



INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL APLICADA AO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DO BANCO DE GERMOPLASMA DE VIDEIRA DA EMBRAPA SEMIÁRIDO

Patrícia Coelho de Souza Leão⁽¹⁾; Raphael Miller de Souza Caldas⁽²⁾; Rosimar dos Santos Musser⁽³⁾; André Câmara Alves do Nascimento⁽³⁾

¹Pesquisador Embrapa Semiárido. Rodovia BR-428, Km 152, s/n - Zona Rural, Petrolina, PE, 56302-97, Brasil, patricia.leao@embrapa.br . ²Discente de Mestrado Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, ³Professor Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, Rua Dom Manuel de Medeiros, s/n - Dois Irmãos, Recife - PE, 52171-900

OBJETIVOS

O objetivo deste trabalho foi aplicar a inteligência artificial, através do uso do algoritmo de agrupamento *Emergent self-organizing maps* (ESOM), ao estudo da diversidade genética de acessos de uvas de mesa do Banco Ativo de Germoplasma de videira da Embrapa Semiárido

CONCLUSÃO

- ✓ Os mapas (ESOM) de variabilidade genética evidenciaram a grande variabilidade genética presente nas variáveis analisadas entre os grupos tradicionais.
- ✓ A matriz ESOM de similaridade genética indicou os cruzamentos mais promissores baseados na divergência genética.

AGRADECIMENTOS

A CAPES pela bolsa de mestrado ao segundo autor

MATERIAL E MÉTODOS

LOCAL: BAG Videira, Campo Experimental de Mandacaru da Embrapa Semiárido em Juazeiro, BA

PERÍODO: quatro ciclos de produção em 2018 e 2019

MATERIAL VEGETAL: 93 genótipos de uvas de mesa

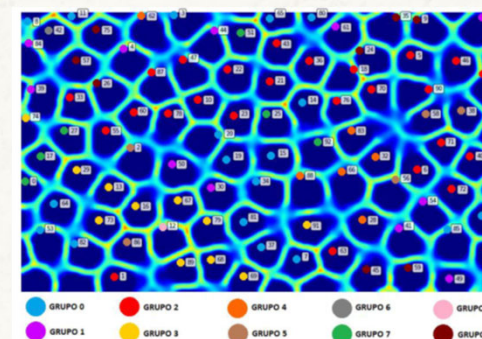
VARIÁVEIS: produção (kg.planta⁻¹); Número de cachos por planta; massa do cacho (g); comprimento e largura do cacho (cm); massa da baga (g); comprimento e diâmetro das bagas (mm); teor de sólidos solúveis totais (°Brix); acidez titulável (g de ácido tartárico.100 mL de suco⁻¹)

ESTATÍSTICA: Para estudar a diversidade genética foram gerados ESOM (*Emergent self-organizing maps*) de configuração matricial de 16.000 neurônios (100 linhas x 160 colunas). Os dados foram padronizados e foi utilizado o pacote Somoclu (Wittek et al. 2013) em linguagem de programação *Python*.

Foram gerados onze *boxplots*, mapas de variabilidade genética, e matriz ESOM de similaridade genética, que indica quais os cruzamentos mais promissores entre os grupos heteróticos formados pela rede ESOM com base na distância Euclidiana entre os grupos.

RESULTADOS

- ✓ A porcentagem de acessos alocados em cada grupo foi: 20,43 % no grupo 0; 11,82 % no grupo 1; 26,88 % no grupo 2; 11,82 % no grupo 3; 6,45 % no grupo 4; 5,37 % no grupo 5; 1,07 % no grupo 6; 6,45 % no grupo 7; 1,07 % no grupo 8 e 8,60 % no grupo 9.



- ✓ O grupo 3 se destacou por possuir o maior valor para as variáveis produção e número de cachos,
- ✓ Cruzamentos entre a 'BRS Vitória' e 'Moscatel de Hamburgo' ou 'Moscatel de Alexandria' são indicados, visto que pode-se aliar o sabor moscatel e maior tamanho de bagas a uma cultivar comercial de menor tamanho de bagas