesso em: 02 mar. 2016.
- HAIR, J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688 p.
- IDIKUT, L.; ATALAY, A. I.; KARA, S. N.; KAMALAK, A. Effect of hybrid on starch, protein and yields of maize grain. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, Pakistan, v. 8, n. 10, p. 1945-1947, 2009.
- LI, Q.; ZANG, J.; LIU, D.; PIAO, X.; LAI, C.; LI, D. Predicting corn digestible and metabolizable energy content from its chemical composition in growing pigs. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, London, v. 5, n. 11, p. 1-8, 2014. DOI: 10.1186/2049-1891-5-11.
- MAHESH, N.; WALI, M. C.; GOWDA, M. V. C.; MOTAGI, B. N.; UPPINAL, N. F. Correlation and path analysis of yield and kernel components in maize. **Karnataka Journal Agricultural Science**, v. 26, n. 2, p. 306-307, 2013.
- MARTINEZ, C.; CUEVAS-PEREZ, F. **Evaluación de localidad culinária y molineradel arroz**. 3. ed. Cali: CIAT, 1989. 75 p.
- MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1982. 504 p.
- MUNAWAR, M.; SHAHBAZ, M.; HAMMADA, G.; YASIR, M. Correlation and path analysis of grain yield components in exotic maize (*Zea mays* L.) hybrids. **International Journal of Sciences: Basic and Applied Research**, v. 12, n. 1, p. 22-27, 2013.
- QAIM, M.; MATUSCHKE, I. Impacts of genetically modified crops in developing countries: a survey. **Quarterly Journal of International Agriculture**, v. 44, n. 3, p. 207-227, 2005.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares.

Pesquisa Agropecuária Tropical, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

SCROB, S.; MUSTE, S.; HAŞ, I.; MUREŞAN, C.; SOCACI, S.; FĂRCAŞ, A. The biochemical composition and correlation estimates for grain quality in maize. **Journal of Agroalimentary Processes and Technologies**, v. 20, n. 2, p. 150-155, 2014.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3. ed. New York: McGraw Hill Book, 1997. 666 p.

WALI, M. C.; SALIMATH, P. M.; PRASHANTH, M.; HARLAPUR, S. I. Studies on character association as influenced by yield, starch and oil in maize (*Zea mays* L.). **Karnataka Journal Agricultural Science**, v. 19, n. 4, p. 932-935, 2006.

WITTEN, D. M.; TIBSHIRANI, R. J. Extensions of sparse canonical correlation analysis with applications to genomic data. **Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology**, Berlim, v. 8, n. 1, p. 1-27, 2009. DOI: 10.2202/1544-6115.1470.