

XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Análise de componente principal via GT Biplot para estudo de variáveis e seleção de genótipos de milho-pipoca

Hércules dos Santos Pereira, Yure Pequeno de Sousa, Luana Cruz Vasconcelos, Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves, Ana Lucia Rangel de Souza, Geferson dos Santos Rocha, Guilherme Eduardo Vieira dos Santos, Marcelo Serafim Junior, Marcelo Vivas

O milho-pipoca é um tipo de milho altamente valorizado pelo mercado consumidor devido ao elevado valor de comercialização de seus grãos. Em virtude da demanda crescente desta cultura, programas de melhoramento genético de plantas vem buscando cada vez mais compreender a relação entre características que visam contribuir com avanço dos programas. O objetivo do trabalho foi investigar a relação entre um conjunto de variáveis, bem como, indicar genótipos de milho-pipoca com desempenho satisfatório das características em estudo para o programa de melhoramento de plantas da UENF, utilizando análise de componente principal com a metodologia GT Biplot. O experimento foi conduzido no ano de 2019, em Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. O delineamento adotado foi em blocos casualizados (DBC), com três repetições e 31 linhagens de milho-pipoca S⁷. Foram mensuradas seis variáveis, sendo estas: florescimento feminino (FF); comprimento de espiga (CDE); largura de grãos (LG); massa de 100 grãos (M100); rendimento de grãos (RG); e capacidade de expansão (CE). Foram analisadas três visualizações de biplot: discriminação vs. representatividade; quem ganhou onde; e ranqueamento dos genótipos. Analisando os resultados, o biplot obtido conseguiu representar 75,27% da variação total, possibilitando realizar uma eficiente interpretação dos dados. Verificando o biplot discriminação vs. representatividade, destacou-se a associação positiva, negativa e nula entre as variáveis, M100 x LG, LG x CE e CE x RG, respectivamente. Averiguando o quem ganhou onde, o genótipo L444 se destacou para as variáveis LG e M100, já o genótipo P10 se sobressaiu para CDE, L63 para RG, L534 para FF, estando no vértice do polígono. Quanto ao biplot ranqueamento dos genótipos, apenas as linhagens L261 e L63 se destacaram das demais, apresentando o melhor desempenho simultâneo das características estudadas. As variáveis em estudo apresentaram respostas distintas quanto a correlação, todavia, os genótipos L261 e L63 expressaram potencial para contribuir com avanço do programa de milho-pipoca da UENF.

*Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF
Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas PGGMP
Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES*

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



XU Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

28^o
Encontro de Iniciação Científica da UENF

20^o
Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

16^a
Jornada de Iniciação Científica da UFF



UIII Congresso Fluminense de Pós-Graduação

23^a
Mostra de Pós-Graduação da UENF

8^a
Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

8^a
Mostra de Pós-Graduação da UFF

Principal component analysis using GT Biplot for the study of variables and selection of popcorn corn genotypes

Hércules dos Santos Pereira, Yure Pequeno de Sousa, Luana Cruz Vasconcelos, Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves, Ana Lucia Rangel de Souza, Geferson dos Santos Rocha, Guilherme Eduardo Vieira dos Santos, Marcelo Serafim Junior, Marcelo Vivas

Popcorn corn is a type of corn highly valued by the consumer market due to the high commercial value of its grains. In light of the increasing demand for this crop, plant breeding programs have been seeking to increasingly understand the relationship between characteristics that aim to contribute to the advancement of these programs. The objective of this study was to investigate the relationship between a set of variables and identify popcorn corn genotypes with satisfactory performance of the characteristics under study for the plant breeding program at UENF, using principal component analysis with the GT Biplot methodology. The experiment was conducted in 2019 in Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. The adopted design was randomized complete blocks (RCB), with three replications and 31 S⁷ popcorn corn lines. Six variables were measured: female flowering (FF), ear length (CDE), grain width (LG), 100-grain weight (M100), grain yield (RG), and expansion capacity (CE). Three biplot visualizations were analyzed: discrimination vs. representativeness, who won where, and ranking of genotypes. Analyzing the results, the obtained biplot was able to represent 75.27% of the total variation, allowing for an efficient interpretation of the data. Regarding the discrimination vs. representativeness biplot, a positive, negative, and null association between the variables M100 x LG, LG x CE, and CE x RG, respectively, was highlighted. In the "who won where" analysis, genotype L444 stood out for the variables LG and M100, while genotype P10 excelled for CDE, L63 for RG, L534 for FF, being at the vertex of the polygon. As for the ranking of genotypes biplot, only lines L261 and L63 stood out from the others, showing the best simultaneous performance of the studied characteristics. The variables under study presented distinct correlation responses; however, genotypes L261 and L63 showed potential to contribute to the advancement of the UENF popcorn corn program.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

