

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PORTA-ENXERTOS ATRAVÉS DE *SELF-ORGANIZING MAPS*

Nina Iris Verslype^{1*}; André Câmara Alves do Nascimento²; Ricardo Bastos Cavalcante Prudêncio³; Luiza Suely Semen Martins⁴; Angélica Virgínia Valois Montarroyos⁵; Raphael Miller de Souza Caldas⁶; Ezildo Francisco Felinto Filho⁷; Beatriz Rayrana de Araújo Gama⁸; Carina Raissa Rocha Oliveira da Cunha⁹; Rosimar dos Santos Musser¹⁰

^{1,2,4,5,6,7,8,9,10} UFRPE- Universidade Federal Rural de Pernambuco. ³ UFPE- Universidade Federal de Pernambuco. *E-mail do autor apresentador: nina.verslype@ufrpe.br.

Entre as culturas agrícolas perenes exploradas pelo homem a nível mundial, do ponto de vista socioeconômico, destaca-se a videira (*Vitis* spp.), por conta de sua grande versatilidade e alto valor agregado de seus produtos. A cultura vem sendo cultivada e moldada pelo homem desde a antiguidade, em regiões com condições ambientais muito diversas. Um dos principais fatores para o seu sucesso nas diversas regiões vinícolas exploradas no mundo, é por conta do uso de porta-enxertos, que agrega diversas vantagens aos vinhedos, sendo considerado o fundamento da viticultura. Apesar de sua importância, os programas de melhoramento de porta-enxertos são escassos e a grande maioria das variedades exploradas atualmente foram desenvolvidas há mais de cem anos e possui estreita base genética. Além disso, a obtenção de novas variedades trata-se de um processo lento e oneroso. Por conta disto, o uso de ferramentas promissoras, tais como o uso de Redes Neurais Artificiais (RNA) podem facilitar as avaliações para os melhoristas, devido a sua capacidade de gerenciar grandes quantidades de dados, identificar padrões relevantes e por trazer resultados precisos e de fácil interpretação. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi de avaliar a diversidade genética entre trinta variedades de porta-enxertos de videira, através das RNA. O trabalho foi realizado a partir de dados de 30 variedades de porta-enxertos coletados em bancos de dados públicos, artigos e livros, que foram reunidos e as análises foram processadas utilizando a linguagem *Python*, empregando-se o algoritmo *Self-Organizing Maps* disponível na biblioteca *somoclu*. Os resultados obtidos indicaram a formação de dois grupos heteróticos, agrupando os porta-enxertos tropicais desenvolvidos pelo Instituto Agrônomo de Campinas o “IAC 313”, “IAC 571-6”, “IAC 572” e “IAC 766” no mesmo grupo. Desta forma, a RNA mostrou-se uma ferramenta eficiente na identificação e formação de agrupamentos em porta-enxertos de videira, sendo mais uma opção de ferramenta disponível para os melhoristas. O uso da RNA pode contribuir de forma significativa na seleção e indicação de cruzamentos promissores entre porta-enxertos de videiras.

Palavras-chave: SOM; Redes Neurais Artificiais; Melhoramento genético.

Agradecimentos: A FACEPE pela concessão de bolsa de doutorado, a UFRPE e UFPE pelo apoio institucional.