

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

Patrícia Coelho de Souza Leão¹; Raphael Miller de Souza Caldas²; Rosimar dos Santos Musser³; André Câmara Alves do Nascimento³

¹Pesquisador Embrapa Semiárido. Rodovia BR-428, Km 152, s/n - Zona Rural, Petrolina, PE, 56302-97, Brasil.. 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. *E-mail do autor apresentador: patricia.leao@embrapa.br

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. O experimento foi realizado no Campo Experimental de Mandacaru, Juazeiro - BA, sendo analisados os dados referentes a quatro safras (2018.1, 2018.2, 2019.1 e 2019.2). O agrupamento realizado pelo algoritmo ESOM foi capaz de descobrir padrões genéticos e diferenças entre os acessos de uva de mesa estudados, permitindo a formação de 10 grupos heteróticos. O grupo 0 apresentou os maiores valores máximos para as variáveis produção (8,44 kg), peso do cacho (520,19 g), comprimento do cacho (22,30 cm), largura do cacho (15,10 cm), peso da baga (8,00 g), comprimento da baga (26,84 mm), diâmetro da baga (22,17 mm) e sólidos solúveis (23,90 °Brix). Também apresentou os maiores valores médios para o peso do cacho (331,20 g), comprimento do cacho (16,6 cm), largura do cacho (10,5 cm), peso da baga (5,78 g), comprimento da baga (23,5 mm) e diâmetro da baga (19,7 mm). A presença de variabilidade genética para as variáveis analisadas foi evidenciada pela formação dos mapas de variabilidade genética, demonstrando ampla base genética para os 93 acessos analisados. A matriz ESOM se mostrou eficiente na análise da diversidade genética e consequente formação de grupos heteróticos, além de indicar quais cruzamentos mais promissores. Estudos futuros sobre a validação dos ESOM como um método de agrupamento eficiente no melhoramento genético de plantas são indicados.

Palavras-chave: *Vitis* spp., agrupamento, variabilidade genética, grupos heteróticos, algoritmos inteligentes, *emergent self-organizing maps*.