

# Simpósio de Integração Acadêmica

## “Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



## Inteligência computacional na estimação da porcentagem de doença na área foliar de Eucalyptus

Alexandre Lima Oliveira<sup>1</sup>; Leonardo Lopes Bhering<sup>2</sup>; Hernandes Peres Panichi<sup>3</sup>; Davi Mesquita de Macedo<sup>4</sup>; Rafael Ferreira de Alfenas<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Agronomia, [alexandre.l.oliveira@ufv.br](mailto:alexandre.l.oliveira@ufv.br), [hernandes.p.panichi@ufv.br](mailto:hernandes.p.panichi@ufv.br)

<sup>2</sup>Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Geral, autor para correspondências: [leonardo.bhering@ufv.br](mailto:leonardo.bhering@ufv.br)

Área temática: Inteligência Artificial Grande área: Ciências Agrárias Categoria do trabalho: Pesquisa

Palavras-chave: Inteligência computacional, redes neurais, fenotipagem

### Introdução

A fenotipagem de alto rendimento aliada a ferramentas de inteligência computacional (IC) permite acelerar o ganho genético, selecionando precocemente cultivares superiores. Neste trabalho foi desenvolvido dois métodos computacionais de fenotipagem para análise de imagens, utilizando modelos lineares generalizados (GLM) e redes neurais artificiais.

### Objetivos

Desenvolver métodos computacionais capazes de mensurar a porcentagem de ataque da ferrugem (*Austropuccinia psidii*) na área foliar de eucalipto, comparar os resultados das avaliações computacionais entre si e compará-las com as avaliações realizadas por humanos.

### Material e Métodos

O banco de dados foi composto por 78 imagens de folhas de cultivares de *Eucalyptus* spp e os modelos computacionais foram desenvolvidos no software R. O script de classificação com base no modelo de regressão foi desenvolvido utilizando o pacote “Pliman” (Olivoto, 2022). Para o ajuste do modelo de regressão foram criadas três classes de paletas para classificação, sendo imagens representativas do background, do tecido foliar saudável e do tecido foliar doente. O algoritmo extrai a intensidade de reflectância de cada pixel, submete o valor no modelo de regressão e realiza a classificação, demarcando a doença e informa a porcentagem de área foliar afetada. Já o modelo de redes neurais artificiais utiliza uma arquitetura de perceptron multicamadas, com 9 neurônios na primeira camada oculta e 5 na segunda. Na fase de treinamento a rede neural utilizou 70% das imagens para aprender a reconhecer os padrões da manifestação da doença e na fase de validação utilizou o restante dos dados e foi capaz de prever a porcentagem de severidade, apresentando uma taxa de acerto de 99,94% e um  $R^2$  de 99,63%. Foi entregue a escala diagramática (Figura 2: B) para seis pessoas avaliar as 78 folhas, com valores de 0 a 100 para a intensidade da doença, sendo que avaliadores 1 a 4 não tinham conhecimento sobre a doença e cultura e os demais eram especialistas. Assim, foi possível verificar se ter conhecimento influência na acurácia das avaliações.

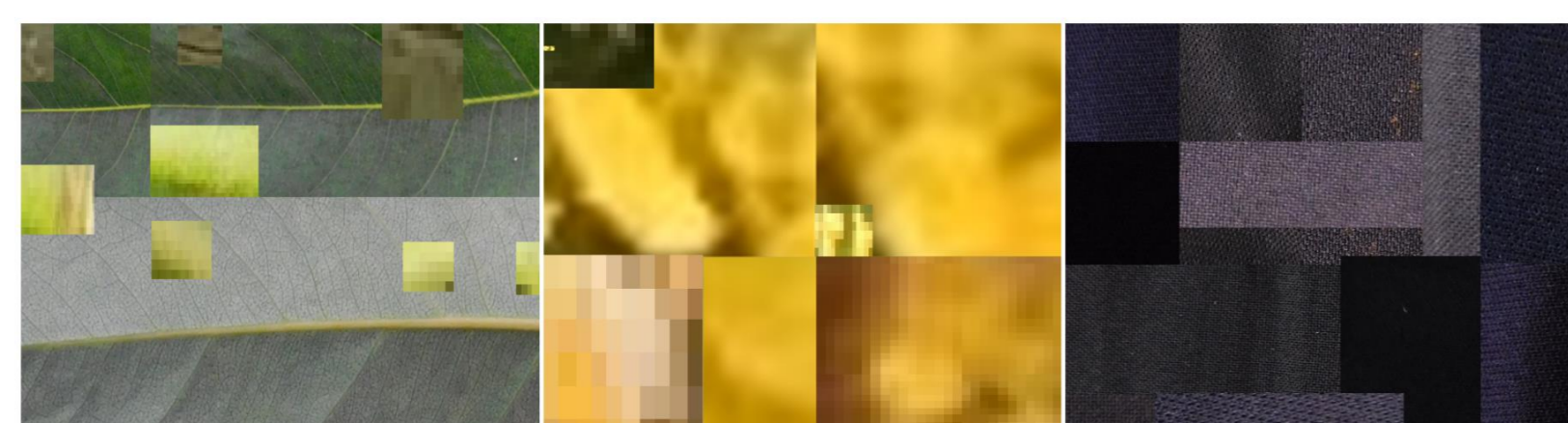


Figura 1: Paleta com as referências de classificação para calibração do script.

### Apoio financeiro



### Resultados e Discussão

Constatou-se pelo teste f da ANOVA, a 1% de probabilidade, que ter conhecimento prévio sobre a doença e cultura não difere estatisticamente, portanto cada indivíduo apresenta a própria calibração e os modelos computacionais tiveram correlação de Pearson significativa estatisticamente a 1% pelo teste T ( $r=0,83$ ).

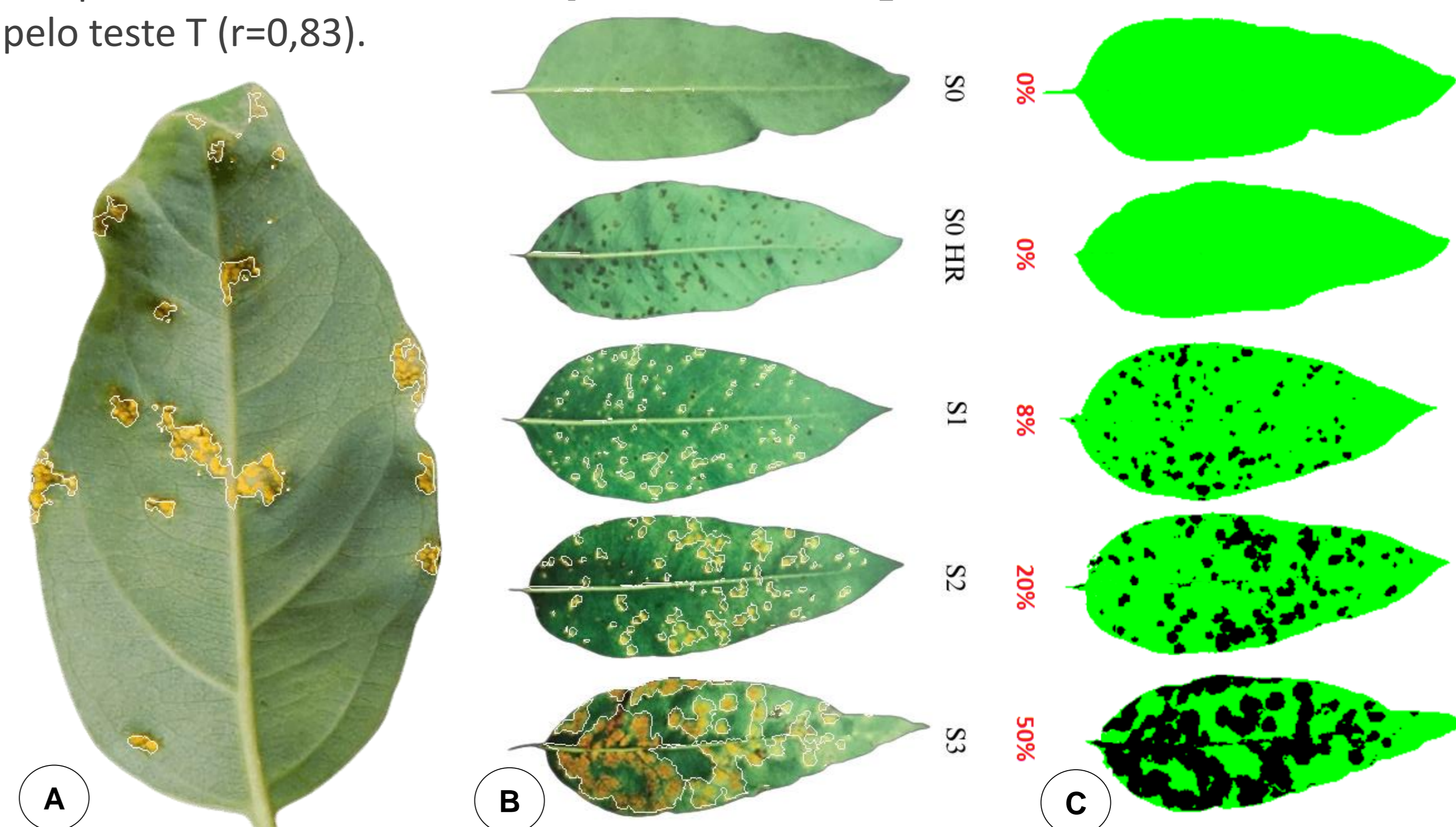


Figura 2: (A) folha avaliada pela IC; (B) Escala de notas para avaliação de ferrugem, proposta por (JUNGHANS et al., 2003); (C) Máscara com porcentagem de severidade gerada pela IC.

### Gráfico de comparação entre diferentes métodos de avaliação

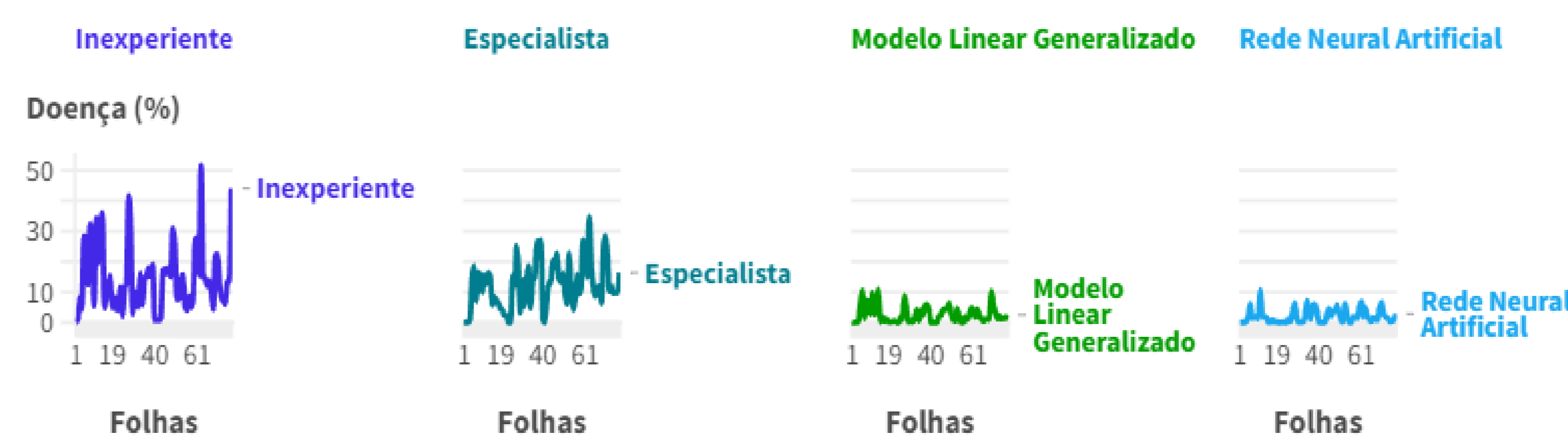


Figura 3: Gráfico com as notas das avaliações para as 78 folhas doentes.

### Conclusões

Foi evidenciado que as avaliações realizadas por humanos extrapolam os dados reais, comprovando a subjetividade e as avaliações computacionais são semelhantes entre si, com maior acurácia e com maior velocidade de análise, sendo ferramentas potenciais na fenotipagem para o melhoramento genético.

### Agradecimentos

