

DANIEL PEDROSA ALVES

PREDIÇÃO DA ÁREA ABAIXO DA CURVA DE PROGRESSO DA  
REQUEIMÁ EM TOMATEIRO UTILIZANDO INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2014

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da  
Universidade Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

A474p  
2014

Alves, Daniel Predrosa, 1986-  
Predição da área abaixo da curva de progresso da  
requeima em tomateiro utilizando inteligência artificial :  
seleção de fontes de resistência a requeima do tomateiro  
utilizando inteligência artificial / Daniel Predrosa Alves. -  
Viçosa, MG, 2014.  
vii, 49f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui anexos.

Orientador : Derly José Henriques da Silva.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Redes neurais artificiais. 2. inteligência artificial.  
3. Tomate. 4. *Phytophthora infestans*. I. Universidade  
Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa  
de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 006.32

DANIEL PEDROSA ALVES

PREDIÇÃO DA ÁREA ABAIXO DA CURVA DE PROGRESSO DA  
REQUEIMA EM TOMATEIRO UTILIZANDO INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 27 de março de 2014.

---

Cosme Damião Cruz  
(Coorientador)

---

Edilson Romais Schmidt

---

Leonardo Lopes Bhering

---

Rafael Simões Tomaz

---

Derly José Henriques da Silva  
(Orientador)

*Dedico a Deus, a minha esposa,  
aos meus pais e minha irmã.*

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por todo amor, misericórdia e bênçãos que tem me dado ao longo da minha vida.

Aos meus pais, Miguel Arcanjo Alves e Elisa Aparecida Pedrosa Alves, por terem se sacrificado para que eu lograsse êxito em todos meus projetos, por sempre estarem orando por minha vida e por toda compreensão e amor incondicional. Sem o apoio de vocês eu nunca conseguiria ter chegado até aqui. À minha irmã, Dani, por sempre ter me ajudado, apoiado e dado condições para que eu estudasse. A todos meus familiares, pelo carinho, apoio e orações. À minha esposa, Alessandra, que tem estado ao meu lado desde o início, me ajudando e apoiando.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização deste curso. Ao CNPq e à CAPES pela concessão da bolsa de estudo.

Ao programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, ao Núcleo de Biotecnologia aplicada à Agropecuária (BIOAGRO) e a todos os funcionários e professores, por toda ajuda, trabalho e formação científica e profissional.

À família do laboratório de Bioinformática, do Laboratório de Genômica, do Laboratório de Virologia Vegetal Molecular e do NEO. Em especial gostaria de agradecer ao Rafael Simões, que sempre de bom grado me ensinou e ajudou.

Ao amigo Bruno Soares Laurindo que tornou esse trabalho possível.

Ao amigo e conselheiro Fabiano Caliman, por todos ensinamentos, apoio e companheirismo.

Ao professor Derly José Henriques da Silva, pela orientação, oportunidade de aprendizado e convivência desde o ano de 2005 até hoje.

Ao professor Cosme Damião Cruz, por todo empenho em me ensinar e ajudar a vencer cada etapa.

Ao professor Carlos Nick por toda ajuda e amizade.

Aos professores, Edilson Romais Schmildt e Leonardo Lopes Bhering, por se disponibilizarem a ajudar e participar desta banca.

A todos meus amigos de Visconde do Rio Branco, à eterna família da RCC, aos amigos do programa MARCA/MERCOSUL, da Agronomia 2005.

A todos que de alguma maneira contribuíram para este trabalho e para minha formação pessoal e profissional, e que foram omitidos, o meu muito obrigado.

## **BIOGRAFIA**

DANIEL PEDROSA ALVES, filho de Elisa Aparecida Pedrosa Alves e Miguel Arcanjo Alves, nasceu em 29 de dezembro de 1986, em Belo Horizonte, Minas Gerais. Realizou o ensino fundamental e médio no Colégio Municipal de Visconde do Rio Branco, MG. Em 2005 ingressou no curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG. No ano de 2008 realizou um intercâmbio, pelo programa MARCA MERCOSUL, para o Uruguay, onde frequentou a UNIVERSIDAD DE LA REPUBLICA por aproximadamente cinco meses. No ano de 2010 graduou-se em Agronomia pela UFV, iniciando em março do mesmo ano o Mestrado em Genética e Melhoramento nesta mesma instituição. Em março de 2012 deu início ao doutorado em Genética e Melhoramento na UFV, tendo sido defendido no dia 27 de março de 2014.

## ÍNDICE

<b>RESUMO</b> .....	<b>vi</b>
<b>ABSTRACT</b> .....	<b>vii</b>
<b>1- INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	<b>1</b>
<b>2- REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>4</b>
2.1- A Cultura do Tomateiro.....	4
2.2- Requeima do tomateiro .....	6
2.3- Redes Neurais Artificiais (RNA) .....	9
2.3.1- Histórico .....	10
2.3.2- O Neurônio Biológico e o Artificial .....	11
2.3.3- Funções de ativação.....	14
2.3.3.1- Função Sigmóide logística .....	14
2.3.3.2- Função tangente hiperbólica .....	15
2.3.4- Arquiteturas de RNA.....	16
2.3.4.1- Redes Multilayer Perceptron - MLP .....	16
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>18</b>
<b>ARTIGO</b> .....	<b>24</b>
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	<b>24</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>26</b>
Material vegetal, inoculação e avaliação .....	26
Análise dos dados fenotípicos.....	27
Construção das RNAs e análises estatísticas .....	27
Extrapolação de dados .....	29
<b>RESULTADOS</b> .....	<b>29</b>
<b>DISCUSSÃO</b> .....	<b>36</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>39</b>
<b>ANEXO</b> .....	<b>42</b>
Tabelas Suplementares.....	42

## RESUMO

ALVES, Daniel Pedrosa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2014. **Predição da área abaixo da curva de progresso da requeima em tomateiro utilizando inteligência artificial.** Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Carlos Nick Gomes.

Redes neurais artificiais (RNA) são modelos computacionais inspirados no sistema nervoso de seres vivos, capazes de aprender a partir de exemplos e empregá-lo na solução de problemas tais como predição não linear, reconhecimento de padrões e diversas outras aplicações. Neste trabalho utilizamos uma RNA para prever o valor da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para o patossistema tomate x requeima. A AACPD é uma medida de ampla utilização na epidemiologia de doenças policíclicas, especialmente em estudos que inferem a respeito da resistência quantitativa dos genótipos. Contudo, para a obtenção do valor final desta área são necessárias, neste patossistema, uma série de seis avaliações ao longo do tempo. O objetivo deste trabalho é propor a utilização das RNAs para a obtenção da AACPD no patossistema tomate x requeima, utilizando um número reduzido de avaliações de severidade. Para tanto, foram considerados quatro experimentos independentes, totalizando 1836 plantas infectadas com o patógeno *Phytophthora infestans* e avaliadas a cada três dias em um total de seis oportunidades, sendo procedido o cálculo da AACPD por método convencional. A RNA criada permitiu prever AACPD com correlação de 0,97 e 0,84 quando comparado com os métodos convencionais, utilizando-se de um número 50% e 67% menor de avaliações por genótipo respectivamente. Ao se utilizar a RNA gerada por um experimento para prever a AACPD para os demais experimentos ocorreu correlação média de 0,94, com duas avaliações, e 0,96, com três avaliações, entre os valores preditos pela RNA e os observados com seis avaliações. Apresentamos neste trabalho um novo paradigma para a utilização da informação da AACPD em experimentos de tomateiro confrontado com *P. infestans*. Este novo paradigma proposto pode ser adaptado para diferentes patossistemas.



## ABSTRACT

Alves, Daniel Pedrosa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2014. **Prediction of area under the curve of progress of late blight in tomato plants using artificial intelligence.** Advisor: Derly José Henriques da Silva. Co-advisors: Cosme Damião Cruz and Carlos Nick Gomes.

Artificial neural networks (ANN) are computational models, inspired in the nervous system of living organisms, that is able to learn from examples and uses it to solve problems such as non-linear prediction, pattern recognition, and many other applications. In this work we use an ANN to predict the value of the area under the disease progress curve (AUDPC) for pathosystem tomato x late blight. The AUDPC is a widely used measure in the epidemiology of polycyclic diseases, especially in studies about quantitative resistance of genotypes. However, to obtain the final value of this area is required, in this pathosystem, a series of six evaluations along time. The objective of this paper is to propose a new use of ANN, based on the principles of learning, for to obtain the AUDPC in pathosystem tomato x late blight, using a reduced number of disease severity evaluations. We considered four independent experiments, a total of 1836 infected plants with the pathogen *Phytophthora infestans* and assessed every three days for six times, and proceeded to calculate the AUDPC by conventional methods. The ANN created possible to predict the AUDPC with a correlation coefficient of 0.97 and 0.84 compared with conventional methods, using a number 50% and 67% less ratings for genotypes respectively. Using ANN generated by an experiment to predict the AUDPC for the other experiments there was an average correlation of 0.94, with two ratings, and 0.96, with three evaluations, between the value predicted from ANN and value observed with six evaluations. We present in this work a new paradigm for obtaining AUDPC in tomato experiments inoculated with *P. infestans*. This proposed new paradigm can be adapted to different pathosystems.

## 1- INTRODUÇÃO GERAL

A cultura do tomateiro é de grande importância mundial, com produção total em 2010 de 146 milhões de toneladas (AGRIANUAL, 2013), o Brasil destaca-se como um dos maiores produtores, apresentando uma produção estimada de quatro milhões de toneladas (AGRIANUAL, 2013). Esta elevada produção é estimulada por um grande consumo, que se deve à versatilidade de uso, pois pode ser consumida *in natura* ou processada na forma de molhos, sucos dentre outros subprodutos. A demanda por esta hortaliça tem aumentado, recentemente, por ser fonte de vitaminas A e C, além do licopeno presente no fruto ser agente antioxidante altamente benéfico na prevenção de doenças cardiovasculares e oncológicas.

Em contraposição a este cenário favorável, a tomaticultura é caracterizada como uma atividade de elevado risco econômico e de grande complexidade agronômica, devido às doenças e pragas que reduzem a produtividade da cultura. Segundo estudo realizado pela Associação Brasileira de Comércio de Sementes e Mudas (ABCSEM, 2011), cerca de 21% do custo de produção é empregado na compra de agroquímicos para solucionar problemas fitossanitários, os quais ocasionam grandes danos econômicos tanto pela falta de controle eficaz como pelo elevado custo de controle (LOPES; ÁVILA, 2005).

Segundo MELO (1989) a alta suscetibilidade do tomateiro a diversos patógenos e pragas pode ser explicada pelo pequeno número de genitores, utilizados nos programas de melhoramento, para a obtenção de novos cultivares. Com poucos genitores, o estreitamento da base genética da progênie é inevitável, e como resultado, tem-se cultivares geneticamente semelhantes (HALLAUER; MIRANDA, 1988), suscetíveis a uma ampla gama de patógenos.

Programas de melhoramento a partir de populações base com maior variabilidade genética incrementam as chances de sucesso na seleção de genótipos superiores em gerações futuras (HALLAUER; MIRANDA, 1988). Contudo, a disponibilização dos recursos genéticos para os melhoristas passa necessariamente pela caracterização e avaliações agronômica, fitopatológica e entomológica dos acessos registrados nos bancos de germoplasma (VALOIS, 1998).

A UFV conta com um Banco de Germoplasma de Hortaliças (BGH-UFV) que foi criado em 1966 com o apoio da Fundação ROCKEFELLER, com a finalidade de resgatar espécies nativas ou introduzidas, preservar, documentar e disponibilizar germoplasma de outras regiões do globo (SILVA et al., 2001). O BGH-UFV é o mais antigo banco de germoplasma de hortaliças da América Latina (MARIM et al., 2009).

Os acessos pertencentes ao BGH-UFV têm sido caracterizados de forma sistemática, fornecendo um grande número de informações e recursos genéticos para os melhoristas. As informações são disponibilizadas por meio de diversos artigos publicados em periódicos e também via rede internacional de computadores, sendo possível visualizar esses trabalhos no site do BGH-UFV, [www.bgh.ufv.br](http://www.bgh.ufv.br).

Acessos de tomate conservados no BGH-UFV têm sido utilizados na busca de fontes de resistência a pragas e doenças (SILVA et al., 2001), das quais foram identificadas até o momento seis fontes de resistência a *Tuta absoluta* (SUINAGA et al., 2003; OLIVEIRA et al., 2009), uma ao *Peper yellow mosaic virus* (PepYMV) (JUHASZ et al., 2006), três ao *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) (MOURA et al., 2005), seis a *Bemisia tabaci* biótipo B (FERNANDES et al., 2009), sete a *Phytophthora infestans* (ABREU et al., 2008; LAURINDO, 2013) e três ao *Tomato yellow spot virus* (ToYSV) (AGUILERA et al., 2008; AGUILERA et al., 2011).

Dentre as doenças que afetam o tomateiro, a requeima, causada pelo oomiceto *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, é de grande importância podendo comprometer em poucos dias todo o campo de produção. Epidemias são favorecidas em períodos frios e úmidos, embora em regiões de clima quente também possa ocorrer, desde que a temperatura noturna seja amena. O patógeno pode permanecer nos restos culturais por cerca de 45 a 60 dias, podendo reestabelecer-se assim que as condições climáticas tornarem-se favoráveis (LOPES; ÁVILA, 2005). Devido a ampla distribuição, ocorrendo em praticamente todos locais nos quais o tomate é cultivado, o uso de resistência é extremamente desejável.

Na busca por fontes de resistência a requeima tem-se caracterizado os acessos de *Solanum lycopersicum* do BGH-UFV (GRIGOLLI et al., 2011; LAURINDO, 2013). Em geral seis avaliações fenotípicas são realizadas em plantas submetidas ao patógeno, e em cada avaliação se determina a severidade da doença em todas as folhas das plantas. Após terem sido realizadas as avaliações, é calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Neste processo, os genótipos que apresentarem menores médias são considerados os mais resistentes. Contudo, essas avaliações são morosas e exaustivas, uma vez que devem ser avaliadas todas as folhas de cada planta.

Uma alternativa à realização das seis avaliações seria encontrar uma combinação de duas ou mais avaliações que proporcionasse o valor final de AACPD. As redes neurais artificiais (RNAs) são capazes de fornecer essa informação, indicando

quais e quantas seriam as avaliações necessárias para inferir a respeito do valor final da AACPD.

RNAs são definidos como uma forma de computação não algorítmica caracterizada por sistemas que, em algum nível, lembram a estrutura do cérebro humano (BRAGA et al., 2000). Em termos práticos, as RNAs são ferramentas não estatísticas de modelagem de dados, geralmente, não lineares (GOYAL, 2013). São ferramentas capazes de armazenar conhecimento a partir de exemplos e empregá-lo na solução de problemas de ajuste funcional, predição, reconhecimento de padrões e diversas outras aplicações (BRAGA et al., 1998).

Por meio do aprendizado a rede pode ser capaz de captar evidências e, desta forma, atribuir resposta aos problemas apresentados (GÖRGENS, 2006). Uma RNA compartilha algumas das propriedades do cérebro: consiste de muitas unidades simples trabalhando em paralelo sem um controle central (DIAS, 2006).

Segundo PEREIRA (2009) e GOYAL (2013) as RNAs têm sido utilizadas para executar funções complexas em várias áreas, que variam desde diagnósticos médicos, processos industriais, operações financeiras e agricultura.

## 2- REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1- A Cultura do Tomateiro

O Tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma planta da família *Solanaceae*, família esta que contém aproximadamente 100 gêneros e 3000 espécies, muitas dessas de grande importância econômica como a batata, berinjelas, petúnia, tabaco e pimenta (BERGOUGNOUX, 2013).

O gênero *Solanum* abriga espécies distribuídas em praticamente todos os climas, e pode ser considerado um dos mais importantes economicamente, possuindo além de hortaliças algumas espécies de importância medicinal (WEESE; BOHS, 2007).

O tomateiro originou-se da espécie silvestre *S. lycopersicum* L. var. *cerasiforme* e é uma das onze espécies pertencentes ao gênero *Solanum* (WARNOCK, 1988; BERGOUGNOUX, 2013).

Em meados do século XVIII, LINNAEUS (1753) classificou o tomateiro no gênero *Solanum* sob o nome específico *Solanum lycopersicum*, contudo MILLER (1754) o classificou no gênero *Lycopersicum*. A classificação proposta por Miller foi utilizada por vários autores durante um longo período de tempo, como por exemplo DUNAL (1813), HAWKES (1990) e RICK et al. (1990) entre outros (PERALTA et al., 2007). Recentemente análises filogenéticas baseadas em dados moleculares suportaram o tomateiro no gênero *Solanum* de maneira inequívoca (SPOONER et al., 1993).

A região andina da América do Sul especificamente a área que abrange grande parte do Peru, Equador, Bolívia e norte do Chile foi cenário da origem do tomateiro (JENKINS, 1948). A partir da América do Sul foi levado primeiramente para o México, em épocas passadas, onde foi domesticado e recebia o nome “tomatl”. No século XVI, por volta de 1554, foi levado para a Europa, sendo utilizado inicialmente como planta ornamental. Acredita-se que os italianos tenham sido os primeiros a utilizarem seus frutos na alimentação humana, em meados do século XVIII (ALVARENGA, 2004). No Brasil, a introdução do tomate ocorreu por meio de imigrantes europeus no fim do século XIX, embora, o incremento no seu uso e produção tenha ocorrido apenas após a Primeira Guerra Mundial (ALVARENGA, 2004).

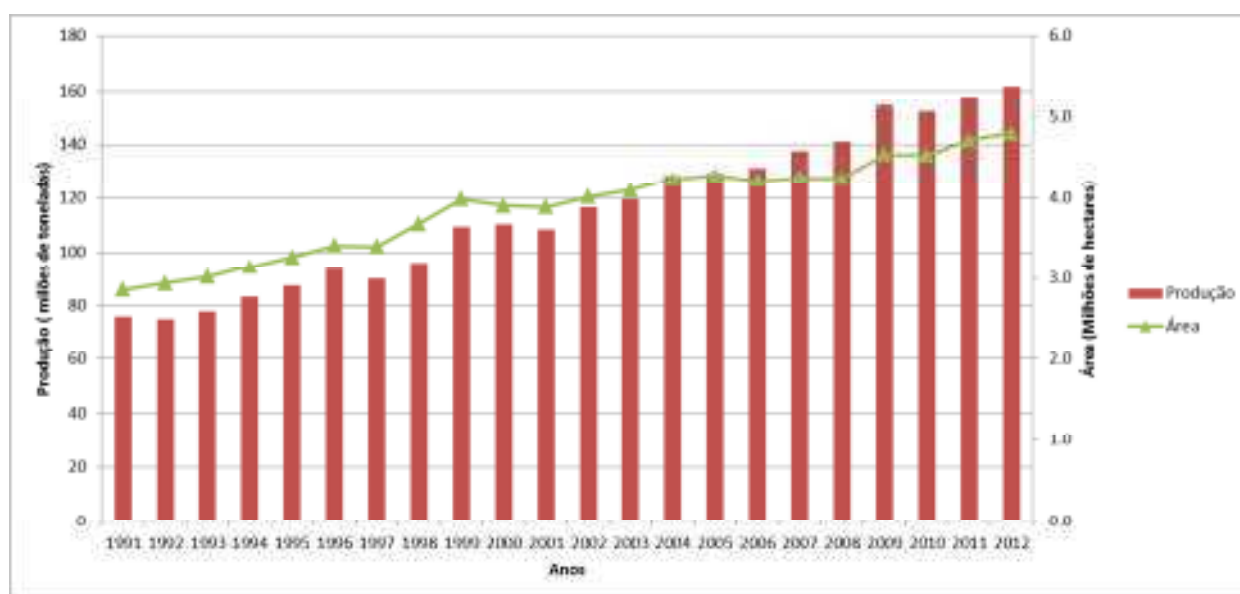
Os frutos do tomateiro são ricos em diversos nutrientes principalmente vitaminas do complexo A e B além de minerais importantes como fósforo e potássio e substâncias como o licopeno, importante antioxidante (VALERO et al., 2011). Além do valor nutricional, destaca-se por sua importância econômica, sendo uma das hortaliças mais consumidas no mundo (FAO, 2014).

Trata-se de uma cultura com grande expressão socioeconômica, que vêm aumentando consideravelmente nos últimos anos. Este fato torna-se evidente ao analisarmos a série histórica da cultura, em que nos últimos 20 anos tanto a produção como a área cultivada duplicaram (Figura 1) (FAO, 2014).

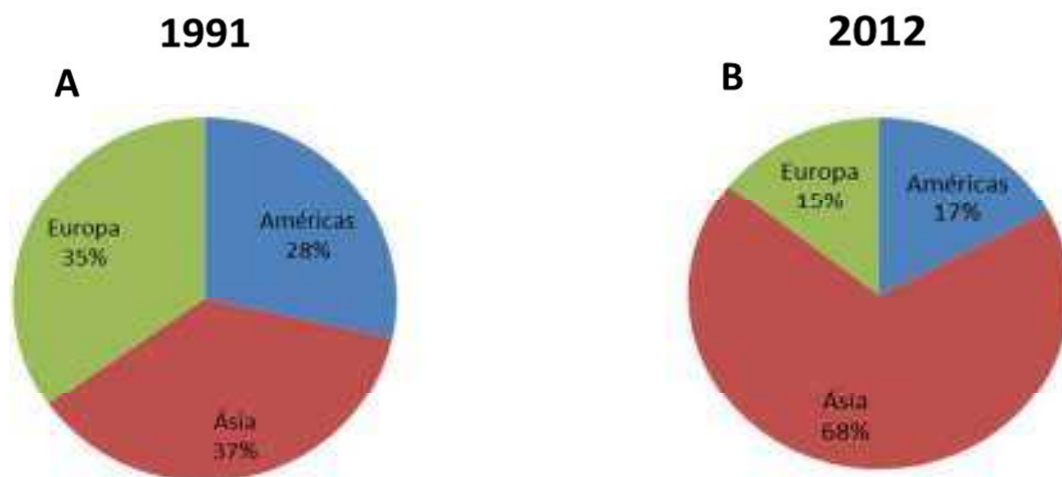
No início da década de 1990 a Europa, América e Ásia detinham, praticamente, igual porção na produção mundial, contudo, atualmente o continente asiático é responsável por quase 70% desse total (Figura 2 A e B), isso se deve em grande parte à China, maior produtor, seguido pela Índia, EUA, Turquia, Egito, Iran, Itália, Brasil e Espanha (Figura 3).

A produção chinesa é de cerca de 42 milhões de toneladas, porém sua produtividade é uma das mais baixas entre os principais países produtores ( $48 \text{ t.ha}^{-1}$ ), em contraste com os Estados Unidos, que é o terceiro maior produtor (13 milhões de toneladas), porém o que apresenta maior produtividade ( $81 \text{ t.ha}^{-1}$ ). O Brasil é o oitavo produtor mundial com produção de quatro milhões de toneladas, produtividade média de  $65 \text{ t.ha}^{-1}$ , sendo o maior produtor da América Latina (AGRIANUAL, 2013).

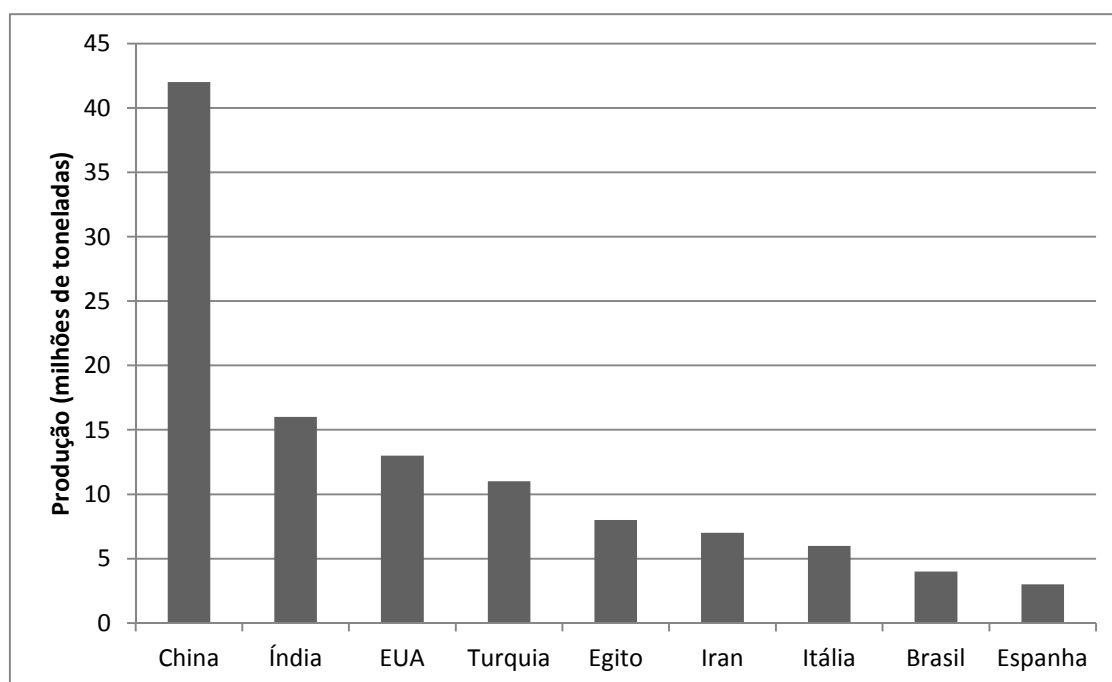
Potencialmente a produção de tomate pode superar as  $100 \text{ t/ha}$  (FAO, 2014), porém fatores de perda da produtividade impedem que se atinja esta produção. Entre os fatores responsáveis pela perda da produtividade do tomateiro, os bióticos, como doenças e pragas, destacam-se, pois além da complexidade na identificação, muitas vezes são de difícil controle.



**Figura 1:** Série histórica de produção e área plantada de tomate no mundo. Fonte: FAO (2014) <http://faostat.fao.org/>



**Figura 2:** Divisão da produção total entre Europa, Ásia e Américas no ano de 1991 e em 2012. Fonte: FAO (2014) <http://faostat.fao.org/>



**Figura 3:** Apresentação dos nove maiores produtores de tomate no mundo. Fonte: AGRIANUAL (2013)

## 2.2- Requeima do tomateiro

A requeima, ou mela, tem como agente etiológico o patógeno *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. As espécies do gênero *Phytophthora* (reino *Straminipila*, filo *Oomycota*, classe *Oomycetes*, ordem *Pythiales*, família *Peronosporaceae*), são

conhecidas como pseudofungos possuindo características que os distinguem dos fungos verdadeiros como: parede celular composta de celulose, micélio diplóide na maior parte do ciclo de vida, presença de centríolos, produção de esporos biflagelados tendo pêlos em um dos flagelos, diferenças nas sequências de DNA, entre outras (ALEXOPOULOS et al., 1996; SCHUMANN; D'ARCY, 2006).

Espécies do gênero *Phytophthora* também apresentam semelhanças com os fungos verdadeiros como ausência de pigmentos fotossintéticos, crescimento filamentosos, são microrganismos heterotróficos, e reproduzem-se por meio de esporos sexuais e assexuais (SCHUMANN; D'ARCY, 2006). Já foram descritas mais de 60 espécies nesse gênero, os quais provocam danos a várias espécies de planta (ERWIN; RIBEIRO, 1996).

A requeima é uma das principais doenças do tomateiro, podendo acarretar prejuízos totais caso não seja manejada de forma adequada, por isso é considerada como uma das doenças mais devastadoras no cultivo do tomate em todo mundo (DEHNE; OERKE, 1998; IRZHANSKY; COHEN, 2006). A doença pode afetar todos os órgãos de plantas susceptíveis independente do estágio fisiológico. As condições ideais para a ocorrência da doença são alta umidade e baixas temperaturas (VALE et al., 2007).

A ocorrência da reprodução sexuada na população do patógeno, que ocorre quando hifas de grupos sexuais compatíveis interagem para formar oósporos (denominam-se heterotáticos), potencializando o impacto das epidemias por aumentar as chances do surgimento de recombinantes, os quais podem apresentar características superiores de adaptabilidade, tais como: maior agressividade e virulência (LEE et al., 2002), e tolerância ou resistência a fungicidas (HANSON; SHATTOCK, 1998) dificultando ainda mais o manejo da doença.

Os sintomas mais típicos são identificados nas folhas como lesões necróticas de formato irregular e coloração escura. Estas lesões possuem aspecto encharcado durante seu desenvolvimento, característica que se relaciona ao outro nome dado a doença, mela (MIZUBUTI, 2001). Outra característica marcante é que, sob condições de elevada temperatura, é possível verificar-se na face abaxial das folhas o anel de esporulação. Esse anel é composto por esporangióforos e esporângios do patógeno. À medida que as lesões se expandem ocorre o crestamento do tecido foliar, conferindo aspecto de queima à folha, por isso a denominação requeima (MIZUBUTI, 2001).

A utilização de defensivos agrícolas tem sido preconizada como estratégia de manejo da requeima, principalmente devido à ausência de cultivares comerciais



resistentes. As aplicações sistemáticas de fungicidas acabam onerando o custo de produção além de aumentar concentrações de resíduos nos frutos a serem comercializados e de colocar em risco a vida do aplicador e dos demais seres vivos do ecossistema em questão (VALE et al., 2007).

O controle químico também pode ser responsável pela seleção de isolados resistentes, elevando ainda mais o número de aplicações. REIS et al. (2006) verificaram que populações brasileiras de *P. infestans* possuem elevadas porcentagens de isolados resistentes e moderadamente resistentes ao metalaxyl e mefenoxam, importantes fungicidas que atuam no controle da requeima.

O uso de resistência genética é considerada a forma mais eficiente de controle de fitopatógenos, pois reduz os custos de produção, facilita o manejo da doença e não apresenta os impactos gerados pelo uso de fungicidas.

Os programas de melhoramento genético para a resistência à *P. infestans* na cultura do tomateiro se iniciaram a mais de 60 anos, com a transferência de um gene dominante *Ph-1* da espécie *S. pimpinellifolium* conferindo resistência para a raça 0 desse oomyceto (BONDE; MURPHY, 1952; PEIRCE, 1971; NOWICKI et al., 2012). Contudo, o gene *Ph-1* foi rapidamente suplantado com uma nova raça deste patógeno, nomeado como raça 1 (CHEN et al., 2008; MIRANDA et al., 2010). Um segundo gene de resistência, com dominância parcial, denominado *Ph-2* foi identificado no acesso West Virginia 700. Outro gene de resistência denominado como *Ph-3* foi relatado no acesso L3708, também conferindo dominância parcial a uma vasta gama do patógeno (CHUNWONGSE et al., 2002). KOLE et al. (2006) mapearam em um acesso de *S. pimpinellifolium* um gene denominado *Ph-4*. Um quinto gene de resistência qualitativa à *P. infestans* foi identificado e denominado de *Ph-5* (FOOLAD et al., 2008).

Segundo LI et al. (2011) estas resistências qualitativas (*Ph-1*, *Ph-2*, *Ph-3*, *Ph-4* e *Ph-5*) são suplantadas mais facilmente devido a evolução de raças compatíveis do patógeno. Desta forma, a resistência quantitativa, controlada por QTLs (*quantitativi trait loci*), tende a ser mais durável.

Uma fonte potencial de resistência quantitativa à requeima foi encontrada na espécie *S. habrochaite*, sendo encontrados QTLs em duas populações RC1 derivadas do acesso LA2099. O acesso LA736 pertencente a espécie *S. pennellii* também teve um QTL identificado (SMART et al., 2007). No Brasil, uma fonte quantitativa de resistência à *P. infestans* foi encontrada no acesso BGH-6902, pertencente à espécie *S. habrochaite*, contudo, a herança dessa resistência é complexa e tem sido de difícil estudo (ABREU et al., 2008; ELSAYED et al., 2012).

Neste contexto os QTLs podem ser explorados no melhoramento genético do tomate para a resistência a raças não-específicas de *P. infestans*. Atualmente, existe uma grande dificuldade na avaliação e seleção de indivíduos resistentes em condições de campo, visto que são feitas seis avaliações em um período de 18 dias, sendo estas avaliações morosas e exaustivas, no qual todas as folhas de todas as plantas devem ser avaliadas. Neste sentido, é de extrema utilidade o desenvolvimento de ferramentas que diminuam o número de plantas e de avaliações necessárias para a seleção, tornando o processo mais eficiente.

### **2.3- Redes Neurais Artificiais (RNA)**

Uma das áreas de pesquisa mais fascinantes na atualidade é a simulação de capacidades cognitivas de um ser humano, conhecida como Inteligência Computacional. Projetam-se máquinas capazes de exibir um comportamento inteligente, semelhante a reações humanas (RAUBER, 2005). Uma ambição que surge desses fatos é a tentativa de imitar a estrutura e o funcionamento do cérebro em um ambiente computacional.

Redes Neurais Artificiais (RNA) são uma forma de computação que propõe um modelo inspirado no cérebro de seres inteligentes (BRAGA et al., 2000), que adquirem o conhecimento através da experiência (CAMPOS, 2012). Assim, essa ferramenta computacional têm a capacidade de adquirir conhecimento por meio de exemplos, e posteriormente solucionar problemas de ajuste funcional, reconhecimento de padrões, previsão e diversas outras aplicações (GUARNIERI, 2006)

Segundo RUSSELL et al. (1995) existem dois pontos de vista por meio da qual as RNAs podem ser analisadas. Do ponto de vista da informática as RNAs são procedimentos de representação de funções que usam redes de simples elementos aritméticos computacionais, ou métodos de aprendizado como representações por exemplos. A outra ótica para analisar as RNAs é tendo como referencial o modelo biológico. Sob este ponto de vista as RNAs são como um modelo matemático para a representação das operações do cérebro, e os simples elementos aritméticos da computação representam os neurônios e a rede corresponde à coleção de neurônios interconectados.

As RNAs são constituídas de unidades de processamento simples, denominadas neurônio artificial. Um neurônio artificial é composto por um conjunto de conexões, cada uma delas com um peso, um elemento somatório capaz de somar as entradas e uma função de ativação para restringir a amplitude de saída do neurônio

(BRAGA et al., 2000). As funções de ativação fornecem o valor de saída de um neurônio, sendo que as principais são a limiar, a sigmóide, e tangente hiperbólica. Os neurônios são dispostos paralelamente (nós) constituindo camadas interligadas com as unidades de camadas vizinhas através de conexões geralmente associadas a pesos que armazenam o conhecimento representado no modelo e servem de meio de ponderação da entrada recebida por cada um dos neurônios da rede (BRAGA et al., 2000; GUARNIERI, 2006).

A aprendizagem de uma RNA é o processo pelo qual esta adquire a habilidade de responder corretamente a estímulos, por meio do ajuste dos pesos a cada iteração de acordo com algum esquema de aprendizado. O aprendizado é classificado como supervisionado ou não supervisionado, de acordo com utilização de um agente externo que indica à rede a resposta desejada para o padrão de entrada. Enquanto que no primeiro caso são fornecidas as saídas desejáveis, no segundo caso estas não são fornecidas (HAYKIN, 2001).

O aprendizado supervisionado se aplica à classes de problemas em que se deseja mapear padrões de entrada e saída, como no caso de problemas de classificação. Os algoritmos mais conhecidos para aprendizado supervisionado são a regra *delta* (WIDROW; HOFF, 1960) e sua generalização para redes de múltiplas camadas, o algoritmo *backpropagation* (RUMMELHART, 1986). Este algoritmo utiliza pares de entrada e saída para, por meio de correção de erros, ajustar os pesos da rede, a fim de se obter uma saída mais próxima da desejável, de forma a minimizar o erro.

Uma das vantagens das RNAs está em sua estrutura não linear, que permite captar propriedades mais complexas dos dados (GALVÃO et al., 1999). Também destaca a sua capacidade de não requerer informação detalhada sobre os processos físicos do sistema a ser modelado (SUDHEER et al., 2003). Como método de classificação, as RNA's apresentam certas vantagens, por serem não paramétricas, exigir pequeno número de amostras para treinamento (KAVZOGLU; MATHER, 2003) e serem tolerantes a perda de dados (BISHOP, 1995).

### **2.3.1- Histórico**

O primeiro neurônio artificial foi criado em 1943 por Warren McCulloch e Walter Pitts. McCulloch era um renomado psicólogo e neuro-fisiologista, que dedicou grande parte da sua carreira à tentativa de representar e modelar eventos do sistema nervoso.

Pitts era um matemático, recém-graduado, que em 1942 se juntou a McCulloch (BRAGA *et al.*, 2000).

Em 1943, McCulloch e Pitts publicaram o trabalho teórico intitulado “*A Logical Calculus of the ideas Immanent in Nervous Activity*”, cujo principal objetivo foi descrever o modelo de um neurônio artificial, denominado MCP em homenagem aos autores. No entanto o primeiro trabalho científico que relatou o processo de aprendizado das RNAs foi apresentado somente 1949 por Donald Hebb (BRAGA *et al.*, 2000).

Em 1951, Marvin Minsky criou o primeiro neurocomputador chamado *Snark*. A partir de um ponto de partida, o *Snark*, operava bem, ajustando os seus pesos automaticamente. Apesar de não ter executado uma função de processamento de informação relevante serviu como “molde” para futuras estruturas (VELLASCO, 2007).

Em 1959, Frank Rosenblatt construiu o primeiro modelo de Rede Neural, que ficou conhecido como *perceptron* simples, pois continha uma única camada. A partir desse modelo, Rosenblatt mostrou que, se fossem acrescentadas de sinapses ajustáveis, as RNAs com neurônios MCP poderiam ser treinadas para classificar certos tipos de padrões (BRAGA *et al.* 2000).

Em 1969, Minsky e Papert relataram que o *perceptron* simples de Rosenblatt se limitava à resolução de problemas linearmente separáveis. Essa crítica fez com que os estudos envolvendo redes neurais ficassem adormecidos por toda a década de 1970, salvo alguns poucos pesquisadores, como Igor Aleksander, na Inglaterra; Kunihiko Fukushima, no Japão; Steven Grossberg, nos Estados Unidos e Teuvo Kohonen, na Finlândia (BRAGA *et al.*, 2000).

O final da década de 1980 foi um marco para os estudos de Redes Neurais Artificiais. Em 1982, John Hopfield publicou um artigo que falava das propriedades associativas das RNA's. Depois disso, Rumelhart *et al.* (1986), descreveram o funcionamento do algoritmo de treinamento *backpropagation*. A partir de então, inúmeros estudos a respeito das Redes Neurais Artificiais começaram a ser publicados (SILVA *et al.*, 2010).

### **2.3.2- O Neurônio Biológico e o Artificial**

Os neurônios biológicos são células especializadas na transmissão de informações por meio de processos que conduzem impulsos nervosos, são eles que fornecem ao cérebro humano funcionalidades tais como memorização, pensamento, aprendizado e decisão (SILVA *et al.*, 2010).

Os neurônios são divididos em três partes - o corpo da célula, os dendritos e o axônio - cada uma exercendo importante função para o processamento de informações (Figura 4). Os dendritos têm a função de receber os impulsos nervosos ou a informação de outros neurônios e conduzi-los para o corpo da célula, onde a informação é processada e novos impulsos são gerados. Este impulso passa então pelo axônio do neurônio até os dendritos de outros neurônios. O ponto de contato entre a terminação do axônio de um neurônio e o dendrito de outro é chamado de sinapse (Figura 5) (BRAGA et al., 1998; SILVA et al., 2010). Embora o contato propriamente dito não ocorra em função do espaço denominado fenda sináptica, os axônios liberam substâncias neurotransmissoras que atravessam a fenda permitindo a “interação” das terminações nervosas chamadas axônios com os dendritos de outro neurônio (SILVA et al., 2010). O efeito das sinapses é variável, e isto fornece ao neurônio a capacidade de adaptação. Este sistema simples, somado à operação em paralelo de bilhões de neurônios, é responsável pela maioria das funções executadas pelo nosso cérebro (BRAGA et al., 1998; MIRANDA et al., 2010; SILVA et al., 2010).

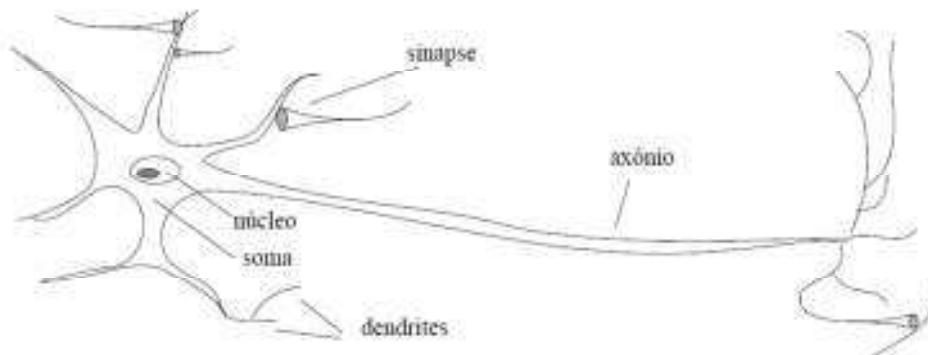


Figura 4: representação esquemática do neurônio biológico, adaptado de RAUBER (2005). Disponível em: [http://www.researchgate.net/publication/228686464\\_Redes\\_neurais\\_artificiais/file/72e7e521381602f2bd.pdf](http://www.researchgate.net/publication/228686464_Redes_neurais_artificiais/file/72e7e521381602f2bd.pdf)

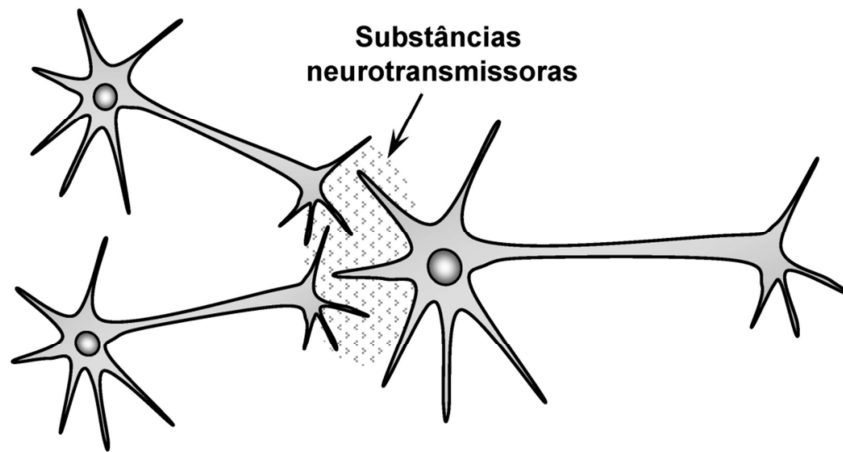


Figura 5: Sinapse entre os neurônios, adaptado de SILVA et al. (2010). Disponível em: <http://laips.sel.eesc.usp.br/livrorna/>

De forma análoga, um neurônio artificial (Figura 6) apresenta as mesmas características do neurônio biológico. Inicialmente proposto por MCCULLOCH e PITTS (1943), sendo inspirado na estrutura de neurônios biológicos, possuem capacidade de adquirir conhecimento através da experiência. O neurônio artificial é a unidade básica de processamento das RNA's (HAYKIN, 2001).

Basicamente, um neurônio artificial é composto de três partes distintas: um conjunto de sinapses ou elos de conexão, cada uma delas com um peso ou força própria; um somador para somar os sinais de entrada e uma função de ativação para restringir a amplitude de saída de um neurônio (HAYKIN, 2001). O uso prático das RNAs envolvem processos de treinamento, aprendizado e validação, e, além disso, a escolha de uma arquitetura apropriada que possua funções de ativação eficientes, número de camadas ocultas e número de neurônios por camadas (SILVA et al., 2010).

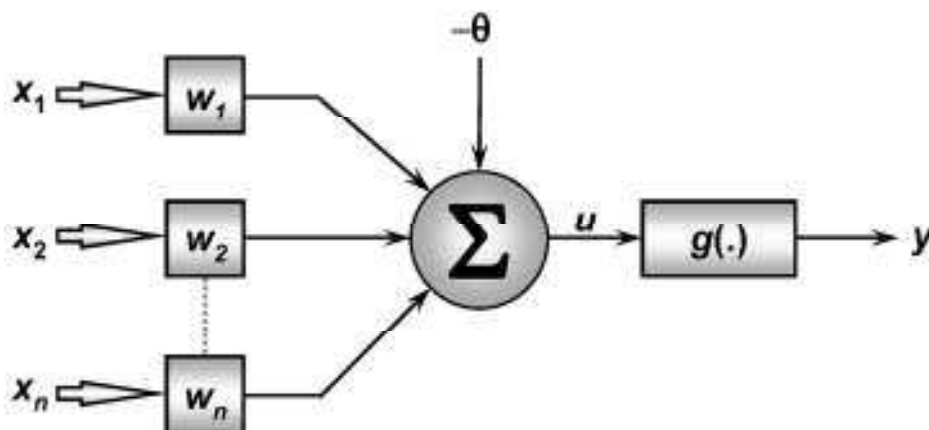


Figura 6: Modelo básico do neurônio artificial, adaptado de SILVA et al. (2010) disponível em: <http://laips.sel.eesc.usp.br/livrorna/>

No neurônio artificial acima, os  $X_n$  representam as diversas entradas. Para representar o comportamento das sinapses nas  $N$  entradas, existem os elos de conexão ou pesos sinápticos,  $W_n$ , que representam a força ou o peso da conexão. O sinal pode ser positivo ou negativo, de acordo com o sinal sináptico correspondente (inibitório ou excitatório). O somatório ( $\Sigma$ ) é o combinador linear, pois faz a adição dos sinais de entrada ponderados pelos respectivos valores dos pesos sinápticos. O  $U$  é o potencial de ativação, em que é igual a diferença do valor produzido pelo combinador linear e o limiar de ativação. Caso o valor seja positivo, o neurônio produz um potencial excitatório, caso contrário, o potencial produzido será inibitório. O  $-\theta$  é o limiar de ativação (conhecido como bias),  $g(.)$  é a função de ativação e  $y$  é o valor final gerado pelo neurônio associado a um conjunto de sinais de entrada.

### 2.3.3- Funções de ativação

A função de ativação tem o importante papel de gerar a saída do neurônio ( $y$ ) a partir das somas ponderadas recebidas pelo neurônio, e será escolhida de acordo com o problema a ser resolvido.

As funções de ativação mais utilizadas na prática são as funções sigmóide logística e a tangente hiperbólica, dependendo das características dos dados. Outros autores, no entanto, estão recorrendo ao uso de outras funções de ativação. Em 2001, Hornik utilizou funções de ativação não-polinomiais. SINGH e CHANDRA (2003) propuseram uma classe de funções sigmóides. Em 2004, Skoundrianos e Tzafestas propuseram uma nova função de ativação sigmoidal e obtiveram bons resultados para modelagem de sistemas dinâmicos de tempo discreto (BRAGA et al., 2000).

#### 2.3.3.1- Função Sigmóide logística

Também chamada de  $\text{logsig}^*$ , é a forma mais utilizada como função de ativação na construção de RNA (HAYKIN, 2001). Também conhecida como *S-shape* (em forma de s), é por definição uma função limitada, monotônica e que apresenta um balanceamento adequado entre comportamento linear e não-linear (HAYKIN, 2001). Existem vários tipos de funções sigmóides, uma das mais importantes é a função logística representada na Figura 7 e definida pela Equação 1.

\*Nomeclatura utilizada no MATLAB. Sigmóide logística =  $\text{logsig}$ ; tangente hiperbólica =  $\text{tansig}$ .

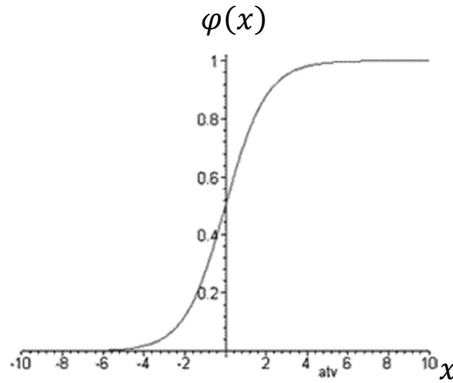


Figura 7: Gráfico da função sigmoideal. Adaptado de SILVA (2014)

$$\varphi(x) = \frac{1}{1 + e^{-ax}}; \quad (\text{Equação 1})$$

em que  $a$  corresponde ao parâmetro de inclinação da função sigmoide. A variação do valor do parâmetro proporciona funções sigmoídes com diferentes inclinações.

### 2.3.3.2- Função tangente hiperbólica

Na função sigmoide o parâmetro  $a$  é quem fornece a inclinação para a função, e quando este parâmetro se aproxima do infinito, esta função se torna limiar, podendo, no entanto, assumir um intervalo contínuo de valores entre 0 e 1, ao contrário da função limiar que somente assume valor 0 ou 1.

Segundo Haykin (2001), em algumas situações se deseja uma função de ativação que se estenda de -1 a +1, assumindo uma forma anti-simétrica em relação à origem. Neste caso, utiliza-se uma forma correspondente à logsig, denominada de função tangente hiperbólica (tansig\*) – Figura 8 – definida pela equação 2:

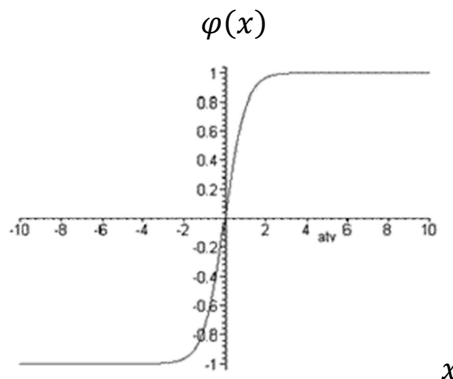


Figura 8: Gráfico da função tansig. Adaptado de SILVA (2014)

$$\varphi(x) = \tanh\left(\frac{x}{2}\right) = \frac{1 - e^{-x}}{1 + e^x} \quad (\text{Equação 2})$$



### 2.3.4- Arquiteturas de RNA

A estruturação dos neurônios de uma rede neural está diretamente ligada ao algoritmo de aprendizado adotado para treinar a rede. Um conjunto de neurônios artificiais conectados é capaz de resolver problemas de complexidade elevada (BRAGA *et al.*, 2000).

No contexto mais geral, podem-se considerar duas classes principais de arquiteturas de rede: redes alimentadas por uma única camada de neurônios e redes alimentadas diretamente com múltiplas camadas (HAYKIN, 2001). A rede de camada única apresenta uma estrutura mais simples, na qual se tem uma camada de entrada e uma camada de saída de neurônios que é alimentada para frente – procedimento chamado de *feedforward*. Segundo Hecht & Nielsen (1989), com apenas uma camada intermediária na rede neural já é possível se calcular uma função arbitrária qualquer a partir de dados fornecidos.

Como alternativa para solucionar uma série de problemas de maior complexidade, propõe-se o uso das redes com uma ou mais camadas ocultas – *Multilayer Perceptron* (MLP), nas quais os nós computacionais são chamados de neurônios ocultos ou unidades ocultas (HAYKIN, 2001).

#### 2.3.4.1- Redes Multilayer Perceptron- MLP

O *Multilayer Perceptron* ou *MLP*, ilustrado na Figura 9, de acordo com Haykin (2001), é uma extensão do perceptron simples, capaz de trabalhar com problemas não linearmente separáveis, avanço este que foi possível graças à inserção das camadas ocultas no modelo.

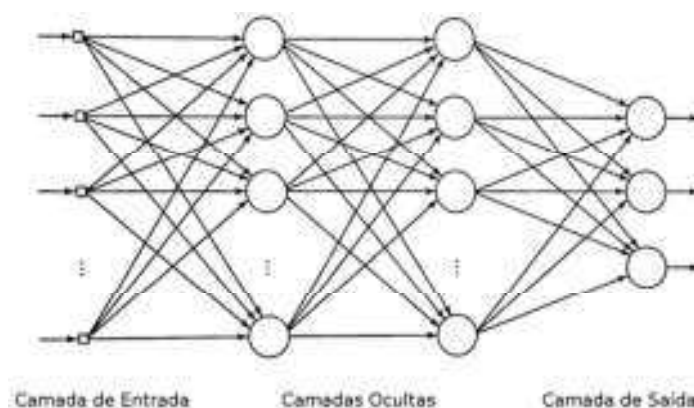


Figura 9: Esquema de uma rede MLP com uma camada de entrada, duas camadas intermediárias (camadas ocultas) e uma camada de saída. Adaptado de SILVA (2014).

Os *perceptrons* de múltiplas camadas têm sido aplicados com sucesso para resolver diversos problemas difíceis, por meio do seu treinamento de forma supervisionada com um algoritmo, conhecido como “algoritmo de retropropagação de erro” (*error backpropagation*) (HAYKIN, 2001).

As principais características de uma rede *MLP* são:

- i. O modelo utiliza uma função de ativação não linear;
- ii. A rede contém uma ou mais camadas de neurônios intermediários (ocultos), que não fazem parte da entrada ou da saída da rede;
- iii. A rede possui um alto grau de conectividade, determinado pelas sinapses da rede.

A atuação conjunta dessas características com a habilidade de aprender por meio da experiência do processo de treinamento é responsável pelo poderio computacional da *MLP* (HAYKIN, 2001).

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCSEM. **Projeto para o levantamento dos dados socioeconômicos da cadeia produtiva de hortaliças no Brasil.** p.22. 2011

ABREU, F.; SILVA, D.; CRUZ, C.; MIZUBUTI, E. Inheritance of resistance to *Phytophthora infestans* (*Peronosporales, Pythiaceae*) in a new source of resistance in tomato (*Solanum* sp. (formerly *Lycopersicon* sp.), Solanales, Solanaceae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, p. 493-497, 2008.

AGRIANUAL. **Agrianual: anuário da agricultura brasileira.** São Paulo: FNP Consultoria & Comércio, 2013.

AGUILERA, J.; ALVES JÚNIOR, M.; ELSAYED, A.; FLORES, M.; SILVA, D.; ZERBINI, F. Screening for resistance to *Tomato yellow spot virus* (ToYSV) in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) germplasm using two methods of inoculation. **Egyptian Journal of Agricultural Research**, v. 86, p. 1207-1216, 2008.

AGUILERA, J. G.; MALTA, A. W. O.; FLORES, M.; ALMEIDA, V. O.; NICK, C.; XAVIER, C. A. D.; SILVA, D. J. H.; ZERBINI, F. M. Characterization of the resistance of tomato accessions from the BGH-UFV to the geminivírus *Tomato yellow spot virus*. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v. 1, p. 66-70., 2011.

ALEXOPOULOS, C. J.; MIMS, C. W.; BLACKWELL, M. **Introductory Mycology.** New York: John Wiley & Sons, Inc: 869 p. 1996.

ALVARENGA, M. A. R., Ed. **Tomate: produção em campo, em casa-de-vegetação e em hidroponia.** Lavras: UFLA, p. 393. 2004.

BERGOUGNOUX, V. The history of tomato: From domestication to biopharming. **Biotechnology Advances**, 2013.

BISHOP, C. M. **Neural networks for pattern recognition.** New York: Oxford university press, 1995.

BONDE, R.; MURPHY, E. F. Resistance of certain tomato varieties and crosses to late blight. **Bull. Me. Agric. Exp. Stn**, v. 497, p. 5-15, 1952.

BRAGA, A. D. P.; CARVALHO, A.; LUDEMIR, T. B. Fundamentos de redes neurais artificiais. **Rio de Janeiro: 11a Escola de Computação**, 1998.

BRAGA, A. D. P.; CARVALHO, A. P. L. F.; LUDERMIR, T. B. **Redes neurais artificiais: teoria e aplicações.** Rio de Janeiro, RJ: Livros Técnicos e Científicos, 2000.

CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology.** New York: John Wiley & Sons, 1990. 532 p.

CAMPOS, B. M. **Redes neurais artificiais e Ward-MLM aplicados à análise da divergência em goiaba (*Psidium guajava* L.)**. 2012. 99 f. Mestrado (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2012.

CHEN, C.-H.; SHEU, Z.-M.; WANG, T.-C. Host specificity and tomato-related race composition of *Phytophthora infestans* isolates in Taiwan during 2004 and 2005. **Plant Disease**, v. 92, n. 5, p. 751-755, 2008.

CHUNWONGSE, J.; CHUNWONGSE, C.; BLACK, L.; HANSON, P. Molecular mapping of the *Ph-3* gene for late blight resistance in tomato. **Journal of Horticultural Science & Biotechnology**, v. 77, n. 3, p. 281-286, 2002.

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.

DEHNE, H.; OERKE, E. Impact of diseases and disease control on crop production. **Fungicidal activity: chemical and biological approaches to plant protection**. Wiley and Sons, Chichester, New York, p. 1-21, 1998.

DIAS, G. J. C. **Planejamento estratégico de um centro de distribuição: uma aplicação de redes neurais artificiais de funções de bases radiais para previsão de séries temporais**. 2006. 158 f. Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2006.

DUNAL, M. Histoire naturelle, medicinale et economique des Solanum. **Paris: A. Koenig**, 1813.

ELSAYED, A. Y.; SILVA, D. J. H. D.; CARNEIRO, P. C. S.; MIZUBUTI, E. S. G. The inheritance of late blight resistance derived from *Solanum habrochaites*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 3, p. 199-205, 2012.

ERWIN, D. C.; RIBEIRO, O. K. **Phytophthora Diseases Worldwide**. St. Paul, Minnesota: 1996.

FAO. <http://faostat.fao.org/>. Acesso em: 11/02/2014.

FERNANDES, M. E. S.; SILVA, D. J. H.; FERNANDES, F. L.; PIKANÇO, M. C. Novos acessos de tomateiro resistentes à mosca-branca biótipo B **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 11, p. 1545-1548, 2009.

FOOLAD, M. R.; MERK, H. L.; ASHRAFI, H. Genetics, genomics and breeding of late blight and early blight resistance in tomato. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 27, n. 2, p. 75-107, 2008.

GALVÃO, C. D. O.; VALENÇA, M. J. S.; VIEIRA, V. P. P. B.; DINIS, L. S.; LACERDA, E. G. M.; CARVALHO, A. C. P. L. F.; LUDERMIR, T. B. **Sistemas inteligentes: Aplicações a recursos hídricos e ciências ambientais**. UFRGS: ABRH, 1999. 246 p.

- GÖRGENS, E. B. **Estimação do volume de árvores utilizando redes neurais artificiais**. 2006. 94 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG., 2006.
- GOYAL, S. Artificial neural networks in vegetables: A comprehensive review. **Scientific Journal of Crop Science**, v. 2, n. 7, p. 75-94, 2013.
- GRIGOLLI, J. F. J.; KUBOTA, M. M.; ALVES, D. P.; RODRIGUES, G. B.; CARDOSO, C. R.; SILVA, D. J. H. D.; MIZUBUTI, E. S. G. Characterization of tomato accessions for resistance to early blight. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 2, p. 174-180, 2011.
- GUARNIERI, R. A. **Emprego de redes neurais artificiais e regressão linear múltipla no refinamento das previsões de radiação solar do modelo Eta**. 2006. 171 f. Dissertação (Mestrado em Meteorologia) - Instituto Nacional e Pesquisas Espaciais, INPE, São José dos Campos, SP, 2006.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA, J. Quantitative genetics in maize breeding. **Iowa State Univ Press, Ames, IA. Jenkins, JN, WL Parrott, JC McCarty Jr & RL Shepherd, 1988a. Registration of three noncommercial germplasm lines of upland cotton tolerant to tobacco budworm. Crop Sci**, v. 28, p. 869, 1988.
- HANSON, K.; SHATTOCK, R. S. Effect of metalaxyl on formation and germination of oospores of *Phytophthora infestans*. **Plant Pathology**, v. 47, p. 116-122, 1998.
- HAWKES, J. G. **The potato: evolution, biodiversity and genetic resources**. Belhaven Press, 1990.
- HAYKIN, S. **Redes neurais: princípios e práticas**. Porto Alegre, RS: Bookman Companhia Editora, 2001. 900 p.
- HECHT-NIELSEN, R. Theory of the backpropagation neural network. In: NEURAL NETWORKS, 1989. IJCNN., INTERNATIONAL JOINT CONFERENCE ON, 1989, **Anais**. IEEE, 1989. p. 593-605.
- IRZHANSKY, I.; COHEN, Y. Inheritance of resistance against *Phytophthora infestans* in *Lycopersicon pimpinellifolium* L3707. **Euphytica**, v. 149, p. 309-316, 2006.
- JENKINS, J. The origin of the cultivated tomato. **Economic Botany**, v. 2, n. 4, p. 379-392, 1948.
- JUHASZ, A. C. P.; DA SILVA, D. J. H.; ZERBINI, F. M.; SOARES, B. O.; AGUILERA, G. A. Screening of *Lycopersicon* sp accessions for resistance to *Pepper yellow mosaic virus*. **Scientia Agrícola**, v. 63, n. 5, p. 510-512, 2006.
- KAVZOGLU, T.; MATHER, P. The use of backpropagating artificial neural networks in land cover classification. **International Journal of Remote Sensing**, v. 24, n. 23, p. 4907-4938, 2003.
- KOLE, C.; ASHRAFI, H.; LIN, G.; FOOLAD, M. Identification and molecular mapping of a new R gene, *Ph-4*, conferring resistance to late blight in tomato. In: SOLANACEAE CONFERENCE, UNIVERSITY OF WISCONSIN, MADISON, ABSTRACT, 2006, **Anais**., 2006. p.

LAURINDO, B. S. **Pré-melhoramento visando resistência à requeima em tomateiro**. 2013. 60 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2013.

LEE, T. I.; RINALDI, N. J.; ROBERT, F.; ODOM, D. T.; BAR-JOSEPH, Z.; GERBER, G. K.; HANNETT, N. M.; HARBISON, C. T.; THOMPSON, C. M.; SIMON, I.; AL., E. Transcriptional regulatory networks in *Saccharomyces cerevisiae*. **Science**, v. 298, p. 799-804, 2002.

LI, X.; KUMAR, Y.; ZEMPEL, H.; MANDELKOW, E. M.; BIERNAT, J.; MANDELKOW, E. Novel diffusion barrier for axonal retention of Tau in neurons and its failure in neurodegeneration. **EMBO**, v. 30, p. 4825-4837, 2011.

LINNAEUS, C. V. Species plantarum, 2 vols. **Salvius, Stockholm**, p. 1200, 1753.

LOPES, C. A.; ÁVILA, A. C. **Doenças do tomateiro**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2005.

MARIM, B. G.; SILVA, D. D.; CARNEIRO, P. C. S.; MIRANDA, G. V.; MATTEDI, A. P.; CALIMAN, F. R. B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 1283-1290, 2009.

MCCULLOCH, W. S.; PITTS, W. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. **The bulletin of mathematical biophysics**, v. 5, n. 4, p. 115-133, 1943.

MELO, P. C. T. **Melhoramento genético do tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.)**. Campinas: Asgrow do Brasil Sementes Ltda, 1989. 55 p.

MILLER, P. **The Gardeners Dictionary**. London: London: Printed for the author and sold by J. and J. Rivington. (Facsim. ed. 1969, Lehre, J. Cramer.) 1754.

MIRANDA, B. E. C. D.; SUASSUNA, N. D.; REIS, A. Mating type, mefenoxam sensitivity, and pathotype diversity in *Phytophthora infestans* isolates from tomato in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 7, p. 671-679, 2010.

MIZUBUTI, E. S. G. Requeima ou mela da batata e do tomate. In: LUZ, E. D. M. N.; SANTOS, A. F., *et al* (Eds.). **Doenças causadas por *Phytophthora* no Brasil**. Campinas: Rural, 2001. p. 100-174.

MOURA, M. C. C. L.; ZERBINI, F. M.; SILVA, D. J. H.; QUEIROZ, M. A. Reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV). **Horticultura Brasileira**, v. 23, p. 206-210, 2005.

NOWICKI, M.; FOOLAD, M. R.; NOWAKOWSKA, M.; KOZIK, E. U. Potato and tomato late blight caused by *Phytophthora infestans*: An overview of pathology and resistance breeding. **Plant Disease**, v. 96, n. 1, p. 4-17, 2012.

OLIVEIRA, F. A.; SILVA, D. J. H.; LEITE, G. L. D.; JHAM, G. N.; PICANÇO, M. C. Resistance of 57 greenhouse-grown accessions of *Lycopersicon esculentum* and three cultivars to *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). **Scientia Horticulturae**, v. 119, n. 2, p. 182 - 187, 2009.

PEIRCE, L. Linkage tests with Ph conditioning resistance to race 0, *Phytophthora infestans*. **Rep. Tomato Genet. Coop**, v. 21, p. 30, 1971.

PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M.; RAZDAN, M.; MATTOO, A. History, origin and early cultivation of tomato (*Solanaceae*). **Genetic improvement of Solanaceous crops**, v. 2, p. 1-27, 2007.

PEREIRA, T. M. **Discriminação de populações com diferentes graus de similaridade por redes neurais artificiais**. 2009. 88 f. Dissertação (Mestre em Estatística) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2009.

RAUBER, T. W. **Redes neurais artificiais**. Vitória, ES: Departamento de informática-Universidade Federal do Espírito Santo: 28 p. 2005.

REIS, A.; RIBEIRO, F. H.; MIZUBUTI, E. S. Characterization of *Phytophthora infestans* isolates from Distrito Federal and Goiás, Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, v. 31, n. 3, p. 270-276, 2006.

RICK, C.; LATERROT, H.; PHILOUZE, J. A revised key for the *Lycopersicon* species. **Tomato Genetics Cooperative Report**, v. 40, p. 31, 1990.

RUMMELHART, D. Learning representations by back-propagating errors. **Nature**, v. 323, n. 9, p. 533-536, 1986.

RUSSELL, S. J.; NORVIG, P.; CANNY, J. F.; MALIK, J. M.; EDWARDS, D. D. **Artificial intelligence: a modern approach**. Prentice hall Englewood Cliffs, 1995.

SCHUMANN, G. L.; D'ARCY, C. J. **Essential plant pathology**. American Phytopathological Society (APS Press), 2006.

SILVA, D. J. H.; MOURA, M. C. C. L.; CASALI, V. W. D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**, v. 19, 2001.

SILVA, G. N. **Redes Neurais Artificiais: novo paradigma para a predição de valores e ganhos genéticos**. 2014. 106 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, UFV, Viçosa, MG, 2014.

SILVA, I. N. D.; SPATTI, D. H.; FLAUZINO, R. A. **Redes neurais artificiais para engenharia e ciências aplicadas**. 1. ed. São Paulo: ArtLiber Editora, 2010. 399 p.

SMART, P.; BESSANT, J.; GUPTA, A. Towards technological rules for designing innovation networks: a dynamic capabilities view. **International Journal of Operations and Production Management**, v. 27, p. 1069–1092, 2007.

SPOONER, D. M.; ANDERSON, G. J.; JANSEN, R. K. Chloroplast DNA evidence for the interrelationships of tomatoes, potatoes, and pepinos (Solanaceae). **American Journal of Botany**, v. 80, p. 676-676, 1993.

SUDHEER, K.; GOSAIN, A.; RAMASASTRI, K. Estimating Actual Evapotranspiration from limited climatic data using neural computing technique. **Journal of Irrigation and Drainage Engineering**, v. 129, n. 3, p. 214-218, 2003.

SUINAGA, F. A.; CASALI, V. W.; SILVA, D. J.; PICANÇO, M. C. Dissimilaridade genética de fontes de resistência de *Lycopersicon* spp. a *Tuta absoluta* (Meyrick, 1917) (Lepidoptera: Gelechiidae). **Revista Brasileira de Agrocência**, v. 9, n. 4, p. 371-376, 2003.

VALE, F. X. R.; JESUS JÚNIOR, W. C.; RODRIGUES, F. A.; COSTA, H.; SOUZA, C. A. Manejo de doenças fúngicas em tomateiro. In: SILVA, D. J. H. e VALE, F. X. R. (Eds.). **Tomate: tecnologia de produção**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema Gráfica e Editora Ltda, v. 1, 2007. p. 159-198.

VALERO, M. A.; VIDAL, A.; BURGOS, R.; CALVO, F. L.; MARTINEZ, C.; LUENGO, L. M.; CUERDA, C. Meta-Analysis on the role of lycopene in type 2 diabetes mellitus. **Nutricion Hospitalaria**, v. 26, n. 6, p. 1236-1241, 2011.

VALOIS, A. Genética aplicada a recursos fitogenéticos. **Brasília: UNEB**, 1998.

VELLASCO, M. M. B. R. **Redes Neurais Artificiais**. Inteligência computacional aplicada, ICA. Rio de Janeiro, RJ: Pontifícia Universidade Católica, PUC: 37 p. 2007.

WARNOCK, S. J. A review of taxonomy and phylogeny of the genus *Lycopersicon*. **Horticultural Science**, v. 23, n. 4, p. 669-673, 1988.

WEESE, T. L.; BOHS, L. A three-gene phylogeny of the genus *Solanum* (Solanaceae). **Systematic Botany**, v. 32, n. 2, p. 445-463, 2007.

WIDROW, B.; HOFF, M. E. **Adaptive switching circuits**. institute os Radio Engineers wester Eletronic Show and Convention, 1960.



## ARTIGO

### PREDIÇÃO DA ÁREA ABAIXO DA CURVA DE PROGRESSO DA REQUEIMA EM TOMATEIRO UTILIZANDO INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL.

Daniel Pedrosa Alves<sup>1</sup>, Rafael Simões Tomaz<sup>2</sup>, Bruno Soares Laurindo<sup>3</sup>, Renata Dias de Freitas<sup>4</sup>, Cosme Damião Cruz<sup>5</sup>, Carlos Nick<sup>6</sup>, Derly José Henriques da Silva<sup>7</sup>.

<sup>1</sup>Doutor em Genética e Melhoramento; <sup>2</sup>PhD em Genética e Melhoramento – Laboratório de Bioinformática – BIOAGRO-UFV; <sup>3</sup>Estudante de doutorado em genética e melhoramento na UFV, <sup>4</sup>Estudante de mestrado em Fitotecnia na UFV, <sup>5</sup>Professor Titular do Departamento de Biologia Geral da UFV; <sup>6</sup>Professor associado IV do Departamento de Fitotecnia da UFV, <sup>7</sup>Professor Adjunto I do Departamento de Fitotecnia da UFV.

### INTRODUÇÃO

A requeima, ou mela, tem como agente etiológico o patógeno *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. As espécies do gênero *Phytophthora* (reino *Straminipila*, filo *Oomycota*, classe *Oomycetes*, ordem *Pythiales*, família *Peronosporaceae*), são conhecidas como pseudofungos possuindo características que as distinguem dos fungos verdadeiros como: parede celular composta de celulose, micélio diplóide na maior parte do ciclo de vida, presença de centríolos, produção de esporos biflagelados tendo pêlos em um dos flagelos, diferenças nas sequências de DNA, entre outras (ALEXOPOULOS et al., 1996).

A requeima é uma importante doença na cultura do tomateiro, podendo acarretar prejuízos totais caso não seja manejada de forma adequada, sendo considerada como uma das doenças mais devastadoras no cultivo do tomate em todo mundo (IRZHANSKY; COHEN., 2006). A utilização de defensivos agrícolas tem sido preconizada como estratégia de manejo da requeima, contudo, o uso de resistência genética é considerada a forma mais eficiente de controle de fitopatógenos, pois reduz os custos de produção, facilita o manejo da doença e não apresenta os impactos gerados pelo uso de fungicidas.

A área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) é uma medida de grande significância para a avaliação de perdas na colheita ocasionadas pelo ataque de patógenos (FERRANDINO; ELMER, 1992) e na epidemiologia de doenças policíclicas, especialmente no que tange o estudo sobre a resistência quantitativa (JEGER; VILJANEN-ROLLINSON, 2001). No estudo de resistências quantitativas a mensuração do progresso da doença é essencial para a compreensão da interação planta-patógeno (SIMKO; PIEPHO, 2012). O estimador convencional da AACPD constitui na equação desenvolvida por SHANER e FINNEY (1977), que utiliza a regra

trapezoidal para cálculo, considerando a informação de múltiplas avaliações de severidade proporcionando um único valor.

O cálculo da AACPD é utilizado em diversos patossistemas, como tomate x *Phytophthora infestans* (HORNEBURG; BECKER, 2011), batata x *Phytophthora infestans* (MARHADOUR et al., 2013), soja x *Phakopsora pachyrhizi* (AZEVEDO et al., 2007), aveia branca e *Puccinia coronata* f. sp. *avenae* (CHAVES et al., 2004), café x *Cercospora coffeicola* (JÚNIOR et al., 2003), dentre outros. Contudo, para obtenção acurada da AACPD são necessárias seis a oito avaliações, em intervalos regulares, constituindo um processo demorado, árduo e dispendioso (MUKHERJEE et al., 2010). JEGER e VILJANEN-ROLLINSON (2001) propuseram o cálculo da AACPD com duas avaliações para o patossistema trigo x *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, sendo o método validado posteriormente por MUKHERJEE et al. (2010) para o patossistema arroz x *Pyricularia grisea*. JEGER e VILJANEN-ROLLINSON (2001) reforçam, no entanto, que a metodologia apresentada apresenta três pressuposições que devem ser atendidas: a primeira é que a resistência deve ser expressa em termos da taxa de doença e não na ausência de sintomas, a segunda a doença que se avalia deve estar presente em todas as plantas pelo mesmo período de tempo, e por fim o progresso da doença deve ser sempre contínuo. Estas pressuposições dificultam aplicação deste método ao patossistema tomate x *Phytophthora infestans*. Neste sentido, as RNAs se destacam por constituir uma metodologia baseada em aprendizagem de máquina, independente de modelo, com vasta aplicação nas ciências agrárias.

RNAs são definidas como uma forma de computação não algorítmica caracterizada por sistemas que, em algum nível, lembram a estrutura do cérebro humano (BRAGA et al., 2000), e, em termos práticos, constituem ferramentas de modelagem de dados (GOYAL, 2013). De acordo com GIANOLA et al. (2011) a RNA é uma alternativa interessante, pois podem atuar como aproximadores universais de funções complexas. As RNAs são constituídas de unidades de processamento simples que imitam o neurônio biológico, denominadas neurônios artificiais. Um neurônio artificial é composto por um conjunto de conexões, cada uma delas com um peso, um elemento somatório capaz de somar as entradas e uma função de ativação para restringir a amplitude de saída do neurônio (BRAGA et al., 2000). De acordo com BISHOP (2006) as RNAs são capazes de identificar relações não-lineares entre preditores e respostas e aprender de forma adaptativa, por meio de uma série de transformações chamadas funções de ativação, movidos por parâmetros.

Na área agrícola, GOYAL (2013) afirma que existem pesquisas com o uso de RNAs, direta ou indiretamente, para praticamente todos os produtos hortícolas. Isso devido a capacidade das RNAs em ir além da capacidade humana para avaliar longos bancos de dados e os relacionar com alguma característica desejada. As RNAs têm sido utilizadas também para a detecção de doenças de plantas por meio do processamento de imagens, tornando este processo mais preciso e menos intuitivo (PATIL; KUMAR, 2011; NAIKWADI; AMODA, 2013).

Tendo em vista as potencialidades das RNAs, o objetivo deste trabalho foi explorar a capacidade de predição desta ferramenta para a obtenção de valores da AACPD, para o patossistema tomate x *Phytophthora infestans*, utilizando um menor número de avaliações, de forma a tornar o processo mais eficiente.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Material vegetal, inoculação e avaliação**

Os experimentos foram conduzidos na horta de pesquisa do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV) “Horta Velha”, em Viçosa, MG (20°45'14”S e 42°52'53”W, altitude de 648,74m). Segundo a classificação de Köppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperaturas médias máxima e mínima anual registradas de 26,4 e 14,8°C, respectivamente e precipitação média anual de 1.221,4 mm. Foram avaliados, em campo, 192 acessos de tomateiro (*Solanum lycopersicum*) do Banco de Germoplasma da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) quanto a resistência a requeima.

Os acessos foram avaliados em quatro experimentos utilizando o delineamento em blocos ao acaso com três repetições e três plantas por parcela. O Experimento 1 foi conduzido de janeiro a maio de 2009, constituído por 53 acessos, o Experimento 2, de abril a agosto do mesmo ano com 47 acessos, o Experimento 3, de fevereiro a maio de 2010 com 52 acessos e o Experimento 4, de março a julho de 2010 com 52 acessos. Em cada experimento foram considerados três cultivares/híbridos tomados como padrão de suscetibilidade, sendo eles 'Santa Clara', 'Deborah', 'Fanny'.

Quarenta e cinco dias após o transplante, as plantas foram inoculadas com uma mistura de esporângios provenientes de isolados de *P. infestans*, coletados em diferentes regiões do Brasil. Três dias após as inoculações, iniciaram-se as avaliações quanto à severidade da doença em intervalos regulares de três dias, totalizando cinco avaliações (nos dias 3, 6, 9, 12 e 15 após a inoculação, dpi, tomados respectivamente

como avaliação 1 a 5) para o Experimento 1 e seis avaliações (3, 6, 9, 12, 15 e 18 dpi tomados respectivamente como avaliação 1 a 6) para os demais. As avaliações consistiram em mensurar a porcentagem de área foliar lesionada pelo desenvolvimento do patógeno. As avaliações subsequentes foram utilizadas para o cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), segundo metodologia proposta por SHANER e FINNEY (1977), por meio da expressão:  $AACPD = \left\{ \sum_{i=1}^{n-1} [(y_i + y_{i+1})/2] * (t_{i+1} - t_i) \right\}$ , em que:  $y_i$  e  $y_{i+1}$  correspondem às porcentagens de área foliar lesionada observadas nas avaliações  $i$  e  $(i + 1)$ ;  $t_i$  e  $t_{i+1}$  correspondem ao tempo considerado nos dias  $i$  e  $(i + 1)$ ; e  $n$ , ao número total de avaliações.

### **Análise dos dados fenotípicos**

Foi realizado o procedimento de análise de variância por meio do aplicativo computacional GENES<sup>®</sup> (CRUZ, 2013), considerando as estimativas de AACPD. Foi realizado o teste de Scott e Knott ( $p < 0,05$ ) para agrupamento de médias e definição de grupos de genótipos, sendo aqueles que apresentavam menores médias considerados grupos representativos dos genótipos mais resistentes.

### **Construção das RNAs e análises estatísticas**

Foi considerada uma RNA *Multilayer Perceptron* (MLP) com uma camada de entrada (com 1 a 3 neurônios de entrada para o experimento 1; e 1 a 4 neurônios para os experimentos 2–4), uma camada oculta (com possibilidade de incluir 2 a 16 neurônios estabelecido de forma iterativa) e uma camada de saída com um único neurônio. A RNA foi gerada por meio do *software* MATLAB<sup>®</sup> (MATLAB, 2010) por meio de *script* apresentado no módulo integração do aplicativo computacional GENES<sup>®</sup> (CRUZ, 2013). Para treinamento da RNA, foi considerado 1000 épocas e o algoritmo de treinamento *trainlm*. Na camada oculta de neurônios, foram consideradas as funções de ativação sigmóide logística e a tangente hiperbólica.

As entradas na RNA consistiram das avaliações de severidade, medida pela porcentagem de área foliar lesionada. Foram consideradas como valores de entrada da rede todas 14 combinações de avaliações possíveis para o Experimento 1 ( $C_3^4 + C_2^4 + C_1^4 = 14$ , vide tabela 2), e as 30 combinações possíveis para os demais experimentos ( $C_4^5 + C_3^5 + C_2^5 + C_1^5 = 30$ , vide tabela 2). Para cada combinação de avaliação a RNA foi executada cinco vezes. Os genótipos utilizados no processo de treinamento foram tomados aleatoriamente em cada experimento, assim como as repetições utilizadas para o treinamento. Foram avaliadas 1320 arquiteturas de RNA, considerando o

número de neurônios, as funções de ativação da camada oculta e o número de avaliações consideradas na camada de entrada. As avaliações foram tomadas como uma amostra de uma variável aleatória  $X$ , transformadas em uma variável aleatória  $Z$ , por meio da Equação:  $Z_i = (X_1 + (X_i - Max)(X_1 - X_0))/(Max - Min)$ ; em que  $Max$  corresponde ao máximo de  $X_i$ ;  $Min$ , ao Mínimo de  $X_i$ ;  $X_0$  e  $X_1$ , ao mínimo e ao máximo de  $Z_i$ , respectivamente, estabelecidos como sendo iguais a 0 e 1. Os pares entrada e saída da RNA foram tomados aleatoriamente para o processo de treinamento. Foram considerados dois critérios para parada da RNA, um erro quadrático médio (EQM) mínimo de  $10^{-10}$  ou o número máximo de 1000 épocas de treinamento.

Os valores preditos pela RNA durante a validação foram destransformados na variável aleatória  $X$  para recuperação do valor real, e para posteriores comparações. Utilizou-se a correlação entre os valores da AACPD estimados, segundo SHANER e FINNEY (1977), e os valores preditos por meio da RNA para a escolha das melhores combinações de avaliações para estimação da AACPD.

Posteriormente as avaliações (ou medições) que proporcionaram as melhores predições de AACPD, em todos experimentos, foram utilizadas em 100 novas análises, obtendo-se novos valores de AACPD preditos pela RNA. Posteriormente, procedeu-se a análise de Scott-Knott, a 5% de probabilidade, para comparação com os resultados do agrupamento obtidos a partir da AACPD calculada de modo convencional.

Foram considerados três cenários (1, 2 e 3). O primeiro cenário consistiu de utilizar os dados de severidade de todos os genótipos, considerando todas as avaliações, e quatro plantas por genótipos na etapa de treinamento, sendo a validação realizada nas cinco demais plantas. O primeiro cenário teve por objetivo gerar informações que possibilitassem inferir sobre a capacidade de RNA em treinar e prever a AACPD com os dados disponíveis. No segundo, todos os genótipos foram considerados na etapa de treinamento, sendo tomadas quatro plantas por genótipo para o treinamento e cinco plantas restantes para o processo de validação, considerando todas as combinações de avaliações. Ele teve por objetivo gerar informações que medissem a capacidade da RNA em estabelecer um número ótimo de avaliações para a predição da AACPD. No terceiro cenário, foram tomadas todas as replicatas de 70% dos genótipos para a etapa de treinamento e os genótipos restantes para o processo de validação, também considerando todas as combinações de avaliações. Este último cenário teve por objetivo gerar informações que permitisse estabelecer um número ótimo de medições e avaliar a potencialidade da rede em extrapolar seu aprendizado para diferentes genótipos.

As análises foram realizadas por meio dos *softwares* GENES<sup>®</sup> (CRUZ, 2013) e do *software* livre R<sup>®</sup> (R CORE TEAM, 2013) e as RNAs por meio *software* MATLAB<sup>®</sup> (MATLAB, 2010) por meio de *script* apresentado no módulo integração do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013).

### **Extrapolação de dados**

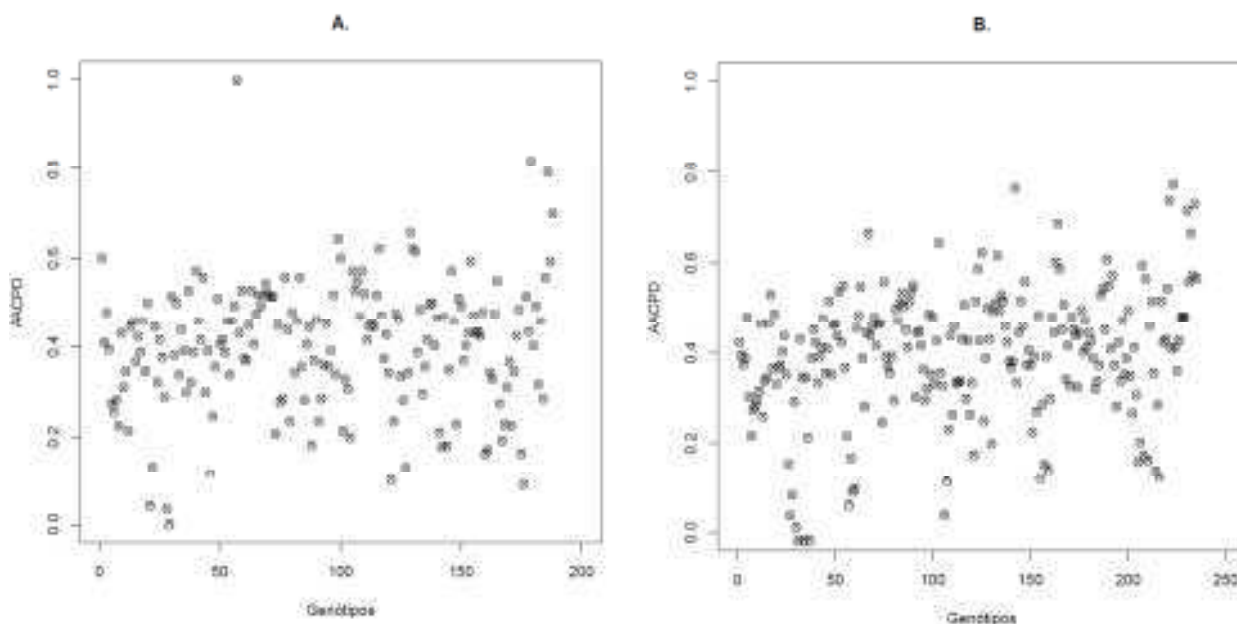
As RNAs implementadas que apresentaram melhores resultados em seus respectivos experimentos foram consideradas para predição do AACPD em todos experimento, ou seja, para os experimentos no qual foram treinadas e para os experimentos em que não foram treinadas. Foram consideradas apenas RNA que utilizavam duas e três entradas.

## **RESULTADOS**

Para análise fenotípica foram realizadas cinco avaliações no Experimento 1 uma vez que, devido a rápida progressão da doença, a severidade atingiu o platô no período entre a quarta e a quinta avaliação. Nos demais experimentos procederam-se seis avaliações. Os acessos foram classificados, utilizando a AACPD, em grupos por meio do teste de Scott-Knott. Os grupos que apresentaram menores valores de AACPD comparativamente com os grupos que continham os padrões de suscetibilidade foram considerados possíveis fontes de resistência. Isto posto, os grupos “c” e “d” do Experimento 1, o grupo “b” do Experimento 2, os grupos “c” e “d” do Experimento 3 e o grupo “b” do Experimento 4 (Tabela 1) foram considerados potenciais fontes de resistência à requeima por se apresentarem em grupos que possuíram menores médias de severidades comparadas com os grupos que continham os padrões de suscetibilidade.

A utilização das RNAs para análise de dados no Cenário 1, para avaliação do patossistema tomate x *P. infestans*, corresponderam às expectativas e se mostraram muito eficientes. A construção da RNA neste cenário proporcionou um coeficiente de correlação ( $r^2$ ) muito próximo à unidade nas etapas de treinamento e de validação (Figura 1), demonstrando a capacidade da RNA em prever a AACPD, de forma independente de modelo. Os erros quadráticos médios atingiram níveis aceitáveis em ambas as etapas,  $9,4183.10^{-7}$  e  $3,067.10^{-5}$ , respectivamente. A melhor RNA apresentou dois neurônios na camada oculta, utilizando a função de ativação sigmóide logística. Vários autores (CERQUEIRA et al., 2001; GONÇALVES et al., 2010; GOYAL, 2013)

tem relatado sobre a eficiência das redes neurais em estudos de classificação, predição e, principalmente, em ajuste de modelos como é o caso do presente trabalho.



**Figura 1.** Estimativas da AACPD – dados transformados – dos genótipos considerados nas etapas de treinamento (A) e validação (B) para o Cenário 1. (o) correspondem às estimativas calculadas segundo (SHANER; FINNEY, 1977) e (x), aos valores preditos pela RNA.

Para o cenário 2, cujo objetivo era estabelecer um número mínimo ótimo de avaliações (medições) para prever a AACPD, ficou evidenciado que a RNA é instrumento apropriado e eficiente para identificar um número menor de avaliações ao treinar e validar utilizando o mesmo conjunto de genótipos. Na Tabela 2 estão apresentados os resultados dos coeficientes de correlação média ( $\overline{r^2}$ ) entre os valores de AACPD e os valores preditos pela RNA nas etapas de treinamento e de validação. A utilização da 4ª e 5ª avaliação proporcionaram um  $\overline{r^2}$ , na etapa de validação da rede, superior a 84% para o Experimento 1, e superior a 93% nos demais experimentos. Neste caso, em geral três neurônios na camada oculta foram suficientes para o processo de predição, sem predileção por uma função de ativação. Ao considerarmos as 3ª, 4ª e 5ª avaliação, os  $\overline{r^2}$  foram superiores a 96%, utilizando cerca de quatro neurônios na camada oculta, sendo a função de ativação sigmóide logística a que apresentou os melhores resultados. Os resultados deste cenário implicam na realização de uma avaliação completa em um número reduzido de plantas por genótipo seguido de um número reduzido de avaliações nas plantas a serem preditas pela RNA.

Para o Cenário 3, a RNA foi eficaz em prever a AACPD utilizando um menor número de avaliações para validar genótipos não treinados demonstrando sua

capacidade de prever e extrapolar valores. Isso implica em utilizar a RNA para prever a AACPD não sendo necessário o treinamento com um determinado grupo de genótipos, desde que se tenha realizado treinamento prévio da RNA nas condições do atual experimento, ou que este não apresente grandes peculiaridades quando comparados com experimentos para os quais a RNA foi treinada. Considerando apenas a 4ª e 5ª avaliação, a RNA foi capaz de prever a AACPD com  $\overline{r^2}$  superior a 87% em todos experimentos. Ao utilizar a 3ª, 4ª e 5ª avaliação, os valores de AACPD previstos pela RNA apresentaram  $\overline{r^2}$  superior a 93%. Os resultados estão apresentados na Tabela 3. As RNAs construídas apresentaram arquitetura semelhante aos casos anteriores.

O agrupamento de médias das previsões realizadas por meio da RNA foi muito semelhante, algumas vezes igual, ao formado por meio do cálculo convencional (Tabela 4). Embora as médias da AACPD nos dois casos tenham sido muito parecidas, algumas vezes ocorreu a mudança na classificação dos genótipos, contudo esta mudança não constituiu empecilho para a seleção de fontes de resistência.

No Cenário 3 foram selecionadas RNAs candidatas para um possível uso, caso se confirmasse a capacidade de extrapolação. Foram consideradas RNAs utilizando duas avaliações – 4ª e 5ª – e três avaliações – 3ª, a 4ª e a 5ª. Os resultados foram promissores e estão apresentados na Tabela 5. Os resultados da  $\overline{r^2}$  entre o AACPD e os valores previstos pela RNA, de uma RNA treinada para um experimento prevendo as demais, considerando duas e três avaliações, foram superiores a 91 e a 95%, respectivamente.



**Tabela 1.** Médias de AACPD para cento e noventa e dois acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV, avaliados quanto a resistência à requeima causada por *Phytophthora infestans* em quatro experimentos independentes

Experimento 1		Experimento 2		Experimento 3		Experimento 4	
Acessos	AACPD	Acessos	AACPD	Acessos	AACPD	Acessos	AACPD
BGH-2284	667,00 a	Débora	579,33 a	BGH-2030	515,33 a	BGH-2121	341,00 a
BGH-2306	619,67 a	BGH-3383	548,67 a	Fanny	454,17 a	BGH-2073	339,83 a
Santa Clara	611,00 a	Santa Clara	538,33 a	BGH-2010	454,00 a	Fanny	339,00 a
Débora	604,33 a	BGH-3318	534,00 a	BGH-0971	418,67 a	BGH-2076	332,67 a
BGH-2329	596,33 a	BGH-2420	524,50 a	BGH-2060	409,00 a	BGH-2072	330,67 a
BGH-2327	585,33 a	BGH-2419	522,83 a	BGH-2027	405,17 a	Débora	320,67 a
BGH-2266	583,00 a	BGH-2395	520,67 a	BGH-2033	403,17 a	BGH-2105	289,33 a
BGH-2348	580,33 a	BGH-3320	520,33 a	BGH-2019	400,17 a	BGH-2128	281,33 a
BGH-2370	574,00 a	BGH-3394	519,67 a	BGH-2013	372,33 b	BGH-2145	280,17 a
Fanny	565,67 a	BGH-3115	518,00 a	BGH-2039 <sup>1</sup>	367,67 b	BGH-2133	277,33 a
BGH-2317	562,33 a	BGH-2393	509,00 a	BGH-2048	367,67 b	Santa Clara	275,83 a
BGH-2302	556,00 a	Fanny	504,33 a	BGH-2039 <sup>2</sup>	367,50 b	BGH-2068	266,67 a
BGH-2294	554,00 a	BGH-3319	502,67 a	BGH-887	359,00 b	BGH-2069	263,17 a
BGH-2364	551,83 a	BGH-2100	500,17 a	BGH-2029	352,17 b	BGH-2116	258,17 a
BGH-2336	550,67 a	BGH-2098	498,67 a	BGH-1985	349,00 b	BGH-2132	241,33 a
BGH-2326	549,67 a	BGH-3385	498,17 a	BGH-2051	339,67 b	BGH-2081	240,67 a
BGH-2345	544,50 a	BGH-3459	497,33 a	Débora	339,67 b	BGH-2071	239,83 a
BGH-2369	541,33 a	BGH-2087	495,33 a	BGH-2041	337,00 b	BGH-2074	229,00 a
BGH-2289	539,00 a	BGH-2390	492,17 a	BGH-2050	328,67 b	BGH-2141	222,83 a
BGH-2283	538,33 a	BGH-2091	492,00 a	BGH-2038	326,33 b	BGH-2114	216,50 a
BGH-2334	536,50 a	BGH-2705	488,50 a	BGH-2049	323,83 b	BGH-2083	211,83 a
BGH-2339	532,83 a	BGH-3380	487,83 a	BGH-2045	321,50 b	BGH-2062	211,17 a
BGH-2362	517,17 a	BGH-2482	481,33 a	BGH-2002	313,17 b	BGH-2143	208,33 a
BGH-2330	514,00 a	BGH-2092	480,33 a	BGH-2026	312,67 b	BGH-2144	204,17 a
BGH-2293	513,50 a	BGH-3384	479,17 a	BGH-2054	311,17 b	BGH-2082	203,83 a
BGH-2338	502,67 b	BGH-2402	477,17 a	BGH-2003	310,83 b	BGH-2064	191,83 b
BGH-2319	501,83 b	BGH-3460	476,67 a	BGH-2020	305,83 b	BGH-2118	188,00 b
BGH-2267	498,67 b	BGH-3388	472,33 b	BGH-2018	304,67 b	BGH-2138	177,83 b
BGH-2299	496,67 b	BGH-2097	471,50 b	BGH-2011	301,67 b	BGH-2134	175,00 b
BGH-2318	496,00 b	BGH-3008	469,33 b	BGH-2025	299,83 b	BGH-2131	169,83 b
BGH-2324	493,00 b	BGH-3386	463,50 b	Santa Clara	292,67 b	BGH-2075	169,67 b
BGH-2280	491,83 b	BGH-3007	462,67 b	BGH-2057	291,67 b	BGH-2122	168,67 b
BHG-2245	491,50 b	BGH-3465	460,50 b	BGH-2006	283,83 c	BGH-2124	163,67 b
BGH-2337	488,33 b	BGH-2442	460,00 b	BGH-2021	278,33 c	BGH-2070	163,17 b
BGH-2300	484,67 b	BGH-2089	452,17 b	BGH-2044	274,67 c	BGH-2065	156,67 b
BGH-2342	479,83 b	BGH-3464	451,00 b	BGH-2008	272,83 c	BGH-2125	156,50 b
BGH-2287	478,67 b	BGH-3463	448,50 b	BGH-2035	270,33 c	BGH-2120	143,50 b
BGH-2328	478,00 b	BGH-2096	444,33 b	BGH-2014	270,17 c	BGH-2115	143,17 b
BGH-2305	475,17 b	BGH-3317	442,33 b	BGH-2052	254,83 c	BGH-2129	141,00 b
BGH-2321	470,17 b	BGH-3462	442,17 b	BGH-2004	251,17 c	BGH-2113	138,00 b
BGH-2267	462,17 b	BGH-3381	440,00 b	BGH-2009	250,83 c	BGH-2077	126,50 b
BGH-2285	459,00 b	BGH-2088	423,17 b	BGH-2034	244,83 c	BGH-2086	115,67 b
BGH-2316	458,83 b	BGH-2765	422,83 b	BGH-2016	241,17 c	BGH-2110	107,33 b
BGH-2314	450,17 b	BGH-3382	421,00 b	BGH-2046	229,83 c	BGH-2123	106,00 b
BGH-2320	447,33 b	BGH-2095	413,67 b	BGH-2023	221,50 c	BGH-2080	93,67 b
BGH-2322	430,83 b	BGH-2102	392,00 b	BGH-2032	215,50 c	BGH-2109	92,50 b
BGH-2288	426,83 b	BGH-2093	381,83 b	BGH-0996	213,00 c	BGH-2135	92,33 b
BGH-2298	419,50 b			BGH-2040	207,83 c	BGH-2136	80,17 b
BGH-2307	414,33 b			BGH-0984	201,33 c	BGH-2078	73,33 b
BGH-2282	405,33 b			BGH-2017	87,83 d	BGH-2127	70,17 b
BGH-2343	404,50 b			BGH-1025	67,33 d	BGH-2117	67,17 b
BGH-2333	356,00 c			BGH-0973	31,00 d	BGH-2130	49,17 b
BGH-2332	245,83 d						
Média	505,58		479,19		302,38		195,11
CV (%)	11,48		9,19		20,82		37,61

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott- Knott a 5% de probabilidade; <sup>1</sup>Acesso BGH-2039 vermelho; <sup>2</sup>Acesso BGH-2039 amarelo. Os cultivares/h[íbridos Débora, Fanny e Santa Clara são conhecidamente suscetíveis à requeima.

**Tabela 2.** Correlações médias para treinamento e validação utilizando diferentes combinações de avaliação da severidade, utilizando treinamento e validação para o mesmo acesso (Cenário 2)

Experimento 1			Experimento 2			Experimento 3			Experimento 4		
Combinções de Avaliações	$r^2$		Combinções de Avaliações	$r^2$		Combinções de Avaliações	$r^2$		Combinções de Avaliações	$r^2$	
	Tr.	Val.		Tr.	Val.		Tr.	Val.		Tr.	Val.
2, 3 e 4	0,9975	0,9973	2, 3, 4 e 5	0,9942	0,9927	2, 3, 4 e 5	0,9902	0,9863	2, 3, 4 e 5	0,9867	0,9831
2, 3 e 5	0,9503	0,9344	2, 3, 4 e 6	0,9189	0,9163	2, 3, 4 e 6	0,9576	0,9431	2, 3, 4 e 6	0,9732	0,9603
2, 4 e 5	0,9536	0,9509	2, 4, 5 e 6	0,9693	0,9567	2, 4, 5 e 6	0,9947	0,9937	2, 4, 5 e 6	0,9964	0,9942
3, 4 e 5	0,9665	0,9632	3, 4, 5 e 6	0,9970	0,9965	3, 4, 5 e 6	0,9986	0,9984	3, 4, 5 e 6	0,9989	0,9982
2 e 3	0,9158	0,9137	2, 3, 5 e 6	0,8575	0,8417	2, 3, 5 e 6	0,9785	0,9759	2, 3, 5 e 6	0,9937	0,9920
2 e 4	0,9459	0,9364	2, 3 e 4	0,8689	0,8490	2, 3 e 4	0,8055	0,7734	2, 3 e 4	0,8892	0,8687
2 e 5	0,8228	0,7811	2, 3 e 5	0,8144	0,8342	2, 3 e 5	0,9641	0,9585	2, 3 e 5	0,9753	0,9738
3 e 4	0,9534	0,9551	2, 3 e 6	0,7076	0,5974	2, 3 e 6	0,9189	0,9091	2, 3 e 6	0,9477	0,9395
3 e 5	0,9155	0,9117	2, 4 e 5	0,9632	0,9525	2, 4 e 5	0,9843	0,9810	2, 4 e 5	0,9770	0,9735
4 e 5	0,8583	0,8462	2, 4 e 6	0,8886	0,8616	2, 4 e 6	0,9465	0,9291	2, 4 e 6	0,9632	0,9609
2	0,6309	0,6067	2, 5 e 6	0,7854	0,7422	2, 5 e 6	0,9560	0,9554	2, 5 e 6	0,9822	0,9819
3	0,8781	0,8626	3, 4 e 5	0,9931	0,9913	3, 4 e 5	0,9879	0,9859	3, 4 e 5	0,9854	0,9827
4	0,8508	0,8305	3, 4 e 6	0,9278	0,9021	3, 4 e 6	0,9555	0,9411	3, 4 e 6	0,9634	0,9636
5	0,5738	0,4447	3, 5 e 6	0,8735	0,8312	3, 5 e 6	0,9734	0,9706	3, 5 e 6	0,9919	0,9897
			4, 5 e 6	0,9461	0,9408	4, 5 e 6	0,9899	0,9843	4, 5 e 6	0,9912	0,9898
			2 e 3	0,4503	0,3904	2 e 3	0,5572	0,5961	2 e 3	0,7819	0,7799
			2 e 4	0,8040	0,8087	2 e 4	0,7641	0,7602	2 e 4	0,8617	0,8346
			2 e 5	0,7803	0,7383	2 e 5	0,9302	0,9437	2 e 5	0,9547	0,9515
			2 e 6	0,5081	0,4392	2 e 6	0,8549	0,8622	2 e 6	0,9399	0,9095
			3 e 4	0,8499	0,8584	3 e 4	0,7852	0,7849	3 e 4	0,8875	0,8747
			3 e 5	0,8628	0,7853	3 e 5	0,9654	0,9502	3 e 5	0,9746	0,9708
			3 e 6	0,6768	0,6391	3 e 6	0,9087	0,9055	3 e 6	0,9378	0,9349
			4 e 5	0,9419	0,9355	4 e 5	0,9780	0,9713	4 e 5	0,9719	0,9663
			4 e 6	0,8397	0,8370	4 e 6	0,9223	0,9179	4 e 6	0,9574	0,9536
			5 e 6	0,7598	0,7366	5 e 6	0,8998	0,9283	5 e 6	0,9681	0,9642
			2	0,0528	0,0158	2	0,2987	0,2781	2	0,6009	0,5274
			3	0,3918	0,4096	3	0,5922	0,5753	3	0,7655	0,7783
			4	0,7987	0,7891	4	0,7650	0,7583	4	0,8539	0,8264
			5	0,6929	0,7347	5	0,9009	0,9039	5	0,9332	0,9187
			6	0,4260	0,3842	6	0,7714	0,7741	6	0,8956	0,8896

**Tabela 3.** Correlações médias para treinamento e validação utilizando diferentes combinações de avaliação da severidade, utilizando treinamento em 70% dos acessos e validação nos demais 30% para cada experimento (Cenário 3)

Experimento 1			Experimento 2			Experimento 3			Experimento 4		
Combinações de Avaliações	$r^2$		Combinações de Avaliações	$r^2$		Combinações de Avaliações	$r^2$		Combinações de Avaliações	$r^2$	
	Tr.	Val.		Tr.	Val.		Tr.	Val.		Tr.	Val.
2, 3 e 4	0,9948	0,9816	2, 3, 4 e 5	0,9955	0,9913	2, 3, 4 e 5	0,9910	0,9829	2, 3, 4 e 5	0,9872	0,9805
2, 3 e 5	0,9510	0,9408	2, 3, 4 e 6	0,9283	0,9014	2, 3, 4 e 6	0,9546	0,9319	2, 3, 4 e 6	0,9658	0,9741
2, 4 e 5	0,9529	0,9513	2, 4, 5 e 6	0,9728	0,9593	2, 4, 5 e 6	0,9954	0,9962	2, 4, 5 e 6	0,9967	0,9931
3, 4 e 5	0,9597	0,9745	3, 4, 5 e 6	0,9974	0,9961	3, 4, 5 e 6	0,9980	0,9988	3, 4, 5 e 6	0,9990	0,9982
2 e 3	0,9210	0,9020	2, 3, 5 e 6	0,9452	0,6202	2, 3, 5 e 6	0,9723	0,9911	2, 3, 5 e 6	0,9934	0,9925
2 e 4	0,9442	0,9397	2, 3 e 4	0,8720	0,8610	2, 3 e 4	0,7971	0,7435	2, 3 e 4	0,8824	0,8787
2 e 5	0,8160	0,7854	2, 3 e 5	0,9380	0,5986	2, 3 e 5	0,9589	0,9702	2, 3 e 5	0,9788	0,9666
3 e 4	0,9525	0,9626	2, 3 e 6	0,7160	0,5360	2, 3 e 6	0,9176	0,9034	2, 3 e 6	0,9572	0,9331
3 e 5	0,9084	0,9218	2, 4 e 5	0,9655	0,9519	2, 4 e 5	0,9848	0,9795	2, 4 e 5	0,9798	0,9715
4 e 5	0,8374	0,8744	2, 4 e 6	0,9138	0,8382	2, 4 e 6	0,9469	0,9126	2, 4 e 6	0,9707	0,9449
2	0,6091	0,6345	2, 5 e 6	0,8837	0,5545	2, 5 e 6	0,9484	0,9747	2, 5 e 6	0,9838	0,9788
3	0,8720	0,8674	3, 4 e 5	0,9926	0,9895	3, 4 e 5	0,9894	0,9827	3, 4 e 5	0,9863	0,9796
4	0,8224	0,8630	3, 4 e 6	0,9277	0,9027	3, 4 e 6	0,9539	0,9280	3, 4 e 6	0,9724	0,9492
5	0,4869	0,5369	3, 5 e 6	0,9273	0,5851	3, 5 e 6	0,9681	0,9879	3, 5 e 6	0,9902	0,9902
			4, 5 e 6	0,9273	0,5851	4, 5 e 6	0,9871	0,9903	4, 5 e 6	0,9913	0,9874
			2 e 3	0,4758	0,2661	2 e 3	0,5669	0,6290	2 e 3	0,7925	0,7597
			2 e 4	0,8254	0,7958	2 e 4	0,7835	0,7143	2 e 4	0,8518	0,8412
			2 e 5	0,8721	0,5105	2 e 5	0,9337	0,9548	2 e 5	0,9587	0,9421
			2 e 6	0,5239	0,3738	2 e 6	0,8660	0,8405	2 e 6	0,9415	0,8968
			3 e 4	0,8642	0,8710	3 e 4	0,7885	0,7510	3 e 4	0,8793	0,8815
			3 e 5	0,9200	0,5466	3 e 5	0,9521	0,9699	3 e 5	0,9767	0,9635
			3 e 6	0,6953	0,5426	3 e 6	0,9123	0,9000	3 e 6	0,9479	0,9260
			4 e 5	0,9456	0,9351	4 e 5	0,9772	0,9741	4 e 5	0,9725	0,9694
			4 e 6	0,8631	0,8084	4 e 6	0,9316	0,8892	4 e 6	0,9656	0,9332
			5 e 6	0,8254	0,5126	5 e 6	0,8943	0,9706	5 e 6	0,9678	0,9610
			2	0,0545	0,0116	2	0,2868	0,2600	2	0,6077	0,4844
			3	0,4519	0,2538	3	0,5692	0,6348	3	0,7776	0,7696
			4	0,8039	0,7827	4	0,7542	0,6878	4	0,8200	0,8491
			5	0,8117	0,4555	5	0,8836	0,9515	5	0,9240	0,9193
			6	0,4246	0,3514	6	0,7677	0,7928	6	0,8864	0,9059

**Tabela 4.** Grupos de acessos formados pelo teste de Scott-Knott, comparando as médias de AACPD calculada de forma convencional, com as seis avaliações, e por meio das RNAs, com três avaliações (A.) – 3<sup>a</sup>, 4<sup>a</sup> e 5<sup>a</sup> – e duas avaliações (B.) – 4<sup>a</sup> e 5<sup>a</sup>

A.

Experimento 1			Experimento 2			Experimento 3			Experimento 4		
Acesso	AACPD	RNA	Acesso	AACPD	RNA	Acesso	AACPD	RNA	Acesso	AACPD	RNA
BGH-2284	667,00	a 600,17 a	BGH-3383	548,67	a 551,47 a	BGH-971	418,67	a 417,76 a	BGH-2105	289,33	a 296,55 a
BGH-2266	583,00	b 582,29 a	BGH-2393	509,00	b 507,52 b	BGH-887	359,00	a 363,47 a	BGH-2121	341,00	a 334,65 a
BGH-2364	551,83	b 547,09 a	BGH-2100	500,17	b 500,93 b	Débora	339,67	b 333,28 b	Débora	320,67	a 321,94 a
BGH-2336	550,67	b 554,82 a	BGH-3385	498,17	b 496,90 b	BGH-2045	321,50	b 317,58 b	Fanny	339,00	a 329,90 a
BGH-2326	549,67	b 564,27 a	BGH-2087	495,33	b 494,78 b	BGH-2003	310,83	b 299,04 b	BGH-2062	211,17	b 216,68 b
BGH-2289	539,00	b 536,58 a	BGH-2390	492,17	b 493,20 b	BGH-2018	304,67	b 305,98 b	BGH-2074	229,00	b 239,72 b
BGH-2339	532,83	b 532,53 a	BGH-2091	492,00	b 490,71 b	BGH-2011	301,67	b 307,02 b	BGH-2064	191,83	b 199,33 b
BGH-2330	514,00	b 508,68 a	BGH-2402	477,17	c 474,10 c	BGH-2021	278,33	b 273,53 b	BGH-2118	188,00	b 201,15 b
BGH-2293	513,50	b 509,03 a	BGH-3388	472,33	c 471,40 c	BGH-2008	272,83	b 260,43 c	BGH-2132	241,33	b 231,79 b
BGH-2245	491,50	c 493,45 b	BGH-2097	471,50	c 476,11 c	BGH-2004	251,17	c 241,91 c	BGH-2143	208,33	b 194,78 b
BGH-2337	488,33	c 485,61 b	BGH-3008	469,33	c 470,38 c	BGH-2009	250,83	c 243,02 c	BGH-2144	204,17	b 203,74 b
BGH-2321	470,17	c 475,35 b	BGH-2096	444,33	d 443,28 d	BGH-2016	241,17	c 252,60 c	BGH-2071	239,83	b 236,13 b
BGH-2285	459,00	c 458,03 b	BGH-3462	442,17	d 443,48 d	BGH-2023	221,50	c 223,97 c	BGH-2120	143,50	c 139,21 c
BGH-2298	419,50	d 417,07 c	BGH-2765	422,83	d 422,68 d	BGH-2040	207,83	c 178,66 c	BGH-2065	156,67	c 155,72 c
BGH-2282	405,33	d 405,06 c				BGH-984	201,33	c 205,44 c	BGH-2070	163,17	c 167,54 c
BGH-2343	404,50	d 406,38 c				BGH-2017	87,83	d 95,06 d	BGH-2117	67,17	d 66,37 d

B.

Acesso	AACPD	RNA	Acesso	AACPD	RNA	Acesso	AACPD	RNA	Acesso	AACPD	RNA
BGH-2306	619,67	a 585,70 a	BGH-3318	534,00	a 536,61 a	BGH-2010	454,00	a 485,30 a	BGH-2145	280,17	a 268,77 a
BGH-2266	583,00	a 575,78 a	Fanny	504,33	a 504,41 a	BGH-2033	403,17	a 407,11 b	BGH-2116	258,17	a 246,87 a
BGH-2294	554,00	a 571,32 a	BGH-3319	502,67	a 508,86 a	BGH-2019	400,17	a 399,35 b	BGH-2071	239,83	a 222,34 a
BGH-2336	550,67	a 548,26 a	BGH-2100	500,17	a 495,55 a	BGH-2048	367,67	a 376,75 b	BGH-2114	216,50	a 236,31 a
BGH-2339	532,83	b 535,09 a	BGH-3385	498,17	a 494,42 a	BGH-2039	367,67	a 385,52 b	BGH-2083	211,83	a 210,67 a
BGH2362	517,17	b 525,75 b	BGH-2092	480,33	a 488,09 a	BGH-2039	367,50	a 363,48 b	BGH-2062	211,17	a 215,40 a
BGH-2283	538,33	b 520,05 b	BGH-2097	471,50	b 480,76 a	BGH-887	359,00	a 365,38 b	BGH-2082	203,83	a 191,84 a
BGH-2330	514,00	b 502,60 b	BGH-3386	463,50	b 467,65 b	BGH-2041	337,00	a 342,44 b	BGH-2064	191,83	a 188,55 a
BGH-2245	491,50	b 491,53 b	BGH-3007	462,67	b 468,02 b	BGH-2003	310,83	a 294,80 c	BGH-2122	168,67	a 149,04 b
BGH-2300	484,67	b 489,36 b	BGH-3476	460,50	b 462,54 b	Santa Clara	292,67	b 287,34 c	BGH-2124	163,67	a 146,66 b
BGH-2276	498,67	b 488,88 b	BGH-2089	452,17	b 453,04 b	BGH-2006	283,83	b 274,49 c	BGH-2115	143,17	b 134,85 b
BGH-2321	470,17	c 476,19 b	BGH-3317	442,33	b 452,07 b	BGH-2021	278,33	b 267,60 c	BGH-2086	115,67	b 113,03 b
BGH-2322	430,83	c 443,79 c	BGH-2765	422,83	c 425,98 c	BGH-2052	254,83	b 244,59 c	BGH-2135	92,33	b 80,43 b
BGH-2288	426,83	c 427,93 c	BGH-2093	381,83	c 383,91 d	BGH-2046	229,83	b 242,47 c	BGH-2136	80,17	b 82,28 b
BGH-2298	419,50	c 424,07 c				BGH-0984	201,33	b 207,42 c	BGH-2127	70,17	b 76,07 b
BGH-2333	356,00	c 346,93 d				BGH-2017	87,83	c 103,90 d	BGH-2130	49,17	b 40,51 b

**Tabela 5:** Correlações médias entre os valores preditos pela RNA com o observado pelo cálculo convencional segundo SHANER e FINNEY (1977). As RNA utilizadas em cada caso predisseram a AACPD de todas plantas dos demais experimentos.

RNA	$\overline{r^2}$									
	Estimada					Extrapolado para: (3 avaliações)				
em:	Extrapolado para: (2 avaliações)				$\overline{r^2}^*$	Extrapolado para: (2 avaliações)				$\overline{r^2}^*$
	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4		Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	
Exp. 1	<b>0,925</b>	0,898	0,942	0,961	0,934	<b>0,983</b>	0,971	0,957	0,982	0,970
Exp. 2	0,903	<b>0,962</b>	0,982	0,976	0,954	0,970	<b>0,962</b>	0,973	0,980	0,974
Exp. 3	0,905	0,958	<b>0,985</b>	0,983	0,949	0,943	0,957	<b>0,948</b>	0,974	0,958
Exp. 4	0,880	0,905	0,955	<b>0,984</b>	0,913	0,953	0,969	0,950	<b>0,982</b>	0,957

\* Estimativas de correlações médias considerando apenas os experimentos para os quais a RNA não foi treinada.

## DISCUSSÃO

Pesquisas envolvendo inteligência artificial têm apresentado notáveis progressos desde a década de 1980, refletindo na utilização prática das RNAs (DING et al., 2013). A capacidade de aprendizado a partir de um conjunto de exemplos e de prever com acurácia respostas desejadas tem viabilizado e incrementado a utilização das RNAs nas ciências agrárias e possibilitado que valiosos estudos sejam disponibilizado para pesquisadores da área (GOYAL, 2013). Exemplos de aplicação das RNAs variam desde classificação e inspeção interna e externa de frutos, mensuração da condutividade térmica de frutas e legumes, determinação de resíduos de pesticidas, prever rendimento das colheitas, classificação de grãos (GOMES; LETA, 2012; GOYAL, 2013), predição de valores genéticos (VENTURA et al., 2012), dentre outros. No que tange a avaliações de doenças em plantas as RNAs têm sido utilizadas para o processamento de imagens, e dessa forma avaliar a severidade da doença, tornando a avaliação menos subjetiva (PATIL; KUMAR, 2011; TIGER; VERMA, 2013).

Considerando que a avaliação de doenças representa um considerável investimento de tempo, espaço, recursos econômicos e humanos, a utilização de uma metodologia eficiente em avaliar o progresso da doença e que ao mesmo tempo proporcione economia de recursos se torna bastante desejável. Para a avaliação de resistência quantitativa para patógenos policíclicos a mensuração da AACPD, resultante de cálculos a partir de avaliações periódicas, é extremamente usual e necessária, como é o caso deste trabalho. Neste sentido, a utilização de RNA apresenta-se como uma alternativa interessante, uma vez que permitiu a seleção de putativas fontes de resistência a partir de um número reduzido de avaliações. Tal fato é ainda pertinente, uma vez que segundo MUKHERJEE et al. (2010), a prática de frequentes avaliações durante a epidemia é capaz afetar inadvertidamente o progresso da doença, dado à interferência do antrópica.

Este novo paradigma pode proporcionar economia de área, adubos, água, materiais para condução e tratos culturais do tomateiro além dos recursos humanos que são necessários para a manutenção dos experimentos. A aplicação desta abordagem apresenta cunho prático bastante elevado para a avaliação de experimentos de forma independente de modelo, considerando ainda que fatores tais como desbalanceamento não constitui grande problema.

A RNA assegura também ao pesquisador, para o patossistema tomate x requeima, utilizar todas as avaliações convencionais em apenas algumas repetições do experimento, e utilizar estas para treinar a RNA e posteriormente estimar a AACPD

para as demais repetições de cada genótipo. Isso implicaria em uma correlação de 0,97 entre o valor estimado, utilizando três avaliações como entrada, aos nove, doze e quinze dpi, e o que seria obtido com as seis avaliações, ou realizar somente as avaliações aos doze e quinze dias e ter uma correlação de 0,87. A aplicação prática deste método, a princípio, poderia parecer inviável quanto a sua exequibilidade, uma vez que o pesquisador precisaria separar, de uma forma eficiente, as plantas que seriam avaliadas em todas as medições das plantas que seriam avaliadas em um número menor de vezes, porém o uso de RNA apresenta um grande potencial.

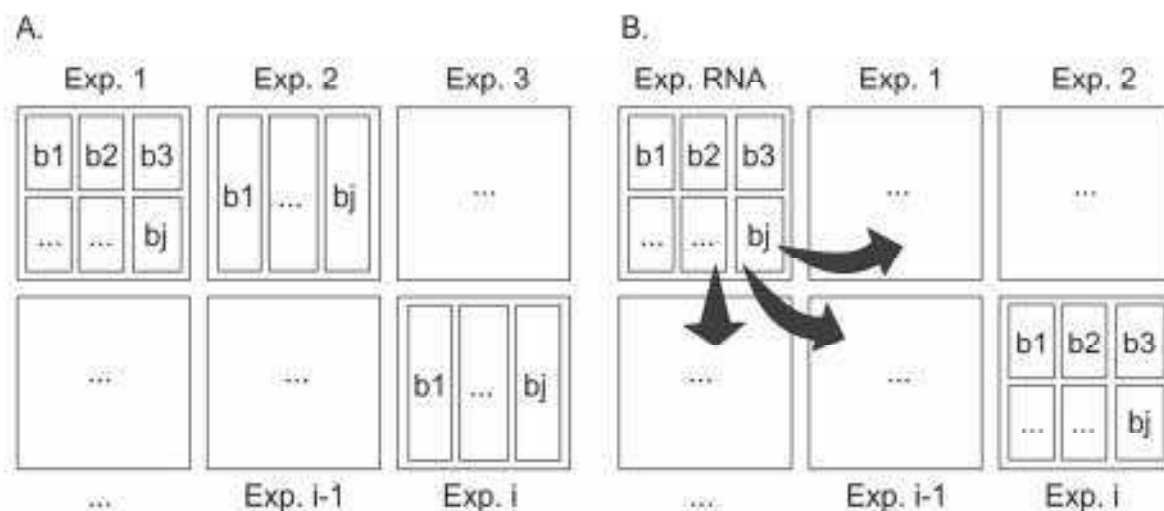
A RNA também mostrou-se eficiente para a predição da AACPD para genótipos não treinados. Os valores de AACPD preditos pela rede são muito próximos dos obtidos utilizando o cálculo tradicional, e a classificação dos grupos de genótipos também se mostrou muito similar, sendo em alguns casos idênticos (Tabela 4). Algumas vezes houve uma pequena alteração nos grupos, contudo, observa-se que esta alteração ocorre devido a inserção ou exclusão de um ou poucos genótipos em determinado grupo, acarretando na alteração dos grupos dos demais genótipos. Contudo isto não representa um problema para a seleção de fontes de resistência, uma vez que continua ocorrendo a separação dos genótipos com menores AACPD. Dessa forma, a seleção de fontes resistência utilizando a AACPD predita por meio da RNA se torna promissora, uma vez que mesmo ocorrendo a mudança nos grupos de genótipos, a RNA foi eficiente em discernir genótipos que apresentaram menores médias de severidade. A aplicação prática da estratégia utilizada neste cenário, aparentemente, é difícil, pois o pesquisador precisaria avaliar 70% das plantas, durante as medições realizadas (seis medições ou avaliações), para somente no restante ser capaz de estimar a AACPD com um número menor de repetições. Porém o importante é ressaltar a capacidade da rede em ou extrapolar seu aprendizado para outro grupo de acessos e, portanto, efetiva em uma abordagem mais global.

A extrapolação de RNA gerada a partir de um experimento e testada para os demais mostrou-se muito efetiva em refletir o cálculo convencional (Tabela 5) tornando inquestionável o uso das redes neurais para este propósito. Isso demonstra a importância da manutenção de um banco de dados que contenham, por exemplo, medidas de severidade de doenças, AACPD, entre outros, para que num futuro próximo haja possibilidade de implementação de um programa de avaliação por meio de RNA, utilizando todas as potencialidades da ferramenta. Demonstramos neste trabalho que mesmo utilizando um conjunto de dados restrito foi possível estimar a AACPD de experimentos realizados em diferente micro-locais e em períodos de tempo

distintos. Dessa forma, foi possível, por exemplo, por meio dos dados de severidade e AACPD do Experimento 1, realizado sob condições atípicas em janeiro de 2009, inferir a respeito da AACPD de acessos do experimento 4, instalado passados dez meses, com uma correlação superior a 96% utilizando um número reduzido de avaliações.

É importante salientar que a utilização da rede estruturada neste trabalho, para a predição da AACPD em outros experimentos, deve ser recomendada com ressalvas, tendo em vista que a disponibilidade de banco de dados para o treinamento da RNA é restrita. Também, como já relatado, a utilização prática das estratégias apresentados nos Cenários 1, 2 e 3, tais como eles foram avaliados é bastante restrita por demandar avaliações de amostras tanto de plantas quanto de acessos para a sua aplicação. Por este motivo, a utilização prática da RNA, em trabalhos de rotina de um programa de melhoramento, necessita essencialmente de uma mudança no paradigma atual do sistema de avaliação de doenças, mesmo para o patossistema tomate x *P. infestans* (Figura 2). O novo paradigma proposto apresenta uma ação prática e se baseia no plantio de acessos representativos em uma fração da área experimental considerando os princípios da experimentação. Procede-se neste todas as avaliações convencionais e o subsequente treinamento da RNA em conjunto com dados históricos, para ser utilizada na predição de experimentos no restante da área experimental contemporânea da RNA. Nestes devem ser realizados um número reduzido de avaliações. Por fim, ressaltamos que o acúmulo de informações em bancos de dados para serem utilizadas para aprimoramento do treinamento da rede é indispensável devendo ser prática rotineira em programas de melhoramento.

Dessa forma, visando o *screening* de acessos resistentes recomendamos a aplicação deste novo paradigma, e a realização de somente duas ou três avaliações, devendo estas serem realizadas aos doze e quinze dias, ou aos nove, doze e quinze dias após a inoculação, respectivamente, e subsequente predição por meio da RNA.



**Figura 2.** Mudança do paradigma de avaliação de progresso de doença no tomateiro. **A.** Paradigma atual, na qual  $i$  avaliações são procedidas em experimentos individuais, separados no espaço e no tempo. **B.** Novo paradigma, no qual um experimento é procedido para predição/atualização da RNA, realizados com genótipos representativos dos demais experimentos contemporâneos separados no espaço, e com dados históricos, com genótipos separados no tempo, expostos a diferentes condições ambientais. A RNA predita deverá ser capaz de prever com eficiência os experimentos contemporâneos nos quais foram realizadas apenas mensurações pertinentes.

A RNA poderia ainda ser utilizada para predição do AACPD segundo princípios de outros métodos. SIMKO e PIEPHO (2012) propuseram, para o cálculo da AACPD, uma série de avaliações sob quais devem ser fornecidas pesos diferenciados à primeira e à última, as quais são normalmente penalizadas em outros sistemas de avaliação. Uma RNA poderia, por exemplo, ser treinada com a primeira, a última, e uma séria reduzida de avaliações intermediárias e, ainda assim, permitir a obtenção da AACPD, reduzindo custo e tempo.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALEXOPOULOS, C. J.; MIMS, C. W.; BLACKWELL, M. **Introductory Mycology**. New York: John Wiley & Sons, Inc: 869 p. 1996.

AZEVEDO, L. A. S. D.; JULIATTI, F. C.; BARRETO, M. Resistance of soybean genotypes of the cerrado region to rust caused by *Phakopsora pachyrhizi*. **Summa Phytopathologica**, v. 33, n. 3, p. 252-257, 2007.

BISHOP, C. M. **Pattern recognition and machine learning**. New York: Springer, 2006. 738 p.

BRAGA, A. D. P.; CARVALHO, A. P. L. F.; LUDERMIR, T. B. **Redes neurais artificiais: teoria e aplicações**. Rio de Janeiro, RJ: Livros Técnicos e Científicos, 2000.



- CERQUEIRA, E. O. D.; ANDRADE, J. C. D.; POPPI, R. J.; MELLO, C. Redes neurais e suas aplicações em calibração multivariada. **Química Nova**, v. 24, n. 6, p. 864-873, 2001.
- CHAVES, M. S.; MARTINELLI, J. A.; FEDERIZZI, L. C. Resistência quantitativa à ferrugem da folha em genótipos de aveia branca: I-Characterização da reação em condições de campo. **Fitopatologia Brasileira**, v. 29, n. 1, 2004.
- 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.
- DING, S.; LI, H.; SU, C.; YU, J.; JIN, F. Evolutionary artificial neural networks: a review. **Artificial Intelligence Review**, v. 39, n. 3, p. 251-260, 2013.
- FERRANDINO, F.; ELMER, W. Reduction in tomato yield due to Septoria leaf spot. **Plant Disease**, n. 76, p. 208-211, 1992.
- GIANOLA, D.; OKUT, H.; WEIGEL, K. A.; ROSA, G. J. Predicting complex quantitative traits with Bayesian neural networks: a case study with Jersey cows and wheat. **Bmc Genetics**, v. 12, n. 1, p. 87, 2011.
- GOMES, J. F. S.; LETA, F. R. Applications of computer vision techniques in the agriculture and food industry: a review. **European Food Research and Technology**, v. 235, n. 6, p. 989-1000, 2012.
- GONÇALVES, R. M.; COELHO, L.; KRUEGER, C. H.; HECK, B. B. Modelagem preditiva de Linha de Costa utilizando redes neurais artificiais. **Boletim de Ciências Geodésicas**, v. 16, n. 3, p. 420-444, 2010.
- GOYAL, S. Artificial neural networks in vegetables: A comprehensive review. **Scientific Journal of Crop Science**, v. 2, n. 7, p. 75-94, 2013.
- HORNEBURG, B.; BECKER, H. C. Selection for Phytophthora field resistance in the F2 generation of organic outdoor tomatoes. **Euphytica**, v. 180, n. 3, p. 357-367, 2011.
- IRZHANSKY, I.; COHEN., Y. Inheritance of resistance against Phytophthora infestans in Lycopersicon pimpinellifolium L3707. **Euphytica**, v. 149, p. 309-316, 2006.
- JEGER, M.; VILJANEN-ROLLINSON, S. The use of the area under the disease-progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, n. 1, p. 32-40, 2001.
- JÚNIOR, D. G.; POZZA, E. A.; POZZA, A. A.; SOUZA, P. E.; CARVALHO, J. G.; BALIEIRO, A. C. Incidência e severidade da cercosporiose do cafeeiro em função do suprimento de potássio e cálcio em solução nutritiva. **Fitopatologia Brasileira**, v. 28, n. 3, p. 286-291, 2003.
- MARHADOUR, S.; PELLÉ, R.; ABIVEN, J.-M.; AUROUSSEAU, F.; DUBREUIL, H.; LE HINGRAT, Y.; CHAUVIN, J.-E. Disease Progress Curve Parameters Help to Characterise the Types of Resistance to Late Blight Segregating in Cultivated Potato. **Potato Research**, v. 56, n. 2, p. 99-114, 2013.
- MATLAB, M. Version 7.10. 0 (R2010a). **The MathWorks Inc., Natick, Massachusetts**, 2010.
- MUKHERJEE, A. K.; MOHAPATRA, N. K.; NAYAK, P. Estimation of area under the disease progress curves in a rice-blast pathosystem from two data points. **European Journal of Plant Pathology**, v. 127, n. 1, p. 33-39, 2010.
- NAIKWADI, S.; AMODA, N. ADVANCES IN IMAGE PROCESSING FOR DETECTION OF PLANT DISEASES. **Disease management**, v. 2, n. 11, 2013.

PATIL, J. K.; KUMAR, R. Advances in image processing for detection of plant diseases. **Journal of Advanced Bioinformatics Applications and Research**, v. 2, n. 2, p. 135-141, 2011.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, , 2013.

SHANER, G.; FINNEY, R. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, v. 67, n. 8, p. 1051-1056, 1977.

SIMKO, I.; PIEPHO, H.-P. The area under the disease progress stairs: calculation, advantage, and application. **Phytopathology**, v. 102, n. 4, p. 381-389, 2012.

TIGER, B.; VERMA, T. Identification and Classification of Normal and Infected Apples using Neural Network. **International Journal**, 2013.

VENTURA, R.; SILVA, M.; MEDEIROS, T.; DIONELLO, N.; MADALENA, F.; FRIDRICH, A.; VALENTE, B.; SANTOS, G.; FREITAS, L.; WENCESLAU, R. Use of artificial neural networks in breeding values prediction for weight at 205 days in Tabapuã beef cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 64, n. 2, p. 411-418, 2012.

# ANEXO

## Tabelas Suplementares

Tabela S1: Utilizando a RNA gerado no experimentos 1 para predizer com duas avaliações (12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1				Experimento 2				Experimento 3				Experimento 4							
Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA		Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA		Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA		Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA					
8	667	a	593.52	a	47	579.3333	a	386.7906	a	29	515.3333	a	372.771878	a	30	341	a	194.30746	a
20	619.6667	a	588.633	a	33	548.6667	a	398.1925	a	51	454.16667	a	262.119849	b	9	339.83333	a	184.24824	a
53	611	a	589.2452	a	45	538.3333	a	367.9923	a	14	454	a	381.77933	a	51	339	a	168.65582	a
51	604.3333	a	589.2452	a	27	534	a	371.0023	a	2	418.66667	b	317.382891	a	12	332.66667	a	183.52277	a
34	596.3333	a	576.0055	a	18	524.5	a	351.5001	a	48	409	b	257.327662	b	8	330.66667	a	210.82303	a
32	585.3333	a	581.0612	a	17	522.8333	a	352.6985	a	27	405.16667	b	265.511322	b	50	320.66667	a	173.92636	a
2	583	a	578.7847	a	15	520.6667	a	377.2323	a	31	403.16667	b	283.108011	b	20	289.33333	a	163.28859	a
46	580.3333	a	589.2461	a	29	520.3333	a	351.5617	a	21	400.16667	b	259.744113	b	36	281.33333	a	154.67512	b
50	574	a	568.9681	a	38	519.6667	a	349.1343	a	16	372.33333	c	241.61672	b	49	280.16667	a	144.64352	b
52	565.6667	b	572.8773	a	25	518	a	354.1212	a	35	367.66667	c	271.587906	b	41	277.33333	a	137.09206	b
24	562.3333	b	542.9585	b	14	509	b	351.1079	a	41	367.66667	c	275.623683	b	52	275.83333	a	152.20226	b
18	556	b	547.6361	b	46	504.3333	b	335.5008	b	49	367.5	c	261.23032	b	4	266.66667	b	139.56783	b
14	554	b	573.6203	a	28	502.6667	b	344.7668	a	1	359	c	219.002392	b	5	263.16667	b	143.28626	b
48	551.8333	b	543.2793	b	11	500.1667	b	327.3341	b	28	352.16667	c	222.595818	b	26	258.16667	b	145.61482	b
39	550.6667	b	548.4987	b	10	498.6667	b	334.8209	b	7	349	c	244.765902	b	40	241.33333	b	128.51984	b
31	549.6667	b	557.4066	a	35	498.1667	b	321.0141	b	44	339.66667	c	207.352136	b	16	240.66667	b	128.53869	b
45	544.5	b	537.6922	b	39	497.3333	b	332.431	b	50	339.66667	c	196.927286	b	7	239.83333	b	122.10329	b
49	541.3333	b	548.11	b	1	495.3333	b	349.6254	a	37	337	c	212.61023	b	10	229	b	126.41884	b
12	539	b	591.9111	a	13	492.1667	b	334.136	b	43	328.66667	c	177.125929	c	46	222.83333	b	117.51839	b
7	538.3333	b	521.1654	b	4	492	b	335.4417	b	34	326.33333	c	231.26934	b	24	216.5	b	119.25323	b
38	536.5	b	524.9483	b	21	488.5	b	323.5333	b	42	323.83333	c	201.32167	b	18	211.83333	b	123.77308	b
42	532.8333	b	537.7761	b	30	487.8333	b	303.6158	c	39	321.5	c	196.851363	b	1	211.16667	b	125.13154	b
47	517.1667	b	526.6526	b	20	481.3333	b	314.4129	b	8	313.16667	c	209.656941	b	47	208.33333	b	106.90845	c
35	514	b	502.5023	c	5	480.3333	b	329.1314	b	26	312.66667	c	188.209901	c	48	204.16667	b	136.43396	b
13	513.5	b	511.8294	b	34	479.1667	b	319.3456	b	46	311.16667	c	185.672889	c	17	203.83333	b	104.51356	c
41	502.6667	c	472.5816	c	16	477.1667	b	314.8076	b	9	310.83333	c	186.372355	c	2	191.83333	c	110.31109	c
26	501.8333	c	501.266	c	40	476.6667	b	315.2051	b	22	305.83333	c	210.205351	b	28	188	c	119.75731	b
4	498.6667	c	487.414	c	37	472.3333	c	301.8735	c	20	304.66667	c	181.651064	c	45	177.83333	c	92.18865	c
16	496.6667	c	520.5299	b	9	471.5	c	314.6179	b	15	301.66667	c	206.18773	b	42	175	c	98.56958	c
25	496	c	476.625	c	24	469.3333	c	298.9499	c	25	299.83333	c	173.9745	c	39	169.83333	c	86.04461	c
30	493	c	514.0686	b	36	463.5	c	294.9613	c	52	292.66667	c	158.158583	c	11	169.66667	c	90.65415	c
5	491.8333	c	491.915	c	23	462.6667	c	297.7144	c	47	291.66667	c	160.488001	c	31	168.66667	c	89.25102	c
1	491.5	c	492.8049	c	44	460.5	c	294.2167	c	11	283.83333	d	157.319445	c	33	163.66667	c	84.38248	c
40	488.3333	c	513.446	b	19	460	c	286.7475	c	23	278.33333	d	169.793579	c	6	163.16667	c	101.46285	c
17	484.6667	c	491.2055	c	3	452.1667	c	282.4169	c	38	274.66667	d	142.092903	c	3	156.66667	c	95.02802	c
43	479.8333	c	496.6435	c	43	451	c	285.8179	c	12	272.83333	d	152.349783	c	34	156.5	c	107.75901	c
10	478.6667	c	482.2707	c	42	448.5	c	276.6469	c	33	270.33333	d	140.422589	c	29	143.5	c	78.76652	c
33	478	c	469.87	c	8	444.3333	c	264.599	d	17	270.16667	d	150.762161	c	25	143.16667	c	86.7591	c
19	475.1667	c	471.3249	c	26	442.3333	c	281.5136	c	45	254.83333	d	132.942642	c	37	141	c	100.91514	c
28	470.1667	c	476.6285	c	41	442.1667	c	276.0707	c	10	251.16667	d	143.561822	c	23	138	c	84.99403	c
3	462.1667	c	469.4435	c	31	440	c	264.8613	d	13	250.83333	d	140.86281	c	13	126.5	c	74.07923	c
9	459	c	479.276	c	2	423.1667	d	268.1927	d	32	244.83333	d	149.700159	c	19	115.66667	d	71.3487	c
23	458.8333	c	477.7224	c	22	422.8333	d	253.7157	d	18	241.16667	d	140.168124	c	22	107.33333	d	63.65226	d
22	450.1667	d	494.1836	c	32	421	d	253.6744	d	40	229.83333	d	147.637069	c	32	106	d	63.96081	d
27	447.3333	d	441.3311	d	7	413.6667	d	262.712	d	24	221.5	d	116.720592	d	15	93.66667	d	68.20921	d
29	430.8333	d	447.4102	d	12	392	d	229.1407	d	30	215.5	d	103.357439	c	21	92.5	d	56.94579	d
11	426.8333	d	420.1732	d	6	381.8333	d	216.8356	d	5	213	d	116.112335	c	43	92.33333	d	40.03084	d
15	419.5	d	425.1879	d						36	207.83333	d	107.102478	c	44	80.16667	d	41.96093	d
21	414.3333	d	435.4051	d						4	201.33333	d	95.841841	c	14	73.33333	d	44.87693	d
6	405.3333	d	424.8055	d						19	87.83333	e	30.988389	d	35	70.16667	d	32.07322	d
44	404.5	d	395.5302	e						6	67.33333	e	26.907337	d	27	67.16667	d	32.84152	d
37	356	e	349.2593	e						3	31	e	2.687694	d	38	49.16667	d	19.05582	d
36	245.8333	f	288.4658	f															

Tabela S2: Utilizando a RNA gerado no experimentos 2 para prever com duas avaliações (12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1				Experimento 2				Experimento 3				Experimento 4			
Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA		Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA		Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA		Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	
8	667	a	724.6789	a	47	579.3333	a	552.3054	a	29	515.33333	a	505.061	a	347.6581
20	619.6667	a	720.976	a	33	548.6667	a	562.3191	a	51	454.16667	a	415.1164	b	343.4639
53	611	a	721.7452	a	45	538.3333	a	536.7351	a	14	454	a	477.6131	a	330.9894
51	604.3333	a	721.7452	a	27	534	a	537.8755	a	2	418.66667	b	434.2467	b	342.6201
34	596.3333	a	711.4817	a	18	524.5	a	514.0774	a	48	409	b	407.5419	b	356.1397
32	585.3333	a	715.917	a	17	522.8333	a	521.1631	a	27	405.16667	b	407.17	b	338.2589
2	583	a	713.2662	a	15	520.6667	a	539.7852	a	31	403.16667	b	414.1493	b	315.8055
46	580.3333	a	713.0785	a	29	520.3333	a	520.4781	a	21	400.16667	b	404.8575	b	314.265
50	574	a	707.1943	a	38	519.6667	a	515.752	a	16	372.33333	c	383.8788	c	304.8085
52	565.6667	b	710.0888	a	25	518	a	520.4836	a	35	367.66667	c	395.9132	b	291.9804
24	562.3333	b	688.1705	a	14	509	b	517.6203	a	41	367.66667	c	400.4562	b	292.6342
18	556	b	690.9155	a	46	504.3333	b	504.4828	b	49	367.5	c	386.2574	c	294.1749
14	554	b	710.4884	a	28	502.6667	b	509.0712	b	1	359	c	375.405	c	290.3301
48	551.8333	b	686.1473	a	11	500.1667	b	496.1693	b	28	352.16667	c	368.868	c	276.002
39	550.6667	b	687.0416	a	10	498.6667	b	501.0853	b	7	349	c	371.5546	c	268.7492
31	549.6667	b	696.9653	a	35	498.1667	b	496.502	b	44	339.66667	c	351.7356	c	285.1394
45	544.5	b	668.26	b	39	497.3333	b	495.8669	b	50	339.66667	c	358.5394	c	269.091
49	541.3333	b	691.9338	a	1	495.3333	b	503.1646	b	37	337	c	357.9634	c	264.7266
12	539	b	722.3646	a	13	492.1667	b	493.5311	b	43	328.66667	c	338.6305	c	258.284
7	538.3333	b	670.8985	b	4	492	b	499.3406	b	34	326.33333	c	356.7421	c	270.0969
38	536.5	b	655.2385	b	21	488.5	b	492.1528	b	42	323.83333	c	348.0664	c	252.6406
42	532.8333	b	683.2146	a	30	487.8333	b	478.4863	b	39	321.5	c	343.6176	c	254.9177
47	517.1667	b	674.2196	b	20	481.3333	b	485.7584	b	8	313.16667	c	349.5158	c	242.1749
35	514	b	657.2774	b	5	480.3333	b	488.3281	b	26	312.66667	c	341.1197	c	250.7337
13	513.5	b	660.9225	b	34	479.1667	b	486.4827	b	46	311.16667	c	335.698	c	246.5965
41	502.6667	c	631.9472	b	16	477.1667	b	483.3594	b	9	310.83333	c	325.8317	d	238.9561
26	501.8333	c	655.9463	b	40	476.6667	b	480.9526	b	22	305.83333	c	358.1991	c	241.507
4	498.6667	c	645.2655	b	37	472.3333	c	470.3335	b	20	304.66667	c	328.5817	d	225.2299
16	496.6667	c	669.6644	b	9	471.5	c	481.2028	b	15	301.66667	c	342.6988	c	232.7703
25	496	c	636.0712	b	24	469.3333	c	466.8323	c	25	299.83333	c	328.7455	d	225.5388
30	493	c	663.0099	b	36	463.5	c	467.2353	c	52	292.66667	c	316.4704	d	224.0265
5	491.8333	c	647.8704	b	23	462.6667	c	467.5984	c	47	291.66667	c	318.6173	d	216.44
1	491.5	c	648.8205	b	44	460.5	c	460.4173	c	11	283.83333	d	308.1606	d	216.0768
40	488.3333	c	663.5574	b	19	460	c	456.8721	c	23	278.33333	d	308.6412	d	221.418
17	484.6667	c	644.2786	b	3	452.1667	c	452.4224	c	38	274.66667	d	305.1491	d	209.4198
43	479.8333	c	649.6421	b	43	451	c	455.3582	c	12	272.83333	d	298.033	d	222.8317
10	478.6667	c	636.4592	b	42	448.5	c	442.8347	c	33	270.33333	d	302.8302	d	205.8827
33	478	c	628.6006	b	8	444.3333	c	432.5672	d	17	270.16667	d	310.4557	d	208.6428
19	475.1667	c	631.3133	b	26	442.3333	c	450.2894	c	45	254.83333	d	289.9708	d	223.5576
28	470.1667	c	629.9566	b	41	442.1667	c	437.289	d	10	251.16667	d	290.4376	d	212.3496
3	462.1667	c	627.7198	b	31	440	c	434.3982	d	13	250.83333	d	292.1047	d	219.1128
9	459	c	635.2645	b	2	423.1667	d	428.536	d	32	244.83333	d	292.976	d	199.9434
23	458.8333	c	634.4114	b	22	422.8333	d	423.5681	d	18	241.16667	d	295.9215	d	200.3923
22	450.1667	d	647.0778	b	32	421	d	420.0527	d	40	229.83333	d	284.8116	d	198.5105
27	447.3333	d	606.883	c	7	413.6667	d	417.5036	d	24	221.5	d	271.9855	d	196.6387
29	430.8333	d	605.1996	c	12	392	d	399.5651	d	30	215.5	d	261.4752	d	192.467
11	426.8333	d	585.3146	c	6	381.8333	d	383.1948	d	5	213	d	268.0669	d	181.1218
15	419.5	d	588.7263	c						36	207.83333	d	248.8493	d	181.4759
21	414.3333	d	597.3766	c						4	201.33333	d	257.5602	d	187.2479
6	405.3333	d	586.9143	c						19	87.83333	e	183.0236	e	182.1916
44	404.5	d	527.4711	d						6	67.33333	e	174.2539	e	170.9818
37	356	e	463.8807	e						3	31	e	155.4555	e	160.8282
36	245.8333	f	425.9079	e											

Tabela S3: Utilizando a RNA gerado no experimentos 3 para predizer com duas avaliações (12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1		Experimento 2		Experimento 3		Experimento 4	
Genótipos	AACP Obs	Genótipos	AACP Obs	Genótipos	AACP Obs	Genótipos	AACP Obs
8	667 a	47	579.3333 a	29	515.3333 a	30	341 a
20	619.6667 a	33	548.6667 a	51	454.1667 a	9	339.8333 a
53	611 a	45	538.3333 a	14	454 a	51	339 a
51	604.3333 a	27	534 a	2	418.6667 b	12	332.6667 a
34	596.3333 a	18	524.5 a	48	409 b	8	330.6667 a
32	585.3333 a	17	522.8333 a	27	405.1667 b	50	320.6667 a
2	583 a	15	520.6667 a	31	403.1667 b	20	289.3333 a
46	580.3333 a	29	520.3333 a	21	400.1667 b	36	281.3333 a
50	574 a	38	519.6667 a	16	372.3333 c	49	280.1667 a
52	565.6667 b	25	518 a	35	367.6667 c	41	277.3333 a
24	562.3333 b	14	509 b	41	367.6667 c	52	275.8333 a
18	556 b	46	504.3333 b	49	367.5 c	4	266.6667 b
14	554 b	28	502.6667 b	1	359 c	5	263.1667 b
48	551.8333 b	11	500.1667 b	28	352.1667 c	26	258.1667 b
39	550.6667 b	10	498.6667 b	7	349 c	40	241.3333 b
31	549.6667 b	35	498.1667 b	44	339.6667 c	16	240.6667 b
45	544.5 b	39	497.3333 b	50	339.6667 c	7	239.8333 b
49	541.3333 b	1	495.3333 b	37	337 c	10	229 b
12	539 b	13	492.1667 b	43	328.6667 c	46	222.8333 b
7	538.3333 b	4	492 b	34	326.3333 c	24	216.5 b
38	536.5 b	21	488.5 b	42	323.8333 c	18	211.8333 b
42	532.8333 b	30	487.8333 b	39	321.5 c	1	211.1667 b
47	517.1667 b	20	481.3333 b	8	313.1667 c	47	208.3333 b
35	514 b	5	480.3333 b	26	312.6667 c	48	204.1667 b
13	513.5 b	34	479.1667 b	46	311.1667 c	17	203.8333 b
41	502.6667 c	16	477.1667 b	9	310.8333 c	2	191.8333 c
26	501.8333 c	40	476.6667 b	22	305.8333 c	28	188 c
4	498.6667 c	37	472.3333 c	20	304.6667 c	45	177.8333 c
16	496.6667 c	9	471.5 c	15	301.6667 c	42	175 c
25	496 c	24	469.3333 c	25	299.8333 c	39	169.8333 c
30	493 c	36	463.5 c	52	292.6667 c	11	169.6667 c
5	491.8333 c	23	462.6667 c	47	291.6667 c	31	168.6667 c
1	491.5 c	44	460.5 c	11	283.8333 d	33	163.6667 c
40	488.3333 c	19	460 c	23	278.3333 d	6	163.1667 c
17	484.6667 c	3	452.1667 c	38	274.6667 d	3	156.6667 c
43	479.8333 c	43	451 c	12	272.8333 d	34	156.5 c
10	478.6667 c	42	448.5 c	33	270.3333 d	29	143.5 c
33	478 c	8	444.3333 c	17	270.1667 d	25	143.1667 c
19	475.1667 c	26	442.3333 c	45	254.8333 d	37	141 c
28	470.1667 c	41	442.1667 c	10	251.1667 d	23	138 c
3	462.1667 c	31	440 c	13	250.8333 d	13	126.5 c
9	459 c	2	423.1667 d	32	244.8333 d	19	115.6667 d
23	458.8333 c	22	422.8333 d	18	241.1667 d	22	107.3333 d
22	450.1667 d	32	421 d	40	229.8333 d	32	106 d
27	447.3333 d	7	413.6667 d	24	221.5 d	15	93.66667 d
29	430.8333 d	12	392 d	30	215.5 d	21	92.5 d
11	426.8333 d	6	381.8333 d	5	213 d	43	92.33333 d
15	419.5 d			36	207.8333 d	44	80.16667 d
21	414.3333 d			4	201.3333 d	14	73.33333 d
6	405.3333 d			19	87.83333 e	35	70.16667 d
44	404.5 d			6	67.33333 e	27	67.16667 d
37	356 e			3	31 e	38	49.16667 d
36	245.8333 f						61.39541 d

Tabela S4: Utilizando a RNA gerado no experimentos 4 para predizer com duas avaliações (12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1		Experimento 2		Experimento 3		Experimento 4	
Genótipos	AACPD Obs	Genótipos	AACPD Obs	Genótipos	AACPD Obs	Genótipos	AACPD Obs
1	491.5 c	1	495.3333 b	1	359 c	1	211.1667 b
10	478.6667 c	10	498.6667 b	10	251.1667 d	10	229 b
11	426.8333 d	11	500.1667 b	11	283.8333 d	11	169.6667 c
12	539 b	12	392 d	12	272.8333 d	12	332.6667 a
13	513.5 b	13	492.1667 b	13	250.8333 d	13	126.5 c
14	554 b	14	509 b	14	454 a	14	73.33333 d
15	419.5 d	15	520.6667 a	15	301.6667 c	15	93.66667 d
16	496.6667 c	16	477.1667 b	16	372.3333 c	16	240.6667 b
17	484.6667 c	17	522.8333 a	17	270.1667 d	17	203.8333 b
18	556 b	18	524.5 a	18	241.1667 d	18	211.8333 b
19	475.1667 c	19	460 c	19	87.83333 e	19	115.6667 d
2	583 a	2	423.1667 d	2	418.6667 b	2	191.8333 c
20	619.6667 a	20	481.3333 b	20	304.6667 c	20	289.3333 a
21	414.3333 d	21	488.5 b	21	400.1667 b	21	92.5 d
22	450.1667 d	22	422.8333 d	22	405.8333 c	22	107.3333 d
23	458.8333 c	23	462.6667 c	23	278.3333 d	23	138 c
24	562.3333 b	24	469.3333 c	24	221.5 d	24	216.5 b
25	496 c	25	518 a	25	299.8333 c	25	143.1667 c
26	501.8333 c	26	442.3333 c	26	312.6667 c	26	258.1667 b
27	447.3333 d	27	534 a	27	405.1667 b	27	67.16667 d
28	470.1667 c	28	502.6667 b	28	352.1667 c	28	188 c
29	430.8333 d	29	520.3333 a	29	515.3333 a	29	143.5 c
3	462.1667 c	3	452.1667 c	3	31 e	3	156.6667 c
30	493 c	30	487.8333 b	30	215.5 d	30	341 a
31	549.6667 b	31	440 c	31	403.1667 b	31	168.6667 c
32	585.3333 a	32	421 d	32	244.8333 d	32	106 d
33	478 c	33	548.6667 a	33	270.3333 d	33	163.6667 c
34	596.3333 a	34	479.1667 b	34	326.3333 c	34	156.5 c
35	514 b	35	498.1667 b	35	367.6667 c	35	70.16667 d
36	245.8333 f	36	463.5 c	36	207.8333 d	36	281.3333 a
37	356 e	37	472.3333 c	37	337 c	37	141 c
38	536.5 b	38	519.6667 a	38	274.6667 d	38	49.16667 d
39	550.6667 b	39	497.3333 b	39	321.5 c	39	169.8333 c
4	498.6667 c	4	492 b	4	201.3333 d	4	266.6667 b
40	488.3333 c	40	476.6667 b	40	229.8333 d	40	241.3333 b
41	502.6667 c	41	442.1667 c	41	367.6667 c	41	277.3333 a
42	532.8333 b	42	448.5 c	42	323.8333 c	42	175 c
43	479.8333 c	43	451 c	43	328.6667 c	43	92.33333 d
44	404.5 d	44	460.5 c	44	339.6667 c	44	80.16667 d
45	544.5 b	45	538.3333 a	45	254.8333 d	45	177.8333 c
46	580.3333 a	46	504.3333 b	46	311.1667 c	46	222.8333 b
47	517.1667 b	47	579.3333 a	47	291.6667 c	47	208.3333 b
48	551.8333 b	48	480.3333 b	48	409 b	48	204.1667 b
49	541.3333 b	49	381.8333 d	49	367.5 c	49	280.1667 a
5	491.8333 c	5	413.6667 d	5	213 d	5	263.1667 b
50	574 a	50	444.3333 c	50	339.6667 c	50	320.6667 a
51	604.3333 a	51	471.5 c	51	454.1667 a	51	339 a
52	565.6667 b	52	292.6667 c	52	292.6667 c	52	275.8333 a
53	611 a	53	701.1228 a	53	67.33333 e	53	163.1667 c
6	405.3333 d	6	635.8243 b	6	349 c	6	239.8333 b
7	538.3333 b	7	686.6598 a	7	313.1667 c	7	330.6667 a
8	667 a	8	701.3346 a	8	310.8333 c	8	339.8333 a
9	459 c	9	661.9639 b	9	310.8333 c	9	339.8333 a

Tabela S5: Utilizando a RNA gerado no experimentos 1 para predizer com três avaliações (9, 12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1			Experimento 2			Experimento 3			Experimento 4		
Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA
8	667 a	602.6386 a	47	579.3333 a	368.3127 a	29	515.33333 a	277.34869 a	30	341 a	189.2372289 a
20	619.6667 a	611.8088 a	33	548.6667 a	335.6595 a	51	454.16667 a	249.20455 a	9	339.83333 a	193.2826544 a
53	611 a	600.1254 a	45	538.3333 a	334.8942 a	14	454 a	213.4257 b	51	339 a	189.81532 a
51	604.3333 a	601.3733 a	27	534 a	324.4532 a	2	418.66667 b	189.75348 b	12	332.66667 a	186.8908833 a
34	596.3333 a	581.5433 a	18	524.5 a	316.0755 a	48	409 b	207.76144 b	8	330.66667 a	182.6145552 a
32	585.3333 a	595.2723 a	17	522.8333 a	324.1352 a	27	405.16667 b	207.78633 b	50	320.66667 a	173.6160689 a
2	583 a	585.2324 a	15	520.6667 a	305.6565 b	31	403.16667 b	185.26708 c	20	289.33333 a	166.2199166 a
46	580.3333 a	587.5601 a	29	520.3333 a	316.3712 a	21	400.16667 b	194.67327 b	36	281.33333 a	149.7110373 b
50	574 a	577.7271 a	38	519.6667 a	316.6474 a	16	372.33333 c	168.86815 c	49	280.16667 a	142.8982538 b
52	565.6667 b	564.4017 a	25	518 a	315.3357 a	35	367.66667 c	145.41555 c	41	277.33333 a	144.7272878 b
24	562.3333 b	555.2742 b	14	509 b	297.8029 b	41	367.66667 c	143.10321 c	52	275.83333 a	147.3320386 b
18	556 b	554.9121 b	46	504.3333 b	298.6449 b	49	367.5 c	153.22702 c	4	266.66667 b	146.7077117 b
14	554 b	562.8279 a	28	502.6667 b	291.4905 b	1	359 c	176.47053 c	5	263.16667 b	152.2034894 b
48	551.8333 b	550.0863 b	11	500.1667 b	298.9266 b	28	352.16667 c	157.36111 c	26	258.16667 b	146.8517106 b
39	550.6667 b	555.9043 b	10	498.6667 b	293.4628 b	7	349 c	153.5004 c	40	241.33333 b	128.9094918 b
31	549.6667 b	566.1338 a	35	498.1667 b	299.8994 b	44	339.66667 c	152.81285 c	16	240.66667 b	118.167394 b
45	544.5 b	546.1064 b	39	497.3333 b	288.4965 b	50	339.66667 c	156.24341 c	7	239.83333 b	131.0161017 b
49	541.3333 b	552.2458 b	1	495.3333 b	278.7527 c	37	337 c	153.94934 c	10	229 b	137.7174739 b
12	539 b	537.1065 b	13	492.1667 b	285.1282 c	43	328.66667 c	170.17037 c	46	222.83333 b	122.4644404 b
7	538.3333 b	540.3918 b	4	492 b	282.036 c	34	326.33333 c	133.99022 d	24	216.5 b	109.0858242 b
38	536.5 b	542.3078 b	21	488.5 b	289.0748 b	42	323.83333 c	145.90983 c	18	211.83333 b	125.8477239 b
42	532.8333 b	533.5441 b	30	487.8333 b	294.9232 b	39	321.5 c	131.69758 d	1	211.16667 b	122.9581367 b
47	517.1667 b	523.3166 b	20	481.3333 b	279.3075 c	8	313.16667 c	113.42638 d	47	208.33333 b	105.3177118 b
35	514 b	509.0567 b	5	480.3333 b	267.8738 c	26	312.66667 c	129.02376 d	48	204.16667 b	114.249857 b
13	513.5 b	511.9996 b	34	479.1667 b	272.7569 c	46	311.16667 c	137.30182 c	17	203.83333 b	101.1999239 c
41	502.6667 c	492.2725 c	16	477.1667 b	269.4079 c	9	310.83333 c	120.22344 d	2	191.83333 c	113.6485384 b
26	501.8333 c	509.56 b	40	476.6667 b	271.8833 c	22	305.83333 c	153.01345 c	28	188 c	115.2333292 b
4	498.6667 c	491.1892 c	37	472.3333 c	274.609 c	20	304.66667 c	143.7919 c	45	177.83333 c	83.9869444 c
16	496.6667 c	502.3776 c	9	471.5 c	272.2005 c	15	301.66667 c	121.03307 d	42	175 c	94.7320859 c
25	496 c	493.7553 c	24	469.3333 c	273.0883 c	25	299.83333 c	123.06701 d	39	169.83333 c	89.1069542 c
30	493 c	492.5968 c	36	463.5 c	268.1224 c	52	292.66667 c	125.62789 d	11	169.66667 c	84.9305632 c
5	491.8333 c	507.0438 b	23	462.6667 c	265.7688 c	47	291.66667 c	125.53331 d	31	168.66667 c	92.5405523 c
1	491.5 c	493.1058 c	44	460.5 c	260.5251 c	11	283.83333 d	111.84235 d	33	163.66667 c	82.412528 c
40	488.3333 c	487.1188 c	19	460 c	268.382 c	23	278.33333 d	117.86314 d	6	163.16667 c	92.6577274 c
17	484.6667 c	498.0748 c	3	452.1667 c	260.2889 c	38	274.66667 d	107.87943 d	3	156.66667 c	88.5834457 c
43	479.8333 c	478.8137 c	43	451 c	253.1258 d	12	272.83333 d	104.43665 d	34	156.5 c	83.5686148 c
10	478.6667 c	484.1521 c	42	448.5 c	270.6649 c	33	270.33333 d	108.10535 d	29	143.5 c	71.2947248 c
33	478 c	481.5759 c	8	444.3333 c	265.1989 c	17	270.16667 d	96.98078 d	25	143.16667 c	75.6989377 c
19	475.1667 c	483.6188 c	26	442.3333 c	241.598 d	45	254.83333 d	104.85037 d	37	141 c	77.0017321 c
28	470.1667 c	476.5271 c	41	442.1667 c	267.8012 c	10	251.16667 d	93.33814 d	23	138 c	59.4814266 c
3	462.1667 c	462.8475 c	31	440 c	256.2428 c	13	250.83333 d	81.61787 d	13	126.5 c	61.3918076 c
9	459 c	459.2832 c	2	423.1667 d	232.378 d	32	244.83333 d	89.66412 d	19	115.66667 d	43.0454094 d
23	458.8333 c	466.826 c	22	422.8333 d	240.6482 d	18	241.16667 d	91.16881 d	22	107.33333 d	55.555147 c
22	450.1667 d	456.7991 c	32	421 d	242.6238 d	40	229.83333 d	81.90723 d	32	106 d	51.741522 d
27	447.3333 d	433.5235 d	7	413.6667 d	245.4763 d	24	221.5 d	79.55263 d	15	93.66667 d	45.2150231 d
29	430.8333 d	436.0672 d	12	392 d	219.238 d	30	215.5 d	100.03261 d	21	92.5 d	37.6817814 d
11	426.8333 d	427.8698 d	6	381.8333 d	235.9486 d	5	213 d	107.31597 d	43	92.33333 d	30.6695388 d
15	419.5 d	418.9726 d				36	207.83333 d	53.74485 e	44	80.16667 d	14.9333088 d
21	414.3333 d	408.0351 d				4	201.33333 d	73.85129 d	14	73.33333 d	13.8277961 d
6	405.3333 d	406.0161 d				19	87.83333 e	19.37782 e	35	70.16667 d	10.0522737 d
44	404.5 d	409.5056 d				6	67.33333 e	14.23342 e	27	67.16667 d	15.740389 d
37	356 e	352.6266 e				3	31 e	-12.3918 e	38	49.16667 d	0.8624894 d
36	245.8333 f	253.0681 f									

Tabela S6: Utilizando a RNA gerado no experimentos 2 para predizer com três avaliações (9, 12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1			Experimento 2			Experimento 3			Experimento 4		
Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA
8	667 a	786.3372 a	47	579.3333 a	575.97 a	29	515.3333 a	499.03108 a	30	341 a	343.08619 a
20	619.6667 a	791.5716 a	33	548.6667 a	551.8527 a	51	454.16667 a	430.62473 a	9	339.83333 a	342.34334 a
53	611 a	784.4275 a	45	538.3333 a	538.5759 a	14	454 a	451.19933 a	51	339 a	335.27684 a
51	604.3333 a	785.4169 a	27	534 a	534.8074 a	2	418.66667 b	415.15575 a	12	332.66667 a	341.29148 a
34	596.3333 a	770.2387 a	18	524.5 a	521.9727 a	48	409 b	408.57913 a	8	330.66667 a	344.50475 a
32	585.3333 a	780.4085 a	17	522.8333 a	529.0623 a	27	405.16667 b	404.49341 a	50	320.66667 a	330.75127 a
2	583 a	771.5598 a	15	520.6667 a	514.9766 b	31	403.16667 b	397.18851 a	20	289.33333 a	305.48087 a
46	580.3333 a	771.8534 a	29	520.3333 a	522.3107 a	21	400.16667 b	395.97091 a	36	281.33333 a	298.82631 a
50	574 a	768.3886 a	38	519.6667 a	522.1532 a	16	372.33333 c	369.71375 b	49	280.16667 a	285.83881 b
52	565.6667 b	759.2362 a	25	518 a	521.6193 a	35	367.66667 c	365.92046 b	41	277.33333 a	280.46619 b
24	562.3333 b	750.6879 a	14	509 b	507.5196 b	41	367.66667 c	365.43911 b	52	275.83333 a	277.13407 b
18	556 b	751.5554 a	46	504.3333 b	501.9998 b	49	367.5 c	364.59661 b	4	266.66667 b	281.37977 b
14	554 b	758.8452 a	28	502.6667 b	500.8954 b	1	359 c	362.6262 b	5	263.16667 b	281.37688 b
48	551.8333 b	743.6607 a	11	500.1667 b	500.0581 b	28	352.16667 c	352.12473 b	26	258.16667 b	260.25912 b
39	550.6667 b	748.6635 a	10	498.6667 b	498.5621 b	7	349 c	346.40259 b	40	241.33333 b	247.17688 b
31	549.6667 b	758.517 a	35	498.1667 b	497.7421 b	44	339.66667 c	338.19843 b	16	240.66667 b	258.34319 b
45	544.5 b	737.5221 a	39	497.3333 b	492.3758 b	50	339.66667 c	339.78555 b	7	239.83333 b	251.66121 b
49	541.3333 b	749.0081 a	1	495.3333 b	491.8878 b	37	337 c	335.07819 b	10	229 b	252.22638 b
12	539 b	743.3441 a	13	492.1667 b	490.8396 b	43	328.66667 c	333.93733 b	46	222.83333 b	237.38827 b
7	538.3333 b	736.9624 a	4	492 b	489.6283 b	34	326.33333 c	328.65377 b	24	216.5 b	242.50836 b
38	536.5 b	728.6145 a	21	488.5 b	489.8618 b	42	323.83333 c	330.41159 b	18	211.83333 b	231.87122 b
42	532.8333 b	732.3669 a	30	487.8333 b	485.7949 b	39	321.5 c	323.7452 b	1	211.16667 b	230.92285 b
47	517.1667 b	725.1632 b	20	481.3333 b	479.1007 c	8	313.16667 c	316.12635 b	47	208.33333 b	214.47891 c
35	514 b	711.9513 b	5	480.3333 b	476.6554 c	26	312.66667 c	314.42414 b	48	204.16667 b	215.80083 c
13	513.5 b	710.0296 b	34	479.1667 b	477.1384 c	46	311.16667 c	315.67454 b	17	203.83333 b	217.17495 c
41	502.6667 c	694.1027 b	16	477.1667 b	473.1849 c	9	310.83333 c	298.88293 b	2	191.83333 c	215.76717 c
26	501.8333 c	712.4064 b	40	476.6667 b	475.131 c	22	305.83333 c	317.12128 b	28	188 c	215.87988 c
4	498.6667 c	697.1509 b	37	472.3333 c	471.5386 c	20	304.66667 c	310.0334 b	45	177.83333 c	186.07273 c
16	496.6667 c	710.5724 b	9	471.5 c	475.1982 c	15	301.66667 c	311.07511 b	42	175 c	200.74636 c
25	496 c	698.5683 b	24	469.3333 c	469.4786 c	25	299.83333 c	301.44178 b	39	169.83333 c	192.40128 c
30	493 c	696.1832 b	36	463.5 c	464.7087 c	52	292.66667 c	294.60742 b	11	169.66667 c	188.32981 c
5	491.8333 c	706.3185 b	23	462.6667 c	463.8936 c	47	291.66667 c	298.02717 b	31	168.66667 c	186.69953 c
1	491.5 c	698.1175 b	44	460.5 c	456.921 c	11	283.83333 d	281.609 c	33	163.66667 c	179.97818 c
40	488.3333 c	694.7853 b	19	460 c	459.3333 c	23	278.33333 d	281.56579 c	6	163.16667 c	186.81913 c
17	484.6667 c	698.1899 b	3	452.1667 c	447.9366 c	38	274.66667 d	278.80712 c	3	156.66667 c	173.97276 c
43	479.8333 c	686.5664 b	43	451 c	449.153 c	12	272.83333 d	267.07337 c	34	156.5 c	177.47902 c
10	478.6667 c	683.1184 b	42	448.5 c	449.7111 c	33	270.33333 d	277.20256 c	29	143.5 c	164.96811 c
33	478 c	686.3115 b	8	444.3333 c	443.2228 d	17	270.16667 d	277.02014 c	25	143.16667 c	167.65438 c
19	475.1667 c	689.1772 b	26	442.3333 c	438.0096 d	45	254.83333 d	262.36587 c	37	141 c	176.90002 c
28	470.1667 c	676.597 b	41	442.1667 c	440.4345 d	10	251.16667 d	255.50718 c	23	138 c	160.89461 c
3	462.1667 c	667.88 b	31	440 c	438.2564 d	13	250.83333 d	254.33941 c	13	126.5 c	173.49513 c
9	459 c	664.7205 b	2	423.1667 d	427.5031 d	32	244.83333 d	257.95081 c	19	115.66667 d	141.39645 d
23	458.8333 c	672.0722 b	22	422.8333 d	423.1102 d	18	241.16667 d	263.60702 c	22	107.33333 d	153.32164 d
22	450.1667 d	666.7917 b	32	421 d	421.5257 d	40	229.83333 d	239.10992 c	32	106 d	149.55002 d
27	447.3333 d	642.7081 c	7	413.6667 d	415.2767 d	24	221.5 d	236.02469 c	15	93.66667 d	140.64065 d
29	430.8333 d	641.0941 c	12	392 d	391.0155 d	30	215.5 d	236.63116 c	21	92.5 d	135.75788 d
11	426.8333 d	626.5076 c	6	381.8333 d	393.2518 d	5	213 d	242.74257 c	43	92.33333 d	125.60779 d
15	419.5 d	623.5975 c				36	207.83333 d	196.6359 c	44	80.16667 d	114.35056 d
21	414.3333 d	619.0468 c				4	201.33333 d	221.86892 c	14	73.33333 d	119.66234 d
6	405.3333 d	614.7488 c				19	87.83333 e	124.23734 d	35	70.16667 d	117.10888 d
44	404.5 d	583.1369 c				6	67.33333 e	112.03821 d	27	67.16667 d	106.84041 d
37	356 e	499.8917 d				3	31 e	82.53163 d	38	49.16667 d	90.48387 d
36	245.8333 f	432.4723 e									



Tabela S7: Utilizando a RNA gerado no experimentos 3 para predizer com três avaliações (9, 12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1			Experimento 2			Experimento 3			Experimento 4		
Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA
8	667 a	839.3245 a	47	579.3333 a	608.722 a	29	515.33333 a	516.80211 a	30	341 a	349.35536 a
20	619.6667 a	836.5531 a	33	548.6667 a	582.0625 a	51	454.16667 a	443.35103 a	9	339.83333 a	351.80661 a
53	611 a	836.1486 a	45	538.3333 a	584.1655 a	14	454 a	456.23006 a	51	339 a	341.61007 a
51	604.3333 a	836.1369 a	27	534 a	566.3614 a	2	418.66667 b	416.90227 a	12	332.66667 a	344.78215 a
34	596.3333 a	826.3197 a	18	524.5 a	548.6771 a	48	409 b	409.52201 a	8	330.66667 a	344.81983 a
32	585.3333 a	828.897 a	17	522.8333 a	563.9174 a	27	405.16667 b	410.4342 a	50	320.66667 a	336.10706 a
2	583 a	821.5306 a	15	520.6667 a	571.3706 a	31	403.16667 b	401.6625 a	20	289.33333 a	306.77742 a
46	580.3333 a	853.5328 a	29	520.3333 a	556.4914 a	21	400.16667 b	398.22005 a	36	281.33333 a	297.6819 a
50	574 a	818.8174 a	38	519.6667 a	551.4524 a	16	372.33333 c	369.68421 b	49	280.16667 a	271.39833 b
52	565.6667 b	818.4505 a	25	518 a	551.8484 a	35	367.66667 c	365.23959 b	41	277.33333 a	275.79153 b
24	562.3333 b	797.4571 a	14	509 b	535.2358 b	41	367.66667 c	366.59521 b	52	275.83333 a	274.78673 b
18	556 b	808.4928 a	46	504.3333 b	537.1258 b	49	367.5 c	363.21517 b	4	266.66667 b	282.17958 b
14	554 b	819.5714 a	28	502.6667 b	525.1106 b	1	359 c	364.58003 b	5	263.16667 b	276.0276 b
48	551.8333 b	797.4237 a	11	500.1667 b	529.6124 b	28	352.16667 c	351.02979 b	26	258.16667 b	246.07577 b
39	550.6667 b	812.8786 a	10	498.6667 b	523.0209 b	7	349 c	352.87785 b	40	241.33333 b	247.76936 b
31	549.6667 b	814.233 a	35	498.1667 b	536.8451 b	44	339.66667 c	337.28473 b	16	240.66667 b	266.80729 b
45	544.5 b	803.7879 a	39	497.3333 b	517.9343 b	50	339.66667 c	339.36727 b	7	239.83333 b	247.3658 b
49	541.3333 b	799.8033 a	1	495.3333 b	510.8631 b	37	337 c	336.01564 b	10	229 b	240.4441 b
12	539 b	829.8216 a	13	492.1667 b	515.4188 b	43	328.66667 c	335.93089 b	46	222.83333 b	228.14511 b
7	538.3333 b	782.8136 b	4	492 b	513.9423 b	34	326.33333 c	324.79648 b	24	216.5 b	243.42326 b
38	536.5 b	811.85 a	21	488.5 b	518.889 b	42	323.83333 c	325.56246 b	18	211.83333 b	226.82944 b
42	532.8333 b	796.023 a	30	487.8333 b	526.7889 b	39	321.5 c	318.83626 b	1	211.16667 b	220.17478 b
47	517.1667 b	778.9232 b	20	481.3333 b	509.3923 b	8	313.16667 c	310.22569 b	47	208.33333 b	194.95676 c
35	514 b	755.5925 b	5	480.3333 b	497.1754 c	26	312.66667 c	313.00871 b	48	204.16667 b	204.59913 b
13	513.5 b	764.663 b	34	479.1667 b	502.6333 c	46	311.16667 c	310.67536 b	17	203.83333 b	206.18634 c
41	502.6667 c	740.3194 b	16	477.1667 b	499.7506 c	9	310.83333 c	297.7394 b	2	191.83333 c	200.23615 c
26	501.8333 c	769.69 b	40	476.6667 b	497.6751 c	22	305.83333 c	316.29703 b	28	188 c	189.8439 c
4	498.6667 c	750.7911 b	37	472.3333 c	495.8305 c	20	304.66667 c	304.26465 b	45	177.83333 c	173.25162 c
16	496.6667 c	767.4511 b	9	471.5 c	500.1131 c	15	301.66667 c	305.67902 b	42	175 c	188.6224 c
25	496 c	738.5763 b	24	469.3333 c	497.005 c	25	299.83333 c	295.81164 b	39	169.83333 c	171.00454 c
30	493 c	754.0851 b	36	463.5 c	492.0325 c	52	292.66667 c	288.00599 c	11	169.66667 c	174.83491 c
5	491.8333 c	752.3935 b	23	462.6667 c	489.4705 c	47	291.66667 c	291.18169 b	31	168.66667 c	158.22567 c
1	491.5 c	762.6092 b	44	460.5 c	477.6088 c	11	283.83333 d	272.8115 c	33	163.66667 c	158.71799 c
40	488.3333 c	765.5054 b	19	460 c	490.126 c	23	278.33333 d	277.58337 c	6	163.16667 c	192.89579 c
17	484.6667 c	754.7123 b	3	452.1667 c	482.3781 c	38	274.66667 d	269.88455 c	3	156.66667 c	150.45994 c
43	479.8333 c	756.5554 b	43	451 c	470.6512 c	12	272.83333 d	266.76895 c	34	156.5 c	160.10579 c
10	478.6667 c	735.8431 b	42	448.5 c	485.9293 c	33	270.33333 d	270.13406 c	29	143.5 c	153.01274 c
33	478 c	726.7459 b	8	444.3333 c	470.9483 c	17	270.16667 d	271.17471 c	25	143.16667 c	157.36293 c
19	475.1667 c	742.3975 b	26	442.3333 c	457.7603 d	45	254.83333 d	251.8048 c	37	141 c	169.07573 c
28	470.1667 c	731.3673 b	41	442.1667 c	485.2445 c	10	251.16667 d	245.22422 c	23	138 c	157.04887 c
3	462.1667 c	727.8265 b	31	440 c	462.7941 d	13	250.83333 d	241.18546 c	13	126.5 c	166.85893 c
9	459 c	734.2056 b	2	423.1667 d	441.9034 d	32	244.83333 d	247.96791 c	19	115.66667 d	135.61864 d
23	458.8333 c	725.7363 b	22	422.8333 d	443.7513 d	18	241.16667 d	251.20128 c	22	107.33333 d	136.15437 d
22	450.1667 d	740.7973 b	32	421 d	444.9813 d	40	229.83333 d	240.699 c	32	106 d	129.22141 d
27	447.3333 d	703.9445 c	7	413.6667 d	438.4186 d	24	221.5 d	225.70195 c	15	93.66667 d	137.31048 d
29	430.8333 d	692.539 c	12	392 d	412.0881 d	30	215.5 d	221.40008 c	21	92.5 d	125.86623 d
11	426.8333 d	677.4717 c	6	381.8333 d	419.3142 d	5	213 d	225.53851 c	43	92.33333 d	89.70632 d
15	419.5 d	677.952 c				36	207.83333 d	185.93361 c	44	80.16667 d	108.02332 d
21	414.3333 d	670.1709 c				4	201.33333 d	207.81428 c	14	73.33333 d	137.11998 d
6	405.3333 d	664.5022 c				19	87.83333 e	97.59898 d	35	70.16667 d	98.10365 d
44	404.5 d	653.8785 c				6	67.33333 e	81.76321 d	27	67.16667 d	87.68261 d
37	356 e	564.2341 d				3	31 e	42.07582 d	38	49.16667 d	63.51988 d
36	245.8333 f	451.9547 e									

Tabela S8: Utilizando a RNA gerado no experimentos 4 para predizer com três avaliações (9, 12 e 15 dpi) a AACPD deste mesmo experimento e dos demais. Análise do dados realizado considerando um experimento no delineamento inteiramente casualizado com nove repetições.

Experimento 1			Experimento 2			Experimento 3			Experimento 4		
Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA	Genótipos	AACPD Obs	AACPD RNA
8	667 a	888.9621 a	47	579.3333 a	622.5679 a	29	515.3333 a	526.65742 a	30	341 a	334.32431 a
20	619.6667 a	883.0905 a	33	548.6667 a	615.3415 a	51	454.16667 a	431.88925 b	9	339.83333 a	338.1186 a
53	611 a	885.1204 a	45	538.3333 a	594.2727 a	14	454 a	462.64272 a	51	339 a	328.36557 a
51	604.3333 a	884.8809 a	27	534 a	583.9857 a	2	418.66667 b	412.10049 b	12	332.66667 a	334.28145 a
34	596.3333 a	872.9997 a	18	524.5 a	551.7739 b	48	409 b	406.25724 b	8	330.66667 a	335.07463 a
32	585.3333 a	876.6491 a	17	522.8333 a	568.2834 a	27	405.16667 b	403.58114 b	50	320.66667 a	321.06505 a
2	583 a	870.7343 a	15	520.6667 a	550.78 b	31	403.16667 b	391.28938 b	20	289.33333 a	296.26272 a
46	580.3333 a	888.2156 a	29	520.3333 a	562.4472 a	21	400.16667 b	389.06885 b	36	281.33333 a	284.38495 a
50	574 a	865.6577 a	38	519.6667 a	555.9845 b	16	372.33333 c	363.24142 c	49	280.16667 a	265.49329 b
52	565.6667 b	869.4791 a	25	518 a	563.969 a	35	367.66667 c	358.57475 c	41	277.33333 a	266.13849 b
24	562.3333 b	839.9457 a	14	509 b	546.2159 b	41	367.66667 c	355.75153 c	52	275.83333 a	263.96387 b
18	556 b	848.8994 a	46	504.3333 b	537.7216 b	49	367.5 c	359.25371 c	4	266.66667 b	267.28982 b
14	554 b	870.2108 a	28	502.6667 b	531.1785 b	1	359 c	354.99954 c	5	263.16667 b	269.67085 b
48	551.8333 b	837.2879 a	11	500.1667 b	526.3415 b	28	352.16667 c	342.79584 c	26	258.16667 b	249.66702 b
39	550.6667 b	847.2367 a	10	498.6667 b	526.9369 b	7	349 c	337.46556 c	40	241.33333 b	230.36254 b
31	549.6667 b	856.4136 a	35	498.1667 b	532.4513 b	44	339.66667 c	329.57851 c	16	240.66667 b	236.95368 b
45	544.5 b	831.2789 a	39	497.3333 b	517.9897 b	50	339.66667 c	327.8028 c	7	239.83333 b	236.51794 b
49	541.3333 b	844.627 a	1	495.3333 b	515.8352 b	37	337 c	322.16781 c	10	229 b	238.41574 b
12	539 b	888.1664 a	13	492.1667 b	512.8861 b	43	328.66667 c	323.52293 c	46	222.83333 b	219.61823 b
7	538.3333 b	818.5772 b	4	492 b	518.839 b	34	326.33333 c	317.65862 c	24	216.5 b	219.57859 b
38	536.5 b	823.0946 b	21	488.5 b	518.7001 b	42	323.83333 c	320.5276 c	18	211.83333 b	216.89219 b
42	532.8333 b	836.4847 b	30	487.8333 b	516.1961 b	39	321.5 c	312.1721 c	1	211.16667 b	215.29286 b
47	517.1667 b	819.2288 b	20	481.3333 b	505.483 c	8	313.16667 c	301.69677 c	47	208.33333 b	194.20726 c
35	514 b	794.4017 b	5	480.3333 b	496.5445 c	26	312.66667 c	297.08328 c	48	204.16667 b	207.00237 b
13	513.5 b	800.0894 b	34	479.1667 b	502.852 c	46	311.16667 c	302.18036 c	17	203.83333 b	195.43815 c
41	502.6667 c	765.5207 b	16	477.1667 b	495.6217 c	9	310.83333 c	278.6654 d	2	191.83333 c	197.86316 c
26	501.8333 c	801.1711 b	40	476.6667 b	495.7887 c	22	305.83333 c	313.79047 c	28	188 c	200.34079 c
4	498.6667 c	783.4273 b	37	472.3333 c	490.9169 c	20	304.66667 c	296.48776 c	45	177.83333 c	160.90533 c
16	496.6667 c	813.8247 b	9	471.5 c	495.3494 c	15	301.66667 c	295.58516 c	42	175 c	178.00183 c
25	496 c	768.3515 b	24	469.3333 c	484.9249 c	25	299.83333 c	283.5142 d	39	169.83333 c	167.60951 c
30	493 c	799.0502 b	36	463.5 c	484.2767 c	52	292.66667 c	274.35389 d	11	169.66667 c	165.0117 c
5	491.8333 c	783.0858 b	23	462.6667 c	479.5329 c	47	291.66667 c	279.77935 d	31	168.66667 c	165.97999 c
1	491.5 c	791.9066 b	44	460.5 c	472.769 c	11	283.83333 d	261.29963 d	33	163.66667 c	154.50677 c
40	488.3333 c	806.0786 b	19	460 c	477.8458 c	23	278.33333 d	268.77448 d	6	163.16667 c	166.60448 c
17	484.6667 c	782.8865 b	3	452.1667 c	466.019 c	38	274.66667 d	257.14974 d	3	156.66667 c	154.57507 c
43	479.8333 c	790.3437 b	43	451 c	461.75 c	12	272.83333 d	247.23952 d	34	156.5 c	159.76749 c
10	478.6667 c	764.5653 b	42	448.5 c	469.509 c	33	270.33333 d	255.87535 d	29	143.5 c	137.78541 c
33	478 c	755.1548 b	8	444.3333 c	458.3639 c	17	270.16667 d	253.28853 d	25	143.16667 c	142.9259 c
19	475.1667 c	767.7745 b	26	442.3333 c	448.4297 d	45	254.83333 d	241.06969 d	37	141 c	154.65726 c
28	470.1667 c	756.9787 b	41	442.1667 c	461.6324 c	10	251.16667 d	232.13433 d	23	138 c	131.66137 c
3	462.1667 c	754.5137 b	31	440 c	451.7164 d	13	250.83333 d	228.95341 d	13	126.5 c	140.42869 c
9	459 c	763.2912 b	2	423.1667 d	429.6133 d	32	244.83333 d	234.59768 d	19	115.66667 d	108.23884 d
23	458.8333 c	759.0187 b	22	422.8333 d	428.4575 d	18	241.16667 d	239.84013 d	22	107.33333 d	122.68838 d
22	450.1667 d	778.6336 b	32	421 d	428.0805 d	40	229.83333 d	211.80601 d	32	106 d	117.37284 d
27	447.3333 d	726.7586 c	7	413.6667 d	426.8753 d	24	221.5 d	208.34346 d	15	93.66667 d	108.0906 d
29	430.8333 d	715.1005 c	12	392 d	396.1309 d	30	215.5 d	212.44313 d	21	92.5 d	100.36156 d
11	426.8333 d	690.7588 c	6	381.8333 d	397.5359 d	5	213 d	221.97932 d	43	92.33333 d	86.94582 d
15	419.5 d	697.1579 c				36	207.83333 d	164.70857 d	44	80.16667 d	72.39837 d
21	414.3333 d	698.3511 c				4	201.33333 d	191.99736 d	14	73.33333 d	75.82166 d
6	405.3333 d	686.1088 c				19	87.83333 e	80.62049 e	35	70.16667 d	72.03639 d
44	404.5 d	644.4706 c				6	67.33333 e	68.49639 e	27	67.16667 d	66.34639 d
37	356 e	553.4502 d				3	31 e	31.85963 e	38	49.16667 d	46.01288 d
36	245.8333 f	443.4171 e									