



UNIVERSIDADE FEDERAL DO VALE DO SÃO FRANCISCO
CAMPUS DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA – PRODUÇÃO VEGETAL

MARCOS ANDREI CUSTODIO DA CUNHA

**UTILIZAÇÃO DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS NA ESTIMATIVA DA
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA**

Petrolina - PE

2024

MARCOS ANDREI CUSTODIO DA CUNHA

**UTILIZAÇÃO DE REDES NEURAS ARTIFICIAIS NA ESTIMATIVA DA
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal do *Campus* de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Vale do São Francisco, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Agronomia – Produção Vegetal.

Orientadora: Prof. Dra. Francine Hiromi Ishikawa

Coorientadoras: Dra. Patrícia Coelho de Souza Leão and Dra. Cristina dos Santos Ribeiro Costa

Petrolina - PE

2024

C972u Cunha, Marcos Andrei Custodio da
Utilização de Redes Neurais Artificiais na estimativa da diversidade genética entre cultivares brasileiras de videira / Marcos Andrei Custodio da Cunha. – Petrolina-PE, 2024.
125 f.: il.; 29 cm.

Dissertação (Mestrado em Agronomia - Produção Vegetal) - Universidade Federal do Vale do São Francisco, Campus Ciências Agrárias, Petrolina-PE, 2024.

Orientadora: Prof.^a Dr.^a Francine Hiromi Ishikawa.

Inclui referências.

1. Uva - Cultivo. 2. Frutas - Qualidade. 3. Compostos bioativos. 4. Redes Neurais Artificiais. I. Título. II. Ishikawa, Francine Hiromi. III. Universidade Federal do Vale do São Francisco.

CDD 634.88

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO VALE DO SÃO FRANCISCO
CAMPUS DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA – PRODUÇÃO VEGETAL**

FOLHA DE APROVAÇÃO

Marcos Andrei Custodio da Cunha

UTILIZAÇÃO DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS NA ESTIMATIVA DA
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA

Dissertação apresentada como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Agronomia – Produção Vegetal, pela Universidade Federal do Vale do São Francisco.

Aprovado em: 26 de fevereiro de 2024.

Banca Examinadora

Documento assinado digitalmente



FRANCINE HIROMI ISHIKAWA
Data: 14/05/2024 13:07:02-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Francine Hiromi Ishikawa (CEAGRO/UNIVASF)

Documento assinado digitalmente



CRISTINA DOS SANTOS RIBEIRO COSTA
Data: 09/05/2024 19:41:24-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Cristina dos Santos Ribeiro Costa (Embrapa Semiárido)

Documento assinado digitalmente



IZAIAS DA SILVA LIMA NETO
Data: 13/05/2024 12:40:46-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Izaias da Silva Lima Neto (CEAGRO/UNIVASF)

Documento assinado digitalmente



JULLYANNA NAIR DE CARVALHO
Data: 09/05/2024 18:47:28-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Jullyanna Nair de Carvalho (UNIBRAS)

*Aos meus pais, Gracilene Rodrigues Custodio da
Cunha e Marcos Antonio Lino da Cunha, por
todo amor e apoio de sempre.*

Dedico

*A Deus,
Ofereço*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por conceder a oportunidade de comandar esse fluxo universal e permitir finalizar esta importante etapa acadêmica.

A Embrapa Semiárido pela disponibilidade de toda infraestrutura e recursos financeiros necessários para a realização do trabalho, incluindo seus campos experimentais, laboratórios, reagentes e funcionários.

A Universidade Federal do Vale do São Francisco e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal pela oportunidade de realização do curso.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

A minha orientadora Profa. Dra. Francine Hiromi Ishikawa pela oportunidade, experiência e solícita em todas as etapas, por sua paciência e disponibilidade em passar seus conhecimentos.

As minhas coorientadoras Dra. Patrícia Coelho de Souza Leão e Dra. Cristina dos Santos Ribeiro Costa por seus ensinamentos, parceria, sabedoria e disponibilidade em ajudar.

A colaboradora Dra. Maria Auxiliadora Coelho de Lima pela sua contribuição neste trabalho.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal que ministraram os componentes curriculares com êxito e dedicação.

À minha família, em especial meus pais, Gracilene Rodrigues Custodio da Cunha e Marcos Antonio Lino da Cunha, pelos ensinamentos, carinho, amor, dedicação e por serem minha rede de apoio.

Aos funcionários da Embrapa Semiárido Danielly Cristina Gomes da Trindade e Cícero Meneses Costa pela ajuda nas atividades de pesquisa. Ainda, a equipe de melhoramento genético de videira incluindo, pesquisadores, funcionários, bolsistas de Pós -graduação e iniciação científica, e estagiários.

Agradeço ao grupo de pesquisa FitoMelhor pertencente a UNIVASF, pela troca de conhecimento científico durante esta jornada.

Aos meus amigos, Kananda Laira Gomes Marçal, Raquel de Souza Silva e Wellerson Kennie do Nascimento Macêdo que estiveram ao meu lado e me

apoiaram durante todo o processo para alcançar mais esta conquista.

A todos aqueles que mesmo sem terem sido nomeados colaboraram na realização deste trabalho, meu profundo agradecimento.

Sou grato!

*“Quando uma criatura humana desperta para um grande sonho e sobre ele lança
toda a força de sua alma, todo o universo conspira a seu favor.”*

(Johan Goethe)

UTILIZAÇÃO DE REDES NEURAS ARTIFICIAIS NA ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA

RESUMO

A videira (*Vitis* spp.) é uma frutífera de grande importância no mundo, onde apresenta ampla diversidade de cultivares plantadas. A uva é utilizada tanto para produção de alimentos industrializados quanto para consumo *in natura*, trazendo grandes benefícios à saúde humana, devido a sua alta qualidade nutricional, como a presença de compostos bioativos e antioxidantes. O gênero *Vitis* apresenta grande variabilidade genética quanto as características morfoagronômicas e aos atributos de qualidade dos frutos. Essas variações podem ser observadas em componentes de produção, características físicas, físico-químicas e compostos bioativos presentes nos frutos. Desse modo, o objetivo do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos e estudar a diversidade genética em cultivares brasileiras de videira, com base em variáveis morfoagronômicas e de qualidade dos frutos. Trinta e seis cultivares foram avaliadas em duas safras consecutivas, utilizando vinte e uma variáveis. A estimativa dos parâmetros genéticos foi realizada utilizando REML/BLUP. Os valores genéticos foram utilizados para calcular a dissimilaridade entre as cultivares através da distância Euclidiana. A análise de agrupamento foi realizada utilizando mapas auto-organizáveis. De acordo com os resultados, todas as características analisadas apresentaram diferenças significativas entre as cultivares avaliadas, exceto percentagem de brotação. Análise de agrupamento revelaram a formação de 5 grupos, destacando similaridades e diferenças entre as cultivares com base em suas características. REML/BLUP e SOM foram eficientes nas estimativas dos parâmetros genéticos e diversidade genética entre as cultivares analisadas. As cultivares brasileiras de videira apresentam alta variabilidade genética para as características morfoagronômicas e de qualidade dos frutos, e permitiu a identificação de genótipos divergentes com potencial de aproveitamento em futuros cruzamentos promissores visando a obtenção de novas cultivares adaptadas a diferentes regiões edafoclimáticas e fortalecimento da viticultura tropical.

Palavras-chave: uva, modelos mistos, mapas auto-organizados, dissimilaridade

ABSTRACT

The vine (*Vitis* spp.) is a fruit tree of great importance in the world, which has a wide diversity of planted cultivars. Grapes are used for both industrialized foods and for fresh consumption, bringing great benefits to human health, due to their high nutritional quality, such as the presence of bioactive compounds and antioxidants. The genus *Vitis* presents great genetic variability in terms of morphoagronomic characteristics and fruit quality attributes. These variations can be observed in production components, physical, physicochemical characteristics and bioactive compounds present in the fruits. Therefore, the objective of the present study was to estimate genetic parameters and study genetic diversity in Brazilian grapevine cultivars, based on morphoagronomic and fruit quality variables. Thirty-six cultivars were evaluated in two consecutive harvests, using twenty-one variables. The estimation of genetic parameters was performed using REML/BLUP. The genetic values were used to calculate the dissimilarity between cultivars using Euclidean distance. Cluster analysis was performed using self-organizing maps. According to the results, all analyzed traits showed significant differences between the cultivars, except sprouting percentage. Cluster analysis revealed the formation of 5 groups, highlighting similarities and differences between cultivars based on their characteristics. REML/BLUP and SOM were efficient in estimating genetic parameters and genetic diversity among the cultivars studied. Brazilian grapevine cultivars present high genetic variability for morphoagronomic and fruit quality traits, and allowed the identification of divergent genotypes with potential for use in future crosses aimed at obtaining new cultivars adapted to different soil and climate regions and strengthening tropical viticulture.

Keywords: grape, mixed models, self-organizing maps, dissimilarity

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO II

Figura 1. Variações sazonais da precipitação (mm); temperatura média, mínima e máxima (°C) e radiação global (MJ m⁻²) em Juazeiro, BA, Brasil, entre agosto de 2022 e junho de 2023. Fonte: Estação Agrometeorológica de Mandacaru, Juazeiro, Bahia, Brasil (9°24S, 40°26W) (Embrapa, 2023) 62

Figura 2. Dendrograma obtido pelo método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA), com base nas dissimilaridades genotípicas de 36 cultivares brasileiras de videira.....73

Figura 3. Número de iterações necessárias da rede de mapas auto-organizados de Kohonen em função da distância média até a unidade mais próxima. O número de 1.000 interações foi suficiente para conseguir a estabilização da distância entre vizinhos..... 74

Figura 4. Mapa auto-organizado de Kohonen em configuração retangular com 20 neurônios para 36 cultivares de videira. (a) Distância entre neurônios vizinhos da rede SOM de Kohonen. (b) Alocação das cultivares e organização da variação estabelecida pela rede SOM.....76

Figura 5. Agrupamento em função da importância das variáveis analisadas com 20 neurônios para as 36 cultivares de videira.....77

CAPÍTULO III

Figura 1. Cachos de uvas no estágio de maturação plena de 36 cultivares brasileiras de videira do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Semiárido.....98

Figura 2. Variações sazonais da precipitação (mm); temperatura média, mínima e máxima (°C) e radiação global (MJ m⁻²) em Juazeiro, BA, Brasil, entre agosto de 2022 e junho de 2023. Fonte: Estação Agrometeorológica de Mandacaru, Juazeiro, Bahia, Brasil (9°24S, 40°26W) (Embrapa, 2023) 99

Figura 3. Análise de componentes principais (PCA) obtida de 36 cultivares de videira, 2022-2023: gráfico de carga fatorial de características de qualidade de uvas ao longo de PC1 e PC2 (A) e distribuição das amostras em gráficos de pontuação (B)..... 110

Figura 4. Número de interações necessárias da rede SOM de Kohonen em função da distância média até a unidade mais próxima. O número de 1.000 interações foi suficiente para conseguir a estabilização da distância entre os neurônios vizinhos.....111

Figura 5. Mapa auto-organizado de Kohonen em configuração retangular com 20 neurônios para 36 cultivares de videira. (a) Distância entre neurônios vizinhos da rede SOM de Kohonen. (b) Alocação das cultivares e organização da variação estabelecida pela rede SOM.....112

Figura 6. Agrupamento em função da importância das variáveis avaliadas, com 20 neurônios para as 36 cultivares de videira.....113

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1. Informações de 36 cultivares brasileiras de videira conservadas no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Semiárido.....60

Tabela 2. Teste de razão de máxima verossimilhança (LRT) para índice de fertilidade das gemas (IF), percentagem de brotação (PB), massa fresca de ramos e folhas (MF), produção por planta (PP), número de cachos por planta (NC), massa do cacho (MC), comprimento do cacho (CC), largura do cacho (LC), massa da baga (MB), comprimento da baga (CB) e diâmetro da baga (DB), obtidas de 36 cultivares de videira, Petrolina, PE, 2022-2023.....67

Tabela 3. Média geral, variância fenotípica permanente entre plantas (V_{fp}), variância ambiental temporária (V_{et}), variância fenotípica individual (V_f), repetibilidade individual ($r = h^2$), repetibilidade da média de safras ou medidas repetidas (r_m) e acurácia da seleção baseada na média de duas safras ou medidas repetidas (A_{cm}).....68

Tabela 4. BLUP individual de 36 cultivares brasileiras de videira em termos de índice de fertilidade das gemas (IF), massa fresca de ramos e folhas (MF), produção por planta (PP), número de cachos por planta (NC), massa do cacho (MC), comprimento do cacho (CC), largura do cacho (LC), massa da baga (MB), comprimento da baga (CB) e diâmetro da baga (DB).....70

CAPÍTULO III

Tabela 1. Teste de razão de máxima verossimilhança (LRT) para comprimento de luminosidade (L), cromaticidade (c^*), ângulo Hue (h^*), firmeza da baga (FR), sólidos solúveis (SS), acidez titulável (AT), relação entre sólidos solúveis e acidez titulável (SS/AT), polifenóis extraíveis totais (PET), flavonoides amarelos (FLA) e antocianinas totais (ANT), obtidas de 36 cultivares de videira, Petrolina, PE, 2022-2023..... 103

Tabela 2. Média geral, variância fenotípica permanente entre plantas (V_{fp}), variância ambiental temporária (V_{et}), variância fenotípica individual (V_f), repetibilidade individual ($r = h^2$), repetibilidade da média de safras ou medidas repetidas (r_m) e acurácia da seleção baseada na média de duas safras ou medidas repetidas (A_{cm})..... 104

Tabela 3. BLUP individual de 36 cultivares brasileiras de videira em termos

de luminosidade (L), cromaticidade (c^*), ângulo Hue (h^*), firmeza da baga (FR), sólidos solúveis (SS), acidez titulável (AT), relação entre sólidos solúveis e acidez titulável (SS/AT), polifenóis extraíveis totais (PET), flavonoides amarelos (FLA) e antocianinas totais (ANT).....106

Tabela 4. Correlações de Pearson entre características de qualidade de frutos e compostos bioativos em cultivares brasileiras de videira.....109

Tabela 5. Primeiros dez componentes da análise PCA de 10 atributos de qualidade e compostos bioativos analisados em 36 cultivares brasileira de videira, 2022-2023.....110

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

- A_{cm}** - Acurácia da seleção baseada na média de duas safras
- AIC** - Critério de informação de Akaike
- ANT** – Antocianinas totais
- AT** - Acidez titulável
- BIC** - Critério de informação de Bayesiano
- BLUP** - Melhor predição linear não viesada
- C*** - Cromaticidade
- CB** - Comprimento da baga
- CC** - Comprimento do cacho
- DB** - Diâmetro da baga
- Embrapa** - Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária
- FLA** – Flavonoides amarelos
- FR** - Firmeza da baga
- h*** - Ângulo Hue
- IAC** - Instituto Agronômico de Campinas
- IF** - Índice de fertilidade das gemas
- L** - Luminosidade
- LC** - Largura do cacho
- Loglik** - Log - probabilidade
- LRT** - Teste de razão de verossimilhança
- MB** - Massa da baga
- MC** - Massa do cacho
- MF** - Massa fresca de galhos e folhas
- NC** - Número de cachos por planta
- PB** - Percentagem de brotação
- PET** – Polifenóis extraíveis totais
- PP** - Produção por planta
- REML** - Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita
- r = h²** - Repetibilidade individual

r_m - Repetibilidade da média de safras ou medidas repetidas

RNAs - Redes neurais artificiais

SOMs - Mapas auto-organizados de Kohonen

SS - Sólidos solúveis

SS/AT – Relação entre sólidos solúveis e acidez titulável

UPGMA - Método hierárquico de ligação média entre grupos

V_{et} - Variância ambiental temporária

V_f - Variância fenotípica individual

V_{fp} - Variância fenotípica permanente entre plantas

SUMÁRIO

CAPÍTULO I	xix
1 INTRODUÇÃO	20
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	23
2.1 A CULTURA DA VIDEIRA	23
2.2 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA.....	23
2.3 RECURSOS GENÉTICOS.....	25
2.4 CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E DE QUALIDADE DE FRUTOS.....	25
2.4.1 Componentes de produção	26
2.4.2 Características físicas	27
2.4.3 Características físico-químicas	28
2.4.4 Características químicas e compostos bioativos	29
2.5 DIVERSIDADE GENÉTICA NA VIDEIRA	31
2.5.1 Medidas de dissimilaridade genética e técnicas de agrupamento	32
2.5.2 Redes Neurais Artificiais (RNAs)	35
2.6 APLICAÇÃO DE MODELOS MISTOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA VIDEIRA	38
REFERÊNCIAS	42
CAPÍTULO II	55
1 INTRODUÇÃO	58
2 MATERIAL E MÉTODOS	59
2.1 MATERIAL GENÉTICO E CONDIÇÕES EXPERIMENTAIS.....	59
2.2 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS.....	63
2.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	63
3 RESULTADOS	65
4 DISCUSSÃO	79
5 CONCLUSÃO	85
REFERÊNCIAS	85
CAPÍTULO III	92
1 INTRODUÇÃO	95
2 MATERIAL E MÉTODOS	96
2.1 MATERIAL VEGETAL E CONDIÇÕES EXPERIMENTAIS.....	96

2.2	CARACTERÍSTICAS AVALIADAS	99
2.3	ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	101
3	RESULTADOS.....	102
4	DISCUSSÃO	115
5	CONCLUSÃO	121
	REFERÊNCIAS	121

CAPÍTULO I

INTRODUÇÃO GERAL FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

1 INTRODUÇÃO

A videira (*Vitis* spp.) é uma cultura de grande importância socioeconômica, que apresenta ampla diversidade de cultivares plantadas. A uva é usada tanto para produção de industrializados quanto para consumo *in natura*, trazendo grandes benefícios à saúde humana, devido a sua alta qualidade nutricional, como a presença de sais minerais, compostos fenólicos e antioxidantes (De Lorenzis *et al.*, 2015; Keskin *et al.*, 2021). Segundo o IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística) no ano de 2022, a área plantada no Brasil foi estimada em 74,520 mil hectares, com produção de 1,633 milhões de toneladas de uvas de mesa e processamento, com destaque para a mesorregião do Submédio do Vale do São Francisco, que corresponde a cerca de 30% desta produção (Anuário Brasileiro de Horti e Fruit, 2022).

O gênero *Vitis* apresenta grande variabilidade genética quanto as características morfoagronômicas e aos atributos de qualidade dos frutos. Essas variações podem ser observadas em componentes de produção, características físicas, físico-químicas e compostos bioativos presentes no fruto. Desse modo, estudos de diversidade genética são cruciais pois permitem a diferenciação entre acessos, auxiliam na identificação de genótipos contrastantes para a realização de cruzamentos promissores, possibilitam compreender a base genética e as relações de parentesco entre populações ou cultivares em uma determinada região geográfica ou país. Ainda, são ferramentas importantes para identificar possíveis grupos com maior grau de heterose em cruzamentos futuros (Abiri *et al.*, 2020; Campos *et al.*, 2016; Deu *et al.*, 2008; Kupe *et al.*, 2021; Villano *et al.*, 2023).

A avaliação e caracterização morfoagronômica de um Banco de Germoplasma proporciona informações que contribuem para a escolha correta dos melhores genótipos de acordo com os objetivos dos programas de melhoramento genético. Para o avanço desses programas, é importante que sejam conhecidas a herança das características envolvidas e a base genética dos parentais, que podem ser elucidadas em estudos de diversidade genética (Dallakyan *et al.*, 2020). Nesse cenário, as estimativas de parâmetros genéticos são fundamentais para compreender a ação dos genes envolvidos no controle de determinada característica e é considerada uma ferramenta importante para

os melhoristas, pois pode prever o ganho genético (Viana; Resende, 2014). Dentre as metodologias recomendadas para obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos, destaca-se o REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita/Melhor Predição Linear não Viesada), o qual confere maior acurácia e precisão nas estimativas, especialmente aquelas obtidas de ensaios desbalanceados, situação comum em espécies perenes e quando se dispõe de grande número de plantas (Resende, 2016).

A diversidade genética existente entre cultivares brasileiras de videira pode ser determinada através de métodos biométricos, para estimar a dissimilaridade, por meio de técnicas de análise multivariadas. Dentre essas técnicas, destacam-se as variáveis canônicas, componentes principais e os métodos de agrupamento, como o método de otimização de Tocher e o hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA). A dissimilaridade pode ser medida através de variáveis quantitativas por intermédio da distância euclidiana e, principalmente, da distância generalizada de Mahalanobis que calcula a covariância dos resíduos (Mahmoud *et al.*, 2023; Matsuo *et al.*, 2012; Sharmin *et al.*, 2021).

Atualmente, também se tem utilizado redes neurais artificiais para inferir a divergência genética existente entre acessos ou cultivares. As redes neurais artificiais (RNAs) são técnicas computacionais que apresentam um modelo inspirado na estrutura neural do cérebro humano e que adquirem conhecimento por meio de experiência. No melhoramento genético de plantas, entre os modelos de RNAs, pode-se destacar os Mapas auto-organizados de Kohonen (SOMs), que é indicado para agrupamento de genótipos e reconhecimento de padrões (Oliveira *et al.*, 2020; Sant'Anna *et al.*, 2021).

Em estudos recentes, os modelos de RNAs, devido à sua capacidade em solucionar problemas não linearmente separáveis e captar características complexas de dados incompletos, em nível experimental, têm sido utilizados na predição de valores genéticos para várias espécies como soja (Abraham *et al.*, 2020), ajowan (Niazian *et al.*, 2018), milho (García-Martínez *et al.*, 2020), cana-de-açúcar (Ghazvinei *et al.*, 2018), cártamo (Abdipour *et al.*, 2019), beterraba (Caliskan *et al.*, 2020), como também em estudo de aprendizado profundo para genômica de plantas e melhoramento de culturas (Wang *et al.*, 2020), fenotipagem (Toda *et al.*, 2020), previsão de rendimento de colheita (Khaki *et*

al., 2020), entre outros.

Nesse contexto, a utilização de métodos biométricos avançados para maior acurácia dos valores genéticos, como modelos mistos e redes neurais artificiais é uma importante estratégia na caracterização dos recursos genéticos em programas de melhoramento. Dentre as vantagens, destacam-se a seleção de genótipos e posterior obtenção de cultivares adaptadas a diferentes regiões edafoclimáticas e redução do tempo e custo em programas de melhoramento genético.

Desse modo, o presente estudo teve como objetivo caracterizar, estimar parâmetros genéticos e estudar a diversidade genética em cultivares brasileiras de videira, com base em variáveis morfoagronômicas, de qualidade dos frutos e compostos bioativos, utilizando modelos mistos e redes neurais artificiais a fim de agregar maiores informações para utilização das cultivares no melhoramento genético da videira ou em cultivos comerciais.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 A cultura da videira

O provável centro de origem paleontológico da videira fica na atual Groelândia, com centros de diversidade na Ásia, Eurásia e América, sendo considerada uma das frutas de domesticação mais antiga (This *et al.*, 2006). No Brasil, a videira foi introduzida em 1532, por Martim Afonso de Souza, na então capitania de São Vicente, atual estado de São Paulo, sendo a *priori* uvas finas (*Vitis vinifera* L.), com origem em Portugal e Espanha. A partir do século XIX foram introduzidas variedades americanas (Leão; Possidio, 2000).

A videira pertence à família *Vitaceae* Juss. que é composta por 16 gêneros e contém cerca de 950 espécies. Dentre estes gêneros, o gênero *Vitis* é considerado o mais antigo, dividido em dois subgêneros com base nas diferenças no número de cromossomos: *Euvitis* ($2n = 38$) e *Muscadinia* ($2n = 40$), o único com importância econômica por produzir frutos comestíveis (Keller, 2015; Lu *et al.*, 2018; USDA, 2023).

As principais características morfológicas do gênero *Vitis* incluem: folhas simples, alternas, pecioladas, cordiformes, com cinco lóbulos, glabras na face adaxial e tomentosa na face abaxial; gavinhas simples ou bifurcadas; pétalas de flores fundidas que se separam na base, formando uma caliptra ou 'tampa'; inflorescência do tipo racemo; corola com pétalas unidas distalmente formando caliptra; disco floral na forma de anel na base do ovário; prefloração valvar e gineceu bicarpelar e bilocular; frutos em forma de bagas, macias e com poupa; sementes com tegumento liso, podem estar presentes de uma a quatro por baga, ou ausentes (Keller, 2015; Walker *et al.*, 2019).

Ainda, a planta é classificada como angiosperma eudicotiledônea, trepadeiras, perene, lenhosa, monoica ou dioica, ramos com casca aderente ou que se desprende. As plantas masculinas são geralmente infrutíferas, sendo bastante utilizadas como porta-enxerto (Leão; Borges, 2009). O ciclo vital varia em função da espécie, cultivar, condições edafoclimáticas e os diversos tratamentos culturais.

2.2 Importância econômica

A viticultura é uma atividade agrícola milenar, que se destaca atualmente pelo uso de novas tecnologias, diversidade de cultivares plantadas e produtividade (Oliveira *et al.*, 2023). Segundo dados da FAOSTAT (Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database, 2023), no ano de 2021, foram colhidas mundialmente 73.5 milhões de toneladas de uvas em 6.76 milhões de hectares. Devido a cultura ter sido explorada em diversas localidades, desde o continente Europeu, responsável por 36,6% da produção mundial, assim como, no continente Asiático responsável por 35,3% da produção, na América com 18,6%, África com 6,4% e até a Oceania que deteve 3,1% da produção mundial de uva neste ano. Os cinco países maiores produtores são, a China (11.200.000 t), a Itália (8.149.400 t), a Espanha (6.086.920 t), os Estados Unidos (5.488.490 t) e a França (5.073.580 t). No Brasil, a área plantada foi de 75.007 ha com produção cerca de 1.748.197 toneladas de uvas, ocupando a 15ª posição no ranking mundial (IBGE, 2023; International Organization of Vine and Wine - IOV, 2022).

No que tange às exportações brasileiras de uvas, no ano de 2022 foram exportadas cerca de 73,2 mil toneladas, resultando em uma receita de US\$ 178,3 milhões (COMEXTAT, 2023). No Nordeste brasileiro, os estados de Pernambuco e Bahia são os principais produtores e exportadores de uvas de mesa com média de produtividade de 42,5 t/ha e 29,5 t/ha, respectivamente. Nos demais estados o cultivo da videira ainda é muito reduzido, embora o interesse pela cultura venha aumentando significativamente (IBGE, 2023).

O Submédio do Vale do São Francisco, localizado nos estados de Pernambuco e Bahia, é o principal produtor e exportador de uvas finas de mesa do país e, em 2022 sua produtividade foi de 35,7 t/ha. A uva gera mais de 3 bilhões de reais em valor da produção no Brasil, sendo que aproximadamente dois terços deste total, 2 bilhões de reais, foi originado no Vale do São Francisco e mantém sua trajetória de crescimento de área, saindo de 8,5 mil ha em 2013 para 11,1 mil ha em 2022, um aumento de 30,58% (IBGE, 2023; Oliveira *et al.*, 2023). Nesse cenário, o cultivo irrigado no semiárido tem se destacado pela antecipação de ciclos de produção de culturas influenciados por condições edafoclimáticas durante as fases fenológicas (Gambetta *et al.*, 2020), permitindo até duas safras e meia por ano (Perin *et al.*, 2023).

2.3 Recursos genéticos

Por muitos séculos, os humanos vêm utilizando os recursos do mundo vegetal e adaptando-os às suas necessidades. A diversidade resultante de plantas úteis é uma importante fonte de alimento para humanos e animais. Além da nutrição, as plantas fornecem matéria-prima para as indústrias química e farmacêutica e são fonte de energia renovável (Turzhigitova *et al.*, 2022). A troca global de germoplasma é facilitada pelo Tratado Internacional de Genética de Recursos Vegetais para Alimentação e Agricultura (ITPGRFA), que visa melhorar a conservação, troca e uso sustentável de recursos genéticos vegetais para alimentação e agricultura (Nybom; Lăcis, 2021).

Os bancos de germoplasma desempenham um papel importante na conservação da variabilidade dos recursos genéticos de plantas (Migicovsky *et al.*, 2019). No Brasil, existem inúmeros bancos de conservação de germoplasma, de diferentes espécies, mantidos, em geral, por instituições públicas de ensino e pesquisa.

Considerando-se a videira, o mais importante Banco de Germoplasma é mantido pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) em dois locais com condições climáticas distintas: Embrapa Uva e Vinho em Bento Gonçalves - RS e Embrapa Semiárido em Juazeiro - BA. A diversidade genética armazenada nessas coleções pode fornecer novos impulsos para pesquisa de melhoramento, por exemplo, introduzindo novos alelos em cultivares existentes, com caracteres de interesse agrônomo (Laura *et al.*, 2021).

Além da manutenção e regeneração, uma tarefa importante dos bancos de germoplasma é a caracterização morfoagronômica dos acessos (Emrul, 2018), o que permite a realização de estudos a respeito da diversidade genética das espécies.

2.4 Caracterização morfoagronômica e de qualidade de frutos

A caracterização morfoagronômica é aplicada em diversas finalidades, com ênfase em caracteres de interesse comercial, bem como caracterização

morfofenológica, visando a produtividade e, parâmetros de qualidade do fruto. Além disso, essa atividade pode ser utilizada para gerar informações sobre acessos conservados, no estudo da diversidade genética, distinguir uma característica importante e subsidiar programas de melhoramento genético fazendo a identificação de um ou vários genótipos desejáveis (Akram *et al.*, 2021; Moreira *et al.*, 2009). Essas características podem ser classificadas como caracteres quantitativos ou qualitativos, determinadas sob interação com o ambiente. As características quantitativas são controladas por vários genes e possuem maior influência ambiental na expressão do fenótipo, já as qualitativas são controladas por um ou poucos genes e não sofrem tanta influência ambiental (Last *et al.*, 2014).

2.4.1 Componentes de produção

O sucesso na produção de uvas em quantidade e qualidade superiores depende de vários fatores que estão associados desde o manejo até a colheita (Ferracioli Vedoato *et al.*, 2020). Dentre esses fatores, o número de gemas deixadas após a poda afeta diretamente o rendimento. Segundo Ćirković e Garić (2006) que analisaram o rendimento na cultivar Riesling Rhine com 20 a 30 gemas, no seu estudo o rendimento variou de 3,4 kg a 5,4 kg por videira. Porta-enxerto, condições climáticas, características genéticas inerentes a cultivar, idade da planta e o sistema de produção podem interferir no desenvolvimento vegetativo da videira. Assim, as condições ideais de temperatura, intensidade luminosa, associadas ao controle da umidade do solo e correta disponibilidade de nutrientes, influenciam na fertilidade de gemas (Oliveira *et al.*, 2023).

O índice de fertilidade de gemas é uma característica importante no melhoramento da videira. Para determinar o rendimento de uma cultivar, faz-se necessário conhecer a fertilidade de gemas que pode ser definida como a capacidade de se diferenciar de gemas vegetativas em gemas frutíferas e pode ser considerada uma medida quantitativa do potencial de uma planta para produzir frutos (Leão; Silva, 2003). Da Silva *et al.* (2018) analisando a cultivar 'Isabel Precoce', observaram alta fertilidade de suas gemas, com cerca de 2,0 cachos por broto.

O número de cachos, por sua vez, é consequência da fertilidade de gemas,

estando, portanto, altamente correlacionado com produção por planta ou produtividade. Essa característica depende de cada cultivar, mas em uma mesma cultivar pode ocorrer grandes variações de um ciclo para outro, onde o clima pode ter grande influência na fertilidade de gemas (Leão; Silva, 2003). A massa fresca de ramos e folhas é considerado um dos principais componentes de produção que avaliam o vigor das plantas. Altos valores de massa fresca de ramos e folhas tem sido associado a uma maior produção de fotoassimilados nos tecidos vegetais (Keller, 2015).

2.4.2 Características físicas

Características físicas presentes nos cachos e nas bagas, como peso, comprimento e largura dos cachos; peso, comprimento e diâmetro das bagas; e firmeza, são de grande importância para o melhoramento da videira, pois a qualidade de um produto alimentício é muito influenciada pela aparência externa (Khoje, 2018; Ozden; Deveci, 2023), além de ser um determinante no valor de mercado e na aceitação dos consumidores. As características relacionadas ao tamanho do cacho e uniformidade das bagas são importantes para a comercialização, pois cachos com peso médio de 300 g e com boa aparência externa são mais atrativos ao consumidor. Os mercados consumidores de uvas apresentam diferentes exigências com relação a características externas dos frutos. O mercado europeu é um pouco mais exigente que o norte-americano, já o mercado brasileiro apresenta mais flexibilidade (Tondato; Lima Filho; Tarsitano, 2009).

Durante a maturação, o fruto sofre mudanças notáveis na cor da casca, por exemplo, nas cultivares de uvas brancas em alguns casos passando de verde para verde amarelado e nas cultivares de uvas tintas de verde para rósea, avermelhada ou preta, como resultado de mudanças no conteúdo e composição de pigmentos individuais. A coloração do fruto é um dos principais parâmetros de qualidade, pois tem grande impacto na escolha pelo consumidor, devendo apresentar uniformidade e intensidade (İşçi; Kacar; Altındişli, 2020). As mudanças na cor da casca em uvas durante o amadurecimento estão relacionadas principalmente a modificação da concentração dos pigmentos nos tecidos superficiais (Agati *et al.*, 2005). Comumente, essas mudanças da cor

verde para rósea, avermelhada ou preta é modulada pelo acúmulo de antocianinas juntamente com a degradação da clorofila (Agati *et al.*, 2008; Hagen *et al.*, 2006).

A firmeza da uva também é considerada um importante atributo de qualidade, pois melhora as características sensoriais, aumenta a resistência ao transporte e previne o ataque de microrganismos (Brito *et al.*, 2019), sendo uma característica decisiva na aceitabilidade dos consumidores, especialmente para o consumo *in natura*. Por outro lado, a perda de firmeza ou amolecimento dos tecidos do pericarpo pode ocasionar um efeito reverso, de modo a influenciar negativamente não só na qualidade da fruta, mas também na sua vida útil, transportabilidade e resistência a doenças (Nelson, 1978; Wu; Ren; Hua, 1992).

À medida que as uvas amadurecem, ocorre a quebra da parede celular e perda de turgor que ocasiona no amaciamento dos frutos. Diversos fatores podem influenciar a integridade da firmeza, tais como o manejo, a cultivar, o estágio de maturação, pluviosidade e as práticas agrônômicas. Segundo Ribeiro *et al.* (2012), alguns elementos da textura, como a resistência das bagas à força de compressão, podem indicar a facilidade do desprendimento do pedicelo das uvas, situação desejável em uvas para processamento.

2.4.3 Características físico-químicas

Os ácidos orgânicos são constituintes que influenciam diretamente o equilíbrio do sabor, estabilidade química e pH das frutas. Os ácidos tartárico, cítrico e málico são os ácidos orgânicos mais abundantes encontrados nas uvas. Altos teores de ácido muitas vezes reduzem a qualidade da fruta, mas concentrações moderadas podem melhorar a palatabilidade da baga (Yang *et al.*, 2020). Durante o crescimento e maturação dos frutos a intensidade de síntese ou degradação desses compostos podem variar de acordo com as condições climáticas de cada região (Zeravik *et al.*, 2016). Ainda, essas variações podem ocorrer em função da cultivar. De acordo com Uyak *et al.* (2020), as quantidades de ácidos orgânicos variaram de 1362,06 $\mu\text{g g}^{-1}$ a 4269,90 $\mu\text{g g}^{-1}$ para o ácido tartárico em estudo com diferentes cultivares de uvas e de 1072,70 $\mu\text{g g}^{-1}$ a 2858,69 $\mu\text{g g}^{-1}$ para o ácido málico.

Os sólidos solúveis estão associados à doçura, principalmente ao sabor da

fruta (Shafique *et al.*, 2006). Altos teores de sólidos solúveis são provenientes da conversão de amido em açúcares solúveis, decomposição de açúcares complexos em açúcares simples, digestão da parede celular e redução de ácidos orgânicos (Cortés *et al.*, 2016; Khalil *et al.*, 2023). Segundo Ahmadi Soleimanie e Vafaei (2023), os teores de sólidos solúveis podem apresentar grande variação de acordo com a cultivar, com registros de 22,40% para o maior valor e 14,27% para o menor valor.

Os teores de sólidos solúveis (SS) e a acidez titulável (AT) são características de qualidade importantes para a comercialização de uvas de mesa, que determinam sua maturação plena e afetam na decisão de compra do consumidor (Arendse *et al.*, 2018). Consequentemente, o teor de SS e AT das uvas devem ser considerados durante o armazenamento. O teor de SS da fruta pode ser medido extraído o suco da polpa e mensurado por intermédio de um refratômetro (Fernández-Novales *et al.*, 2019), já a AT da fruta é determinada pelo método de titulação ácido-base (Sández *et al.*, 2019).

A relação entre sólidos solúveis e acidez titulável (SS/AT) expressa o sabor dos frutos. Os frutos com valor intermediários para esta característica são considerados mais palatáveis (Carvalho Júnior *et al.*, 2021). De acordo com Chitarra e Chitarra (2005), o equivalente entre ácidos orgânicos e açúcares pode ser usado como critério de avaliação do '*flavor*' (palavra designada para o conjunto de características relacionadas ao paladar e ao aroma da fruta), o *flavor* é um dos atributos mais importantes de qualidade dos frutos, e muitas vezes é o principal determinante da escolha de um determinado produto pelo consumidor. O SS/AT é um atributo importante, pois fornece informações precisas sobre o equilíbrio entre os dois componentes analisados, ou seja, sobre o sabor da fruta.

2.4.4 Características químicas e compostos bioativos

As uvas apresentam uma elevada fonte de compostos fenólicos, especificamente polifenóis que possuem excelentes propriedades antioxidantes (Ali *et al.*, 2010). Esses compostos são de grande interesse tanto para a saúde do consumidor, por reduzirem o risco de diversas doenças crônicas, quanto para a qualidade da matéria-prima e de seus produtos elaborados (Samoticha; Wojdyło; Golis, 2017). A qualidade dos compostos bioativos e a composição das

uvas são influenciadas por fatores intrínsecos relacionados a cada cultivar (Cunko *et al.*, 2014), como por fatores extrínsecos, tais com as condições agrícolas e ambientais (Zhang *et al.*, 2014). Características do solo, umidade e temperatura podem impactar diretamente no perfil nutricional e sensorial, incluindo compostos polifenólicos, substâncias aromáticas e açúcares (Mackenzie; Christy, 2005 ; Wang; Sun; Charg, 2015). Nos últimos anos, os compostos fenólicos ganharam interesse de outras indústrias por sua ampla gama de aplicações.

Os polifenóis são produzidos pelos metabólitos secundários de diversas plantas, como as videiras, e são classificados em dois grupos: flavonoides (flavanóis, flavonóis e antocianinas) e não flavonoides (ácidos fenólicos, estilbenos e taninos) (Garrido; Borges, 2013; Pandey; Rizvi, 2009; Williamson, 2017). Ambos contribuem para adstringência, cor, sabor, odor e estabilidade oxidativa das frutas. Ademais, atuam como um mecanismo de defesa contra ataques patogênicos em grandes concentrações e radiação UV, portanto, os polifenóis são amplamente encontrados no caule, folha, casca, semente e polpa nas uvas (Xia *et al.*, 2010). Os polifenóis podem reduzir o estresse oxidativo causado por espécies reativas de oxigênio (ROS) e os danos causados por espécies reativas de nitrogênio (RNS), encerrando a reação em cadeia ou reduzindo a atividade catalítica envolvida em suas respectivas gerações (Hussain *et al.*, 2016; Mao *et al.*, 2017). Este mecanismo pode ser aplicado na indústria alimentícia para proporcionar maior vida de prateleira e estabilidade. Para a saúde humana, demonstrou fornecer inúmeros benefícios de promoção da saúde, incluindo anti-inflamatório, antienvelhecimento e antimicrobiano (Baxter, 2008; Magrone *et al.*, 2019; Schagen *et al.*, 2012; Yadav *et al.*, 2015).

Os flavonoides possuem uma estrutura básica C6-C3-C6 e podem ser divididos em vários subgrupos de acordo com suas características estruturais. Esses subgrupos são antocianinas, flavanóis, flavonóis e flavanonóis. Os flavonoides podem ocorrer em várias formas modificadas, correspondendo a hidroxilação, metilação e principalmente glicosilação (Abad-García *et al.*, 2009). Os não flavonoides podem ser subdivididos em ácidos fenólicos e estilbenos. Os ácidos fenólicos são geralmente hidroxilados e podem ser divididos em dois grupos: ácidos hidroxibenzóicos e hidroxicinâmicos. Os principais compostos

fenólicos identificados nas uvas são: quercetina, quercetina 3-ramnósido, quercetina 3-glucósido, quercetina 3-galactósido, kaempferol, miricetina, catequina e epicatequina (flavonoides); ácido gálico, protocatequina, ácido vanílico, ácido caféico, ácido caftárico, ácido pt-resveratrol, t-piceid e ϵ -viniferina (estilbenos) (Fontana *et al.*, 2016; Piñeiro *et al.*, 2017).

As antocianinas pertencem ao grupo de flavonoides solúveis em água e são amplamente distribuídas em flores e frutos, na qual conferem pigmentação arroxeada, alaranjada, azulada e avermelhada (Khoo *et al.*, 2017; Mazza, 2018). Esses pigmentos estão localizados principalmente nos vacúolos das células da casca das uvas e são um dos critérios chaves para avaliação dos atributos de qualidade (Crupi *et al.*, 2021). As antocianinas mais comuns nas uvas são cianidina, delphinidina, malvidina, pelargonidina, peonidina e petunidina, e suas concentrações variam de acordo com a cultivar (Liang *et al.*, 2008; Paun; Botoran; Niculescu, 2022).

2.5 Diversidade genética na videira

Uma condição fundamental para a evolução biológica é a existência da diversidade genética. No passado, a natureza dióica das espécies de videira selvagem desempenhou um papel crucial na manutenção da heterozigose e, conseqüentemente, da diversidade genética. Isso também aumentou as chances de hibridação e o desenvolvimento de formas híbridas, especialmente em áreas onde espécies simpátricas coexistiam. As uvas também desempenharam um papel importante na conservação e no aumento da diversidade genética, pois quando as bagas amadureciam, elas eram consumidas por pássaros, que dispersavam suas sementes na natureza. Essas sementes podiam gerar indivíduos únicos e introduzir novos alelos nas populações por onde passavam (Walker *et al.*, 2019; Yue *et al.*, 2019).

A pesquisa sobre diversidade genética desempenha um papel crucial no aprimoramento das populações de plantas e na disponibilização de recursos valiosos de germoplasma para o desenvolvimento de novas variedades (Yue *et al.*, 2019). Estresses bióticos e abióticos causados por patógenos emergentes, pragas e mudanças climáticas têm impulsionado a busca por variedades mais

adaptadas. A diversidade genética adequada é fundamental para o desenvolvimento de culturas capazes de enfrentar esses desafios (Riaz *et al.*, 2018).

Os Bancos Ativos de Germoplasma, quando devidamente estabelecidos, representam ferramentas valiosas para a preservação e conservação da ampla diversidade e variabilidade genética presente na natureza. A importância da diversidade genética consiste na introdução de novos traços dentro do contexto genotípico já existente. A variabilidade genética é essencial, pois sem ela não há ganho com a seleção (Costa *et al.*, 2012; Brown *et al.*, 2014).

A análise da diversidade genética em bancos e coleções de germoplasma facilita a classificação dos acessos e a identificação de subconjuntos de acessos principais que podem ser úteis para objetivos específicos de melhoramento. O estudo da diversidade genética envolve a análise da variação entre indivíduos, grupos de indivíduos ou populações por meio de métodos específicos ou combinações de métodos. Os dados normalmente incluem medições numéricas e, em muitos casos, combinações de diferentes tipos de variáveis (Mohammadi; Prasanna, 2003).

A estimativa da diversidade genética de acessos, linhagens e populações na videira pode ser estudada por meio de várias técnicas estatísticas, como modelos mistos e análises multivariadas. Essas técnicas se baseiam em dados fenológicos (Gutierrez *et al.*, 2021), morfológicos (Abiri *et al.*, 2020), de desempenho agrônômico (Leão *et al.*, 2010), químicos (Yakchi *et al.*, 2022) e moleculares (Huerta-Acosta *et al.*, 2022). O método de Tocher, análise de componentes principais e os métodos de agrupamentos (Mahmoud *et al.*, 2023; Matsuo *et al.*, 2012; Sharmin *et al.*, 2021), são os mais utilizados em estudos de diversidade na videira. Recentemente, com o avanço da bioinformática, técnicas computacionais e técnicas matemáticas em análise biológica têm sido propostas na avaliação da diversidade genética (Da Costa *et al.*, 2022).

2.5.1 Medidas de dissimilaridade genética e técnicas de agrupamento

Uma das primeiras etapas em qualquer programa de melhoramento é a avaliação da diversidade genética existente na população a ser melhorada. Cyril *et al.* (2014) relataram que o sucesso de um programa de melhoramento

depende da variabilidade genética disponível, dos avanços genéticos e dos efeitos indiretos sobre o rendimento e seus atributos. A estimativa da diversidade genética pode ser realizada por meio de caracteres agronômicos, morfológicos, moleculares, entre outros (Amorim *et al.*, 2007). No entanto, é importante que os caracteres apropriados sejam selecionados. Entre as características que podem apoiar a avaliação da qualidade das uvas estão: aparência externa, sabor, textura, valor nutritivo, tamanho, peso e forma dos frutos.

Além da escolha adequada dos caracteres a serem avaliados, outra importante decisão a ser tomada diz respeito à eficiência da metodologia utilizada. De acordo com Borém e Miranda (2005) no estudo da diversidade genética não existem métodos únicos para se atingirem objetivos específicos. O melhorista deve, de forma crítica, avaliar cada situação e otimizar os recursos disponíveis para alcançar os objetivos dentro da melhor relação custo-benefício.

Os estudos de diversidade genética podem ser baseados em diversos métodos multivariados como variáveis canônicas, componentes principais, métodos de agrupamentos, além dos métodos de inteligência computacional. As análises de agrupamento visam reunir as observações em vários grupos, apresentando homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos formados. As metodologias baseadas em modelos de agrupamentos dependem, fundamentalmente, de medidas de dissimilaridade previamente estimadas, que incluem a distância euclidiana e a generalizada de Mahalanobis, além de algoritmos como o de Gower, dentre outras (Cruz *et al.*, 2011). A seguir, são citados alguns estudos de diversidade genética na cultura da videira, utilizando esses métodos multivariados.

Leão (2008) avaliou a diversidade genética na coleção do BAG de videira da Embrapa Semiárido, com base em características morfoagronômicas de variação contínua e discreta, utilizando técnicas multivariadas, incluindo análise de componentes principais, método de otimização de Tocher, UPGMA e projeção gráfica das distâncias. Conclui que, os resultados encontrados indicaram que essas técnicas foram eficientes na formação de grupos de genótipos mais semelhantes, tanto com base em suas características fenotípicas quanto em sua genealogia e origem.

Leão *et al.* (2011) analisaram a diversidade genética em 136 acessos de uvas de mesa do BAG da Embrapa Semiárido, com base em características

morfoagronômicas de variação contínua e discreta. A análise de agrupamento utilizando o método de Tocher resultou na formação de 30 grupos com descritores morfoagronômicos de variação contínua e 9 grupos, com base em características multicategóricas. Não houve concordância entre os grupos obtidos pela análise de descritores fenotípicos contínuos e discretos, independentemente do método de agrupamento utilizado. No entanto, foi identificada uma variabilidade genética satisfatória entre os acessos de uvas de mesa avaliados.

Leão e Motoike (2011) avaliaram a diversidade genética em 47 acessos de uvas de mesa do BAG de Videira da Embrapa Semiárido, utilizando 20 marcadores moleculares RAPD e sete marcadores microssatélites, e observaram as distâncias genéticas entre os pares de acessos com base no índice de similaridade de Jaccard para os marcadores RAPD e no complemento aritmético do índice ponderado para os dados de microssatélites. Os grupos foram formados utilizando a análise de agrupamento de Tocher e o método de agrupamento não ponderado (UPGMA). Concluíram que os marcadores microssatélites foram mais eficientes do que os RAPD na identificação das relações de parentesco. Além disso, destacaram que as informações de distância genética, baseadas em características moleculares e combinadas com o desempenho agrônomo das cultivares, possibilitaram a recomendação de parentais para cruzamentos, visando a obtenção de híbridos superiores nas populações segregantes do programa de melhoramento de videira da Embrapa Semiárido.

Batista *et al.* (2015) analisando a divergência genética entre 31 variedades de videira do BAG da Embrapa Semiárido, com base em características de qualidade e compostos bioativos presentes nos frutos, utilizando os métodos de agrupamento UPGMA e a análise de variáveis canônicas. Concluiu-se que a variabilidade genética para os teores de compostos fenólicos, especificamente taninos poliméricos, polifenóis extraíveis totais e antocianinas totais, entre as variedades de videira do BAG da Embrapa Semiárido, permitiu identificar genótipos divergentes com potencial para futuras ações de melhoramento, visando aprimorar as propriedades funcionais das uvas.

Abiri *et al.* (2020) avaliaram a diversidade genética em 55 cultivares de uva (*Vitis vinifera*) em uma coleção do Centro de Pesquisa Agrícola e de

Recursos Naturais no Irã, utilizando análise de agrupamento UPGMA para medir a dissimilaridade e similaridade entre das cultivares estudadas, com base em características morfológicas e pomológicas. Os dados observados revelaram elevada variabilidade morfológica dentro da coleção estudada de cultivares de videira, contribuindo para o processo de melhoramento genético da uva.

Outros trabalhos podem ser encontrados na literatura utilizando métodos multivariados para estudo da diversidade genética em manga (Kumar *et al.*, 2022), acerola (Nascimento *et al.*, 2024), goiaba (Sharma *et al.*, 2023), melão (Amorim *et al.*, 2022), melancia (Gao *et al.*, 2022), maçã (Velicevici *et al.*, 2021), citrus (Martasari *et al.*, 2023), pera (Bielsa *et al.*, 2021), ameixa (Sümbül *et al.*, 2023), entre outros.

A avaliação da performance relativa de centenas ou milhares de plantas geneticamente distintas só se tornou possível com o desenvolvimento de técnicas experimentais e de análises estatísticas, que permitem afirmar, com certo nível de confiança, que determinados indivíduos são superiores aos demais (Barros *et al.*, 2005). Nesse contexto, as redes neurais artificiais podem contribuir como uma nova técnica para o estudo da divergência genética em diversas espécies de plantas, e ser uma ferramenta útil para otimização dos recursos e auxiliar na escolha de genitores para obter cruzamentos promissores com maior precisão.

2.5.2 Redes Neurais Artificiais (RNAs)

Redes Neurais Artificiais (RNAs) são técnicas computacionais inspiradas em neurônios biológicos que adquirem conhecimento por meio da experiência. As principais vantagens das redes neurais artificiais são sua estrutura não linear, o que permite capturar características mais complexas de conjuntos de dados; não requerem informações detalhadas sobre os processos físicos do sistema a serem modelados; muito eficaz na classificação, previsão, reconhecimento de padrões e construção de clusters (Haykin, 2008; Haykin, 2009; Kavzoglu; Mather, 2003; Sudheer *et al.*, 2003).

Neste contexto, o uso das técnicas de bioinformática como uso das RNAs na agricultura, tem-se mostrado uma tecnologia promissora, com grande aplicação na análise de variáveis agrícolas (Carneiro *et al.*, 2022), como a

previsão de rendimento de culturas de arroz e cana-de-açúcar (Krupavath *et al.*, 2022), avaliação do estado fisiológico de cultivares de feijoeiro (Coelho *et al.*, 2022), dentre outros. No melhoramento genético, tem sido empregada em estudos de predição de valor genético (Silva *et al.*, 2014), avaliação de adaptabilidade e estabilidade (Barbosa *et al.*, 2023), análise de tecnologia de estufa no desenvolvimento de uma agricultura inteligente (Escamilla-García *et al.*, 2020) e diversidade genética, destacando-se o modelo de mapas auto-organizáveis de Kohonen, para o estudo da dissimilaridade genética entre cultivares (Sá *et al.*, 2022).

Diversos são os modelos de redes neurais para o melhoramento genético de plantas, destacando-se a rede de Kohonen, ou mapas auto-organizáveis (SOMs). A rede de Kohonen apresenta ampla vantagem sobre os métodos tradicionais quando utilizada no agrupamento de acessos e reconhecimentos de padrões (Viana; Rezende, 2014). Trata-se de uma rede de duas camadas que pode organizar um mapa topológico a partir de um início aleatório, que combina uma camada de entrada com uma camada competitiva de unidades processadoras e é treinada por um algoritmo de aprendizagem não supervisionada através da noção de vizinhança (função neighborhood) e usando a distância euclidiana (Haykin, 2001).

O processo de aprendizagem começa com a atribuição de pesos sinápticos e, em seguida, inicia um processo competitivo no qual cada amostra de dados é alocada ao neurônio que melhor o representa. Em seguida, inicia-se a cooperação, na qual o neurônio vencedor determina a aproximação de outros neurônios por ordem de proximidade. Por fim, os neurônios que estabelecem a vizinhança entram na fase de adaptação, onde são feitos os ajustes de peso. Após todas as interações, o mapa é organizado em uma topologia que reflete a proximidade dos elementos em estudo. As redes SOM podem assumir uma topologia hexagonal, onde cada neurônio possui até seis vizinhos diretos, ou uma topologia quadrática com até quatro vizinhos diretos. Ademais, são estabelecidos diferentes arranjos para definir o número de neurônios disponíveis no mapa. As redes são forçadas a representar dados de alta dimensão em uma representação de menor dimensão, de forma a preservar as propriedades topológicas dos dados de entrada, ao mesmo tempo em que transforma os dados em um espaço topológico onde as localizações dos neurônios são representadas

por características estatísticas intrínsecas que fazem parte da natureza inerentemente não linear das redes SOM (Rosenblatt, 1958; Santos *et al.*, 2019; Usama *et al.*, 2019).

As redes SOM têm sido amplamente utilizadas no melhoramento genético de plantas, especialmente em estudos de diversidade genética. Abaixo são citados alguns exemplos da eficiência da aplicabilidade das redes do tipo Mapas auto-organizáveis de Kohonen no melhoramento de espécies vegetais.

Mancuso (2001) utilizou a rede SOM para agrupar 20 variedades de uvas de vinho com base em imagens das folhas dessas variedades e as converteu em variáveis contínuas, concluindo que as redes SOM podem agrupar de forma eficaz e, assim, elucidar complexas relações entre os dados ampelográficos que não poderiam ser detectadas por meio de métodos morfológicos tradicionais.

Da Costa *et al.* (2022) utilizaram o SOM para organizar a diversidade genética de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merr.] lançadas no Brasil no período de 1998 a 2017 e, além disso, comparar a similaridade entre os mantenedores dessas cultivares com base nas informações fenotípicas. Concluiu-se que a base genética de cultivares de soja lançadas no Brasil, entre 1998 e 2017 é ampla e, mostrou a eficiência da aplicabilidade do SOM na estimativa da diversidade genética.

Oliveira *et al.* (2020) utilizaram o SOM para mapear os efeitos de deriva genética, migração, seleção e consanguinidade ao longo de gerações por meio das frequências alélicas e genotípicas, inferindo-se que a rede SOM é eficiente para capturar padrões de diversidade genética populacional afetados por processos que reduzem a variabilidade, como deriva, endogamia e seleção, e a processos que aumentam a variabilidade genética, como a migração.

Barbosa *et al.* (2011) avaliaram a viabilidade do SOM na estimativa da diversidade genética em acessos de mamão, implementando uma rede neural artificial, conforme modelo proposto por Kohonen (1982), na tentativa de propor uma classificação e a formação de grupos divergentes dos acessos, com base no uso de um banco de dados de caracteres de interesse agrônômico. Concluiu-se que a técnica de rede neural artificial é viável para classificação dos acessos, na qual foi observada a presença de diversidade genética significativa entre os acessos.

Campos *et al.* (2016) avaliaram a formação de grupos heteróticos na

cultura da goiabeira com base em descritores quantitativos e utilizando uma rede neural artificial do tipo SOM. Foram formados três grupos, onde a consistência do agrupamento foi determinada por análise discriminante linear, que obteve um percentual de classificação dos grupos de 86%, concluindo-se que a metodologia de redes neurais artificiais se mostrou eficiente na detecção de divergência genética e formação de grupos heteróticos.

Outros trabalhos podem ser encontrados na literatura utilizando as redes SOM para estudos de diversidade genética em seringueira (Sant'Anna *et al.*, 2021), tomateiro anão (De Oliveira *et al.*, 2021), soja (Sá *et al.*, 2022), sorgo (Silva *et al.*, 2021), abóbora (Gomes *et al.*, 2023), alfafa (Dos Santos *et al.*, 2020), pimenta e pimentão (Rosado *et al.*, 2021), arroz (Santos *et al.*, 2019), estudo de populações (Da Silva Oliveira; Santos; Cruz, 2022), entre outros.

2.6 Aplicação de modelos mistos no melhoramento genético da videira

A estimativa de componentes de variância e a previsão de valores genéticos são procedimentos fundamentais em programas de melhoramento genético. Atualmente, o melhor procedimento para estimar parâmetros genéticos e para a realização da seleção em diversas espécies é o REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita/Melhor Predição Linear não Viesada), também conhecido como abordagem de modelo misto. Este é um procedimento que permite a análise de dados desbalanceados, situação comum em espécies perenes como a videira, por causa do número diferente de plantas avaliadas, diferenças na idade das plantas dentro do mesmo ciclo de produção avaliado, entre outros. Ainda, sem a necessidade de delineamento experimental. O método REML/BLUP permite estimativas e previsões mais precisas de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente (Resende, 2016).

Metodologias de modelos mistos são utilizadas como procedimento para aumentar a precisão na estimativa da variabilidade genética, envolvendo a estimativa de componentes de variância através de modelos de máxima verossimilhança restrita (REML) e a previsão de valores genotípicos através da melhor predição linear imparcial (BLUP), obtendo assim estimativas mais

precisas para o estudo de diversidade genética (Resende 2007; Alves e Resende 2008). De acordo com Resende (2007), o uso de ferramentas de avaliação genética, baseadas em modelos mistos como o REML/BLUP, tendem a maximizar os ganhos genéticos obtidos, uma vez que são procedimentos de estimação utilizados para analisar tanto dados balanceados como desbalanceados, predizendo os valores genéticos de indivíduos.

A aplicação de modelos mistos nos programas de melhoramento genético de plantas pode ser realizada em plantas autógamas, alógamas, mistas e de propagação vegetativa. Contempla vários projetos experimentais, vários tipos de acasalamento, interação genótipo x ambiente, experimentos repetidos em um único local, experimentos repetidos em vários locais, medidas repetidas, progênies pertencentes a uma única população, progênies pertencentes a várias populações, autocorrelação espacial e análise de resíduos, seleção pela distribuição do máximo e com base no conceito de média harmônica, análise multivariada, seleção genômica ampla, índice de seleção, entre outros (Resende, 2016).

A aplicação do REML/BLUP no melhoramento de plantas ajusta os efeitos, apresenta parâmetros de componentes de variância, valores genéticos aditivos, valores genéticos de dominância, valores genotípicos individuais, ganho genético de seleção, tamanho efetivo da população e outros parâmetros de interesse. Estatisticamente, também é interessante, pois permite testar a significância dos efeitos através de testes de razão de verossimilhança e análises de desvio. Também aborda variáveis contínuas (modelos lineares) e variáveis categóricas (modelos lineares generalizados) (Resende, 2016). A seguir estão alguns exemplos da eficiência da aplicação de modelos mistos no melhoramento de espécies vegetais em estudos de diversidade genética, estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos, estimativa dos coeficientes de repetibilidade e seleção de genótipos, estudos sobre controle genético de resistência a doenças.

Carvalho *et al.* (2020), estudaram a diversidade genética e a estrutura de quatro populações naturais de *Euterpe edulis*, na qual as populações foram avaliadas por meio de marcadores microsatélites e seis caracteres

morfológicos de frutos, analisados com e sem o método REML/BLUP. Como resultados, inferiram que os dados moleculares e morfológicos indicaram alta diversidade genética nas populações de *E. edulis*, e que a análise REML/BLUP aumentou a precisão das estimativas de diversidade genética baseadas na morfologia, contribuindo para aprimorar as estratégias de melhoramento para a qualidade dos frutos e conservação genética da espécie.

Carvalho *et al.* (2017), estimaram os componentes de variância e parâmetros genéticos (REML/BLUP) de um dialelo intervarietal para selecionar e prever os melhores genótipos para os componentes da produção do milho. Os resultados encontrados revelaram que foi possível compreender as proporções genéticas aditivas e parâmetros essenciais para o melhoramento do milho, e, também, determinar quais abordagens quanto à capacidade de combinação podem ser realizadas para obter híbridos intervarietais com componentes de rendimento superiores. Infere que os programas de melhoramento intervarietal de milho e estudos genéticos quantitativos que usam modelos mistos para predição de genótipos.

Costa *et al.* (2023), estimaram os coeficientes de repetibilidade e selecionaram genótipos de manga com características agronômicas e comerciais desejáveis, utilizando a metodologia de modelo misto. Como resultados, inferiram que as estimativas do coeficiente de repetibilidade para a maioria das variáveis mostraram alto controle genético e alta estabilidade geral na avaliação das características ao longo de ciclos sucessivos. A acurácia preditiva da seleção para onze variáveis avaliadas em genótipos de manga revelou significativo grau de certeza nas inferências, acurácia e ganhos de seleção. Dos duzentos e noventa e dois genótipos avaliados no estudo, doze apresentaram maiores ganhos e médias para todas as características avaliadas, na qual foram escolhidas devido à seleção avançada, adaptabilidade e estabilidade e são promissoras para possível lançamento como novas cultivares.

De Carvalho *et al.* (2023), utilizaram REML/BLUP para estimar os coeficientes de repetibilidade, número ótimo de colheitas e ganhos genéticos, seleção de híbridos superiores de uva de mesa para o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições do semiárido brasileiro. Os resultados

encontrados pelos referidos autores revelaram que os híbridos de uva apresentam grande variabilidade genética para todas as características analisadas, o que permitiu a seleção de genótipos superiores para o avanço do melhoramento genético. As estimativas do coeficiente de repetibilidade mostraram um elevado controle genético e uma elevada estabilidade global ao longo de épocas sucessivas. Quatro colheitas foram suficientes para avaliar os híbridos, pois corresponderam precisão seletiva maior ou igual a 70% para todas as características. A seleção genotípica permitiu altos ganhos genéticos para as características e cinquenta híbridos foram selecionados, pois atenderam aos requisitos mínimos para o mercado de uva de mesa.

Arriel *et al.* (2016), estudaram o controle genético da seca da mangueira por meio da utilização de modelos mistos. Com os resultados obtidos os autores revelaram que a resistência em mangueira é poligênica com predomínio de genes expressando os efeitos de dominância e epistasia. Contudo, demonstraram que a aplicação do REML/BLUP no estudo do controle genético da resistência a doenças é eficiente. Diante o exposto, fica claro a eficiência da metodologia dos modelos mistos no melhoramento genético de plantas.

REFERÊNCIAS

- Abad-García, B., Berrueta, L. A., Garmón-Lobato, S., Gallo, B., Vicente, F. A general analytical strategy for the characterization of phenolic compounds in fruit juices by high-performance liquid chromatography with diode array detection coupled to electrospray ionization and triple quadrupole mass spectrometry. **Journal of Chromatography**, 1216, 5398-5415, 2009.
- Abdipour, M., Younessi-Hmazekhanlu, M., Ramazani, S. H. R. Artificial neural networks and multiple linear regression as potential methods for modeling seed yield of safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Industrial crops and products**, 127, 185-194, 2019.
- Abiri, K., Rezaei, M., Tahanian, H., Heidari, P., Khadivi, A. Morphological and pomological variability of a grape (*Vitis vinifera* L.) germplasm collection. **Scientia Horticulturae**, 266, 109285, 2020.
- Abraham, E. R., Mendes dos Reis, J. G., Vendrametto, O., Oliveira Costa Neto, P. L. D., Carlo Toloi, R., Souza, A. E. D., Oliveira Morais, M. D. Time series prediction with artificial neural networks: An analysis using Brazilian soybean production. **Agriculture**, 10, 475, 2020.
- Agati, G., Pinelli, P., Cortés Ebner, S., Romani, A., Cartelat, A., Cerovic, Z. G. Nondestructive evaluation of anthocyanins in olive (*Olea europaea*) fruits by in situ chlorophyll fluorescence spectroscopy. **Journal of agricultural and food chemistry**, 53, 1354-1363, 2005.
- Agati, G., Traversi, M. L., & Cerovic, Z. G. Chlorophyll fluorescence imaging for the noninvasive assessment of anthocyanins in whole grape (*Vitis vinifera* L.) bunches. **Photochemistry and Photobiology**, 84, 1431-1434, 2008.
- Ahmadi Soleimanie, S., Vafaee, Y. Storability and postharvest quality of five Iranian grape cultivars during cold storage. **Plant Physiology Reports**, 1-12, 2023.
- Akram, M. T., Qadri, R., Khan, M. A., Hafiz, I. A., Nisar, N., Khan, M. M., Hussain, K. Morpho-phenological characterization of grape (*Vitis vinifera* L.) germplasm grown in northern zones of Punjab, Pakistan. **Pakistan Journal of Agricultural Sciences**, 58, 2021.
- Ali, K., Maltese, F., Choi, Y. H., Verpoorte, R. Metabolic constituents of grapevine and grape-derived products. **Phytochemistry Reviews**, 9, 357-378, 2010.
- Alves, R. M., Resende, M. D. V. Genetic evaluation of individuals and progenies of *Theobroma grandiflorum* in the state of Pará and estimates of genetic parameters. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 30, 696-701, 2008.
- Amorim, C. C. D., Silva, F. D. D., Bordallo, P. D. N., Aragão, F. A. S. D., Queiróz, M. A. D. Genetic divergence between sub-accessions of the melon using molecular markers. **Revista Ciência Agronômica**, 53, e20218007, 2022.

Amorim, E. P., Ramos, N. P., Ungaro, M. R. G., Kiihl, T. A. M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, 31, 1637- 1644, 2007.

Anuário Brasileiro de Horti e Fruit 2022/ Benno Bernardo Kist... [et al.]. – Santa Cruz do Sul: **Editora Gazeta** Santa Cruz, 90 p, 2022.

Arendse, E., Fawole, O. A., Magwaza, L. S., Opara, U. L. Non-destructive prediction of internal and external quality attributes of fruit with thick rind: A review. **Journal of Food Engineering**, 217, 11-23, 2018.

Arriel, D. A. A., Da Silva Guimarães, L. M., De Resende, M. D. V., Neto, F. P. L., Silva, D. F. S. H. S., De Siqueira, D. L., Alfenas, A. C. Genetic control of resistance on *Mangifera indica* to *Ceratocystis* wilt. **Scientia Horticulturae**, 211, 312-318, 2016.

Barbosa, C. D., Viana, A. P., Quintal, S. S. R., Pereira, M. G. Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 11, 224-231, 2011.

Barbosa, W. F., Hashimoto, T. D. P., Matsuo, E., Nascimento, A. C. C., Azevedo, C. F., Bezerra, A. R. G., Nascimento, M. Redes neurais artificiais baseadas em modelo segmentado para avaliação de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Australian Journal of Crop Science**, 17, 735-740, 2023.

Barros, A. **Cruzamento dialélico entre genótipos de melão**. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semiárido. Mossoró, p. 75, 2005.

Baxter, R. A. Anti-aging properties of resveratrol: review and report of a potent new antioxidant skin care formulation. **Journal of cosmetic dermatology**, 7, 2-7, 2008.

Bielsa, F. J., Irisarri, P., Errea, P., Pina, A. Genetic diversity and structure of local pear cultivars from mountainous areas from Aragon (Northeastern Spain). **Agronomy**, 11, 1778, 2021.

Borém, A., Miranda, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005.

Brito, A. L. D., Bonfim, W. M. D., Andrade, E. R. D., Lima, M. A. C. D. Quality and antioxidant potential of 'BRS clara' and 'Arizul' grapes influenced by rootstocks in a tropical region. **Ciência e Agrotecnologia**, 43, 2019.

Brown, J., Caligari, P., Campos, H. **Plant breeding**. Wiley-Blackwell, West Sussex, 296p, 2014.

Caliskan, O., Kurt, D., Camas, N., Odabas, M. S. Estimating Chlorophyll Concentration Index in Sugar Beet Leaves Using an Artificial Neural Network. **Polish Journal of Environmental Studies**, 29, 2020.

Campos, B., Viana, A. P., Quintal, S. S. R., Barbosa, C. D., Daher, R. F. Heterotic group formation in *Psidium guajava* L. by artificial neural network and discriminant analysis. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 38, 151-157, 2016.

Carneiro, F. M., Oliveira, M. F., Almeida, S. L. H., Brito Filho, A. L., Furlani, C. E. A., Rolim, G. S., Ferraudo, A. S., Silva, R. P. Biophysical characteristics of soybean estimated by remote sensing associated with artificial intelligence. **Bioscience Journal**, 38, 1981-3163, 2022.

Carvalho, I. R., De Pelegrin, A. J., Szareski, V. J., Ferrari, M., da Rosa, T. C., Martins, T. S., da Maia, L. C. Diallel and prediction (REML/BLUP) for yield components in intervarietal maize hybrids. **Genetics and Molecular Research**, 16, 2017.

Carvalho Júnior, J. E. V. D., Matos Filho, C. H. A., Gomes, R. L. F., Lopes, Â. C. D. A., Lima, M. A. C. D., Lima Neto, F. P. Genetic diversity among mango hybrids in the Brazilian Semiarid Region. **Revista Caatinga**, 34, 709-719, 2021.

Carvalho, M. S., Ferreira, M. F. D. S., Oliveira, W. B. D. S., Marçal, T. D. S., Guilhen, J. H. S., Mengarda, L. H. G., Ferreira, A. Genetic diversity and population structure of *Euterpe edulis* by REML/BLUP analysis of fruit morphology and microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 20, 2020.

Ćirković, B., Garić, M. Yield and Quality of White Wine Cultivars Rhine Riesling B-21, Riesling Italian and Zupljanka in the Vine District of Rasina. **Journal Agriculture Scientia**, 51, 39-45, 2006.

Coelho, A. P., Faria, R. T. D., Lemos, L. B., Rosalen, D. L., Dalri, A. B. Yield predict and physiological state evaluation of irrigated common bean cultivars with contrasting growth habits by learning algorithms using spectral indices. **Geocarto International**, 37, 15212-15234, 2022.

COMEXSTAT. **Sistema para consultas e extração de dados do comércio exterior brasileiro**. Brasília: Ministério da Economia, 2023. Disponível em: <http://comexstat.mdic.gov.br/pt/home> Acesso em: 5 jan. 2024.

Cortés, C., Ortiz, C., Aleixos, N., Blasco, J., Cubero, S., Talens, P. A new internal quality index for mango and its prediction by external visible and near-infrared reflection spectroscopy. **Postharvest Biology and Technology**, 118, 148-158, 2016.

Costa, A. M., Spehar, C. R., Sereno, J. R. **Conservação de recursos genéticos no Brasil**. Embrapa, Brasília, 628p, 2012.

Costa, C. D. S. R., Costa, A. E. D. S., Neto, F. P. L., de Lima, M. A. C., Martins, L. S. S., Musser, R. D. S. Repeatability coefficient for fruit quality and selection of mango hybrids using REML/BLUP analysis. **Euphytica**, 219, 120, 2023.

Crupi, P., Palattella, D., Corbo, F., Clodoveo, M. L., Masi, G., Caputo, A. R.,

Tarricone, L. Effect of pre-harvest inactivated yeast treatment on the anthocyanin content and quality of table grapes. **Food Chemistry**, 337, 128006, 2021.

Cruz, C. D., Ferreira, F. M., Pessoni, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG. Suprema, p. 620, 2011.

Ćurko, N., Ganić, K. K., Gracin, L., Đapić, M., Jourdes, M., Teissedre, P. L. Characterization of seed and skin polyphenolic extracts of two red grape cultivars grown in Croatia and their sensory perception in a wine model medium. **Food chemistry**, 145, 15-22, 2014.

Cyril, N. C., Ayinde, D. L., Olatunji, O. Genetic variability and heritability of vegetative, fruit and seed yield traits in fluted pumpkin (*Telfairia occidentalis* Hook F). **African journal of Biotechnology**, 13, 32, 2014.

Dallakyan, M., Esoyan, S., Gasparyan, B., Smith, A., Hovhannisyan, N. Genetic diversity and traditional uses of aboriginal grape (*Vitis vinifera* L.) varieties from the main viticultural regions of Armenia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 67, 999-1024, 2020.

Da Costa, W. G., Valadares, C. B., da Silva Júnior, A. C., Arcanjo, E. S., de Almeida, H. C. F., Cruz, C. D., Nascimento, A. C. C. Genetic diversity and interaction between the maintainers of commercial soybean cultivars using self-organizing maps. **Crop Science**, 62, 2233-2245, 2022.

Da Silva, M. J. R., Paiva, A. P. M., Junior, A. P., Sánchez, C. A. P. C., Callili, D., Moura, M. F., Leonel, S., Tecchio, M. A. Yield performance of new juice grape varieties grafted onto different rootstocks under tropical conditions. **Scientia Horticulturae**, 241, 194-200, 2018.

Da Silva Oliveira, M., dos Santos, I. G., Cruz, C. D. Self-organizing maps: a powerful tool for capturing genetic diversity patterns of populations. **Euphytica**, 216, 1- 9, 2020.

Da Silva Oliveira, M., Santos, I. G., Cruz, C. D. self-organizing maps as tools for understanding the genetic variability of populations. **AMBCIÊNCIAS-Revista Brasileira de Tecnologia, Educação e Ciências Ambientais**, 1, 16-16, 2022.

De Carvalho, J. N., Pio, R., de Carvalho, P. A., Barbosa, M. A. G., de Souza Leão, P. C. Estimates of genetic parameters and the selection of table grape hybrids in semiarid regions of Brazil. **Euphytica**, 219, 35, 2023.

De Lorenzis, G., Chipashvili, R., Failla, O., Maghradze, D. Study of genetic variability in *Vitis vinifera* L. germplasm by high-throughput Vitis18kSNP array: the case of Georgian genetic resources. **BMC plant biology**, 15, 1-14, 2015.

De Oliveira, C. S., Maciel, G. M., Siquieroli, A. C. S., Gomes, D. A., Diniz, N. M., Luz, J. M. Q., & Yada, R. Y. Artificial neural networks and genetic dissimilarity among saladette type dwarf tomato plant populations. **Food Chemistry**:

Molecular Sciences, 3, 100056, 2021.

Deu, M., Sagnard, F., Chantereau, J., Calatayud, C., Herault, D., Mariac, C., Bezançon, G. Niger-wide assessment of in situ sorghum genetic diversity with microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics**, 116, 903-913, 2008.

Dos Santos, I. G., Rocha, J. R. D. A. S. D. C., Vigna, B. B. Z., Cruz, C. D., Ferreira, R. D. P., Basigalup, D. H., Marchini, R. M. S. Exploring the diversity of alfalfa within Brazil for tropical production. **Euphytica**, 216, 1-15, 2020.

Emrul, K. Morphological and molecular characterization of watermelon genotypes using RAPD markers. **Fundamental and Applied Agriculture**, 3, 573-578, 2018.

Escamilla-García, A., Soto-Zarazúa, G. M., Toledano-Ayala, M., Rivas-Araiza, E., Gastélum-Barrios, A. Applications of artificial neural networks in greenhouse technology and overview for smart agriculture development. **Applied Sciences**, 10, 3835, 2020.

FAOSTAT - **Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database**. Crops statistics: data about production quantities of grapes in 2021, 2023. Disponível em < <http://www.Fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>>. Acesso em julho 2023.

Fernández-Navales, J., Garde-Cerdán, T., Tardáguila, J., Gutiérrez-Gamboa, G., Pérez-Álvarez, E. P., Diago, M. P. Assessment of amino acids and total soluble solids in intact grape berries using contactless Vis and NIR spectroscopy during ripening. **Talanta**, 199, 244-253, 2019.

Ferracioli Vedoato, B. T., Domingues Neto, F. J., Pimentel Junior, A., Paiva, A. P. M., Rodrigues da Silva, M. J., Fernandes Moura, M., Tecchio, M. A. Production, physicochemical quality and antioxidant capacity of niagara rosada grape grafted on different rootstocks. **Bioscience Journal**, 36, 2020.

Fontana, A. R., Antonioli, A., Bottini, R. Development of a high-performance liquid chromatography method based on a core-shell column approach for the rapid determination of multiclass polyphenols in grape pomaces. **Food Chemistry**, 192, 1-8, 2016.

Gambetta, G. A., Herrera, J. C., Dayer, S., Feng, Q., Hochberg, U., Castellarin, S. D. The physiology of drought stress in grapevine: towards an integrative definition of drought tolerance. **Journal of experimental botany**, 71, 4658-4676, 2020.

Gao, N. N., Li, X. H., Kang, L. Y., Liang, S., Chang, G. Z., Li, H. L., Zhao, W. X. Genetic diversity analysis of germplasm resources of small-sized watermelon. **Southwest China Journal of Agricultural Sciences**, 1895-1902, 2022.

García-Martínez, H., Flores-Magdaleno, H., Ascencio-Hernández, R., Khalil-Gardezi, A., Tijerina-Chávez, L., Mancilla-Villa, O. R., Vázquez-Peña, M. A. Corn grain yield estimation from vegetation indices, canopy cover, plant density, and a

neural network using multispectral and RGB images acquired with unmanned aerial vehicles. **Agriculture**, 10, 277, 2020.

Garrido, J., Borges, F. Wine and grape polyphenols—A chemical perspective. **Food research international**, 54, 1844-1858, 2013.

Ghazvinei, P. T., Hassanpour Darvishi, H., Mosavi, A., Yusof, K. B. W., Alizamir, M., Shamshirband, S., & Chau, K. W. Sugarcane growth prediction based on meteorological parameters using extreme learning machine and artificial neural network. **Engineering Applications of Computational Fluid Mechanics**, 12, 738- 749, 2018.

Gomes, R. S., Júnior, R. M., de Almeida, C. F., de Oliveira, R. L., Nascimento, M., Nardino, M., da Silva, D. J. H. Artificial neural networks optimize the establishment of a Brazilian germplasm core collection of winter squash (*Cucurbita moschata* D.), **Researchs Square**, 2023.

Gutierrez, B., Schwaninger, H., Meakem, V., Londo, J., Zhong, G. Y. Phenological diversity in wild and hybrid grapes (*Vitis*) from the USDA-ARS cold-hardy grape collection. **Scientific Reports**, 11, 24292, 2021.

Hagen, S. F., Solhaug, K. A., Bengtsson, G. B., Borge, G. I. A., Bilger, W. Chlorophyll fluorescence as a tool for non-destructive estimation of anthocyanins and total flavonoids in apples. **Postharvest Biology and Technology**, 41, 156-163, 2006.

Haykin, S. **Neural Networks and Learning Machines**. 3rd ed. Pearson – Prentice Hall, Hamilton, p. 938, 2008.

Haykin, S. **Neural networks and learning machines**. 3 ed. Prentice Hall, 906p, 2009.

Haykin, S. **Redes neurais: princípios e prática**. Bookman. Porto Alegre. RS. p. 900, 2001.

Huerta-Acosta, K. G., Riaz, S., Franco-Mora, O., Cruz-Castillo, J. G., Walker, M. A. The genetic diversity of wild grapes in Mexico. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 69, 1329-1347, 2022.

Hussain, T., Tan, B., Yin, Y., Blachier, F., Tossou, M. C., Rahu, N. Oxidative stress and inflammation: what polyphenols can do for us?. **Oxidative medicine and cellular longevity**, 2016.

IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola, 2023. Disponível em <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado>>. Acesso em 5 jan 2024.

IOV - **International Organization of Vine and Wine**. Recueil des méthodes internationales d'analyse des vins et des moûts. Paris: Office international de la vigne et du vin. 368 p, 2022.

İşçi, B., Kacar, E., Altındışli, A. The effects of some exogenous applications on quality in 'Crimson Seedless' grape. **Erwerbs-Obstbau**, 62, 87-100, 2020.

Kavzoglu, T., Mather P. M. The use of backpropagation artificial neural networks in land cover classification. **International Journal of Remote Sensing, Germany**, 24, 4907-4938, 2003.

Keller, M. **The science of grapevines: anatomy and physiology**. 2 nd ed., Academic press, San Diego, 509p, 2015.

Keskin, N., Bilir Ekbiç, H., Kaya, O., Keskin, S. Antioxidant activity and biochemical compounds of *Vitis vinifera* L.(cv.'Katıkara') and *Vitis labrusca* L.(cv.'Isabella') grown in Black Sea Coast of Turkey. **Erwerbs-obstbau**, 63, 115-122, 2021.

Khaki, S., Wang, L., Archontoulis, S. V. A cnn-rnn framework for crop yield prediction. **Frontiers in Plant Science**, 10, 1750, 2020.

Khalil, U., Rajwana, I. A., Razzaq, K., Farooq, U., Saleem, B. A., Brecht, J. K. Quality attributes and biochemical changes in white and colored table grapes as influenced by harvest maturity and ambient postharvest storage. **South African Journal of Botany**, 154, 273-281, 2023.

Khoje, S. Appearance and characterization of fruit image textures for quality sorting using wavelet transform and genetic algorithms. **Journal of texture studies**, 49, 65-83, 2018.

Khoo, H. E., Azlan, A., Tang, S. T., Lim, S. M. Anthocyanidins and anthocyanins: Colored pigments as food, pharmaceutical ingredients, and the potential health benefits. **Food & nutrition research**, 61, 1361779, 2017.

Kohonen, T. Self-organized formation of topologically correct feature maps. **Biological Cybernetics**, 43, 59-69, 1982.

Krupavath, K., Raghu B. M., Mani, A. Comparative Evaluation of Neural Networks in Crop Yield Prediction of Paddy and Sugarcane Crop. **The Digital Agricultural Revolution: Innovations and Challenges in Agriculture through Technology Disruptions**, 25-55, 2022.

Kumar, S., Kaushik, R. A., Jain, D., Saini, V. P., Babu, S. R., Choudhary, R., Ercisli, S. Genetic diversity among local mango (*Mangifera indica* L.) germplasm using morphological, biochemical and chloroplast DNA barcodes analyses. **Molecular Biology Reports**, 49, 3491-3501, 2022.

Kupe, M., Sayıncı, B., Demir, B., Ercisli, S., Baron, M., Sochor, J. Morphological characteristics of grapevine cultivars and closed contour analysis with elliptic fourier descriptors. **Plants**, 10, 1350, 2021.

Laura, S. B., Madoșă, E., Giancarla, V., Adriana, C., Ciulca, S. Studies on the

variability of bunches in local vine genotypes. **Journal of Horticulture, Forestry and Biotechnology**, 25, 20-25, 2021.

Leão, P. C. S., Borges, R. M. E. **Melhoramento genético da videira**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 61 p. il. (Embrapa Semiárido. Documentos, 224), 2009.

Leão, P. C. D. S., Cruz, C. D., Motoike, S. Y. Genetic diversity of a Brazilian wine grape germplasm collection based on morphoagronomic traits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 32, 1164-1172, 2010.

Leão, P. C. S., Cruz, C. D., Motoike, S. Y. Genetic diversity of table grape based on morphoagronomic traits. **Scientia Agricola**, 68, 42-49, 2011.

Leão, P. C. S., Possídio, E. L. de. Histórico da videira. In: Leão, P. C. S., Soares, J. M. (Ed.). **A viticultura no Semiárido brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 1, 13-17, 2000.

Leão, P. C. S. **Recursos Genéticos de Videira (*Vitis* spp.): análise da diversidade e caracterização da coleção de germoplasma da Embrapa Semiárido**. Tese de Doutorado, 126f. Universidade Federal de Viçosa. Genética e Melhoramento de Plantas, Viçosa-MG, 2008.

Leão, P. C. D. S., Silva, E. E. G. D. Brotação e fertilidade de gemas em uvas sem sementes no Vale do São Francisco. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 25, 375- 378, 2003.

Liang, Z., Wu, B., Fan, P., Yang, C., Duan, W., Zheng, X., Li, S. Anthocyanin composition and content in grape berry skin in *Vitis* germplasm. **Food Chemistry**, 111, 837-844, 2008.

Lu, L. M., Ickert-bond, S., Wen, J. Recent advances in systematics and evolution of grape family Vitaceae. **Journal of Systematics and Evolution**, 56, 259–261, 2018.

Mackenzie, D. E., Christy, A. G. The role of soil chemistry in wine grape quality and sustainable soil management in vineyards. **Water Science and Technology**, 51, 27-37, 2005.

Magrone, T., Magrone, M., Russo, M. A., Jirillo, E. Recent advances on the anti-inflammatory and antioxidant properties of red grape polyphenols: in vitro and in vivo studies. **Antioxidants**, 9, 35, 2019.

Mahmoud, R. A., Dahab, A. A., Mahmoud, G. A., Abd El, M. A. E. A., El-Bassel, E. H., Mahdy, E. M. B. Avaliação ampelográfica e da diversidade genética de alguns genótipos locais de uva sob condições egípcias. **American Journal of Molecular Biology**, 13, 183-196, 2023.

Mancuso, S. Clustering of grapevine (*Vitis vinifera* L.) genotypes with Kohonen neural networks. **Vitis-Geilweilerhof**, 40, 59-64, 2001.

Mao, X., Gu, C., Chen, D., Yu, B., He, J. Oxidative stress-induced diseases and tea polyphenols. **Oncotarget**, 8, 81649, 2017.

Martasari, C., Yulianti, F., Widyaningsih, S., Budiayati, E., Hardiyanto, H., Budiarto, K., Yusuf, H. M. Genetic Diversity Assessment of Citrus Accessions Grown in Indonesia Using Molecular Markers. **AGRIVITA Journal of Agricultural Science**, 45, 419-429, 2023.

Matsuo, É., Sedyama, T., de L Oliveira, R. D. A., Cruz, C. D., de C T Oliveira, R. Characterization of type and genetic diversity among soybean cyst nematode differentiators. **Scientia Agricola**, 69, 147–151, 2012.

Mazza, G. **Anthocyanins in fruits, vegetables, and grains**. CRC press, 2018.

Migicovsky, Z., Warschefsky, E., Klein, L. L., Miller, A. J. Using living germplasm collections to characterize, improve, and conserve woody perennials. **Crop Science**, 59, 2365-2380, 2019.

Mohammadi, S. A., Prasanna, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants - salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, 43, 1235-1248, 2003.

Moreira, R. M. P., Ferreira, J. M., Takahashi, L. S. A., Vanconcelos, M. E. C., Geus, L. C., Botti, L. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão- vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, 30, 1051-1060, 2009.

Nascimento, T. L., Souza, S. S., de França Souza, F., de Melo, N. F. Genetic diversity among acerola accessions collected in different states of Brazil using ISSR markers. **Research Article**, 2024.

Nelson, K. E. Pre-cooling-its significance to the market quality of table grapes. **International Journal of Refrigeration**, 1, 207-215, 1978.

Niazian, M., Sadat-Noori, S. A., Abdipour, M. Modeling the seed yield of Ajowan (*Trachyspermum ammi* L.) using artificial neural network and multiple linear regression models. **Industrial Crops and Products**, 117, 224-234, 2018.

Nybor, H., Lācis, G. Recent large-scale genotyping and phenotyping of plant genetic resources of vegetatively propagated crops. **Plants**, 10, 415, 2021.

Oliveira, C. R. S. D., Silva, F. B. D., Felinto Filho, E. F., Mendonça Junior, A. F. D., Ulisses, C., Leão, P. C. D. S. The influence of rootstock on vigor and bud fertility of 'BRS Tainá' grape in the São Francisco Valley. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 45, e-103, 2023.

Oliveira, M. S., Dos Santos, I. G., Cruz, C. D. Self-organizing maps: a powerful tool for capturing genetic diversity patterns of populations. **Euphytica**, 216, 1-9, 2020.

Ozden, M., Deveci, Y. Morphological, quality characteristics, and antioxidant

activity of grapes from heritage germplasm grown in Central Anatolia, Turkey. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, 51, 12635-12635, 2023.

Pandey, K. B., Rizvi, S. I. Plant polyphenols as dietary antioxidants in human health and disease. **Oxidative medicine and cellular longevity**, 2, 270-278, 2009.

Paun, N., Botoran, O. R., Niculescu, V. C. Total phenolic, anthocyanins HPLC-DAD-MS determination and antioxidant capacity in black grape skins and blackberries: a comparative study. **Applied Sciences**, 12, 936, 2022.

Perin, C., Verma, P. K., Harari, G., Suued, Y., Harel, M., Ferman-Mintz, D., Fait, A. Influence of late pruning practice on two red skin grapevine cultivars in a semi-desert climate. **Frontiers in Plant Science**, 14, 1114696, 2023.

Piñeiro, Z., Marrufo-Curtido, A., Vela, C., Palma, M. Microwave-assisted extraction of stilbenes from woody vine material. **Food and bioprocesses**, 103, 18-26, 2017.

Resende, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

Resende, M. D. V. D. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 16, 330-339, 2016.

Riaz, S., De Lorenzis, G., Velasco, D., Koehmstedt, A., Maghradze, D., Bobokashvili, Z., Musayev, M., Zdunic, G., Laucou, V., Walker, M. A., Failla, O., Preece, J. E., Aradhya, M., Arroyo-Garcia, R. Genetic diversity analysis of cultivated and wild grapevine (*Vitis vinifera* L.) accessions around the Mediterranean basin and Central Asia. **BMC Plant Biology**, 18, 1-14, 2018.

Ribeiro, T. P., Lima, M. A. C., Alves, R. E. Maturação e qualidade de uvas para suco em condições tropicais, nos primeiros ciclos de produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47, 1057-1065, 2012.

Rosado, R. D. S., Cecon, P. R., de Oliveira, A. C. R., Finger, F. L., Suela, M. M., Cruz, C. D., Nascimento, M. Genetic diversity among pepper and chili genotypes by Kohonen's Self-Organizing Maps. **Genetics and Molecular Research**, 20, 1-11, 2021.

Rosenblatt, F. The perceptron: a probabilistic model for information storage and organization in the brain. **Psychological Review**, 65, 386, 1958.

Sá, L. G., Azevedo, A. M., Albuquerque, C. J. B., Valadares, N. R., Brito, O. G., Fernandes, A. C. G., Aspiazú, I. Kohonen's self-organizing maps for the study of genetic dissimilarity among soybean cultivars and genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 57, 2022.

Samoticha, J., Wojdyło, A., Golis, T. Phenolic composition, physicochemical

properties and antioxidant activity of interspecific hybrids of grapes growing in Poland. **Food chemistry**, 215, 263-273, 2017.

Sández, N., Calvo-López, A., Vidigal, S. S. M. P., Rangel, A. O. S. S., Alonso-Chamarro, J. Automated analytical microsystem for the spectrophotometric monitoring of titratable acidity in white, rosé and red wines. **Analytica Chimica Acta**, 1091, 50–58, 2019.

Sant'Anna, I. D. C., Gouvêa, L. R. L., Martins, M. A., Scaloppi Junior, E. J., de Freitas, R. S., Goncalves, P. D. S. Genetic diversity associated with natural rubber quality in elite genotypes of the rubber tree. **Scientific Reports**, 11, 1081, 2021.

Santos, I. G. D., Carneiro, V. Q., Silva Junior, A. C. D., Cruz, C. D., Soares, P. C. Self organizing maps in the study of genetic diversity among irrigated rice genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, 41, 1-9, 2019.

Schagen, S. K., Zampeli, V. A., Makrantonaki, E., Zouboulis, C. C. Discovering the link between nutrition and skin aging. **Dermato-endocrinology**, 4, 298-307, 2012.

Shafique, M. Z., Ibrahim, M., Helali, M. O. H., Biswas, S. K. Studies on the physiological and biochemical composition of different mango cultivars at various maturity levels. **Bangladesh Journal of Scientific and Industrial Research**, 41, 101-108, 2006.

Sharma, S., Kumari, R., Prasad, H., Walia, A., Kumar, R., Dobhal, S. Characterization of guava (*Psidium guajava* L.) germplasm through morphological traits and SCoT markers. **The Journal of Horticultural Science and Biotechnology**, 98, 374-383, 2023.

Sharmin, R. A., Karikari, B., Chang, F., Al Amin, G. M., Bhuiyan, M. R., Hina, A., Lv, W., Chunting, Z., Begum, N., Zhao, T. Genome-wide association study uncovers major genetic loci associated with seed flooding tolerance in soybean. **BMC Plant Biology**, 21, 497, 2021.

Silva, M. J. D., Silva Júnior, A. C. D., Cruz, C. D., Nascimento, M., Oliveira, M. D. S., Schaffert, R. E., Parrella, R. A. D. C. Computational intelligence for studies on genetic diversity between genotypes of biomass sorghum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 55, 2021.

Sudheer, K. P., Gosain, A. K., Ramasastry, K. S. Estimating actual evapotranspiration from limited climatic data using neural computing technique. **Journal of irrigation and drainage engineering**, 129, 214-218, 2003.

Sümbül, A., Yildiz, E., Yaman, M., Dirim, E., Ateş, U., Say, A., Necas, T. Morphological, biochemical, and molecular evaluation of genetic diversity in different plum genotypes (*Prunus domestica* L.). **Genetic Resources and Crop Evolution**, 1-16, 2023.

This, P., Lacombe, T., Thomas, M. R. Historical origins and genetic diversity of wine grapes. **TRENDS in Genetics**, 22, 511-519, 2006.

Toda, Y., Okura, F., Ito, J., Okada, S., Kinoshita, T., Tsuji, H., Saisho, D. Training instance segmentation neural network with synthetic datasets for crop seed phenotyping. **Communications biology**, 3, 173, 2020.

Tondato, C., Lima Filho, D. O., Tarsitano, M. A. A. **Caracterização dos canais de comercialização de uva de mesa: um estudo da região de Jales, estado de São Paulo**. Informações Econômicas, São Paulo, 39, 2009.

Turzhigitova, S., Zamanbekov, N., Korabayev, Y., Kaziyev, Z., Tuganbay, A. Technology for obtaining dosage forms (tinctures, extracts) from local plant raw materials and studying their toxicity. **Research Journal of Pharmacy and Technology**, 15, 3540-3548, 2022.

Usama, M., Qadir, J., Raza, A., Arif, H., Alvin Yau, K., Elkhatib, Y., Hussain, A., Al fuqahausama, A. Unsupervised machine learning for networking: Techniques, applications and research challenges. **IEEE Access**, 7, 65579-65615, 2019.

USDA - **United States Department of Agriculture**. The PLANTS Database, 2023. Disponível em: <<https://plants.usda.gov/core/profile?symbol=VITIS>>. Acesso em: 15 jul. 2023.

Uyak, C., Doğan, A., Gazioğlu Şensoy, R., Keskin, N., Çavuşoğlu, Ş., Çakmakçı, Ö., Kunter, B. Determination of Phenolic Compound and Organic Acid Contents of Some Grape Varieties Grown in Hizan (Bidis) Province. **Ksu Tarım ve doğa dergisi- ksu journal of agriculture and nature**, 23, 2020.

Velicevici, G., Madoşã, E., Ciulca, A., Ciulca, S., Camen, D., Mălăescu, M., Lupulescu, C. Genetic diversity of some apple genotypes from west part of Romania based on ISSR markers. **Journal of Horticulture, Forestry and Biotechnology**, 64-68, 2021.

Viana, A. P., Resende, M. D. V. **Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras**. Interciência, 2014.

Viana, A. P., Resende, M. D. V. D., Riaz, S., Walker, M. A. Genome selection in fruit breeding: application to table grapes. **Scientia Agricola**, 73, 142-149, 2016.

Villano, C., Corrado, G., Basile, B., Di Serio, E., Mataffo, A., Ferrara, E., Aversano, R. Morphological and genetic clonal diversity within the 'Greco Bianco' grapevine (*Vitis vinifera* L.) variety. **Plants**, 12, 515, 2023.

Walker, M. A., Heinitz, C., Riaz, S., Uretsky, J. Grape taxonomy and Germplasm In The Grape Genome. **Springer**, Cham, p. 25-38, 2019.

Wang, H., Cimen, E., Singh, N., Buckler, E. Deep learning for plant genomics and crop improvement. **Current opinion in plant biology**, 54, 34-41, 2020.

Wang, R., Sun, Q., Chang, Q. Soil types effect on grape and wine composition in Helan Mountain area of Ningxia. **PloS one**, 10, e0116690, 2015.

Williamson, G. The role of polyphenols in modern nutrition. **Nutrition bulletin**, 42, 226-235, 2017.

Wu, Y. M., Ren, J. C., Hua, X. Z. Postharvest berry abscission and storage of grape fruit. **Acta Phytophysiologica Sinica**, 18, 267–272, 1992.

Yadav, D., Kumar, A., Kumar, P., Mishra, D. Antimicrobial properties of black grape (*Vitis vinifera* L.) peel extracts against antibiotic-resistant pathogenic bacteria and toxin producing molds. **Indian journal of pharmacology**, 47, 663, 2015.

Yakchi, V., Abbaspour, H., Peyvandi, M., Ahmad, M. A. J. D., Noormohammadi, Z. Genetic and chemical diversity analyses in tale grapes (*Vitis vinifera* L.). **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, 50, 12580-12580, 2022.

Yang, B., Yao, H., Zhang, J., Li, Y., Ju, Y., Zhao, X., Fang, Y. Effect of regulated deficit irrigation on the content of soluble sugars, organic acids and endogenous hormones in Cabernet Sauvignon in the Ningxia region of China. **Food chemistry**, 312, 126020, 2020.

Yue, Q., Zhang, C., Wang, Q., Wang, W., Wang, J., Wu, Y. Analysis on genetic diversity of 51 Grape germplasm resources. **Ciência Rural**, 49, 1-10, 2019.

Xia, E. Q., Deng, G. F., Guo, Y. J., Li, H. B. Biological activities of polyphenols from grapes. **International journal of molecular sciences**, 11, 622-646, 2010.

Zeravik, J., Fohlerova, Z., Milovanovic, M., Kubesa, O., Zeisbergerova, M., Lacina, K., Skladal, P. Various instrumental approaches for determination of organic acids in wines. **Food chemistry**, 194, 432-440, 2016.

Zhang, H., Fan, P., Liu, C., Wu, B., Li, S., Liang, Z. Sunlight exclusion from Muscat grape alters volatile profiles during berry development. **Food chemistry**, 164, 242-250, 2014.

CAPÍTULO II

APLICAÇÃO DA INTELIGÊNCIA COMPUTACIONAL NO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA EM CONDIÇÃO TROPICAL SEMIÁRIDA

Artigo a ser submetido na revista *Scientia Horticulturae* (0304-4238), sendo apresentado segundo normas de publicação dessa revista.

APLICAÇÃO DA INTELIGÊNCIA COMPUTACIONAL NO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA EM CONDIÇÃO TROPICAL SEMIÁRIDA

Marcos Andrei Custodio da Cunha^a, Francine Hiromi Ishikawa^a, Cristina dos Santos Ribeiro Costa^b, Patrícia Coelho de Souza Leão^{b*}

^a Colegiado de Engenharia Agrônômica, Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), CEP: 56300-990, Petrolina, PE, Brasil

^b Embrapa Semiárido, CP23, CEP: 56300-000, Petrolina, PE, Brasil

* Autor correspondente: patricia.leao@embrapa.br

RESUMO

Estimar parâmetros genéticos e estudar a diversidade genética entre cultivares brasileiras de videira é de grande relevância para fornecer informações importantes para a compreensão da base e relações genéticas deste germoplasma, além de trazer subsídio para a seleção de genitores no melhoramento genético da videira. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos e avaliar a diversidade genética entre cultivares brasileiras de videira, utilizando mapas auto-organizados (SOM). Trinta e seis cultivares de videira foram avaliadas em duas safras consecutivas, utilizando-se onze características morfoagronômicas. Os componentes de variância foram estimados pela metodologia REML/BLUP. As análises de agrupamento foram realizadas obtendo-se as distâncias genéticas entre todas as cultivares, utilizando como medidas de dissimilaridade a distância euclidiana. As estimativas de repetibilidade individual (r) variaram de 0.67 a 0.95, sendo consideradas altas para todas as características avaliadas. A acurácia seletiva foi elevada e variou de 0.89 a 0.98. Análises de agrupamento revelaram a formação de 5 grupos distintos. O método UPGMA integrou 19 cultivares (52,8%) no mesmo grupo, enquanto o SOM integrou 14 (38,9%). As cultivares alocadas nos grupos 1 e 5 apresentaram grande dissimilaridade genética para todas as características analisadas, exceto para índice de fertilidade de gemas. REML/BLUP e SOM foram eficientes na estimativa dos parâmetros genéticos e diversidade genética entre as cultivares de videira avaliadas. De acordo com os resultados, as cultivares brasileiras de videira apresentam alta variabilidade genética para as características morfoagronômicas e podem ser utilizadas para futuros cruzamentos promissores visando a obtenção de cultivares adaptadas a diferentes regiões edafoclimáticas.

Palavras – chave: *Vitis* ssp., modelos mistos, redes neurais artificiais, análise multivariada

ABSTRACT

Genetic parameters estimation and genetic diversity studies among Brazilian grapevine cultivars is of great relevance to provide important information for understanding the basis and genetic relationships of this germplasm, in addition to providing support for the selection of parents in the genetic improvement of grapevines. The objective of this study was to estimate genetic parameters and evaluate genetic diversity among Brazilian grapevine cultivars, using self-organizing maps (SOM). Thirty-six grapevine cultivars were evaluated in two consecutive harvests, using eleven morphoagronomic characteristics. The variance components were estimated using the REML/BLUP methodology. Cluster analyzes were performed by obtaining genetic distances between all cultivars, using Euclidean distance as dissimilarity measures. Individual repeatability estimates (r) ranged from 0.67 to 0.95, considered high for all characteristics evaluated. Selective accuracy was high and ranged from 0.89 to 0.98. Cluster analyzes revealed the formation of 5 distinct groups. The UPGMA method integrated 19 cultivars (52.8%) into the same group, while the SOM integrated 14 (38.9%). The cultivars allocated to groups 1 and 5 showed great genetic dissimilarity for all analyzed characteristics, except for the bud fertility index. REML/BLUP and SOM were efficient in estimating genetic parameters and genetic diversity among the evaluated grapevine cultivars. According to the results, Brazilian grapevine cultivars present high genetic variability for morphoagronomic characteristics and can be used for promising future crosses aiming to obtain cultivars adapted to different soil and climate regions.

Keywords: *Vitis* ssp., mixed models, artificial neural networks, multivariate analysis

1 INTRODUÇÃO

A videira (*Vitis* spp.) é uma das culturas frutíferas mais rentáveis do mundo, devido ao alto valor de exportação, ampla diversidade de cultivares comercialmente exploradas e ao rendimento dos vinhedos (Oliveira et al., 2023). Segundo dados da FAOSTAT (Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database, 2023), o Brasil é o décimo quinto maior produtor mundial de uva, contribuindo com aproximadamente 1,7 milhões de toneladas, em uma área de 7,5 milhões de hectares, com destaque para a região do Submédio do Vale do São Francisco, que corresponde a cerca de 30% da produção brasileira (Anuário Brasileiro de Horti e Fruit, 2022). Destaca-se ainda como uma das espécies frutíferas mais importantes economicamente, usada principalmente para o consumo *in natura* e/ou processamento, gerando mais de três bilhões de reais em valor de produção no Brasil (IBGE, 2023).

O gênero *Vitis* apresenta grande variabilidade genética quanto às características morfoagronômicas. Nesse contexto, estudos de diversidade genética são necessários em programas de melhoramento genético, pois podem diferenciar as cultivares e ajudar a identificar genótipos contrastantes para utilização em cruzamentos que sejam mais promissores, representando uma peça-chave para identificar possíveis grupos heteróticos, que são importantes no melhoramento vegetal, pois permitem o uso mais eficiente do germoplasma (Campos et al., 2016; Villano et al., 2023). A escolha da metodologia mais adequada para avaliar a diversidade genética depende da precisão desejada pelo pesquisador, da simplicidade da análise e de como os dados foram obtidos (Cruz, 2012).

A diversidade genética indicada por estimativas morfológicas pode não refletir a verdadeira variação genética, uma vez que essas características são fortemente influenciadas por diversos fatores. Dentre esses fatores, a variância ambiental apresenta grande influência sobre características, principalmente as que são controladas por vários genes (Last et al., 2014). Nesse cenário, a metodologia de modelos mistos, como a Máxima Verossimilhança Residual ou Restrita/Melhor Predição Linear Imparcial (REML/BLUP) é o procedimento ideal para estimar componentes de variância e prever valores genéticos a partir de dados morfológicos, fornecendo assim resultados precisos (Sánchez et al., 2017). Além disso, é considerado o melhor método de estimativa ou predição para conjuntos de

dados desbalanceados em plantas perenes, uma vez que permite maximizar a probabilidade de variância genética após a correção dos efeitos fixos (Rodrigues et al., 2017). Nessa perspectiva, REML/BLUP tem sido cada vez mais utilizado no melhoramento de frutíferas, incluindo acerola (Paiva et al., 2002), mamão (Oliveira et al., 2012), manga (Costa et al., 2023), goiaba (Santos et al., 2017), graviola (Sánchez et al., 2017) e videira (Carvalho et al., 2023; Leão et al., 2018; Sales et al., 2019).

Tradicionalmente, técnicas multivariadas têm sido utilizadas para estimar a diversidade genética, utilizando caracteres qualitativos e quantitativos, como o método Tocher (Matsuo et al., 2012), análise de componentes principais (Li et al., 2021) e o hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) (Abiri et al., 2020). No entanto, recentemente, uma nova abordagem no melhoramento de plantas e estudos de diversidade genética tem sido o uso de Redes Neurais Artificiais (RNAs), que possibilita a otimização das inferências das distâncias genéticas de genótipos.

As RNAs apresentam vantagens comparativas em relação às metodologias tradicionais, como a possibilidade de uma abordagem não paramétrica que tolera perda de dados, reconhece efetivamente padrões e estabelece grupos (Kavzoglu e Mather, 2003). Mapas auto-organizados (SOMs), são tipos de RNAs que utilizam mecanismo de aprendizagem competitiva que permite a visualização de padrões semelhantes e classificação de dados com base nas distâncias entre eles, estabelecendo agrupamentos (Cruz e Nascimento, 2018). Sua eficiência tem sido comprovada em estudos de diversidade genética de genótipos em videira (Mancuso, 2001), mamoeiro (Barbosa et al., 2011), goiabeira (Campos et al., 2016), arroz irrigado (Santos et al., 2019), sorgo de biomassa (Silva et al., 2020), alface (Catão et al., 2023), algodão (Cardoso et al., 2021), tomateiro anão (Oliveira et al., 2021), abóbora (Gomes et al., 2024), entre outros.

Deste modo, o objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos e avaliar a diversidade genética entre cultivares brasileiras de videira, com base em características morfoagronômicas utilizando REML/BLUP e mapas auto-organizados de Kohonen.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material genético e Condições experimentais

Foram avaliadas trinta e seis cultivares brasileiras de *Vitis* spp. (Tabela 1), enxertadas sobre o porta-enxerto 'IAC 572'. As plantas possuem idade aproximada entre 3 a 10 anos e pertencem ao Banco Ativo de Germoplasma de Videira da Embrapa Semiárido, localizado na Estação Experimental de Mandacaru em Juazeiro, Bahia, Brasil (9°24" S, 40°26" W e altitude de 365,5m). As avaliações foram realizadas durante dois ciclos de produção consecutivos, nas safras do 2º semestre de 2022 e 1º semestre de 2023. O clima da região é classificado de acordo com Köppen, como BswH, que corresponde a semiárido, quente e seco (Alvares et al., 2013). Os solos predominantes na área experimental são classificados como Vertissolos (Santos et al., 2018).

Tabela 1. Informações de 36 cultivares brasileiras de videira conservadas no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Semiárido.

Cultivar	Uso	Origem	Espécie	Pedigree
1. A Dona	M	IAC	H. interespecífico	Soraya x IAC 544-14
2. Aurora	M	IAC	H. interespecífico	IAC 394-16 x Maria
3. Benitaka	M	Comercial	<i>V. vinifera</i> L.	Mutação somática natural
4. Branca salitre	M	Embrapa	<i>V. vinifera</i> L.	NI
5. BRS Carmem	P	Embrapa	H. interespecífico	Muscat Belly A x BRS Rúbea
6. BRS Clara	M	Embrapa	H. interespecífico	CNPUV 154-147 x Centennial Seedless
7. BRS Cora	P	Embrapa	H. interespecífico	Muscat Belly A x H. 65.9.14
8. BRS Ísis	M	Embrapa	H. interespecífico	CNPUV 681-29 x BRS Linda
9. BRS Linda	M	Embrapa	H. interespecífico	CNPUV 154-90 x Saturn
10. BRS Magna	P	Embrapa	H. interespecífico	BRS Rúbea x IAC 1398-21
11. BRS Margot	P	Embrapa	H. interespecífico	Merlot x Villard Noir
12. BRS Melodia	M	Embrapa	H. interespecífico	CNPUV 681-29 x BRS Linda
13. BRS Morena	M	Embrapa	H. interespecífico	Marroo Seedless x Centennial Seedless
14. BRS Núbia	M	Embrapa	H. interespecífico	Michele Palieri x

				Arkansas 2095
15. BRS Tainá	M	Embrapa	H. interespecífico	Sugraone x Marroo Seedless
16. BRS Violeta	P	Embrapa	H. interespecífico	BRS Rúbea' x IAC 1398-21
17. BRS Vitória	M	Embrapa	H. interespecífico	CNPUV 681-29 x BRS Linda
18. BRS Maria Bonita	M	Embrapa	H. interespecífico	Marroo Seedless x Centennial Seedless
19. BRS Pérola	M	Embrapa	H. interespecífico	NI
20. Concord Clone	P	Embrapa	H. interespecífico	Mutação somática natural
21. Dona Zilá	M	Embrapa	H. interespecífico	Niagara Branca x Catawba Rosa
22. IAC 0116-31	M	IAC	H. interespecífico	Seibel 7053 x Pinot Noir
23. IAC 138-22 (Máximo)	P	IAC	H. interespecífico	Seibel 11-342 x Syrah
24. IAC 77526	M	IAC	H. interespecífico	IAC 394-16 x Maria
25. Itália Muscat	M	Comercial	<i>V. vinifera</i> L.	<i>Vitis vinifera</i> L.
26. Isabel Precoce	P	Embrapa	H. interespecífico	Mutação somática natural
27. Isaura	M	IAC	H. interespecífico	NI
28. Maria	M	IAC	H. interespecífico	Jumbo x IAC 8-2
29. Moscatel de Jundiai	M	IAC	H. interespecífico	Seyve Villard 5276 x Pirovano 4
30. Moscato Embrapa	P	Embrapa	H. interespecífico	Couderc 13 x July Muscat
31. Niágara Rosada	M	Comercial	H. interespecífico	Concord x Cassady
32. Patrícia	M	IAC	H. interespecífico	Soraya x IAC 544-14
33. Patrícia Dourada	M	IAC	H. interespecífico	Mutação somática natural
34. Paulistinha	M	IAC	H. interespecífico	Niagara Branca x Sultanina
35. Piratininga	M	IAC	H. interespecífico	(Seibel 7053 x Muscat Hamburg) X Soraya
36. Soraya	M	IAC	H. interespecífico	IAC 8-5 x Pirovano 215

Notas: M – Mesa; P – Processamento; Embrapa – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; IAC – Instituto Agrônomo de Campinas; NI – Não informado.

O estudo foi conduzido sem delineamento experimental. Cada cultivar foi representada por quatro plantas. As plantas foram espaçadas em 3 x 2 m, conduzidas em cordão bilateral, no sistema de condução do tipo espaldeira. A irrigação foi realizada diariamente em sistema de gotejamento e o volume de água aplicado foi calculado de acordo com a evapotranspiração da cultura. As práticas de manejo foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura da videira na região de estudo (Leão et al., 2009), incluindo fertilização foliar e do solo, podas, desbrotas, despontes, amarrão de ramos, tratamentos fitossanitários e controle da vegetação espontânea.

Os frutos foram colhidos quando atingiram teor de sólidos solúveis totais superior a 16 e 20 °Brix, para uvas de mesa e uvas para processamento, respectivamente, determinado por meio de um refratômetro manual. A primeira safra ocorreu de 16 de agosto de 2022 (data da poda) a 1 de janeiro de 2023 (final da colheita) e a segunda safra de 7 de fevereiro de 2023 a 27 de junho de 2023. As variáveis climáticas que abrangem esses dois períodos de cultivo são apresentadas na Figura 1.

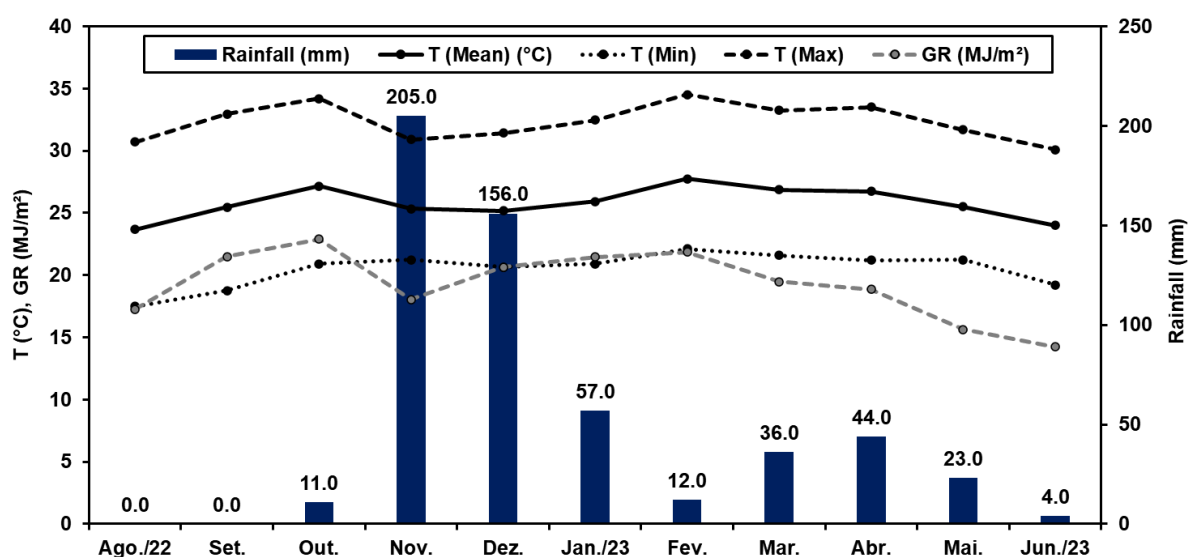


Figura 1. Variações sazonais da precipitação (mm), temperatura média, mínima e máxima (°C) e radiação global (MJ m⁻²) em Juazeiro, BA, Brasil, entre agosto de 2022 e junho de 2023. Fonte: Estação Agrometeorológica de Mandacaru, Juazeiro,

Bahia, Brasil (9°24'S, 40°26'W) (Embrapa, 2023).

2.2 Características avaliadas

Foram avaliadas onze características morfoagronômicas para as 36 cultivares de videira. Durante a poda de produção, o vigor vegetativo foi determinado por meio da massa fresca de ramos e folhas (g), utilizando-se balança digital, expresso em kg por planta. Na fase de crescimento inicial dos brotos, aproximadamente 20 dias após a poda, foi estimada a percentagem de brotação (%), utilizando a equação $PB = ((\text{número de brotos} / \text{número de gemas}) \times 100)$, e quando as inflorescências estavam visíveis, foi estimado o índice de fertilidade das gemas, utilizando a equação $IF = (\text{número de cachos} / \text{número de brotos})$. A produção (kg planta^{-1}) foi obtida através do peso de todos os cachos colhidos por planta. Para o número de cachos (NB), foram contados os cachos que estavam na planta no momento da colheita.

As características relacionadas aos cachos foram determinadas a partir da média de uma amostra composta por 5 cachos por planta, totalizando 20 cachos por cultivar. A massa do cacho (g) foi medida em balança de precisão. O comprimento (cm) e largura (cm) dos cachos foram determinados utilizando régua escalonada, expressa em centímetros. As análises físicas das bagas foram obtidas através da média de uma amostra de 10 bagas retiradas de cada um dos cinco cachos previamente avaliados, totalizando 50 bagas por planta, para determinação da massa (g), comprimento (mm) e diâmetro (mm) das bagas.

2.3 Análises estatísticas

Os componentes de variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), e a predição dos valores fenotípicos e genotípicos, pela melhor predição linear não viciada (BLUP), por meio do software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016). Utilizando o modelo básico de repetibilidade que assume ausência de delineamento, podendo ser escrito na forma matricial, através da equação seguinte (Resende, 2007):

$$y = X_m + W_p + e$$

em que y é o vetor da variável a ser analisada, m é o vetor de efeito de medição (considerado fixo) adicionado à média geral, p é o vetor de efeitos fenotípicos permanentes assumidos como aleatórios, ε é o vetor de residual (aleatório), X é a matriz de incidência para os efeitos fixos e W é a matriz de incidência para os efeitos fenotípicos permanentes.

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos: σ_{fp}^2 : variância fenotípica permanente entre plantas (variância genotípica + variância ambiental permanente entre medidas), σ_{et}^2 : variância ambiental temporária, σ_f^2 : variância fenotípica individual $\sigma_{fp}^2 + \sigma_{et}^2$, r : repetibilidade individual $\left(\frac{\sigma_{fp}^2}{\sigma_{fp}^2 + \sigma_{et}^2}\right)$, r_m : repetibilidade da média de m medições repetidas $\left(\frac{\sigma_p^2}{\sigma_{fp}^2 + \frac{\sigma_{et}^2}{2}}\right)$, A_{cm} : Acurácia seletiva, $A_{cm} = [1 - PEV/\sigma_g^2]^{1/2}$.

Os valores genéticos (BLUPs) foram utilizados para calcular a dissimilaridade entre os genótipos através da distância Euclidiana.

A significância dos efeitos aleatórios do modelo (efeitos fenotípicos permanentes) foi avaliada pela análise de deviance (ANADEV) por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT) (Mangiafico, 2016) utilizando as funções `lme` e `gls` do pacote `R nlme` (Pinheiro et al., 2022). LRT é calculado de acordo com a equação:

$$LRT = (-2\text{LogL})_{p-1} - (-2\text{LogL})_p,$$

onde LogL é o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança residual (L) associada aos modelos reduzido ($p-1$) e completo (p), e (-2LogL) é a deviance. O LRT foi comparado com a função densidade de probabilidade (χ^2) com um grau de liberdade em $p \leq 0,01$ e $p \leq 0,05$.

Para a seleção do melhor modelo foram considerados os modelos completos (incluindo o efeito genotípico) e reduzido (excluindo o efeito genotípico), com base no critério de informação de Akaike (AIC), no critério de informação Bayesiano (BIC) e no log - probabilidade (Loglik). Diferenças significativas entre os genótipos para cada característica analisada foram avaliadas com base no intervalo de confiança de 95% (Costa et al., 2023). O software utilizado foi o R (R Core Team, 2020).

Utilizando-se o software Genes (Cruz, 2016), a dissimilaridade genética entre os pares de genótipos foi determinada pela Distância euclidiana (d_{ii}), realizada conforme o estimador abaixo:

$$X_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)}$$

onde que: $S(X_j)$ é o desvio-padrão dos dados do j -ésimo carácter, então:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2}$$

em que $d_{ii'}$ é a distância euclidiana média baseada em dados padronizados e n é o número de caracteres analisados.

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos, realizou-se o agrupamento dos genótipos pelo método hierárquico da Ligação Média entre grupo (UPGMA), e foi gerado um dendrograma de maior similaridade, onde foi determinado o ponto de corte de acordo com Mojena (1977). Desse modo, os grupos formados pela análise UPGMA foram utilizados como parâmetros para construção da rede do SOM de Kohonen.

Como segunda alternativa para reconhecer a organização da diversidade, foram utilizados os mapas auto-organizados de Kohonen (SOMs). Diferentes arquiteturas de rede foram testadas variando o número de linhas (1 a 5) e colunas (1 a 4). Kohonen (2001) destaca que a determinação do número de neurônios e dos parâmetros de aprendizagem é um processo empírico baseado na experiência do pesquisador e em métodos de tentativa e erro. Em seguida, para selecionar a melhor arquitetura de rede, foram realizados 1.000 treinamentos para cada uma das combinações. A topologia definida foi retangular, a distância utilizada para configurar as redes neurais artificiais foi a distância euclidiana. Para realizar esta análise foi utilizado o software Genes (Cruz, 2016) integrado ao software R.

3 RESULTADOS

De acordo com o teste de razão de verossimilhança (LRT), dentre as 11 características morfoagronômicas avaliadas, apenas percentagem de brotação não apresentou diferença significativa entre as cultivares ($p = 0.458$) quando comparados os modelos completo e fixo (Tabela 2). O modelo completo apresentou menores valores de AIC e BIC para todas as características analisadas, exceto para percentagem de brotação (573.472 e 584.714), respectivamente. O modelo completo apresentou os maiores valores de logLik para todas as características

avaliadas (Tabela 2), indicando ser o mais adequado para a análise. Assim, para as análises de agrupamento foram utilizadas as 10 características com efeito genotípico significativo.

Tabela 2. Teste de razão de máxima verossimilhança (LRT) para IF - índice de fertilidade das gemas (cacho.broto⁻¹), PB - percentagem de brotação (%), MF - massa fresca de ramos e folhas (kg), PP - produção por planta (kg), NC - número de cachos por planta, MC - massa do cacho (g), CC - comprimento do cacho (cm), LC - largura do cacho (cm), MB - massa da baga (g), CB - comprimento da baga (mm) e DB - diâmetro da baga (mm), obtidas de 36 cultivares de videira, Petrolina, PE, 2022-2023

Parâmetros	Características										
	IF	PB	MF	PP	NC	MC	CC	LC	MB	CB	DB
Modelo completo											
AIC	48.686	573.472	147.052	332.385	594.974	818.792	343.301	263.769	225.566	308.681	268.503
BIC	59.929	584.714	158.295	343.627	606.217	830.035	354.544	275.012	236.808	319.924	279.745
logLik	-19.343	-281.736	-68.526	-161.192	-292.487	-404.396	-166.650	-126.884	-107.783	-149.340	-129.251
Modelo fixo											
AIC	76.505	571.032	176.826	349.551	629.870	860.888	368.958	283.019	276.508	386.749	332.66
BIC	83.251	577.778	183.571	356.297	636.616	867.633	375.703	289.764	283.254	393.494	339.405
logLik	-35.252	-282.516	-85.413	-171.775	-311.935	-427.444	-181.479	-138.509	-135.254	-190.374	-163.33
LRT (χ^2)	31.819**	1.560 ^{ns}	33.773**	21.166**	38.896**	46.095**	29.656**	23.249**	54.942**	82.067**	68.156**
<i>p</i> -value	1.23E ⁻⁰⁷	0.458	4.64E ⁻⁰⁸	2.53E ⁻⁰⁵	3.58E ⁻⁰⁹	9.78E ⁻¹¹	3.63E ⁻⁰⁷	8.94E ⁻⁰⁶	1.17E ⁻¹²	1.51E ⁻¹⁸	1.58E ⁻¹⁵

Notas: modelo completo - modelo com efeito genotípico, modelo fixo - modelo sem efeito genotípico, AIC – critério de informação de Akaike, BIC – Critério de informação bayesiano, logLik - probabilidade de log., **significativo pelo teste χ^2 , com 1 grau de liberdade aos níveis de 1% e 5% de significância, ^{ns} não significativo.

Os componentes de variância (REML individual) estimados para as variáveis de efeito genotípico significativo são apresentados na Tabela 3. Observou-se que a maior proporção da variância fenotípica individual (V_f) foi composta pela variância fenotípica permanente entre as plantas (V_{fp}) para todas as variáveis.

Tabela 3. Média geral, variância fenotípica permanente entre plantas (V_{fp}), variância ambiental temporária (V_{et}), variância fenotípica individual (V_f), repetibilidade individual ($r = h^2$), repetibilidade da média de safras ou medidas repetidas (r_m) e acurácia da seleção baseada na média de duas safras ou medidas repetidas (A_{cm}).

Características	Média	V_{fp}	V_{et}	V_f	$r = h^2$	r_m	A_{cm}
IF (cacho.broto ⁻¹)	0.62	0.11	0.03	0.14	0.77 ± 0.29	0.87	0.93
MF (kg)	1.72	0.47	0.12	0.60	0.78 ± 0.29	0.88	0.93
PP (kg)	3.97	4.81	2.33	7.15	0.67 ± 0.27	0.80	0.89
NC	26.03	321.36	70.99	392.35	0.81 ± 0.30	0.90	0.94
MC (g)	188.84	9103.99	1536.36	10640.49	0.85 ± 0.30	0.92	0.96
CC (cm)	14.29	7.13	2.30	9.43	0.75 ± 0.28	0.86	0.92
LC (cm)	8.33	1.92	0.83	2.76	0.69 ± 0.27	0.82	0.90
MB (g)	3.41	2.24	0.27	2.51	0.88 ± 0.31	0.94	0.97
CB (mm)	19.42	11.57	0.59	12.17	0.95 ± 0.32	0.97	0.98
DB (mm)	16.61	5.20	0.41	5.61	0.92 ± 0.32	0.96	0.98

Notas: Índice de fertilidade das gemas (IF), Massa fresca de galhos e folhas (MF), Produção por planta (PP), Número de cachos por planta (NC), Massa do cacho (MC), Comprimento do cacho (CC), Largura do cacho (LC), Massa da baga (MB), Comprimento da baga (CB), Diâmetro da baga (DB).

Os valores da V_{fp} foram elevados para as variáveis massa do cacho (9103.99) e número de cachos (321.36), intermediários para comprimento da baga (11.57), comprimento do cacho (7.13), e baixos para diâmetro da baga (5.20), produção por planta (4.81), massa da baga (2.24), largura do cacho (1.92), massa fresca (0.47), índice de fertilidade de gemas (0.11). As médias de índice de fertilidade das gemas, massa fresca de ramos e folhas, produção por planta, número de cachos por planta, massa do cacho, comprimento do cacho, largura

do cacho, massa da baga, comprimento da baga e diâmetro da baga foram 0.62, 1.72 kg, 3.97, 26.03 kg, 188.84 g, 14.29 cm, 8.33 cm, 3.41 g, 19.42 mm e 16.61 mm, respectivamente.

As estimativas de repetibilidade individual ($r = h^2$) variaram de 0,67 a 0,95 e foram consideradas altas para todas as características avaliadas, a saber, CB (0.95), DB (0.92), MB (0.88), MC (0.85), NC (0.81), MF (0.78), IF (0.77), CC (0.75), LC (0.69) e PP (0.67) (Tabela 3). O coeficiente de repetibilidade pode variar de 0 a 1, sendo 1 repetibilidade máxima. Esta classificação considera as faixas indicadas por Resende (2002), para repetibilidade (r) em espécies perenes, como baixa ($r \leq 0.30$), mediana ($0.30 \geq r \leq 0.60$) e alta ($r \geq 0.60$). A acurácia seletiva média (A_{cm}) prevista pelo procedimento REML para os parâmetros avaliados apresentou variação de 0,89 (produção por planta) a 0,98 (comprimento e diâmetro da baga) (Tabela 3), indicando alto grau de certeza nas inferências e acurácia para todas as variáveis.

Os valores genotípicos (BLUP individual) estimados para as características de efeito significativo entre as cultivares avaliadas neste estudo são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4. BLUP individual de 36 cultivares brasileiras de videira em termos de IF - índice de fertilidade das gemas (cacho.broto⁻¹), MF - massa fresca de ramos e folhas (kg), PP - produção por planta (kg), NC - número de cachos por planta, MC - massa do cacho (g), CC - comprimento do cacho (cm), LC - largura do cacho (cm), MB - massa da baga (g), CB - comprimento da baga (mm) e DB - diâmetro da baga (mm).

Nº	Cultivar	IF	MF	PP	NC	MC	CC	LC	MB	CB	DB
1	A Dona	0.66	1.56	7.28	49.86	188.34	15.72	9.24	2.80	18.48	15.99
2	Aurora	1.11	3.13	3.68	31.85	138.49	14.16	8.58	2.59	16.93	14.98
3	Benitaka	0.21	1.40	4.12	12.41	410.04	18.00	10.39	6.32	25.04	20.71
4	Branca salitre	0.30	1.39	4.78	17.59	336.55	16.67	10.00	4.50	20.51	18.97
5	BRS Carmem	0.43	1.58	2.80	24.65	157.49	13.22	8.21	2.87	17.92	16.07
6	BRS Clara	0.40	2.96	2.62	7.54	145.79	14.85	9.02	2.29	19.90	14.98
7	BRS Cora	0.57	2.12	2.59	33.65	85.63	11.73	7.17	2.94	18.54	17.00
8	BRS Ísis	0.71	2.01	7.88	29.60	428.50	19.21	10.76	4.89	24.88	18.67
9	BRS Linda	0.50	2.32	1.72	12.83	149.09	14.84	8.23	3.86	20.89	17.00
10	BRS Magna	0.78	1.75	7.32	59.66	166.18	13.02	8.26	3.33	18.49	17.16
11	BRS Margot	0.79	0.89	2.35	24.94	129.23	12.64	7.55	2.12	14.56	13.12
12	BRS Melodia	0.36	1.43	1.22	10.13	72.29	11.42	6.01	2.20	16.49	14.54
13	BRS Morena	0.51	1.77	2.48	18.50	155.63	14.28	8.36	3.14	18.81	16.42
14	BRS Núbia	0.22	0.96	2.39	9.45	242.22	14.88	9.25	7.04	25.81	21.41
15	BRS Tainá	0.40	1.54	2.65	14.97	224.01	15.39	8.99	4.26	22.33	18.37
16	BRS Violeta	0.77	0.95	2.28	22.28	100.41	12.64	7.27	2.29	17.24	15.91
17	BRS Vitória	0.57	2.10	2.68	18.91	178.12	12.64	7.25	3.64	21.38	16.78
18	BRS Maria Bonita	0.29	1.31	5.18	12.04	212.75	14.01	9.18	3.16	22.20	16.84

19	BRS Pérola	0.35	1.10	1.83	11.29	170.88	13.38	7.63	2.46	19.54	14.36
20	Concord Clone	0.89	0.97	3.27	11.48	55.03	9.28	6.17	1.85	15.49	15.01
21	Dona Zilá	0.43	0.92	1.80	12.94	133.27	10.85	7.35	2.91	18.10	16.05
22	IAC 0116-31	0.86	2.26	4.39	59.32	121.89	13.87	7.74	1.82	14.39	13.62
23	IAC 138-22	0.81	1.27	3.22	28.25	140.78	13.20	8.26	1.68	14.29	12.92
24	IAC 77526	0.94	2.21	4.16	27.35	157.69	14.39	8.42	2.65	17.27	15.75
25	Itália Muscat	0.64	2.75	6.41	22.06	371.99	19.93	10.63	7.66	26.59	22.00
26	Isabel Precoce	1.79	2.80	6.08	81.16	95.57	10.82	6.64	2.84	17.70	15.93
27	Isaura	0.21	0.80	1.07	7.83	75.31	10.22	6.44	2.23	17.08	14.25
28	Maria	0.81	2.04	6.36	42.32	223.03	16.39	9.46	3.13	18.79	16.41
29	Moscatel de Jundiai	0.70	1.36	6.87	52.45	178.22	16.61	8.93	2.76	16.74	15.47
30	Moscato Embrapa	0.55	2.70	6.56	35.68	244.54	18.44	10.48	2.60	16.78	15.74
31	Niágara Rosada	0.96	1.74	4.44	21.50	159.72	11.72	6.54	3.55	19.90	17.53
32	Patrícia	0.43	1.27	5.94	33.24	278.06	15.31	8.52	3.80	19.66	17.34
33	Patrícia Dourada	0.86	1.83	6.27	27.50	313.73	16.23	8.27	4.24	21.58	18.36
34	Paulistinha	0.74	2.44	3.25	25.77	145.57	14.64	7.15	2.06	16.17	13.46
35	Piratininga	0.28	1.06	2.16	10.69	181.14	13.68	8.59	4.29	22.44	19.26
36	Soraya	0.47	1.47	2.82	15.31	231.03	15.99	8.84	5.97	26.36	19.58

Conforme apresentado na Tabela 4, houve variações de 0.21 cacho.broto⁻¹ ('Benitaka' e 'Isaura') a 1.79 cacho.broto⁻¹ ('Isabel Precoce') para índice de fertilidade das gemas, de 0.80 kg ('Isaura') a 3.13 kg ('Aurora') para massa fresca de ramos e folhas, de 1.07 kg ('Isaura') a 7.32 kg ('BRS Magna') para produção por planta e de 7.54 ('BRS Clara') a 81.16 ('Isabel Precoce') para número de cachos por planta. Além disso, com relação as características inerentes aos cachos avaliados, a massa do cacho variou de 55.03 g ('Concord Clone') a 428.50 g ('BRS Ísis'), comprimento do cacho de 9.28 cm ('Concord Clone') a 19.21 cm ('BRS Ísis') e largura do cacho de 6.01 cm ('BRS Melodia') a 10.76 cm ('BRS Ísis') (Tabela 4). Quanto as características nas bagas, a massa da baga variou de 1.68 g ('IAC 138-22') a 7.66 g ('Itália Muscat'), o comprimento da baga de 14.29 mm ('IAC 138-22') a 26.59 mm ('Itália Muscat') e o diâmetro da baga de 12.92 mm ('IAC 138-22') a 22.00 mm ('Itália Muscat') (Tabela 4).

A análise de agrupamento UPGMA, baseada na dissimilaridade genotípica (BLUP individual) de 36 cultivares de videira para todas as características analisadas, exceto para percentagem de brotação, está representada na Figura 2. A maior distância genética foi observada entre as cultivares 'A Dona' e 'BRS Ísis' (0.4976), enquanto entre 'BRS Carmem' e 'BRS Morena' foi observado menor distância (0.0613), sendo estas duas últimas desenvolvidas pela Embrapa (Tabela 1).

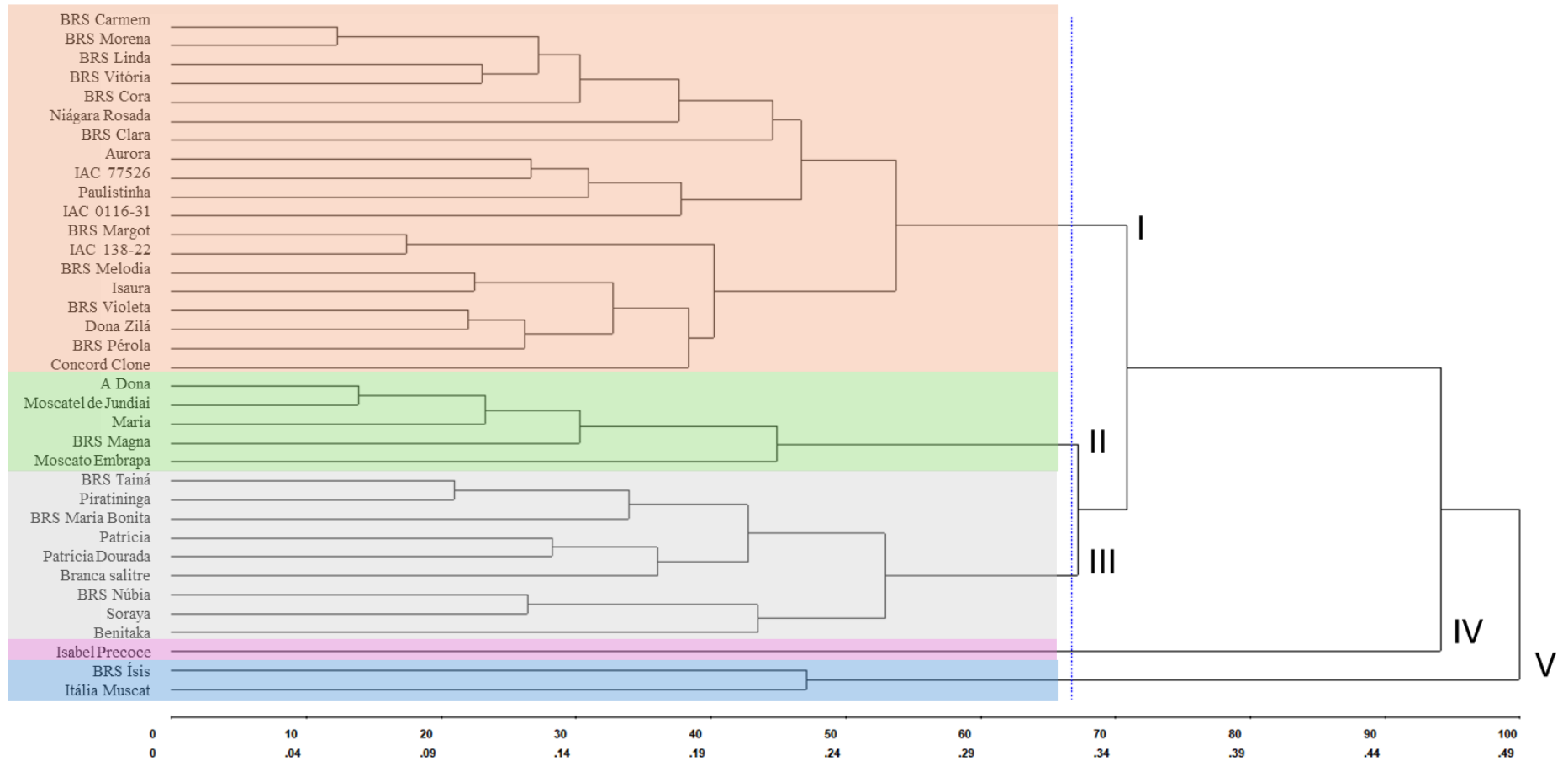


Figura 2. Dendrograma obtido pelo método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA), com base nas dissimilaridades genotípicas de 36 cultivares brasileiras de videira.

De acordo com o dendrograma (Figura 2), utilizando-se o ponto de corte subjetivo $k1 = 1.25$ (0.3347), foram formados 5 grupos, a saber: I) 'Aurora', 'BRS Carmem', 'BRS Clara', 'BRS Cora', 'BRS Linda', 'BRS Margot', 'BRS Melodia', 'BRS Morena', 'BRS Violeta', 'BRS Vitória', 'BRS Pérola', 'Concord Clone', 'Dona Zilá', 'IAC 0116-31', 'IAC 138-22', 'IAC 77526', 'Isaura', 'Niágara Rosada', 'Paulistinha'; II) 'A Dona', 'BRS Magna', 'Maria', 'Moscatel de Jundiaí', 'Moscato Embrapa'; III) 'Benitaka', 'Branca Salitre', 'BRS Núbia', 'BRS Tainá', 'BRS Maria Bonita', 'Patrícia', 'Patrícia Dourada', 'Piratininga', 'Soraya'; IV) 'Isabel Precoce'; e V) 'BRS Ísis', 'Itália Muscat'. Dezenove cultivares (52,8%) incluindo uvas de mesa e processamento pertencentes aos programas de melhoramento genético da Embrapa e IAC foram integradas no grupo I.

A topologia de rede ótima para o mapa auto-organizado de Kohonen foi encontrada utilizando cinco colunas e quatro linhas totalizando 20 neurônios, com 1.000 iterações realizadas, o suficiente para estabilizar o processo de treinamento (Figura 3).

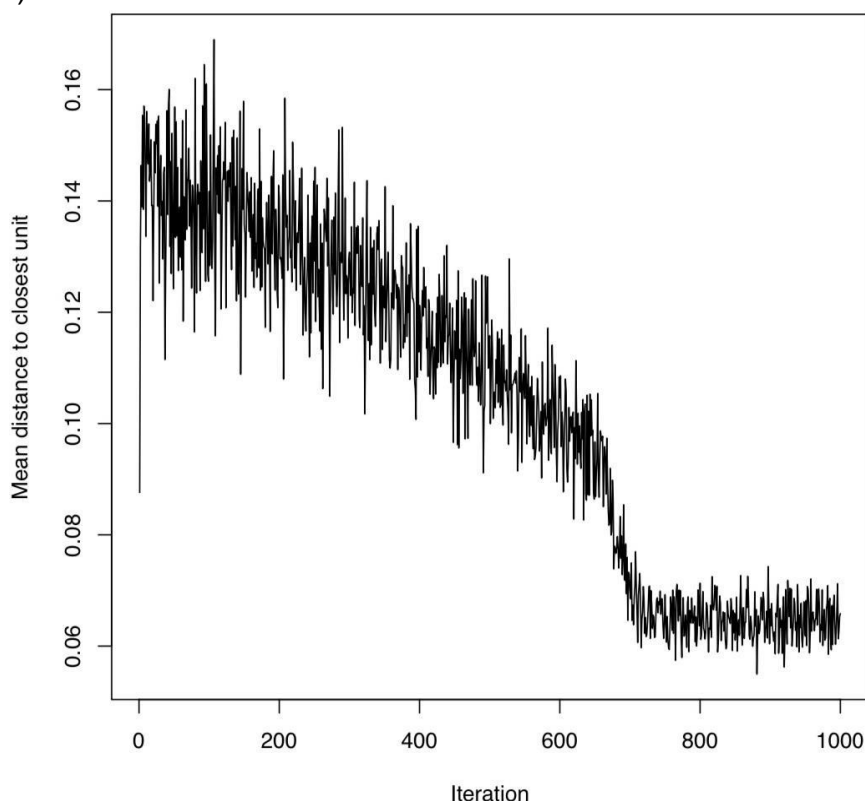
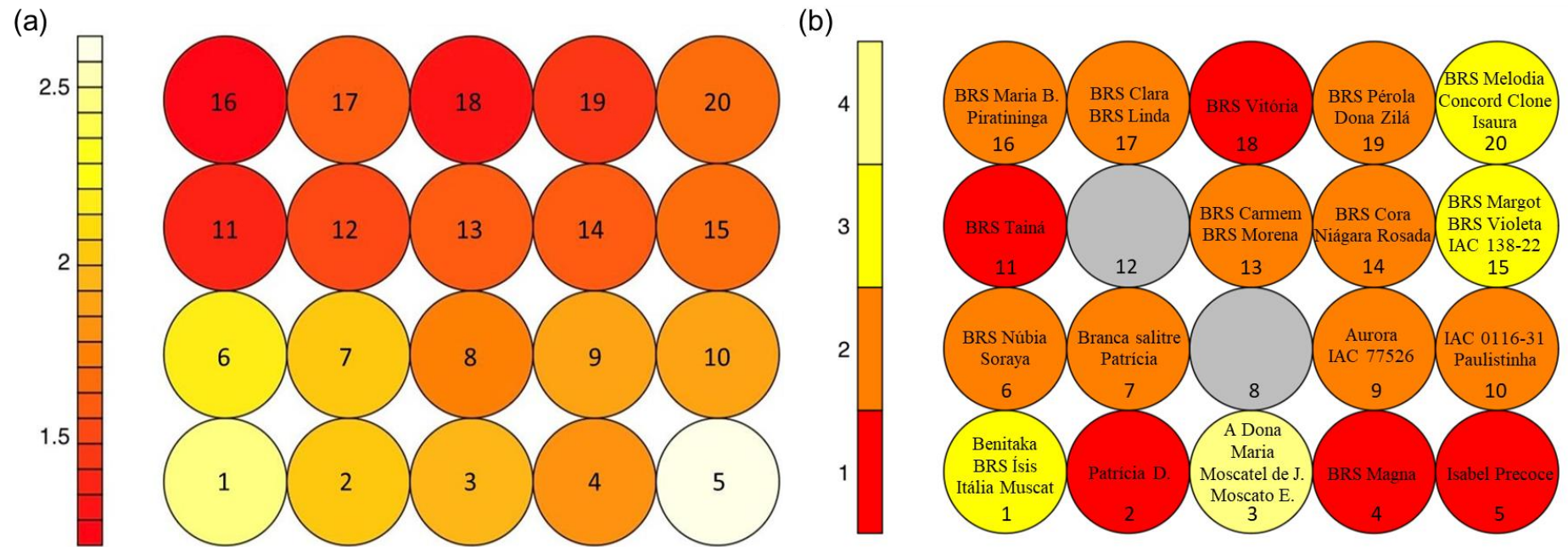


Figura 3. Número de iterações necessárias da rede de mapas auto-organizados de Kohonen em função da distância média até a unidade mais próxima. O número de 1.000 iterações foi suficiente para conseguir a estabilização da distância entre vizinhos.

Considerando como critério a distância entre os neurônios vizinhos baseado na Figura 4a, verificou-se que um possível grupo formado pode ser observado entre os neurônios 11, 12, 16 e 17 devido à maior proximidade entre eles. Os neurônios 11, 16, 18 e 19 apresentaram maior distância comparados com o neurônio 5, entretanto, menor distância com os neurônios 12, 13, 14, 15, 17 e 20. O neurônio 5 apresentou maior proximidade com os neurônios 1, 2, 3, 6 e 7 comparado com os neurônios vermelhos mais próximos (Figura 4a).

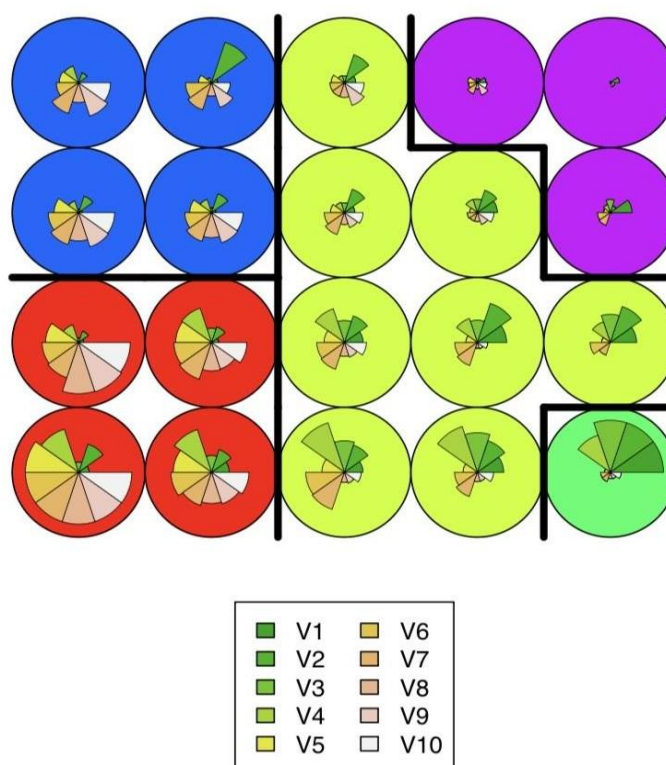


Notas: (a) Os números centrais referem-se ao número de neurônios. O gradiente de cor refere-se à distância entre os neurônios vermelhos mais próximos e os amarelos mais distantes; (b) Os nomes em cada neurônio são referentes as cultivares avaliadas. O gradiente de cor refere-se ao número de cultivares alocadas dentro do mesmo neurônio.

Figura 4. Mapa auto-organizado de Kohonen em configuração retangular com 20 neurônios para 36 cultivares de videira. (a) Distância entre neurônios vizinhos da rede SOM de Kohonen. (b) Alocação das cultivares e organização da variação estabelecida pela rede SOM.

O número de cultivares alocadas em cada neurônio são descritos na Figura 4b. Os neurônios 2, 4, 5, 11 e 18 alocaram apenas uma única cultivar cada. Os neurônios 6, 7, 9, 10, 13, 14, 16, 17 e 19 reuniram duas cultivares cada. Os neurônios 1, 15 e 20 agruparam três cultivares cada. No entanto, os neurônios 8 e 12 não alocaram nenhuma cultivar, e esse evento não é considerado erro na análise. Por ser um processo interativo as cultivares que talvez fossem alocadas nesses neurônios foram alocadas nos neurônios vizinhos. O neurônio 3 integrou o maior número de cultivares (A Dona, Maria, Moscatel de Jundiaí e Moscato Embrapa), todos híbridos interespecíficos, desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético do Instituto Agronômico de Campinas e da Embrapa.

A análise de agrupamento do SOM de Kohonen está representada na Figura 5. Foram formados 5 grupos para os 20 neurônios em função da importância das variáveis analisadas.



Notas: índice de fertilidade das gemas (V1), massa fresca de ramos e folhas (V2), produção por planta (V3), número de cachos por planta (V4), massa do cacho (V5), comprimento do cacho (V6), largura do cacho (V7), massa da baga (V8), comprimento da baga (V9), diâmetro da baga (V10), grupo 1 - neurônios vermelhos, grupo 2 - neurônios verde-claros, grupo 3 - neurônios verde-escuros, grupo 4 - neurônios azuis, grupo 5 - neurônios roxos.

Figura 5. Agrupamento em função da importância das variáveis analisadas com 20 neurônios para as 36 cultivares de videira.

O grupo 1 (neurônios vermelhos) foi formado com os neurônios 1, 2, 6 e 7 (Figura 5), nas quais foram integradas as cultivares Benitaka, BRS Ísis, Itália Muscat, Patrícia Dourada, BRS Núbia, Soraya, Branca Salitre e Patrícia; apresentando importância para as variáveis número de cachos por planta, massa do cacho, comprimento do cacho, largura do cacho, massa da baga, comprimento da baga e diâmetro da baga.

O grupo 2 (neurônios verde-claros) foi formado com oito neurônios (3, 4, 8, 9, 10, 13, 14 e 18) (Figura 5), apresentou importância para as variáveis índice de fertilidade das gemas, massa fresca de ramos e folhas, produção por planta, número de cachos por planta, massa do cacho, comprimento do cacho e largura do cacho; e integrou o maior número de cultivares, a saber: A Dona, Maria, Moscatel de Jundiá, Moscato Embrapa, BRS Magna, Aurora, IAC 77526, IAC 0116-31, Paulistinha, BRS Carmem, BRS Morena, BRS Cora, Niágara Rosada e BRS Vitória. A proximidade dos grupos 1 e 2 é explicada pelo compartilhamento de importância dos caracteres número de cachos por planta, massa do cacho, comprimento do cacho e largura do cacho, sendo esses três últimos caracteres responsáveis pelo padrão de similaridade com o grupo 4.

O grupo 3 (neurônios verde-escuros) apresentou grande importância para as características de componentes de produção, índice de fertilidade das gemas, massa fresca de ramos e folhas, produção por planta e número de cachos por planta, na qual foi formado apenas com um único neurônio (5) e uma única cultivar (Isabel Precoce). Sua proximidade com outros grupos é explicada pelo compartilhamento de importância das características, número de cachos por planta (Grupo 1 e 2), massa do cacho (Grupo 5), comprimento do cacho (Grupo 5), largura do cacho (Grupo 5), massa da baga (Grupo 5), comprimento da baga (Grupo 2 e 5) e diâmetro da baga (Grupo 2 e 5).

O grupo 4 (neurônios azuis) foi formado com quatro neurônios (11, 12, 16 e 17), integrando as cultivares BRS Tainá, BRS Maria Bonita, Piratininga, BRS Clara e BRS Linda; apresentou maior importância para as variáveis massa fresca de ramos e folhas, comprimento do cacho, largura do cacho, comprimento da baga e diâmetro da baga. O grupo 5 (neurônios roxos) foi formado com os neurônios 15, 19 e 20, e integrou as cultivares BRS Margot, BRS Violeta, IAC 138-22, BRS Pérola, Dona Zilé, BRS Melodia, Concord Clone e Isaura; com maior importância para a variável índice

de fertilidade das gemas. A proximidade dos grupos 4 e 5 é estabelecida pelo comportamento da característica produção por planta.

Análise comparativa dos grupos 1 e 4 permite identificar que esses grupos se diferenciam principalmente pelo índice de fertilidade das gemas, produção por planta e número de cachos por planta. Esses grupos apresentam similaridade genética para as características massa fresca de ramos e folha; massa, comprimento e largura do cacho; e massa, comprimento e diâmetro da baga. Os grupos 2 e 5 diferem entre si, principalmente quanto à massa fresca de ramos e folhas, e diâmetro da baga. Entretanto, apresentaram proximidade para as características índice de fertilidade das gemas, produção por planta, comprimento e largura do cacho, e comprimento da baga. As cultivares alocadas nos grupos 1 e 5 apresentaram grande dissimilaridade genética para todas as características analisadas, exceto para índice de fertilidade das gemas. As variáveis massa do cacho, comprimento do cacho, largura do cacho, massa da baga, comprimento da baga e diâmetro da baga foram determinantes no agrupamento das cultivares no grupo 1.

4 DISCUSSÃO

Programas de melhoramento genético demandam experimentação intensiva para que valores genéticos acurados possam ser obtidos e utilizados como critérios de seleção (Resende e Brondani, 2023). Neste contexto, alguns parâmetros são essenciais para que se tenha sucesso no melhoramento e na indicação de genótipos contrastantes promissores para serem recomendados em futuros cruzamentos, entre eles o método adotado na estimativa da diversidade genética, as correlações genéticas entre os caracteres, o tipo de herança envolvida e a precisão experimental (Nicolai et al., 2013; Paiva et al., 2002).

Desse modo, modelos com parâmetros genéticos significativos são os mais adequados para estimar componentes de variância e prever valores genotípicos para cada característica. A análise de deviance utilizando o teste da razão de verossimilhança avalia a significância dos efeitos genotípicos, e é indicada para análise de modelos mistos com dados desbalanceados (Carvalho et al., 2023). Neste estudo, esta análise revelou efeito significativo entre as cultivares avaliadas para todas as características analisadas, exceto para percentagem de brotação.

As médias obtidas para as características avaliadas no presente estudo

(Tabela 3) concordam com as médias encontradas por Carvalho et al. (2023), que estudando 200 híbridos (F1) originados de 39 cruzamentos entre cultivares de *Vitis* spp, em quatro safras consecutivas observaram médias de 3.03 kg para produção por planta, 211.02 g para massa dos cachos, 14.13 cm para comprimento dos cachos, 8.20 cm para largura dos cachos, 2.95 g para massa das bagas, 18.51 mm para comprimento das bagas e 15.97 mm para diâmetro das bagas, discordando apenas no resultado referente a número de cachos, onde o resultado encontrado pelos referidos autores foi de 15.13 (NC). Sales et al. (2019) avaliando 81 híbridos de uvas de mesa observaram resultados superior do presente estudo para médias de número de cachos (48.22) e massa dos cachos (314.06 g).

Vale ressaltar que os estudos citados acima foram realizados para novos híbridos de uvas de mesa, em experimentos que tinham apenas uma única planta por genótipo e no presente estudo avaliou-se cultivares de uvas de mesa e uvas para processamento, que já passaram pelo processo de seleção e recomendação.

A variância fenotípica permanente entre as plantas representou a maior porção da variância fenotípica para todas as características avaliadas, indicando baixa influência do ambiente na expressão dessas características, permitindo estimar a diversidade genética com base na variância genética dos genótipos em todas as características avaliadas. O mesmo comportamento pode ser observado em trabalhos realizados na cultura da mangueira (Costa et al., 2023), aceroleira (Lopes et al., 2001), pessegueiro (Bruna et al., 2012) e videira (Leão et al., 2018; Sales et al., 2019; Carvalho et al., 2023).

A superioridade da variância fenotípica permanente estimada entre plantas (V_{fp}) em relação à variância ambiental temporária (V_{et}) para todas as características analisadas reflete a possibilidade de preservação da herdabilidade de genótipos por propagação vegetativa ou para serem utilizados em novos cruzamentos, preservando as características das cultivares brasileiras de videira. Carvalho et al. (2023) avaliando híbridos de videira também encontraram valores de V_{fp} superiores aos valores de V_{et} para massa, comprimento e diâmetro das bagas, indicando que, para estas características, a variação ambiental foi relativamente menor do que a variação genética.

Em contrapartida, Sales et al. (2019) em videira, observaram valores de V_{et} mais elevados do que valores de V_{fp} para as variáveis rendimento e peso dos cachos. Por sua vez, Leão et al. (2018) em videira, observaram valores de V_{et} mais

elevados do que valores de V_{fp} para a massa de cachos, indicando que nesses estudos para essas características a variância ambiental foi maior que a genética. As diferenças obtidas neste estudo entre V_{fp} e V_{et} estão provavelmente relacionadas com a estrutura genética da população bem como os efeitos ambientais bióticos e abióticos que atuam sobre eles.

A repetibilidade em espécies perenes ($r = h^2$) é um dos parâmetros genéticos mais importantes para o melhorista e demonstra o comportamento dos genótipos em diferentes ambientes (locais e/ou anos) (Cruz et al., 2012). O coeficiente de repetibilidade é uma medida da capacidade dos organismos em manter a expressão da característica ao longo de várias colheitas (Carvalho et al., 2023). Segundo Resende (2002), a repetibilidade em espécies perenes pode ser classificada em alta ($r > 0,60$), média ($0,30 < r < 0,60$) e baixa ($r < 0,30$). Portanto, altos valores de repetibilidade têm sido associados a uma maior herdabilidade (h^2) e/ou menor influência ambiental na expressão da característica, e sua magnitude mostra a importância da estimativa mais precisa da diversidade genética com base no valor genotípico previsto em vez do fenótipo observado (Carvalho et al., 2020). A repetibilidade foi considerada alta para todas as características avaliadas, indicando maior estabilidade dos genótipos na expressão das características ao longo das safras avaliadas.

A acurácia expressa a correlação entre o valor genotípico real e o valor predito com base nas informações resultantes de experimentos de campo. Quanto menores os desvios absolutos entre esses valores, maior a precisão, além da eficácia da inferência sobre os valores genotípicos (Costa et al., 2023; Resende e Duarte, 2007). Para elevar a confiabilidade na coleta e avaliação de dados, os valores de acurácia devem ser superiores a 0,5 (Cortes et al., 2019). Neste estudo, foram obtidos altos valores de acurácia para todas as características, indicando alta confiabilidade e cenário favorável para inferência das distâncias genéticas entre as cultivares brasileiras de videira.

Os valores genotípicos obtidos no presente estudo demonstram adequação para todas as características morfoagronômicas analisadas entre as cultivares de uvas de mesa e uvas para processamento avaliadas (Tabela 4), atendendo as exigências do mercado nacional e internacional (Santos et al., 2013).

A metodologia REML/BLUP utilizada para estimar a variância genética com base na variância fenotípica, contribuiu para uma maior precisão nas estimativas da

dissimilaridade genética entre as cultivares brasileiras de videira avaliadas. Carvalho et al. (2020) utilizando REML/BLUP para estimar a variância genética em *Euterpe edulis* com base na variância fenotípica permanente, identificaram estimativas de diversidade genética diferentes da abordagem comum de dados fenotípicos, promovendo estimativas mais precisa da diversidade genética.

A dissimilaridade genética entre as cultivares avaliadas foi bem representada pelo método de agrupamento UPGMA, que mostrou relação adequada entre a representação e a matriz de distância euclidiana (Abiri et al., 2020). Através deste método, foi encontrada dissimilaridade genética entre as cultivares de videira pela formação de cinco grupos. O método UPGMA é tradicionalmente utilizado para representar dissimilaridade genética entre populações de várias culturas perenes, incluindo a cultura da videira em diversos seguimentos (Abiri et al., 2020; Khadivi et al., 2019; Mujahed et al., 2019; Sümbül et al., 2023; Villano et al., 2023).

Abiri et al. (2020), avaliando 55 cultivares de uva (*Vitis vinifera*), com base em características morfológicas, observaram a formação de 3 grupos principais, sendo que 69,1% concentraram em um único grupo. Os autores concluíram que, para as variáveis analisadas, existe alta variabilidade morfológica dentro da coleção estudada de cultivares de videira, contribuindo para o processo de melhoramento genético da uva.

A utilização do mapa auto-organizado de Kohonen permitiu a visualização de padrões semelhantes e a classificação das cultivares com base nas distâncias entre elas (Oliveira et al., 2020). A topologia retangular utilizada neste estudo minimizou possíveis erros no processo de classificação (Ramiah, 2019). Dessa forma, as cultivares com maior similaridade genética foram alocadas dentro do mesmo neurônio. A organização da estrutura topológica refletiu a semelhança entre as cultivares em estudo, permitindo a classificação por aproximação (Santos et al., 2019; Gomes et al., 2021).

As diferenças encontradas no agrupamento realizado pelos dois métodos utilizados neste estudo podem ser explicadas pelo fato do dendrograma obtido pela distância euclidiana levar em consideração a variância das características estudadas durante o processo de agrupamento (Cruz et al., 2012). Entretanto, no método SOM de Kohonen, o agrupamento não é afetado pelo erro experimental, e este método tem a capacidade de amplificar os dados de entrada e estima novos valores com diferentes pesos sinápticos para cada neurônio, e apenas ao final,

organiza os grupos por ordem de proximidade com base na distância euclidiana (Oliveira et al., 2020).

As cultivares Aurora, IAC 0116-31, IAC 77526, Isabel Precoce, Niágara Rosada e Patrícia Dourada (Tabela 4), alocadas nos grupos 2, 3 e 4 apresentaram alta fertilidade de gemas, agregando maiores rendimentos, o que explica maior importância nesses grupos para essa variável. Semelhante aos resultados encontrados neste estudo, Silva et al. (2018) analisando a cultivar 'Isabel Precoce', observaram alta fertilidade de suas gemas, com cerca de 2,0 cachos por broto. Os menores índices de fertilidade de gemas foram encontrados nas cultivares Benitaka, BRS Núbia e Isaura (Tabela 4), alocadas nos grupos 1 e 5, o que explica os menores rendimentos e a menor importância para essa variável comparada com os outros grupos já mencionados.

A massa fresca de ramos e folhas é um dos principais componentes de produção que avaliam o vigor das plantas. Altos valores de massa fresca de ramos e folhas tem sido associado a uma maior produção de fotoassimilados nos tecidos vegetais (Keller, 2015). As cultivares Aurora, BRS Clara e Isabel Precoce (Tabela 4), alocadas nos grupos 2, 3 e 4 apresentaram maiores valores de massa fresca de ramos e folhas, o que explica a maior importância desses grupos para essa variável, e sua magnitude pode indicar um maior estoque de reservas de carboidratos nessas cultivares. Por outro lado, as cultivares BRS Margot, BRS Núbia, BRS Violeta, Isaura, Concord Clone e Dona Zilé (Tabela 4), alocadas nos grupos 1 e 5 não apresentaram tanta importância para essa variável. Esse evento pode estar associado ao baixo vigor inerente ao genótipo ou a incidência de doenças durante o período de repouso das plantas (Oliveira et al., 2024).

O número de cachos, por sua vez, é consequência da fertilidade de gemas, estando, portanto, altamente correlacionado com produção por planta (Oliveira et al., 2024). Esses componentes de produção apresentam grandes variações, seja intrínseco a cada cultivar ou sob influência ambiental. As cultivares A Dona, BRS Magna, BRS Cora, Aurora, IAC 0116-31, Isabel Precoce, Maria, Moscatel de Jundiaí, Moscato Embrapa e Patrícia (Tabela 4), alocadas nos grupos 1, 2 e 3 apresentaram maior importância para número de cachos por planta, a qual podem ser correlacionadas com a produção por planta. No entanto, apenas esses dois últimos grupos apresentaram importância para produção por planta.

A massa e tamanho do cacho e da baga são de grande importância para o

melhoramento de uvas de mesa, pois a aparência da fruta é determinante no valor de mercado e na aceitação dos consumidores (Khoje, 2018; Ozden e Deveci, 2023). Os grupos 1, 2 e 4 exibiram maior influência para as variáveis massa, comprimento e largura dos cachos, caracterizados pela sua maioria uvas de mesa. As uvas de mesa apresentam cachos maiores comparados com a uvas de processamento, o que explica a grande importância dessas variáveis para esses grupos. No entanto, os grupos 3 e 5, são compostos em sua maioria por uvas de processamento, nas quais essas características não apresentam tanta importância.

A massa e a proporção comprimento/diâmetro da baga também são atributos importantes para os consumidores que preferem bagas elípticas ou alongadas (comprimento > diâmetro), pois associam esta forma a uvas de mesa sem sementes (Chitarra e Chitarra, 2005; Mascarenhas et al., 2010). As cultivares incluídas nos grupos 1 e 4 apresentaram maior importância para massa, comprimento e diâmetro das bagas; caracterizado esses dois grupos por uvas de mesa, devido as cultivares de uvas de mesa serem morfológicamente maiores que as uvas para processamento. Por outro lado, os grupos 2, 3 e 5 uma parcela das cultivares foi composta por de uvas para processamento, o que explica a menor importância dada a esses grupos para essas variáveis.

A similaridade genética observada neste estudo entre as cultivares de videira, desenvolvidas nos dois programas de melhoramento genético de videira no Brasil, pode ser compreendida estudando suas genealogias, por meio do banco de dados do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), Registro Nacional de Cultivares (RNC) (Brasil, 2024). As cultivares lançadas pelo programa de melhoramento genético da Embrapa, como a BRS Cora, BRS Ísis, BRS Linda, BRS Magna, BRS Melodia e BRS Vitória apresentam em suas genealogias parentais similares, como Bordô, Concord, Saturn, Niágara Branca, Vênus e BRS Linda. No entanto, os resultados obtidos neste estudo revelaram que, mesmo que as cultivares brasileiras de videira apresentem parentais similares, a base genética dessas cultivares de uvas de mesa e uvas para processamento é ampla.

Por fim, estudos como este são fundamentais para que se possa compreender e ampliar a base genética das cultivares de videira desenvolvidas no Brasil. Nesse contexto, REML/BLUP e as redes neurais artificiais podem contribuir para aperfeiçoamento nos estudos da divergência genética na cultura da videira, e tornar-se uma ferramenta útil para otimização dos recursos e auxiliar na escolha de

genitores para direcionar os cruzamentos.

5 CONCLUSÃO

As estimativas do coeficiente de repetibilidade para todas as variáveis mostraram elevado controle genético e estabilidade geral na avaliação das características ao longo das safras estudadas.

A análise REML/BLUP contribuiu para uma estimativa mais precisa da divergência genética entre as cultivares brasileiras de videira, baseada em variáveis morfoagronômicas.

A metodologia de Mapas auto-organizáveis (SOMs), mostrou-se eficiente na detecção da divergência genética entre as cultivares analisadas, permitindo abordar o peso das variáveis analisadas nos grupos formados.

Observou-se alta variabilidade genética entre as cultivares avaliadas, com relação às características morfoagronômicas, informações importantes para orientar a seleção de genitores em hibridações controladas no melhoramento de videira.

REFERÊNCIAS

- Abiri, K., Rezaei, M., Tahanian, H., Heidari, P., Khadivi, A. 2020. Morphological and pomological variability of a grape (*Vitis vinifera* L.) germplasm collection. **Scientia Horticultura** 266, 109285. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109285>.
- Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.C., Gonçalves, J.D.M., Sparovek, G. 2013. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische zeitschrift** 22, 711-728. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>.
- Anuário Brasileiro de Horti e Fruit, 2022. Benno Bernardo Kist. Santa Cruz do Sul: **Editora Gazeta** Santa Cruz, 90 p. <https://www.editoragazeta.com.br/produto/anuario-brasileiro-de-horti-fruti-2022/> (acessado em 31 de novembro de 2023).
- Barbosa, C.D., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Pereira, M.G. 2011. Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 11, 224-231. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332011000300004>.
- Brasil. 2024. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) Registro Nacional de Cultivares (RNC)**. <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registros-autorizacoes/registro/registro-nacionalcultivares> (acessado em 01 de janeiro de 2024).
- Bruna, E.D., Moreto, A.L., Dalbo, M.A. 2012. Repeatability in the selection of clones of peach for the south coastal region of the State of Santa Catarina, Brazil. **Revista**

Brasileira de Fruticultura 34, 206-215. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452012000100028>.

Campos, B., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Barbosa, C.D., Daher, R.F. 2016. Heterotic group formation in *Psidium guajava* L. by artificial neural network and discriminant analysis. **Revista Brasileira de Fruticultura** 38, 151-157. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-258/14>.

Cardoso, D.B.O., Medeiros, L.A., Carvalho, G.O., Pimentel, I.M., Rojas, G.X., Souza, L.A., Sousa, L.B. 2021. Use of computational intelligence in the genetic divergence of colored cotton plants. **Bioscience Journal** 37, 1981-3163. <https://doi.org/10.14393/BJ-v37n0a2021-53634>.

Carvalho, J.N., Pio, R., Carvalho, P.A., Barbosa, M.A.G., Leão, P.C. 2023. Estimates of genetic parameters and the selection of table grape hybrids in semiarid regions of Brazil. **Euphytica** 219, 35. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03163-8>.

Carvalho, M.S., Ferreira, M.F.D.S., Oliveira, W.B.D.S., Marçal, T.D.S., Guilhen, J.H.S., Mengarda, L.H.G., Ferreira, A. 2020. Genetic diversity and population structure of *Euterpe edulis* by REML/BLUP analysis of fruit morphology and microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 20, e31662048. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a61>.

Catão, H.C.R.M., Cardoso, D.B.O., Maciel, G.M., Gomes, L.A.A., Siquieroli, A.C.S., Neves, F.D.O.B.C. 2023. Artificial neural networks discriminate lettuce seeds with different levels of thermoinhibition. **Journal of Seed Science** 45, e202345016. <http://dx.doi.org/10.1590/2317-1545v45255086>.

Chitarra, M.I., Chitarra, A.B., 2005. **Pós-colheita de frutos e hortaliças: fisiologia e pós-colheita**, editora UFLA, segunda ed., Lavras, Brasil.

Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C.R., Viana, A.P. Pereira, M.G. 2019. Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and REML/Blup procedure. **Bragantia** 78, 350-360. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20180253>.

Costa, C.D.S.R., Lima, M.A.C., Neto, F.P.L., Costa, A.E., Vilvert, J.C., Martins, L.S.S., Musser, R. 2023. Genetic parameters and selection of mango genotypes using the FAI-BLUP multitrait index. **Scientia Horticulturae** 317, 112049. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2023.112049>.

Cruz, C.D. 2016. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy** 38, 547-552. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>.

Cruz, C.D., Nascimento, M., 2018. **Inteligência computacional aplicada ao melhoramento genético**, editora UFV, primeira ed., Viçosa, Brasil.

Cruz, C.D., 2012. **Princípios de genética quantitativa**, editora UFV, segunda ed., Viçosa, Brasil.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S., 2012. **Biometric models applied to genetic breeding fourth**, editora UFV, quarta ed., Viçosa, Brasil.

EMBRAPA, 2023. **Médias anuais da Estação Agrometeorológica de Mandacaru**. <http://www.cpatsa.embrapa.br:8080/servicos/dadosmet/estacoes/index.html> (acessado em 31 de novembro de 2023).

FAOSTAT, 2023. **Faostat Statistical Database. Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Available online. <http://faostat.fao.org/faostat>.

Gomes, D.A., Maciel, G.M., Siquieroli, A.C.S., Oliveira, C.S.D., Finzi, R.R., Marques, D.J. 2021. Selection of BC 1 F 3 populations of Santa Cruz type dwarf tomato plant by computational intelligence techniques. **Bragantia** 80, e4821. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20210046>.

Gomes, R.S., Júnior, R.M., Almeida, C.F., Oliveira, R.L., Nascimento, M., Nardino, M., Silva, D.J.H. 2024. Artificial neural networks optimize the establishment of a Brazilian germplasm core collection of winter squash (*Cucurbita moschata* D.). **Scientific Reports** 14, 2526-4400. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-54818-y>.

IBGE, 2023. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado> (acessado em 23 de janeiro de 2024).

Kavzoglu, T., & Mather, P. M., 2003. The use of backpropagating artificial neural networks in land cover classification. **International journal of remote sensing** 24, 4907-4938. <https://doi.org/10.1080/0143116031000114851>.

Keller, M., 2015. **Fisiologia do Desenvolvimento**, in: Keller, M. (Eds.), A Ciência das Videiras: Anatomia e Fisiologia. Estados Unidos da América, pp. 194-264.

Khadivi, A., Gismondi, A., Canini, A. 2019. Genetic characterization of Iranian grapes (*Vitis vinifera* L.) and their relationships with Italian ecotypes. **Agroforestry systems** 93, 435-447. <https://doi.org/10.1007/s10457-017-0134-1>.

Khoje, S. 2018. Appearance and characterization of fruit image textures for quality sorting using wavelet transform and genetic algorithms. **Journal of texture studies** 49, 65-83. <https://doi.org/10.1111/jtxs.12284>.

Kohonen, T. 2001. **Self-Organizing Maps**, terceira ed., Springer, Berlim.

Last, L., Lüscher, G., Widmer, F., Boller, B., Kölliker, R. 2014. Indicators for genetic and phenotypic diversity of *Dactylis glomerata* in Swiss permanent grassland. **Ecological Indicators** 38, 181-191. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2013.11.004>.

Leão, P.D.S., Borges, R.M.E., 2009. **Melhoramento genético da videira**. Embrapa Semiárido. <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/748878/1/SDC224.pdf> (acessado em 15 de dezembro de 2023).

Leão, P.C.S., Nunes, B.T.G., Souza, E.M.C. 2018. Repeatability coefficients and genetic gains in table grape progenies for the Brazilian semi-arid region. **Scientia Agricola** 75, 387-392. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2017-0046>.

Li, W., Peng, M., Wang, Z., Bi, Y., Liu, M., Wang, L., Di, S., Liu, J., Fan, C., Yang, G., Yu, D. 2021. The evaluation of agronomic traits of wild soybean accessions (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) in Heilongjiang province, China. **Agronomy** 11, 586. <https://doi.org/10.3390/agronomy11030586>.

Lopes, R., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Lopes, M.T.G., Freitas, G.B.D. 2001. Repeatability of characteristics of acerola fruit. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 36, 507-513. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000300015>.

Mancuso, S. 2001. Clustering of grapevine (*Vitis vinifera* L.) genotypes with Kohonen neural networks. **Vitis-Geilweilerhof** 40, 59-64.

Mangiafico, S.S., 2016. **Resumo e análise da avaliação de programas de extensão em R, versão 1.20.01**. Extensão Cooperativa Rutgers. Nova Brunsvique.

Mascarenhas, R.D.J., Silva, S.D.M., Lopes, J.D. Lima, M.A.C. 2010. Avaliação sensorial de uvas de mesa produzidas no Vale do São Francisco e comercializadas em João Pessoa-PB. **Revista Brasileira de Fruticultura** 32, 993-1000. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452011005000012>.

Matsuo, É., Sediyaama, T., Oliveira, R.D., Cruz, C.D., Oliveira, R.D.C.T. 2012. Characterization of type and genetic diversity among soybean cyst nematode differentiators. **Scientia Agricola** 69, 147-151. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162012000200010>.

Mojena, R. 1977. Hierarchical grouping methods and atopping rules: an evaluation. **The Computer Journal** 20, 359-363. <https://doi.org/10.1093/comjnl/20.4.359>.

Mujahed, A., Basheer-Salimia, R. 2019. Molecular analysis of genetic diversity among different grape accessions using DNA markers. **Journal of Biotech Research** 10, 190- 198.

Nicolai, M., Cantet, M., Lefebvre, V., Sage-Palloix, A., Palloix, A. 2013. Genotyping a large collection of pepper (*Capsicum* spp.) with SSR loci brings new evidence for the wild origin of cultivated *C. annuum* and the structuring of genetic diversity by a human selection of cultivar types. **Genetics Resources Crop Evolution** 60, 2375-2390. <https://doi.org/10.1007/s10722-013-0006-0>.

Oliveira, C.R.S.D., Silva, F.B.D., Felinto Filho, E.F., Mendonça Junior, A.F.D., Ulisses, C., Leão, P.C.D.S. 2023. The influence of rootstock on vigor and bud fertility of 'BRS Tainá' grape in the São Francisco Valley. **Revista Brasileira de Fruticultura** 45, e-103. <https://doi.org/10.1590/0100-29452023103>.

Oliveira, C.R.S.D., Silva, F.B.D., Pontes, G.M.D.A., Mendonça Júnior, A.F., Leão, P.C.D.S. 2024. Agronomic performance of 'BRS Melodia' seedless table grape grafted

onto different rootstocks. **Bragantia** 83, e20230245. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20230245>.

Oliveira, C.S., Maciel, G.M., Siquieroli, A.C.S., Gomes, D.A., Diniz, N.M., Luz, J.M.Q., Yada, R.Y. 2021. Artificial neural networks and genetic dissimilarity among saladette type dwarf tomato plant populations. **Food Chemistry: Molecular Sciences** 3, 100056. <https://doi.org/10.1016/j.fochms.2021.100056>.

Oliveira, E.J., Fraife Filho, G.D.A., Freitas, J.P.X.D., Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V.D. 2012. Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 12, 191-198. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332012000300005>.

Oliveira, M., Santos, I.G., Cruz, C.D. 2020. Self-organizing maps: a powerful tool for capturing genetic diversity patterns of populations. **Euphytica** 216, 49. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-2569-0>.

Ozden, M., Deveci, Y. 2023. Morphological, quality characteristics, and antioxidant activity of grapes from heritage germplasm grown in Central Anatolia, Turkey. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca** 51, 12635-12635. <https://doi.org/10.15835/nbha51112635>.

Paiva, J.R.D., Resende, M.D.V.D., Cordeiro, E.R. 2002. Índice multifeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 37, 799-807. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2002000600009>.

Pinheiro, J. 2022. **nlme: linear and nonlinear mixed effects models - R project**. Available online. <https://cran.r-project.org/web/packages/nlme/nlme.pdf>.

R Core Team, 2020. **R – A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Version 4.0.3. <https://www.r-project.org/>.

Ramiah, S. 2019. Effect of lattice topologies and distance measurements in self-organizing map for better classification. In *Emerging Research in Computing, Information, Communication and Applications*. **Springer Singapore** 882, 183-191. https://doi.org/10.1007/978-981-13-5953-8_16.

Resende, R.T., Brondani, C., Resende, R.T., Brondani, C., 2023. **Melhoramento de Precisão: aplicações e perspectivas na genética de plantas**, primeira ed., Brasília.

Resende, M.D.V. 2002. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília.

Resende, M.D.V. 2007. **Mathematics and statistics in the analysis of experiments and genetic breeding**. Embrapa Florestas. Colombo.

Resende, M.D.V. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.** 16, 330-339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.

Resende, M.D.V. Duarte, J.B. 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical** 37, 182-194. <https://doi.org/10.5216/pat.v37i3.1867>.

Rodrigues, H.S., Cruz, C.D., Macêdo, J.L.V.D., Resende, M.D.V.D., Lopes, R., Borém, A. 2017. Genetic variability and progeny selection of peach palm via mixed models (REML/BLUP). **Acta Scientiarum. Agronomy** 39, 165-173. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v39i2.32495>.

Sales, W.S., Ishikawa, F.H., Souza, E.M.C., Nascimento, J.H.B., Souza, E.R., de Souza Leão, P.C. 2019. Estimates of repeatability for selection of genotypes of seedless table grapes for Brazilian semiarid regions. **Scientia Horticulturae** 245, 131-136. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.10.018>.

Sánchez, C.F.B., Alves, R.S., Garcia, A., Teodoro, P.E., Peixoto, L.A., Silva, L.A., Bhering, L.L., Resende, M.D.V. 2017. Estimates of repeatability coefficients and the number of the optimum measure to select superior genotypes in *Annona muricata* L. **Genetics Molecular Research** 16, 16039753.

Santos, A.E.O., Silva, E.D.O., Oster, A.H., Mistura, C., Santos, M.O. 2013. Phenological behaviour and thermal requirements of seedless grapes grown in the Submiddle São Francisco River. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias** 8, 364-369. <https://doi.org/10.5039/agraria.v8i3a2313>.

Santos, H.D., Jacomine, P.k.T., Anjos, L.H.C., Oliveira, V.Á., Lumbreiras, J.F., Coelho, M.R., Almeida, J.A., Araujo Filho, J.C., Oliveira, J.B., Cunha, T.J.F. 2018. **Brazilian Soil Classification System**, 5th ed. Embrapa, Brasília.

Santos, I.G.D., Carneiro, V.Q., Silva Junior, A.C.D., Cruz, C.D., Soares, P.C. 2019. Selforganizing maps in the study of genetic diversity among irrigated rice genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy** 41, 1-9. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v41i1.39803>.

Santos, P.R.D., Preisigke, S.D.C., Viana, A.P., Cavalcante, N.R., Sousa, C.M.B.D., Amaral Júnior, A.T.D. 2017. Associations between vegetative and production traits in guava tree full-sib progenies. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 52, 303–310. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2017000500003>.

Silva, M.J.R., Paiva, A.P.M., Junior, A.P., Sánchez, C.A.P.C., Callili, D., Moura, M.F., Leonel, S., Tecchio, M.A. 2018. Yield performance of new juice grape varieties grafted onto different rootstocks under tropical conditions. **Scientia Horticulturae** 241, 194-200. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.06.085>.

Silva, M.J.D., Silva Júnior, A.C.D., Cruz, C.D., Nascimento, M., Oliveira, M.D.S., Schaffert, R.E., Parrella, R.A.D.C. 2021. Computational intelligence for studies on genetic diversity between genotypes of biomass sorghum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 55, 1678-3921. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2020.v55.01723>.

Sümbül, A., Yildiz, E., Nadeem, M.A. 2023. Elucidating the genetic variations among Turkish grape varieties using morphological and molecular markers. **Genetic**

Resources and Crop Evolution 70, 1349-1361. <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01503-6>.

Villano, C., Corrado, G., Basile, B., Di Serio, E., Mataffo, A., Ferrara, E., Aversano, R. 2023. Morphological and genetic clonal diversity within the 'Greco Bianco' grapevine (*Vitis vinifera* L.) variety. **Plants** 12, 515. <https://doi.org/10.3390/plants12030515>.

CAPÍTULO III

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA BASEADA NA QUALIDADE E COMPOSTOS BIOATIVOS DOS FRUTOS

Artigo a ser submetido na revista *Genetic Resources and Crop Evolution* (1573-5109), sendo apresentado segundo normas de publicação dessa revista.

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES BRASILEIRAS DE VIDEIRA BASEADA NA QUALIDADE E COMPOSTOS BIOATIVOS DOS FRUTOS

Marcos Andrei Custodio da Cunha^a, Francine Hiromi Ishikawa^a, Cristina dos Santos
Ribeiro Costa^b, Maria Auxiliadora Coelho de Lima^b, Patrícia Coelho de Souza
Leão^{b*}

^a Colegiado de Engenharia Agrônômica, Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF),
CEP: 56300-990, Petrolina, PE, Brasil

^b Embrapa Semiárido, CP23, CEP: 56300-000, Petrolina, PE, Brasil

* Autor correspondente: patricia.leao@embrapa.br

RESUMO

O conhecimento sobre a diversidade genética de uma espécie é essencial para o melhoramento genético. O objetivo deste estudo foi estimar a diversidade genética entre cultivares brasileiras de videira do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de videira da Embrapa Semiárido com ênfase nos atributos de qualidade e compostos bioativos dos frutos. Foram avaliadas trinta e seis cultivares de videira, considerando-se as seguintes variáveis: luminosidade (L), cromaticidade (c^*), ângulo Hue (h^*), firmeza da baga (FR), sólidos solúveis (SS), acidez titulável (AT), relação entre sólidos solúveis e acidez titulável (SS/AT), polifenóis extraíveis totais (PET), flavonoides amarelos (FLA) e antocianinas totais (ANT). Os componentes de variância foram estimados por meio REML/BLUP. A análise de agrupamento mapas auto-organizáveis foi realizada utilizando a distância euclidiana. As estimativas de repetibilidade individual (r) variaram de 0.40 a 0.93, sendo consideradas altas para a maioria das características avaliadas. A acurácia seletiva média foi elevada e variou de 0.76 a 0.97. Análise de agrupamento revelou a formação de 5 grupos. A proximidade entre os grupos 1, 2 e 3 é explicada pelo compartilhamento de importância dos caracteres L e c^* , e os grupos 4 e 5 pelo h^* , FR, SS, relação entre SS/AT e ANT. REML/BLUP permitiu obter as estimativas com precisão para diversidade genética entre as cultivares de videira avaliadas. A variabilidade genética existente entre as cultivares brasileiras de videira permitirá a identificação de genótipos com potencial de aproveitamento em futuras ações de melhoramento.

Palavras – chave: uva, redes neurais artificiais, análise multivariada, dissimilaridade

ABSTRACT

Knowledge about the genetic diversity of a species is essential for genetic improvement. The objective of this study was to estimate the genetic diversity among Brazilian grapevine cultivars from the Embrapa Semiárido Active Germplasm Bank (BAG) with emphasis on the quality attributes and bioactive compounds of the fruits. Thirty-six grapevine cultivars were evaluated, considering the following variables: luminosity (L), chromaticity (c^*), Hue angle (h^*), berry firmness (BF), soluble solids (SS), titratable acidity (TA), ratio between soluble solids and titratable acidity (SS/TA), total extractable polyphenols (TEP), yellow flavonoids (FLA) and total anthocyanins (ANT). Variance components were estimated using REML/BLUP. Cluster analysis of self-organizing maps was performed using Euclidean distance. Individual repeatability estimates (r) ranged from 0.40 to 0.93, being considered high for most of the characteristics evaluated. The average selective accuracy was high and ranged from 0.76 to 0.97. Cluster analysis revealed the formation of 5 groups. The proximity between groups 1, 2 and 3 is explained by the sharing of importance of the characters L and c^* , and groups 4 and 5 by h^* , BF, SS, the relationship between SS/TA and ANT. REML/BLUP allowed us to obtain accurate estimates for genetic diversity among the evaluated grapevine cultivars. The genetic variability existing among Brazilian grapevine cultivars will allow the identification of genotypes with potential for use in future improvement actions.

Keywords: grape, artificial neural networks, multivariate analysis, dissimilarity

1 INTRODUÇÃO

A videira (*Vitis* ssp.) é uma das culturas frutíferas perenes mais importantes economicamente, devido ao alto valor de exportação, ampla diversidade de cultivares comercialmente exploradas e ao rendimento dos vinhedos (Oliveira et al. 2023). Os frutos são utilizados principalmente para o consumo *in natura* e/ou processamento, trazendo grandes benefícios a saúde humana, devido a sua alta qualidade nutricional, como a presença de compostos bioativos (Lorenzis et al. 2015; Keskin et al. 2021).

No Brasil, a uva é a terceira fruta mais produzida e possui grande participação no agronegócio brasileiro, gerando mais de 3 bilhões de reais em valor de produção (IBGE, 2023). No que tange as exportações brasileiras de uva, no ano de 2022 foram exportadas cerca de 73,2 mil toneladas, resultando em uma receita de US\$ 178,3 milhões (COMEXTAT, 2023). No cenário nacional, destaca-se a região do Submédio do Vale do São Francisco, principalmente pelos elevados rendimentos alcançados, em torno de 39 t/ha por ano, 73% superior à média nacional, representando cerca de 98% do volume total das exportações de uva do país (IBGE, 2023), e qualidade da uva produzida.

A consciência do consumidor quanto à qualidade nutricional da fruta está aumentando nos últimos anos (Ma et al. 2016). A demanda por alimentos de alta qualidade e os progressos tecnológicos na produção têm impulsionado o crescimento da indústria de frutas no mercado nacional, e principalmente internacional. A importância de uma alimentação rica em compostos bioativos tem sido enfatizada devido à sua capacidade de combater os radicais livres no organismo, bem como propriedades anticancerígena, antioxidante e anti-inflamatória (Rahimi et al. 2024).

As características de qualidade e compostos bioativos da uva são determinadas pelo genótipo e pelas condições ambientais (Batista et al. 2015). O gênero *Vitis* apresenta ampla variabilidade genética que pode ser observada em diversas características de qualidade dos frutos como, atributos de cor, firmeza do fruto, características físico-químicas e compostos bioativos (Batista et al. 2015). Nesse contexto, caracterizar e estimar a diversidade genética são importantes estratégias em programas de melhoramento genético e no desenvolvimento de novas cultivares de videira. Sendo então um fator chave na identificação de

possíveis grupos com maior grau de vigor híbrido em futuros cruzamentos (Campos et al. 2016; Villano et al. 2023).

Vários países realizaram análises de diversidade genética entre cultivares comerciais para diversas culturas (Benti et al. 2020; Kim et al. 2021; Suwanatape et al. 2020). Entretanto, estudos de caracterização e diversidade genética na cultura da videira utilizando variáveis de qualidade dos frutos e compostos bioativos ainda são pouco realizados. A caracterização e a avaliação de germoplasma em relação à qualidade e compostos bioativos em condições ambientais específicas são ações cruciais para o manejo dos bancos de germoplasma, bem como para a seleção de genótipos adaptados, com características que os tornem aptos para a incorporação em programas de melhoramento genético (Batista et al. 2015). Neste contexto, o objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade genética entre cultivares brasileiras de videira com base em características de qualidade e compostos bioativos dos frutos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de videira da Embrapa Semiárido, localizado no Campo Experimental de Mandacaru em Juazeiro – Bahia, Brasil. A área do BAG está localizada nas coordenadas 9°24" S, 40°26" W, a uma altitude de 365,5 m acima do nível do mar. Os solos predominantes da área são classificados como Vertissolos (Santos et al. 2018). Segundo a classificação de Köppen Geiger, o clima da região é classificado como BswH, correspondendo a um clima semiárido, quente e seco (Alvares et al. 2013).

2.1 Material vegetal e Condições experimentais

Trinta e seis cultivares brasileiras de *Vitis* spp. (Figura 1), enxertadas sobre o porta-enxerto 'IAC 572', foram avaliadas em dois ciclos de produção consecutivos, nas safras do 2º semestre de 2022 e 1º semestre de 2023. O BAG de videira da Embrapa Semiárido é constituído por aproximadamente 280 acessos, dentre eles estão as cultivares de videira selecionadas para esse estudo. As cultivares estão implantadas em campo sem delineamento experimental e foram representadas por quatro plantas para obtenção da média. As plantas utilizadas no presente estudo

foram espaçadas em 3 × 2 m, conduzidas em cordão bilateral no sistema de condução do tipo espaldeira. A irrigação foi realizada diariamente, através de sistema de gotejamento, e a lâmina de irrigação aplicada nas plantas foi calculada com base na evapotranspiração da cultura. As práticas de manejo foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura da videira na região de estudo (Leão e Borges 2009), incluindo adubação baseada em análises de solo e foliares, podas, desbrotas, despontes, amarrio de ramos, manejo fitossanitário e controle da vegetação espontânea.



Figura 1. Cachos de uvas no estágio de maturação plena de 36 cultivares brasileiras de videira do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Semiárido. 1 – A Dona (M); 2 – Aurora (M); 3 – Benitaka (M); 4 – Branca salitre (M); 5 – BRS Carmem (P); 6 – BRS Clara (M); 7 – BRS Cora (P); 8 – BRS Ísis (M); 9 – BRS Linda (M); 10 – BRS Magna (P); 11 – BRS Margot (P); 12 – BRS Melodia (M);

13 – BRS Morena (M); 14 - BRS Núbria (M); 15 – BRS Tainá (M); 16 – BRS Violeta (P); 17 – BRS Vitória (M); 18 – BRS Maria Bonita (M); 19 – BRS Pérola (M); 20 – Concord Clone (P); 21 – Dona Zilé (M); 22 – IAC 0116-31 (M); 23 – IAC 138-22 (P); 24 – IAC 77526 (M); 25 – Itália Muscat (M); 26 – Isabel Precoce (P); 27 – Isaura (M); 28 – Maria (M); 29 – Moscatel de Jundiai (M); 30 – Moscato Embrapa (P); 31 – Niágara Rosada (M); 32 – Patrícia (M); 33 – Patrícia Dourada (M); 34 – Paulistinha (M); 35 – Piratininga (M); 36 – Soraya (M); M – Mesa; P - Processamento.

Os frutos foram colhidos no estágio de maturação, quando atingiram teor de sólidos solúveis superior a 16 e 20 °Brix para uvas de mesa e uvas para processamento, respectivamente, determinado com um refratômetro manual. A primeira safra ocorreu de 16 de agosto de 2022 (data da poda) a 1 de janeiro de 2023 (final da colheita). A segunda safra aconteceu de 7 de fevereiro de 2023 a 27 de junho de 2023. As variáveis climáticas que abrangem esses dois períodos são apresentadas na Figura 2.

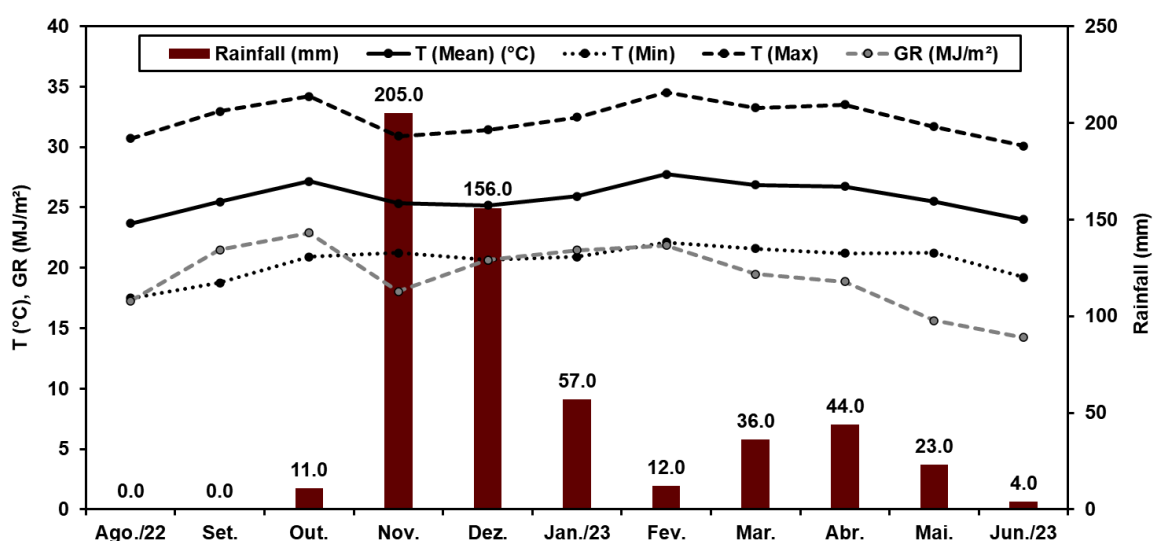


Figura 2. Variações sazonais da precipitação (mm), temperatura média, mínima e máxima (°C) e radiação global (MJ m⁻²) em Juazeiro, BA, Brasil, entre agosto de 2022 e junho de 2023. Fonte: Estação Agrometeorológica de Mandacaru, Juazeiro, Bahia, Brasil (9°24'S, 40°26'W) (Embrapa, 2023).

2.2 Características avaliadas

Foram avaliadas dez características de qualidade de frutos para as 36 cultivares de uva. Para realização das análises foram selecionados vinte cachos por cultivar com base em características que refletem sua importância para a qualidade e interesse comercial. As variáveis analisadas foram cor da baga (L, c^* e h^*), FR - firmeza da baga (N), SS - sólidos solúveis (%), AT - acidez titulável (%), SS/AT - relação entre sólidos solúveis e acidez titulável, PET - polifenóis extraíveis totais ($\text{mg } 100\text{g}^{-1}$), FLA - flavonoides amarelos ($\text{mg } 100\text{g}^{-1}$) e ANT - antocianinas totais ($\text{mg } 100\text{g}^{-1}$).

Os atributos de cor da casca foram medidos utilizando colorímetro Konica Minolta, com escala de leitura CIELAB, representado pelas coordenadas L (luminosidade) que varia de 0 a 100, $L = 0$ (cores escuras ou opacas) e $L = 100$ (cores brancas ou de máximo brilho), c^* (cromaticidade - saturação ou intensidade da cor) quanto maior o valor indica maior pureza ou intensidade da cor, e h^* (ângulo Hue ou ângulo de tonalidade) varia de 0 a 360° , sendo 0° – vermelho, 90° – amarelo, 180° – verde e 270° – azul. A coloração da casca foi realizada na região equatorial das bagas, em quarenta bagas representativas coletadas nas regiões superior, mediana e inferior de vinte cachos de cada cultivar. A FR foi realizada segundo metodologia descrita por Santos et al. (2022), utilizando 40 bagas, que foram separadas uniformemente dos cachos para compor a unidade experimental.

O teor de SS foi determinado pela leitura direta do extrato da polpa com refratômetro digital (ATAGO, modelo PAL-1), e os resultados foram expressos em % (AOAC, 2002). A AT foi estimada por titulação a partir da diluição de 5 mL de suco de uva em 50 mL de água destilada, juntamente com solução 0,1 molar de hidróxido de sódio (NaOH), expressa em gramas de ácido tartárico/100 ml de suco (AOAC, 2002), determinada com um titulador digital. Para as avaliações de SS e AT foram utilizadas 200 bagas por cultivar. Esses dados de SS e AT foram usados para calcular a relação entre SS/AT.

Para os demais atributos foram utilizadas 40 bagas por genótipo. A determinação do teor de PET foi utilizada de acordo com Larrauri et al. (1997). Os teores de FLA e ANT foram determinados conforme metodologia descrita por Francis (1982).

2.3 Análises estatísticas

Os componentes de variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita (REML), e a predição dos valores fenotípicos e genotípicos, pela melhor predição linear não viciada (BLUP), por meio do software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016). O modelo estatístico empregado foi o modelo básico de repetibilidade que assume ausência de delineamento, e pode ser representado na forma matricial por meio da equação seguinte (Resende, 2007):

$$y = X_m + W_p + e$$

onde y é o vetor de dados (variável a ser analisada), m é o vetor de efeito de medição, assumidos fixos, adicionado à média geral, p é o vetor de efeitos fenotípicos permanentes (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente), assumidos como aleatórios, ε é o vetor de erros ou resíduos de efeitos aleatórios, X é a matriz de incidência para os efeitos fixos e W é a matriz de incidência para os efeitos fenotípicos permanentes.

Os parâmetros genéticos estimados foram: σ_{fp}^2 : variância fenotípica permanente entre plantas (variância genotípica + variância ambiental permanente entre medidas), σ_{et}^2 : variância ambiental temporária, σ_f^2 : variância fenotípica individual $\sigma_{fp}^2 + \sigma_{et}^2$, r : repetibilidade individual $\left(\frac{\sigma_{fp}^2}{\sigma_{fp}^2 + \sigma_{et}^2}\right)$, r_m : repetibilidade da média de m medições repetidas $\left(\frac{\sigma_p^2}{\sigma_{fp}^2 + \frac{\sigma_{et}^2}{2}}\right)$, A_{cm} : Acurácia seletiva, $A_{cm} = [1 - PEV/\sigma_g^2]^{1/2}$.

Os valores genéticos (BLUPs) foram utilizados para calcular a dissimilaridade entre as cultivares.

A significância dos efeitos aleatórios do modelo (efeitos fenotípicos permanentes) foi avaliada por meio da análise de deviance (ANADEV) através do teste de razão de verossimilhança (LRT) (Mangiafico, 2016) utilizando o pacote R nlme (Pinheiro, 2022). LRT é calculado de acordo com a equação:

$$LRT = (-2\text{LogL})_{p-1} - (-2\text{LogL})_p,$$

em que LogL é o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança residual (L) associada aos modelos reduzido ($p-1$) e completo (p), e (-2LogL) é a deviance. O LRT foi comparado com o valor de função densidade de probabilidade (χ^2) com um grau de liberdade, em 1% e 5% de significância.

Para a seleção do melhor modelo foram considerados os modelos completos

(com efeito genotípico) e reduzido (sem efeito genotípico), com base no critério de informação de Akaike (AIC), no critério de informação Bayesiano (BIC) e no log - probabilidade (Loglik). Diferenças significativas entre os genótipos para todas as características analisadas foram avaliadas com base no intervalo de confiança de 95% (Costa et al. 2023), utilizando o software R (R Core Team, 2020).

A análise de componentes principais (PCA) foi aplicada às variáveis para reduzir a estrutura de dados e investigar a distribuição das cultivares brasileiras de videira em gráficos de fatores (PC1 versus PC2), utilizando o software Statistica versão 10 (StatSoft Inc., USA). As correlações de Pearson foram calculadas utilizando o software Statistica versão 10 (StatSoft Inc., USA).

Para identificar a organização da diversidade, foram utilizados os mapas auto-organizados de Kohonen (SOMs). Diferentes arquiteturas de rede foram testadas variando o número de linhas (1 a 5) e colunas (1 a 4). Kohonen (2001) enfatiza que a determinação do número de neurônios e dos parâmetros de aprendizagem é um processo empírico baseado na experiência do pesquisador e em métodos de tentativa e erro. Então, para o processo iterativo, foram estipuladas 1.000 interações para cada uma das combinações buscando selecionar a melhor arquitetura de rede. Ainda, a topologia de rede utilizada foi a bidimensional retangular, a distância utilizada para configurar o SOM foi a distância euclidiana. Para realizar esta análise foi utilizado o software Genes integrado ao software R (Cruz, 2016).

3 RESULTADOS

A análise de deviance através do teste de razão de verossimilhança (LRT) é apresentada na Tabela 1. Todas as características avaliadas exibiram efeito genotípico significativo ($p < 0.01$). O modelo completo apresentou menores valores de AIC e BIC para todas as características analisadas. O modelo completo apresentou os maiores valores de logLik para todas as características avaliadas (Tabela 1), indicando ser o mais adequado para a análise. Desse modo, a análise de agrupamento foi aplicada a todas as características avaliadas no presente estudo.

Tabela 1. Teste de razão de máxima verossimilhança (LRT) para L - luminosidade, c* - cromaticidade, h* - ângulo Hue, FR - firmeza da baga (N), SS - sólidos solúveis (%), AT - acidez titulável (%), SS/AT - relação entre sólidos solúveis e acidez titulável, PET - polifenóis extraíveis totais (mg 100g⁻¹), FLA - flavonoides amarelos (mg 100g⁻¹) e ANT - antocianinas totais (mg 100g⁻¹), obtidas de 36 cultivares de videira, Petrolina, PE, 2022-2023

Parâmetros	Características									
	L	c*	h*	FR	SS	AT	SS/AT	PET	FLA	ANT
Modelo completo										
AIC	492.645	427.304	772.710	253.446	308.918	-36.611	500.795	846.761	907.907	1099.461
BIC	503.888	438.547	783.952	264.688	320.160	-25.369	512.037	858.004	919.149	1110.704
logLik	-241.323	-208.652	-381.355	-121.723	-149.459	23.305	-245.398	-418.381	-448.954	-544.731
Modelo fixo										
AIC	515.293	488.392	814.057	269.500	319.883	-28.026	503.161	915.689	913.848	1121.511
BIC	522.039	495.138	820.802	276.246	326.628	-21.280	509.906	922.435	920.593	1128.256
logLik	-254.647	-241.196	-404.029	-131.75	-156.942	17.013	-248.581	-454.845	-453.924	-557.755
LRT (χ^2)	26.648**	65.088**	45.346**	20.054**	14.964**	12.585**	6.365**	72.928**	9.941**	26.049**
p-value	1.63E ⁻⁰⁶	7.35E ⁻¹⁵	1.42E ⁻¹⁰	4.42E ⁻⁰⁵	0.000563	0.00185	0.041462	1.46E ⁻¹⁶	0.006939	2.21E ⁻⁰⁶

Notas: Modelo completo - modelo com efeito genotípico, modelo fixo - modelo sem efeito genotípico, AIC – critério de informação de Akaike, BIC – Critério de informação bayesiano, logLik - probabilidade de log., **significativo pelo teste χ^2 , com 1 grau de liberdade aos níveis de 1% e 5% de significância, ns não significativo.

Os componentes de variância das 10 características avaliadas são apresentados na Tabela 2. Observou-se que a maior proporção da variância fenotípica (V_f) foi composta pela variância fenotípica permanente entre as plantas (V_{fp}) para as características L, c^* , h^* , FR, SS, AT, PET e ANT. Para as variáveis relação SS/AT e FLA a variância ambiental temporária (V_{et}) representou a maior proporção da variância fenotípica.

Tabela 2. Média geral, variância fenotípica permanente entre plantas (V_{fp}), variância ambiental temporária (V_{et}), variância fenotípica individual (V_f), repetibilidade individual ($r = h^2$), repetibilidade da média de safras ou medidas repetidas (r_m) e acurácia da seleção baseada na média de duas safras ou medidas repetidas (A_{cm}).

Características	Média	V_{fp}	V_{et}	V_f	$r = h^2$	r_m	A_{cm}
L	36.18	55.73	20.61	76.35	0.73 ± 0.28	0.84	0.91
c^*	10.70	47.77	4.21	51.99	0.91 ± 0.31	0.95	0.97
h^*	112.04	4644.68	805.50	5450.18	0.85 ± 0.30	0.92	0.95
FR (N)	5.27	1.50	0.77	2.27	0.66 ± 0.27	0.79	0.89
SS (%)	17.57	2.76	1.92	4.68	0.58 ± 0.25	0.74	0.86
AT (%)	0.69	0.017	0.014	0.03	0.54 ± 0.24	0.70	0.84
SS/AT	27.13	26.17	38.02	64.20	0.40 ± 0.21	0.57	0.76
PET (mg 100g ⁻¹)	167.90	21781.66	1497.14	23278.81	0.93 ± 0.32	0.96	0.98
FLA (mg 100g ⁻¹)	106.70	11273.96	11400.36	22674.33	0.49 ± 0.23	0.66	0.81
ANT (mg 100g ⁻¹)	341.73	319120.66	121350.02	440470.69	0.72 ± 0.28	0.84	0.91

Notas: L - luminosidade, c^* - cromaticidade, h^* - ângulo Hue, FR - firmeza da baga (N), SS - sólidos solúveis (%), AT - acidez titulável (%), SS/AT - relação entre sólidos solúveis e acidez titulável, PET - polifenóis extraíveis totais (mg 100g⁻¹), FLA - flavonoides amarelos (mg 100g⁻¹) e ANT - antocianinas totais (mg 100g⁻¹).

Os valores da V_{fp} foram elevados para ANT (319120.66), PET (21781.66), FLA (11273.96) e h^* (4644.68), intermediários para L (55.73), c^* (47.77) e relação entre SS/AT (26.17), e baixos para SS (2.76), FR (1.50) e AT (0.017). As médias de L, c^* , h^* , FR, SS, AT, relação entre SS/AT, PET, FLA e ANT foram 36.18, 10.70, 112.04, 5.27 N, 17.57 %, 0.69 %, 27.13, 167.90 mg 100g⁻¹, 106.70 mg 100g⁻¹ e 341.73 mg

100g⁻¹, respectivamente.

As estimativas de repetibilidade individual ($r = h^2$) variaram de 0.40 a 0.93, sendo consideradas altas para a maioria das características avaliadas: PET (0.93), c^* (0.91), h^* (0.85), L (0.73), ANT (0.72), FR (0.66), e intermediárias para SS (0.58), AT (0.54), FLA (0.49) e SS/AT (0.40) (Tabela 2). O coeficiente de repetibilidade pode variar de 0 a 1, sendo 1 repetibilidade máxima. Esta classificação considera as faixas indicadas por Resende (2009), para repetibilidade (r) em espécies perenes como alta ($r \geq 0.60$), média ($0.30 \leq r \leq 0.60$) e baixa ($r \leq 0.30$). A acurácia seletiva média (A_{cm}) prevista pelo procedimento REML para os parâmetros avaliados apresentou variação de 0.76 (SS/AT) a 0.97 (c^*) (Tabela 2), indicando alto grau de certeza nas inferências para todas as variáveis.

Os valores genotípicos (BLUP individual) estimados para as características de qualidade e compostos bioativos presente nos frutos entre as cultivares avaliadas neste estudo são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3. BLUP individual de 36 cultivares brasileiras de videira em termos de L - luminosidade, c* - cromaticidade, h* - ângulo Hue, FR - firmeza da baga (N), SS - sólidos solúveis (%), AT - acidez titulável (%), SS/AT - relação entre sólidos solúveis e acidez titulável, PET - polifenóis extraíveis totais (mg 100g⁻¹), FLA - flavonoides amarelos (mg 100g⁻¹) e ANT - antocianinas totais (mg 100g⁻¹).

Nº	Cultivar	L	c*	h*	FR	SS	AT	SS/AT	PET	FLA	ANT
1	A Dona	33.26	8.76	44.59	6.32	19.15	0.75	26.26	84.65	50.13	54.59
2	Aurora	43.93	20.02	117.37	3.90	18.59	0.89	22.83	49.52	47.05	54.59
3	Benitaka	30.59	7.09	41.81	5.63	16.75	0.74	23.91	109.86	58.14	108.14
4	Branca salitre	39.80	13.73	115.86	5.49	16.86	0.96	20.66	77.89	42.08	54.59
5	BRS Carmem	27.96	1.41	206.33	6.99	19.44	0.76	26.89	284.07	239.20	1718.12
6	BRS Clara	46.81	22.89	116.77	4.69	17.67	0.90	22.98	118.52	47.03	54.59
7	BRS Cora	28.93	1.58	229.19	5.55	18.87	0.65	29.15	395.72	164.73	933.62
8	BRS Ísis	32.08	10.54	54.05	5.95	15.97	0.65	25.86	104.78	205.35	101.91
9	BRS Linda	42.60	18.54	117.63	4.73	14.70	0.72	24.18	164.24	56.13	54.59
10	BRS Magna	28.67	1.34	189.67	4.09	17.81	0.57	32.84	214.21	146.55	1070.63
11	BRS Margot	28.77	1.46	199.16	6.51	19.48	0.67	29.20	298.07	119.43	896.44
12	BRS Melodia	35.32	12.00	45.67	4.77	17.88	0.70	26.79	107.03	60.87	62.61
13	BRS Morena	42.15	17.56	113.97	7.13	16.98	0.73	24.58	152.05	439.00	796.12
14	BRS Núbia	31.72	2.78	290.27	6.01	16.86	0.51	33.79	105.72	86.07	186.96
15	BRS Tainá	42.59	13.48	112.55	5.93	16.08	0.61	26.81	90.52	47.57	54.59
16	BRS Violeta	27.72	1.07	139.73	4.57	19.02	0.57	33.61	742.51	304.32	2113.05
17	BRS Vitória	28.15	2.92	68.29	4.10	18.93	0.64	29.69	363.08	117.18	356.18
18	BRS Maria Bonita	35.40	10.50	38.45	5.08	15.64	0.68	25.10	110.06	55.61	74.08
19	BRS Pérola	55.80	17.49	100.02	4.78	17.13	0.59	25.10	100.11	44.44	54.59

20	Concord Clone	31.77	2.57	277.79	4.32	17.48	0.59	32.10	202.40	167.51	1257.72
21	Dona Zilé	41.83	8.89	85.86	5.48	15.27	0.49	32.35	120.83	183.42	91.99
22	IAC 0116-31	42.19	18.14	105.01	5.86	19.33	0.71	27.87	140.91	53.98	54.59
23	IAC 138-22	26.69	0.93	145.03	3.17	15.22	0.75	22.45	523.03	105.05	844.81
24	IAC 77526	43.42	20.31	114.89	3.82	19.63	0.75	27.16	47.85	47.35	54.59
25	Itália Muscat	40.67	14.78	115.52	5.79	15.60	0.91	20.28	54.65	57.02	54.59
26	Isabel Precoce	28.03	1.70	78.00	4.06	19.60	0.78	26.64	126.07	90.68	302.47
27	Isaura	32.61	10.09	28.32	4.92	16.34	0.58	28.52	246.55	147.21	70.33
28	Maria	41.89	18.92	114.20	4.22	17.97	0.80	24.21	52.03	46.08	54.59
29	Moscatel de Jundiai	41.23	15.78	110.78	6.41	17.43	0.69	25.85	89.54	47.48	54.59
30	Moscato Embrapa	41.72	16.87	115.32	6.66	19.06	0.58	32.62	60.07	47.49	54.59
31	Niágara Rosada	34.42	12.53	44.11	3.76	17.66	0.64	27.94	95.05	53.25	58.96
32	Patrícia	29.39	6.57	27.53	7.15	18.50	0.77	25.64	112.13	97.87	227.48
33	Patrícia Dourada	39.25	12.11	90.16	6.81	16.65	0.57	32.17	101.61	188.13	88.96
34	Paulistinha	39.55	17.83	113.42	3.68	19.31	0.57	33.96	119.75	48.59	54.59
35	Piratininga	32.35	9.92	35.87	6.01	17.07	0.67	26.26	211.50	83.70	122.78
36	Soraya	33.20	12.02	90.42	4.28	16.46	0.60	20.56	67.81	45.40	54.59

Conforme apresentado na Tabela 3, houve variações entre os componentes de cor de 55.80 ('BRS Pérola') a 26.69 ('IAC 138-22') para L, de 22.89 ('BRS Clara') a 0.93 ('IAC 138-22') para c^* e de 290.27 ('BRS Núbia') a 27.53 ('Patrícia') para h^* . A FR variou de 7.15 N ('Patrícia') a 3.17 N ('IAC 138-22'). Quanto as características físico-químicas avaliadas, o teor de SS variou de 19.63 % ('IAC 77526') a 14.70 % ('BRS Linda'), a AT de 0.96 % ('Branca Salitre') a 0.49 % ('Dona Zilé') e a relação entre SS/AT de 33.96 ('Paulistinha') a 20.28 ('Itália Muscat') (Tabela 3).

Além disso, com relação aos compostos bioativos presentes nos frutos avaliados, o teor de PET variou de 742.51 mg 100g⁻¹ ('BRS Violeta') a 47.85 mg 100g⁻¹ ('IAC 77526'), o teor de FLA de 439.00 mg 100g⁻¹ ('BRS Morena') a 42.08 mg 100g⁻¹ ('Branca Salitre') e o teor de ANT de 2113.05 mg 100g⁻¹ ('BRS Violeta') a 54.59 mg 100g⁻¹ ('A Dona', 'Aurora', 'Branca Salitre', 'BRS Clara', 'BRS Linda', 'BRS Tainá', 'BRS Pérola', 'IAC 0116-31', 'IAC 77526', 'Itália Muscat', 'Maria', 'Moscatel de Jundiaí', 'Moscato Embrapa', 'Paulistinha' e 'Soraya'), todas uvas brancas (Figura 1), com teores de ANT padrão (Tabela 3).

As estimativas de correlações de Pearson entre as características avaliadas são apresentadas na Tabela 4. As correlações foram baixas ou negativas para a maioria das características avaliadas. A maior correlação positiva foi entre L e c^* (0.87), seguido pelas estimativas de correlação significativas para teor de PET e ANT (0.78), teor de FLA e ANT (0.66), h^* e ANT (0.56), teor de PET e FLA (0.49), h^* e SS/AT (0.35), SS/AT e ANT (0.33) e teor de SS e SS/AT (0.33). Por outro lado, também houve correlações negativas entre algumas características (Tabela 4). A maior correlação negativa observada foi entre AT e SS/AT (-0.77), seguida por c^* e teor de ANT (-0.64).

Tabela 4. Correlações de Pearson entre características de qualidade de frutos e compostos bioativos em cultivares brasileiras de videira.

	L	c*	h*	FR	SS	AT	SS/AT	PET	FLA
c*	0.87*								
h*	-0.14 ^{ns}	-0.34*							
FR	-0.01 ^{ns}	-0.06 ^{ns}	-0.02 ^{ns}						
SS	-0.17 ^{ns}	-0.11 ^{ns}	0.15 ^{ns}	0.03 ^{ns}					
AT	0.16 ^{ns}	0.32 ^{ns}	-0.16 ^{ns}	-0.02 ^{ns}	0.08 ^{ns}				
SS/AT	-0.23 ^{ns}	-0.36*	0.35*	0.06 ^{ns}	0.33*	-0.77*			
PET	-0.56*	-0.62*	0.27 ^{ns}	-0.13 ^{ns}	0.13 ^{ns}	-0.21 ^{ns}	0.29 ^{ns}		
FLA	-0.29 ^{ns}	-0.35*	0.22 ^{ns}	0.31 ^{ns}	0.00 ^{ns}	-0.24 ^{ns}	0.29 ^{ns}	0.49*	
ANT	-0.53*	-0.64*	0.56*	0.01 ^{ns}	0.28 ^{ns}	-0.16 ^{ns}	0.33*	0.78*	0.66*

Notas: L - luminosidade, c* - cromaticidade, h* - ângulo Hue, FR - firmeza da baga (N), SS - sólidos solúveis (%), AT - acidez titulável (%), SS/AT - relação entre sólidos solúveis e acidez titulável, PET - polifenóis extraíveis totais (mg 100g⁻¹), FLA - flavonoides amarelos (mg 100g⁻¹), ANT - antocianinas totais (mg 100g⁻¹), ^{ns} não significativo, * significativo pelo teste t ($p < 0,05$).

De acordo com a PCA, o conjunto de dados foi representado nos dois primeiros componentes principais, e juntos representaram 54,59% da variabilidade total dos dados (Figura 3). A PCA colocou as 10 características avaliadas em dez componentes. Os quatro primeiros componentes apresentaram autovalores maior que 1 e explicaram 77,74% da variação total (Tabela 5). O primeiro componente, que representou 40,12% da variação total, as maiores contribuições foram das características ANT, PET e c*. O segundo componente, que explicou 14,47% da variação total, teve sua maior contribuição oriunda das variáveis AT e relação SS/AT. O terceiro componente, explicando 12,06% da variação total, incluiu FR e FLA. Finalmente, o quarto componente, responsável por 11,08% da variação total, teve a maior contribuição do teor de SS.

Tabela 5. Primeiros dez componentes da análise PCA de 10 atributos de qualidade e compostos bioativos analisados em 36 cultivares brasileira de videira, 2022-2023

PC	Autovalor	Variância total (%)	Variância acumulada (%)
1	4.012**	40.12	40.12
2	1.447**	14.47	54.60
3	1.206**	12.06	66.65
4	1.108**	11.08	77.74
5	0.961 ^{ns}	9.61	87.35
6	0.703 ^{ns}	7.03	94.37
7	0.286 ^{ns}	2.86	97.23
8	0.126 ^{ns}	1.26	98.49
9	0.084 ^{ns}	0.84	99.34
10	0.066 ^{ns}	0.66	100.00

Notas: ** autovalor significativo ($p \geq 1$), ^{ns} não significativo.

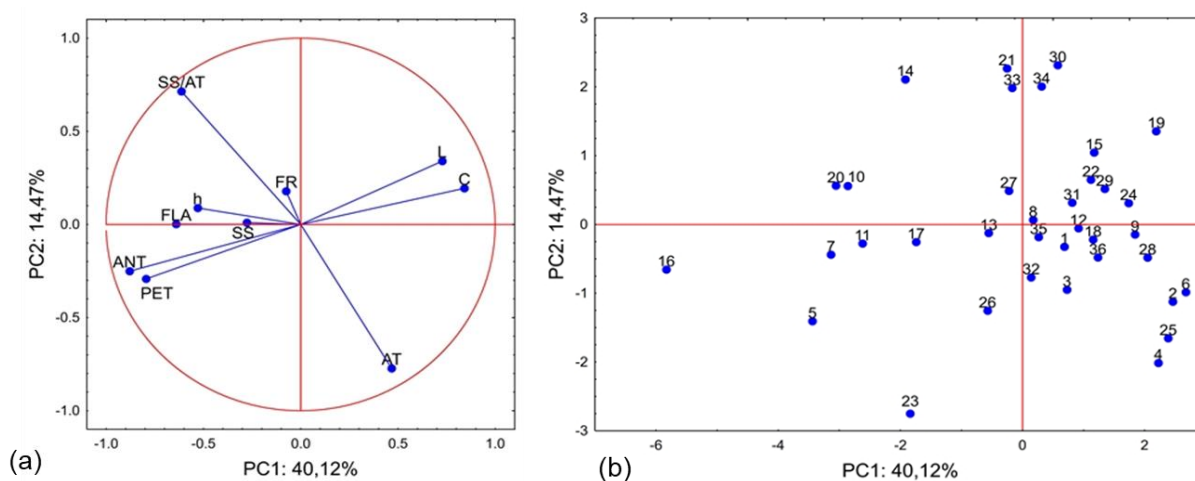


Figura 3. Análise de componentes principais (PCA) obtida de 36 cultivares de videira, 2022-2023: gráfico de carga fatorial de características de qualidade de uvas ao longo de PC1 e PC2 (A) e distribuição das amostras em gráficos de pontuação (B).

A topologia de rede ótima para o mapa de Kohonen foi encontrada utilizando as dimensões com cinco colunas e quatro linhas totalizando 20 neurônios, realizando 1.000 iterações, o suficiente para estabilizar o processo de treinamento (Figura 4).

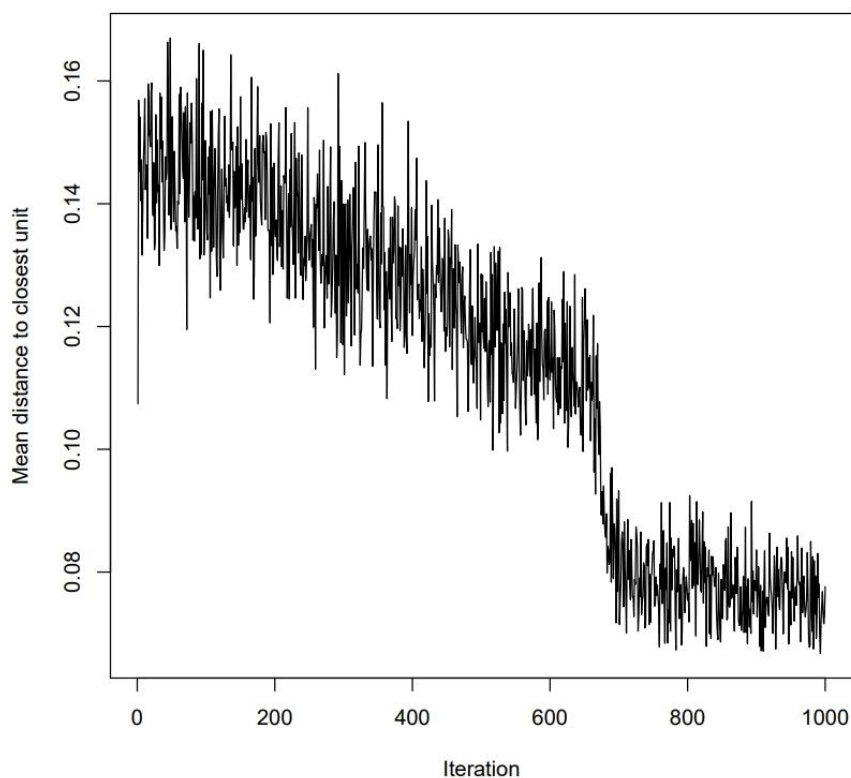
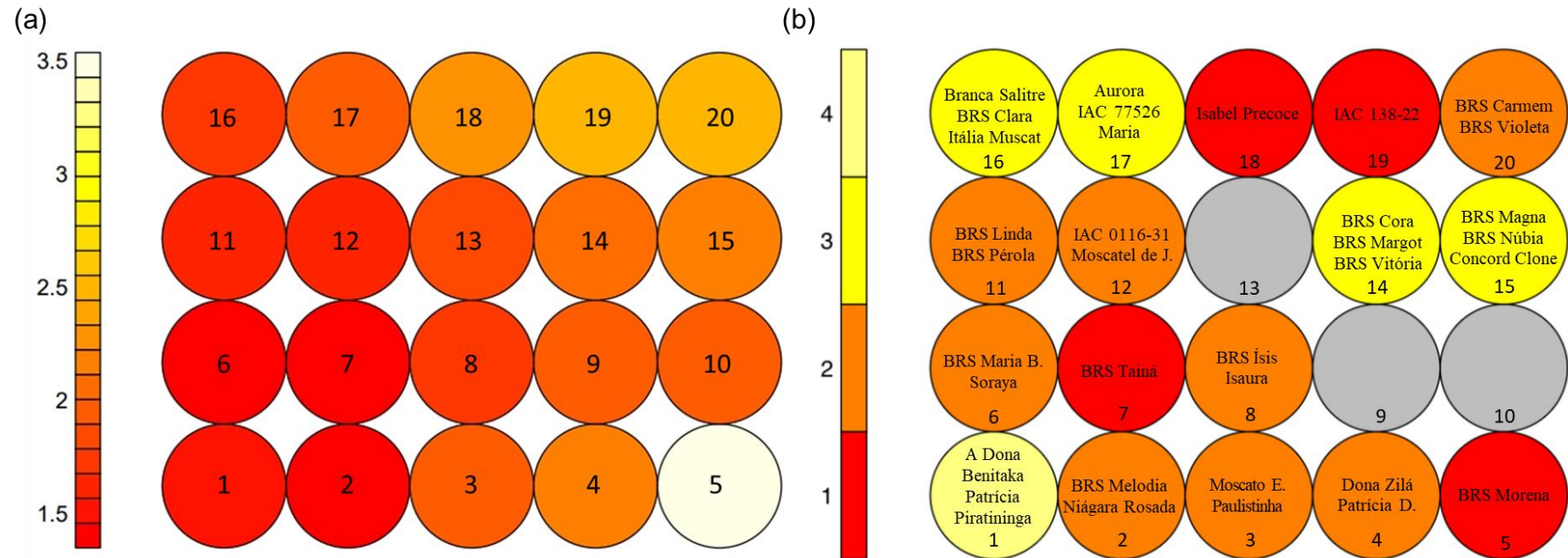


Figura 4. Número de interações necessárias da rede SOM de Kohonen em função da distância média até a unidade mais próxima. O número de 1.000 interações foi suficiente para conseguir a estabilização da distância entre os neurônios vizinhos.

Considerando como critério a distância entre os neurônios vizinhos baseado na Figura 5a, verificou-se que um possível grupo formado pode ser observado entre os neurônios 1, 2, 6, 7, 11, 12, 16 e 17 devido à maior proximidade entre eles. Esses neurônios apresentaram maior distância genética comparados com o neurônio 5, no entanto, menor distância com os neurônios 3, 4, 8, 9, 10, 13, 14, 15 e 18. O neurônio 5 apresentou maior proximidade com os neurônios 19 e 20 comparado com os neurônios vermelhos mais próximos (Figura 5a).

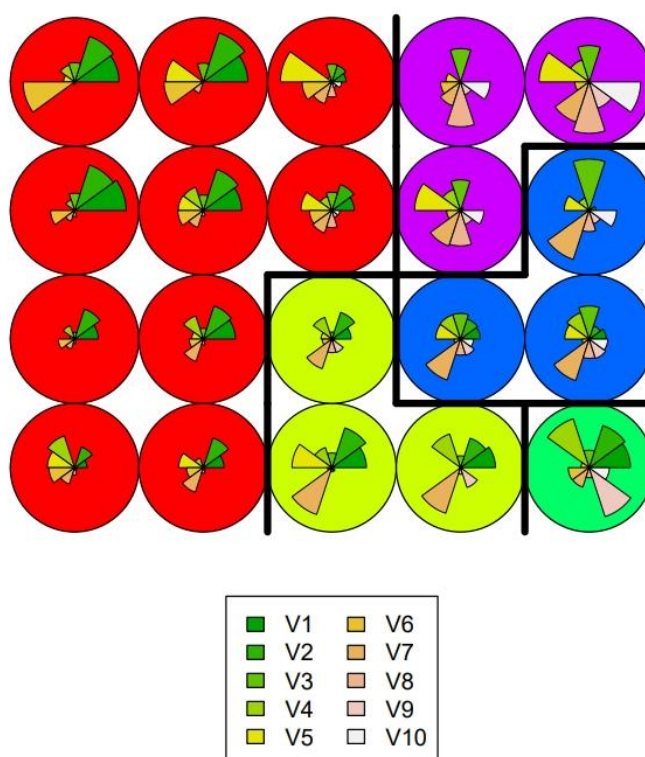


Notas: (a) Os números centrais referem-se ao número de neurônios. O gradiente de cor refere-se à distância entre os neurônios vermelhos mais próximos e os amarelos mais distantes; (b) Os nomes em cada neurônio são referentes as cultivares avaliadas. O gradiente de cor refere-se ao número de cultivares alocadas dentro do mesmo neurônio.

Figura 5. Mapa auto-organizado de Kohonen em configuração retangular com 20 neurônios para 36 cultivares de videira. (a) Distância entre neurônios vizinhos da rede SOM de Kohonen. (b) Alocação das cultivares e organização da variação estabelecida pela rede SOM.

O número de cultivares alocadas em cada neurônio são descritos na Figura 5b. Os neurônios 5, 7, 18 e 19 alocaram apenas uma única cultivar cada. Os neurônios 2, 3, 4, 6, 8, 11, 12 e 20 alocaram duas cultivares cada. Os neurônios 14, 15, 16 e 17 agruparam três cultivares cada. Entretanto, os neurônios 9, 10 e 13 não alocaram nenhuma cultivar e esse evento não é considerado erro na análise. Por ser um processo interativo, as cultivares que talvez fossem alocadas nesses neurônios foram alocadas nos neurônios vizinhos. O neurônio 1 integrou o maior número de cultivares (A Dona, Benitaka, Patrícia e Piratininga), todas uvas de mesa, desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético do IAC e da Embrapa.

Os agrupamentos formados pela rede SOM de Kohonen está representada na Figura 6. Foram formados 5 grupos para os 20 neurônios em função da importância das variáveis de qualidade e compostos bioativos dos frutos analisadas.



Notas: V1 - luminosidade (L), V2 - cromaticidade (c*), V3 - ângulo Hue (h*), V4 - firmeza da baga (FR), V5 - sólidos solúveis (SS), V6 - acidez titulável (AT), V7 - relação entre sólidos solúveis e acidez titulável (SS/AT), V8 - polifenóis extraíveis totais (PET), V9 - flavonoides amarelos (FLA), V10 - antocianinas totais (ANT), grupo 1 - neurônios vermelhos, grupo 2 - neurônios verde-claros, grupo 3 - neurônio verde-escuro, grupo 4 - neurônios azuis, grupo 5 - neurônios roxos.

Figura 6. Agrupamento em função da importância das variáveis avaliadas, com 20

neurônios para as 36 cultivares de videira.

O grupo 1 (neurônios vermelhos) foi formado com dez neurônios (1, 2, 6, 7, 11, 12, 13, 16, 17 e 18) (Figura 6), integrou o maior número de cultivares, a saber: A Dona, Aurora, Benitaka, Branca Salitre, BRS Clara, BRS Linda, BRS Melodia, BRS Tainá, BRS Maria Bonita, BRS Pérola, IAC 0116-31, IAC 77526, Isabel Precoce, Itália Muscat, Maria, Moscatel de Jundiaí, Niágara Rosada, Patrícia, Piratininga e Soraya; apresentando importância para as variáveis L, c*, SS e AT.

O grupo 2 (neurônios verde-claros) foi formado com os neurônios 3, 4 e 8 (Figura 6), apresentou importância para as variáveis L, c*, FR, SS e relação entre SS/AT; nas quais foram integradas as cultivares BRS Ísis, Dona Zilé, Isaura, Moscato Embrapa, Patrícia Dourada e Paulistinha. A proximidade dos grupos 1 e 2 é explicada pelo compartilhamento de importância dos caracteres L, c* e SS, sendo este último caractere responsável pelo padrão de similaridade com o grupo 4.

O grupo 3 (neurônio verde-escuro) apresentou grande importância para FR e FLA, na qual foi formado apenas com um único neurônio (5) e uma única cultivar (BRS Morena). Sua proximidade com outros grupos é explicada pelo compartilhamento de importância das características, L e c* (Grupo 1 e 2) e ANT (Grupo 4 e 5).

O grupo 4 (neurônios azuis) foi formado com três neurônios (9, 10 e 15), integrando as cultivares Concord Clone, BRS Magna e BRS Núbia; apresentou maior importância para as variáveis h* e relação entre SS/AT. O grupo 5 (neurônios roxos) foi formado com os neurônios 14, 19 e 20, e integrou as cultivares BRS Carmem, BRS Cora, BRS Margot, BRS Violeta, BRS Vitória e IAC 138-22; com maior importância para as variáveis h*, SS, relação entre SS/AT, PET, FLA e ANT. A proximidade dos grupos 4 e 5 é estabelecida pelo comportamento das características h*, FR, SS, SS/AT e ANT.

Análise comparativa dos grupos 1 e 4 permite identificar que esses grupos se diferenciam principalmente pelo h*, AT, FLA e ANT. Esses grupos apresentam similaridade genética para as características L, c*, FR, SS, relação entre SS/AT e PET. Os grupos 2 e 5 diferem entre si, principalmente quanto a L, c*, h*, AT, PET e ANT. Entretanto, apresentaram proximidade para as características FR, SS,

relação entre SS/AT e FLA. As cultivares alocadas nos grupos 1 e 5 apresentaram grande dissimilaridade genética para L, c^* , relação entre SS/AT, PET, FLA e ANT. Em contrapartida, maior similaridade genética para h^* , FR, SS e AT. As variáveis SS, PET, FLA e ANT foram determinantes no agrupamento das cultivares no grupo 5.

4 DISCUSSÃO

O conhecimento da diversidade genética entre cultivares de videira é muito importante para programas de melhoramento genético e pode ser verificado através de características de qualidade e compostos bioativos dos frutos. Desse modo, a estimativa de parâmetros genéticos (Carvalho et al. 2020) e o uso das redes neurais pode contribuir para uma maior precisão nos estudos de diversidade genética da videira. Nesse contexto, modelos com parâmetros genéticos significativos são os mais recomendados para estimar componentes de variância e predizer valores genotípicos para cada característica. A análise de deviance utilizando o teste da razão de verossimilhança avalia a significância dos efeitos genotípicos, sendo indicada para análise de modelos mistos (Carvalho et al. 2023). Neste estudo, esta análise revelou efeito significativo entre as cultivares avaliadas para todas as características analisadas, indicando condições favoráveis para estimativa da diversidade genética.

As médias obtidas para as características avaliadas no presente estudo (Tabela 2) concordam com as médias encontradas por Sales et al. (2019) em que estudando 81 híbridos de uvas de mesa observaram médias de 17.08 % para SS e 27.88 para relação entre SS/AT. Leão et al. (2018) estudando 194 progênies, derivadas de 30 cruzamentos entre cultivares de espécies de *Vitis vinifera* e híbridos interespecíficos, em quatro safras observaram média de 17.13 % para SS, corroborando com o atual estudo. Carvalho et al. (2023) avaliando 200 híbridos (F1) originados de 39 cruzamentos entre cultivares de *Vitis* spp, observaram resultados diferentes do presente estudo para médias de SS (16.50 %) e relação entre SS/AT (36.39).

As diferenças observadas no estudo acima, pode ser explicada por que foi realizado em novos híbridos de uva de mesa, em experimentos com apenas uma planta por genótipo. Neste estudo, foram avaliadas cultivares de uvas de mesa e de processamento que já passaram por um processo de seleção e recomendação.

Os valores de V_{fp} foram maiores que os valores de V_{et} para a maioria das características avaliadas, indicando que a contribuição da variação ambiental foi relativamente menor que a contribuição da variação genética para a expressão destas características, exceto para relação entre SS/AT, na qual o V_{et} apresentou maior porção da variância fenotípica individual, indicando que essa característica é fortemente influenciada pelas condições ambientais. O mesmo resultado pôde ser encontrado por Carvalho et al. (2023), que observaram valores de V_{et} superiores aos valores de V_{fp} para relação entre SS/AT, indicando que para essa característica a variação ambiental foi maior que a variação genética.

A repetibilidade em espécies perenes ($r = h^2$) é um dos parâmetros genéticos mais importantes para o melhorista e demonstra o comportamento das cultivares em manter a expressão da característica ao longo de diferentes ambientes ou anos (Carvalho et al. 2023). Altos valores de repetibilidade indicam maiores estabilidades devido à maior influência da natureza genética em relação ao ambiente na expressão da característica, e sua magnitude mostra a importância da estimativa mais precisa da diversidade genética com base no valor genotípico previsto em vez do fenótipo observado (Carvalho et al. 2020). As estimativas do coeficiente de repetibilidade obtidas neste estudo foram, em sua maioria, consideradas altas (Tabela 2), demonstrando que essas variáveis apresentam grande estabilidade média em termos de similaridade de valores nos ciclos sucessivos de avaliações, sendo pouco influenciadas pelo ambiente, apresentando maior herdabilidade dos genótipos na expressão das características ao longo das safras avaliadas.

Na literatura é escasso informações sobre os parâmetros genéticos para as características de compostos bioativos na videira, quer seja em estudos de diversidade genética ou outros objetivos.

A acurácia representa a correlação entre o valor genotípico real e o valor predito com base nas informações experimentais de campo. Quanto menores os desvios absolutos entre esses valores, maior será a precisão, além da eficácia da inferência sobre os valores genotípicos (Costa et al. 2023; Resende e Duarte 2007). Estimativas de acurácia superiores a 0,70 são suficientes para uma inferência precisa sobre o valor genético dos indivíduos (Santos et al. 2015). Neste estudo foram obtidos altos valores de acurácia para todas as características, indicando bom controle experimental, baixa influência ambiental, alto controle genético, alta confiabilidade e cenário favorável para inferência das distâncias genéticas entre as

cultivares utilizadas neste estudo.

Os valores genotípicos obtidos no presente estudo demonstram que as cultivares de uvas de mesa e uvas para processamento avaliadas (Tabela 3), apresentaram boas características associadas ao sabor, coloração, firmeza do fruto e compostos bioativos.

A metodologia de modelo misto REML/BLUP utilizada para estimar a variância genética a partir da variância fenotípica, contribuiu para melhorar a precisão da estimativa da diversidade genética entre as cultivares de videira avaliadas.

A análise de correlação fornece uma imagem real da associação entre diferentes características, bem como a contribuição direta e indireta de uma característica sobre outra. No presente estudo, as características foram avaliadas para análise de correlação que refletiu significativamente as correlações positivas e negativas. Correlações altas e positivas entre características de qualidade dos frutos sugerem que as associações entre essas características são de interesse biológico (Skinner et al., 1999). Analisando as correlações entre as características apresentadas na tabela 4, observa-se que PET, FLA e ANT apresentaram correlações positivas entre si. Uma importante correlação observada foi entre o teor de ANT e h^* , essa correlação permite que frutos ricos em ANT sejam selecionados a partir da avaliação da cor das bagas, quanto maior o h^* das bagas, maior o teor de ANT, considerando que a avaliação do teor de ANT em frutos é uma análise onerosa e de elevado custo.

A análise de componentes principais serve como uma técnica de redução de dados que identifica variáveis que explicam a maior parte da variação observada em um conjunto de dados (Jolliffe, 2002). Gawande e Haral (2023) enfatizaram a importância dos dois primeiros componentes principais na exibição da variabilidade intrínseca entre os diferentes genótipos e os caracteres associados a estes foram considerados valiosos na discriminação de genótipos. Leão et al. (2011) precisaram de doze componentes principais para explicar as variações de seu conjunto de dados. Neste estudo, com base nos autovalores e nas cargas fatoriais das características avaliadas, foram necessários dez componentes principais para explicar 100% da variação total dos dados.

Batista et al. (2015), avaliando 31 variedades do Banco Ativo de Germoplasma de videira da Embrapa Semiárido, com base em onze características

de qualidade e compostos bioativos dos frutos, observaram a formação de 5 grupos, sendo que 58% concentraram em um único grupo. Os autores concluíram que, para as variáveis de compostos bioativos que foram analisadas, a variabilidade genética existente nessas variedades permitiu a identificação de genótipos divergentes com potencial de aproveitamento em futuras ações de melhoramento voltadas para a melhoria das propriedades funcionais.

O uso do SOM de Kohonen permitiu a identificação de padrões similares e a categorização das cultivares com base em suas distâncias (Oliveira et al. 2020). A adoção da topologia retangular neste estudo visou minimizar potenciais erros na etapa de classificação (Ramiah, 2019). Conseqüentemente, as cultivares com maior afinidade genética foram agrupadas dentro do mesmo neurônio. A disposição da estrutura topológica refletiu a similaridade entre as cultivares em análise, facilitando a classificação por proximidade (Santos et al. 2019; Gomes et al. 2021).

Todas as características analisadas no presente estudo são de particular interesse econômico. A coloração das bagas é um dos atributos de qualidade mais atraentes para os consumidores, devendo apresentar uniformidade e intensidade. Abe et al. (2007) ressaltaram que quanto mais intensa for a coloração da uva, maior sua relevância como alimento funcional, uma vez que as uvas de coloração escura contêm maior teor de compostos bioativos e exibem maior atividade antioxidante. As cultivares Aurora, Branca Salitre, BRS Clara, BRS Linda, BRS Morena, BRS Tainá, BRS Pérola, IAC 0116-31, IAC 77526, Maria, Moscatel de Jundiaí e Moscato Embrapa (Tabela 3), integradas nos grupos 1, 2 e 3 apresentaram maior importância para os atributos de cor L e c^* , e explica a proximidade entre esses grupos. As cultivares BRS Carmem, BRS Cora, BRS Núbia e Concord Clone (Tabela 3), alocadas nos grupos 4 e 5 apresentaram maiores valores para o atributo h^* , o que explica a intensidade de cor presentes nos frutos dessas cultivares.

A firmeza é amplamente utilizada como indicador de qualidade em bagas de uva. Esta é uma característica importante em uvas de mesa, pois frutos com maior resistência à força de compressão apresentam maior vida útil, associada à menor suscetibilidade a podridões pós-colheita e a danos mecânicos. O grupo 3 composto exclusivamente pela cultivar 'BRS Morena', destacou-se pela maior importância atribuída a FR. Mascarenhas et al. (2012), avaliando a FR em diferentes cultivares de videira apresentaram valores superiores de 6.65 N para a cultivar 'BRS Morena', seguida de 5.80 N para 'BRS Clara', 5.13 N e 3.96 N para 'BRS Linda', o mesmo

comportamento pôde ser observado neste estudo, o que explica os maiores pesos atribuídos para este grupo. Entretanto, o grupo 5 formado em sua maioria com uvas para processamento apresentou pouca importância para esta variável. Batista et al. (2015), avaliando a diversidade genética com base na resistência da baga à força de compressão obteve os menores valores médios para as variedades de uvas de processamento Tannat, Máximo e Tibouren, cujos valores foram de 2.52, 2.53 e 2.96 N, respectivamente. A importância de se conhecer a resistência da baga à força de compressão em uvas para processamento está associada à facilidade de execução da etapa de esmagamento, que constitui a primeira separação entre o suco e as partes sólidas, casca e semente, durante o processamento (Soares et al. 2008; Manfroi, 2009).

As cultivares A Dona, BRS Carmem, BRS Margot, BRS Violeta, BRS Vitória, IAC 0116-31, IAC 77526, Isabel Precoce, Moscato Embrapa e Paulistinha, alocadas nos grupos 1, 2 e 5 apresentaram maior importância para SS, indicando proximidade entre esses grupos com base nesta variável. Os SS estão associados à doçura e principalmente ao sabor das frutas (Shafique et al. 2006). Altos teores de SS são provenientes da gliconeogênese, acúmulo de açúcares (sacarose, glicose e frutose) e redução de ácidos orgânicos (Cortés et al. 2016). A importância desses grupos para esta variável pode ser explicada pela alocação de cultivares na sua maioria uvas para processamento, devido aos seus valores elevados comparados com uvas de mesa, sendo uma característica determinante para a qualidade de uvas para processamento (Costa et al. 2021).

Os ácidos orgânicos são caracterizados por suas propriedades ácidas fracas, são substâncias necessárias para o metabolismo aeróbico e importantes constituintes do sabor, que contribuem para a qualidade, propriedades organolépticas e acidez da fruta (Vallarino e Osorio 2019). Santos (2022) relatou que os ácidos tartárico, cítrico e málico são os ácidos orgânicos mais abundantes encontrados nas uvas. Os ácidos orgânicos estão presentes em diferentes concentrações nas cultivares. De acordo com Uyak et al. (2020), as quantidades de ácidos orgânicos variaram de 1362,06 $\mu\text{g g}^{-1}$ a 4269,90 $\mu\text{g g}^{-1}$ para o ácido tartárico em estudo com diferentes cultivares de uvas e de 1072,70 $\mu\text{g g}^{-1}$ a 2858,69 $\mu\text{g g}^{-1}$ para o ácido málico. Altos teores de ácidos muitas vezes reduzem a qualidade da fruta, mas concentrações moderadas podem melhorar a palatabilidade da baga (Yang et al. 2020). Desse modo, o grupo 1 apresentou maior importância para AT,

podendo ser associado a altos teores. As cultivares integradas neste grupo precisam de uma atenção maior, visto que altos teores de AT pode reduzir a qualidade da fruta. O conteúdo de ácidos orgânicos depende da síntese ácida, degradação, utilização, compartimentação e fatores externos, como temperatura, luz, fertilização, disponibilidade hídrica e outras práticas de manejo na planta (Zeravik et al. 2016).

A relação SS/AT indica o grau de doçura de um fruto ou de seu produto, evidenciando qual o sabor predominante, o doce ou o ácido, ou ainda se há equilíbrio entre eles (Arendse et al. 2018). As cultivares alocadas nos grupos 2, 4 e 5 apresentaram maior importância para SS/AT, com valores recomendados para a cultura, a qual podem ser associadas a uma melhor aceitação dos frutos pelo consumidor, e sua magnitude explica a proximidade entre esses grupos.

A composição dos compostos bioativos em uvas varia de acordo com a espécie, cultivar, condições de crescimento, práticas agrônômicas, condições de armazenamento pós-colheita e processamento, bem como nas diferentes frações (casca, polpa, sementes, suco) (Montealegre et al. 2006; Xia et al. 2010). O grupo 5 exibiu maior influência para as variáveis PET, FLA e ANT, caracterizado pela sua maioria uvas para processamento ricas em compostos bioativos (Costa et al. 2020), e sua proximidade com o grupo 3 é explicada pelos teores de FLA. Considerando a possibilidade de obtenção de cultivares melhoradas com teores superiores de compostos bioativos com propriedades funcionais, atuando na prevenção de algumas doenças, as cultivares alocadas nos grupos 3 e 5 são as mais recomendadas para os programas melhoramento genético de videira com esse foco.

As cultivares reunidas em grupos mais distantes, com maior divergência genética, na sua maioria podem ser vistas como promissoras para futuros cruzamentos artificiais, visando à obtenção de uvas híbridas para diferentes aptidões, com caracteres de qualidade superior, teor elevado de compostos bioativos e com altos níveis de atividade antioxidante. No entanto, outros fatores devem ser considerados na seleção de pais para uso em programas de melhoramento como o seu desempenho agrônômico e outras características específicas.

Os resultados obtidos neste estudo mostraram diferenças significativas entre as cultivares de uva investigadas em relação às características de qualidade e

compostos bioativos dos frutos. A variabilidade genética para teores de compostos bioativos, determinados por meio de PET, FLA e de ANT, existente em cultivares brasileiras de videira permitiu a identificação de genótipos divergentes com potencial de aproveitamento em futuras ações de melhoramento voltadas para a melhoria das propriedades funcionais.

Estudos como este são essenciais para conhecer e ampliar a base genética das cultivares brasileiras de videira. Nesse contexto, as metodologias utilizadas contribuíram para uma maior precisão nas estimativas da diversidade genética entre as cultivares analisadas.

5 CONCLUSÃO

A análise REML/BLUP proporcionou alta precisão das estimativas da diversidade genética entre as cultivares brasileiras de videira.

A metodologia de Mapas Auto-organizáveis (SOMs) demonstrou eficácia na detecção da divergência genética entre as cultivares, além de permitir identificar as variáveis com maior peso nos agrupamentos.

Existe variabilidade genética satisfatória entre as cultivares brasileiras de videira de uvas de mesa e uvas para processamento, com base em características de qualidade e compostos bioativos dos frutos.

As cultivares de uvas para processamento apresentaram o maior conteúdo de compostos bioativos devido aos altos teores de PET, FLA e ANT. As cultivares 'BRS Morena' e 'BRS Vitória' são as mais promissoras em futuros cruzamentos visando cultivares de uvas de mesa com altos teores de compostos bioativos.

REFERÊNCIAS

Abe LT, Mota RV, Lajolo FM, Genovese MI (2007) Compostos fenólicos e capacidade antioxidante de cultivares de uvas *Vitis labrusca* L. e *Vitis vinifera* L. **Food Science and Technology** 27: 394-400. <https://doi.org/10.1590/S0101-20612007000200032>

Alvares CA, Stape JL, Sentelhas PC, Gonçalves JDM, Sparovek G (2013) Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische zeitschrift** 22: 711-728. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>

AOAC (2002) **Association on Official Agricultural Chemists**. Official methods of analysis of the AOAC International. AOAC, Washington, DC.

Arendse E, Fawole OA, Magwaza LS, Opara UL (2018) Non-destructive prediction of

internal and external quality attributes of fruit with thick rind. **Journal of Food Engineering** 217: 11-23. <https://doi.org/10.1016/j.jfoodeng.2017.08.009>

Batista PF, Lima MAC, Leão PCS, Souza FF, Alves RE (2015) Genetic divergence among grapevine varieties from the Active Germplasm Bank of Embrapa Semiárido. **Revista Ciência Agronômica** 46: 800-808. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150068>

Benti T, Gebre E, Tesfaye K, Berecha G, Lashermes P, Kyallo M, Yao NK (2020) Genetic diversity among commercial arabica coffee (*Coffea arabica* L.) varieties in Ethiopia using simple sequence repeat markers. **Journal of Crop Improvement** 35: 147–168. <https://doi.org/10.1080/15427528.2020.1803169>

Campos B, Viana AP, Quintal SSR, Barbosa CD, Daher RF (2016) Heterotic group formation in *Psidium guajava* L. by artificial neural network and discriminant analysis. **Revista Brasileira de Fruticultura** 38: 151-157. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-258/14>

Carvalho JN, Pio R, Carvalho PA, Barbosa MAG, Leão PCS (2023) Estimates of genetic parameters and the selection of table grape hybrids in semiarid regions of Brazil. **Euphytica** 219: 35. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03163-8>

Carvalho MS, Ferreira MFS, Oliveira WBS, Marçal TS, Guilhen JHS, Mengarda LHG, Ferreira A (2020) Genetic diversity and population structure of *Euterpe edulis* by REML/BLUP analysis of fruit morphology and microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 20: e31662048. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a61>

COMEXSTAT (2023) **Sistema para consultas e extração de dados do comércio exterior brasileiro**. Brasília: Ministério da Economia. <http://comexstat.mdic.gov.br/pt/home>. Acessado em 05 de janeiro de 2024

Cortés C, Ortiz C, Aleixos N, Blasco J, Cubero S, Talens P (2016) A new internal quality index for mango and its prediction by external visible and near-infrared reflection spectroscopy. **Postharvest Biology and Technology** 118: 148-158. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2016.04.011>

Costa CSR, Lima MAC, Neto FPL, Costa AES, Vilvert JC, Martins LSS, Musser RS (2023) Genetic parameters and selection of mango genotypes using the FAI-BLUP multitrait index. **Scientia Horticulturae** 317: 112049. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2023.112049>

Costa RR, Ferreira TDO, Felix DT, Lima MA (2021) Impact of trellis systems and rootstocks on global phenolic composition and antioxidant activity of 'Isabel Precoce' grapes produced during rainy seasons in semi-arid region of Brazil. **Ciência e Técnica Vitivinícola** 36: 126-138.

Costa RR, Ferreira TO, Lima MAC (2020) Training systems, rootstocks and climatic conditions influence quality and antioxidant activity of 'BRS Cora' grape. **Acta Scientiarum. Agronomy** 43: e49054.

<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v43i1.49054>

Cruz CD (2016) Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy** 38: 547-552. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>

Embrapa (2023) **Médias anuais da Estação Agrometeorológica de Mandacaru**. <http://www.cpatsa.embrapa.br:8080/servicos/dadosmet/estacoes/index.html>. Acessado em 31 de novembro de 2023

Francis FJ (1982) **Analysis of anthocyanins**. In: Markakis P (ed) Anthocyanins as food colors, Academic Press, New York, USA, pp 181-207

Gawande DN, Haral SS (2023) Genetic variability analysis of coloured grape varieties for berry traits. **The Pharma Innovation Journal** 12: 1112-1115.

Giovaninni E, Manfroi V (2009) **Viticultura e enologia: elaboração de grandes vinhos nos territórios brasileiros**. IFRS, Bento Gonçalves, pp 344

Gomes DA, Maciel GM, Siquieroli ACS, Oliveira CSD, Finzi RR, Marques DJ (2021) Selection of BC 1 F 3 populations of Santa Cruz type dwarf tomato plant by computational intelligence techniques. **Bragantia** 80: e4821. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20210046>

IBGE (2023) **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado>. Acessado em 26 de janeiro de 2024

Jolliffe IT (2002) **Principal component analysis for special types of data**. In: Principal Component Analysis, Springer Series in Statistics, Springer, New York, pp 338-372

Keskin N, Ekbic BH, Kaya O, Keskin S (2021) Antioxidant activity and biochemical compounds of *Vitis vinifera* L. (cv. 'Katıkara') and *Vitis labrusca* L.(cv.'Isabella') grown in Black Sea Coast of Turkey. **Erwerbs-obstbau** 63: 115-122. <https://doi.org/10.1007/s10341-021-00588-0>

Kim M, Jung JKK, Shim EJJ, Chung SMM, Park Y, Lee GP, Sim SC (2021) Genome-wide SNP discovery and core marker sets for DNA barcoding and variety identification in commercial tomato cultivars. **Scientia Horticulturae** 276: 109734. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109734>

Kohonen T (2001) **Self-Organizing Maps**. Berlim

Larrauri JA, Rupérez P, Saura-Calixto F (1997) Effect of drying temperature on the stability of polyphenols and antioxidant activity of red grape pomace peels. **Journal of Agriculture and Food Chemistry** 5: 1390-1393. <https://doi.org/10.1021/jf960282f>

Leão PCS, Borges RME (2009) **Melhoramento genético da videira**. <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/748878/1/SDC224.pdf>.

Acessado em 15 de dezembro de 2023

Leão PCS, Cruz CD, Motoike SY (2011) Genetic diversity of table grape based on morphoagronomic traits. **Scientia Agricola** 68: 42-49. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162011000100007>

Leão PCS, Nunes BTG, Souza EMC (2018) Repeatability coefficients and genetic gains in table grape progenies for the Brazilian semi-arid region. **Scientia Agricola** 75: 387-392. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2017-0046>

Lorenzis G, Chipashvili R, Failla O, Maghradze D (2015) Study of genetic variability in *Vitis vinifera* L. germplasm by high-throughput Vitis18kSNP array: the case of Georgian genetic resources. **BMC plant biology** 15: 1-14. <https://doi.org/10.1186/s12870-015-0510-9>

Ma C, Fu Z, Xu M, Trebar M, Zhang X (2016) Evaluation on home storage performance of table grape based on sensory quality and consumers' satisfaction. **Journal of food science and technology** 53: 1363-1370. <https://doi.org/10.1007/s13197-016-2177-0>

Mangiafico SS (2016) **Resumo e análise da avaliação de programas de extensão em R**, versão 1.20.01. Extensão Cooperativa Rutgers. Nova Brunsvique

Mascarenhas RDJ, Silva SDM, Lima MACD, Mendonça RMN, Holschuh HJ (2012) Characterization of maturity and quality of Brazilian apirenic grapes in the São Francisco River Valley. **Food Science and Technology** 32: 26-33. <https://doi.org/10.1590/S0101-20612012005000010>

Montealegre RR, Peces RR, Vozmediano JLC, Gascuena JM, Romero EG (2006) Phenolic compounds in skin and seeds of ten grape *Vitis vinifera* varieties grown in a warm climate. **Journal of Food Composition and Analysis** 19: 687–693. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2005.05.003>

Oliveira CRS, Silva FB, Filho EFF, Junior AFM, Ulisses C, Leão PCS (2023) The influence of rootstock on vigor and bud fertility of 'BRS Tainá' grape in the São Francisco Valley. **Revista Brasileira de Fruticultura** 45: e-103. <https://doi.org/10.1590/0100-29452023103>

Oliveira MS, Santos IG, Cruz CD (2020) Self-organizing maps: a powerful tool for capturing genetic diversity patterns of populations. **Euphytica** 216: 49. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-2569-0>

Pinheiro J (2022) **nlme: linear and nonlinear mixed effects models - R project**. Available online. <https://cran.r-project.org/web/packages/nlme/nlme.pdf>. Acessado em 05 de janeiro de 2024

R Core Team (2020) **R – A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Version 4.0.3. <https://www.r-project.org/>. Acessado em 05 de janeiro de 2024

Rahimi M, Pakravan N, Karimi R (2024) Comparison of Eleven Commercial Grape

(*Vitis vinifera* L.) Cultivars in Terms of Phenolic Profile and Antioxidant Properties. **International Journal of Horticultural Science and Technology** 11: 201-216. <https://doi.org/10.22059/ijhst.2023.359496.642>

Ramiah S (2019) Effect of lattice topologies and distance measurements in self-organizing map for better classification. **Emerging Research in Computing, Information, Communication and Applications** 1: 183-191. https://doi.org/10.1007/978-981-13-5953-8_16

Resende MDV, Duarte JB (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical** 37: 182-194. <https://www.revistas.ufg.br/pat/article/view/1867>.

Resende MDV (2009) **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, Brasil

Resende MDV (2007) **Mathematics and statistics in the analysis of experiments and genetic breeding**. Embrapa Florestas, Colombo

Resende MDV (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 16: 330-339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>

Sales W, Ishikawa FH, Souza EMC, Nascimento JHB, Souza ER, Leão PCS (2019) Estimates of repeatability for selection of genotypes of seedless table grapes for Brazilian semiarid regions. **Scientia Horticulturae** 245: 131-136. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.10.018>

Santos EA, Viana AP, Freitas JCO, Rodrigues DL, Tavares RF, Paiva CL, Souza MM (2015) Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. **Euphytica** 204: 1-11. <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1367-6>

Santos IGD, Carneiro VQ, Junior ACS, Cruz CD, Soares PC (2019) Selforganizing maps in the study of genetic diversity among irrigated rice genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy** 41: 1-9. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v41i1.39803>

Santos JMD (2022) **Determinação de ácidos orgânicos e compostos fenólicos em vinhos produzidos a partir de castas autóctones da região do algarve por cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC) e cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massa (LC-MS)**. Doctoral dissertation, Universidade do Algarve.

Santos LF, Nascimento JHB, Rodrigues AAM, Neto ERA, Lima MAC (2022) Maturation and quality of 'BRS Magna' grapes influenced by rootstocks in rainy season. **Scientia Agricola** 79: e20200216. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2020-0216>

Santos PR, Viana AP, Gomes VM, Preisigke SDC, Santos EA, Cavalcante NR, Walker MA (2018) Clonal selection in interspecific *Vitis* spp. hybrids resistant to the root-lesion nematode *Pratylenchus brachyurus* by REML/BLUP. **Fruits** 73: 191-197. <https://doi.org/10.17660/th2018/73.3.6>

Shafique MZ, Ibrahim M, Helali MOH, Biswas SK (2006) Studies on the physiological and biochemical composition of different mango cultivars at various maturity levels. **Bangladesh Journal of Scientific and Industrial Research** 41: 101-108. <https://doi.org/10.3329/BJSIR.V41I1.279>

Skinner DZ, Bauchan GR, Auricht G, Hughes S (1999) A method for the efficient management and utilization of large germplasm collections. **Crop science** 39: 1237-1242. <https://doi.org/10.2135/cropsci1999.0011183X003900040046x>

Soares M, Welter L, Kuskoski EM, Gonzaga L, Fett R (2008) Compostos fenólicos e atividade antioxidante da casca de uvas Niágara e Isabel. **Revista Brasileira de Fruticultura** 30: 59-64. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452008000100013>

Suwanatape T, Jampatong S, Jompuk C (2020) Genetic diversity of commercial field corn hybrids in Thailand as verified by SSR markers and their inbreeding depression. **Current Applied Science and Technology** 20: 429-439. <https://doi.org/10.14456/cast.2020.28>

Uyak C, Doğan A, Gazioğlu Şensoy R, Keskin N, Çavuşoğlu Ş, Çakmakçı Ö, Kunter B (2020) Determination of Phenolic Compound and Organic Acid Contents of Some Grape Varieties Grown in Hizan (Bidis) Province. **Ksu Tarım ve doğa dergisi- ksu journal of agriculture and nature** 23: 824-834. <https://doi.org/10.18016/ksutarimdogavi.655547>

Vallarino JG, Osorio S (2019) **Postharvest physiology and biochemistry of fruits and vegetables**. In: Yahia E, Carrillo- López A (ed) *Organic acids*, Switzerland: Elsevier, México, pp 207–224

Villano C, Corrado G, Basile B, Di Serio E, Mataffo A, Ferrara E, Aversano R (2023) Morphological and genetic clonal diversity within the 'Greco Bianco' grapevine (*Vitis vinifera* L.) variety. **Plants** 12: 515. <https://doi.org/10.3390/plants12030515>

Yang B, Yao H, Zhang J, Li Y, Ju Y, Zhao X, Fang Y (2020) Effect of regulated deficit irrigation on the content of soluble sugars, organic acids and endogenous hormones in Cabernet Sauvignon in the Ningxia region of China. **Food chemistry** 312: 126020. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.126020>

Xia E, Deng GF, Guo YJ, Li HB (2010) Biological activities of polyphenols from grapes. **International Journal of Molecular Sciences** 11: 622-646. <https://doi.org/10.3390/ijms11020622>

Zeravik J, Fohlerova Z, Milovanovic M, Kubesa O, Zeisbergerova M, Lacina K, Skladal P (2016) Various instrumental approaches for determination of organic acids in wines. **Food chemistry** 194: 432-440. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2015.08.013>