



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA  
CAMPUS DE CURITIBANOS  
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOSISTEMAS AGRÍCOLAS E NATURAIS

Guillermo Alonso Romero Oviedo

**Fenotipagem de genótipos de videira, resistentes à *Plasmopara viticola*, via aprendizagem de máquina aplicada a dados radiométricos**

Curitibanos

2021

Guillermo Alonso Romero Oviedo

**Fenotipagem de genótipos de videira, resistentes à *Plasmopara viticola*, via aprendizagem de máquina aplicada a dados radiométricos**

Dissertação submetida ao Programa de Pós-graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais (PPGEAN) do Centro de Ciências Rurais da Universidade Federal de Santa Catarina – Campus de Curitibanos para a obtenção do título de mestre em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Alexandre ten Caten.  
Coorientador: Prof. Dr. Leocir José Welter.  
Coorientador: Prof. Dr. Paulo Cesar Poeta Fermino Junior.

Linha de Pesquisa: Manejo Integrado de Sistemas Agrícolas e Florestais

Curitibanos

2021

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,  
através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Romero Oviedo, Guillermo Alonso

Fenotipagem de genótipos de videira, resistentes à Plasmopara viticola, via aprendizagem de máquina aplicada a dados radiométricos / Guillermo Alonso Romero Oviedo ; orientador, Alexandre ten Caten, coorientador, Paulo Cesar Poeta Fermino Junior, coorientador, Leocir José Welter, 2021.

105 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos, Programa de Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais, Curitibanos, 2021.

Inclui referências.

1. Ecossistemas Agrícolas e Naturais. 2. Espectrorradiometria. 3. Viticultura. 4. Míldio. 5. Aprendizagem supervisionada. I. ten Caten, Alexandre. II. Fermino Junior, Paulo Cesar Poeta. III. Welter, Leocir José IV. Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais. V. Título.

Giullermo Alonso Romero Oviedo

**Fenotipagem de genótipos de videira, resistentes à *Plasmopara viticola*, via aprendizagem de máquina aplicada a dados radiométricos**

O presente trabalho em nível de mestrado foi avaliado e aprovado por banca examinadora composta pelos seguintes membros:

Profa. Denise Cybis Fontana, Dra.  
Instituição Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Prof. Miguel Pedro Guerra, Dr.  
Instituição Universidade Federal de Santa Catarina

Certificamos que esta é a **versão original e final** do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de mestre em Ciências.

---

Prof. Alexandre Siminski, Dr.  
Coordenação do Programa de Pós-Graduação

---

Prof. Alexandre ten Caten, Dr.  
Orientador

Curitiba, 2021.

“Lo esencial es invisible a los ojos”

Antoine de Saint-Exupéry

## AGRADECIMENTOS

A minha mãe Gloria, meu irmão Fernando e a minha irmã Carolina; pelo seu apoio, ajuda e carinho em todas as etapas da minha vida. Gratitud.

A minha família paterna, Arcelia, Elsa, Ángela, Maria José e Omár. Muito obrigado pela sua ajuda, confiança e atenção.

Ao meu amigo Giovanni Jurado, pela sua motivação para mim de vir aqui e ser mestre.

Ao meu orientador Alexandre ten Caten, pela sua boa disposição, exemplo e sabedoria dentro e fora da aula.

Aos meus colegas do laboratório, Luiza, Geicy, Fabi, Deiverson, Hermes. Não sabem quanto agradeço a sua ajuda e estimo as suas risadas.

Aos professores Denise Cybis Fontana, Miguel Pedro Guerra, João Batista Tolentino Júnior e Djalma Eugênio Schmitt. Muito obrigado por aceitar compor a banca da defesa desta dissertação e a suas contribuições.

A Enio Paulo Belotto pela sua amizade, sua alegria e generosidade.

A Beatriz Reich Rosa pela sua amizade, sua confiança e sua alegria.

A Dorotheé pela sua amizade, sua confiança e seu tempo.

Aos professores do PPGEAN, pelo seu labor constante, sua inteligência, empenho e rigor.

Aos meus colegas do mestrado, que tenho com eles lembranças muito bonitas.

A Aline, Renata e Gabriel. Muito obrigado pela sua ajuda no laboratório

A Delson e os demais trabalhadores e servidores do Campus, muito obrigado pelo seu labor e a sua alegria.

A todos os demais que para minha fortuna são tantos que não cabem aqui. E especialmente à irmandade... Muchas, muchas gracias.

## RESUMO

A viticultura é uma das atividades econômicas mais importantes no Sul do Brasil, sendo esta a região mais representativa na produção total do país. A doença mais limitante na viticultura do mundo, é o míldio, causada pelo oomiceto *Plasmopara viticola*; o mecanismo de controle químico do míldio depende da aplicação constante de fungicidas tóxicos, porém, a estratégia mais integral para prevenção do míldio é o melhoramento genético. Pesquisas sobre radiometria em videira, revelam que a assinatura espectral da vegetação permite reconhecer a variedade à qual pertence um indivíduo. Por causa da grande quantidade de dados radiométricos produzidos pela radiometria, os métodos de análise espectrorradiométrica baseiam-se em mineração de dados por aprendizagem de máquina supervisionada. Este estudo objetivou encontrar relações entre a resistência fenotípica ao míldio em indivíduos de videira, a anatomia transversal das suas folhas e a sua resposta espectral. Os indivíduos utilizados neste experimento se encontram no vinhedo experimental da UFSC, Campus Curitibanos; as respostas espectrais foram mensuradas na região do visível e infravermelho próximo (VIS-NIR). Os parâmetros anatômicos analisados foram as espessuras das camadas de mesofilo, parênquima paliçádico, parênquima esponjoso, epiderme abaxial, epiderme adaxial e parede celular periclinal adaxial. A resistência fenotípica ao míldio foi avaliada mediante inoculação artificial de disco foliar em laboratório e consultada através de informação secundária. Os dados radiométricos foram explorados mediante análises de componentes principais e estatísticas descritivas; os dados anatômicos foram comparados utilizando estatística inferencial, foi calculado o índice de correlação de Pearson entre os dados anatômicos e de reflectância nas folhas. Finalmente foram testados algoritmos de aprendizagem de máquina supervisionada para classificar os dados radiométricos das folhas de acordo com a sua variedade e com seu nível de resistência fenotípica ao míldio. Este trabalho confirma que a refletância espectral das folhas de videira no VIS-NIR guarda correlação com a espessura do parênquima paliçádico, permite reconhecer o genótipo ao qual pertence cada indivíduo e pode ser um indicador do nível de resistência fenotípica ao míldio de acordo com a escala do descritor internacional OIV452.

**Palavras-chave:** Espectrorradiometria, Viticultura, Míldio, Anatomia, Aprendizagem supervisionada.

## ABSTRACT

Viticulture is one of the most important economic activities in southern Brazil, being this the most representative region in the country's total production. However, the most limiting disease in viticulture in the world is downy mildew, caused by the oomycete *Plasmopara viticola*; the chemical control mechanism of downy mildew depends on the constant application of toxic fungicides, but the most effective strategy for the prevention of downy mildew is through genetic improvement. Current research on grapevine radiometry reveals that the spectral signature of the vegetation is feasible to recognize the variety to which an individual belongs. Because of the large amount of variables, spectroradiometric analysis methods are based on data mining by supervised machine learning. This study aimed to find relationships between phenotypic resistance to downy mildew in grapevine individuals, the transversal anatomy of its leaves and its spectral response. The individuals used in this experiment are located in the experimental vineyard of UFSC, Campus Curitibanos; the spectral responses were measured in the visible and near infrared (VIS-NIR) region. The anatomical parameters analyzed were the layers thickness of mesophyll, palisade parenchyma, spongy parenchyma, abaxial epidermis, adaxial epidermis and adaxial periclinal cell wall. The phenotypic resistance to downy mildew was evaluated by artificial inoculation on leaf disc in laboratory and consulted through secondary information. Radiometric data were explored through principal component analysis and descriptive statistics; the anatomical data between varieties were compared using inferential statistics, the Pearson correlation index was calculated between anatomical and leaf reflectance data. Finally, supervised machine learning algorithms were tested to classify the radiometric data of the leaves according to their variety and their level of phenotypic resistance to downy mildew. This work confirms that the spectral reflectance of grapevine leaves in the VIS-NIR region correlates with the thickness of the palisade parenchyma, it also allows the recognition of the genotype to which each individual belongs and can be an indicator of the level of phenotypic resistance to Downy mildew according to the OIV452 international descriptor scale.

**Keywords:** Spectroradiometry, Viticulture, Downy Mildew, Anatomy, Supervised learning.

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO 1. SOBRE A RELAÇÃO ENTRE ANATOMIA E A RESPOSTA ESPECTRAL EM VARIEDADES DE VIDEIRA

Figura 1 – Localização do vinhedo.....	25
Figura 2 – Sistema de condução do vinhedo .....	26
Figura 3 – Amostragem de folhas para cada indivíduo. ....	29
Figura 4 – Fluxograma da metodologia para análise os dados.....	29
Figura 5 – Medição radiométrica.....	30
Figura 6 – Relação Fonte-Alvo-Sensor para cada placa do cabeçalho do grampo. ....	31
Figura 7 – Depuração de dados espectrais.....	31
Figura 8 – Média e desvio padrão das respostas espectrais corregidas de cada variedade. ....	32
Figura 9 – Média e desvio padrão das respostas espectrais filtradas de cada variedade. ....	33
Figura 10 – Recortes de tecido vegetal extraídos da região das nervuras de uma folha e frasco com líquido fixador. ....	34
Figura 11 – Infiltração, endurecimento e emblocamento de amostras. ....	35
Figura 12 – medição das variáveis anatômicas através do microscópio óptico. ....	36
Figura 13 – Componentes da variabilidade dos dados anatômicos. ....	39
Figura 14 – Gráfico <i>biplot</i> da análise de componentes principais para anatomia. ....	39
Figura 15 – Contribuição das variáveis anatômicas para os componentes principais. ....	40
espessura do mesofilo.....	41
Figura 16 – Imagens das variedades estudadas de acordo ao valor mais próximo da média para a espessura do mesofilo. ....	41
Figura 17 – <i>Boxplots</i> de estatísticas descritivas da anatomia transversal das folhas entre variedades. ....	45
Figura 18 – Média (linha central) e desvio padrão (área sombreada) das respostas espectrais, reflectância e transmitância para cada variedade. ....	47
Figura 19 – Estatísticas descritivas da reflectância em alguns comprimentos de onda na região VIS-NIR (Escala única).....	48
Figura 20 – Estatísticas descritivas da reflectância em alguns comprimentos de onda na região VIS-NIR (Escala ajustada). ....	49
Figura 21 – Componentes da variabilidade da reflectância.....	50
Figura 22 – Gráfico <i>biplot</i> dos CP da reflectância simples .....	50

Figura 23 – Contribuição das variáveis para os CP da reflectância. ....	51
Figura 24 – Componentes da variabilidade da reflectância-SG. ....	52
Figura 25 – gráfico biplot dos CP da reflectância-SG. ....	52
Figura 26 – Contribuição das variáveis para os CP da reflectância-SG. ....	53
Figura 27 – Componentes da variabilidade da transmitância. ....	53
Figura 28 – gráfico biplot dos CP da transmitância ....	54
Figura 29 – Contribuição das variáveis para os CP da transmitância. ....	55
Figura 30: Componentes da variabilidade da transmitância-SG. ....	55
Figura 31 – Gráfico biplot dos CP da transmitância-SG. ....	56
Figura 32 – Contribuição das variáveis para os CP da transmitância-SG. ....	57
Figura 33 – Correlograma entre valores de reflectância a cada 50 nm. ....	58
Figura 34 – Mapa de calor da correlação linear entre as variáveis anatômicas estudadas e os valores de reflectância no VIS-NIR. ....	59
Figura 35: Mapa de calor da correlação linear entre as variáveis anatômicas estudadas e alguns índices espectrais de vegetação. ....	60

## CAPÍTULO 2. APLICAÇÃO DE APRENDIZAGEM DE MÁQUINA PARA RECONHECIMENTO DE RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO EM FOLHAS DE VIDEIRA

Figura 1 – Inoculação artificial de míldio nos discos foliares. ....	76
Figura 2 – Diagrama de fluxo do processo de aprendizagem supervisionada. ....	77
Figura 3 – Imagens de três discos de cada variedade, apresentando diferentes níveis de esporulação ou de resposta ....	81

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO 1. SOBRE A RELAÇÃO ENTRE ANATOMIA E A RESPOSTA ESPECTRAL EM VARIEDADES DE VIDEIRA

Tabela 1 – Valores temperatura e precipitação no ano 2019 no local de estudo.....	26
Tabela 2 – índices espectrais de vegetação calculados para cada amostra.....	33
Tabela 3 – Quantitativo de amostras do projeto.....	36
Tabela 4 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura do mesofilo.....	41
Tabela 5 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura do Parênquima paliçádico.....	42
Tabela 6 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura do parênquima esponjoso.....	42
Tabela 7 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura da epiderme abaxial.....	43
Tabela 8 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura da epiderme adaxial.....	44
Tabela 9 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura da parede celular periclinal adaxial (PCPA).....	44

### CAPÍTULO 2. APLICAÇÃO DE APRENDIZAGEM DE MÁQUINA PARA RECONHECIMENTO DE RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO EM FOLHAS DE VIDEIRA

Figura 1 – Inoculação artificial de míldio nos discos foliares.....	76
Figura 2 – Diagrama de fluxo do processo de aprendizagem supervisionada.....	77
Figura 3 – Imagens de três discos de cada variedade, apresentando diferentes níveis de esporulação ou de resposta.....	81

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ACP – Análise de componentes principais  
CVR – Classificação via regressão  
CVR-r – Classificação via regressão (Algoritmo para regressão)  
FAA – Formaldeído, etanol, ácido acético  
FN – Falso Negativo  
FP – Falso Positivo  
Gf-24 – Gf. 2004-043-0024  
IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística  
MAE – Erro médio absoluto: media de todos os erros  
MLP – Perceptron multicamada  
MLP-r – Perceptron multicamada (Algoritmo para regressão)  
NIR – Espectro eletromagnético do infravermelho próximo de 700 a 1000 nm  
OIV – Organisation Internationale de la Vigne et du Vin  
PCPA – Parede celular periclinal adaxial  
PLS-r – Regressão por Mínimos quadrados parciais  
R – Coeficiente de correlação  
RMSE – Raiz quadrática do erro médio  
ROC Area – Área descrita pela curva característica de operação do receptor  
SAM – marcação assistida por marcadores moleculares  
SC – Santa Catarina  
SG – Savitzky-Golay  
SMO – Optimização sequencial mínima  
SMO-r – Optimização sequencial mínima (Algoritmo para regressão)  
TRF – Florestas Aleatórias  
TRF-r – Florestas Aleatórias (Algoritmo para regressão)  
VIS – Espectro eletromagnético do visível 400 a 700 nm  
VIS-NIR – Espectro eletromagnético do visível e infravermelho próximo  
VN – Verdadeiro Negativo  
VP – Verdadeiro Positivo

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>19</b>
	<b>CAPÍTULO 1 .....</b>	<b>21</b>
	<b>SOBRE A RELAÇÃO ENTRE ANATOMIA E A RESPOSTA ESPECTRAL EM</b>	
	<b>VARIEDADES DE VIDEIRA .....</b>	<b>21</b>
<b>1</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>22</b>
<b>2</b>	<b>OBJETIVOS .....</b>	<b>24</b>
2.1	OBJETIVO GERAL.....	24
2.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	24
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>25</b>
3.1	LOCALIZAÇÃO .....	25
3.2	VARIEDADES ESTUDADAS .....	27
3.2.1	‘Brönnner’ .....	27
3.2.2	‘Gf-24’ .....	27
3.2.3	‘Isabel’ .....	27
3.2.4	‘Regent’ .....	28
3.2.5	‘Sauvignon blanc’ .....	28
3.3	COLETA DE FOLHAS.....	28
3.4	OBTENÇÃO DE DADOS RADIOMÉTRICOS.....	29
3.5	índices espectrais de vegetação. ....	33
3.6	OBTENÇÃO DE DADOS ANATÔMICOS TRANSVERSAIS .....	34
3.7	MÉTODOS DE ANÁLISE.....	36
3.7.1	Análise de componentes principais (ACP) .....	37
3.7.2	Análises de inferência estatística para anatomia .....	37
3.7.3	Estatísticas descritivas para respostas espectrais .....	37
3.7.4	Análises de Correlação .....	38
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSÃO .....</b>	<b>38</b>

4.1	ANATOMIA TRANSVERSAL DE FOLHAS .....	38
4.1.1	<b>Análise de componentes principais .....</b>	<b>38</b>
4.1.2	<b>Inferência estatística e comparação de médias .....</b>	<b>40</b>
4.2	ANÁLISE DE DADOS RADIOMÉTRICOS .....	46
4.2.1	<b>Estatísticas descritivas.....</b>	<b>48</b>
4.2.2	<b>Análise de componentes principais (ACP) .....</b>	<b>49</b>
4.2.2.1	<i>Reflectância simples .....</i>	<i>49</i>
4.2.2.2	<i>Reflectância-SG.....</i>	<i>51</i>
4.2.2.3	<i>Transmitância simples .....</i>	<i>53</i>
4.2.2.4	<i>Transmitância SG.....</i>	<i>55</i>
4.2.3	<b>Análise de correlação.....</b>	<b>57</b>
5	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>60</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>62</b>
	<b>CAPÍTULO 2 .....</b>	<b>69</b>
	<b>APLICAÇÃO DE APRENDIZAGEM DE MÁQUINA PARA RECONHECIMENTO DE RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO EM FOLHAS DE VIDEIRA .....</b>	<b>69</b>
1	<b>REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>70</b>
	<i>Perceptron Multicamada (MLP):.....</i>	<i>71</i>
	<i>Optimização Sequencial Mínima (SMO).....</i>	<i>72</i>
	<i>Florestas Aleatórias (TRF).....</i>	<i>72</i>
	<i>Classificação Via Regressão (CVR).....</i>	<i>72</i>
	<i>Mínimos quadrados parciais (PLS-r).....</i>	<i>73</i>
2	<b>OBJETIVOS .....</b>	<b>74</b>
2.1	OBJETIVO GERAL.....	74
2.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	74
3	<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>75</b>
3.1	dados radiométricos e índices espectrais de vegetação .....	75
3.2	ESTIMAÇÃO DO NÍVEL DE RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO .....	75

3.3	MODELOS DE ANÁLISE POR APRENDIZAJEM DE MÁQUINA .....	76
3.3.1	Avaliadores de desempenho para classificação.....	78
3.3.2	Avaliadores de desempenho para Regressão .....	79
4	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>80</b>
4.1	RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO .....	80
4.2	CLASSIFICAÇÃO DE AMOSTRAS DE ACORDO COM A VARIEDADE. ...	83
4.3	FENOTIPAGEM EM FUNÇÃO DA RESISTÊNCIA AO MÍLDIO .....	86
5	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>89</b>
	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS.....</b>	<b>90</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>91</b>
	<b>APÊNDICE A – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para anatomia .....</b>	<b>98</b>
	<b>APÊNDICE B – Código do script na linguagem R para gráficos de média e desvio padrão de reflectância e transmitância para cada variedade.....</b>	<b>99</b>
	<b>APÊNDICE C – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para reflectância simples .....</b>	<b>102</b>
	<b>APÊNDICE D – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para reflectância-SG .....</b>	<b>103</b>
	<b>APÊNDICE E – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para transmitância simples.....</b>	<b>104</b>
	<b>APÊNDICE F – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para transmitância-SG.....</b>	<b>105</b>
	<b>APÊNDICE G – Código do script na linguagem R Análises de correlação de Pearson</b>	<b>106</b>
	<b>APÊNDICE H – Tabela 4 completa. Resultados das análises de classificação de amostras entre variedades para todos os algoritmos e conjuntos de dados.....</b>	<b>107</b>



## 1 INTRODUÇÃO

Os organismos fotossintéticos conformam a base da produção primária na terra; a sua diversidade suporta virtualmente todo o restante da vida no planeta, regulando os fluxos nos ciclos biogeoquímicos de água, carbono e nitrogênio, e provendo serviços ecossistêmicos. As variações nas propriedades físicas e bioquímicas nas plantas determinam as suas propriedades ópticas (CAVENDER-BARES; GAMON; TOWNSEND, 2020).

O sensoriamento remoto e proximal da vegetação permite obter informação do fluxo de energia refletido pelas plantas em diferentes escalas. Este tipo de informação é de alto valor para o entendimento da natureza já que não afeta os indivíduos em estudo. Mesmo assim, para descobrir com maior detalhe as propriedades das plantas a partir de radiometria, ainda é preciso conferir as hipóteses com medições em campo e laboratório.

Conforme avança a tecnologia, a capacidade de leitura dos fluxos de energia nos objetos também vai-se refinando. Esta expansão na capacidade de leitura dos fluxos de energia é possível pela combinação de novas ferramentas para teledeteção e análise de grandes quantidades de dados. Estudos têm sido realizados na área de radiometria da vegetação para descobrir, mais detalhadamente, a relação entre a energia refletida pelas plantas e suas propriedades físicas, químicas e biológicas.

Nesse sentido, a espectrorradiometria em plantas tem demonstrado ser de muita utilidade para melhoramento genético, dado que permite identificar fenótipos de melhor desempenho e adaptação em campo, isto é relevante no presente panorama mundial de mudanças climáticas e crescimento da população.

Um genótipo pode expressar vários fenótipos devido à plasticidade em resposta às condições ambientais onde o indivíduo se desenvolve. Uma abordagem comum no melhoramento genético é tentar selecionar um genótipo com base na melhor expressão fenotípica sob várias condições ambientais. Assim, a fenotipagem tem sido determinante na seleção de culturas, e desde que a humanidade começou a domesticação das plantas, as características de interesse têm evoluído desde a arquitetura dos indivíduos até seus aspectos moleculares (JIN et al., 2020).

Na atualidade, o estudo da espectrorradiometria em videira permite reconhecer aspectos genotípicos dos indivíduos a partir da reflectância das suas folhas. Determinar o genótipo de um indivíduo sem ajuda de técnicas de marcação molecular é possível, mas seria interessante testar este mesmo conjunto de informação espectral para antecipar uma

característica fenotípica específica que possa ter sido herdada ou expressada em maior ou menor proporção por um indivíduo.

A hipótese deste estudo é de que a resposta espectral das folhas de videira permite reconhecer variações fenotípicas do nível de resistência ao míldio. O objetivo deste trabalho foi testar a capacidade da espectrorradiometria no espectro eletromagnético da região do visível e infravermelho próximo (VIS-NIR), para detectar fenótipos de videira com maior resistência ao míldio. O primeiro capítulo deste trabalho explora possíveis variações anatômicas na estrutura transversal das folhas que possam estar relacionadas com a sua reflectância, dado que tais estruturas vegetais podem conferir com padrões na sua resposta espectral (OURCIVAL; JOFFRE; RAMBAL, 1999). O segundo capítulo tenta determinar se existe uma relação matemática entre a reflectância de uma folha e seu nível de resistência ao míldio.

Esta hipótese parte de resultados recentes que demonstram que a reflectância das folhas de videira no VISNIR, permite reconhecer a variedade à qual pertence um indivíduo (FERNANDES et al., 2019; GUTIÉRREZ et al., 2018).

O reconhecimento dos recursos genéticos mediante espectrorradiometria contribui para uma produção agrícola que seja mais tolerante a fatores de estresse biótico e abiótico, menos dependente de insumos externos e mais harmoniosa com o meio ambiente e a saúde humana.

Este trabalho é o encerramento da minha formação como Mestre em Ciências pela Universidade Federal de Santa Catarina, o que foi o meu objetivo de vir ao Brasil no ano 2018. Hoje, aqui no meu lar na Colômbia, percebo o quanto esta foi uma decisão memorável tanto para meu crescimento acadêmico quanto humano.

## **CAPÍTULO 1**

# **SOBRE A RELAÇÃO ENTRE ANATOMIA E A RESPOSTA ESPECTRAL EM VARIEDADES DE VIDEIRA**

## 1 REVISÃO DE LITERATURA

A região Sul do Brasil é a maior produtora de uvas do país, e em 2019, 73,29 % da área para produção vitícola no país e 55.501 hectares, pertenciam aos estados de Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná, os quais aportaram 779.389 toneladas, ou seja, um 53,53% da produção nacional. A indústria vitivinícola desta região é suportada por sistemas produtivos tanto de agricultura familiar como de investimentos empresariais, e as colheitas são destinadas principalmente à elaboração de vinhos e sucos (MELLO; MACHADO, 2020).

Na história da viticultura, a maior devastação fitossanitária ocorreu pela invasão do oomiceto *Plasmopara viticola* (Berk & Curlis) Berl & de Toni, de origem americana, introduzido na Europa nos anos de 1870. Durante o século XIX, também foram transportadas para América variedades viníferas europeias a fim de estabelecer a viticultura neste continente (FONTAINE et al., 2021). A doença causada pelo *P. viticola*, o míldio, é o fator biótico mais limitante da viticultura no mundo. As condições climáticas mais favoráveis para o patógeno são a umidade relativa maior que 60% e temperaturas entre 18 e 25°C, como ocorre no verão da região sul do Brasil (NAVES; GARRIDO; SÔNEGO, 2006). O controle químico do míldio baseia-se em pulverizações periódicas de produtos químicos (DE SOUZA et al., 2018) que afetam o meio ambiente e a saúde humana, além de aumentar os custos de produção. Por causa das limitações do controle químico, a estratégia mais utilizada para controle da doença são programas de melhoramento genético mediante hibridação entre variedades com alta qualidade de vinho e espécies de origem americana resistentes ao patógeno (EIBACH; TÖPFER, 2014).

Muitos estudos têm indagado a possível relação entre a anatomia das folhas de videira e a sua susceptibilidade ao míldio. No começo, foi demonstrada a função dos tricomas da epiderme abaxial como uma barreira biofísica contra o patógeno (KORTEKAMP; ZYPRIAN, 1999), mas esse estudo também concluiu que existem estratégias de defesa após inoculação. Posteriormente, foi demonstrado que a resistência ao míldio ocorre por mecanismos de resposta ativa contra o patógeno no interior das folhas (KORTEKAMP, 2006; LIU et al., 2014; NASCIMENTO-GAVIOLI et al., 2020).

Na atualidade não estão claramente determinadas as relações entre anatomia transversal de folhas de videira e a sua susceptibilidade ao *P. viticola*. Um estudo analisou a anatomia de distintas variedades sem encontrar relações (BOSO et al., 2010). Por outra parte, analisando indivíduos de uma mesma variedade, foi encontrado que os clones com parênquima esponjoso mais espesso foram mais susceptíveis ao míldio, e contrariamente, aqueles cujo

tecido era mais compacto, foram mais resistentes (ALONSO-VILLAVARDE et al., 2011); sugerindo que no interior da folha, o desenvolvimento do patógeno pode-se favorecer pela amplitude dos espaços intercelulares.

As diferenças fenotípicas são resultado da história evolutiva, origem genética e condições ambientais específicas dos indivíduos; essas diferenças são prontamente expressas na fisiologia, bioquímica e estrutura anatômica das plantas, e assim, podem ser detectadas a partir da sua reflectância. A radiometria aproxima a nossa compreensão das ligações entre dimensões ópticas e da biodiversidade em escalas espaciais cada vez mais finas (CAVENDER-BARES; GAMON; TOWNSEND, 2020).

Os compostos orgânicos que constituem células das folhas são complexos, existindo várias formas químicas e estruturais de lignina, celulose e de proteínas estruturais. A absorção de energia por esses compostos é resultado das ligações moleculares entre átomos de carbono, hidrogênio, nitrogênio e oxigênio. Essas ligações absorvem ondas semelhantes fazendo que um comprimento de onda não esteja relacionado exclusivamente a uma molécula específica; por exemplo, a ligação O-H é um componente em água, celulose, açúcares, amido e lignina (JACQUEMOUD; USTIN, 2019).

Foi aplicada análise de componentes principais aos dados anatômicos e radiométricos das variedades, esta técnica reduz grandes conjuntos de dados altamente correlacionados para um pequeno número de variáveis mais representativas que não apresentam correlação (JAMES, G; WITTEN, D; HASTIE, T; TIBSHIRANI, 2013). A análise de componentes principais tem apresentado capacidade para classificação entre múltiplas espécies (PROSPERE; MCLAREN; WILSON, 2014), e também entre duas variedades de tomate (XU et al., 2009).

Foi utilizado o coeficiente de correlação de Pearson para analisar possíveis conexões entre a resposta espectral das folhas e a sua estrutura anatômica, o valor do coeficiente varia de -1 a 1 de acordo com o tipo de relação e a força desta. Além da reflectância simples, ditas correlações foram estimadas também para alguns índices espectrais de vegetação, os quais servem como indicadores do vigor das plantas a partir da combinação matemática de valores de reflectância da região visível e do infravermelho próximo (GUTMAN, 1991).

A relação entre aspectos anatômicos das folhas e a sua reflectância tem sido demonstrada principalmente para o tecido de parênquima paliçádico. Análises de regressão baseados em mínimos quadrados parciais determinaram uma relação entre a espessura deste tecido e a reflectância espectral da folha (OURCIVAL; JOFFRE; RAMBAL, 1999).

## **2 OBJETIVOS**

### **2.1 OBJETIVO GERAL**

Relacionar aspectos anatômicos foliares dos genótipos de videira, com diferente nível de resistência ao míldio, e as suas respostas espectrais na região do visível e infravermelho próximo.

### **2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

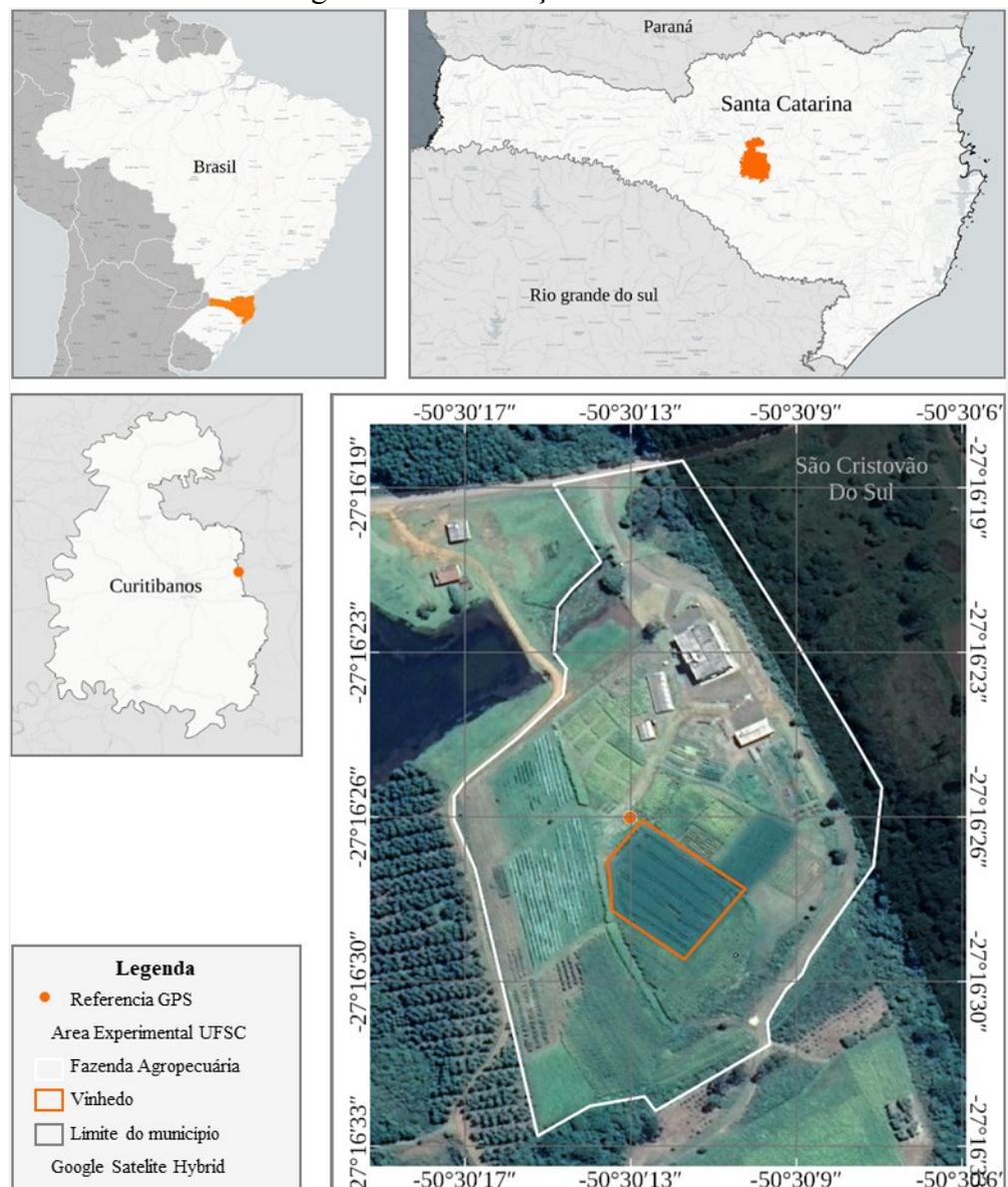
- I. Analisar diferenças anatômicas da estrutura transversal das folhas entre genótipos de videira mediante microscopia de luz;
- II. Analisar diferenças na resposta espectral entre genótipos de videira mediante análises de componentes principais e estatísticas descritivas;
- III. Determinar as correlações entre a reflectância das folhas de videira e a sua estrutura anatômica transversal.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 LOCALIZAÇÃO

O experimento foi realizado utilizando indivíduos da fazenda experimental agropecuária da Universidade Federal de Santa Catarina, campus de Curitibanos (latitude  $27^{\circ}16'26''$  sul, longitude  $50^{\circ}13'30''$  oeste, e altitude 1096 m), pela estrada intermunicipal que conecta os municípios de Curitibanos e São Cristóvão do Sul (Santa Catarina).

Figura 1 – Localização do vinhedo



Fontes: Mapa base: Carto Light, QGIS Python Plugins Repository HCMGIS; Google Satellite Hybrid; dados vetoriais IBGE, (2019). Datum SIRGAS2000.

O solo é classificado como Cambiossolo Háptico (EMBRAPA, 2018). A normal climatológica da precipitação anual varia de 1500 a 1700 mm, a umidade relativa do ar é de 81% e a classificação climática de Köppen é de tipo Cfb denominado clima temperado úmido, sem estação seca e com verões amenos (PANDOLFO et al., 2002). A tabela 1 exhibe os valores mínimos, médios e máximos de temperatura e também máximo e total de precipitação durante as estações do ano 2019. Estas informações foram registradas pelo Centro de Informações de Recursos Ambientais e de Hidrometeorologia de Santa Catarina, CIRAM/EPAGRI, na estação meteorológica localizada na fazenda experimental agropecuária.

**Tabela 1 – Valores temperatura e precipitação no ano 2019 no local de estudo**

Estações	Temperatura (°C)			Precipitação (mm.)	
	<i>mínima</i>	<i>média</i>	<i>máxima</i>	<i>total</i>	<i>máxima</i>
verão	7,80	20,39	32,51	517,0	58,40
outono	2,32	15,82	28,58	403,8	50,20
inverno	-6,74	12,48	32,30	166,8	28,40
primavera	5,93	18,28	33,36	428,0	39,80

Fonte: CIRAM/EPAGRI 2019; Estação UFSC Curitibanos

O vinhedo experimental é conduzido em sistema de espaldeira orientando o crescimento dos brotos com oito fios de arame emparelhados a cada 30 cm de altura a partir dos 1,2 m acima do solo. O espaçamento é 3,0 m entre fileiras e 1,2 m entre plantas, como indica a figura 2. As variedades estão agrupadas em mudas distribuídas aleatoriamente em cada bloco, e cada bloco é composto por duas fileiras as quais têm treze mudas.

Figura 2 – Sistema de condução do vinhedo



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Foram selecionados cinco indivíduos de cada variedade e três folhas de cada indivíduo, totalizando setenta e cinco ( $n = 75$ ) folhas coletadas foram armazenadas individualmente em

sacolas rotuladas, depositadas em caixas de isopor refrigeradas e transportadas imediatamente ao laboratório de geomática onde foi realizada a leitura radiométrica uma hora depois.

## 3.2 VARIEDADES ESTUDADAS

As variedades selecionadas para este estudo foram ‘Brönnner’, ‘GF24’, ‘Isabel’ ‘Regent’ e ‘Sauvignon blanc’. O critério para eleição das variedades foi que apresentassem diferentes genes de resistência ao míldio, tentando elencar distintos graus de susceptibilidade. As cinco variedades escolhidas foram:

### 3.2.1 ‘Brönnner’

Provêm do cruzamento entre ‘*Merzling 9*’ e ‘*Geisenheim 6494*’, possui um alto nível de resistência ao míldio atribuído aos seus genes de resistência *Rpv10*, herdados do seu antecessor *Vitis amurensis Ruprecht*, que é uma espécie de videira de origem asiática (SCHWANDER et al., 2012).

### 3.2.2 ‘Gf-24’

É um genótipo com alta resistência ao míldio e elevado potencial enológico a partir de seleções avançadas de melhoramento. ‘Gf-24’ é a abreviatura de ‘Gf. 2004-043-0024’ que é a denominação de um genótipo obtido a partir da seleção dos indivíduos mais resistentes produto do cruzamento entre indivíduos com loci de resistência ao *P. viticola*, *Rpv1* e *Rpv3.1* (ZANGHELINI, 2018). Estes genes de resistência de ‘Gf-24’ derivam respectivamente da espécie *Muscadinia rotundifolia* e da variedade ‘Regent’ (SAIFERT et al., 2018).

### 3.2.3 ‘Isabel’

Variedade amplamente cultivada nos estados de Rio Grande do Sul e Santa Catarina, cuja produção é principalmente destinada ao consumo em natura, obtenção de sucos e geleias. ‘Isabel’ provêm da espécie americana *Vitis labrusca*, cujas variedades são consideradas resistentes e altamente resistentes ao míldio, e promissórias para programas de melhoramento genético (CAMARGO; GARCIA; RITSCHER, 2010).

### 3.2.4 ‘Regent’

É um híbrido originário da Alemanha produto do cruzamento entre as variedades ‘Diana’ e ‘Chambourcin’, criado por Gerhardt Alleweldt em 1967 (JKI, 2020). A variedade ‘Regent’ é de uma linhagem complexa que inclui *V. aestivalis*, *V. berlandieri*, *V. cinerea*, *V. labrusca*, *V. lincecumii*, *V. riparia* e *V. rupestres*. ‘Regent’ possui os genes *Rpv3.1* de resistência ao míldio sendo catalogada como uma variedade tolerante ou de resistência intermediária (VAN HEERDEN et al., 2014).

### 3.2.5 ‘Sauvignon blanc’

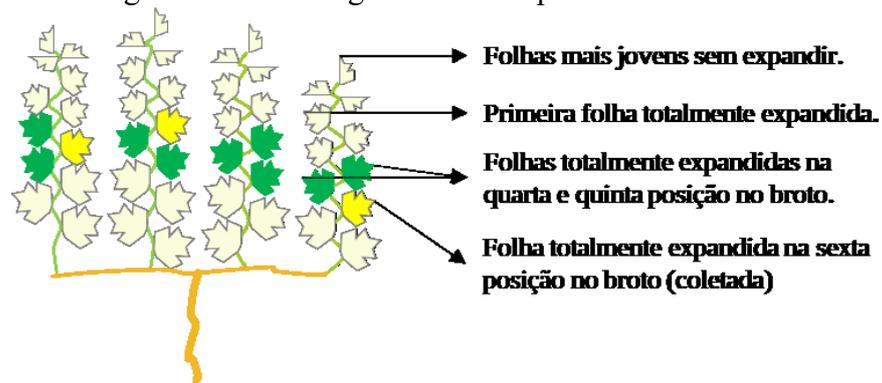
É uma variedade para vinho branco cuja origem está associada ao leste da França, na região de Vale Loire e Burdeaux. ‘Sauvignon blanc’ descende de uma variedade selvagem de uma espécie vinífera da família *Carmenere* (JKI, 2020). Esta variedade apresenta alta qualidade organoléptica mas, como as variedades de origem europeia, é considerada altamente susceptível ao míldio (FONTAINE et al., 2021; KORTEKAMP et al., 2008).

## 3.3 COLETA DE FOLHAS

No dia 04 de dezembro do ano 2019 foram coletadas três folhas de cada indivíduo; as folhas pertenciam à quarta, quinta e sexta posição em diferentes brotos, determinando a posição a partir da primeira folha plenamente expandida desde o ápice. As folhas escolhidas estavam totalmente expostas à radiação solar.

A figura 3 descreve a amostragem realizada para um indivíduo. As folhas coletadas foram armazenadas numa sacola plástica rotulada com a letra inicial da variedade, o número do indivíduo e a posição no broto; cada sacola foi guardada numa caixa de isopor que continha gel refrigerante congelado e transportadas até o laboratório de Geomática da UFSC Campus Curitiba.

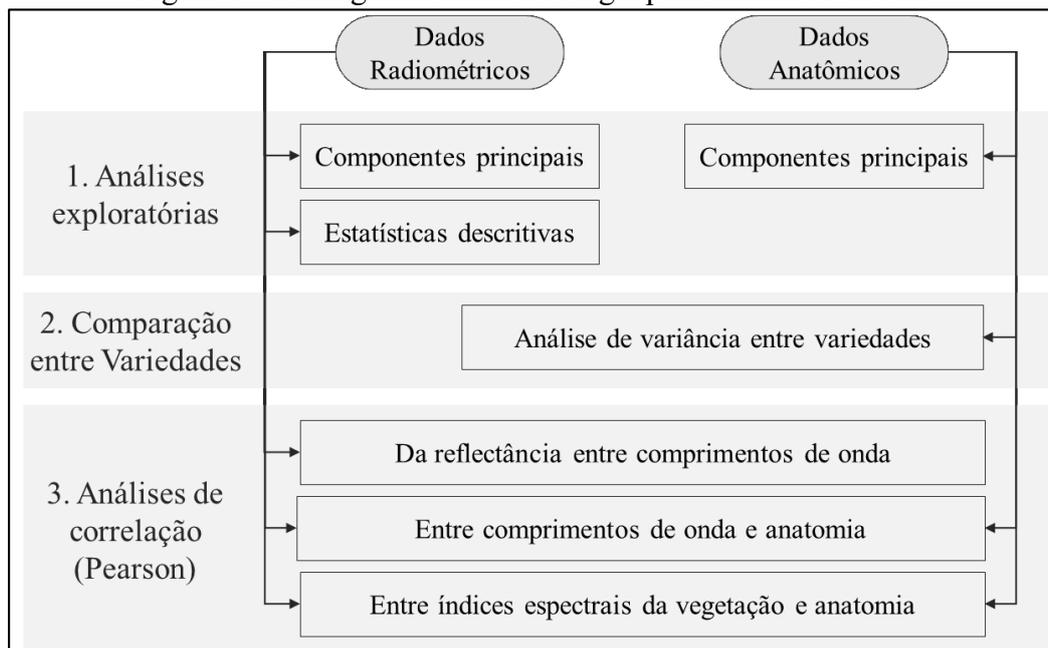
Figura 3 – Amostragem de folhas para cada indivíduo.



Nota: As folhas de cor verde correspondem as folhas totalmente expandidas na quarta, quinta e sexta posição nos brotos, contado desde o ápice. As folhas de cor amarelo representam as que foram coletadas para o estudo. Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

De cada uma das folhas coletadas foram obtidos dados radiométricos e anatômicos, as análises aplicadas para cada conjunto de dados são exibidas no fluxograma da figura 4, que representa a metodologia utilizada para a exploração e análise dos dados.

Figura 4 – Fluxograma da metodologia para análise os dados.



Fonte: Elaborada pelo autor.

### 3.4 OBTENÇÃO DE DADOS RADIOMÉTRICOS

No laboratório de Geomática, foi mensurada a resposta espectral das folhas mediante o espectrorradiômetro ASD FieldSpec HandHeld 2 (atualmente suportado pela empresa Malvern Panalytical) equipado com grampo de folha para mensuração da superfície adaxial

sem influência da radiação difusa. O sensor foi calibrado a cada duas leituras utilizando a placa branca Spectralon como referência para 100% da reflectância. As leituras foram armazenadas no computador através do software RS3. A figura 5 contém imagens do espectrorradiômetro, (Figura 5A) do grampo de folha (Figura 5B), e a coleta de dados radiométricos (Figura 5C).

Figura 5 – Medição radiométrica.



Figura 5A: Espectrorradiômetro ASD FieldSpec HandHeld 2. Figura 5B: Grampo de folha ASD. Figura 5C: Obtenção dos dados radiométricos de uma folha de videira. Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

O espectrorradiômetro mede a energia refletida em um espectro compreendido entre 325 e 1075 nanômetros (nm), com 1nm de resolução radiométrica. As respostas espectrais das folhas foram mensuradas utilizando as placas branca (Spectralon) e preta no grampo. Esta configuração do grampo (Figura 4B) permite definir os fatores de Reflectância e de Transmitância das folhas. No interior do grampo, encontra-se uma fonte luminosa (L) e um sensor (S) (Figura 5). A fonte luminosa emite uma radiação (I) que incide na folha, e volta para o grampo sendo registrada pelo sensor. A quantidade de energia registrada mediante a placa preta é a fração de energia refletida pela folha (fator de reflectância), já que energia transmitida através do mesofilo é absorvida pela placa preta (Figura 6A). Por outro lado, quando a folha é mensurada sobre a placa branca Spectralon, a fração de energia transmitida através do mesofilo reflete na placa sendo retransmitida até o sensor, que por sua vez, registra a fração de energia refletida e transmitida pela folha (Figura 6B). A relação fonte-alvo-sensor para cada placa é representada na figura 6.

Figura 6 – Relação Fonte-Alvo-Sensor para cada placa do cabeçalho do grampo.

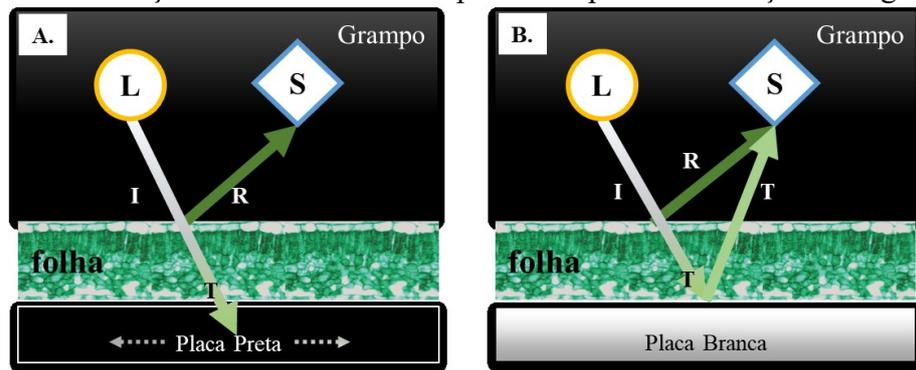
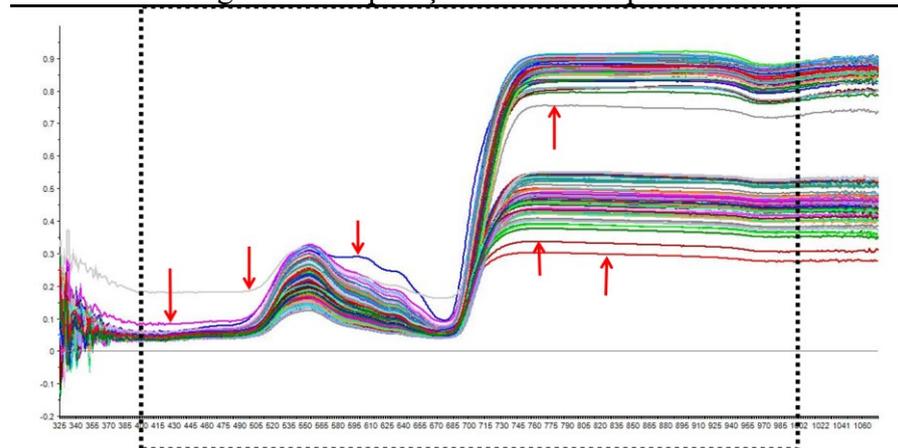


Figura 6A: Relação fonte-alvo-sensor sobre a placa preta. Figura 6B: relação fonte-alvo-sensor utilizando a placa branca. L: Fonte luminosa, I: radiação, T: Energia transmitida, R: Energia refletida, S: Sensor. As setas pontilhadas na placa preta indicam a energia absorvida. Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

A depuração dos dados radiométricos foi feita com o software ‘*The Unscrambler-X*’ da empresa Malvern Panalytical. Cada leitura radiométrica era um vetor que continha as frações de energia luminosa registradas pelo sensor nas frequências de 325 a 1075 nm. Os vetores foram recortados entre 400 e 1000 nm onde apresentaram menor ruído.

A Figura 6 exibe as leituras radiométricas no software ‘*The Unscrambler-X*’. Os vetores mais baixos na direita da figura correspondem com a reflectância das folhas, e aqueles com valores mais elevados representam o somatório dos sinais de reflectância e transmitância (Figura 7). O quadro pontilhado indica a região do espectro de 400 a 1000 nm, e as setas vermelhas indicam os vetores considerados atípicos, que foram excluídos.

Figura 7 – Depuração de dados espectrais



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Os vetores atípicos indicados da Figura 7, registrados nas leituras sobre a placa preta, foram das amostras: R44 e G54 (folha 4 do indivíduo 4 da variedade ‘Regent’, e a folha 4 do

indivíduo 5 da variedade ‘GF24’). Por outra parte, os vetores atípicos das leituras sobre a placa branca foram: e R24, R44, G36, e, S36.

Os vetores de transmitância foram obtidos a partir da subtração da leitura na placa branca menos a leituras na placa preta para cada amostra conforme a equação (1):

$$\text{Transmitância (T)} = \{\text{Leitura na placa branca (R+T)} - \text{Leitura na placa preta (R)}\} \quad (1)$$

Pelo anterior, a quantidade definitiva de vetores foi 73 para reflectância e 70 para transmitância. A figura 8 ilustra as médias e desvios padrão dos fatores de reflectância e transmitância calculados para cada uma das variedades. Como se observa, os dados apresentam uma alta colinearidade através do espectro.

Figura 8 – Média e desvio padrão das respostas espectrais corrigidas de cada variedade.

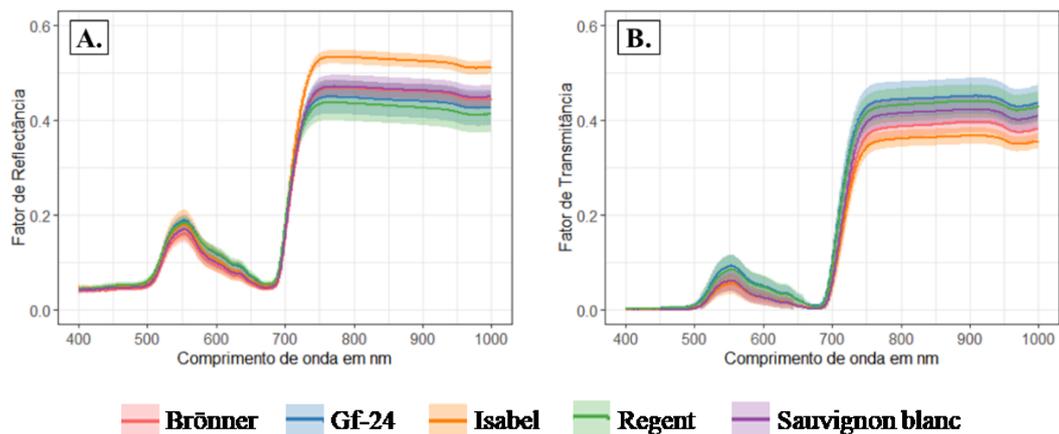


Figura 8A: Fator de reflectância. Figura 8B: Fator de transmitância. Fonte: Elaborado pelo Autor (2021).

A filtragem das respostas espectrais tem como objetivo reduzir a variabilidade não modelada e os padrões redundantes dos vetores (RINNAN; BERG; ENGELSEN, 2009). As respostas radiométricas foram filtradas utilizando a técnica Savitzky-Golay (SAVITZKY; GOLAY, 1964) mediante o pacote *prospectr* na linguagem R. Os parâmetros do filtro foram a primeira derivada à função polinomial de segunda ordem formada a cada 5 nm de cada vector. O resultado do pré-processamento está representado na figura 9.

Figura 9 – Média e desvio padrão das respostas espectrais filtradas de cada variedade.

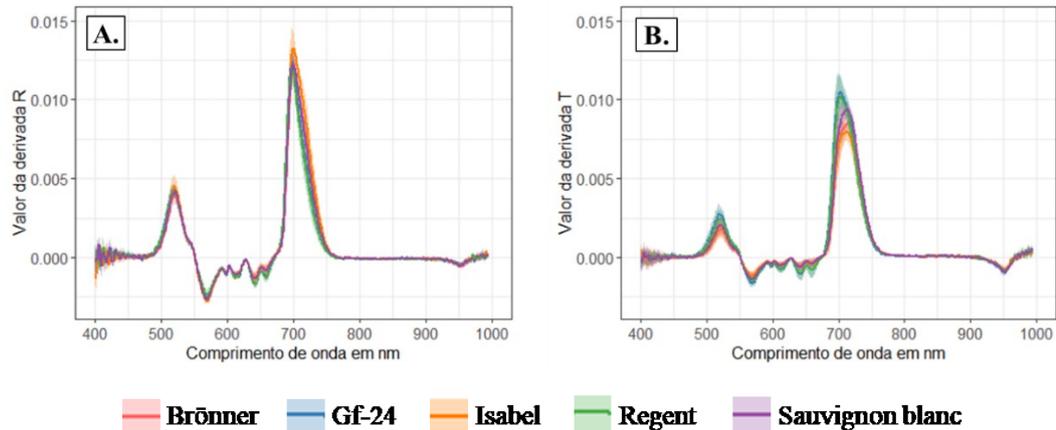


Figura 9A: reflectância-SG. Figura 9B: transmitância-SG. Fonte: Elaborado pelo Autor (2021).

As respostas espectrais depuradas expressam as frações de reflectância ou transmitância na região do visível e infravermelho próximo (VIS-NIR), isto é, 601 comprimentos de onda que medem de 400 a 1000 nm também chamados de variáveis radiométricas.

### 3.5 INDICES ESPECTRAIS DE VEGETAÇÃO.

A partir dos dados da reflectância espectral, foram calculados nove índices espectrais de vegetação (IV's) para o conjunto de amostras. Os índices selecionados foram aqueles utilizados num estudo recente sobre sintomatologia do míldio em folhas das variedades 'Regent' e 'Mueller-Thurgau' (OERKE; HERZOG; TOEPFER, 2016). A tabela 2 lista los IV's calculados.

Tabela 2 – índices espectrais de vegetação calculados para cada amostra		
Índice	Fórmula	Fonte
Índice de vegetação por diferença normalizada (NDVI)	$= \left[ \frac{(R_{800} - R_{670})}{(R_{800} + R_{670})} \right]$	(J.W. et al., 1974)
Índice de clorofila da borda vermelha (Ciredge)	$= \left[ \left( \frac{R_{780}}{R_{710}} \right) - 1 \right]$	(GITELSON; GRITZ; MERZLYAK, 2003)
Ponto de inflexão da borda vermelha (REIP)	$= 700 + 40 * \left[ \frac{\left( \frac{(R_{670} - R_{780})}{2 - R_{700}} \right)}{(R_{740} - R_{700})} \right]$	(GUYOT; BARET, 1988)

Índice de clorofila (Chl)	$= \frac{(R_{570} - R_{700})}{(R_{515} - R_{700})}$	(YU et al., 2014)
Índice de reflectância fotoquímica (PRI)	$= \frac{(R_{531} - R_{570})}{(R_{531} - R_{570})}$	(GAMON; PEÑUELAS; FIELD, 1992)
Índice de pigmento insensível à estrutura (SIPI)	$= \frac{(R_{800} - R_{445})}{(R_{800} - R_{680})}$	(PEÑUELAS; BARET; FILELLA, 1995)
Downy mildew index 1 (DMI 1)	$= \frac{R_{682}}{R_{800}}$	(OERKE; HERZOG; TOEPFER, 2016)
Downy mildew index 2 (DMI 2)	$= \frac{(R_{550} - R_{680})}{(R_{550} + R_{680})}$	(OERKE; HERZOG; TOEPFER, 2016)
Downy mildew index 3 (DMI 3)	$= \frac{(R_{470} + R_{682} + R_{800})}{\left(\frac{R_{800}}{R_{682}}\right)}$	(OERKE; HERZOG; TOEPFER, 2016)

Fonte: Elaborado pelo Autor (2021).

### 3.6 OBTENÇÃO DE DADOS ANATÔMICOS TRANSVERSAIS

Os recortes de tecido vegetal para elaboração de lâminas histológicas transversais foram fixados no dia 04 de dezembro no laboratório de Biotecnologia. Seções de 5x3 mm, extraídos das nervuras das folhas, foram mergulhados em frascos com líquido fixador. Cada frasco estava etiquetado com a referência da variedade, do indivíduo e da posição da folha no broto como indica a figura 10.

Figura 10 – Recortes de tecido vegetal extraídos da região das nervuras de uma folha e frasco com líquido fixador.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

A solução fixadora (FAA) é composta de formaldeído 37%, etanol 70°GL e ácido acético (JOHANSEN, 1940), o período de fixação foi de 48 horas, posteriormente, os tecidos foram conservados em etanol 70%. Para observação das estruturas anatômicas transversais das

folhas em microscópio, foram preparadas lâminas permanentes seguindo o protocolo descrito a continuação.

Os cortes foram desidratados mediante série etílica crescente, em concentrações de 80%, 90% e 95%, deixando os tecidos durante 30 minutos em cada uma. Posteriormente os tecidos foram pré-infiltrados com solução 1:1 de resina histológica (Leica historesin) e etanol 95% durante três horas; posteriormente os recortes foram infiltrados em resina histológica pura durante, pelo menos, outras três horas. Finalmente os blocos foram formados com endurecedor derivado de ácido barbitúrico e resina básica em proporções 1:15. Cada bloco de resina endurecida foi desmoldado e aderido com cola industrial em cassetes histológicos recheios de parafina. A Figura 11 exhibe os processos de infiltração, endurecimento e emblocamento de cada amostra.

Figura 11 – Infiltração, endurecimento e emblocamento de amostras.

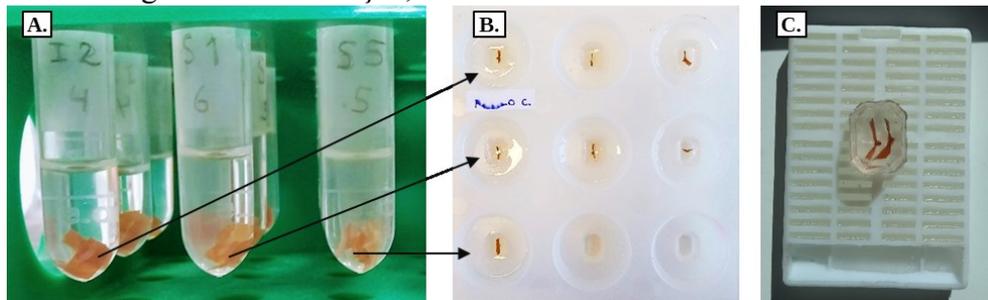


Figura 11A: Infiltração dos recortes no interior de tubos pendorf. Figura 11B: Endurecimento dos blocos infiltrados na moldura. Figura 11C: bloco colado sobre um cassete histológico recheio de parafina. Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Os Cassetes de parafina com cada bloco histológico foram acoplados no micrótomo de rotação Leica - RM 2125 RT para secionamento em cortes transversais 5  $\mu$ m de espessura. As fatias foram distendidas sobre uma lâmina de vidro, coradas com azul de toluidina (O'BRIEN; FEDER; MCCULLY, 1964) e cobertas com lamínulas utilizando verniz vitral.

A observação das lâminas foi feita no microscópio óptico Olympus modelo BX53 com lente ocular digital ajustado ao computador. O software *CellSens Standard*, suportado pela empresa *Olympus*, foi utilizado para as medições. O número de observações foi de 288 distribuídas assim: 63 para 'Brönnner', 59 para 'Gf-24', 55 para 'Isabel', 57 para 'Regent' e 54 para 'Sauvignon blanc'. Os blocos das amostras S16 e B24 sofreram danos durante o secionamento devido a que estes blocos não ficaram corretamente colados nos cassetes histológicos, portanto, o número de amostras observadas para análise de anatomia foi de 73.

A tabela 3 indica os quantitativos de amostras do projeto. São listadas àquelas descartadas para cada amostragem, tanto os vetores atípicos nas medições radiométricas, quanto os blocos histológicos estragados durante a elaboração das lâminas.

Tabela 3 – Quantitativo de amostras do projeto.

Tipo de análise	Reflectância	Transmitância	Anatomia
Amostras iniciais	75	75	75
Amostras descartadas	2	5	2
Amostras utilizadas no projeto	73	70	73

As variáveis anatômicas mensuradas foram: espessura do mesófilo, as espessuras de dos parênquimas paliçádico e esponjoso, as espessuras das epidermes abaxial e adaxial, e a espessura da parede celular periclinal adaxial. Esta última camada representa o conjunto cutícula-parede celular, naquelas células expostas diretamente à radiação solar. A figura 12 indica as medições realizadas a partir das imagens do microscópio, ajustando o zoom para cada tipo de medição.

Figura 12 – medição das variáveis anatômicas através do microscópio óptico.

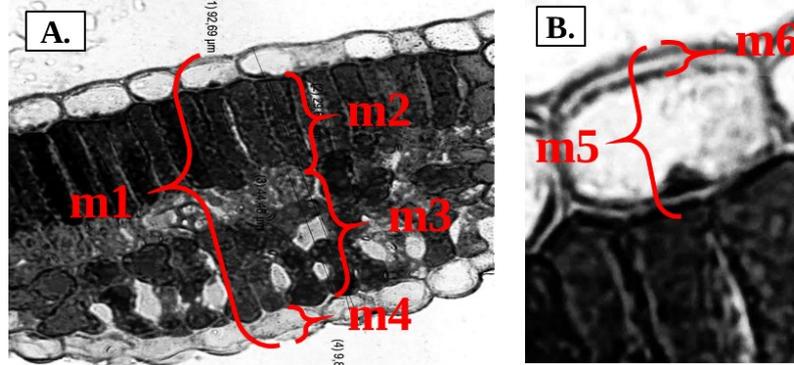


Figura 12A: Imagem de lâmina, zoom 400X. Mesófilo (m1), Parênquima paliçádico (m2), Parênquima esponjoso (m3), Epiderme adaxial (m4). Figura 12B: Imagem de lâmina, zoom 1000x Epiderme e abaxial (m5), Parede celular periclinal da epiderme adaxial, PCPA (m6). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

### 3.7 MÉTODOS DE ANÁLISE

Os dados radiométricos e anatômicos foram sistematizados no programa Microsoft Excel 2016, e, posteriormente, analisados via linguagem R (R CORE TEAM, 2020), no ambiente RStudio (Versão 1.3.959). As análises aplicadas para cada conjunto de dados são descritas na sequência.

### 3.7.1 Análise de componentes principais (ACP)

As ACP foram aplicadas tanto para dados anatômicos como de reflectância e transmitância, utilizando funções do pacote *factoextra*. Os resultados foram: i) um gráfico de autovalores com o número de componentes e a variabilidade dos dados contida em cada um deles; ii) um gráfico biplot indicando as relações entre variáveis através dos componentes principais (CP), e a distribuição das amostras de acordo com a sua variabilidade; e finalmente, iii) dois gráficos de barras que descrevem a contribuição das variáveis para cada Componente principal.

Os códigos do script na linguagem R para as análises de componentes principais e os respectivos gráficos se encontram nos apêndices deste documento. Apêndice A para dados anatômicos, e os apêndices C, D, E e F para dados radiométricos.

### 3.7.2 Análises de inferência estatística para anatomia

Foi verificada a homocedasticidade dos dados, aplicadas as análises de variância e de comparação de médias, para determinar diferenças estatísticas na anatomia das variedades. Os pacotes utilizados foram *agricolae*, *stats*, *emmeans* e *ggplot2*.

### 3.7.3 Estatísticas descritivas para respostas espectrais

Foram representadas a média e o desvio padrão da reflectância e transmitância para cada variedade mediante um gráfico de dois eixos verticais tentando observar as diferenças mais sobressalientes nas respostas espectrais de cada um dos genótipos. O código do script na linguagem R da elaboração destes gráficos se encontra no Apêndice B.

A fim de observar mais detalhadamente as diferenças na reflectância entre as variedades, foram escolhidos 6 comprimentos de onda específicos. Além disso, em lugar da média e o desvio padrão, foram representados os valores das amostras em gráficos de tipo boxplot. A figura 18 exhibe a reflectância das variedades em comprimentos de onda específicos do espectro VIS-NIR numa escala de 0 a 1.

Foi gerado um gráfico da reflectância das variedades para seis comprimentos de onda: 450, 550 e 650 nm da região do visível (VIS); e 710, 850, e 950 nm da região do infravermelho

próximo (NIR). Este gráfico tem uma escala geral de 0 a 1, a fim de observar o comportamento da refletância a través do espectro VIS-NIR.

Um segundo gráfico apresenta os fatores de refletância para estes comprimentos de onda em escalas ajustadas para exibir diferenças radiométricas entre variedades. Todos os gráficos referenciados neste numeral foram gerados mediante a o pacote *ggplot2*.

### 3.7.4 Análises de Correlação

A partir do coeficiente de correlação de Pearson, foi gerada uma escala de cor para descrever a relação entre múltiplas variáveis, e foram realizados os seguintes gráficos: i) um correlograma triangular entre os valores de reflectância da região VIS-NIR a cada 50 nm; ii) um mapa de calor da correlação entre as variáveis anatômicas das folhas e a fração de reflectância; e, iii) um mapa de calor da correlação entre as variáveis anatômicas os índices espectrais de vegetação (IV's) associados à sintomatologia do míldio em videira.

Os pacotes da linguagem R utilizados para produzir os gráficos de correlação foram *dplyr*, *RColorBrewer*, *corrplot* e *heatmap*. No apêndice F deste documento se encontram os códigos do script na linguagem R das análises de correlação e dos correspondentes gráficos.

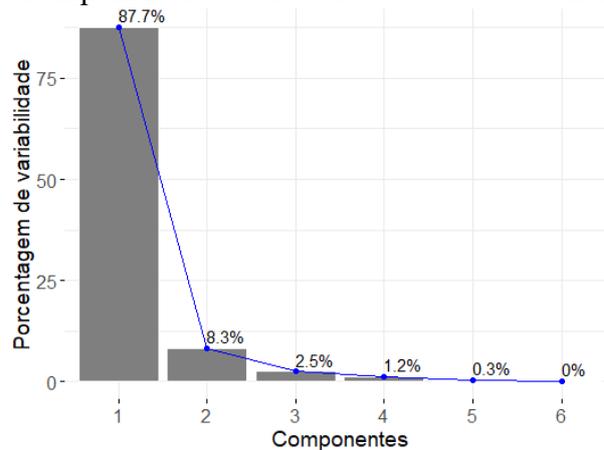
## 4 RESULTADOS E DISCUSÃO

### 4.1 ANATOMIA TRANSVERSAL DE FOLHAS

#### 4.1.1 Análise de componentes principais

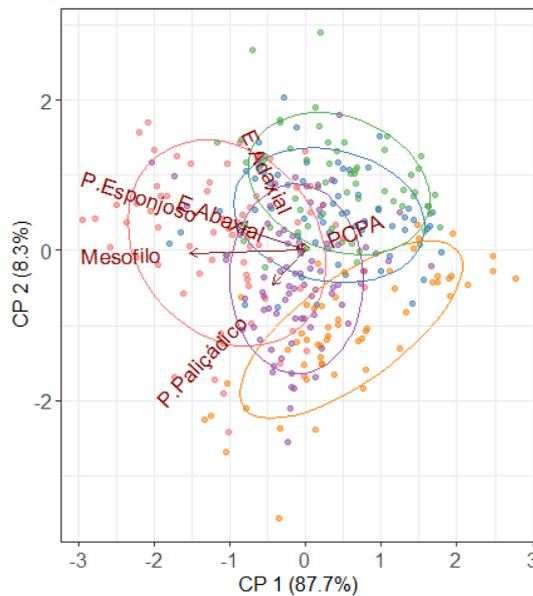
A variabilidade total dos dados anatômicos está contida em seis componentes, sendo que nos primeiros dois componentes, concentra-se 96% da variabilidade. A figura 13 exhibe a distribuição da variabilidade entre componentes: O primeiro componente (CP1) explica 87,7% da variabilidade total e o componente secundário (CP2) explica um 8,3%.

Figura 13 – Componentes da variabilidade dos dados anatômicos.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

O gráfico *biplot* da figura 14 indica que a maior variabilidade (CP1) é explicada principalmente pela espessura do mesofilo, esta variável guarda correlação positiva com a espessura do parênquima esponjoso que é a segunda variável que mais contribui para o CP1. ‘Bronner’ apresentou valores maiores em estas duas variáveis. Por outra parte, o CP2 é explicado em maior medida pela espessura do parênquima paliçádico; este tecido possui relação negativa com a espessura da parede celular periclinal adaxial (PCPA), mas não se relaciona com a espessura da mesma epiderme. Isto insinua uma relação inversa entre a espessura do parênquima colunar e a cutícula da folha.

Figura 14 – Gráfico *biplot* da análise de componentes principais para anatomia.

Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

A figura 14 exhibe a similaridade entre variedades pelas suas características anatômicas. O crescimento das folhas, geralmente, é determinado inicialmente pela divisão celular, posteriormente, a expansão da folha é consequência do crescimento das células e seus vacúolos (KELLER, 2015) Pelo anterior, a similitude dos resultados pode-se explicar pelo crescimento celular nos tecidos das folhas mais jovens, as da quarta posição no broto.

As únicas variedades que apresentaram separação na análise de componentes principais são ‘Isabel’ e ‘Regent’. A sua vez, ‘Regent’ e ‘Gf-24’ agruparam-se quase numa região semelhante, é de ressaltar que ‘Gf-24’ é descendente de ‘Regent’ (SAIFERT et al., 2018).

A figura 15 exhibe a contribuição das variáveis anatômicas para cada componente principal, sendo as variáveis mais importantes aquelas cuja contribuição supera o valor da linha vermelha tracejada que representa a contribuição média de todas as variáveis. A espessura do mesofilo explica 70% do CP1 e a espessura do parênquima esponjoso explica um 20%. Enquanto o CP2 é explicado em 68% pela espessura do parênquima paliçádico, e, em 25% pela espessura do parênquima esponjoso.

Figura 15 – Contribuição das variáveis anatômicas para os componentes principais.

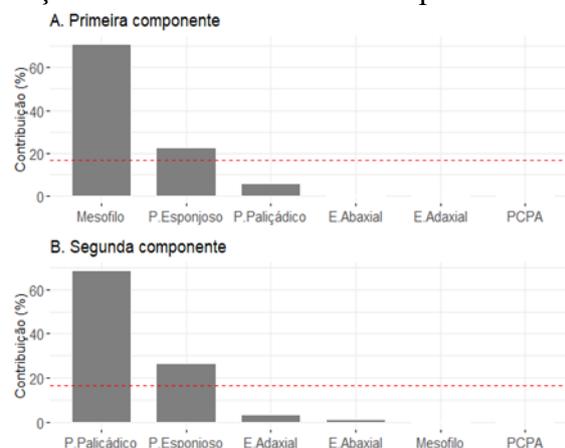


Figura 15A: Contribuição das variáveis ao CP1. Figura 15B: Contribuição das variáveis ao CP2.  
Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

#### 4.1.2 Inferência estatística e comparação de médias

Os dados possuem distribuição normal em todas as variáveis analisadas de acordo aos testes de homocedasticia. Os resultados dos testes de curtose estão no intervalo de -0,47 a 1,26 indicando distribuição contínua, e os resultados do teste de *skewness*, entre 0,085 e 0,71, indicam que os dados possuem assimetrias leves (VIEIRA, 2016). As análises de variância encontraram diferenças estatísticas significativas entre as variedades para cada uma das variáveis anatômicas analisadas como indicam as tabelas 4 a 9.

Tabela 4 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura do mesofilo.

<b>Testes de homocedasticia</b>					
Teste	<i>p</i> -valor				
Curtose	-0,151				
Skewness	0,017				
<b>Análise de variância entre variedades</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
Variedade	4	21467	5366,7	42,534	< 2,2e-16 ***
residuo	318	40123	126,2		
<b>Teste de Tukey para comparação de médias</b>					
<i>Variedade</i>	<i>médias</i>		<i>grupo</i>		
Brönnner	111,76		a		
Suavignon blanc	98,88		b		
Gf-24	93,2		c		
Regent	91,36		c		
Isabel	89,22		c		

Distribuição normal quase-simétrica; \*\*\*: nível de significância = 95%; médias seguidas por letras iguais não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p < 0,05$ ). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Existe diferença estatística significativa para espessura do mesofilo entre variedades pelo teste Tukey. O mesófilo da variedade ‘Brönnner’ tem maior espessura do que da ‘Sauvignon blanc’ a espessura nesta variedade é maior do que nas outras três. Na figura 16, estão representadas as variedades de cada genótipo organizadas de esquerda pra direita de acordo com o valor médio da espessura do seu mesofilo.

Figura 16 – Imagens das variedades estudadas de acordo ao valor mais próximo da média para a espessura do mesofilo.

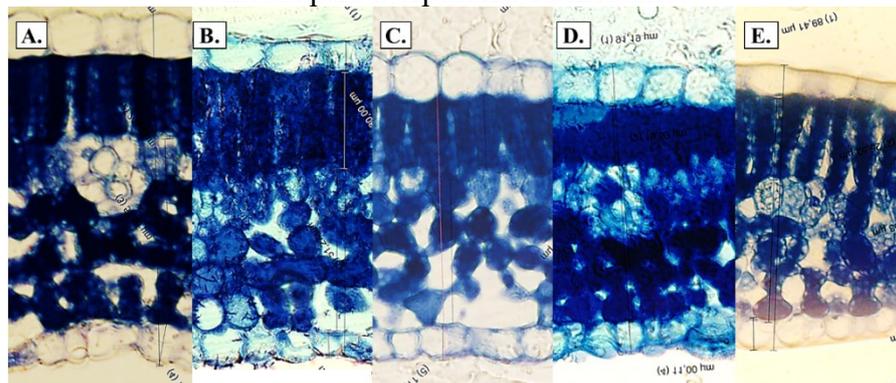


Figura 16A: ‘Brönnner’. Figura 16B: ‘Sauvignon blanc’. Figura 16C: ‘Gf-24’. Figura 16 D: ‘Regent’. Figura 16E: ‘Isabel’. Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Como se observa na figura 15, ‘Brönnner’ apresentou maior espessura do mesofilo em relação com as demais variedades. A espessura do parênquima paliçádico apresenta uniformidade a traves da folha apenas interrompida por alguns feixes vasculares, a tabela 5 indica os resultados da comparação entre as variedades para este tecido.

Tabela 5 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura do Parênquima paliçádico

<b>Testes de homocedasticia</b>					
Teste	<i>p-valor</i>				
Curtose	0,355				
Skewness	0,215				
<b>Análise de variância entre variedades</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
Variedade	4	4049,9	1012,48	48,233	< 2,2e-16 ***
resíduo	318	6675,2	20,99		
<b>Teste de Tukey para comparação de médias</b>					
<i>Variedade</i>	<i>médias</i>		<i>grupos</i>		
Brönnner	29,51		a		
Sauvignon blanc	28,02		a		
Isabel	27,86		a		
Gf-24	22,65		b		
Regent	20,2		c		

Distribuição normal quase-simétrica; \*\*\*: nível de significância = 95%; medias seguidas por letras iguais não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p < 0,05$ ). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Existe diferença estatística significativa para espessura do parênquima paliçádico entre variedades pelo teste Tukey, as variedades ‘Brönnner’, ‘Sauvignon blanc’, e ‘Isabel’ possuem maior espessura de parênquima paliçádico do que a variedade ‘Gf-24’ cuja espessura foi maior do que da variedade ‘Regent’. As diferenças para espessura do parênquima esponjoso entre variedades se apresentam na tabela 6.

Tabela 6 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura do parênquima esponjoso.

<b>Testes de homocedasticia</b>					
Teste	<i>p-valor</i>				
Curtose	0,022				
Skewness	0,276				
<b>Análise de variância entre variedades</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
Variedade	4	8157,4	2039,35	46,322	< 2,2e-16 ***
resíduo	318	14000,2	44,03		
<b>Teste de Tukey para comparação de médias</b>					
<i>Variedade</i>	<i>médias</i>		<i>grupos</i>		
Brönnner	56,14		a		
Suavignon blanc	48,1		b		
Gf-24	45,95		b		
Regent	45,81		b		
Isabel’	40,65		c		

Distribuição normal quase-simétrica; \*\*\*: nível de significância = 95%; medias seguidas por letras iguais não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p < 0,05$ ). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Houve diferenças estatísticas significativas para espessura do parênquima esponjoso entre variedades pelo teste de Tukey. A espessura na variedade ‘Brönnner’ é maior do que nas

demais. ‘Sauvignon blanc’, ‘Gf-24’ e ‘Regent’ não apresentaram diferenças, e ‘Isabel’ foi a variedade como menor espessura respeito das outras.

Estes resultados indicam que a maior espessura do parênquima esponjoso nas variedades não está associada a uma maior susceptibilidade ao míldio. A relação entre o parênquima esponjoso e a resistência ao míldio tem sido abordada a partir dos espaços intercelulares que poderiam favorecerem o desenvolvimento do haustório no interior da folha (ALONSO-VILLAVERDE et al., 2011).

A tabela 7 indica os resultados obtidos na comparação da espessura da epiderme abaxial entre variedades.

Tabela 7 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura da epiderme abaxial.

<b>Testes de homocedasticia</b>					
<i>Teste</i>	<i>p-valor</i>				
<i>Curtose</i>	-0,466				
<i>Skewness</i>	0,084				
<b>Análise de variância entre variedades</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
Variedade	4	181,42	45,355	8,6742	1,176e-06 ***
resíduo	318	1662,75	5,229		
<b>Teste de Tukey para comparação de médias</b>					
<i>Variedade</i>	<i>médias</i>		<i>grupo</i>		
Brönner	12,5409		a		
Regent	11,9786		ab		
Gf-24	11,5414		ab		
Sauvignon blanc	11,1122		bc		
Isabel	10,3044		c		

Distribuição normal quase-simétrica; \*\*\*: nível de significância = 95%; medias seguidas por letras iguais não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p < 0,05$ ). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Detectou-se diferença estatística significativa para espessura da epiderme abaxial entre variedades. A comparação de médias pelo teste de Tukey indica que a espessura em ‘Brönner’ foi maior do que em ‘Sauvignon blanc’ e ‘Isabel’. A espessura em ‘Regent’ e ‘Gf-24’ foi maior do que em ‘Isabel’, mas não apresentou diferença respeito de ‘Sauvignon blanc’.

Considerando a epiderme abaxial em folhas de variedades resistentes ao míldio observou-se que estas possuem baixa ou nenhuma quantidade de cera na superfície deste tecido (BOSO et al., 2010). A tabela 8 indica os resultados obtidos para espessura da epiderme adaxial.

Tabela 8 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura da epiderme adaxial.

<b>Testes de homocedasticia</b>					
Teste	<i>p-valor</i>				
Curtose	1,257				
Skewness	0,70				
<b>Análise de variância entre variedades</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
Variedade	4	589,04	147,261	40,069	< 2,2e-16 ***
resíduo	316	1161,35	3,675		
<b>Teste de Tukey para comparação de médias</b>					
<i>Variedade</i>	<i>médias</i>		<i>grupo</i>		
Gf-24	15,12		a		
Regent	15,06		a		
Brönnner	13,54		b		
Sauvignon blanc	12,46		c		
Isabel	11,6		c		

Distribuição logística, levemente assimétrica; \*\*\*: nível de significância = 99%; e comparação de médias pelo teste de Tukey ( $p < 0,05$ ). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Houve diferenças estatísticas significativas na espessura da epiderme adaxial entre variedades. Pelo teste de Tukey, ‘Regent’ e ‘Gf-24’ foram estatisticamente superiores do que as outras variedades, e ‘Brönnner’ foi estatisticamente maior do que ‘Sauvignon blanc’ e ‘Isabel’. Não há relação entre este tecido e a susceptibilidade ao míldio; a infecção das folhas ocorre via estômatos, os quais estão localizados unicamente na epiderme abaxial (KELLER, 2015).

A tabela 9 apresenta a comparação entre as espessuras da parede celular periclinal adaxial de cada variedade.

Tabela 9 – Testes de normalidade, análise de variância e comparação de médias para espessura da parede celular periclinal adaxial (PCPA).

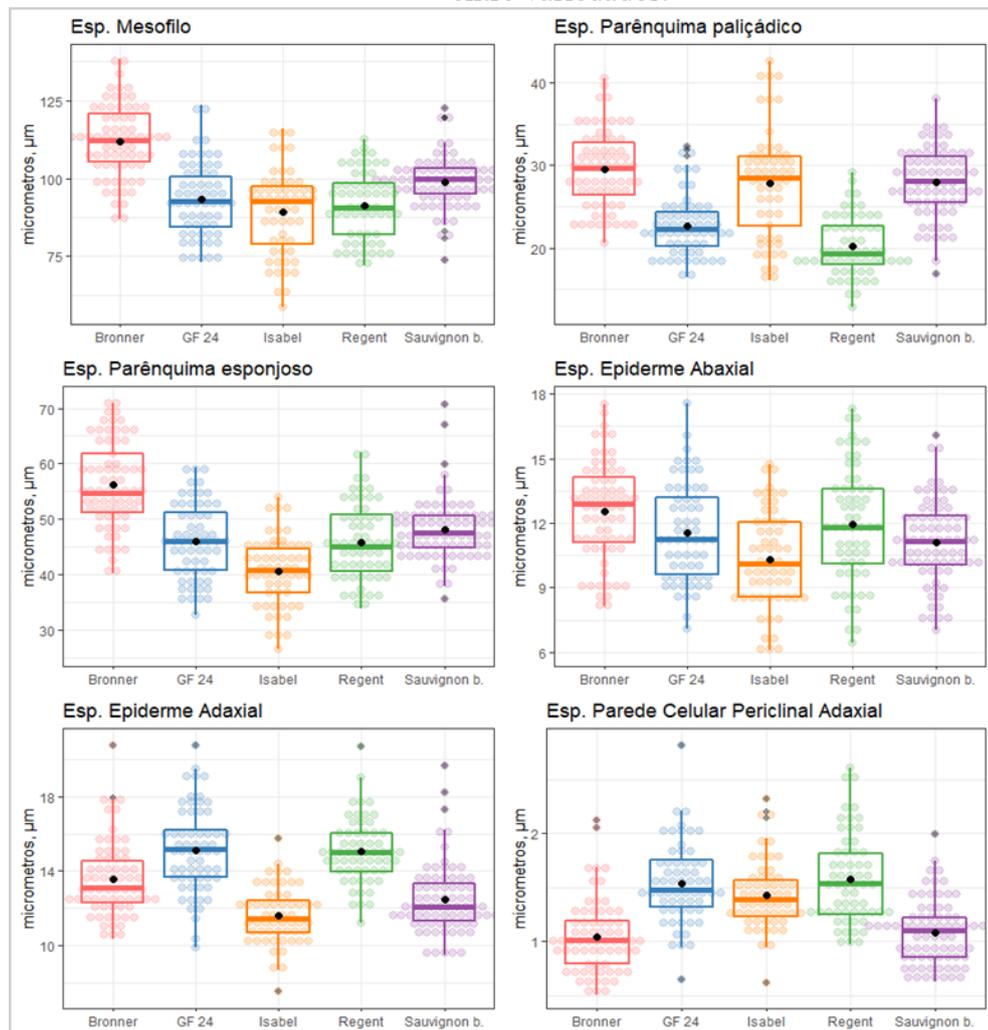
<b>Testes de homocedasticia</b>					
Teste	<i>p-valor</i>				
Curtose	0,814				
Skewness	0,71				
<b>Análise de variabilidade entre variedades</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
Variedade	4	17,385	43,462	36,847	< 2.2e-16 ***
resíduo	316	37,272	0,118		
<b>Teste de Tukey para comparação de médias</b>					
<i>Variedade</i>	<i>médias</i>		<i>grupo</i>		
Regent	1,58		a		
Gf-24	1,54		a		
Isabel	1,42		a		
Sauvignon blanc	1,08		b		
Brönnner	1,04		b		

Distribuição normal, levemente assimétrica; \*\*\*: nível de significância = 95%; médias seguidas por letras iguais não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p < 0,05$ ). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Houve diferença estatística significativa na espessura do complexo cutícula-parede celular periclinal adaxial entre variedades; de acordo com o teste Tukey, as variedades ‘Regent’, ‘Gf-24’ e ‘Isabel’ possuem uma espessura maior em relação com as variedades ‘Sauvignon blanc’ e ‘Brönnner’.

Na figura 17 são apresentadas o conjunto de variáveis anatómicas comparadas através de gráficos *boxplot* para cada variedade.

Figura 17 – *Boxplots* de estatísticas descritivas da anatomia transversal das folhas entre variedades.



As caixas representam os dados que se encontram entre o primeiro e o terceiro quartil em torno da mediana representada pela linha horizontal mais espessa. As médias de cada variedade são os pontos pretos, as linhas verticais indicam os valores máximos e mínimos, e os pontos cinza representam valores atípicos.

Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Observadas em conjunto, as variedades ‘Regent’ e ‘Gf-24’ mostram estruturas anatómicas similares, exceto na espessura do parênquima paliçádico. As variedades ‘Brönnner’

e ‘Sauvignon blanc’ apresentam características similares nas espessuras do parênquima paliçádico, da epiderme adaxial, e da parede celular periclinal adaxial.

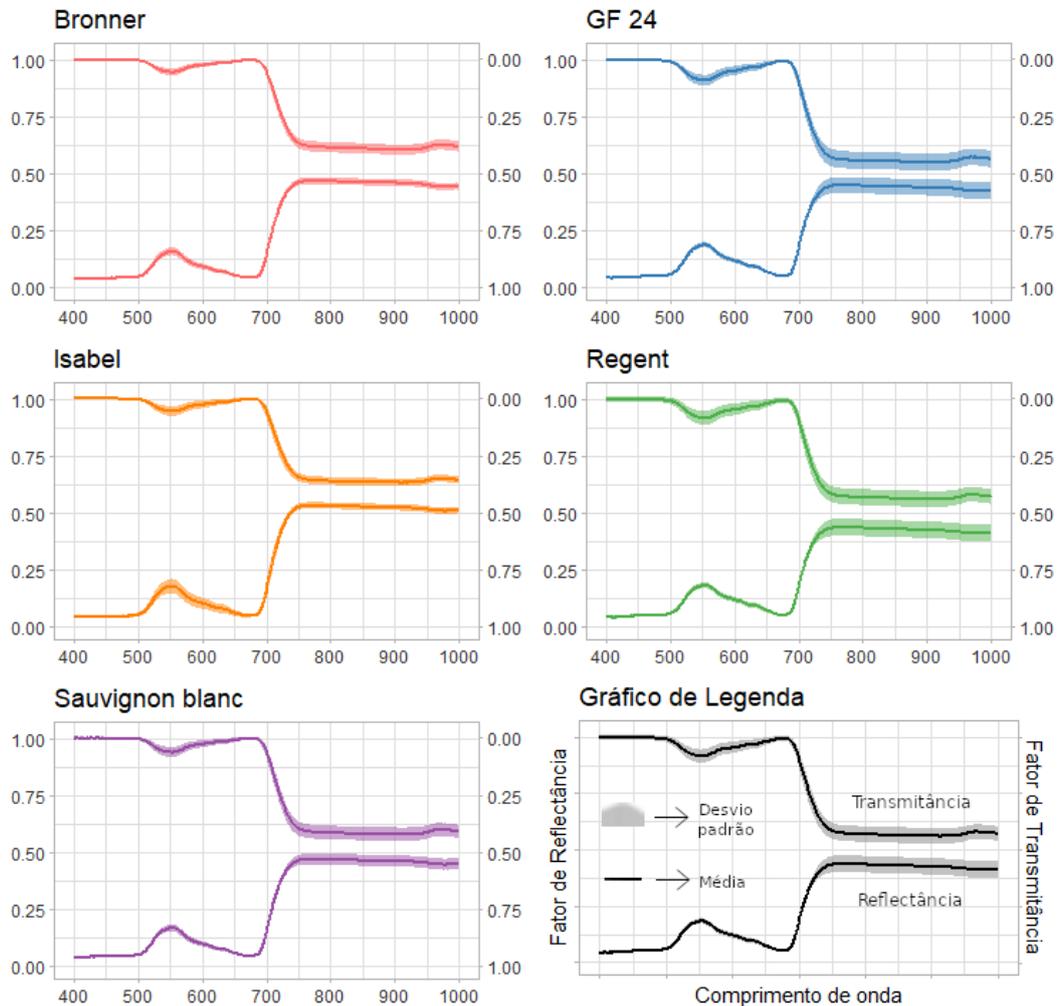
Estes resultados confirmam que a resistência ao míldio não possui relação com estrutura transversal das folhas, sendo a resistência uma reação hipersensitiva ao patógeno quando este atinge os estômatos (BELLIN et al., 2009; BOVE; ROSSI, 2020; YIN et al., 2017).

Contudo, é possível que existam condições anatômicas que favoreçam o desenvolvimento do patógeno, principalmente a ausência de tricomas, maiores espaços intercelulares no parênquima esponjoso, e possivelmente, ausência de depósitos de cera na epiderme abaxial (NASCIMENTO-GAVIOLI et al., 2020). Tais características precisam ser estudadas com maior nível de detalhe (BOSO et al., 2010), principalmente no que tange a aplicação de radiometria para feonotipagem destas variedades.

#### 4.2 ANÁLISE DE DADOS RADIOMÉTRICOS

A figura 18 exhibe as médias e desvios padrão dos fatores de reflectância e transmitância na região VIS-NIR para cada uma das variedades.

Figura 18 – Média (linha central) e desvio padrão (área sombreada) das respostas espectrais, reflectância e transmitância para cada variedade.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

As respostas espectrais de reflectância e transmitância exibem um comportamento similar ou correlação a traves do espectro VIS-NIR. O gráfico de dois eixos verticais invertidos, um para cada variedade com os dois tipos de resposta, permite observar a fração de energia absorvida pelas folhas a traves dos comprimentos de onda (JENSEN, 2009).

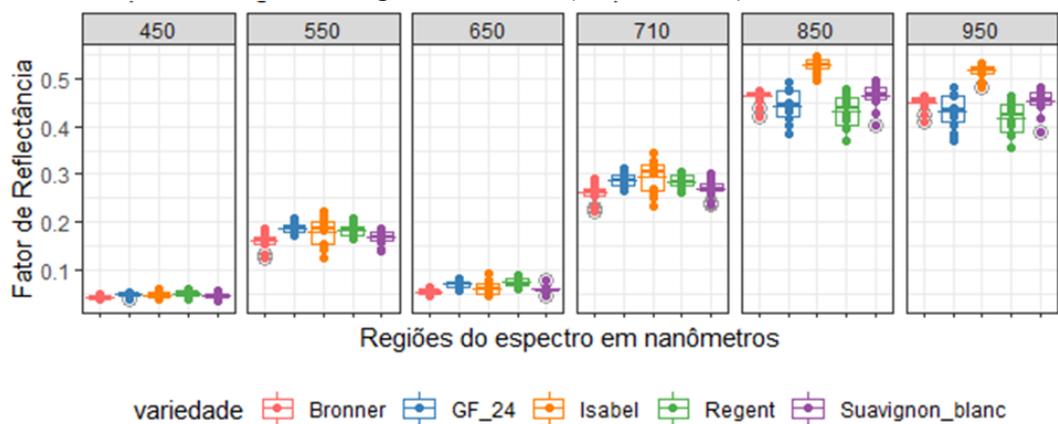
A energia da região do visível é principalmente absorvida pelas folhas, na região do verde, a absorção diminui e a porcentagem de energia refletida aumenta em torno de 17%. A fração de energia transmitida também aumenta nesta região do espectro, mas em menor proporção. Por outra parte, entre 700 e 750 nm, a energia refletida e transmitida aumentam simultaneamente e a energia absorvida diminui para um 10%. Esta variação na conduta da energia é denominada de 'borda do infravermelho'. Finalmente, a partir dos 750 nm, as

respostas de reflectância e transmitância apresentam valores semelhantes até os 950 nm, onde se observa um leve aumento da absorção (JACQUEMOUD; USTIN, 2019) (Figura 17).

#### 4.2.1 Estatísticas descritivas

A figura 19 exibe o valor da reflectância das amostras em 6 comprimentos de onda específicos, as amostras estão agrupadas por variedade exibindo seu comportamento em gráficos de tipo boxplot.

Figura 19 – Estatísticas descritivas da reflectância em alguns comprimentos de onda na região VIS-NIR (Escala única).

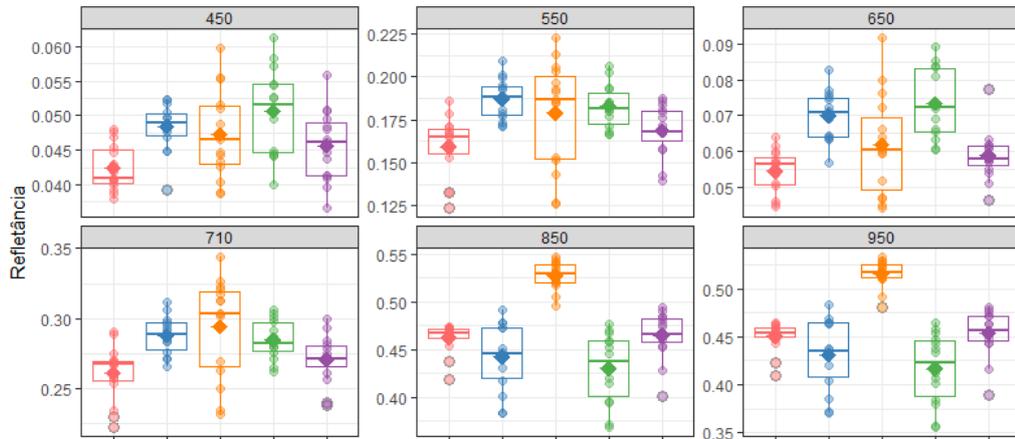


Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

As variedades ‘Gf-24’ e ‘Regent’ apresentaram respostas espectrais semelhantes entre elas, mesmo assim, entre ‘Brönnner’ e ‘Sauvignon blanc’, houve um comportamento similar. ‘Isabel’ exibe características particulares que a distinguem das outras variedades, principalmente pela maior variação no espectro visível, especificamente entre 550 e 710 nm, e a maior reflectância no infravermelho próximo.

Valores médios e desvios padrão do fator de reflectância no VIS-NIR possuem diferenças visuais entre os genótipos (GUTIÉRREZ et al., 2016). Em uma escala única (Figura 18) é complexo apreciar diferenças da reflectância entre variedades, tais diferenças são mais fáceis de observar em escalas ajustadas para cada comprimento de onda. A figura 20 exibe as médias e desvios padrão da reflectância das variedades, nos mesmos comprimentos de onda da figura 18, mas em escalas ajustadas.

Figura 20 – Estatísticas descritivas da reflectância em alguns comprimentos de onda na região VIS-NIR (Escala ajustada).



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Através do espectro, ‘Brönnner’ e ‘Sauvignon blanc’, apresentaram valores próximos, as suas reflectâncias no VIS foram menores comparadas com ‘Gf-24’ e ‘Regent’, as quais também refletiram frações de energia similares. As ondas de 550 nm foram mais absorvidas por ‘Brönnner’ em relação com as outras variedades. ‘Isabel’ apresentou maior dispersão de dados no VIS e na borda do infravermelho, em tanto que no NIR, a reflectância desta variedade foi maior do que as outras e apresentou pouca variação. Nesta região do espectro, a reflectância de ‘Regent foi menor comparada com ‘Sauvignon blanc’ e ‘Brönnner’.

A luz incidente em folhas planas com camada epidérmica fina e parênquima paliçádico longo, geralmente, refletem mais energia no NIR do que as folhas com forma de agulhas curtas e mesofilo indiferenciado (OLLINGER, 2011). Neste estudo, foram precisamente os genótipos com maior parênquima paliçádico e menor epiderme adaxial (‘Brönnner’, ‘Isabel’ e ‘Sauvignon blanc’), os que apresentaram maior reflectância nesta região do espectro.

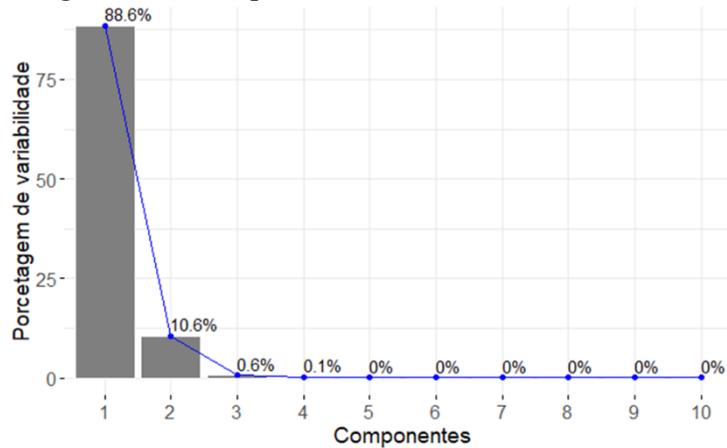
A reflectância na região do vermelho (650 nm), guarda relação com a espessura do parênquima paliçádico. A menor energia refletida pela folha representa maior absorção por parte dos cloroplastos, cuja densidade e capacidade de absorção por unidade de clorofila é maior no parênquima paliçádico do que no parênquima esponjoso. Além disso, o arranjo dos cloroplastos no tecido colunar facilita a penetração da luz para dentro da folha (EVANS, 1999).

## 4.2.2 Análise de componentes principais (ACP)

### 4.2.2.1 Reflectância simples

99,2% da variabilidade contida nos dados se encontra nos dois primeiros componentes. O CP1 explica 88,6% da variabilidade e o CP2 explica um 10,6% desta. A figura 21 indica os componentes principais e a sua percentagem de variabilidade explicada.

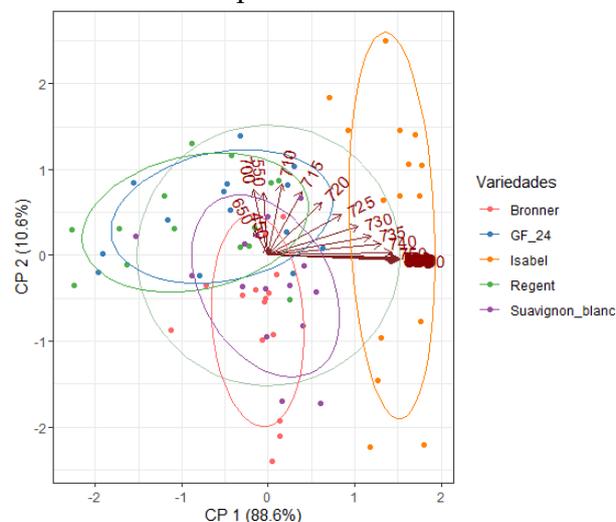
Figura 21 – Componentes da variabilidade da reflectância.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

O gráfico biplot da figura 22 exhibe a relação entre comprimentos de onda, aqueles do NIR explicam a variabilidade do CP1; por outro lado a variabilidade no CP2 é melhor explicada pelos comprimentos de onda entre 700 e 710 nm e entre 550 e 590 nm. Existe maior correlação entre comprimentos de onda no NIR do que no visível. Em quanto ao agrupamento das variedades, 'Isabel' foi a única agrupada separadamente das outras. As variedades 'GF24' e 'Regent' agruparam-se quase junto nas duas componentes.

Figura 22 – Gráfico biplot dos CP da reflectância simples



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

A ACP unicamente conseguiu separar a variedade ‘Isabel’ (Figura 21). Um estudo que aplicou ACP, no espectro de 350 a 700 nm, exibiu separação entre espécies monocotiledóneas e dicotiledóneas que apresentam variações naturais de pigmentos (FALCIONI et al., 2020). Outro estudo de aplicação de ACP na região do VISNIR exibiu separação entre duas variedades de tomate (XU et al., 2009). Outros autores também observaram separabilidade entre variedades de videira no Brasil, utilizando análise discriminante, mas dentro de um espectro mais amplo, de 350 a 2500 nm, mediante um sensor ASD FieldsSpec 3 (DUCATI et al., 2016).

A figura 23 exhibe as contribuições dos comprimentos de onda para cada CP. No CP1, foi maior a contribuição pelos comprimentos de onda do NIR; no CP2 apresenta maior contribuição pelos comprimentos de onda da borda de infravermelho e do VIS. A linha vermelha representa o valor esperado se a contribuição de todas as variáveis fosse uniforme, as variáveis cuja coluna supera a linha vermelha significa a sua contribuição é importante.

Figura 23 – Contribuição das variáveis para os CP da reflectância.

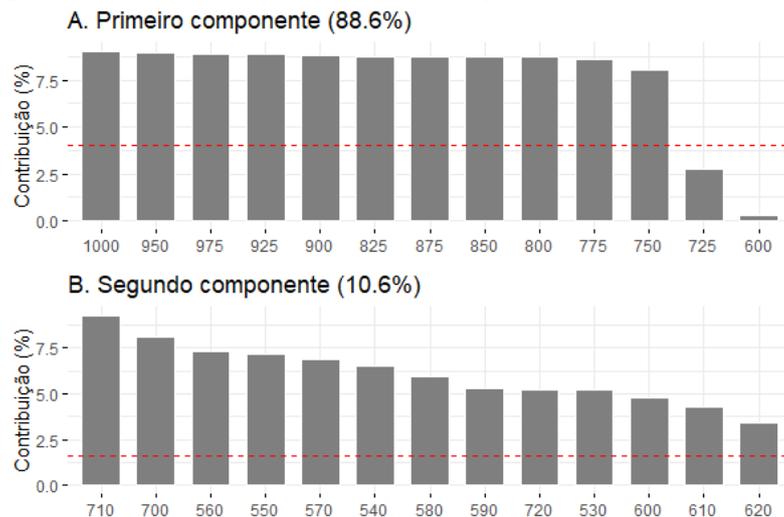


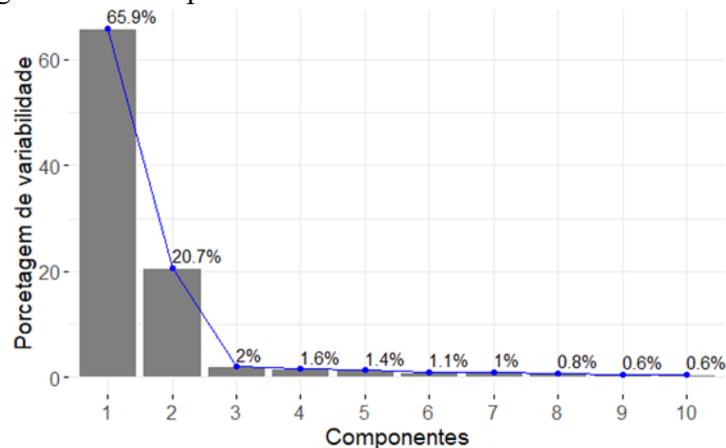
Figura 23A: Contribuição das variáveis ao CP1. Figura 23B: Contribuição das variáveis ao CP2.

Fonte: Elaborada pelo autor (2021). Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

#### 4.2.2.2 Reflectância-SG.

A figura 24 exhibe os componentes principais da reflectância filtrada com a técnica Savitzky-Golay. 86,6% da variabilidade encontra-se contida nos dois primeiros componentes. O CP1 explicou 65,9% da variabilidade total e o CP2, 20,7%. A diferença dos dados de reflectância simples, a reflectância filtrada apresentou menos variabilidade concentrada nos dois primeiros componentes.

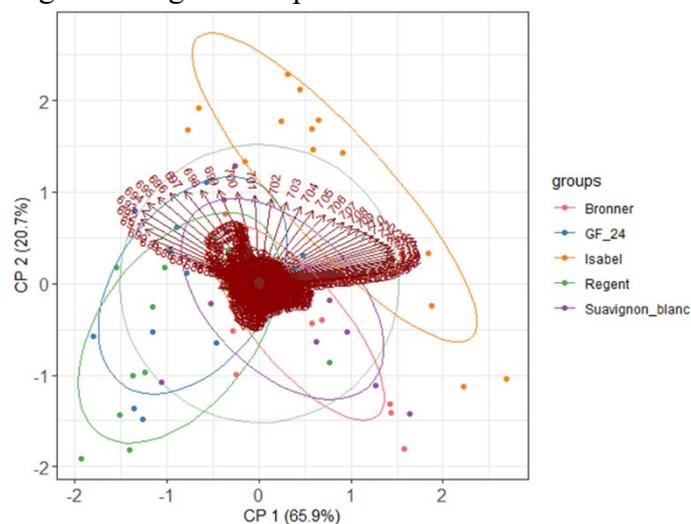
Figura 24 – Componentes da variabilidade da reflectância-SG.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

De acordo com o gráfico biplot da figura 25, o CP1 foi melhor explicado pelos comprimentos de onda de 715 a 730 nm, em tanto que o CP2 é melhor explicado por aqueles entre 695 e 705 nm. Existe correlação positiva entre variáveis vizinhas, mas quando estas se afastam a correlação diminui gradativamente até desaparecer, em alguns casos a relação entre comprimentos de onda é ligeiramente negativa.

Figura 25 – gráfico biplot dos CP da reflectância-SG.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

O agrupamento dos genótipos no gráfico biplot da reflectância-SG é similar ao biplot da reflectância simples, a diferença mais notável é a rotação para a esquerda dos scores e suas respectivas elipses. O filtro Savitzky-Golay gerou vetores cuja maior contribuição para cada CP concentra-se nos comprimentos de onda da entre 690 e 730 nm. A figura 26 exhibe as contribuições variáveis radiométricas para cada componente.

Figura 26 – Contribuição das variáveis para os CP da reflectância-SG.

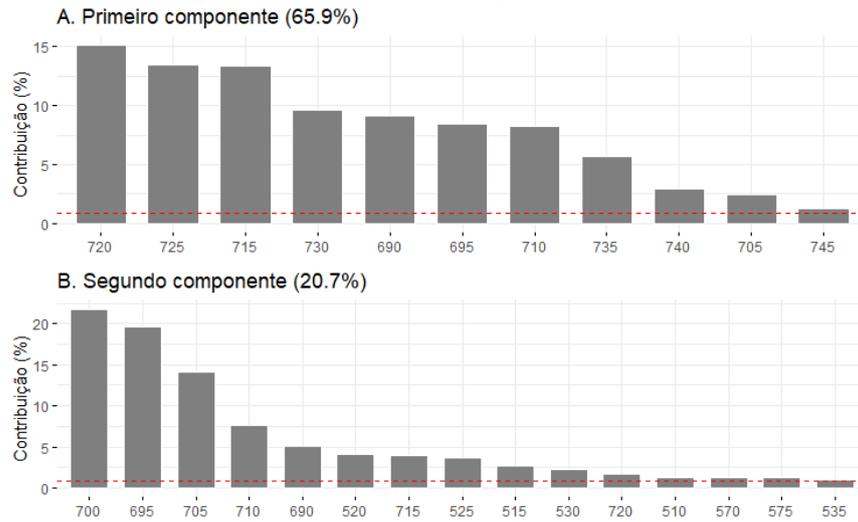


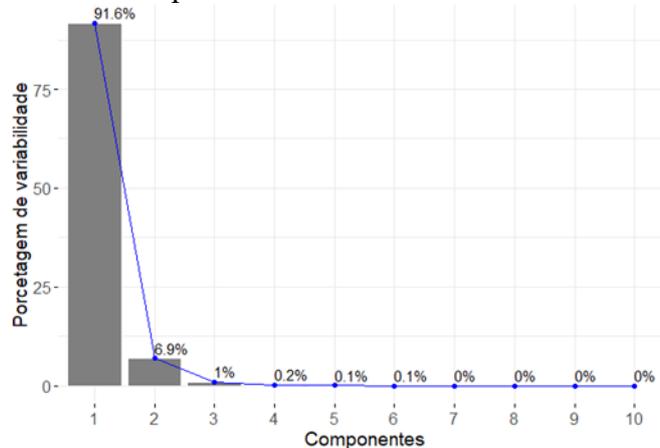
Figura 26A: Contribuição das variáveis ao CP1. Figura 26B: Contribuição das variáveis ao CP2.  
Fonte: Elaborada pelo autor (2021). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Observando os gráficos biplot dos dados de reflectância (tanto simples como filtrada), os indivíduos concorrem num espaço semelhante, separando a variedade ‘Isabel’.

#### 4.2.2.3 Transmitância simples

98,5% da variabilidade dos dados da transmitância simples agrupa-se nos dois primeiros componentes. O CP1 abrange 91,6% da variabilidade e o CP2 abrange um 6,9% como indica a figura 26. O CP1 explica maior proporção de variabilidade em relação com o CP1 da reflectância simples. Isto sugere que os dados da transmitância simples possuem maior correlação entre as suas variáveis radiométricas, como se observa na figura 27.

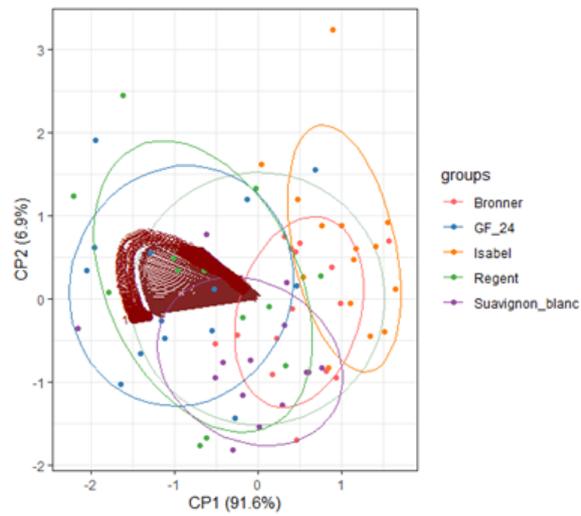
Figura 27 – Componentes da variabilidade da transmitância.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

O gráfico biplot da figura 26 exibe correlação muito forte entre os comprimentos de onda mais próximos, todos os comprimentos de onda têm correlação positiva. As únicas variedades agrupadas separadamente foram ‘Isabel’ em relação com ‘Gf-24’, ‘Regent’ e ‘Sauvignon blanc’. As variedades ‘Regent’ e ‘Gf-24’ agruparam-se num espaço semelhante, em tanto que ‘Brooner’ não exibe separação de nenhuma variedade (Figura 28).

Figura 28 – gráfico biplot dos CP da transmitância



Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

Os dados de transmitância possuem menos poder de separação comparados com os de reflectância ainda analisando distintas espécies (FALCIONI et al., 2020). Atualmente há estudos que exploram a combinação de dados radiométricos a fim de otimizar a estimativa de pigmentos foliares (GITELSON; SOLOVCHENKO, 2018), mas esses estudos preponderam dados de absorção sobre transmitância.

A figura 29 apresenta os comprimentos de onda cuja contribuição foi mais importante para cada componente principal. O CP1 possui maior contribuição dos comprimentos de onda da região do infravermelho próximo (mesmo que na reflectância simples). A contribuição mais importante para o CP2 foi por parte dos comprimentos de onda entre 700 e 720 nm e entre 520 e 640 nm, ou seja, da base da borda do infravermelho, e da região do visível do verde e amarelo.

Figura 29 – Contribuição das variáveis para os CP da transmitância.

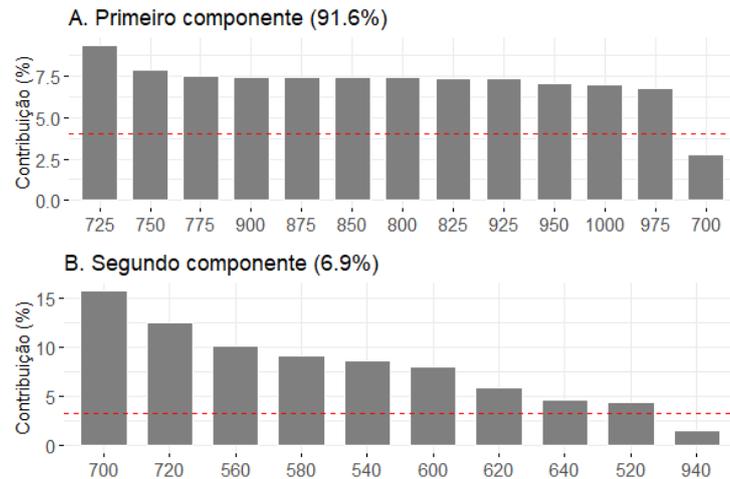


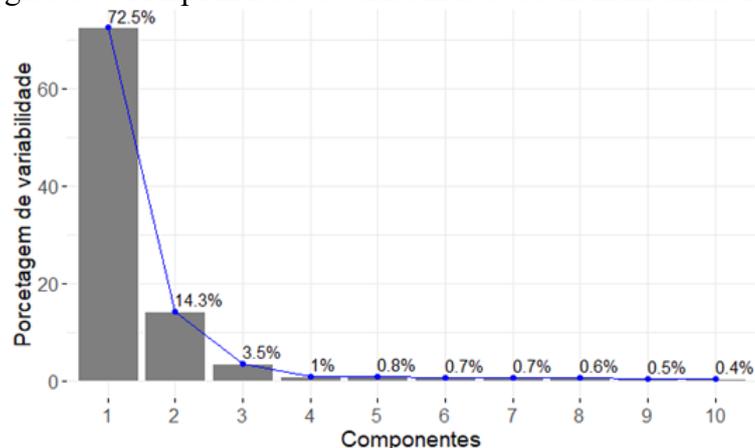
Figura 29A: Contribuição das variáveis ao CP1. Figura 29B: Contribuição das variáveis ao CP2.  
Fonte: Elaborada pelo autor (2021). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

Os comprimentos de onda de maior contribuição para cada CP da transmitância, são semelhantes daqueles que contribuem para os CP da reflectância, confirmando a alta correlação entre estes dois tipos de resposta espectral para esta região do espectro (FALCIONI et al., 2020).

#### 4.2.2.4 Transmitância SG

A continuação, a figura 30 exibe a porcentagem da variabilidade contida nos componentes principais da transmitância filtrada. Os dois primeiros componentes contêm 86,9% da variabilidade total; sendo que o CP1 abrange o 72,5% e o CP2, 14,3%. Os dados de transmitância filtrados distribuem a variabilidade dos dados em uma quantidade maior de componentes em comparação com os dados da transmitância simples.

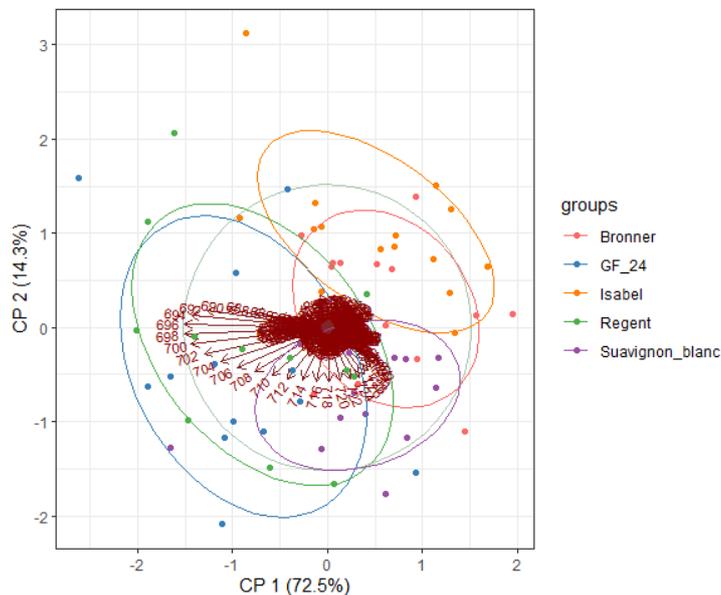
Figura 30: Componentes da variabilidade da transmitância-SG.



Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

O gráfico biplot da figura 31 exibe que a contribuição dos comprimentos de onda para o PC1 é menor do que para o PC2; no PC1 predominam os comprimentos de onda cerca de 696 nm, em tanto que no CP2, os que estão em torno de 718 nm. Observa-se diferentes graus de correlação (positiva, negativa ou nula) entre comprimentos de onda distantes. O agrupamento dos indivíduos através dos componentes primários não exibe separação entre todas as variedades. A distribuição das variedades ‘Gf-24’ e ‘Regent’ apresenta-se ainda mais próxima em relação com os dados de transmitância simples.

Figura 31 – Gráfico biplot dos CP da transmitância-SG.



Enquanto à contribuição das variáveis radiométricas para os componentes principais, encontramos que tanto para o CP1 como para o CP2, a contribuição mais importante (com porcentagem maior do que indica a linha vermelha) está concentrada nos comprimentos de onda da região de transição do VIS para NIR. A contribuição para cada CP diminui gradativamente quando os dados se afastam de esta região, sendo que para a CP1 as variáveis de maior peso estão do lado do VIS, e para a CP2, do lado do NIR (Figura 32).

Figura 32 – Contribuição das variáveis para os CP da transmitância-SG.

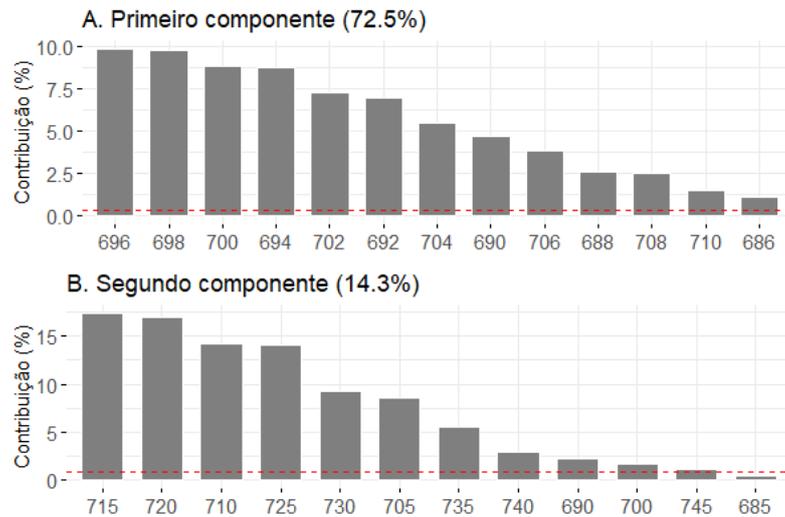


Figura 32A: Contribuição das variáveis ao CP1. Figura 32B: Contribuição das variáveis ao CP2.  
Fonte: Elaborada pelo autor (2021). Fonte: Elaborada pelo autor (2021).

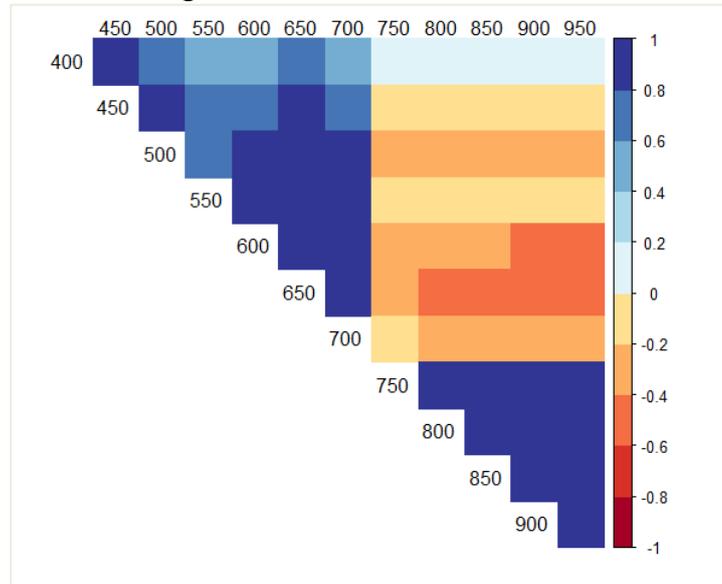
As ACP dos quatro tipos de dados radiométricos não exibem separação para todas as variedades. Estes resultados eram esperados, já que este método reduz a dimensionalidade dos dados em função da maior variabilidade, porém, atributos úteis para classificação entre categorias subjacentes são perdidos pela rotação dos eixos. As observações com grande quantidade de variáveis, como são os dados hiperespectrais, são especialmente susceptíveis de este fenómeno (CHERIYADAT; BRUCE, 2003; TSAI; LIN; YOSHINO, 2007).

Houve uma grande similaridade entre os dados analisados, dado que todas as folhas analisadas pertencem a indivíduos de uma mesma espécie, e além disso, em condições homogêneas de fenologia, clima e edafologia (JUNGES et al., 2017). Outro aspecto relevante da amostragem, foi que as folhas coletadas estavam plenamente expostas à radiação solar, o qual favorece umas condições fenotípicas determinadas (XIAO; THOLEN; ZHU, 2016).

#### 4.2.3 Análise de correlação

Os valores de refletância da região visível guardam correlação positiva entre eles, sendo que os comprimentos de onda mais correlacionados estão entre 550 e 700 nm, (na região do verde a vermelho). Por outra parte, existe forte correlação entre os comprimentos de onda no infravermelho próximo. A correlação entre a reflectância das regiões VIS e NIR é baixa e negativa. A figura 33 exhibe um correlograma triangular da reflectância entre comprimentos de onda a cada 50 nm, de acordo com o coeficiente de correlação de Pearson.

Figura 33 – Correlograma entre valores de reflectância a cada 50 nm.



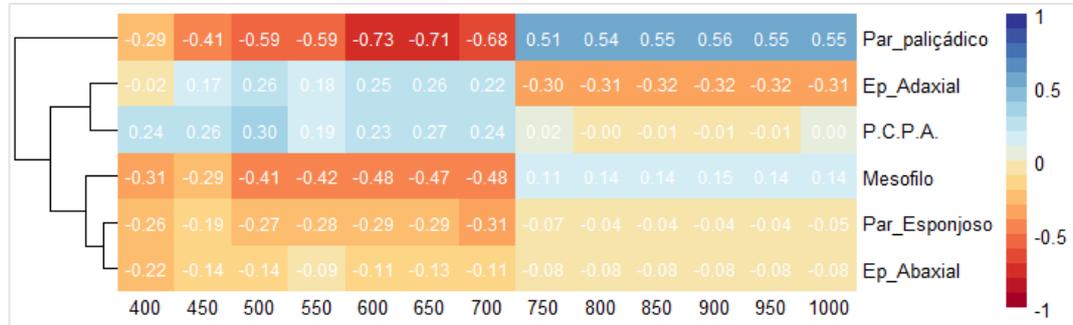
Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

Os resultados da correlação dos fatores de reflectância entre comprimentos de onda concordaram com as trabalhos já realizados sobre sensoriamento remoto da vegetação com maior resolução espectral e através de um espectro eletromagnético mais amplo (JENSEN, 2009). As correlações na região do visível é por causa dos pigmentos fotossintéticos e minerais que absorvem energia simultaneamente em comprimentos de onda similares, de modo que um comprimento de onda raramente é relacionado exclusivamente a uma molécula específica (JACQUEMOUD; USTIN, 2019). Enquanto na região do infravermelho próximo (de 750 a 1350 nm), a reflectância é influenciada principalmente pela estrutura da folha por aspectos como bicoloração, espessura de cutícula, e proporção de área celular exposta a espaços intercelulares por unidade de superfície foliar, tais resultados tem sido obtidos comparando a reflectância de distintas espécies (CASTRO; SANCHEZ-AZOFEIFA, 2008; SLATON; HUNT; SMITH, 2001).

A figura 34 representa os coeficientes de correlação de Pearson entre as variáveis anatômicas e os valores de reflectância no VIS-NIR. A variável anatômica que possui correlação forte e moderada com o fator de reflectância no VIS-NIR é a espessura do parênquima paliçádico. Esta variável apresentou coeficientes de correlação em torno de -0,72 com a reflectância entre os 600 e 650 nm; enquanto à reflectância no NIR sua correlação com a espessura do parênquima paliçádico apresentou coeficientes de maiores de 0,54 a partir dos 850 nm. A segunda variável anatômica mais correlacionada com a reflectância, foi a espessura do mesofilo, cujo coeficiente de Pearson foi de -0,48 nos 600 e 700 nm. Os coeficientes de

correlação entre as outras variáveis anatómicas com a reflectância foram entre -0,32 e 0,30 indicando correlações fracas ou valores estatisticamente independentes.

Figura 34 – Mapa de calor da correlação linear entre as variáveis anatómicas estudadas e os valores de refletância no VIS-NIR.

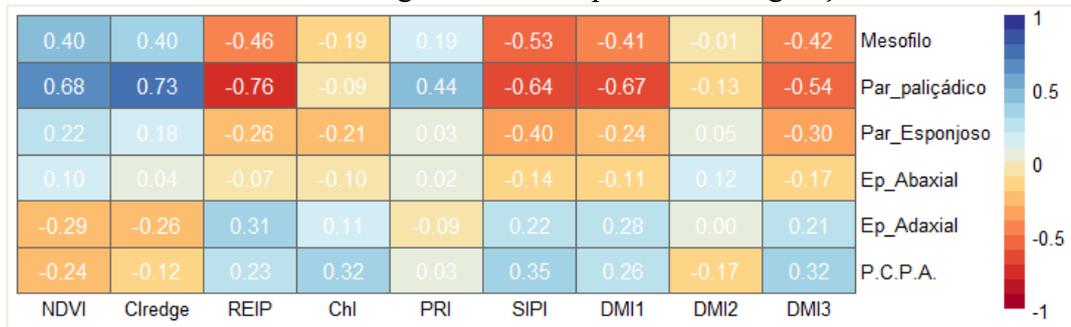


Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

Estes resultados concordam com aqueles encontrados em folhas de azinheiras (*Quercus ilex*) (OURCIVAL; JOFFRE; RAMBAL, 1999), onde a relação entre a espessura do parênquima paliçádico e a reflectância nos comprimentos de onda de 640 e 688 nm, apresentou uma correlação de 0,76 para regressões utilizando mínimos quadrados parciais. A reflectância nesta região do espectro é um indicador sensível ao conteúdo de *Clorofila a*, já que esta é única molécula nas folhas das plantas que emite luz vermelha, se a concentração de clorofila for alta, os fótons emitidos provavelmente serão reabsorvidos (JACQUEMOUD; USTIN, 2019). Assim, os fótons que são emitidos pelas folhas nesta região podem indicar uma baixa concentração de cloroplastos relacionada à espessura do parênquima paliçádico.

A figura 35 apresenta a correlação entre as variáveis anatómicas mensuradas com alguns índices espectrais de vegetação (IV's) que tem sido utilizados para tentar prever o avanço da sintomatologia do *P. viticola* em folhas de videira de genótipos resistentes e susceptíveis (OERKE; HERZOG; TOEPFER, 2016). As maiores correlações ocorreram entre a espessura do parênquima paliçádico e os índices CIredge e REIP com coeficientes de 0,73 e -0,76 respectivamente.

Figura 35: Mapa de calor da correlação linear entre as variáveis anatômicas estudadas e alguns índices espectrais de vegetação.



NDVI: Índice de vegetação por diferença normalizada, Clredge: Índice de clorofila da borda vermelha, REIP: Ponto de inflexão da borda vermelha, ChI: Índice de clorofila, PRI: Índice de reflectância fotoquímica, SIPI: Índice de pigmento insensível à estrutura, DMI 1: Downy mildew index 1, DMI 2: Downy mildew index 2, DMI 3: Downy mildew index 3. Fonte: Elaborada pelo autor (2021)

Em geral, as correlações das variáveis anatômicas foram levemente maiores com índices de vegetação do que com os dados de reflectância de comprimentos de onda específicos. Os índices de ‘Clredge’ e ‘REIP’, foram os que apresentaram maior correlação com a espessura do parênquima paliçádico, os valores dos seus coeficientes de Pearson foram 0,73 e 0,76 respectivamente.

Houve correlação positiva de 0,68 entre a espessura do parênquima paliçádico e o índice ‘NDVI’. Os comprimentos de onda que compõem a fórmula do ‘NDVI’ (670 e 800 nm) apresentam valores de correlação de 0,67 e 0,54 respectivamente. Este índice além de expressar informação sobre vigor das plantas (JUNGES et al., 2017), também fornece uma informação sobre a espessura do parênquima paliçádico dos indivíduos de videira.

A fim de comparar a estrutura anatômica transversal das folhas das distintas variedades de videira, se recomenda analisar folhas de maior maturidade, dado que estas possuem células com maior tamanho, e, porém, estrutura vertical mais bem definida (KELLER, 2015). Além disso, constatar que no momento de coletar as folhas, o vinhedo não presente estresse hídrico, dado que o crescimento celular em folhas de videira depende da absorção de água por parte da planta.

## 5 CONCLUSÕES

Existe diferenças na anatomia transversal das folhas entre variedades, mas não há relação entre algum destes aspectos anatômicos das variedades e seu nível de resistência ao míldio. As variedades resistentes apresentam estruturas anatômicas transversais que podem ser maiores ou menores em relação com uma variedade susceptível. Por outra parte, o tamanho

definitivo das células das folhas é atingido quando estas possuem certo nível de maturidade, e no presente estudo foram analisadas folhas relativamente jovens.

Ha diferenças na reflectância espectral das folhas de videira entre as variedades estudadas, tais diferenças entre variedades ocorrem em distintas regiões do espectro, mas não em todas.

A estrutura anatómica transversal das folhas que apresenta maior relação com a reflectância é o parênquima paliçádico. A espessura deste tecido é inversamente proporcional à reflectância da folha na região visível do vermelho; e, diretamente proporcional em menor magnitude com a reflectância no infravermelho próximo. Pelo anterior é possível encontrar correlações entre a espessura do parênquima paliçádico e índices espectrais de vegetação, dependendo dos comprimentos de onda que conformam o índice em questão. Os índices de vegetação que apresentam correlação mais forte com a espessura do parênquima paliçádico foram o índice de clorofila da borda vermelha, 'CIredge'; e o ponto de inflexão da borda vermelha 'REIP'.

## REFERÊNCIAS

- ABDI, H. Partial Least-Square Regression. **Encyclopedia of Measurement and Statistic**, [s. l.], 2007.
- ALONSO-VILLAVERDE, V. et al. Leaf thickness and structure of vitis vinifera L. CV. albarino clones and its possible relation with susceptibility to downy mildew (plasmopara viticola) infection. **Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin**, [s. l.], v. 45, n. 3, p. 161–169, 2011.
- ARAUS, J. L. et al. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 23, n. 5, p. 451–466, 2018.
- ATAK, A. et al. Susceptibility to downy mildew (Plasmopara Viticola) and powdery mildew (Erysiphe necator) of different vitis cultivars and genotypes. **Ciencia e Tecnica Vitivinicola**, [s. l.], v. 32, n. 1, p. 23–32, 2017.
- BECKER, W. R. et al. Data mining techniques for separation of summer crop based on satellite images. **Engenharia Agricola**, [s. l.], v. 37, n. 4, p. 750–759, 2017.
- BELLIN, D. et al. Resistance to Plasmopara viticola in grapevine “Bianca” is controlled by a major dominant gene causing localised necrosis at the infection site. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 120, n. 1, p. 163–176, 2009.
- BOSO, S. et al. Macro- and microscopic leaf characteristics of six grapevine genotypes (Vitis spp.) with different susceptibilities to grapevine downy mildew. **Vitis - Journal of Grapevine Research**, [s. l.], v. 49, n. 1, p. 43–50, 2010.
- BOVE, F.; ROSSI, V. Components of partial resistance to Plasmopara viticola enable complete phenotypic characterization of grapevine varieties. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 1–12, 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1038/s41598-020-57482-0>>
- BREIMAN, L. Random forests. **Machine Learning** 45, [s. l.], p. 5–32, 2001. Disponível em: <<https://doi.org/10.1023/A:1010933404324>>
- CAMARGO, U. A.; GARCIA, J. D.; RITSCHER, P. **Embrapa Uva e Vinho, novas cultivares brasileiras de uva**. 1. ed. [s.l.] : Embrapa, 2010. Disponível em: <<http://www.cnpuv.embrapa.br>>
- CASTRO, K. L.; SANCHEZ-AZOFEIFA, G. A. Changes in spectral properties, chlorophyll content and internal mesophyll structure of senescing Populus balsamifera and Populus tremuloides leaves. **Sensors**, [s. l.], v. 8, n. 1, p. 51–69, 2008.
- CATEN, A. et al. an Appropriate Data Set Size for Digital Soil. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, [s. l.], v. 37, n. 1, p. 359–366, 2013.
- CAVENDER-BARES, J.; GAMON, J. A.; TOWNSEND, P. A. **Remote Sensing of Plant Biodiversity**. 1. ed. [s.l.] : Springer, Cham, 2020.
- CESCO, S. et al. Plasmopara viticola infection affects mineral elements allocation and

distribution in *Vitis vinifera* leaves. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 1–18, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/s41598-020-75990-x>>

CHERIYADAT, A.; BRUCE, L. M. Why Principal Component Analysis is not an Appropriate Feature Extraction Method for Hyperspectral Data. **International Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS)**, [s. l.], v. 6, n. C, p. 3420–3421, 2003.

COBB, J. N. et al. Next-generation phenotyping: Requirements and strategies for enhancing our understanding of genotype-phenotype relationships and its relevance to crop improvement. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 126, n. 4, p. 867–887, 2013.

DE SOUZA, R. T. . et al. requency of fungicide application for controlling downy mildew in seedless grape plant ‘BRS Vitória’. **Revista Brasileira de Fruticultura**, [s. l.], v. 40, n. 3, 2018. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0100-29452018000300401&lng=en&tlng=en](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-29452018000300401&lng=en&tlng=en)>

DIAGO, M. P. et al. Identification of grapevine varieties using leaf spectroscopy and partial least squares. **Computers and Electronics in Agriculture**, [s. l.], v. 99, p. 7–13, 2013. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.compag.2013.08.021>>

DUCATI, J. R. et al. Terroir Effects From the Reflectance Spectra of the Canopy of Vineyards in Four Viticultural Regions 2 Materials and Methods. **EMBRAPA Uva e Vinho**, [s. l.], p. 2–6, 2016.

EIBACH, R.; TÖPFER, R. Progress in grapevine breeding. **Acta Horticulturae**, [s. l.], v. 1046, p. 197–210, 2014.

EISENMANN, B. et al. Rpv3-1 mediated resistance to grapevine downy mildew is associated with specific host transcriptional responses and the accumulation of stilbenes. **BMC Plant Biology**, [s. l.], v. 19, n. 1, p. 1–17, 2019.

EVANS, J. R. Leaf anatomy enables more equal access to light and CO<sub>2</sub> between chloroplasts. **New Phytologist**, [s. l.], v. 143, n. 1, p. 93–104, 1999.

FALCIONI, R. et al. High resolution leaf spectral signature as a tool for foliar pigment estimation displaying potential for species differentiation. **Journal of Plant Physiology**, [s. l.], v. 249, n. October 2019, p. 153161, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.jplph.2020.153161>>

FERNANDES, A. M. et al. Grapevine variety identification using “Big Data” collected with miniaturized spectrometer combined with support vector machines and convolutional neural networks. **Computers and Electronics in Agriculture**, [s. l.], v. 163, n. July 2018, p. 104855, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.compag.2019.104855>>

FONTAINE, M. C. et al. Europe as a bridgehead in the worldwide invasion history of grapevine downy mildew, *Plasmopara viticola*. **Current Biology**, [s. l.], p. 1–12, 2021.

FRANK, E.; HALL, M. A.; WITTEN, I. H. The WEKA workbench. **Data Mining**, [s. l.], p. 553–571, 2017.

- GAMON, J. A.; PEÑUELAS, J.; FIELD, C. B. A Narrow-Waveband Spectral Index That Tracks Diurnal Changes in Photosynthetic Efficiency. **Remote Sensing of Environment**, [s. l.], v. 41, p. 35–44, 1992.
- GITELSON, A. A.; GRITZ, Y.; MERZLYAK, M. N. Relationships between leaf chlorophyll content and spectral reflectance and algorithms for non-destructive chlorophyll assessment in higher plant leaves. **Journal of Plant Physiology**, [s. l.], v. 160, n. 3, p. 271–282, 2003.
- GITELSON, A.; SOLOVCHENKO, A. Non-invasive quantification of foliar pigments: Possibilities and limitations of reflectance- and absorbance-based approaches. **Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology**, [s. l.], v. 178, n. November 2017, p. 537–544, 2018.
- GONÇALVES, H. et al. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília: EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2018.
- GUTIÉRREZ, S. et al. Support vector machine and artificial neural network models for the classification of grapevine varieties using a portable NIR spectrophotometer. **PLoS ONE**, [s. l.], v. 10, n. 11, p. 1–15, 2015.
- GUTIÉRREZ, S. et al. Data mining and NIR spectroscopy in viticulture: Applications for plant phenotyping under field conditions. **Sensors (Switzerland)**, [s. l.], v. 16, n. 2, 2016.
- GUTIÉRREZ, S. et al. On-the-go hyperspectral imaging under field conditions and machine learning for the classification of grapevine varieties. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 9, n. July, p. 1–11, 2018.
- GUTMAN, G. G. Vegetation indices from AVHRR: an update and future prospects. **Remote Sensing of Environment**, [s. l.], v. 35, p. 121, 1991.
- GUYOT, G.; BARET, F. Utilisation de la haute resolution spectrale pour suivre l'état des couverts vegetaux. **Journal of Chemical Information and Modeling**, [s. l.], v. 53, n. 9, p. 1689–1699, 1988.
- HALL, M. et al. The WEKA data mining software. **ACM SIGKDD Explorations Newsletter**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 10–18, 2008.
- HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. . **The Elements of Statistical Learning - Data Mining, Inference, and Prediction**. 2. ed. [s.l: s.n.]. Disponível em: <<http://www-stat.stanford.edu/ElemStatLearn%0AIt>>
- J.W. et al. Monitoring vegetation systems in the Great Plains with ERTS. **Proceedings of the Third Earth Resources Technology Satellite- 1 Symposium**, [s. l.], 1974.
- JACQUEMOUD, S.; USTIN, S. Spectroscopy of Leaf Molecules. In: **Leaf Optical Properties**. [s.l: s.n.]. p. 48–73.
- JAMES, G; WITTEN, D; HASTIE, T; TIBSHIRANI, R. **Introduction to Statistical Learning with Applications in R**. London: Springer, 2013. v. 7
- JENSEN, J. R. Sensoriamento remoto da Vegetação. In: **Sensoriamento remoto do ambiente:**

- uma perspectiva em recursos terrestres**. 2. ed. [s.l.] : São José dos Campos: Parêntese, 2009, 2009. p. 598.
- JIN, X. et al. High-Throughput Estimation of Crop Traits. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine**, [s. l.], n. March, p. 1–33, 2020.
- JOHANN, J. A. et al. Data mining techniques for identification of spectrally homogeneous areas using ndvi temporal profiles of soybean crop. **Engenharia Agrícola**, [s. l.], v. 33, n. 3, p. 511–524, 2013.
- JOHANSEN, D. A. . **Plant microtechnique**. New York: McGraw Hill Book Co. Ink, 1940.
- JULIUS KÜHN INSTITUT. **Vitis International Variety Catalogue (VIVC)**. 2020. Disponível em: <<https://www.julius-kuehn.de/>>. Acesso em: 20 dez. 2020.
- JUNGES, A. H. et al. Normalized difference vegetation index obtained by ground-based remote sensing to characterize vine cycle in Rio Grande do Sul, Brazil. **Ciência e Agrotecnologia**, [s. l.], v. 41, n. 5, p. 543–553, 2017.
- KELLER, M. Botany and Anatomy. In: **The Science of Grapevines**. [s.l.] : Elsevier Inc., 2015. p. 1–57.
- KORTEKAMP, A. Expression analysis of defence-related genes in grapevine leaves after inoculation with a host and a non-host pathogen. **Plant Physiology and Biochemistry**, [s. l.], v. 44, n. 1, p. 58–67, 2006.
- KORTEKAMP, A. et al. Identification, isolation and characterization of a CC-NBS-LRR candidate disease resistance gene family in grapevine. **Molecular Breeding**, [s. l.], v. 22, n. 3, p. 421–432, 2008.
- KORTEKAMP, A. ; ZYPRIAN, E. Leaf hairs as a basic protective barrier against downy mildew of grape. **Journal of Phytopathology**, [s. l.], v. 147, n. 7–8, p. 453–459, 1999.
- LIU, R. et al. Histological responses to downy mildew in resistant and susceptible grapevines. **Protoplasma**, [s. l.], v. 252, n. 1, p. 259–270, 2014.
- MAHLEIN, A. K. et al. Quantitative and qualitative phenotyping of disease resistance of crops by hyperspectral sensors: seamless interlocking of phytopathology, sensors, and machine learning is needed! **Current Opinion in Plant Biology**, [s. l.], v. 50, n. August, p. 156–162, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.pbi.2019.06.007>>
- MELLO, L. M. R. De; MACHADO, C. A. E. **Vitivinicultura brasileira : Panorama 2019** Embrapa Uva e Vinho-Comunicado Técnico (INFOTECA-E). Bento Gonçalves, RS.
- MORAIS, A. C. . **Avaliação de uma população segregante de videira quanto a resistência ao míldio (Plasmopara viticola) e ao oídio (Erysiphe necator)**. 2020. Universidade Federal de Santa Catarina, [s. l.], 2020.
- MUNIZ, J. N. **Resistência de Videiras ao míldio: Progressão da doença e diversidade do patógeno**. 2017. Universidade de Santa Catarina, [s. l.], 2017.

NASCIMENTO-GAVIOLI, M. C. A. et al. Histopathological study of resistant (*Vitis labrusca* L.) and susceptible (*Vitis vinifera* L.) cultivars of grapevine to the infection by downy mildew. **Journal of Horticultural Science and Biotechnology**, [s. l.], v. 95, n. 4, p. 521–531, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/14620316.2019.1685411>>

NAVES, R. L. .; GARRIDO., L. da R. .; SÔNEGO, O. R. Controle de doenças fúngicas em uvas de mesa na região noroeste do Estado de São Paulo. **Embrapa Uva e Vinho - Circular Técnica (INFOTECA-E)**, [s. l.], p. 17, 2006. Disponível em: <<http://www.cnpuv.embrapa.br/publica/circular/cir068.pdf>>

O'BRIEN, T. P.; FEDER, N.; MCCULLY, M. E. Polychromatic staining of plant cell walls by toluidine blue O. **Protoplasma**, [s. l.], v. 59, n. 2, p. 368–373, 1964.

OERKE, E. C.; HERZOG, K.; TOEPFER, R. Hyperspectral phenotyping of the reaction of grapevine genotypes to *Plasmopara viticola*. **Journal of Experimental Botany**, [s. l.], v. 67, n. 18, p. 5529–5543, 2016.

OLLINGER, S. V. Sources of variability in canopy reflectance and the convergent properties of plants. **New Phytologist**, [s. l.], v. 189, n. 2, p. 375–394, 2011.

ORGANISATION INTERNATIONALE DE LA VIGNE ET DU VIN. **EDICIÓN DE LA LISTA DE DESCRIPTORES OIVE PARA VARIEDADES DE VID Y ESPECIES DE VITIS**. 2. ed. Paris: Organisation Internationale de la Vigne et du Vin, 2001.

OURCIVAL, J. M.; JOFFRE, R.; RAMBAL, S. Exploring the relationships between reflectance and anatomical and biochemical properties in *Quercus ilex* leaves. **New Phytologist**, [s. l.], v. 143, n. 2, p. 351–364, 1999.

PANDOLFO, C. et al. **Atlas Climatológico do Estado de Santa Catarina**. Florianópolis: Epagri, 2002. Disponível em: <[http://www.ciram.com.br/ciram\\_arquivos/arquivos/portal/agricultura/atlasClimatologico/atlasClimatologico.pdf](http://www.ciram.com.br/ciram_arquivos/arquivos/portal/agricultura/atlasClimatologico/atlasClimatologico.pdf)>.

PEÑUELAS, J.; BARET, F.; FILELLA, I. Semi-empirical indices to assess carotenoids/chlorophyll a ratio from leaf spectral reflectance. **Photosynthetica**, [s. l.], v. 31, n. 2, p. 221–230, 1995.

PLATT, J. C. Fast training Support Vector Machines using Sequential Minimal Optimization. In: 1999, **Anais...** : IEEE, 1999. Disponível em: <<http://www.research.microsoft.com/%18jplatt>>

PROSPERE, K.; MCLAREN, K.; WILSON, B. Plant species discrimination in a tropical wetland using in situ hyperspectral data. **Remote Sensing**, [s. l.], v. 6, n. 9, p. 8494–8523, 2014.

QUINLAN, J. R. Learning with continuous classes. **Australian Joint Conference on Artificial Intelligence**, [s. l.], v. 92, p. 343–348, 1992.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**, R Foundation for Statistical Computing, 2020. Disponível em: <<https://www.r-project.org>>

RINNAN, Å.; BERG, F. Van den; ENGELSEN, S. B. Review of the most common pre-

processing techniques for near-infrared spectra. **TrAC - Trends in Analytical Chemistry**, [s. l.], v. 28, n. 10, p. 1201–1222, 2009.

SAIFERT, L. et al. Marker-assisted pyramiding of resistance loci to grape downy mildew. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, [s. l.], v. 53, n. 5, p. 602–610, 2018.

SÁNCHEZ-MORA, F. D. et al. Behavior of grape breeding lines with distinct resistance alleles to downy mildew (*Plasmopara viticola*). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 17, n. 2, p. 141–149, 2017.

SAVITZKY, A.; GOLAY, M. J. E. Smoothing and Differentiation of Data by Simplified Least Squares Procedures. **Analytical Chemistry**, [s. l.], v. 36, n. 8, p. 1627–1639, 1964.

SCHWANDER, F. et al. Rpv10: A new locus from the Asian *Vitis* gene pool for pyramiding downy mildew resistance loci in grapevine. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 124, n. 1, p. 163–176, 2012.

SHEVADE, S. K. . et al. Improvements to the SMO algorithm for SVM Regression. **IEEE Transactions on Neural Networks**, [s. l.], v. 11, n. 5, p. 1188–1193, 2000.

SLATON, M. R.; HUNT, E. R.; SMITH, W. K. Estimating near-infrared leaf reflectance from leaf structural characteristics. **American Journal of Botany**, [s. l.], v. 88, n. 2, p. 278–284, 2001.

THENKABAIL, P. S. .; LYON, J. G. .; HUETE, A. Hyperspectral Data Mining. In: **hyperspectral Remote Sensing of Vegetation**. 2. ed. [s.l.] : CRC Press, 2011.

TSAI, F.; LIN, E. K.; YOSHINO, K. Spectrally segmented principal component analysis of hyperspectral imagery for mapping invasive plant species. **International Journal of Remote Sensing**, [s. l.], v. 28, n. 5, p. 1023–1039, 2007.

VAN HEERDEN, C. J. et al. Detection of downy and powdery mildew resistance QTL in a ‘Regent’ × ‘RedGlobe’ population. **Euphytica**, [s. l.], v. 200, n. 2, p. 281–295, 2014.

VIEIRA, S. **Teste de Levene**. 2016. Disponível em: <<http://soniavieira.blogspot.com/2016/12/teste-de-levene-para-homocedasticia.html>>. Acesso em: 12 mar. 2020.

WITTEN, I. H.; FRANK, E.; HALL, M. a. **Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques**. 2. ed. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <<http://books.google.com/books?id=bDtLM8CODsQC&pgis=1>>

XIAO, Y.; THOLEN, D.; ZHU, X. G. The influence of leaf anatomy on the internal light environment and photosynthetic electron transport rate: Exploration with a new leaf ray tracing model. **Journal of Experimental Botany**, [s. l.], v. 67, n. 21, p. 6021–6035, 2016.

XU, H. R. et al. On-site variety discrimination of tomato plant using visible-near infrared reflectance spectroscopy. **Journal of Zhejiang University: Science B**, [s. l.], v. 10, n. 2, p. 126–132, 2009.

YIN, X. et al. Pathogen development and host responses to *Plasmopara viticola* in resistant and

susceptible grapevines: An ultrastructural study. **Horticulture Research**, [s. l.], v. 4, n. March, 2017.

YU, K. et al. Estimating leaf chlorophyll of barley at different growth stages using spectral indices to reduce soil background and canopy structure effects. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, [s. l.], v. 97, n. August 2018, p. 58–77, 2014. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.isprsjprs.2014.08.005>>

ZANGHELINI, J. A. **Fenologia , Exigência Térmica E Características Vitícolas De Genótipos De Videira Resistentes Ao Míldio ( Piwi ) Em Santa Catarina**. 2018. Universidade do Estado de Santa Catarina, [s. l.], 2018.

ZANGHELINI, J. A. et al. Response of PIWI grapevine cultivars to downy mildew in highland region of southern Brazil. **European Journal of Plant Pathology**, [s. l.], v. 154, n. 4, p. 1051–1058, 2019.

## **CAPÍTULO 2**

# **APLICAÇÃO DE APRENDIZAGEM DE MÁQUINA PARA RECONHECIMENTO DE RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO EM FOLHAS DE VIDEIRA**

## 1 REVISÃO DE LITERATURA

A fenotipagem é descrita como o uso de protocolos e metodologias para obter uma determinada característica ligada às funções e estruturas da planta. Em tanto o genótipo representa todas as características genéticas, um fenótipo refere-se a características especificamente medidas ou selecionadas. A principal vantagem do fenótipo sobre o genótipo é que o fenótipo é exibido por um indivíduo cuja expressão genética já se encontra adaptada a determinadas condições ambientais (JIN et al., 2020).

Atualmente as técnicas para fenotipagem de resistência ao míldio são os procedimentos estabelecidos mediante os descritores OIV452 e OIV452-1 (OIV, 2001). Estas técnicas baseiam-se na inoculação artificial do patógeno, o armazenamento do tecido inoculado em condições favoráveis ao patógeno, e a avaliação final de incidência e severidade da doença.

Diferenças fenotípicas entre plantas, populações e linhagens individuais são resultado da sua história evolutiva, origem genética e condições ambientais específicas. Tais diferenças são expressas na fisiologia, bioquímica e anatomia das plantas; e podem ser detectadas a partir da sua refletância espectral (CAVENDER-BARES; GAMON; TOWNSEND, 2020). Os avanços tecnológicos na radiometria da vegetação, permitem avaliar melhor as suas propriedades ópticas, facilitando a detecção de características funcionais mais específicas, aproximando a nossa compreensão das ligações entre as dimensões ópticas das plantas e a sua diversidade (THENKABAIL; LYON; HUETE, 2011).

A espectrorradiometria produz centenas ou milhares de dados numéricos ao longo do espectro eletromagnético. Embora isso seja uma quantidade interessante de dados, muitos deles possuem alta colinearidade e redundância; sendo necessário aplicar técnicas de aprendizado de máquina a fim de extrair a informação mais precisa (THENKABAIL; LYON; HUETE, 2011).

O software Weka é um software de distribuição livre e desenvolvido pela universidade de Waikato na Nova Zelândia, este software fornece uma série de algoritmos de aprendizagem de máquina para resolver problemas de regressão, classificação e agrupamento (FRANK; HALL; WITTEN, 2017). Uma vantagem do Weka é a sua interfase muito simples em um ambiente Java onde não é preciso escrever código de programação (HALL et al., 2008). Este software tem sido aplicada es estudos de informação espectral e hiperespectral de vegetação (BECKER et al., 2017; JOHANN et al., 2013), de solos (CATEN et al., 2013) e de videira (GUTIÉRREZ et al., 2016).

As análises por aprendizagem supervisionada funcionam a partir de um modelo de predição para uma variável de resposta, os modelos são calibrados utilizando um subconjunto de dados nos quais dita variável é conhecida. A calibração é o resultado de um processo de validação cruzada que consiste em dividir os dados de treinamento em partes iguais e utilizar cada uma das partes para avaliar o modelo gerado com as demais. A validação cruzada retorna uma média dos resultados obtidos para cada fração avaliada (validada) e o melhor modelo de predição possível (HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, 2017).

A espectrorradiometria aplicada na viticultura tem sido útil para reconhecer genótipos a partir da reflectância das folhas na região do visível e infravermelho próximo, conseguindo diferenciar três variedades de *Vitis vinifera* (DIAGO et al., 2013). Outro estudo utilizando radiômetro em campo reconheceu 87,25% dos indivíduos entre 20 variedades, a partir da reflectância no infravermelho, estes resultados foram validados com indivíduos presentes em outro vinhedo (GUTIÉRREZ et al., 2015).

Um dos estudos mais recentes diferenciou 30 genótipos de videira selecionando pixels a partir de imagens hiperespectrais de reflectância no espectro visível e infravermelho próximo (GUTIÉRREZ et al., 2018). Estes resultados permitem intuir sobre capacidade espectrorradiometria para identificar aspectos fenotípicos mais específicos entre indivíduos.

O resultado da classificação de indivíduos de videira de acordo com a sua variedade depende do tipo de dado utilizado (seja de reflectância simples ou filtrada), e também do algoritmo aplicado, os algoritmos testados no presente trabalho foram os seguintes:

*Perceptron Multicamada (MLP):*

MLP é um algoritmo de classificação baseado num esquema de redes neurais de tipo Perceptron Multicamadas, que tenta separar as observações em categorias a partir da somatória das variáveis multiplicadas por um valor específico (chamado de ‘peso’) associado a cada uma delas. A atribuição dos pesos é realizada individualmente em unidades chamadas de ‘nó’. Um conjunto de nós que analisam uma observação completa conformam uma camada oculta. Os vetores transformados pelas camadas ocultas preenchem as variáveis de uma função final na camada de saída, onde os resultados são associados com cada categoria o número de acordo com uma função sigmoide para separação dos conjuntos. Se a função de saída não consegue separar suficientes amostras, os vetores voltam para as camadas ocultas (retro-propagação) onde os pesos das variáveis são corrigidos utilizando optimização mínima e gradiente descendente para funções quadráticas.

Para o algoritmo de regressão (MLP-r) a função da camada de saída passa a ser um valor de identidade, onde o resultado da função aplicada ao conjunto de vetores ajustados deve ser o mais próximo possível ao valor de resistência fenotípica esperado.

#### *Optimização Sequencial Mínima (SMO)*

Pelas suas siglas em inglês SMO é um ajuste ao algoritmo máquina de vetores de suporte (SVM) conceitualmente mais simples e geralmente mais rápido já que divide as variáveis em conjuntos muito pequenos aplicando processos de otimização a cada conjunto de dados, assim, a SMO resolve muitas equações lineares pequenas em lugar de uma grande equação quadrática, este método facilita a análise de grandes conjuntos de observações. O algoritmo SMO (PLATT, 1999) transforma os atributos nominais em binários e normaliza os dados para cada uma das variáveis. SMO\_R refere-se a este algoritmo modificado para resolver problemas de regressão (SHEVADE et al., 2000).

#### *Florestas Aleatórias (TRF)*

Florestas aleatórias é um algoritmo conformado por uma combinação de árvores de decisão que contribuem com uma sequência de variáveis adequada para classificação dos dados. Cada árvore é construída a partir de uma observação cujas variáveis estão distribuídas de forma aleatória. O algoritmo tem sido melhorado acrescentando um vetor para cada árvore em função da correlação e a força de predição para cada categoria, limitando assim o número de árvores necessários para a criação do modelo e evitando o sobreajuste (*overfitting*). A diferença com a versão deste algoritmo ajustado para regressão, tem a ver com a flexibilidade do modelo em função da possível variação no resultado numérico esperado. Os principais efeitos do ajuste são a diminuição do erro por generalização e um aumento na quantidade de árvores de decisão necessárias para conseguir um modelo mais preciso (BREIMAN, 2001).

#### *Classificação Via Regressão (CVR)*

CVR é um algoritmo de tipo meta-aprendizagem unicamente disponível para classificação, que combina transformações de dados com métodos para agrupamento. CVR aplica um método de regressão para resolver um problema de classificação transformando as categorias qualitativas em variáveis binárias. A sua arquitetura é baseada no algoritmo M5 (QUINLAN, 1992), o qual cria uma árvore de decisão agrupando as variáveis em conjuntos muito pequenos analisados como se fossem funções lineares multivariadas para explicar a variável de resposta. Para a análise de regressão, este algoritmo foi substituído por mínimos quadrados parciais (PLS-r).

*Mínimos quadrados parciais (PLS-r)*

Este algoritmo estabelece uma relação linear entre a matriz de dados radiométricos e o vetor de resistência fenotípica a partir da decomposição dos conjuntos. O PLS-r maximiza a covariância entre o conjunto de dados normalizados e os valores de resposta gerando coeficientes de regressão que preponderam os atributos em proporção inversa à variância dos dados que compõem cada variável no conjunto de treinamento. Este método pode ser utilizado independentemente do número de variáveis e amostras a ser analisadas (ABDI, 2007).

## **2 OBJETIVOS**

### **2.1 OBJETIVO GERAL**

Propor um modelo, via aprendizagem de máquina, para estimar a resistência fenotípica de videira ao míldio com base na resposta espectral das folhas.

### **2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

I. Classificar indivíduos de videira de acordo com a sua variedade a partir das respostas espectrais das folhas;

II. Explorar a relação matemática entre o nível de resistência fenotípica ao míldio da videira e a resposta espectral das suas folhas.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 DADOS RADIOMÉTRICOS E ÍNDICES ESPECTRAIS DE VEGETAÇÃO

As respostas espectrais e índices espectrais de vegetação utilizados para este capítulo, estão descritos no numeral 3.4 e 3.5 do capítulo anterior. Foram analisados cinco tipos de dados radiométricos por amostra: as respostas espectrais de reflectância e transmitância (simples e filtradas) e os índices espectrais de vegetação.

#### 3.2 ESTIMAÇÃO DO NÍVEL DE RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO

Para a análise de regressão foi preciso determinar o nível de resistência fenotípica ao míldio de cada variedade, e que aquele nível de resistência seja uma variável contínua que dentro de uma mesma escala numérica. A escala de resistência utilizada foi a proposta pelo descritor OIV452-1 que estabelece uma escala numérica de 1,0 a 10,0; sendo 9,0 a qualificação para fenótipos mais resistentes e 1,0 para os mais susceptíveis (OIV, 2001). O nível de resistência é determinado pela severidade da esporulação na superfície abaxial das folhas inoculadas artificialmente.

A inoculação foi realizada utilizando a metodologia de discos foliares (MORAIS, 2020; SAIFERT et al., 2018). O dia 04 de dezembro, utilizando furador de cortiça, foi extraído de cada folha um disco de 12mm de diâmetro, tentando obter os tecidos da mesma região da folha onde foi mensurada com o espectrorradiômetro. Os discos foram desinfestados em hipoclorito de sódio (1% de cloro ativo) durante 30 segundos e realizado uma tríplice lavagem por 30 segundos com água destilada e autoclavada; por último, os discos foram colocados sobre médio ágar em placas de Petri com a epiderme abaxial voltada para cima.

No dia seguinte, foi preparada uma suspensão de 50.000 esporângios por ml esporângios de *P. viticola*. A inoculação foi realizada aplicando 30 µL da suspensão sobre cada disco foliar, como indica a Figura 1. Finalmente, as caixas de Petri com os tecidos inoculados foram impermeabilizadas com filme plástico e armazenadas em estufa B.O.D., com fotoperíodo de 13 horas a 25°C durante oito dias.

Figura 1 – Inoculação artificial de míldio nos discos foliares.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Oito dias após a inoculação, no dia 13 de dezembro, foi observado o progresso da doença nos discos utilizando estetoscópio com câmera de Lente Ocular Digital conectada a um computador. As imagens foram salvas utilizando o software ‘*Future winJoe*’ (versão 1.5).

O nível de resistência fenotípica ao míldio por parte das variedades foi também procurado mediante informação científica disponível no portal de *periódicos Capes* e a base de informações *Scopus*, ressaltando os trabalhos cujos resultados estiverem categorizados pela metodologia do descritor OIV542-1 (OIV, 2001).

### 3.3 MODELOS DE ANÁLISE POR APRENDIZAJEM DE MÁQUINA

As técnicas de aprendizagem de máquina supervisionada foram aplicadas em dois tipos de análise. O primeiro tenta demonstrar que a resposta espectral das folhas de videira permite o reconhecimento da variedade da qual provém, ou seja, uma análise de classificação. O segundo tipo de análise, estima a relação matemática entre a resposta espectral das folhas e o seu nível de resistência ao míldio, isto é, uma análise de regressão.

Os dados utilizados como variáveis independentes nas análises de classificação foram: as respostas espectrais simples e filtradas, os índices espectrais de vegetação e as medidas de anatomia transversal das folhas, estes dados estão descritos nos numerais 3.4, 3.5 e 3.6 do capítulo 1 da presente dissertação.

Além disso, foram analisadas matrizes compostas pela combinação de dados espectrais com dados de anatomia. Em total, a análise de classificação foi testada para onze conjuntos de dados que estão listados na Tabela 1.

Por outra parte, as análises de regressão foram realizadas unicamente para os conjuntos de dados espectrais que apresentaram melhor desempenho nos resultados da classificação.

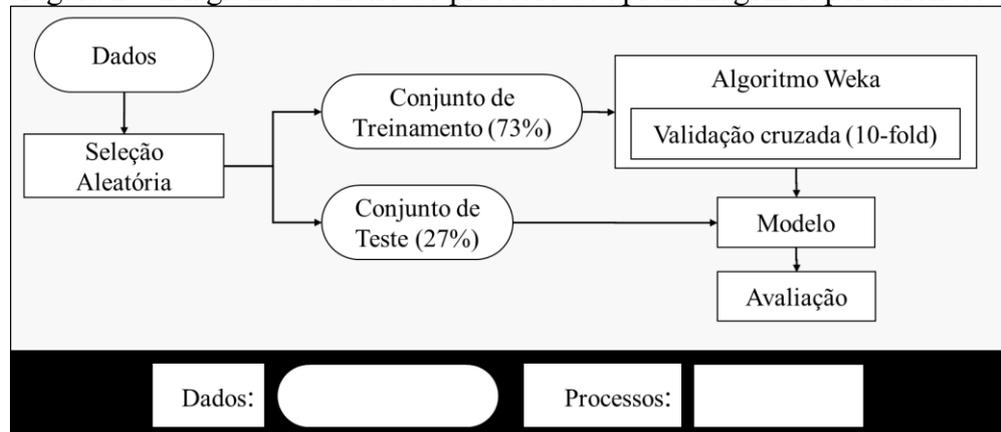
Tabela 1 – Conjuntos de dados testados na análise de classificação

Dados individuais	Dados combinados
Reflectância	Reflectância simples + Anatomia
Reflectância (SG)	Reflectância (SG) + Anatomia
Transmitância	Transmitância simples + Anatomia
Transmitância (SG)	Transmitância (SG) + Anatomia
Índices Espectrais de Vegetação Anatomia	Índices Espectrais de Vegetação + Anatomia

(SG): Savitzky-Golay filtro aplicando a derivada da função de segundo ordem ajustada a cada cinco comprimentos de onda sucessivos.

A Figura 2 exibe o processo de análise por aprendizagem de máquina supervisionada para as análises de classificação e regressão. O esquema representa a rota desde a partição dos dados, a geração do modelo, e a avaliação externa.

Figura 2 – Diagrama de fluxo do processo de aprendizagem supervisionada.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Como indica a figura 2, o total de amostras foi dividido em dois conjuntos: o conjunto de treinamento conformado pelo 73% das amostras, e o conjunto de teste conformado pelo 27% restante. O conjunto de treinamento é destinado para calibrar um modelo para cada algoritmo, e o conjunto de teste, para avaliar o desempenho dos modelos.

A calibração dos modelos foi realizada mediante validação cruzada ‘10-fold’. Este processo consiste na divisão do conjunto de treinamento em dez partes iguais, nove partes aleatórias são utilizadas para a criação de um modelo possível, e a décima fração é utilizada para avaliar dito modelo. Assim são gerados e avaliados dez modelos possíveis e o melhor daqueles modelos é o modelo definitivo do algoritmo, que passa a ser avaliado com dados novos, ou seja, com aqueles do conjunto de teste.

Os algoritmos para construção de modelos estão disponíveis no software *Weka*, versão 3.8.4. Cada algoritmo possui diferentes arquiteturas para reconhecimento de padrões de dados (FRANK; HALL; WITTEN, 2017). A tabela 2 exibe os algoritmos utilizados em cada tipo de análise supervisionada.

Tabela 2 – Algoritmos de Weka testados para aprendizagem supervisionada

Classificação	Regressão
Perceptron Multicamada (MLP)	Perceptron Multicamada (MLP-r)
Florestas Aleatórias (TRF)	Florestas Aleatórias (TRF-r)
Otimização Sequencial Mínima (SMO)	Otimização Sequencial Mínima (SMO-r)
Classificação via Regressão (CVR)	Mínimos Quadrados Parciais (PLS-r)

Fonte: Elaborado pelo autor (2021)

### 3.3.1 Avaliadores de desempenho para classificação

Os resultados da classificação são avaliados pela quantidade de dados classificados de forma incorreta, assim o desempenho do modelo é associado com uma porcentagem de erro o que resulta inversamente proporcional à capacidade de generalização; uma alta capacidade de generalização pode garantir uma boa precisão na classificação aplicada a dados novos (WITTEN; FRANK; HALL, 2011).

Para cada observação analisada existem quatro possibilidades de resultado:

- Falso Negativo (FN): observações de uma variedade que não foram reconhecidas.
- Falso Positivo (FP): observações classificadas dentro de uma variedade errada.
- Verdadeiro Positivo (VP): observações classificadas corretamente.
- Verdadeiro Negativo (VN): observações recusadas corretamente.

A partir dos conceitos anteriores, os avaliadores de desempenho para classificação de amostras são determinados pelas seguintes fórmulas:

- Sensibilidade =  $VP / (VP + FN)$ . (1)

- Taxa de falso positivo =  $FP / (FP + VN)$ . (2)

- Precisão =  $VP / (VP + FP)$ . (3)

- ROC Área: Refere-se à área descrita pela curva característica de operação do receptor, esta descreve a probabilidade (0 a 1) de um modelo para classificar um conjunto de amostras corretamente, onde '1' representa classificação perfeita.

### 3.3.2 Avaliadores de desempenho para Regressão

No caso da análise de regressão, os erros não estão unicamente presentes ou ausentes, os erros possuem tamanho em relação com a sua distância aos valores esperados, porém, o conceito de desempenho para regressão é entendido como a capacidade de predição numérica (WITTEN; FRANK; HALL, 2011).

Entendendo o nível de resistência ao míldio como uma variável dependente da resposta espectral das folhas na região do VIS-NIR, esta relação estaria expressada pela fórmula 4.

$$Y = \beta(X) + e \quad (4)$$

Ampliando esta função para o total de amostras, e levando em conta que  $X$  representa uma sucessão de dados radiométricos da região VIS-NIR, teríamos a seguinte matriz de regressão (fórmula 5):

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \vdots \\ Y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_{400nm} & x_{401nm} & \dots & x_{1000nm} \\ x_{400nm} & x_{401nm} & \dots & x_{1000nm} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{400nm} & x_{401nm} & \dots & x_{1000nm} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_n \end{bmatrix} \quad (5)$$

Onde:

- $Y_i$ : Representa o nível de resistência calculado para a folha  $i$ ;
- $x_j$ : Valor da resposta espectral da folha no comprimento de onda  $j$ ;
- $\beta$ : Coeficiente de regressão (parâmetro para  $x$ );
- $e$ : Erro.

Dado que existe uma diferencia entre o nível de resistência esperado e os valores calculados pelo modelo, os avaliadores utilizados para o comparar o desempenho dos algoritmos foram:

- Coeficiente de correlação da regressão ( $R$ ): Descreve a relação estatística entre o nível de resistência fenotípica esperado ( $Y^i$ ) e o nível de resistência calculado pelo

modelo ( $Y_i$ ). O valor de  $R$  oscila de 0 a 1; onde 1 indica a correlação perfeita, e 0 indica que não existe correlação.

- Erro médio absoluto: média de todos os erros (MAE):

$$MAE = \sum_{i=0}^n (Y'_i - Y_i) / n \quad (6)$$

- Raiz quadrática do erro médio (RMSE):

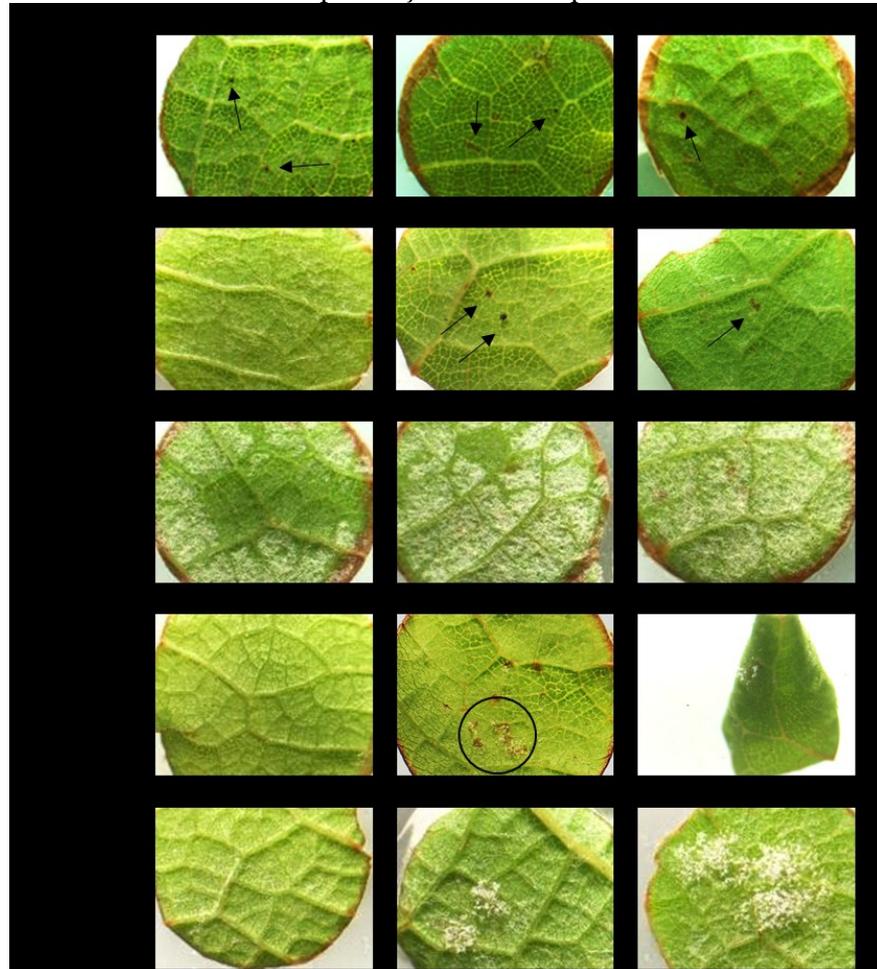
$$RMSE = \sqrt{(\sum_{i=0}^n (Y'_i - Y_i)^2) / n} \quad (7)$$

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 RESISTÊNCIA FENOTÍPICA AO MÍLDIO

Os resultados dos ensaios de inoculação artificial do *P. viticola* realizados no laboratório, não permitiram determinar o nível de resistência das variedades. A incidência e a severidade não foram coerentes entre indivíduos de uma mesma variedade, nem entre folhas de um mesmo indivíduo. A figura 3 exhibe alguns discos de folhas de cada variedade, apresentando diferentes níveis de esporulação e de resposta.

Figura 3 – Imagens de três discos de cada variedade, apresentando diferentes níveis de esporulação ou de resposta



Nota: Cada letra corresponde com uma folha, as amostras estão agrupadas horizontalmente pela variedade. O círculo da imagem 'K' indica a esporulação do patógeno sobre uma mancha amarronzada em um indivíduo de 'Regent'. As setas indicam necroses associadas aos mecanismos de resposta ativa das variedades resistentes contra o patógeno. Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

A inconsistência neste ensaio, foi atribuída ao líquido da inoculação, já que dita suspensão foi preparada a partir de esporângios procedentes de uma folha sintomática coletada em campo, e não de um patógeno isolado de um médio de cultivo; o que teria implicado uma menor quantidade de esporângios viáveis utilizados.

As observações de cada variedade a partir das amostras que apresentaram esporulação ou resposta ativa, foram conforme segue:

'Sauvignon blanc', o genótipo mais susceptível, exibiu manchas de infecção em apenas quatro dos quinze discos inoculados e a esporulação foi semelhante nos discos afetados. A variedade 'Regent', cujo nível de resistência de acordo com o descritor OIV542-1 foi

considerado intermediário (BOVE; ROSSI, 2020), exibiu manchas de infecção unicamente em dois discos, um dos quais apresentou uma mancha de cor marrom na mesma área onde apresentou esporulação.

Os discos das variedades ‘Gf-24’ e ‘Brönnner’ não apresentaram manchas de infecção, mas sim, alguns pontos de necrose associados ao mecanismo de resposta ativa ao patógeno (NASCIMENTO-GAVIOLI et al., 2020; YIN et al., 2017), embora, isto foi observado unicamente em alguns discos. Finalmente, a variedade ‘Isabel’, não apresentou manchas de infecção nem pontos de necrose; e unicamente foram observadas algumas manchas de cor marrom cobertas pelos tricomas.

Existem estudos recentes para determinação do nível de resistência ao míldio das variedades estudadas. Para ‘Gf-24’ e ‘Regent’ foram utilizados os resultados de experimentos realizados com indivíduos do mesmo vinhedo (numeral 3.1 do capítulo 1).

‘Brönnner’ apresenta um alto nível de resistência ao míldio na escala do descritor OIV542-1, em avaliações realizadas no Instituto de Viticultura e Enologia in Freiburg, Alemanha, o nível de resistência desta variedade é 7 (BOVE; ROSSI, 2020). Outros autores confirmaram que esta variedade possui um nível de resistência maior do que ‘Regent’, tais resultados associam-se aos genes de resistência de cada variedade. (OERKE; HERZOG; TOEPFER, 2016).

Para a variedade ‘Isabel’ foi atribuído um valor de resistência intermediário com base em estudos de inoculação artificial sobre variedades derivadas de *V. Labrusca* (ATAK et al., 2017). A resistência desta espécie é associada aos genes de resistência *Rpv3*, mesmo que ‘Regent’. ‘Isabel’ assim como outros descendentes de *V. Labrusca*, possui tricomas na sua epiderme abaxial, que podem funcionar como barreiras contra este e outros patógenos (MORAIS, 2020).

Sobre a variedade ‘Sauvignon blanc’, foi identificado em um estudo recente que confirmou a sua susceptibilidade ao míldio (CESCO et al., 2020). O nível de resistência de esta variedade foi definido como altamente susceptível, assim como outras variedades provenientes de *V. vinifera* de acordo com (BOVE; ROSSI, 2020).

A tabela 3 indica os níveis de resistência ao míldio associados a cada variedade e as suas respectivas fontes. O valor determinado de resistência ao míldio para cada genótipo foi utilizado em lugar do nome da variedade a fim de realizar as análises de regressão, por aprendizagem de máquina, para relacionar a resistência ao patógeno com a resposta espectral de cada indivíduo.

Tabela 3 – Nível de resistência ao míldio para cada variedade na escala do descritor OIV452-1.

Variedade	Resistência	Fontes
‘Brönnner’	7,0	(BOVE; ROSSI, 2020)
‘Gf-24’	8,0	(ZANGHELINI et al., 2019)
‘Isabel’	4,0	(ATAK et al., 2017)
‘Regent’	5,0	(EISENMANN et al., 2019; MUNIZ, 2017)
‘Sauvignon blanc’	1,5	(BOVE; ROSSI, 2020; CESCO et al., 2020)

Elaborado pelo autor (2021).

#### 4.2 CLASSIFICAÇÃO DE AMOSTRAS DE ACORDO COM A VARIEDADE.

A tabela 4 exibe os dez melhores modelos de classificação de variedades ordenados de acordo com a sensibilidade. No apêndice H deste documento, encontra-se esta mesma tabela com a informação completa dos resultados para todos os algoritmos e conjuntos de dados analisados.

Tabela 4 – Melhores dez modelos para classificação de amostras entre variedades, de acordo com a sensibilidade.

Algoritmo	Conjunto de dados	Sensibilidade	Taxa FP	Precisão	ROC Área
SMO	Anatomia + Reflectância (SG)	0,93	0,01	0,93	0,99
SMO	Reflectância (SG)	0,90	0,02	0,91	0,98
TRF	Anatomia + Reflectância (SG)	0,89	0,02	0,86	0,98
SMO	Anatomia + Reflectância	0,88	0,03	0,90	0,98
MLP	Reflectância	0,85	0,04	0,89	0,98
SMO	Reflectância	0,80	0,04	0,86	0,91
MLP	Anatomia + Reflectância	0,76	0,06	0,76	0,93
CVR	Anatomia + Reflectância	0,73	0,06	0,77	0,91
TRF	Reflectância (SG)	0,70	0,06	0,72	0,96
TRF	Reflectância	0,65	0,07	0,64	0,86

SMO: Otimização Sequencial Mínima, TRF: Florestas Aleatórias, MLP: Perceptron Multicamada, CVR: Classificação Via Regressão. (SG): Savitsky-Golay. Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Os modelos que combinam algoritmos de Otimização Sequencial Mínima com dados de reflectância simples ou filtrados possuem uma sensibilidade maior de 80%, além disso, os modelos com sensibilidade e precisão superiores a 90% combinam Otimização sequencial mínima (SMO) com dados de reflectância filtrada (SG).

Foram classificados corretamente 18 de 20 indivíduos de videira entre cinco variedades, a partir da sua reflectância espectral filtrada mediante a técnica Savitsky-Golay. Os melhores algoritmos para classificação supervisionada foram ‘Otimização Sequencial

Mínima’ e ‘Perceptron Multicamada’, com porcentagens de precisão de 91% e 89% respectivamente.

Algoritmos de Máquina de vetores de suporte, como é SMO, a partir de dados de reflectância filtrada com esta técnica Savitzky-Golay; tem gerado bons resultados para reconhecimento de variedades. Um estudo recente conseguiu classificar a variedade ‘Touriga Franca’ entre outras 62 cultivares dentro de um mesmo vinhedo (FERNANDES et al., 2019).

Numa aplicação dos mesmos parâmetros do filtro Savitsky-Golay e com algoritmos de máquinas de vetores de suporte, a média de sensibilidade para classificação entre 20 genótipos de videira foi de 88,39%. Naquele experimento, a reflectância foi medida com câmeras hiperespectrais (GUTIÉRREZ et al., 2018). Embora a diferença na quantidade de dados disponível para cada indivíduo os resultados aqui obtidos são semelhantes.

Os algoritmos foram comparados de acordo com seus avaliadores de desempenho para todos os conjuntos de dados. A tabela 5 indica as análises de variância entre algoritmos para cada avaliador.

Tabela 5 – Análises de Variância entre algoritmos para cada avaliador de desempenho.

<b>Sensibilidade</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
modelos	3	0,17	0,06	1,73	0,1767
resíduo	40	1,3	0,03		
<b>Precisão</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
modelos	3	0,26	0,09	3,04	0,04257*
resíduo	33	0,93	0,03		
<b>ROC Area</b>					
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>
modelos	3	0,02	0,01	0,47	0,7044
resíduo	40	0,46	0,01		

‘\*\*’ Diferenças estatísticas a 95% de significância. Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Unicamente houve diferenças estatísticas a 95% de significância entre algoritmos, quando comparados pela sua precisão. Os avaliadores de sensibilidade e ROC Área não apresentaram diferenças estatísticas entre algoritmos.

A porcentagem de precisão leva em conta a quantidade de falsos positivos por cada acerto, preponderando os modelos cujas categorias apresentaram menor quantidade de erros na classificação geral, porém este avaliador é apropriado no momento de analisar a classificação

entre múltiplas categorias. A tabela 6 indica a comparação de médias para porcentagem de precisão.

Tabela 6 – Comparação de médias da precisão entre algoritmos.

Algoritmo	média
Optimização Sequencial Mínima (SMO)	0,74 <sup>a</sup>
Perceptron Multicamada (MLP)	0,61 <sup>b</sup>
Florestas Aleatórias (TRF)	0,59 <sup>b</sup>
Classificação Via Regressão (CVR)	0,51 <sup>b</sup>

Nota: As letras diferentes entre algoritmos indicam diferenças estatisticamente significativas pelo teste Tukey a 5%. Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Houve diferenças estatísticas significativas entre a precisão dos algoritmos pelo teste Tukey, o algoritmo mais preciso para classificação das variedades com qualquer conjunto de dados foi a otimização sequencial mínima. A característica particular deste algoritmo é que mantém a ordem das variáveis independentes ao momento de analisá-las e aplica uma normalização (PLATT, 1999).

Para determinar quais conjuntos de dados foram os mais apropriados em qualquer um dos algoritmos, estes foram comparados mediante análise de variância e comparação de médias. A tabela 7 apresenta as diferenças estatísticas entre avaliadores de desempenho para cada conjunto de dados.

Tabela 7 – Comparação dos avaliadores de desempenho entre algoritmos

Sensibilidade						
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>	
dados	10	1	0,1	6,98	9,202e-06 ***	
resíduo	33	0,47	0,01			
Taxa de Precisão						
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>	
dados	10	0,76	0,08	4,65	0,000767 ***	
resíduo	26	0,42	0,02			
ROC Area						
	<i>Df</i>	<i>Sum Sq</i>	<i>Mean Sq</i>	<i>F value</i>	<i>Pr(&gt;F)</i>	
dados	10	0,36	0,04	10,57	1,008e-07 ***	
resíduo	33	0,11	0			

\*\*\* Diferenças estatísticas a 99.9% de significância. Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Houve diferenças estatísticas significativas entre conjuntos de dados em cada avaliador de desempenho. Este resultado já era previsto a partir da informação apresentada na tabela 2.

A tabela 8 apresenta as comparações de médias entre conjuntos de dados para cada avaliador de desempenho.

Tabela 8 – Comparação de médias entre tipos de dados para os avaliadores de desempenho

Conjunto de dados	Sensibilidade	Precisão	ROC Área
Anatomia + Reflectância (SG)	0,76 <sup>a</sup>	0,79 <sup>a</sup>	0,93 <sup>a</sup>
Anatomia + Reflectância	0,73 <sup>a</sup>	0,75 <sup>a</sup>	0,91 <sup>a</sup>
Reflectância	0,71 <sup>a</sup>	0,75 <sup>a</sup>	0,92 <sup>a</sup>
Reflectância (SG)	0,71 <sup>a</sup>	0,67 <sup>a</sup>	0,93 <sup>a</sup>
Anatomia	0,51 <sup>b</sup>	0,62 <sup>a</sup>	0,83 <sup>a</sup>
Anatomia + Transmitância (SG)	0,49 <sup>b</sup>	0,60 <sup>a</sup>	0,77 <sup>b</sup>
Anatomia + Índices	0,46 <sup>b</sup>	0,54 <sup>b</sup>	0,81 <sup>b</sup>
Transmitância (SG)	0,44 <sup>b</sup>	0,52 <sup>b</sup>	0,77 <sup>b</sup>
Índices de vegetação	0,35 <sup>b</sup>	0,53 <sup>b</sup>	0,73 <sup>c</sup>
Anatomia + Transmitância	0,40 <sup>b</sup>	0,41 <sup>b</sup>	0,70 <sup>c</sup>
Transmitância	0,37 <sup>b</sup>	0,30 <sup>b</sup>	0,68 <sup>c</sup>

Nota: As letras diferentes entre conjuntos de dados indicam diferenças estatisticamente significativas pelo teste Skott Knott a 5%. (SG): Savitsky-Golay. Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Os conjuntos de dados que apresentaram maior sensibilidade em todos os algoritmos foram aqueles que continham os dados de reflectância simples ou filtrada. Embora os melhores resultados foram conseguidos combinando algum tipo de reflectância com anatomia, os dados anatómicos analisados individualmente apresentam uma sensibilidade em torno de 51%.

A utilidade dos dados de reflectância da vegetação para diferenciação fenotípica, tem sido comprovada por muitos estudos, porém, a quantidade de produção científica em torno da energia refletida pelas folhas, além da indústria da espectrorradiometria para agricultura crescem de uma maneira importante (COBB et al., 2013; JIN et al., 2020).

Embora não tenha havido diferenças estatísticas entre os dados de reflectância simples e filtrada, outros estudos deste tipo sugerem que os dados pré-processados produzem melhores resultados (FERNANDES et al., 2019), possivelmente este resultado ocorre por causa da comparação entre conjuntos de dados com base em todos os algoritmos testados, os quais apresentaram resultados variáveis para cada conjunto de dados.

#### 4.3 FENOTIPAGEM EM FUNÇÃO DA RESISTÊNCIA AO MÍLDIO

A continuação, se exibem os resultados da análise de regressão, este tipo de análise aplica os avaliadores de desempenho tanto na etapa de calibração quanto na de avaliação. Os

melhores resultados são aqueles que apresentam maior similaridade entre a etapa de calibração dos modelos e a etapa de avaliação. A tabela 9 exhibe os resultados da regressão para dados de reflectância simples.

Tabela 9 – Resultados da regressão entre algoritmos para reflectância simples.

<b>Avaliadores</b>	<b>MLP-r</b>	<b>TRF-r</b>	<b>SMO-r</b>	<b>PLS-r</b>
Calibração do modelo				
Coeficiente de Correlação	0,77	0,25	0,71	0,73
MAE	1,25	1,94	1,51	1,43
RMSE	1,61	2,49	1,77	1,80
Erro relativo absoluto	55,8%	86,1%	67,4%	63,6%
Raiz quadrada do erro relativo	63,7%	98,7%	70,2%	71,2%
Unidades de calibração	51	51	51	51
Avaliação				
Coeficiente de Correlação	0,86	0,16	0,74	0,77
MAE	1,03	1,88	1,38	1,37
RMSE	1,26	2,49	1,65	1,82
Unidades de testadas	20	20	20	20

Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

O algoritmo de regressão por Florestas Aleatórias ‘TRF-r não conseguiu correlacionar as respostas espectrais com o nível de resistência de cada genótipo, os coeficientes de correlação produzidos pelo algoritmo foram os menores na etapa de calibração do modelo (0,25), e os resultados na avaliação com conjunto de teste foram ainda menores (0,16).

Houve melhor desempenho daqueles algoritmos de regressão linear. Os coeficientes de correlação destes algoritmos na etapa de avaliação foram superiores do que na etapa calibração, isto pode significar que os modelos foram criados com vetores pouco similares entre eles, possivelmente com vetores atípicos, limitando a capacidade para generalização no momento de classificar novas amostras, principalmente para o algoritmo MLP-r.

A tabela 10 exhibe os resultados de regressão para calibração e avaliação externa utilizando os dados de reflectância filtrada com a técnica Savitzky-Golay.

Tabela 10 – Resultados da regressão entre algoritmos reflectância filtrada.

Avaliadores	MLP-r	TRF-r	SMO-r	PLS-r
Calibração do modelo				
Coefficiente de Correlação	0,87	0,61	0,85	0,77
MAE	0,88	2,04	1,07	1,40
RMSE	1,32	2,27	1,40	1,75
Erro relativo absoluto	36,9%	85,0%	44,5%	58,5%
Raiz quadrada do erro relativo	49,2%	84,7%	52,2%	65,3%
Unidades de calibração	51	51	51	51
Avaliação				
Coefficiente de Correlação	0,80	0,77	0,87	0,89
MAE	1,28	1,54	1,12	0,90
RMSE	1,56	1,81	1,21	1,21
Unidades testadas	20	20	20	20

Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Em geral, todos os modelos produziram melhores resultados quando gerados a partir de dados de reflectância filtrada do que com reflectância simples, confirmando que as análises de regressão são mais precisas utilizando este tipo de pré-processamento que diminui o ruído das sinais radiométricas e agudiza as variações dos espectros simples (RINNAN; BERG; ENGELSEN, 2009).

Nos algoritmos de ‘TRF-r’ e ‘PLS-r’ persistem os valores de  $R$  superiores na etapa de avaliação em relação com a de calibração. Contrariamente o algoritmo de Perceptron Multicamada (MLP-r) apresentou um coeficiente de correlação 7% maior na etapa de calibração do que na de avaliação, este não é um resultado desejável dado que pode sugerir que o modelo gerado apresenta sobre-ajuste (overfitting). O sobre-ajuste significa que o modelo gerado não é flexível no momento de reconhecer dados novos, afetando a capacidade de generalização (o reconhecimento de dados novos)

A regressão por Optimização Sequencial Mínima, ‘SMO-r’, apresentou resultados mais consistentes entre calibração e avaliação externa: 0,85 e 0,87 respetivamente. Embora o o coeficiente de correlação na etapa de calibração é menor do que na avaliação externa (o que pode significar que o modelo foi gerado com valores atípicos), essa diferença é de apenas 2%.

Os resultados conseguidos no presente estudo podem melhorar devido a que a quantidade de amostras por variedade foi baixa comparada com outros estudos (*i.e.*  $n=75$ ). Uma maior quantidade de amostras permite selecionar melhores modelos desde a etapa de calibração e avaliar melhor a capacidade de generalização dos modelos gerados (HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, 2017).

O RMSE, produzido pelo algoritmo de ‘SMO-r’, indica que o nível de resistência fenotípica de um indivíduo, de acordo com a sua reflectância filtrada, pode apresentar uma diferença de 1,21 com respeito ao nível de resistência esperado. Enquanto a resistência fenotípica ao míldio não é um valor exato entre indivíduos, o RMSE poderia estar relacionado com o nível de resistência para cada amostra, já que dita resistência ao míldio é um caractere genético quantitativo (SÁNCHEZ-MORA et al., 2017). Embora a resistência ao *P. viticola* de um clone pode diminuir entre ciclos de cultivo (MORAIS, 2020), seria interessante comprovar tal variação em relação com a sua reflectância, já que isto que seria muito importante para identificar o ganho genético de resistência em processos de introgressão ou hibridações (ARAUS et al., 2018; MAHLEIN et al., 2019).

## 5 CONCLUSÕES

Se confirma a utilidade dos dados radiométricos das folhas de videira na região VIS-NIR para reconhecer a variedade à qual pertencem. As respostas espectrais filtradas com a técnica Savitzky Golay permitem um melhor reconhecimento ou classificação de variedades de videira, e, o melhor algoritmo de classificação foi Optimização Sequencial Mínima.

O nível de resistência fenotípica da videira ao míldio pode ser estimado via aprendizagem de máquina supervisionada aplicada sobre a reflectância espectral das folhas. A força da relação entre a reflectância na região VIS-NIR e a resistência contra o *P. viticola* pode ser confirmada utilizando o algoritmo Optimização Sequencial Mínima, avaliações mais precisas de resistência fenotípica em laboratório e um maior o número de amostras por variedade. Quanto maior o número de amostras do conjunto de treinamento, maior a probabilidade de encontrar um modelo de melhor ajuste para dados futuros não visualizados pelo modelo.

Existe correlação entre o nível de resistência fenotípica de videira ao míldio e a reflectância espectral das folhas na região do visível e infravermelho próximo. Os algoritmos com melhor previsão do nível de resistência esperado, baseiam-se em métodos de aprendizagem supervisionada baseados em regressão linear.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Durante este trabalho foi possível entender a potencialidade da espectrorradiometria ao momento de correlacioná-la com propriedades específicas da vegetação. Embora existam inúmeros fatores ambientais, botânicos e metodológicos que devem ser levados em conta ao momento de interpretar a resposta espectral das plantas, a quantidade de informação aproveitável ainda está sendo descoberta com resultados muito atraentes no âmbito da agricultura e da ecologia.

A combinação de espectrorradiometria com métodos de laboratório e ferramentas avançadas de análise, permitem imaginar uma série de hipóteses muito interessantes para futuras pesquisas que beneficiem a perspectiva profissional sobre a produção e o meio ambiente. Assim como aqui foram indagadas aplicações da radiometria sobre algumas áreas da genética e da anatomia, a literatura encontrada em função desta dissertação convoca a refinar a metodologia proposta e buscar aplicações dessa na enologia, manejo de solos, terroir, entre outras

## REFERÊNCIAS

- ABDI, H. Partial Least-Square Regression. **Encyclopedia of Measurement and Statistic**, [s. l.], 2007.
- ALONSO-VILLAVERDE, V. et al. Leaf thickness and structure of vitis vinifera L. CV. albarino clones and its possible relation with susceptibility to downy mildew (plasmopara viticola) infection. **Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin**, [s. l.], v. 45, n. 3, p. 161–169, 2011.
- ARAUS, J. L. et al. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 23, n. 5, p. 451–466, 2018.
- ATAK, A. et al. Susceptibility to downy mildew (Plasmopara Viticola) and powdery mildew (Erysiphe necator) of different vitis cultivars and genotypes. **Ciencia e Tecnica Vitivinicola**, [s. l.], v. 32, n. 1, p. 23–32, 2017.
- BECKER, W. R. et al. Data mining techniques for separation of summer crop based on satellite images. **Engenharia Agricola**, [s. l.], v. 37, n. 4, p. 750–759, 2017.
- BELLIN, D. et al. Resistance to Plasmopara viticola in grapevine “Bianca” is controlled by a major dominant gene causing localised necrosis at the infection site. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 120, n. 1, p. 163–176, 2009.
- BOSO, S. et al. Macro- and microscopic leaf characteristics of six grapevine genotypes (Vitis spp.) with different susceptibilities to grapevine downy mildew. **Vitis - Journal of Grapevine Research**, [s. l.], v. 49, n. 1, p. 43–50, 2010.
- BOVE, F.; ROSSI, V. Components of partial resistance to Plasmopara viticola enable complete phenotypic characterization of grapevine varieties. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 1–12, 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1038/s41598-020-57482-0>>
- BREIMAN, L. Random forests. **Machine Learning** **45**, [s. l.], p. 5–32, 2001. Disponível em: <<https://doi.org/10.1023/A:1010933404324>>
- CAMARGO, U. A.; GARCIA, J. D.; RITSCHER, P. **Embrapa Uva e Vinho, novas cultivares brasileiras de uva**. 1. ed. [s.l.] : Embrapa, 2010. Disponível em: <<http://www.cnpuv.embrapa.br>>
- CASTRO, K. L.; SANCHEZ-AZOFEIFA, G. A. Changes in spectral properties, chlorophyll content and internal mesophyll structure of senescing Populus balsamifera and Populus tremuloides leaves. **Sensors**, [s. l.], v. 8, n. 1, p. 51–69, 2008.
- CATEN, A. et al. an Appropriate Data Set Size for Digital Soil. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, [s. l.], v. 37, n. 1, p. 359–366, 2013.
- CAVENDER-BARES, J.; GAMON, J. A.; TOWNSEND, P. A. **Remote Sensing of Plant Biodiversity**. 1. ed. [s.l.] : Springer, Cham, 2020.
- CESCO, S. et al. Plasmopara viticola infection affects mineral elements allocation and

distribution in *Vitis vinifera* leaves. **Scientific Reports**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 1–18, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/s41598-020-75990-x>>

CHERIYADAT, A.; BRUCE, L. M. Why Principal Component Analysis is not an Appropriate Feature Extraction Method for Hyperspectral Data. **International Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS)**, [s. l.], v. 6, n. C, p. 3420–3421, 2003.

COBB, J. N. et al. Next-generation phenotyping: Requirements and strategies for enhancing our understanding of genotype-phenotype relationships and its relevance to crop improvement. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 126, n. 4, p. 867–887, 2013.

DE SOUZA, R. T. . et al. requency of fungicide application for controlling downy mildew in seedless grape plant ‘BRS Vitória’. **Revista Brasileira de Fruticultura**, [s. l.], v. 40, n. 3, 2018. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0100-29452018000300401&lng=en&tlng=en](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-29452018000300401&lng=en&tlng=en)>

DIAGO, M. P. et al. Identification of grapevine varieties using leaf spectroscopy and partial least squares. **Computers and Electronics in Agriculture**, [s. l.], v. 99, p. 7–13, 2013. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.compag.2013.08.021>>

DUCATI, J. R. et al. Terroir Effects From the Reflectance Spectra of the Canopy of Vineyards in Four Viticultural Regions 2 Materials and Methods. **EMBRAPA Uva e Vinho**, [s. l.], p. 2–6, 2016.

EIBACH, R.; TÖPFER, R. Progress in grapevine breeding. **Acta Horticulturae**, [s. l.], v. 1046, p. 197–210, 2014.

EISENMANN, B. et al. Rpv3-1 mediated resistance to grapevine downy mildew is associated with specific host transcriptional responses and the accumulation of stilbenes. **BMC Plant Biology**, [s. l.], v. 19, n. 1, p. 1–17, 2019.

EVANS, J. R. Leaf anatomy enables more equal access to light and CO<sub>2</sub> between chloroplasts. **New Phytologist**, [s. l.], v. 143, n. 1, p. 93–104, 1999.

FALCIONI, R. et al. High resolution leaf spectral signature as a tool for foliar pigment estimation displaying potential for species differentiation. **Journal of Plant Physiology**, [s. l.], v. 249, n. October 2019, p. 153161, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.jplph.2020.153161>>

FERNANDES, A. M. et al. Grapevine variety identification using “Big Data” collected with miniaturized spectrometer combined with support vector machines and convolutional neural networks. **Computers and Electronics in Agriculture**, [s. l.], v. 163, n. July 2018, p. 104855, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.compag.2019.104855>>

FONTAINE, M. C. et al. Europe as a bridgehead in the worldwide invasion history of grapevine downy mildew, *Plasmopara viticola*. **Current Biology**, [s. l.], p. 1–12, 2021.

FRANK, E.; HALL, M. A.; WITTEN, I. H. The WEKA workbench. **Data Mining**, [s. l.], p. 553–571, 2017.

GAMON, J. A.; PEÑUELAS, J.; FIELD, C. B. A Narrow-Waveband Spectral Index That

Tracks Diurnal Changes in Photosynthetic Efficiency. **Remote Sensing of Environment**, [s. l.], v. 41, p. 35–44, 1992.

GITELSON, A. A.; GRITZ, Y.; MERZLYAK, M. N. Relationships between leaf chlorophyll content and spectral reflectance and algorithms for non-destructive chlorophyll assessment in higher plant leaves. **Journal of Plant Physiology**, [s. l.], v. 160, n. 3, p. 271–282, 2003.

GITELSON, A.; SOLOVCHENKO, A. Non-invasive quantification of foliar pigments: Possibilities and limitations of reflectance- and absorbance-based approaches. **Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology**, [s. l.], v. 178, n. November 2017, p. 537–544, 2018.

GONÇALVES, H. et al. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília: EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2018.

GUTIÉRREZ, S. et al. Support vector machine and artificial neural network models for the classification of grapevine varieties using a portable NIR spectrophotometer. **PLoS ONE**, [s. l.], v. 10, n. 11, p. 1–15, 2015.

GUTIÉRREZ, S. et al. Data mining and NIR spectroscopy in viticulture: Applications for plant phenotyping under field conditions. **Sensors (Switzerland)**, [s. l.], v. 16, n. 2, 2016.

GUTIÉRREZ, S. et al. On-the-go hyperspectral imaging under field conditions and machine learning for the classification of grapevine varieties. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 9, n. July, p. 1–11, 2018.

GUTMAN, G. G. Vegetation indices from AVHRR: an update and future prospects. **Remote Sensing of Environment**, [s. l.], v. 35, p. 121, 1991.

GUYOT, G.; BARET, F. Utilisation de la haute resolution spectrale pour suivre l'état des couverts vegetaux. **Journal of Chemical Information and Modeling**, [s. l.], v. 53, n. 9, p. 1689–1699, 1988.

HALL, M. et al. The WEKA data mining software. **ACM SIGKDD Explorations Newsletter**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 10–18, 2008.

HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. . **The Elements of Statistical Learning - Data Mining, Inference, and Prediction**. 2. ed. [s.l: s.n.]. Disponível em: <<http://www-stat.stanford.edu/ElemStatLearn%0AIt>>

J.W. et al. Monitoring vegetation systems in the Great Plains with ERTS. **Proceedings of the Third Earth Resources Technology Satellite- 1 Symposium**, [s. l.], 1974.

JACQUEMOUD, S.; USTIN, S. Spectroscopy of Leaf Molecules. In: **Leaf Optical Properties**. [s.l: s.n.]. p. 48–73.

JAMES, G; WITTEN, D; HASTIE, T; TIBSHIRANI, R. **Introduction to Statistical Learning with Applications in R**. London: Springer, 2013. v. 7

JENSEN, J. R. Sensoriamento remoto da Vegetação. In: **Sensoriamento remoto do ambiente: uma perspectiva em recursos terrestres**. 2. ed. [s.l.] : São José dos Campos: Parêntese, 2009,

2009. p. 598.

JIN, X. et al. High-Throughput Estimation of Crop Traits. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine**, [s. l.], n. March, p. 1–33, 2020.

JOHANN, J. A. et al. Data mining techniques for identification of spectrally homogeneous areas using ndvi temporal profiles of soybean crop. **Engenharia Agrícola**, [s. l.], v. 33, n. 3, p. 511–524, 2013.

JOHANSEN, D. A. . **Plant microtechnique**. New York: McGraw Hill Book Co. Ink, 1940.

JULIUS KÜHN INSTITUT. **Vitis International Variety Catalogue (VIVC)**. 2020. Disponível em: <<https://www.julius-kuehn.de/>>. Acesso em: 20 dez. 2020.

JUNGES, A. H. et al. Normalized difference vegetation index obtained by ground-based remote sensing to characterize vine cycle in Rio Grande do Sul, Brazil. **Ciência e Agrotecnologia**, [s. l.], v. 41, n. 5, p. 543–553, 2017.

KELLER, M. Botany and Anatomy. In: **The Science of Grapevines**. [s.l.] : Elsevier Inc., 2015. p. 1–57.

KORTEKAMP, A. Expression analysis of defence-related genes in grapevine leaves after inoculation with a host and a non-host pathogen. **Plant Physiology and Biochemistry**, [s. l.], v. 44, n. 1, p. 58–67, 2006.

KORTEKAMP, A. et al. Identification, isolation and characterization of a CC-NBS-LRR candidate disease resistance gene family in grapevine. **Molecular Breeding**, [s. l.], v. 22, n. 3, p. 421–432, 2008.

KORTEKAMP, A. .; ZYPRIAN, E. Leaf hairs as a basic protective barrier against downy mildew of grape. **Journal of Phytopathology**, [s. l.], v. 147, n. 7–8, p. 453–459, 1999.

LIU, R. et al. Histological responses to downy mildew in resistant and susceptible grapevines. **Protoplasma**, [s. l.], v. 252, n. 1, p. 259–270, 2014.

MAHLEIN, A. K. et al. Quantitative and qualitative phenotyping of disease resistance of crops by hyperspectral sensors: seamless interlocking of phytopathology, sensors, and machine learning is needed! **Current Opinion in Plant Biology**, [s. l.], v. 50, n. August, p. 156–162, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.pbi.2019.06.007>>

MELLO, L. M. R. De; MACHADO, C. A. E. **Vitivinicultura brasileira : Panorama 2019** Embrapa Uva e Vinho-Comunicado Técnico (INFOTECA-E). Bento Gonçalves, RS.

MORAIS, A. C. . **Avaliação de uma população segregante de videira quanto a resistência ao míldio (Plasmopara viticola) e ao oídio (Erysiphe necator)**. 2020. Universidade Federal de Santa Catarina, [s. l.], 2020.

MUNIZ, J. N. **Resistência de Videiras ao míldio: Progressão da doença e diversidade do patógeno**. 2017. Universidade de Santa Catarina, [s. l.], 2017.

NASCIMENTO-GAVIOLI, M. C. A. et al. Histopathological study of resistant (*Vitis labrusca*

L.) and susceptible (*Vitis vinifera* L.) cultivars of grapevine to the infection by downy mildew. **Journal of Horticultural Science and Biotechnology**, [s. l.], v. 95, n. 4, p. 521–531, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/14620316.2019.1685411>>

NAVES, R. L. .; GARRIDO., L. da R. .; SÔNEGO, O. R. Controle de doenças fúngicas em uvas de mesa na região noroeste do Estado de São Paulo. **Embrapa Uva e Vinho - Circular Técnica (INFOTECA-E)**, [s. l.], p. 17, 2006. Disponível em: <<http://www.cnpuv.embrapa.br/publica/circular/cir068.pdf>>

O'BRIEN, T. P.; FEDER, N.; MCCULLY, M. E. Polychromatic staining of plant cell walls by toluidine blue O. **Protoplasma**, [s. l.], v. 59, n. 2, p. 368–373, 1964.

OERKE, E. C.; HERZOG, K.; TOEPFER, R. Hyperspectral phenotyping of the reaction of grapevine genotypes to *Plasmopara viticola*. **Journal of Experimental Botany**, [s. l.], v. 67, n. 18, p. 5529–5543, 2016.

OLLINGER, S. V. Sources of variability in canopy reflectance and the convergent properties of plants. **New Phytologist**, [s. l.], v. 189, n. 2, p. 375–394, 2011.

ORGANISATION INTERNATIONALE DE LA VIGNE ET DU VIN. **EDICIÓN DE LA LISTA DE DESCRIPTORES OIVE PARA VARIEDADES DE VID Y ESPECIES DE VITIS**. 2. ed. Paris: Organisation Internationale de la Vigne et du Vin, 2001.

OURCIVAL, J. M.; JOFFRE, R.; RAMBAL, S. Exploring the relationships between reflectance and anatomical and biochemical properties in *Quercus ilex* leaves. **New Phytologist**, [s. l.], v. 143, n. 2, p. 351–364, 1999.

PANDOLFO, C. et al. **Atlas Climatológico do Estado de Santa Catarina**. Florianópolis: Epagri, 2002. Disponível em: <[http://www.ciram.com.br/ciram\\_arquivos/arquivos/portal/agricultura/atlasClimatologico/atlasClimatologico.pdf](http://www.ciram.com.br/ciram_arquivos/arquivos/portal/agricultura/atlasClimatologico/atlasClimatologico.pdf)>.

PEÑUELAS, J.; BARET, F.; FILELLA, I. Semi-empirical indices to assess carotenoids/chlorophyll a ratio from leaf spectral reflectance. **Photosynthetica**, [s. l.], v. 31, n. 2, p. 221–230, 1995.

PLATT, J. C. Fast training Support Vector Machines using Sequential Minimal Optimization. In: 1999, **Anais...** : IEEE, 1999. Disponível em: <<http://www.research.microsoft.com/%18jplatt>>

PROSPERE, K.; MCLAREN, K.; WILSON, B. Plant species discrimination in a tropical wetland using in situ hyperspectral data. **Remote Sensing**, [s. l.], v. 6, n. 9, p. 8494–8523, 2014.

QUINLAN, J. R. Learning with continuous classes. **Australian Joint Conference on Artificial Intelligence**, [s. l.], v. 92, p. 343–348, 1992.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**, R Foundation for Statistical Computing, 2020. Disponível em: <<https://www.r-project.org>>

RINNAN, Å.; BERG, F. Van den; ENGELSEN, S. B. Review of the most common pre-

processing techniques for near-infrared spectra. **TrAC - Trends in Analytical Chemistry**, [s. l.], v. 28, n. 10, p. 1201–1222, 2009.

SAIFERT, L. et al. Marker-assisted pyramiding of resistance loci to grape downy mildew. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, [s. l.], v. 53, n. 5, p. 602–610, 2018.

SÁNCHEZ-MORA, F. D. et al. Behavior of grape breeding lines with distinct resistance alleles to downy mildew (*Plasmopara viticola*). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 17, n. 2, p. 141–149, 2017.

SAVITZKY, A.; GOLAY, M. J. E. Smoothing and Differentiation of Data by Simplified Least Squares Procedures. **Analytical Chemistry**, [s. l.], v. 36, n. 8, p. 1627–1639, 1964.

SCHWANDER, F. et al. Rpv10: A new locus from the Asian *Vitis* gene pool for pyramiding downy mildew resistance loci in grapevine. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 124, n. 1, p. 163–176, 2012.

SHEVADE, S. K. . et al. Improvements to the SMO algorithm for SVM Regression. **IEEE Transactions on Neural Networks**, [s. l.], v. 11, n. 5, p. 1188–1193, 2000.

SLATON, M. R.; HUNT, E. R.; SMITH, W. K. Estimating near-infrared leaf reflectance from leaf structural characteristics. **American Journal of Botany**, [s. l.], v. 88, n. 2, p. 278–284, 2001.

THENKABAIL, P. S. .; LYON, J. G. .; HUETE, A. Hyperspectral Data Mining. In: **hyperspectral Remote Sensing of Vegetation**. 2. ed. [s.l.] : CRC Press, 2011.

TSAI, F.; LIN, E. K.; YOSHINO, K. Spectrally segmented principal component analysis of hyperspectral imagery for mapping invasive plant species. **International Journal of Remote Sensing**, [s. l.], v. 28, n. 5, p. 1023–1039, 2007.

VAN HEERDEN, C. J. et al. Detection of downy and powdery mildew resistance QTL in a ‘Regent’ × ‘RedGlobe’ population. **Euphytica**, [s. l.], v. 200, n. 2, p. 281–295, 2014.

VIEIRA, S. **Teste de Levene**. 2016. Disponível em: <<http://soniavieira.blogspot.com/2016/12/teste-de-levene-para-homocedasticia.html>>. Acesso em: 12 mar. 2020.

WITTEN, I. H.; FRANK, E.; HALL, M. a. **Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques**. 2. ed. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <<http://books.google.com/books?id=bDtLM8CODsQC&pgis=1>>

XIAO, Y.; THOLEN, D.; ZHU, X. G. The influence of leaf anatomy on the internal light environment and photosynthetic electron transport rate: Exploration with a new leaf ray tracing model. **Journal of Experimental Botany**, [s. l.], v. 67, n. 21, p. 6021–6035, 2016.

XU, H. R. et al. On-site variety discrimination of tomato plant using visible-near infrared reflectance spectroscopy. **Journal of Zhejiang University: Science B**, [s. l.], v. 10, n. 2, p. 126–132, 2009.

YIN, X. et al. Pathogen development and host responses to *Plasmopara viticola* in resistant and

susceptible grapevines: An ultrastructural study. **Horticulture Research**, [s. l.], v. 4, n. March, 2017.

YU, K. et al. Estimating leaf chlorophyll of barley at different growth stages using spectral indices to reduce soil background and canopy structure effects. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, [s. l.], v. 97, n. August 2018, p. 58–77, 2014. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.isprsjprs.2014.08.005>>

ZANGHELINI, J. A. **Fenologia , Exigência Térmica E Características Vitícolas De Genótipos De Videira Resistentes Ao Míldio ( Piwi ) Em Santa Catarina**. 2018. Universidade do Estado de Santa Catarina, [s. l.], 2018.

ZANGHELINI, J. A. et al. Response of PIWI grapevine cultivars to downy mildew in highland region of southern Brazil. **European Journal of Plant Pathology**, [s. l.], v. 154, n. 4, p. 1051–1058, 2019.

## APÊNDICE A – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para anatomia

```

# ===== LIVARIAS =====
library(tidyverse)
library(ggplot2)
library(readxl)
library(devtools)
library(ggbiplot)
library(RColorBrewer)
library(prospectr)
library(factoextra)
library(gridExtra)
mycolors <- c("#FD6767", "#377eb8", "#ff7f00", "#4daf4a", "#984ea3")

# ===== ANATOMIA =====
Anatom <- read_xlsx("Anatomia.xlsx")
Variedade <- as.factor(Anatom$Var)
Mesofilo <- Anatom$mf
P.Paliçádico <- Anatom$pp
P.Esponjoso <- Anatom$pe
E.Abaxial <- Anatom$eab
E.Adaxial <- Anatom$ead
PCPA <- Anatom$pcp
Amostra <- Anatom$Amostra
Anatomia <- cbind.data.frame(Amostra, Variedade, Mesofilo, P.Paliçádico,
                             P.Esponjoso, E.Abaxial, E.Adaxial, PCPA)
Anato <- subset(Anatomia, complete.cases(Anatomia))

# ACP
Anatomia.pca <- prcomp(na.omit(Anatomia[,-(1:2)]), center = T, scale. = F)

# Componentes
fviz_eig(Anatomia.pca, addlabels = T, barfill = "gray50", barcolor = "white",
         linecolor = "blue", xlab = "Componentes", ylab = "% de variabilidade") +
  theme(axis.text = element_text(size = 12), axis.title = element_text(size = 14))

# Biplot
ggbiplot(Anatomia.pca, choices = c(1,2), labels = NULL, alpha = 0.5, varname.adjust = 2.3,
         ellipse = T, groups = Anato$Variedade, circle = T, varname.size = 4) +
  scale_color_manual(name = "Variedades", values = mycolors) +
  geom_point(aes(colour = factor(Anato$Variedade)), alpha = 0.1) +
  labs(y = "CP 2 (10.5%)", x = "CP 1 (88.6%)") +
  theme_bw() +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(1))) +
  theme(legend.position = "right")

# Contribuições
c1 <- fviz_contrib(Anatomia.pca, choice = "var", axes = 1, top = 10, xtickslab.rt = 0,
                  fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "A. Primeiro componente (87.7%)", y = "Contribuição (%)")

c2 <- fviz_contrib(Anatomia.pca, choice = "var", axes = 2, top = 10, xtickslab.rt = 0,
                  fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "B. Segundo componente (8.3%)", y = "Contribuição (%)")

grid.arrange(c1,c2,ncol=1)

```

## APÊNDICE B – Código do script na linguagem R para gráficos de média e desvio padrão de refletância e transmitância para cada variedade

```

# ==== Livraria ====
#install.packages("gridExtra")
library(gridExtra)
library(cluster)
library(lfda)
library(forecast)
library(ppclust)
library(fclust)
library(mclust)
library(NbClust)
library(ggplot2)
library(readxl)
library(devtools)
library(prospectr)
library(gridExtra)
# ==== Preparo de dados ====
setwd("C:/Users/ASPIRE/OneDrive/2020/DataDis/")
read_xlsx("TR_Data.xlsx") -> RT.Data
RT.Leituras <- split(RT.Data, RT.Data$Leitura)
Refletancia <- RT.Leituras$R
Transimtancia <- RT.Leituras$T
# ==== Criação dos dados de Refletância ====
Refletancia$Amostra -> R.Amostra
Refletancia$Variedade -> R.Variedade
Refletancia$Nome -> R.Nomes
Refletancia[-c(1:4)] -> R.espectro
cbind.data.frame(R.Amostra, R.Variedade, R.espectro) -> R.dados
# ==== Criação dos dados de Transmitância ====
Transimtancia$Amostra -> T.Amostra
Transimtancia$Variedade -> T.Variedade
Transimtancia$Nome -> T.Nomes
Transimtancia[-c(1:4)] -> T.espectro
T.espectro_i <- (1 - T.espectro) #Inversão do espectro
cbind(T.Amostra, T.Variedade, T.espectro_i) -> T.dados
# media e desvio padrão por variedade
aggregate(R.dados[,3:603], by = list(R.dados$R.Variedade), FUN = mean) -> R_media.var
aggregate(R.dados[,3:603], by = list(R.dados$R.Variedade), FUN = sd) -> R_dp.var
aggregate(T.dados[,3:603], by = list(T.dados$T.Variedade), FUN = mean) -> T_media.var
aggregate(T.dados[,3:603], by = list(T.dados$T.Variedade), FUN = sd) -> T_dp.var
# ===== Ajustes dos DF para graficar =====
#0 nome das variedades agrupadas chame "Group.1" Gerar o negativo do desvio padrão
-T_dp.var[,2:602] -> T_dpn.var
-R_dp.var[,2:602] -> R_dpn.var
# Juntar o dp negativo com os nome de cada variedade
cbind(R_dp.var[1], R_dpn.var) -> R_dpn.var
cbind(T_dp.var[1], T_dpn.var) -> T_dpn.var
# Matriz com média e d.padrão positivo para cada frequência
rbind(R_media.var, R_dp.var) -> R_mdp
rbind(R_media.var, R_dpn.var) -> R_mdpn
rbind(T_media.var, T_dp.var) -> T_mdp
rbind(T_media.var, T_dpn.var) -> T_mdpn
# Soma as médias e desvios padrão positivo por cada variedade
aggregate(R_mdp[,2:602], by = list(R_mdp$Group.1), FUN = sum) -> R_mdp.V
aggregate(R_mdpn[,2:602], by = list(R_mdpn$Group.1), FUN = sum) -> R_mdpn.V
aggregate(T_mdp[,2:602], by = list(T_mdp$Group.1), FUN = sum) -> T_mdp.V
aggregate(T_mdpn[,2:602], by = list(T_mdpn$Group.1), FUN = sum) -> T_mdpn.V
# Juntar dp negativo, média e dp positivo:
rbind(R_mdpn.V, R_media.var, R_mdp.V) -> Reflet.
rbind(T_mdpn.V, T_media.var, T_mdp.V) -> Transm.
# Converte para data.frame a matriz transposta t() function.
data.frame(t(Reflet.)) -> Reflet.t
data.frame(t(Transm.)) -> Transm.t
# Criar a linha com os nomes
colunas.R <- c("R.dpn_B", "R.dpn_G", "R.dpn_I", "R.dpn_R", "R.dpn_S", "R.med_B", "R.med_G",
"R.med_I", "R.med_R", "R.med_S", "R.dp_B", "R.dp_G", "R.dp_I", "R.dp_R", "R.dp_S")
colunas.T <- c("T.dpn_B", "T.dpn_G", "T.dpn_I", "T.dpn_R", "T.dpn_S", "T.med_B", "T.med_G",
"T.med_I", "T.med_R", "T.med_S", "T.dp_B", "T.dp_G", "T.dp_I", "T.dp_R", "T.dp_S")
colnames(Reflet.t) <- colunas.R

```

```

colnames(Transm.t) <- colunas.T
# Criar um df numérico tirando a primeira linha que contem o as variedades
Reflet.t[2:602,] -> valores_R
Transm.t[2:602,] -> valores_T
#Cria um vetor numérico "banda" com os comprimentos de onda 400-1000
banda <- as.numeric(seq(400,1000,1))
# Convertimos pra numérico e criamos o df pra os dados de cada variedade
as.numeric(valores_R$R.dpn_B) -> Rdpn.B
as.numeric(valores_R$R.dpn_G) -> Rdpn.G
as.numeric(valores_R$R.dpn_I) -> Rdpn.I
as.numeric(valores_R$R.dpn_R) -> Rdpn.R
as.numeric(valores_R$R.dpn_S) -> Rdpn.S
as.numeric(valores_T$T.dpn_B) -> Tdpn.B
as.numeric(valores_T$T.dpn_G) -> Tdpn.G
as.numeric(valores_T$T.dpn_I) -> Tdpn.I
as.numeric(valores_T$T.dpn_R) -> Tdpn.R
as.numeric(valores_T$T.dpn_S) -> Tdpn.S
as.numeric(valores_R$R.med_B) -> Rmed.B
as.numeric(valores_R$R.med_G) -> Rmed.G
as.numeric(valores_R$R.med_I) -> Rmed.I
as.numeric(valores_R$R.med_R) -> Rmed.R
as.numeric(valores_R$R.med_S) -> Rmed.S
as.numeric(valores_T$T.med_B) -> Tmed.B
as.numeric(valores_T$T.med_G) -> Tmed.G
as.numeric(valores_T$T.med_I) -> Tmed.I
as.numeric(valores_T$T.med_R) -> Tmed.R
as.numeric(valores_T$T.med_S) -> Tmed.S
as.numeric(valores_R$R.dp_B) -> Rdp.B
as.numeric(valores_R$R.dp_G) -> Rdp.G
as.numeric(valores_R$R.dp_I) -> Rdp.I
as.numeric(valores_R$R.dp_R) -> Rdp.R
as.numeric(valores_R$R.dp_S) -> Rdp.S
as.numeric(valores_T$T.dp_B) -> Tdp.B
as.numeric(valores_T$T.dp_G) -> Tdp.G
as.numeric(valores_T$T.dp_I) -> Tdp.I
as.numeric(valores_T$T.dp_R) -> Tdp.R
as.numeric(valores_T$T.dp_S) -> Tdp.S
#Criação de dataframe com dados de R % T
sd.med_VAR<- cbind.data.frame(banda, Rdpn.B, Rdpn.G, Rdpn.I, Rdpn.R, Rdpn.S,
                             Rmed.B, Rmed.G, Rmed.I, Rmed.R, Rmed.S,
                             Rdp.B, Rdp.G, Rdp.I, Rdp.R, Rdp.S,
                             Tdpn.B, Tdpn.G, Tdpn.I, Tdpn.R, Tdpn.S,
                             Tmed.B, Tmed.G, Tmed.I, Tmed.R, Tmed.S,
                             Tdp.B, Tdp.G, Tdp.I, Tdp.R, Tdp.S)
Bronner <- cbind.data.frame(banda, Rdpn.B, Rmed.B, Rdp.B, Tdpn.B, Tmed.B, Tdp.B)
# ==== finalmente, plota, ter em conta os limites do gráfico 400-1000 ====
RTBronner <- ggplot(data = sd.med_VAR) +
  geom_ribbon(aes(ymin = Tdpn.B, ymax = Tdp.B, x = banda), alpha = 0.5, fill="#FD6767")+
  geom_ribbon(aes(ymin = Rdpn.B, ymax = Rdp.B, x = banda), alpha = 0.5, fill="#FD6767")+
  geom_line(aes(x = banda, y = Rmed.B), color="#FD6767", size = 0.8) +
  geom_line(aes(x = banda, y = Tmed.B), color="#FD6767", size = 0.8) +
  labs(title = "Bronner") +
  scale_y_continuous(NULL,limits = c(0, 1.02), sec.axis = sec_axis(trans = ~1-., name = NULL))
+
  scale_x_continuous(name = NULL, limits = c(400,1000), breaks =
c(400,500,600,700,800,900,1000)) +
  theme_light() +
  theme(text = element_text(),
        axis.text.y = element_text(color = "grey20"),
        axis.text.x = element_text(color = "grey20"))

RTGF24 <- ggplot(data = sd.med_VAR) +
  geom_ribbon(aes(ymin = Tdpn.G, ymax = Tdp.G, x = banda), alpha = 0.5, fill="#377eb8")+
  geom_ribbon(aes(ymin = Rdpn.G, ymax = Rdp.G, x = banda), alpha = 0.5, fill="#377eb8")+
  geom_line(aes(x = banda, y = Rmed.G), color="#377eb8", size = 0.8) +
  geom_line(aes(x = banda, y = Tmed.G), color="#377eb8", size = 0.8) +
  labs(title = "GF 24") +
  scale_y_continuous(name = NULL, limits = c(0, 1.02), sec.axis = sec_axis(trans = ~1-., name
= NULL)) +
  scale_x_continuous(name = NULL, limits = c(400,1000), breaks =
c(400,500,600,700,800,900,1000)) +
  theme_light() +
  theme(text = element_text(),
        axis.text.y = element_text(color = "grey20"),
        axis.text.x = element_text(color = "grey20"))

```

```

RTIsabel <- ggplot(data = sd.med_VAR) +
  geom_ribbon(aes(ymin = Tdpn.I, ymax = Tdp.I, x = banda), alpha = 0.5, fill="#ff7f00")+
  geom_ribbon(aes(ymin = Rdpn.I, ymax = Rdp.I, x = banda), alpha = 0.5, fill="#ff7f00")+
  geom_line(aes(x = banda, y = Rmed.I), color="#ff7f00", size = 0.8) +
  geom_line(aes(x = banda, y = Tmed.I), color="#ff7f00", size = 0.8) +
  labs(title = "Isabel") +
  scale_y_continuous(NULL,limits = c(0, 1.02), sec.axis = sec_axis(trans = ~1-., name = NULL))
+
  scale_x_continuous(name = NULL, limits = c(400,1000), breaks =
c(400,500,600,700,800,900,1000)) +
  theme_light() +
  theme(text = element_text(),
        axis.text.y = element_text(color = "grey20"),
        axis.text.x = element_text(color = "grey20"))

RTRegent <- ggplot(data = sd.med_VAR) +
  geom_ribbon(aes(ymin = Tdpn.R, ymax = Tdp.R, x = banda), alpha = 0.5, fill="#4daf4a")+
  geom_ribbon(aes(ymin = Rdpn.R, ymax = Rdp.R, x = banda), alpha = 0.5, fill="#4daf4a")+
  geom_line(aes(x = banda, y = Rmed.R), color="#4daf4a", size = 0.8) +
  geom_line(aes(x = banda, y = Tmed.R), color="#4daf4a", size = 0.8) +
  labs(title = "Regent") +
  scale_y_continuous(name = NULL, limits = c(0, 1.02), sec.axis = sec_axis(trans = ~1-., name
= NULL)) +
  scale_x_continuous(name = NULL, limits = c(400,1000), breaks =
c(400,500,600,700,800,900,1000)) +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(0.5))) +
  theme_light() +
  theme(text = element_text(),
        axis.text.y = element_text(color = "grey20"),
        axis.text.x = element_text(color = "grey20"))

RTSuav.b <- ggplot(data = sd.med_VAR) +
  geom_ribbon(aes(ymin = Tdpn.S, ymax = Tdp.S, x = banda), alpha = 0.5, fill="#984ea3")+
  geom_ribbon(aes(ymin = Rdpn.S, ymax = Rdp.S, x = banda), alpha = 0.5, fill="#984ea3")+
  geom_line(aes(x = banda, y = Rmed.S), color="#984ea3", size = 0.8) +
  geom_line(aes(x = banda, y = Tmed.S), color="#984ea3", size = 0.8) +
  labs(title = "Sauvignon blanc") +
  scale_y_continuous(NULL,limits = c(0, 1.02), sec.axis = sec_axis(trans = ~1-., name = NULL))
+
  scale_x_continuous(name = NULL, limits = c(400,1000), breaks =
c(400,500,600,700,800,900,1000)) +
  theme_light()+
  theme(text = element_text(),
        axis.text.y = element_text(color = "grey20"),
        axis.text.x = element_text(color = "grey20"))

legenda <- ggplot(data = sd.med_VAR) +
  geom_ribbon(aes(ymin = Tdpn.R, ymax = Tdp.R, x = banda), alpha = 0.6, fill="gray60")+
  geom_ribbon(aes(ymin = Rdpn.R, ymax = Rdp.R, x = banda), alpha = 0.6, fill="gray60")+
  geom_line(aes(x = banda, y = Rmed.R), color="#000000", size = 0.8) +
  geom_line(aes(x = banda, y = Tmed.R), color="#000000", size = 0.8) +
  labs(title = "Gráfico de Legenda") +
  scale_y_continuous("Fator de Reflectância",limits = c(0, 1.02), sec.axis = sec_axis(trans =
~1-., name = "Fator de Transmitância")) +
  scale_x_continuous(name = "Comprimento de onda", limits = c(400,1000), breaks =
c(400,500,600,700,800,900,1000)) +
  theme_light()+
  theme(text = element_text(11),
        axis.text.y = element_blank(),
        axis.text.x = element_blank(),
        plot.margin = unit(c(5,8,5,8), "pt"))

F1 <- grid.arrange(RTBronner, RTGF24, RTIsabel, RTRegent, RTSuav.b, legenda, ncol = 2)
F1

```

## APÊNDICE C – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para reflectância simples

```

# ===== REFLECTÂNCIA =====
ref <- read_xlsx("Ref.xlsx") # Reflectância
Variedade <- as.factor(ref$Variedade)
Amostra <- ref$Amostra
Ref.Spec <- ref[-c(1:2)] # Vetor de reflect
refletancia <- cbind.data.frame(Amostra, Variedade, Ref.Spec)

# ACP
pca.ref <- prcomp(refletancia[, seq(3,603,1)], center = T, scale. = F)
pca.ref1 <- prcomp(refletancia[, c(53,153,253,303,313,318,323,328,333,338,343,353,378,
403,404,405,406,407,408,409,410,411,412,413,414,428,
453,478,503,528,553,578,583,588,593,594,595,596,597,
598,599,600,601,602,603)], center = T, scale. = F)
pca.ref2 <- prcomp(refletancia[, seq(3,603,25)], center = T, scale. = F)
pca.ref3 <- prcomp(refletancia[, seq(3,603,10)], center = T, scale. = F)

# Componentes
fviz_eig(pca.ref, addlabels = T, barfill = "gray50", barcolor = "white",
         linecolor = "blue", xlab = "Componentes", ylab = "Porcetagem de variabilidade")+
  theme(axis.text = element_text(size = 12), axis.title = element_text(size = 14))

# Biplot
ggbiplot(pca.ref1, choices = c(1,2), labels =NULL, ellipse =T,
         groups =refletancia[,2], circle =T, varname.size = 4) +
  scale_color_manual(name = "Variedades", values = mycolors) +
  labs(y = "CP 2 (10.6%)", x = "CP 1 (88.6%)") +
  theme(legend.position = "right") +
  theme_bw()

# Contribuições
c1 <- fviz_contrib(pca.ref2, choice = "var", axes = 1, top = 13, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "A. Primeiro componente (88.6%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(0.8)))

c2 <- fviz_contrib(pca.ref3, choice = "var", axes = 2, top = 13, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "B. Segundo componente (10.6%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(0.8)))

grid.arrange(c1,c2, ncol=1)

```

## APÊNDICE D – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para reflectância-SG

```

# ===== reflectância-SG =====
ref <- read_xlsx("Ref.xlsx")
Variedade <- as.factor(ref$Variedade)
Amostra <- ref$Amostra
Ref.Spec <- ref[-c(1:2)]
Ref.SG <- savitzkyGolay(Ref.Spec, m = 1, p = 2, w = 5)
reflectancia.SG <- cbind.data.frame(Amostra, Variedade, Ref.SG)

# ACP
ref_SG.pca <- prcomp(reflectancia.SG[,-(1:2)], center = TRUE, scale. = FALSE)
ref_SG.pca1 <- prcomp(reflectancia.SG[seq(11,599,5)], center = TRUE, scale. = FALSE)
ref_SG.pca2 <- prcomp(reflectancia.SG[seq(11,599,2)], center = TRUE, scale. = FALSE)

# Componentes
fviz_eig(ref_SG.pca, addlabels = T, barfill = "gray50", barcolor = "white",
         linecolor = "blue", xlab = "Componentes", ylab = "Porcetagem de variabilidade") +
  theme(axis.text = element_text(size = 12), axis.title = element_text(size = 14))

# Biplot
ggbiplot(ref_SG.pca, choices = c(1,2), labels = NULL, ellipse = T,
         groups = reflectancia.SG[,2], circle = T) +
  scale_color_manual(values = mycolors) +
  labs(y = "CP 2 (20.7%)", x = "CP 1 (65.9%)") +
  theme(legend.position = "right") +
  theme_bw() +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(1.1)))

# Contribuições
c1 <- fviz_contrib(ref_SG.pca1, choice = "var", axes = 1, top = 11, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "A. Primeiro componente (65.9%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(0.8)))

c2 <- fviz_contrib(ref_SG.pca2, choice = "var", axes = 2, top = 15, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "B. Segundo componente (20.7%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(0.8)))

grid.arrange(c1,c2,ncol=1)

```

## APÊNDICE E – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para transmitância simples

```

# ===== TRANSMITÂNCIA =====
tra <- read_xlsx("Tra.xlsx")
Variedade <- as.factor(tra$Variedade)
Amostra <- tra$Amostra
Tra.Spec <- tra[-c(1:2)]
transmitancia <- cbind.data.frame(Amostra, Variedade, Tra.Spec)

# ACP
tra.pca <- prcomp(transmitancia[,-(1:2)], center = TRUE, scale. = FALSE)
tra.pca1 <- prcomp(transmitancia[seq(3,603,2)], center = TRUE, scale. = FALSE)
tra.pca2 <- prcomp(transmitancia[seq(3,603,25)], center = TRUE, scale. = FALSE)
tra.pca3 <- prcomp(transmitancia[seq(3,603,20)], center = TRUE, scale. = FALSE)

# Componentes
fviz_eig(tra.pca, addlabels = T, barfill = "gray50", barcolor = "white",
        linecolor = "blue", xlab = "Componentes", ylab = "Porcetagem de variabilidade") +
  theme(axis.text = element_text(size = 12), axis.title = element_text(size = 14))

# Biplot
ggbiplot(tra.pca1, choices = c(1,2), labels = NULL, ellipse = T,
         groups = transmitancia[,2], circle = T) +
  scale_color_manual(values = mycolors) +
  labs(x = "CP1 (91.6%)", y = "CP2 (6.9%)") +
  theme(legend.position = "right") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(1))) +
  theme_bw()

# Contribuições
c1 <- fviz_contrib(tra.pca2, choice = "var", axes = 1, top = 13, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "A. Primeiro componente (91.6%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(1)))

c2 <- fviz_contrib(tra.pca3, choice = "var", axes = 2, top = 10, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "B. Segundo componente (6.9%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(1)))

grid.arrange(c1,c2,ncol=1)

```

## APÊNDICE F – Código do script na linguagem R para Análises de Componentes principais para transmitância-SG

```

# ===== TRANSMITÂNCIA-SG =====
tra <- read_xlsx("Tra.xlsx")
Variedade <- as.factor(tra$Variedade)
Amostra <- tra$Amostra
Tra.Spec <- tra[-c(1:2)]

# filtro Savitzky-Golay
Tra.SG <- savitzkyGolay(Tra.Spec, m = 1, p = 2, w = 5)
transmitancia.SG <- cbind.data.frame(Amostra, Variedade, Tra.SG)

# ACP
tra_SG.pca <- prcomp(transmitancia.SG[,-(1:2)], center = TRUE, scale. = FALSE)
tra_SG.pca1 <- prcomp(transmitancia.SG[seq(11,599,2)], center = TRUE, scale. = FALSE)
tra_SG.pca2 <- prcomp(transmitancia.SG[seq(11,599,5)], center = TRUE, scale. = FALSE)

# Componentes
fviz_eig(tra_SG.pca, addlabels = T, barfill = "gray50", barcolor = "white",
         linecolor = "blue", xlab = "Componentes", ylab = "Porcetagem de variabilidade") +
  theme(axis.text = element_text(size = 12), axis.title = element_text(size = 14))

# Biplot
ggbiplot(tra_SG.pca1, choices = c(1,2), labels = NULL, ellipse = T, labels.size = 2,
         groups = transmitancia.SG[,2], circle = T) +
  scale_color_manual(values = mycolors) +
  labs(y = "CP 2 (14.3%)", x = "CP 1 (72.5%)") +
  theme(legend.position = "right") +
  theme_bw()

# Contribuições
c1 <- fviz_contrib(tra_SG.pca1, choice = "var", axes = 1, top = 13, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "A. Primeiro componente (72.5%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(1)))

c2 <- fviz_contrib(tra_SG.pca2, choice = "var", axes = 2, top = 12, xtickslab.rt = 0,
                 fill = "gray50", color = "white") +
  labs(title = "B. Segundo componente (14.3%)", y = "Contribuição (%)") +
  theme(axis.text = element_text(size = rel(1)))

grid.arrange(c1,c2,ncol=1)

```

## APÊNDICE G – Código do script na linguagem R Análises de correlação de Pearson

```

# ==== Livreria ====
library(corrplot)
library(dplyr)
library(readxl)
library(pheatmap)
library(RColorBrewer)

# Refletância
ref <- read_xlsx("Ref.xlsx")
Variedade <- as.factor(ref$Variedade)
Amostra <- ref$Amostra
Ref.Spec <- ref[-c(1:2)]
ref <- cbind.data.frame(Variedade, Amostra, Ref.Spec)

# Índices Espectrais de Vegetação
NDVI <- (ref$'800'-ref$'670')/(ref$'800'+ref$'670')
CIredge <- ((ref$'780'/ref$'710')-1)
REIP <- 700+(40*((ref$'670'+ref$'780')/(2-ref$'700'))/(ref$'740'-ref$'700'))
ChI <- (ref$'570'-ref$'700')/(ref$'515'-ref$'700')
PRI <- (ref$'531'-ref$'570')/(ref$'531'+ref$'570')
SIPI <- (ref$'800'-ref$'445')/(ref$'800'-ref$'680')
DMI1 <- (ref$'680'/ref$'800')
DMI2 <- (ref$'550'-ref$'680')/(ref$'550' + ref$'680')
DMI3 <- (ref$'470'+ref$'682'+ref$'800')/(ref$'800'/ref$'682')
R.indices <- cbind.data.frame(Amostra,NDVI,CIredge,REIP,ChI,PRI,SIPI,DMI1,DMI2,DMI3)

# Anatomia
Anatom <- read_xlsx("Anatomia.xlsx")
Mesofilo <- Anatom$mf
P.paliçádico <- Anatom$pp
P.Esponjoso <- Anatom$pe
E.Abaxial <- Anatom$eab
E.Adaxial <- Anatom$ead
P.C.P.A. <- Anatom$pcp
Amostra <- Anatom$Amostra
Anatomia <- cbind.data.frame(Amostra, Mesofilo, P.paliçádico, P.Esponjoso, E.Abaxial,
E.Adaxial, P.C.P.A.)

# ==== Correlações ====

Ondas <- cor(Ref.Spec[seq(1,600,50)]) #Correlação da reflectância a cada 50nm

Ana_Ref <- full_join(Anatomia, reflect, by = "Amostra") # Anatomia + Reflectância
Ana_Ref <- subset(Ana_Ref, complete.cases(Ana_Ref)) # Extração de amostras incompletas
AR_cor <- cor(Ana_Ref[, -c(1,8)]) # Coef. de correlação de Pearson
ana_x_ref <- AR_cor[1:6,7:19] # Extração de dados repetidos

Ana_ind <- full_join(Anatomia, R.indices, by = "Amostra") # Anatomia + IV's
Ana_ind <- subset(Ana_ind, complete.cases(Ana_ind)) # Extração de amostras incompletas
AI_cor <- cor(Ana_ind[, -1]) # Coef. de correlação de Pearson
Ana_x_ind <- AI_cor[1:6,7:15] # Extração de dados repetidos

# Correlograma entre comprimentos de onda a cada 50 nm.
corrplot(Ondas, method = "color", number.cex = 0.8, type = "upper",
         col = colorRampPalette(brewer.pal(10,"RdYlBu"))(10), diag = F, tl.col="black",
         tl.srt=0, tl.cex = 1)

# Mapa de calor das correlações entre anatomia e reflectância a cada 50 nm
pheatmap(ana_x_ref, cluster_cols = F, color = colorRampPalette(brewer.pal(10,"RdYlBu"))(20),
         angle_col = 0, breaks = seq(-1,1,0.1), display_numbers = T, number_color = "#FFFFFF",
         border_color = "NA", fontsize_number = 9)

# Mapa de calor das correlações entre anatomia e índices de vegetação
pheatmap(Ana_x_ind, scale = "none", cluster_cols = F, cluster_rows = F, border_color =
"gray40",
         color = colorRampPalette(brewer.pal(10,"RdYlBu"))(20), angle_col = 0,
         breaks = seq(-1,1,0.1), display_numbers = T, number_color = "#FFFFFF",
         fontsize_number = 11)

```

**APÊNDICE H – Resultados das análises de classificação de amostras entre variedades  
para todos os algoritmos e conjuntos de dados.**

Tabela 11 – Resultados dos modelos de classificação de amostras entre variedades,  
organizados de maior a menor sensibilidade.

<b>Algoritmo</b>	<b>Conjunto de dados</b>	<b>Sensibilidade</b>	<b>Taxa FP</b>	<b>Precisão</b>	<b>ROC-Area</b>
SMO	Anatomia + Reflectância-SG	0,93	0,02	0,93	0,99
SMO	Reflectância-SG	0,90	0,02	0,91	0,98
TRF	Anatomia + Reflectância-SG	0,89	0,02	0,86	0,98
SMO	Anatomia + Reflectância	0,88	0,03	0,90	0,98
MLP	Reflectância	0,85	0,04	0,89	0,98
SMO	Reflectância	0,80	0,04	0,86	0,91
MLP	Anatomia + Reflectância	0,76	0,06	0,76	0,94
CVR	Anatomia + Reflectância	0,73	0,06	0,77	0,92
TRF	Reflectância-SG	0,70	0,06	0,72	0,96
TRF	Reflectância	0,65	0,07	0,64	0,86
CVR	Reflectância-SG	0,65	0,09	0,60	0,85
SMO	Anatomia + Transmitância-SG	0,63	0,07	0,70	0,84
CVR	Anatomia + Reflectância-SG	0,62	0,10	0,64	0,84
SMO	Anatomia+ Índices	0,62	0,09	0,66	0,87
SMO	Transmitância-SG	0,62	0,08	0,66	0,82
MLP	Anatomia + Reflectância-SG	0,61	0,10	0,72	0,93
TRF	Anatomia + Transmitância-SG	0,60	0,08	0,69	0,78
MLP	Reflectância-SG	0,60	0,11	0,47	0,92
TRF	Anatomia	0,59	0,11	0,63	0,85
CVR	Reflectância	0,55	0,11	0,59	0,92
CVR	Anatomia	0,54	0,12	0,59	0,84
TRF	Anatomia + Reflectância	0,54	0,10	0,57	0,82
TRF	Anatomia+ Índices	0,50	0,11	0,54	0,81
SMO	Anatomia	0,49	0,11	0,65	0,83
TRF	Transmitância-SG	0,48	0,12	0,54	0,80
MLP	Transmitância	0,43	0,15	0,34	0,66
MLP	Anatomia	0,43	0,13	?	0,81
TRF	Anatomia + Transmitância	0,42	0,15	0,45	0,70
CVR	Anatomia + Transmitância	0,41	0,17	0,44	0,75
MLP	Anatomia + Transmitância	0,41	0,16	?	0,65
CVR	Anatomia+ Índices	0,40	0,13	0,45	0,80
SMO	Indices	0,40	0,13	?	0,72
CVR	Indices	0,40	0,14	?	0,84
MLP	Anatomia + Transmitância-SG	0,39	0,15	0,60	0,79
SMO	Transmitância	0,38	0,12	?	0,69
MLP	Transmitância-SG	0,38	0,10	?	0,79
TRF	Indices	0,35	0,15	0,53	0,74

SMO	Anatomia + Transmitância	0,34	0,18	0,36	0,70
CVR	Anatomia + Transmitância-SG	0,33	0,14	0,43	0,68
CVR	Transmitância	0,33	0,17	0,18	0,68
TRF	Transmitância	0,33	0,17	0,36	0,70
MLP	Anatomia+ Índices	0,33	0,16	0,51	0,78
CVR	Transmitância-SG	0,29	0,15	0,37	0,66
MLP	Índices	0,25	0,15	?	0,61

SMO: Optimização Sequencial Mínima, TRF: Florestas Aleatórias, MLP: Perceptron Multicamada, CVR: Classificação Via Regressão. (SG): Savitsky-Golay. Fonte: Elaborada pelo autor (2021).