

## Aplicação das redes neurais artificiais na classificação de cultivares de soja

Carlos Mateus Fonseca Gonçalves<sup>1</sup>, Éder Matsuo<sup>2</sup>, Elias de Souza Lima Júnior<sup>1</sup>, Gabriel Marson Adriano de Souza<sup>1</sup>, Luiz Felipe Queiroz Noronha<sup>1</sup>, Rafael Goncalves de Borba Netto<sup>1</sup>

<sup>1</sup>UFV – Campus Rio Paranaíba, Instituto de Ciências Agrárias. E-mail: carlos.m.goncalves@ufv.br; <sup>2</sup>UFV – CRP, IEP

ODS2 - Dimensões Sociais  
Categoria: Pesquisa

### Introdução

As Redes Neurais Artificiais (RNA) fazem parte do aprendizado de máquina, um dos principais ramos da inteligência artificial. Inspiradas nas redes neurais biológicas, essas estruturas computacionais simulam o comportamento dos neurônios presentes em seres vivos (ALLARD, 1999). As RNAs têm sido aplicadas em diversas áreas da agropecuária. Nesse contexto, a classificação de cultivares de soja por meio de caracteres morfológicos pode ser uma ferramenta importante para auxiliar no melhoramento genético (CRUZ et al., 2012).

### Objetivo

Objetivou-se classificar cultivares de soja, utilizando caracteres morfológicos, por meio das Redes Neurais Artificiais e da Análise Discriminantes de Anderson.

### Material e Métodos

O experimento foi conduzido em casa de vegetação do Laboratório de Bioestatística da UFV – Campus Rio Paranaíba. Foram utilizadas sementes de seis cultivares de soja (BRS 283, BRS 284, BRS 511, BRS 519, BRS 531 e BRS 573), semeadas em vasos de 3 dm<sup>3</sup> a 2 cm de profundidade. No estádio VE foi realizado o desbaste, mantendo três plantas por vaso.

As avaliações foram feitas nos estádios V2 (comprimento do epicótilo e altura da planta) e V3 (comprimento do epicótilo, altura da planta e comprimento da ráqui da primeira folha trifoliolada) (Fehr e Caviness, 1977).

O delineamento utilizado foi em blocos casualizados, com seis cultivares e cinco repetições. O conjunto de dados original foi ampliado no Programa Genes (CRUZ, 2013), resultando em 400 informações por cultivar, das quais 80% foram usadas para treinamento e 20% para validação.

Para a modelagem, utilizou-se RNA do tipo perceptron multicamadas (5 neurônios na camada de entrada, 11 na oculta e 6 na de saída). A comparação foi feita com a Análise Discriminante de Anderson por meio da taxa de erro aparente (TAE). As análises foram realizadas no Programa Genes e no R (pacote *nnet*) (R Core Team, 2024).

### Apoio Financeiro



### Resultados

Durante o processo de treinamento do modelo, a RNA apresentou Taxa de Erro Aparente (TEA) de 12,44%, indicando boa capacidade de aprendizado e ajuste ao conjunto de dados. Quando submetida ao processo de validação, que é mais rigoroso por utilizar dados não incluídos no treinamento, a TEA obtida foi de 17,08%, valor ainda considerado baixo e aceitável para estudos dessa natureza, reforçando a consistência do modelo. Em contrapartida, o método estatístico clássico da Análise Discriminante de Anderson apresentou desempenho inferior. A TEA para os dados de treinamento foi de 51,82%, e, no processo de validação, 51,87%, evidenciando que este método não conseguiu capturar de forma eficiente os padrões existentes nos caracteres morfológicos avaliados. A alta taxa de erro sugere que o uso da Análise Discriminante de Anderson para a diferenciação de cultivares de soja, com base apenas nas variáveis analisadas no presente trabalho, apresentou limitação na classificação das cultivares. Assim o uso da RNA pode contribuir para o melhoramento genético da soja, permitindo antecipar a diferenciação de cultivares de forma prática e com maior precisão.

### Conclusão

As Redes Neurais Artificiais mostraram-se mais eficientes na classificação de cultivares de soja em comparação com a Análise Discriminante de Anderson.

### Bibliografia

- ALLARD, R. W. *Princípios do melhoramento genético das plantas*. 2. ed. São Paulo: Edgard Blücher, 1999.
- CRUZ, C. D. *GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics*. *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2012.
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. *Stage of soybean development*. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. (Special Report, 80).
- R Core Team (2024). *\_R: A Language and Environment for Statistical Computing\_*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <<https://www.R-project.org/>>.

### Agradecimentos

