



ANTÔNIA MARIA DE CÁSSIA BATISTA DE SOUSA

**PREDIÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM VARIEDADES
CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)**

TERESINA - PIAUÍ

2019

ANTÔNIA MARIA DE CÁSSIA BATISTA DE SOUSA

**PREDIÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
EM VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal do Piauí, como
parte da exigência do Programa de
Pós-Graduação em Agronomia –
Agricultura Tropical, para obtenção do
título de Mestre em Ciências.

Orientadora

Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes

Coorientadores

Profa. Dra. Ângela Célis de Almeida Lopes

Dr. Leonardo Castelo Branco Carvalho

TERESINA – PIAUÍ

2019

Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias
Serviço de Processamento Técnico

S725p Sousa, Antônia Maria de Cássia Batista de
Predição da produtividade de grãos e adaptabilidade e estabilidade em variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) /
Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa – 2019.
59 f. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Teresina, 2019.

Orientação: Prof^ª. Dr^ª. Regina Lucia Ferreira Gomes

1. Feijão-fava 2. Rendimentos de grãos 3. Interação genótipo x Ambiente 4. *Perceptron* 5. Múltiplas camadas 6. Modelo preditor I. Título.

CDD 635.651

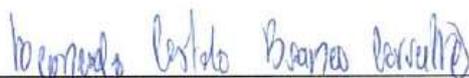
ANTÔNIA MARIA DE CÁSSIA BATISTA DE SOUSA

**PREDIÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
EM VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)**

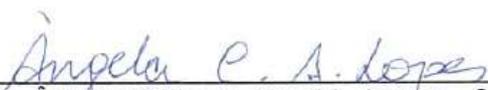
Dissertação apresentada à
Universidade Federal do Piauí, como
parte da exigência do Programa de
Pós-Graduação em Agronomia –
Agricultura Tropical, para obtenção do
título de Mestre em Ciências.

APROVADA em 19 de fevereiro de 2019.

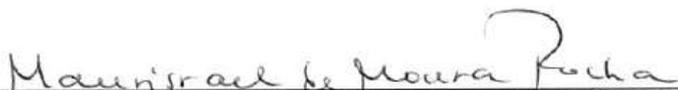
Comissão Julgadora:



Prof. Dr. Leonardo Castelo Branco Carvalho – CCA/UFPI



Profa. Dra. Ângela Célis de Almeida Lopes – CCA/ UFPI



Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha – Embrapa Meio-Norte



Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes – CCA/UFPI
(Orientadora)

TESINA - PI

2019

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida e por ter me guiado, protegido e abençoado todos os dias desta jornada, me mantendo sempre perseverante;

À Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Agricultura Tropical, pela oportunidade da realização deste curso;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão de bolsa de estudo, aporte que viabilizou meus estudos;

À minha querida orientadora e mãe de coração, Regina Lucia Ferreira Gomes, a quem não tenho palavras para agradecer por tudo que já fez por mim, pela sua orientação, amizade, confiança, apoio e atenção. Por acreditar no meu potencial, sempre me conduzindo para os melhores caminhos, com todos os seus conselhos tanto para vida acadêmica como pessoal;

À professora e amiga Ângela Celis de Almeida Lopes, pela sua orientação, serenidade, dedicação, disponibilidade e atenção para com a minha pessoa, sempre alertando e indicando soluções para as dificuldades, pelos seus inúmeros ensinamentos por meio de conversas e exemplo, como ela própria se constitui, em um dos seres mais iluminados que já conheci;

Ao meu coorientador, Leonardo Castelo Branco Carvalho, por toda a sua dedicação e prontidão em mostrar “a luz no fim do túnel”, sempre disponível para solucionar minhas dificuldades;

A todo o grupo do Laboratório RGMV, pelos bons momentos de estudo, descontração, alegria, apoio e ajuda durante a condução dos experimentos;

Ao meu parceiro de pesquisa, Ediel Antunes Barbosa Rodrigues, pela sua dedicação e perseverança durante toda a condução dos experimentos, cuja ajuda foi fundamental para realização deste trabalho.

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia, Francisca das Chagas Silva, Joelton Pires Messias, Jarlano de Oliveira Costa, Diego Pereira da Silva, Marcos Antonio dos Santos Silva e Idenilson Freitas Cardoso, pelo auxílio nas tarefas diárias, sempre proporcionando momentos de descontração e alegria.

Ao querido Tiago Martins Silva, agricultor de São Domingos do Maranhão - MA, por disponibilizar a área e ajudar na implantação e coleta dos dados do experimento, sempre muito atencioso e dedicado;

Aos meus amigos de coração, Luciana Andrea da Costa Soares e Wilson Vitorino de Assunção Neto, que tanto me ajudaram quando mais precisei, tornando os meus dias mais leves.

À minha família, pela luta e confiança, sendo minha força motora em continuar a caminhada.

“A vontade de se preparar tem que ser maior do que a vontade de vencer. Vencer será consequência da boa preparação”.
Bob Knight

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
LISTA DE FIGURAS	10
LISTA DE TABELAS	11
1 INTRODUÇÃO.....	12
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	14
2.1 A espécie <i>Phaseolus lunatus</i> L.	14
2.1.1 Centros de origem e domesticação	15
2.1.2. Importância socioeconômica	16
2.2 Modelo de regressão linear múltipla.....	18
2.3 Redes Neurais Artificiais (RNA's)	18
2.3.1 Neurônio artificial	18
2.3.2 Treinamento e aprendizagem	20
2.3.3 Rede Perceptron de múltiplas camadas (MLP)	20
2.4 Metodologias para estimar adaptabilidade e estabilidade	21
2.4.1 GGE biplot.....	22
3 MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1 Condução experimental.....	25
3.2 Análises estatístico-genéticas	28
3.2.1 Tratamento dos dados	28
3.2.2 Análise de variância	28
3.2.3 Análise de Regressão linear múltipla – Método 1	29
3.2.4 Obtenção da arquitetura da rede neural artificial – Método 2.....	29
3.2.5 Seleção do modelo preditor	30
3.2.6 Interação Genótipo x Ambiente	31
3.2.7 Adaptabilidade estabilidade	32
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
4.1 Análise de variância multivariada	33
4.2. Treinamento e Aprendizagem da Rede Neural Artificial	37
4.3 Seleção do método preditor.....	40
4.4 Interação G x A.....	42
4.5 Análise de adaptabilidade e estabilidade	45
5 CONCLUSÕES	52
6 REFERÊNCIAS	53

RESUMO

No presente estudo, objetivou-se comparar os modelos de Regressão Linear Múltipla (RLM) e Redes Neurais Artificiais (RNAs) para predição de produtividade de grãos de variedades crioulas de feijão-fava e avaliar a adaptabilidade e estabilidade para recomendação da variedade com melhor desempenho. Foram conduzidos dois ensaios de avaliação com dez variedades crioulas de feijão-fava, nos municípios de Teresina - PI e São Domingos do Maranhão – MA, nas quais foram mensurados 11 caracteres em ambos os municípios, com exceção da produtividade de grãos no município de São Domingos do Maranhão – MA. O método para predição da produtividade de grãos mais adequado foi a Rede Neural Artificial, do tipo *perceptrons* de múltiplas camadas, em comparação à Regressão Linear Múltipla, com base nos parâmetros: coeficientes de correlação de Pearson e Spearman, raiz do erro quadrático médio (RMSE), erro médio absoluto (MAE) e coeficiente de determinação (R^2). Para interação G x A, realizou-se análise conjunta para os caracteres avaliados em Teresina - PI e São Domingos do Maranhão, que apresentaram correlação significativa com a produtividade de grãos. Os dados de produtividade reais e preditos foram submetidos à análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método GGE *biplot*. Os municípios de Teresina - PI e São Domingos – MA são considerados ambientes discriminantes e representativos para a seleção de genótipos adaptados. As variedades crioulas Mulatinha e Fava branca do MA se destacaram em ambos os locais de avaliação e podem ser recomendadas se esse desempenho for confirmado em avaliações posteriores.

Palavras chave: rendimento de grãos, interação genótipo x ambiente, *perceptron* múltiplas camadas, modelo preditor

ABSTRACT

In this present study, objective was to compare the the Multiple Linear Regression (RLM) and Artificial Neural Networks (RNAs) models for grain yield prediction of creole varieties of lima bean and evaluate the adaptability and stability for recommendation for the best performing variety. Two evaluation trials were conducted with ten creole varieties of lima bean in the counties of Teresina - PI and São Domingos do Maranhão – MA, in which 11 characters were measured in both counties, with the exception of grain yield in the county of São Domingos do Maranhão - MA. The method for predicting grain yield most appropriate was the Artificial Neural Network, of the multi-layer perceptrons type compared to the Multiple Linear Regression based on the parameters: Pearson and Spearman correlation coefficients root mean square error (RMSE), mean absolute error (MAE) and coefficient of determination (R²). For interaction G x A, a joint analysis was performed for the characters evaluated in Teresina -PI and São Domingos do Maranhão, which showed a significant correlation with grain yield. The real and predicted productivity data were submitted to the adaptability and stability analysis by the method GGE biplot. The counties of Teresina - PI and São Domingos - MA are considered discriminating and representative environments for the selection of adapted genotypes. The Mulatinha and Fava white creole varieties of the MA stood out in both places of evaluation and can be recommended if this performance is confirmed in later evaluations.

Keywords: grain yield, genotype x environment interaction, Multi-Layer Perceptron, predictor model

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 Representação do neurônio de McCulloch e Pitts. 18
- Figura 2 Representação de uma rede do tipo MLP com camadas intermediárias ou ocultas. Fonte: ALVES et al. (2018) 20
- Figura 3 Sementes das dez variedades crioulas de feijão-fava provenientes do Banco de Germplasma de Phaseolus da Universidade Federal do Piauí (BGP-UFPI), avaliadas nos municípios de Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA, 2018. 25
- Figura 4 Processo de aprendizagem da rede com dados de Teresina - PI em até 100 épocas, com redução dos parâmetros loss e erro médio absoluto (MAE). 37
- Figura 5 Rede neural constituída de três camadas ocultas, com 50, 100 e 50 neurônios, utilizada para predição da produtividade de grãos em feijão-fava, com os dados Teresina - PI, em 2018 38
- Figura 6 Regressão entre produtividade de grãos predita pela RNA, e mensurada no experimento de Teresina - PI, em 2018. 40
- Figura 7 Gráfico GGE biplot “média versus estabilidade”, com eixo do ambiente-média (EAM), demonstrando produtividade de grãos e estabilidade de dez variedades crioulas de feijão-fava, avaliadas em dois ambientes, Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA do Maranhão (MA). 46
- Figura 8 Gráfico GGE biplot com eixo do ambiente-média (EAM) para classificar as dez variedades crioulas de feijão-fava em relação ao genótipo ideal (no centro dos círculos concêntricos). 47
- Figura 9 Gráfico GGE biplot demonstrando as variedades crioulas que apresentaram melhor desempenho, e em quais ambientes, com dados de produtividade de grãos de feijão-fava ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). 48
- Figura 10 Gráfico GGE biplot “relação entre ambientes” para mostrar a capacidade de discriminação e de representatividade dos ambientes de teste com base na produtividade de grãos de dez variedades crioulas de feijão-fava avaliadas em dois ambientes, Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA. 50

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 Relação das dez variedades crioulas de feijão-fava, provenientes do Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BGP-UFPI), com os nomes comum e procedências. Teresina – PI, 2018. 24
- Tabela 2 Características químicas e físicas do solo, coletado a 20 cm de profundidade, nas áreas experimentais em Teresina - PI e São Domingos do Maranhão – MA, 2018. 25
- Tabela 3 Quadrados médios (QM) da análise de variância multivariada 33
- Tabela 4 Médias dos 12 caracteres¹ avaliados em dez variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), em Teresina - PI, 2018 35
- Tabela 5 Parâmetros para seleção de modelo para predição da produtividade de grãos em feijão-fava, em Teresina - PI, em 2018 39
- Tabela 6 Classificação de dez variedades crioulas de feijão-fava no município de Teresina - PI com base na produtividade real e predita, em 2018. 41
- Tabela 7 Produtividade de grãos de dez variedades crioulas de feijão-fava predita para o município São Domingos do Maranhão – MA, com base na rede neural artificial, em 2018 42
- Tabela 8 Estimativa dos coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres: número de dias para início da floração (NDF), número de dias para maturação das vagens (NDM), comprimento da vagem (CmV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), número de sementes por vagem (NSV), número de lóculos por vagem (NLV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), avaliados em Teresina - PI, 2018 43
- Tabela 9 Análise de variância conjunta entre os caracteres comprimento da semente (CS) e peso de 100 grãos (P100G), coletados em Teresina - PI e em São Domingos do Maranhão - MA, que apresentaram correlação significativa com a produtividade de grãos, em 2018. 44

1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda espécie de maior importância socioeconômica do gênero *Phaseolus* (ORMEÑO-ORRILLO et al., 2015), sendo cultivada em muitos países tropicais. É fonte de proteína para populações rurais da América do Sul e África (LIOI et al., 1998); no México está entre as principais culturas tradicionais do país (Camacho-Pérez et al., 2017); e na Califórnia (EUA), seu cultivo em larga escala é voltado para a indústria de conservas e exportação, principalmente para o Japão (ANR PUBLICATION, 2015); já no Brasil, é uma alternativa alimentar na forma de grãos verdes ou maduros e opção de renda para pequenos produtores (SANTOS et al., 2008).

No Brasil, as variedades crioulas não apresentam a uniformidade genética exigida pelo Registro Nacional de Cultivares (RNC), por isto, não têm acesso aos benefícios das leis de produção e comercialização de sementes (Lei 10.711/03 e Lei 9.456/97). Diante disto, o Ministério de Desenvolvimento Agrário por meio da Portaria nº 58, de 18 de julho de 2006, instituiu um regulamento para cadastro de sementes crioulas com as suas especificidades e padrões, que permite viabilizar a exploração do potencial genético e econômico das variedades, desde que sejam realizados ensaios de avaliação em diferentes ambientes, para os quais as variedades se destinam.

Contudo, poucos trabalhos têm sido realizados para determinação da produtividade de grãos do feijão-fava no Brasil (FREITAS et al., 2015; LOPES et al., 2017; SOARES, 2018;). Além disso, são frequentes os problemas na mensuração dos dados da cultura em campo devido a fatores bióticos e abióticos, que prejudicam ou inviabilizam a etapa de recomendação de cultivares nos programas de melhoramento.

Uma alternativa para contornar esse problema é o uso de modelagem matemática para predição de dados, com base em caracteres agronômicos avaliados, a fim de assegurar a obtenção dos resultados nos ensaios de avaliação e posterior recomendação de cultivares aos produtores. Vale ressaltar que, embora os modelos de simulação tenham grande aplicabilidade e custo inferior em relação aos experimentos convencionais, eles não podem ser considerados substitutos dos experimentos, e sim uma técnica que os complementa.

Dentre os vários métodos, tem-se a Regressão Linear Múltipla e as Redes Neurais Artificiais (RNAs). A análise de Regressão modela e investiga a relação entre variáveis, estudando a dependência da característica de interesse, em relação a uma ou mais variáveis (GREGO, 2016; GUJARATI, 2000; NETER et al., 2005). Enquanto que RNAs são uma representação matemática da arquitetura neural do cérebro humano, refletindo suas habilidades de aprendizagem e generalização, em que pesos são otimizados e ajustados com base nos erros, até atingir o valor esperado (NIELSEN, 2015).

A identificação de variedades crioulas de feijão-fava mais produtivas e adequadas ao cultivo e mercado da região, agrega valor à cultura contribuindo para seu desenvolvimento. Quando se deseja recomendar uma variedade, é necessário conhecer o seu comportamento diferencial frente às variações ambientais, que se denomina como interação genótipo x ambiente (G x A). Para atenuar os efeitos da interação G x A, Cruz e Carneiro (2006) indicam a recomendação de cultivares com base na adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

Inúmeros métodos têm sido propostos para estimar parâmetros de adaptabilidade e estabilidade em ensaios multiambiente, utilizando conceitos de modelos paramétricos univariados (EBERHART e RUSSELL 1966), multivariados (ZOBEL et al. 1988;), mistos (RESENDE, 2006) e não paramétricos (LIN e BINNS 1988). Dentre as metodologias mais utilizadas, destaca-se o modelo GGE *biplot* (YAN et al., 2000), o qual agrupa o efeito aditivo de genótipo ao efeito multiplicativo da interação G x A.

Nesse sentido, o presente estudo foi realizado com o objetivo de comparar os modelos de Regressão Linear Múltipla e Redes Neurais Artificiais para predição da produtividade de grãos em e avaliar adaptabilidade e estabilidade de variedades crioulas de de feijão-fava..

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A espécie *Phaseolus lunatus* L.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda espécie mais cultivada do gênero *Phaseolus* (CAMACHO-PÉREZ et al., 2017). É caracterizada por elevada diversidade genética e alto potencial de produção, que se adapta a diferentes condições ambientais, porém tem melhor desempenho nos trópicos úmidos e quentes (MAQUET et al., 1999). Apresenta ciclo anual, bianual ou perene e hábito de crescimento indeterminado ou determinado (BEYRA e ARTILES, 2004), predominantemente autógama, contudo, é considerada como uma espécie de sistema reprodutivo intermediário com aproximadamente 38,1% de taxa fecundação cruzada natural (PENHA et al., 2016).

De acordo com Zimmermann e Teixeira (1996), *P. lunatus* L. é uma leguminosa de germinação epígea; com folhas trifoliadas geralmente apresentando coloração escura mais persistente que em outras espécies do gênero, mesmo depois do amadurecimento das vagens; bractéolas pequenas e pontiagudas; vagens compridas e de forma geralmente oblonga e recurvada, com duas alturas distintas (ventral e dorsal) e número de sementes por vagem variando de duas a quatro. Tais sementes exibem grande variação de tamanho e cor de tegumento (SANTOS et al., 2002).

Uma característica marcante que o distingue facilmente de outros feijões, são as linhas que se irradiam do hilo para a região dorsal das sementes, mas em algumas variedades essas linhas podem não ser tão facilmente observadas ou até ausentes. O hilo é oblongo, curto e central. Os cotilédones são de coloração branco, verde ou púrpura. As raízes se desenvolvem mais rapidamente que as do feijão-comum e tendem a ser tuberosas (VIEIRA, 1992).

A maturação das plantas não é uniforme, o que resulta em várias colheitas durante o ciclo. A temperatura deve variar entre 24 e 30 °C para uma ótima germinação. Temperaturas inferiores a 13 °C retarda o crescimento e temperaturas noturnas elevadas acelera a maturação da planta e limita o número e o tamanho das sementes (SOARES et al., 2010).

A espécie adapta-se bem a má distribuição de chuvas e se desenvolve melhor em solos areno-argilosos com boa fertilidade e bem drenados, tendo bom rendimento com pH entre 5,6 e 6,8. Geralmente, o espaçamento utilizado é de 0,5m e 1,0 m entre fileiras, para variedades determinadas e indeterminadas, respectivamente, e 0,5m

entre plantas, com três a quatro sementes por cova, deixando duas plantas após o desbaste (GOMES e LOPES, 2006).

O cultivo do feijão-fava no Nordeste vem evoluindo com uso de novas tecnologias e cultivo em áreas maiores, mas ainda se dá de maneira rústica, em consórcio com outras culturas, como milho, mandioca ou mamona, as quais são usadas como suporte para o seu desenvolvimento vegetativo (LOPES et al., 2010). Conforme Soares (2018) quanto a forma de tutoramento utilizada no plantio do feijão-fava, 89,5% dos agricultores, plantam o feijão-fava somente com o milho; já 10,5% utilizam em uma mesma roça além do milho, a mandioca, outras espécies arbóreas presente e cercas. Esse sistema de cultivo contribui para a sua baixa produtividade, quando comparado à outras culturas.

2.1.1 Centros de origem e domesticação

O feijão-fava originou-se na América tropical há cerca de um milhão de anos (SERRANO-SERRANO et al., 2010; DELGADO-SALINAS et al., 2006) e foi domesticado na Mesoamérica e nos Andes entre 8.000 e 10.000 anos atrás (KAPLAN e LYNCH, 1999); sua origem, evolução e distribuição têm sido amplamente estudadas (GUTIÉRREZ-SALGADO et al., 1995; MAQUET et al., 1999; CAICEDO et al., 1999; FOFANA et al., 1999). O que permitiu reconhecer a existência de dois conjuntos genéticos principais: ambos com populações selvagens e domesticadas.

Estudos recentes baseados em regiões não codificantes do DNA de cloroplasto (cpDNA) e polimorfismo de espaçador interno transcrito (ITS) do DNA ribossomal nuclear, indicam que a organização da diversidade do conjunto gênico mesoamericano é mais complexa (MARTINEZ-CASTILHO et al., 2014). Diferentes autores têm proposto três conjuntos gênicos, um Andino e dois Mesoamericanos. Assim, ocorrem três grupos geneticamente e geograficamente distintos (MI, MII e AG), ao invés de dois como geralmente citado, com distribuição geográfica semelhante às rotas propostas por Mackie (1943).

Estudos propõem uma nova subdivisão do conjunto gênico mesoamericano em dois grupos: Mesoamericano I e II (ou MI e MII, terminologia sugerida por Serrano-Serrano et al., 2010) (SERRANO-SERRANO et al., 2012; ANDRUEZA-NOH et al., 2013; MARTÍNEZ CASTILLO et al., 2014). As análises de agrupamento apontam que os acessos agrupados no pool gênico MI são encontradas principalmente a oeste e

noroeste do Istmo de Tehuantepec. Os acessos deste grupo ocorrem em elevações entre 20 e 1750 metros acima do nível do mar. Já o MII é mais amplamente distribuído e ocorre no México, principalmente na área leste e sudeste do Istmo de Tehuantepec, América Central, Caribe (Cuba) e América do Sul (Colômbia, Sul do Peru e Argentina). São encontrados em altitudes que variam entre 3 e 1680 metros de elevação; e os do AG foram encontradas principalmente no Equador e norte do Peru, em altitudes que variam entre 470 e 1810 metros acima do nível do mar (SERRANO-SERRANO et al., 2010; 2012).

Em um trabalho usando a técnica de Genotipagem por Sequenciamento (GBS), Chacón-Sanchez e Martínéz-Castilho (2017), identificaram outro possível centro de domesticação do feijão-fava nas américas, o pool gênico Andino II na Colômbia Central.

Dois cenários concorrentes foram propostos por Motta-Aldana et al. (2010) para a origem das raças mesoamericanas: (1) dois eventos de domesticação separados, um do conjunto gênico MI no centro-oeste do México e outro do conjunto gênico MII na Guatemala e Costa Rica, ou (2) uma única domesticação do conjunto gênico MI e posterior ocorrência de um fluxo gênico pós-domesticação entre populações selvagens do conjunto gênico MII e domesticadas do conjunto gênico MI.

A ampla ocorrência e a falta de germoplasma silvestres de feijão-fava em muitas áreas de distribuição natural tem dificultado a determinação dos centros de domesticação da espécie (ANDRUEZA-NOH et al., 2013). No entanto, os resultados de Serrano-Serrano et al. (2012) e Motta-Aldana et al. (2010) foram fundamentais para sustentar as modificações propostas por Baudoin (2004) à hipótese de Mackie (1943) de que a espécie teria sido domesticada em regiões diferentes de forma independente, confirmando essa hipótese, sugerindo múltiplos centros de domesticação para a espécie.

2.1.2. Importância socioeconômica

O Brasil, no ano de 2017, obteve uma produção de 21.000 toneladas de grãos secos de feijão-fava. Os estados Ceará, Pernambuco, Paraíba, Maranhão, Rio Grande do Norte, Piauí, Sergipe, Alagoas e Bahia em ordem decrescente, são os maiores produtores, e juntos fazem do Nordeste, a maior região produtora com 18.882,36 toneladas de grãos. É cultivada também em outros estados como

Amapá, Amazonas, Distrito Federal, Tocantins, Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Rio de Janeiro, Santa Catarina, Paraná e Rio Grande do Sul. O estado do Ceará é o maior produtor nacional de feijão-fava com 7.095,11 toneladas. O Piauí é o 7º maior produtor com produção de 852,131 toneladas (IBGE, 2018).

Ao realizar uma avaliação socioeconômica sobre feijão-fava, Soares (2018) afirmou que todos agricultores entrevistados usam a produção do feijão-fava para consumo. No entanto, 68,42% destes, além do consumo, também destinam o excedente de sua produção para fins comerciais, devido ao alto valor comercial do produto. E o preço médio por quilograma de feijão fava variou de R\$ 4,00 a R\$ 20,00. Esta oscilação ocorre principalmente devido a fatores como: época de venda, região, tipo de grão, forma de comercialização (verde ou maduro) dentre outros. Uma das justificativas para isto, estaria relacionado a Lei da Oferta e da Procura, pois quanto menor a quantidade disponível em mercado, como em época de estiagem, maior a procura e o aumento do valor comercial do produto.

Em estudos sobre comercialização do feijão-fava no Piauí, Oliveira et al. (2018) estabelecendo etapas desde a produção até o varejo, relatam que o feijão-fava adquirido por 83,33% dos entrevistados varejistas vem através de intermediários, e que o seu alto preço de venda é condicionado principalmente pela presença destes intermediários, que aumentam o preço do produto em cada intermediação. Relatam ainda que em relação à preferência dos consumidores, e a aceitação do produto varia em função do preço, sabor, cor, tamanho e uniformidade dos grãos.

As variedades crioulas ou locais são armazenadas em garrafas pets ou latões nos bancos de sementes familiares. As sementes armazenadas devem ser adaptadas àquele local onde será feito o plantio. Para isto, observa-se o roçado e são identificadas aquelas plantas que conseguem completar um ciclo inteiro. A seleção é realizada, observando as que reúnem grande parte das características daquela variedade (altura, cor, sabor, formação das sementes e sanidade). Com base nisto são criados catálogos que estabelecem variedades crioulas de feijão-fava, bem como suas características, qualidades e uso. Dentre as variedades de feijão-fava catalogadas, tem-se: Orelha de vó preta, Cara larga de rama, Cara larga de moita, Orelha de vó vermelha, Fava branca, Vermelha pintada, Raio de sol, Eucalipto, Fava coquinho, Moita roxa, Coquinho vermelha, Fava roxa miúda (DIAS et al., 2016)

2.2 Modelo de regressão linear múltipla

A análise de regressão múltipla tem como objetivo prever as mudanças na variável dependente como resposta a mudanças nas variáveis independentes, além deste poder prever a magnitude ou grau de influência da de cada variável independente sobre a dependente (BRAGA, 2012). De acordo com Montgomery et al. (2001), é a técnica adequada para se utilizar quando se quer investigar simultaneamente os efeitos, sobre Y, de duas ou mais variáveis preditoras.

A regressão é utilizada para: a) estimar os valores de uma variável, com base nos valores de outra variável conhecida; b) explicar os valores de uma variável com base nos valores da outra; c) predizer futuros valores de uma variável (SOARES, 2010). A aplicação mais comum dos modelos de regressão é na estimação da característica de interesse Y para um conjunto de valores das variáveis de controle do modelo.

2.3 Redes Neurais Artificiais (RNA's)

As Redes Neurais Artificiais (RNAs) são técnicas computacionais inspiradas na arquitetura neural do cérebro humano que adquire conhecimento através da experiência (BRAGA et al., 2012). Assim, é capaz de reconhecer padrões, aprendendo por meio de exemplos e generalizando a informação aprendida, gerando um modelo não-linear. (SOARES et al., 2015).

2.3.1 Neurônio artificial

A descrição matemática de neurônio artificial, proposto por McCulloch e Pitts (1943), segue um modelo composto por n entradas (terminais, equivalente aos dendritos) que são responsáveis por receber os valores x_1, x_2, \dots, x_n , e apenas um terminal de saída y (equivalente ao axônio). O comportamento das sinapses é simulado pela aplicação de pesos (w_1, w_2, \dots, w_n) a cada sinal de entrada. Estes pesos sinápticos podem assumir valores negativos e são responsáveis pelo ajuste dos dados de entrada para correção dos erros no valor de saída. O somatório realiza a soma dos sinais de entrada, ponderados pelas respectivas sinapses, contando ainda com a entrada de um bias que tem o efeito de regular a entrada da função de ativação. Por conseguinte, a função de ativação que tem por objetivo limitar a saída do neurônio

dentro de um intervalo de valores assumidos pela arquitetura da rede. A saída só é acionada quando a soma dos impulsos recebidos (Σ) ultrapassa o limiar de excitação ($g(u)$), correspondente a função de ativação. (Figura 1).

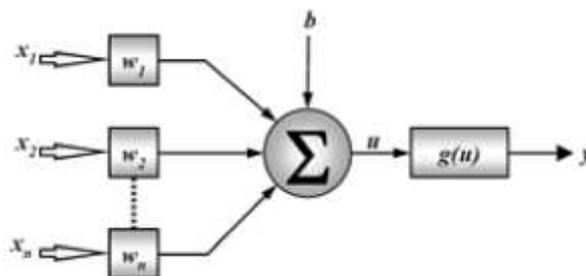


Figura 1 Representação do neurônio de McCulloch e Pitts.

Cada neurônio é caracterizado pelo peso, bias e a função de ativação. Os dados de entrada são alimentados na camada de entrada. Os neurônios fazem uma transformação linear na entrada pelos pesos e bias. A transformação não linear é feita pela função de ativação. A informação se move da camada de entrada para as camadas ocultas. As camadas ocultas fazem o processamento por meio de funções de ativação e enviam a saída final para a camada de saída. (NIELSEN, 2015)

Se o resultado gerado estiver longe do valor esperado, Braga et al. (2012) revela que se usa um algoritmo de aprendizagem para otimizar os pesos e bias dos neurônios com base no erro, para que a rede neural possa aprender a mapear corretamente as entradas para as saídas. Uma vez que todos os dados passaram por este processo, os pesos e bias finais são usados para previsões esperadas (BARROS, 2018).

As funções de ativação do neurônio artificial conforme Ponti et al. (2017) são um elemento fundamental das redes neurais artificiais, responsáveis pela transformação não linear realizada ao longo do sinal de entrada. Quando não temos a função de ativação, os pesos e bias simplesmente fazem uma transformação linear, limitando na sua capacidade de resolver problemas complexos (NIELSEN, 2015). Portanto, uma rede neural sem função de ativação é essencialmente apenas um modelo de regressão linear. Existem diversos tipos de funções de ativação, e as principais utilizadas são: Degrau (binária e bipolar), Tangente hiperbólica, Sigmóide, ReLU e Identidade (ALVES, 2018; PONTI et al. 2017; GOLDBERG, 2015; NIELSEN, 2015).

2.3.2 Treinamento e aprendizagem

É por meio de um conjunto de neurônios artificiais que uma RNA se torna capaz de aprender a realizar uma determinada tarefa, essa capacidade é obtida através do treinamento da rede com relação ao problema de interesse. Para Braga et al. (2012), o chamado treinamento, realizado por meio de algoritmos de aprendizado, consiste em apresentar à rede neural padrões de informação num processo iterativo onde os pesos sinápticos serão ajustados, adquirindo dessa maneira o conhecimento do ambiente no qual irá operar.

O processo de treinamento é mantido até que os pesos se estabilizem, e o erro quadrático médio seja suficientemente pequeno, ou seja, menor que um erro admissível, de modo que o objetivo alcançado seja atingido. O treinamento das redes neurais artificiais pode ser dividido em dois modelos, as que utilizam a aprendizagem supervisionada e as que utilizam aprendizagem não-supervisionada, sendo selecionado o modelo conforme a disponibilidade de resposta esperada ou não (RUSSELL e NORVIG, 2010).

Na aprendizagem supervisionada o treinamento é feito por meio de conjuntos de treinamento, ou seja, exemplos de entradas/saídas fornecidos à rede, que ajusta seus pesos com base neles (ALVES et al., 2018). Para Braga et al. (2012) baseia-se no erro entre a resposta esperada e a calculada pela rede, que é utilizado para ajustar os pesos. Se o resultado gerado pela rede for diferente da saída esperada, o algoritmo de treinamento ajusta os pesos, utilizando alguns critérios e procura reduzir o erro a um valor satisfatório.

Após a rede ter encontrado o relacionamento entre as entradas e saídas, Silva et al. (2010) explica que ela adquire a capacidade de generalizar essa relação produzindo assim saídas próximas a esperada quando novos dados são apresentados a suas entradas. Isso demonstra a importância do treinamento para capacidade de aprendizagem da rede, maximizando sua eficiência na obtenção dos resultados.

2.3.3 Rede *Perceptron* de múltiplas camadas (MLP)

Redes de múltiplas camadas são aquelas que apresentam pelo menos uma camada oculta e sua característica mais atrativa é a capacidade de tratar dados que não são linearmente separáveis. Este tipo de rede se destaca por ser amplamente

utilizada em diversas áreas do conhecimento, sendo considerada uma das mais versáteis quanto à aplicabilidade (BRAGA et al., 2012).

Em termos de funcionalidade, podemos apresentar a organização das camadas de uma rede de múltiplas camadas como: *camada de entrada*, responsável por apresentar os padrões de entrada à rede e não realiza processamento algum; as *camadas intermediárias* funcionam como extratores de características, com a codificação interna dessas características traduzindo-se no ajuste dos pesos sinápticos; e finalmente, a *camada de saída* com a função de construir os padrões de resposta da rede (SILVA et al., 2012) (Figura 2).

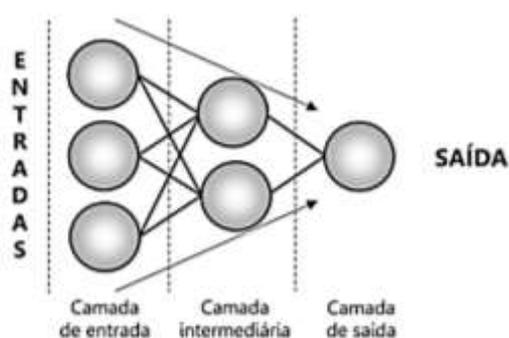


Figura 2 Representação de uma rede do tipo MLP com camadas intermediárias ou ocultas. Fonte: ALVES et al. (2018)

Em redes de múltiplas camadas, à medida que um sinal atravessa suas camadas, as funções implementadas tornam-se cada vez mais complexas. Essas camadas ocultas da rede têm a capacidade de gerar uma codificação interna dos padrões da entrada, que é usada para a definição da saída da rede, desempenhando assim a função de extratores de características (Braga et al. (2012).

2.4 Metodologias para estimar adaptabilidade e estabilidade

Uma das etapas finais de um programa de melhoramento vegetal é a avaliação de linhagens em vários ambientes e para isso existem muitos métodos que avaliam a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos nos diferentes ambientes.

A adaptabilidade se refere à capacidade que os genótipos apresentam de aproveitarem de forma positiva os estímulos ambientais e a estabilidade é a capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento previsível em razão do estímulo ambiental (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Para Sharifi et al. (2017) é necessário o uso prático de diferentes metodologias estatísticas para estimar e explicar a interação G x A, facilitando a decisão de recomendações regionalizadas. Domingues et al. (2013) afirma que a escolha da metodologia a ser utilizada deverá ser baseada na sua eficiência e na facilidade de interpretação dos resultados obtidos. Já Carvalho et al. (2016) relata que esta decisão depende do perfil e das características do conjunto de dados a serem analisados.

Diversos métodos têm sido propostos na literatura para investigar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. A diferença entre eles tem origem nos próprios conceitos e procedimentos utilizados para medir a interação G x A, além da forma de representação e interpretação de cada. Dentre estes, destacam-se:

- Métodos baseados em análise de regressão linear simples: Finlay e Wilkinson, 1963; Eberhart e Russel (1966);
- Métodos baseados em análise de regressão linear bi-segmentada: Verma et al. 1978 e Cruz et al. 1989;
- Métodos baseados em análise de regressão quadrática: Brasil e Chaves (1994);
- Métodos baseados em análise não lineares: Toler e Burrows, 1998;
- Métodos baseados em análises não paramétricos: Lin e Binns, 1986;
- Métodos baseados em análises multivariadas que integram a análise comum de variância (método univariado) com a análise de componentes principais (método multivariado): AMMI E GGE *biplot* (ZOBEL et al., 1988; YAN et al., 2000);
- Métodos baseados em modelos mistos: Resende e Thompson (2004).

2.4.1 GGE *biplot*

O método GGE *biplot* enfatiza dois conceitos. O primeiro é que embora o rendimento medido seja o efeito combinado do genótipo (G), ambiente (A), e da interação de ambos (G x A), apenas G e G x A são relevantes, e devem ser considerados simultaneamente, na avaliação de genótipo, daí o termo GGE. O segundo é que, a técnica *biplot*, desenvolvido por Gabriel (1971), é empregada para aproximar e exibir os efeitos de G + G x A de um ensaio multiambiental, daí o termo GGE *biplot*. Proposto por Yan et al. (2000), este método permite a análise visual da interação G x A de dados de ensaios multiambientais.

No modelo GGE *biplot*, o cosseno do ângulo entre dois ambientes corresponde a correlação genética entre eles. Outros tipos de *biplots* não apresentam essa

propriedade, o que torna essa metodologia mais eficiente em relação a outras técnicas baseadas em *biplot* (YAN et al., 2007; YAN, 2010).

Este modelo é baseado em gráficos *biplot* que representam graficamente uma matriz de dados. Este *biplot* é construído nos dois componentes principais de uma Análise de Componentes Principais (ACP) utilizando modelos de Regressão Locais (SREG). A primeira componente, quando se encontra altamente correlacionada com o efeito principal do genótipo, representa a proporção do rendimento que se deve somente às características do genótipo. A segunda componente representa a parte variável devido a interação G x A (YAN e HOLLAND, 2010; YAN, 2011).

Os gráficos do GGE *biplot* abordam três aspectos importantes (YAN e KANG, 2003):

- a) A relação entre genótipo e ambiente, permitindo o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes);
- b) A inter-relação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável;
- c) A inter-relação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento (ranking) para os parâmetros de rendimento e estabilidade

Nesta metodologia, considera-se que o efeito principal do ambiente não é relevante na seleção de cultivares. Isso se deve ao fato de que, na seleção de cultivares e formação de mega-ambientes, a capacidade adaptativa dos genótipos é mais importante em relação às condições agroclimáticas (CAMARGO-BUITRAGO et al., 2011).

Existe dois problemas em utilizar este modelo (YAN et al., 2001; YAN e KANG, 2003):

- Este modelo só pode ser utilizado para analisar dados MET (multiambientes), que tenham uma única característica, por exemplo, produção e uma característica que está em todos os ambientes;
- No conjunto de dados, cujos ambientes são heterogêneos.

Na análise GGE, o gráfico *biplot* mostra o desempenho médio, a estabilidade de cada genótipo e também o desempenho relativo de cada genótipo em cada ambiente, além de apoiar o pesquisador no melhor entendimento do ambiente de estudo, pois fornece informações para estabelecer estratégias e identifica genótipos

superiores que são amplamente ou especificamente adaptados (YAN et al., 2007; YAN, 2011)

O modelo GGE explora com eficácia a interação G x A, possibilitando boa acurácia à identificação de mega-ambientes e a seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos e amplamente adaptados. (BENIN et al., 2012). É uma técnica bastante utilizada na avaliação de interação G x A, já foi empregado em diferentes culturas, tais como trigo (BENIN et al., 2012), arroz (BRANQUINHO et al., 2013), morango (COSTA et al., 2015), açaí (FARIAS NETO et al., 2018), soja (WOYANN et al., 2018), feijão-caupi (SOUSA et al., 2018), cana-de-açúcar (REGIS et al., 2018).

Na cultura do feijão-fava ainda não há trabalhos sobre adaptabilidade e estabilidade, ainda mais que utilizem a metodologia GGE *biplot* para avaliar interação G x A. Tendo em vista a maior eficácia desta metodologia em identificar informações mais complexas tanto dos genótipos como dos ambientes, em relação às outras metodologias; e a facilidade de interpretação por meio da análise gráfica, esta foi utilizada no presente trabalho.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Condução experimental

O trabalho foi conduzido entre os meses de janeiro e outubro de 2018, em dois locais: na área experimental pertencente ao Departamento de Fitotecnia, no Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Piauí (UFPI), no município de Teresina - PI - PI, localizado na latitude 05° 05' 21"S, longitude 42°48'07" W e a 72 m de altitude; e em área rural do município de São Domingos do Maranhão - MA, na latitude 05° 34'33" S, longitude 44° 23' 07" W e 191 m de altitude.

Foram avaliadas dez variedades crioulas de feijão fava (Tabela 1), incorporados no Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI (BGP-UFPI), obtidos a partir de coletas em propriedades agrícolas dos estados do Ceará, Piauí e Maranhão, onde são cultivadas (Figura 3).

Tabela 1 Relação das dez variedades crioulas de feijão-fava, provenientes do Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BGP-UFPI), com os nomes comum e procedências. Teresina – PI, 2018.

Código do BGP-UFPI	Nome comum	Procedência
UFPI 944	Olho de Ovelha ou Boca de Moça	Várzea Grande – PI
UFPI 979	Fígado de Galinha	Pedra Branca – CE
UFPI 1235	Fava Branca	Buriti Bravo – MA
UFPI 1237	Fava Amarela	Farias Brito – CE
UFPI 1241	Fava Raio de Sol	Farias Brito – CE
UFPI 1246	Rajada	Balsas – MA
UFPI 1247	Chumbinho	Miguel Alves – MA
UFPI 1248	Fava Branca	Tianguá – CE
UFPI 1249	Fava Branquinha	Tianguá – CE
UFPI 1299	Mulatinha	Bom Jesus – PI

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas constaram de quatro fileiras de 3,5 m, sendo considerada como área útil as duas fileiras centrais. O espaçamento entre fileiras foi de 0,80 m, e entre plantas de 0,7 m.

No preparo do solo, realizou-se aplicação de herbicida em pré-emergência para eliminação das plantas daninhas e limpeza do terreno, além das práticas convencionais com duas gradagens, devido às necessidades do terreno. Durante o ciclo da cultura, foram realizadas capinas manuais.



Figura 3 Sementes das dez variedades crioulas de feijão-fava provenientes do Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BGP-UFPI), avaliadas nos municípios de Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA, 2018.

(A - Rajada; B - Chumbinho; C –Fígado de Galinha; D –Boca-de-Moça; E –Fava Branca MA; F – Mulatinha; G –Fava Branca CE; H –Fava Branquinha; I –Fava Amarela; J - Fava Raio de Sol)

Aos três meses antes do plantio, realizou-se coleta de solo para análise e recomendação da adubação. Em fundação, a adubação foi realizada com uréia, superfosfato triplo e cloreto de potássio, baseada nos resultados da análise físico-química do solo na camada de 0 – 20 cm (Tabela 2).

Tabela 2 Características químicas e físicas do solo, coletado a 20 cm de profundidade, nas áreas experimentais em Teresina - PI e São Domingos do Maranhão – MA, 2018.

Característica química	Unidade	Teresina - PI		São Domingos - MA	
		Resultado	Classificação	Resultado	Classificação
pH em água	-	6,20	Acidez fraca	5,50	Acidez média
P	mg/dm ³	10,20	Alto	2,83	Baixo
K ⁺	mg/dm ³	13,90	Baixo	19,50	Baixo
H ⁺ + Al ³⁺	cmol(c)/dm ³	2,06	Baixo	4,90	Médio
Ca ²⁺	cmol(c)/dm ³	1,75	Médio	1,70	Médio
Mg ²⁺	cmol(c)/dm ³	1,00	Médio	0,40	Baixo
SB	cmol(c)/dm ³	2,80	Médio	2,15	Baixo
CTC	cmol(c)/dm ³	3,00	Médio	2,45	Baixo
Característica física	Unidade	Teresina - PI		São Domingos - MA	
Areia	%	78		40	
Silte	%	14		30	
Argila	%	8		30	
Classe textural		Arenosa		Média	

No plantio, foram utilizadas três sementes de feijão-fava e três sementes de milho, por cova, porque as variedades crioulas avaliadas apresentam hábito de crescimento indeterminado, portanto foram cultivadas em consórcio com milho crioulo tardão, que serviu como tutor. As sementes de feijão-fava foram previamente tratadas com fungicida.

Foram avaliados 11 caracteres em ambos os experimentos, de acordo com os descritores para *Phaseolus lunatus* L. (IPGRI, 2001), sendo eles:

- Número de dias para início até floração (NDF) - número de dias desde a emergência até ao estágio em que 50% das plantas estão em floração;
- Número de dias até a maturação das vagens (NDM) - número de dias desde a emergência até que 50% das plantas tenham vagens maduras;
- Comprimento da vagem (CmV) - média, em centímetros, de 20 vagens maduras, ao acaso;
- Largura da vagem (LV) - média, em centímetros, da largura máxima de 20 vagens maduras, ao acaso;
- Espessura da vagem (EV) - média, em centímetros, da largura máxima de 20 vagens maduras, ao acaso;
- Número de sementes por vagem (NSV) - número médio de sementes por vagem, aferido em 20 vagens maduras, ao acaso;
- Número de lóculos por vagem (NLV) - número de funículos em 20 vagens ao acaso;
- Comprimento da semente (CmS) - média, em milímetros, de dez sementes secas, ao acaso;
- Largura da semente (LS) - média, em milímetros, de dez sementes secas, ao acaso;
- Espessura da semente (ES) - média, em milímetros, de dez sementes secas, ao acaso;
- Peso de 100 grãos (P100G) - refere-se ao peso de cem grãos amostrados aleatoriamente, expresso em gramas;
- Produtividade de grãos (PG) - refere-se ao peso total de grãos na área útil da parcela em gramas, transformados para $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$.

Os caracteres comprimento de vagem e semente (CV e CS), largura de vagem (LV) e espessura de vagem (EV) foram mensurados com paquímetro digital; e peso de 100 grãos (P100G) com balança eletrônica digital.

Como não foi possível avaliar com confiabilidade a produtividade de grãos no município de São Domingos do Maranhão - MA, resolveu-se utilizar métodos de predição para estimá-la.

3.2 Análises estatístico-genéticas

Todas as análises estatístico-genéticas foram realizadas com auxílio do Ambiente Estatístico R (R version 3.1.2).

3.2.1 Tratamento dos dados

Para que os valores mensurados estivessem dentro de uma amplitude numérica similar, evitando-se assim, que houvesse predominância de algum caráter de maior grandeza numérica na porcentagem de explicação da variância nos modelos testados, os valores dos caracteres utilizados como variáveis preditoras bem como a produtividade de grãos foram padronizados de acordo com a média e desvio padrão de cada vetor variável, conforme expressão a seguir:

$$x_{ijk}' = (x_{ij} - M_i) / \sigma_i \quad (1)$$

Em que:

x_{ijk}' - valor padronizado da observação;

x_{ij} - x_{ijk} - referente ao caráter i (1, ..., n) e genótipo j (1, ..., g) no ambiente k (1, ..., a);

M_i - média geral do caráter i (1, ..., n) no ambiente k (1, ..., a);

σ_i - desvio padrão associado ao caráter i no ambiente k .

Para aplicação dos métodos de predição, o conjunto de dados de Teresina - PI foi segmentado em dois subconjuntos (75% para modelagem e 25% para validação) por meio de amostragem aleatória.

3.2.2 Análise de variância

Os dados foram submetidos à análise de variância multivariada - MANOVA para verificar a presença de variabilidade genética entre as variedades crioulas avaliadas nos municípios de Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA.

3.2.3 Análise de Regressão linear múltipla – Método 1

Foi determinado um modelo para estimar a produtividade de grãos em feijão-fava via regressão linear múltipla. Para tal, adotou-se o método dos mínimos quadrados ordinários:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \dots + \beta_i X_i \quad (2)$$

Em que:

Y – produtividade de grãos;

β_0 - Valor da variável resposta esperado considerando as variáveis explicativas nulas;

β_i - Incremento (positivo ou negativo) na produtividade de grãos para o aumento em uma unidade na variável independente i , considerando as demais fixas;

X_1 - caráter preditor 1;

X_i - caráter preditor i .

3.2.4 Obtenção da arquitetura da rede neural artificial – Método 2

Foram testadas redes do tipo *perceptrons* de múltiplas camadas (MLP), considerando-se o número de neurônios variável de 25 até 100 por camada oculta. As camadas de entrada foram constituídas de 11 neurônios (número correspondente ao número de caracteres preditores).

Todas as redes testadas foram construídas considerando a variação de uma até três camadas ocultas, mais as respectivas camadas de entrada e saída. O número ótimo de neurônios em cada camada e de camadas ocultas na rede foi obtido por tentativa e erro, iniciando-se, portanto com 25 neurônios e uma camada oculta, e terminando com três camadas ocultas testadas contendo 100 neurônios cada (totalizando 427.575 arquiteturas testadas), sendo cada neurônio artificial representado por:

$$Y_k = \varphi(\sum x_n \cdot w_n) + \epsilon \quad (3)$$

Em que:

Y_k - saída do neurônio artificial;

φ - função de ativação definida para cada neurônio;

$x_n \cdot w_n$ - valor combinado da entrada x_n e peso w_n ;

ϵ - vetor viés (nulo, antes da primeira iteração).

Para o treinamento das redes, considerou-se o processo de aprendizagem supervisionado, tendo em vista que foram fornecidos, além dos dados de treinamento (variáveis preditoras), os valores de saída reais (valores da produtividade de grãos de cada genótipo em Teresina - PI). Para os ajustes dos pesos considerou-se o algoritmo *back propagation*, que segue os seguintes passos:

- 1) sentido *forward*, no qual os valores das variáveis de entrada seguem até a camada de saída da rede;
- 2) cálculo do erro quadrático médio (MAE) para a época considerada;
- 3) obtenção do parâmetro *loss*, que é a diferença entre a resposta inicial da rede e os valores de saída reais fornecidos para o treinamento da mesma;
- 4) calibragem - reajuste dos pesos da rede no sentido *backward*, obtido de acordo com a equação:

$$\Delta w(n)_{ij} = -E \left(\frac{\partial y}{\partial x} \right)_{ij} + \alpha \Delta w_{ij}(n-1) \quad (4)$$

Em que:

- $\Delta w(n)_{ij}$ e $\Delta w_{ij}(n-1)$ representam, respectivamente, os incrementos nos pesos entre o *i-ésimo* e *j-ésimo* nó durante a *n-ésima* época;
- α são os controladores da taxa de aprendizado do algoritmo. Para a validação da rede considerou-se o corte de 20% dos dados.

O processo continuou de forma iterativa até que o erro absoluto médio (MAE) fosse minimizado e o ponto de parada da interação do processo de treinamento fosse determinado, o que ocorreu quando o valor de MAE de validação permaneceu inalterado por até 10 épocas. Em todas as camadas, com exceção da última, foi utilizada a função de ativação ReLU (*Rectified Linear Unit*) dada pela relação:

$$f(x) = 0, \text{ para } x < 0 \text{ e } f(x) = x, \text{ para } x \geq 0 \quad (5)$$

$$\text{Na última camada foi utilizada a função identidade, } f(x) = x \quad (6)$$

3.2.5 Seleção do modelo preditor

O modelo mais adequado foi selecionado com base nas comparações entre os valores reais de produtividade de grãos (PG) em Teresina - PI e os valores preditos pelos modelos de regressão linear múltipla (RLM) e redes neurais artificiais (RNA's). Para tal, foram utilizados como parâmetros de tomada de decisão os valores dos coeficientes de correlação de Pearson e Spearman, raiz do erro quadrático médio (RMSE), erro médio absoluto (MAE) e o coeficiente de determinação (R^2) da reta de regressão linear entre os valores preditos por ambos os modelos e os valores reais.

$$R^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})(P_i - \bar{P})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2 \sum_{i=1}^n (P_i - \bar{P})^2}} \quad (7)$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (O_i - P_i)^2}{n}} \quad (8)$$

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |O_i - P_i| \quad (9)$$

Em que,

n - número de observações;

O_i - representa os dados observados;

P_i - dados preditos.

3.2.6 Interação Genótipo x Ambiente

A magnitude da interação GxA foi verificada indiretamente por meio de caracteres correlacionados à produtividade de grãos visando a realização das análises de adaptabilidade e estabilidade. Para tal, estimou-se o coeficiente de correlação de Pearson entre variáveis preditoras (caracteres) e a produtividade de grãos real, obtidas em Teresina-PI.

Foram selecionados os caracteres que apresentaram correlação significativa com a produtividade de grãos, e os mesmos foram testados quanto à presença da interação G x A. Para tanto, realizou-se a análise de variância conjunta entre os caracteres selecionados, mensurados em Teresina - PI e em São Domingos do Maranhão - MA com base no modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_j + GE_{ij} \quad (10)$$

Em que:

Y_{ij} - desempenho esperado do genótipo i no ambiente j ;

μ - média geral das observações;

G_i - efeito principal do genótipo i ;

E_j - efeito principal do ambiente j ;

GE_{ij} - interação entre o genótipo i e o ambiente j .

Antes de proceder à análise conjunta considerando os caracteres selecionados, foram examinados os quadrados médios residuais das análises individuais nos dois ambientes, conforme o teste F máximo de Hartley (1950).

3.2.7 Adaptabilidade estabilidade

Para as análises de adaptabilidade e estabilidade foi utilizada a metodologia GGE biplot descrita abaixo. O modelo GGE *biplot* não separa os efeitos do genótipo e da interação G x A, mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, visualizados na seguinte equação:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{i1} + g_{i2}e_{i2} + \varepsilon_{ij} \quad (11)$$

Em que:

Y_{ij} - rendimento esperado do genótipo i no ambiente j ;

μ - média geral das observações;

β_j - efeito principal do ambiente j ;

g_{i1} e g_{i2} - denominados escores principais e secundários dos componentes principais, PC1 e PC2, respectivamente;

$e_{i1}e_{i1}$ e $e_{i2}e_{i2}$ - autovetores do genótipo i para PC1 e PC2, respectivamente;

ε_{ij} - resíduo não explicado por ambos os efeitos.

Assim, a construção do gráfico *biplot* no modelo GGE se deu por meio da dispersão simples de $g_{i1}g_{i1}$ e $g_{i2}g_{i2}$ para genótipos, $e_{i1}e_{i1}$ e $e_{i2}e_{i2}$ para ambientes.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de variância multivariada

Pela análise de variância multivariada, considerando os caracteres avaliados, verificou-se diferença significativa entre os genótipos para maioria dos caracteres, exceto para número de sementes (NS) e número de locos (NL) por vagem em Teresina - PI, indicando variabilidade genética entre as variedades crioulas estudadas, podendo ser selecionadas aquelas com características desejáveis para o melhoramento genético. Contudo, para o município de São Domingos do Maranhão - MA as variedades crioulas não diferiram quanto aos caracteres número de dias para início da floração (NDF), espessura da vagem (EV), número de semente (NS), número de locos (NL) por vagem e espessura da semente (ES) (Tabela 3).

Os coeficientes de variação (CVs) obtidos foram baixos e médios para maioria dos caracteres, em ambos municípios, o que indica boa precisão experimental. Soares (2018), realizando estudos com o feijão-fava em Tianguá - CE, obteve resultados semelhantes para os caracteres NDF, NDM, CV, LV, EV e P100G. As estimativas de CV consideradas mais altas foram para NS, sendo de 21,44% e 22,78% em Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA, respectivamente, e de 29,59% para PG, em Teresina - PI. Os valores de CV destes caracteres encontram-se dentro do intervalo do levantamento realizado por Oliveira et al. (2009) ao estudar a precisão experimental em ensaios com feijão, sugerindo então que ao avaliar a precisão dos experimentos, devem-se utilizar faixas de variações específicas de valores de CV para cada variável resposta.

Com relação ao NDF (Tabela 4), no município de Teresina - PI, a variedade crioula mais precoce foi a Boca-de-Moça, florescendo em média 60 dias após a germinação. As variedades Rajada, Fava Branquinha e Fava Branca do CE, foram as mais tardias, florescendo aos 98, 99 e 101 dias, respectivamente. Em São Domingos do Maranhão - MA, não houve variabilidade entre as variedades crioulas para este caráter (Tabela 5). Sousa et al. (2015), avaliando condições edafoclimáticas ideais para realização de cruzamentos artificiais em feijão-fava, em Teresina - PI, observaram que o período para início de florescimento variou de 31 a 97 dias. Este caráter é importante para as regiões mais secas do semiárido, devido à escassez de chuvas, permitindo que o pequeno agricultor planeje melhor o plantio.

Tabela 3 Quadrados médios (QM) da análise de variância multivariada, considerando os caracteres: número de dias para início da floração (NDF), número de dias para maturação das vagens (NDM), comprimento da vagem (CmV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), número de sementes por vagem (NSV), número de lóculos por vagem (NLV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), avaliados nos municípios de Teresina - PI e São Domingos do Maranhão – MA, em 2018.

Teresina - PI													
FV	GL	NDF (dias)	NDM (dias)	CmV (mm)	LV (mm)	EV (mm)	NSV (unid.)	NLV (unid.)	CS (mm)	LS (mm)	ES (mm)	P100G (g)	PG (kg.ha ⁻¹)
Genótipo 9		626,75 ^{***}	266,28 [*]	291,12 ^{***}	367,74 ^{***}	11,78 ^{***}	3,15	0,05	0,53 ^{***}	12,88 ^{***}	2,36 ^{***}	0,78 ^{***}	473.963 ^{**}
Blocos 3		161,74	99,56	3,55	7,70	0,83	0,05	0,02	0,21	0,16	0,15	0,02	17.715
CV (%)		10,44	6,41	12,23	10,18	14,80	21,44	16,88	9,59	11,71	9,89	7,79	29,59
São Domingos do Maranhão – MA													
FV	GL	NDF (dias)	NDM (dias)	CMV (mm)	LV (mm)	EV (mm)	NS (unid.)	NL (unid.)	CS (mm)	LS (mm)	ES (mm)	P100G (g)	PG (kg.ha ⁻¹)
Genótipo 9		70,88	334,21 ^{***}	185,15 ^{***}	207,92	4,67	1,80	0,06	0,085 ^{**}	7,77 [*]	1,08	0,33 ^{**}	-
Blocos 3		79,08	32,19	13,99	32,68	0,09	1,63	0,54	0,047	0,49	0,25	0,07	-
CV (%)		13,19	6,06	8,06	7,35	14,82	22,78	7,36	8,23	6,09	8,36	15,12	

***, **, * = Significativo ao nível de 0,1%, 1 % e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Quanto ao número de dias para maturação (NDM), diferenças significativas entre as variedades também foram observadas, com variação em média entre 109 a 138 dias para Teresina - PI e 93 a 128 dias para São Domingos do Maranhão - MA. Segundo Rezende e Carvalho (2007), variedades com diferentes ciclos de maturação podem prolongar o período de colheita e algumas vezes auxiliar na obtenção de sementes de melhor qualidade.

Considerando o comprimento da vagem (CmV), Boca-de-Moça apresentou vagens mais longas, tanto em Teresina - PI como em São Domingos do Maranhão - MA, com 90,8 mm e 87,2 mm, respectivamente, apresentando em média três sementes por vagem em Teresina - PI e duas, em São Domingos do Maranhão - MA. As variedades com vagem mais curtas, em ambos os municípios, foram Chumbinho (63,0 mm e 69,5 mm), Fava Amarela (65,4 mm e 66,3 mm) e Fígado de Galinha (65,3 mm e 65,2 mm), e apresentaram, em média, entre duas e três sementes por vagem. Oliveira (2015), ao avaliar genótipos de feijão-fava nas regiões Norte Fluminense (RJ) e sul do Piauí, visando a seleção de materiais promissores, obteve variação entre 46,74 mm a 95,44 mm. Para Silva e Neves (2011), este carácter é importante, pois vagens grandes são desejáveis para a colheita manual. Assim, no germoplasma avaliado, encontram-se variedades crioulas com características que facilitam a colheita pelos agricultores familiares.

Para largura de vagem (LV), as médias variaram de 14,4 mm a 20,9 mm, e para espessura de vagem (EV), de 8,2 mm a 11,1 mm, em Teresina - PI. Contudo, em São Domingos do Maranhão - MA, as variedades apresentaram variabilidade apenas para LV, com variação de 15,6 mm a 19,1 mm. Melo (2005), ao estudar 13 variedades de feijão-fava em diferentes condições de manejo no município de Sapé (PB), também não constatou diferença significativa para a largura das vagens.

As médias gerais de comprimento, largura e espessura de sementes foram de 14,5 mm, 10,2 mm e 6,2 mm, em Teresina - PI, e de 13,3 mm, 9,7 mm e 5,7 mm, em São Domingos do Maranhão - MA, respectivamente. A variedade crioula Boca-de-Moça foi a que apresentou maiores médias para comprimento da semente (CmS) em ambos os municípios (16,9 mm e 16,3 mm), e se comportou estatisticamente igual à variedade Mulatinha para os caracteres largura da semente (LS) e espessura da semente (ES), em Teresina - PI. De acordo com Dobert e Blevins (1993), o tamanho das sementes do feijão-fava é uma característica importante para o desenvolvimento fisiológico da cultura, tendo em vista terem verificado que plantas desenvolvidas a partir de sementes maiores produziram mais nódulos e matéria seca.

Tabela 4 Médias dos 12 caracteres avaliados em dez variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), em Teresina - PI, 2018.

Teresina - PI																								
Variedade	NDF (dias)		NDM (dias)		CmV (mm)		LV (mm)		EV (mm)		NSV (unid.)		NLV (unid)		CS (mm)		LS (mm)		ES (mm)		P100G (g)	PG (kg.ha ¹)		
Boca de Moça	60,1	f	109,9	h	90,8	a	18,4	b	11,1	a	2,9	ab	2,9	bcd	16,9	a	10,3	c	6,4	bc	69,0	a	1012,0	c
Chumbinho	91,8	c	122,3	fg	63,0	e	14,4	f	8,3	def	2,5	cd	2,7	cd	10,9	f	8,7	e	6,9	a	43,5	f	325,6	f
Fava Amarela	91,9	c	128,0	de	65,4	de	15,1	ef	9,1	c	2,5	d	2,8	bcd	13,8	cd	9,6	d	6,3	bc	50,6	e	851,8	d
Fava Branca CE	101	a	133,1	bc	82,1	b	18,6	b	9,1	c	2,7	abcd	2,9	bc	15,9	b	10,6	bc	5,5	d	55,3	d	605,9	e
Fava Branca MA	84,5	d	119,6	g	77,2	c	16,2	d	10,3	b	3,0	a	3,0	ab	15,9	b	10,6	bc	6,1	c	63,3	b	1191,3	b
Fava Branquinha	98,8	a	130,7	cd	73,6	c	17,5	c	8,2	f	2,5	cd	3,0	ab	12,9	e	9,7	d	5,7	d	48,5	e	939,8	cd
Fava Raio de Sol	72,2	e	126,2	ef	83,3	b	17,2	c	10,4	ab	2,8	abc	3,0	ab	15,9	b	11,9	a	6,2	bc	63,7	b	886,3	cd
Fígado de Galinha	93,9	bc	138,3	a	65,3	de	15,8	de	8,9	cde	2,7	bcd	2,6	d	13,2	de	9,4	d	6,4	bc	55,1	d	702,8	e
Mulatinha	94,1	bc	131,4	cd	68,1	d	15,4	de	8,9	cd	2,7	abcd	3,0	ab	14,1	c	10,3	c	6,4	bc	58,3	c	1490,1	a
Rajada	98,5	ab	136,6	ab	84,2	b	20,9	a	8,2	ef	3,0	ab	3,2	a	15,3	b	11,2	b	6,5	b	70,5	a	692,1	e
Média Geral	88,7		127,6		75,3		17,0		9,3		2,7		2,9		14,5		10,2		6,2		57,8		869,8	
São domingos – ma																								
Boca de Moça	57,0	a	101,5	cd	87,2	a	19,1	a	8,9	a	2,5	a	3	a	16,3	a	10,4	a	5,6	a	56,0	a	-	-
Chumbinho	53,7	a	93,3	d	69,5	b	15,5	b	7,8	a	2,5	a	2,7	a	12,3	bc	9	ab	6,1	a	39,1	b	-	-
Fava Amarela	64,3	a	111,3	abcd	66,3	b	15,3	b	8,7	a	2,5	a	2,9	a	12,5	bc	9	ab	5,8	a	38,2	b	-	-
Fava Branca CE	64,3	a	112,3	abcd	79,9	ab	17,2	ab	7,6	a	2,2	a	2,8	a	14,5	ab	9,9	ab	5,0	a	36,6	b	-	-
Fava Branca MA	62,0	a	102,0	cd	76,9	ab	16,6	ab	8,1	a	2,4	a	3,1	a	12,7	bc	8,7	b	5,2	a	31,3	b	-	-
Fava Branquinha	68,7	a	128,0	a	62,9	b	15,6	b	6,7	a	2,6	a	2,7	a	11,1	c	8,8	ab	5,6	a	32,4	b	-	-
Fava Raio de Sol	67,0	a	122,3	ab	79,8	ab	16,7	ab	9,4	a	2,4	a	3,2	a	15,1	ab	10,1	ab	5,9	a	45,7	ab	-	-
Fígado de Galinha	61,7	a	116,7	abc	65,2	b	16,2	ab	8,3	a	2,2	a	2,7	a	13,3	abc	9,8	ab	5,8	a	43,6	ab	-	-
Mulatinha	56,0	a	112,5	abcd	68,8	b	15,8	ab	8,0	a	2,2	a	3	a	13,3	abc	9,8	ab	5,7	a	34,9	b	-	-
Rajada	59,0	a	103,0	bcd	71,2	b	17,3	ab	8,2	a	2,7	a	2,7	a	13,4	abc	9,7	ab	5,5	a	41,0	ab	-	-
Média Geral	61,8		111,8		70,4		16,4		8,2		2,4		2,9		13,3		9,7		5,7		38,6		-	-

Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste Tukey (P < 0,05).

¹número de dias para início da floração (NDF), número de dias para maturação das vagens (NDM), comprimento da vagem (CmV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), número de sementes por vagem (NSV), número de lóculos por vagem (NLV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG).

Quanto ao peso de 100 grãos, as variedades Rajada (70,5 g e 41,0 g) e Boca de Moça (69,0 g e 56,0 g) destacaram-se com as maiores médias, em ambos os ambientes. Apresentam as vagens compridas, largas e com sementes grandes. Em Teresina - PI, a variedade com menor média para o peso de 100 sementes foi Chumbinho (43,5 g). Em São Domingos do Maranhão - MA, as variedades com maiores médias foram Fava Raio de Sol (45,7g) e Fígado de Galinha (43,6 g), além de Boca de Moça e Rajada. Ao avaliarem esse caráter em genótipos de feijão-fava no município e Teresina - PI, Freitas et al. (2015) encontraram variação de 39,60 g a 76,49 g.

Para o caráter produtividade de grãos, observou-se que houve variação de 325,6 (Chumbinho) a 1490,1 kg.ha⁻¹ (Mulatinha). Tais rendimentos médios são semelhantes aos verificados para a região Nordeste do Brasil. Freitas et al. (2015), ao avaliarem variedades crioulas de feijão-fava destinadas a agricultura familiar, observaram variação entre 36,50 e 941 kg.ha⁻¹, também em Teresina – PI.

Em trabalho realizado por Silva (2015), avaliando o rendimento de 28 acessos de feijão-fava, verificou variação entre 0,92 a 2,60 ton.ha⁻¹, em Campos dos Goytacazes – RJ, e de 0,39 a 1,23 ton.ha⁻¹, em Bom Jesus - PI. Enquanto Silva et al. (2017), ao avaliarem genótipos de maior potencial produtivo em Areia – PB, obtiveram produtividade de até 4.987 kg.ha⁻¹, com a variedade Orelha de Vó. No Ceará, Soares (2018) observou variação de 595,17 a 1615,46 kg. ha⁻¹ em Tianguá, e Lopes et al. (2017), obtiveram menores produtividades (25,5 e 73,3 kg.ha⁻¹) no Cariri. Esses resultados refletem não apenas a utilização de variedades crioulas com diferentes potenciais produtivos, como também as diferentes condições edafoclimáticas das áreas cultivadas.

4.2. Treinamento e Aprendizagem da Rede Neural Artificial

O modelo que apresentou maiores valores de correlação e R², bem como menores valores de raiz do erro quadrático médio (RMSE) e erro médio absoluto (MAE) foi o baseado na RNA constituída de três camadas ocultas com 50, 100 e 50 neurônios, respectivamente (Figura 4).

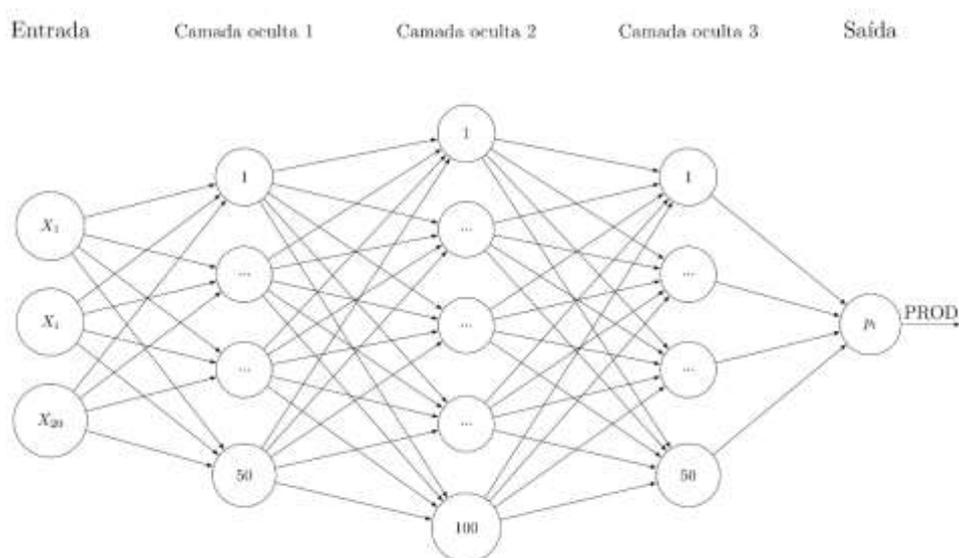


Figura 4 Rede neural constituída de três camadas ocultas, com 50, 100 e 50 neurônios, utilizada para predição da produtividade de grãos em feijão-fava, com os dados Teresina - PI, em 2018

Foram necessárias 100 épocas de treinamento para a obtenção dos valores ótimos de MAE e *loss* (Figura 5). Durante todo o processo de treinamento, os valores resultantes de cada camada foram submetidos ao processo de *dropout*, com intuito de evitar *overfitting* na rede e estabilizar a taxa de erro até o final do processo iterativo. A estratégia de utilização de *dropout* consiste em, inicialmente, eliminar aleatoriamente uma porcentagem pré-determinada de neurônios de uma ou várias camadas ocultas da rede e realizar o aprendizado da rede e obtenção dos pesos correspondentes.

Depois de repetir o processo em vários subconjuntos de redes que se adaptaram aos dados de diferentes maneiras, as mesmas acumularão um conjunto de pesos resultantes de cada um dos treinamentos. O processo, portanto, é equivalente ao treinamento simultâneo de várias redes neurais menores diferentes ao invés de uma só, o que reduz a chance de ocorrência de *overfitting*. Para Oliveira (2005), trata-se de etapa fundamental, tendo em vista que um número excessivo de neurônios por camada, pode levar a rede a se tornar tão flexível que passa a ser especialista no conjunto de treinamento.

Por isso, a importância em se determinar a quantidade de neurônios nas camadas ocultas. um número reduzido de neurônios pode levar a rede a lidar com um excesso de restrições na tentativa de modelar o problema, o que demandaria muito

tempo para encontrar a solução. Dessa forma, o processo de *dropout* foi elementar para equilibrar o processamento dos dados na rede neural.

Os valores finais, ou seja, aqueles obtidos ao final do processo iterativo, (época = 100) de MAE e *loss* foram 0,4747 e 0,3663, respectivamente. Nesse processo, as amostras foram submetidas ao ajuste dos pesos sinápticos e limiares da rede 100 vezes.

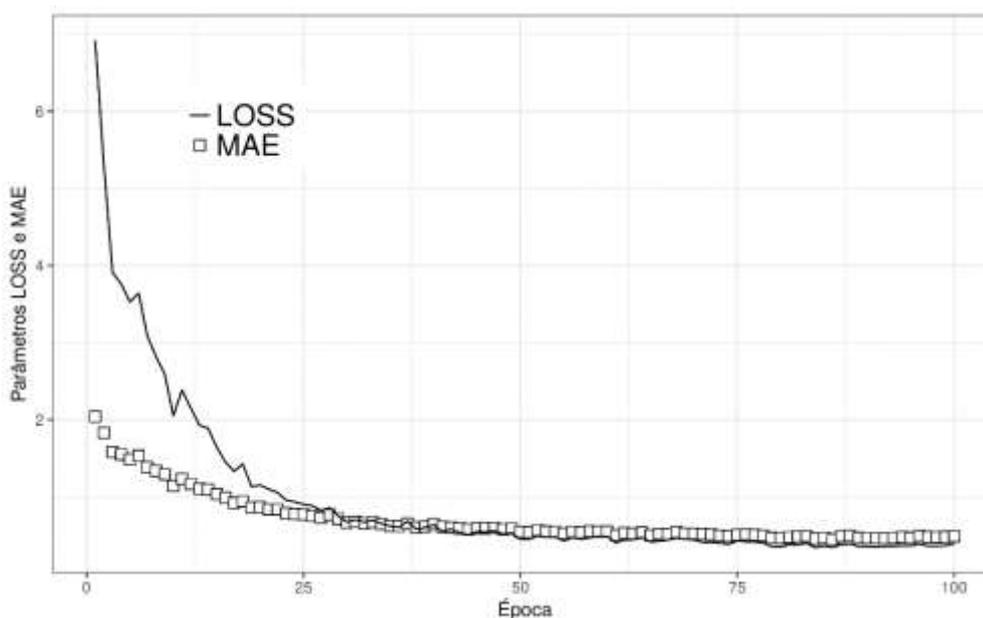


Figura 5 Processo de aprendizagem da rede com dados de Teresina - PI em até 100 épocas, com redução dos parâmetros *loss* e erro médio absoluto (MAE).

A redução dos valores de *loss* indica que a rede neural aprendeu com eficiência durante o treinamento, tendo em vista que este parâmetro avalia a diferença entre o valor de saída e o valor esperado. Para Ponti et al. (2017) *loss* é um parâmetro que computa a qualidade da predição realizada. Verifica-se também a redução dos valores do erro médio absoluto (MAE), ao longo das interações, atingindo saturação ao final do treinamento.

Considerando que no início do treinamento os parâmetros livres são gerados aleatoriamente, é notório a instabilidade dos dados nas primeiras épocas, e sua estabilidade só ocorre a partir da época 20 (Figura 6), indicando aumento da taxa de aprendizado, por meio do ajuste das saídas. Para Silva et al. (2010), depois que a rede estiver treinada e o erro estiver em um nível satisfatório, ela pode ser utilizada como uma ferramenta para avaliação de novos dados. Isso torna a rede apta a prever a produtividade de grãos das variedades no município de São Domingos do Maranhão - MA mediante treinamento com os dados de Teresina - PI.

4.3 Seleção do método preditor

Verificou-se que o desempenho foi significativamente em favor do modelo baseado em redes neurais artificiais, que apresentou coeficientes de correlação maiores (Tabela 5). Isto indica que as produtividades real e predita são relacionadas fortemente. Os valores dos parâmetros RMSE e MAE foram cerca de 40% vezes menores em relação ao modelo de regressão linear, indicando menor magnitude típica dos erros. O coeficiente de determinação entre os valores reais e preditos pela rede neural artificial foi de 0,65, indicando que os valores preditos por este método apresentaram menores desvios quadráticos em relação aos dados experimentais.

Tabela 5 Parâmetros para seleção de método de predição da produtividade de grãos em feijão-fava, em Teresina - PI, em 2018

Parâmetro	RLM ¹	RNA ²
Correlação de Spearman	0,557	0,784
Correlação de Pearson	0,559	0,806
R ²	0,312	0,650
RMSE	0,828	0,595
MAE	0,690	0,426

¹ RLM = Regressão Linear Múltipla; ² RNA = Rede Neural Artificial

Ao realizarem um estudo para avaliar a eficácia da rede neural artificial e regressão linear múltipla, para prever biomassa e rendimento de grãos em trigo, Mehnatkesh et al. (2010) verificaram que os modelos preditores RNA e RLM resultaram em valores de R² de 0,84 e 0,53 e RMSE de 0,033 e 0,055, respectivamente, para rendimento de grãos. Isso demonstra a adequação do uso das redes neurais artificiais para predição da produtividade de grãos em feijão-fava.

Resultados semelhantes foram encontrados por Ayoubia e Sahrawatb (2011), em estudos para predição de biomassa e rendimento de grãos de cevada, em que os modelos de RNA proporcionaram maior coeficiente de determinação (R²) e menor erro quadrático médio, quando comparado com a regressão linear múltipla, indicando que os modelos de RNA em comparação com a RLM tem melhor chance de prever rendimento.

Ao avaliarem o potencial de Redes Neurais Artificiais na predição da produtividade em palma forrageira, Guimarães et al. (2018) verificaram que foram ajustadas redes neurais com coeficiente de determinação (R²) de 87,21%, assegurando o potencial de generalização do modelo, indicando que é possível prever a produção com alta precisão por meio de RNAs e caracteres morfológicos.

A regressão entre os valores de produção preditos pela RNA e os mensurados no experimento de Teresina - PI (Figura 6), demonstra como a produtividade de grãos mensurada e predita estão relacionadas. Resultado semelhante foi observado por Soares et al. (2014), ao utilizarem rede neural artificial para predição da produção na cultura do feijoeiro.

Os referidos autores mencionam que o ajustamento dos valores obtidos em experimento com os estimados por RNAs, se distribuiu de forma muito próximo ao linear, com coeficiente de determinação próximo a 1. Isto reforça a possibilidade de realizar-se a predição da produtividade de grãos da cultura do feijão-fava para a região em estudo pela RNA treinada no presente estudo.

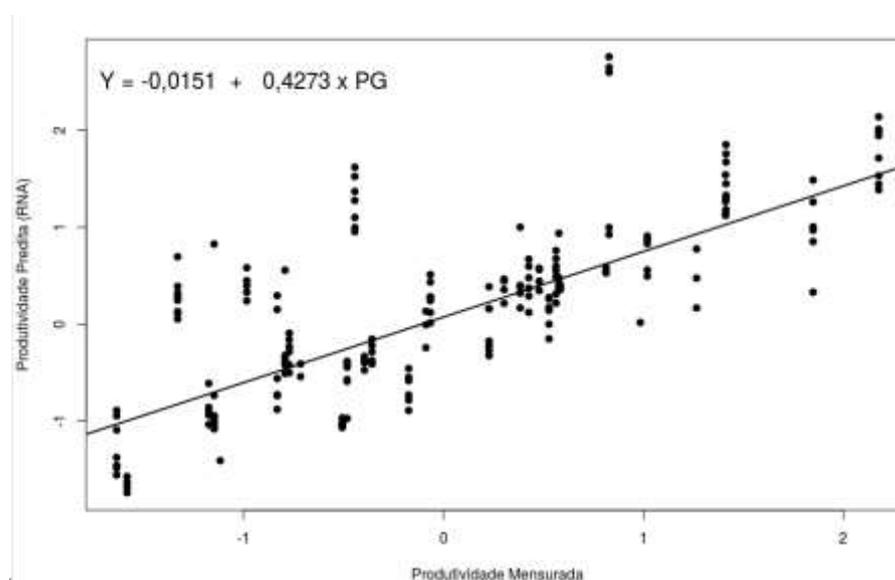


Figura 6 Regressão entre produtividade de grãos predita pela RNA e mensurada no experimento de Teresina - PI, em 2018.

A Tabela 6 mostra os ranqueamentos dos genótipos avaliados com base nos valores das produtividades preditas em Teresina - PI. Os coeficientes de correlação de Spearman e Pearson foram de 0,78 e 0,80, respectivamente, entre a produtividade real e predita, indicando boa relação linear.

Tabela 6 Classificação de dez variedades crioulas de feijão-fava no município de Teresina - PI com base na produtividade real e predita, em 2018.

Variedade	Produtividade real (kg.ha ⁻¹)	Classificação	Produtividade predita (kg.ha ⁻¹)	Classificação
Mulatinha	1490,05	1 ^o	1511,44	1 ^o
Fava Branca MA	1191,33	2 ^o	1030,31	5 ^o
Boca-de-Moça	1011,98	3 ^o	1032,78	4 ^o
Fava Branquinha	939,76	4 ^o	958,96	6 ^o
Raio de Sol	886,34	5 ^o	1251,64	2 ^o
Fava Amarela	851,80	6 ^o	1243,67	3 ^o
Fígado de Galinha	702,82	7 ^o	478,42	9 ^o
Rajada	692,14	8 ^o	691,24	7 ^o
Fava Branca CE	605,86	9 ^o	519,31	8 ^o
Chumbinho	325,64	10 ^o	349,56	10 ^o

A variação verificada na classificação das variedades crioulas é atribuída ao limite de acurácia para predizer classificação que a rede apresenta, porém destaca-se que o modelo foi eficiente em discriminar os genótipos mais produtivos em Teresina - PI. A Tabela 7 apresenta os valores de produtividade preditos para os mesmos genótipos avaliados em São Domingos do Maranhão – MA.

Tabela 7 Produtividade de grãos de dez variedades crioulas de feijão-fava predita para o município São Domingos do Maranhão – MA, com base na rede neural artificial, em 2018

Variedade	Produtividade predita (kg.ha ⁻¹)	Classificação
Mulatinha	1381,05	1 ^o
Fava Amarela	1266,34	2 ^o
Raio de Sol	1116,97	3 ^o
Fígado de Galinha	1056,26	4 ^o
Boca-de-Moça	1037,48	5 ^o
Fava Branca MA	973,78	6 ^o
Fava Branquinha	854,51	7 ^o
Rajada	839,37	8 ^o
Fava Branca CE	600,13	9 ^o
Chumbinho	589,59	10 ^o

Em estudos de predição, Alves et al. (2018) afirmam que, o uso de Redes Neurais Artificiais *Perceptrons* Multicamadas (MLP) para estimar a produtividade de grãos em soja, é viável, uma vez que o algoritmo de retropropagação permitiu a relação entre as variáveis independentes (características agrônômicas, hábito de crescimento e densidade populacional) e a alta produtividade da soja, com R² de 0,726 e correlação de Pearson 0,85, semelhante ao obtido no presente trabalho (Tabela 5).

4.4 Interação G x A

Os caracteres: peso de cem grãos (P100G), comprimento de vagem (CmV), espessura de vagem (EV), número de sementes por vagem (NS), número de lóculos por vagem (NL), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS) e espessura da semente (ES), mensurados em Teresina - PI, apresentaram correlação significativa com a produtividade real (Tabela 8). Assim, realizou-se a análise conjunta entre essas variáveis em Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA para verificar a magnitude da interação G x A.

Usualmente, a significância da interação G x A é detectada por meio do teste F, sendo que o valor de F para essa fonte de variação é calculado dividindo-se o quadrado médio da interação pelo quadrado médio residual (SQUILASSI, 2003). Se o teste F for significativo, pode-se inferir que há ocorrência de interação G x A. Dessa forma, pode-se observar que a interação foi significativa para os caracteres peso de cem grãos (P100G) e comprimento da semente (CS) (Tabela 10), ambos apresentando as maiores valores do coeficiente de correlação (0,3324 e 0,1517, respectivamente) com a produtividade de grãos (PG). Com base nessa premissa, foi realizada a análise de adaptabilidade e estabilidade considerando as produtividades de grãos mensuradas em Teresina - PI e preditas em São Domingos do Maranhão – MA.

Tabela 8 Estimativa dos coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres: número de dias para início da floração (NDF), número de dias para maturação das vagens (NDM), comprimento da vagem (CmV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), número de sementes por vagem (NSV), número de lóculos por vagem (NLV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), avaliados em Teresina - PI, 2018.

	NDF (dia)	NDM (dias)	P100G (g)	CmV (mm)	LV (mm)	EV (mm)	NS (unid.)	NL (unid.)	CS (mm)	LS (mm)	ES (mm)	P100G (g)	PG (kg.ha ⁻¹)
NDF		0,6958**	-0,293**	0,2462**	0,0166	0,4289**	0,1198**	0,0736***	0,3459**	0,1997**	-0,0666	-0,293**	-0,0591
NDM			0,0631	0,1671**	0,1149**	0,2956**	-0,0110	0,0562***	0,2104**	-0,0059	0,0578***	0,0631	-0,0657
CmV					0,5367**	0,2079**	0,0912**	0,1300**	0,4937**	0,3143**	0,1625**	0,4874**	0,0530***
LV						0,0225	0,1161**	0,1656**	0,3600**	0,2738**	0,1714**	0,4393**	-0,0643
EV							0,0736***	-0,0089	0,3731**	0,2137**	0,0078**	0,2867**	0,2198**
NS								0,1725**	0,1769**	0,1258**	0,0103	0,2393**	0,0368***
NL									0,1443**	0,1594**	0,0494***	0,1750**	0,1046**
CS										0,6171**	0,0823***	0,5609**	0,2435**
LS											0,0091	0,4096**	0,1517**
ES												0,0088	-0,0015**
P100G													0,3324**

***, **, * = Significativo ao nível de 0,1%, 1 % e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 9 Análise de variância conjunta entre os caracteres comprimento da semente (CS) e peso de 100 grãos (P100G), coletados em Teresina - PI e em São Domingos do Maranhão - MA, que apresentaram correlação significativa com a produtividade de grãos, em 2018.

FV	GL	P100G (g)		CS (mm)	
		QM	F	QM	F
Genótipo	9	6.309,00	304,48***	270,43	141,10***
Ambiente	1	8.382,10	404,53***	29,99	15,64***
G x A	9	192,40	9,28***	4,22	2,20*
Resíduo	57	20,70		1,91	
Média		49,13		13,99	
CV (%)		9,25		9,87	

***, **, * = Significativo ao nível de 0,1%, 1 % e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

4.5 Análise de adaptabilidade e estabilidade

A classificação dos genótipos com base no desempenho geral, bem como a classificação dos ambientes com base no desempenho relativo de qualquer genótipo, mostra que as variedades crioulas Boca de Moça, Fava Branca MA, Mulatinha, Branquinha, Raio de Sol e Amarela têm ângulos agudos com o ambiente Teresina - PI (Figura 7). Já as variedades Boca de Moça, Mulatinha, Raio de Sol, Amarela e Fígado de Galinha têm ângulos agudos com o ambiente São Domingos do Maranhão - MA. Tal resultado significa que estes genótipos tiveram maior produtividade média em cada ambiente, respectivamente. As variedades, Fava Branca CE, Chumbinho e Rajada tem ângulos obtusos com os dois ambientes. Logo, foram os genótipos com menor desempenho.

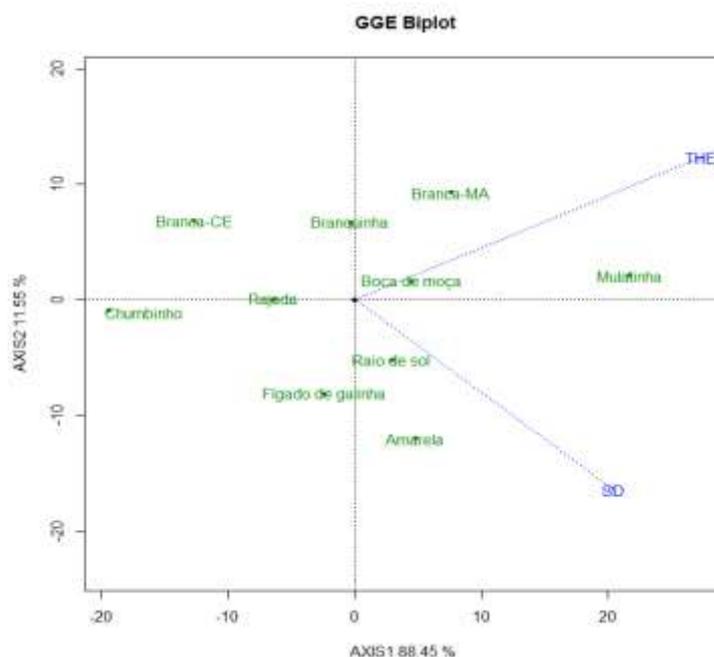


Figura 7 O GGE *biplot* para os dados avaliados de produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) de dez variedades crioulas feijão-fava, em dois ambientes.

Um genótipo “ideal” deve ter alto desempenho médio e boa estabilidade dentro de um mega-ambiente. A visualização do gráfico *biplot* “Média versus Estabilidade” é uma ferramenta útil para avaliação de genótipos em ambos os aspectos (YAN e TINKER, 2006; YAN et al., 2007; YAN, 2011) (Figura 8).

A linha reta com uma única seta que passa pela origem do *biplot* e do ambiente-média é referido como o eixo do “ambiente-média” ou EAM. A seta aponta para um maior desempenho médio dos genótipos e a linha perpendicular ao EAM aponta para a maior variabilidade do desempenho (menor estabilidade) em ambas as direções.

Assim, as variedades crioulas podem ser classificadas de acordo com a sua produtividade média da seguinte maneira: Mulatinha > Fava Branca MA > Amarela > Boca de Moça > Raio de Sol > média geral > Fava Branquinha > Fígado de Galinha > Rajada > Fava Branca > Chumbinho. As variedades Fava Branca MA e Amarela apresentaram baixa estabilidade nos ambientes de São Domingos do Maranhão - MA e Teresina - PI, respectivamente. A Boca de Moça não foi a mais produtiva, mas apresentou estabilidade bem superior em comparação aos outros genótipos, com produtividade acima da média (quarto melhor).

Portanto as variedades Boca de Moça e Mulatinha são as ideais para recomendação em ambos os ambientes, já que apresentaram alta produtividade e boa estabilidade (Figura 8), fato este que facilita a seleção e recomendação das

variedades. Oliveira et al. (2018) obteve resultados semelhantes, ao avaliar em dois locais o desempenho de 17 linhagens de feijão-vagem com hábito de crescimento indeterminado, assim como Tolessa e Gela (2014), que avaliaram 14 genótipos de feijão em nove ambientes, onde os genótipos com maiores valores médios mostraram maior estabilidade.

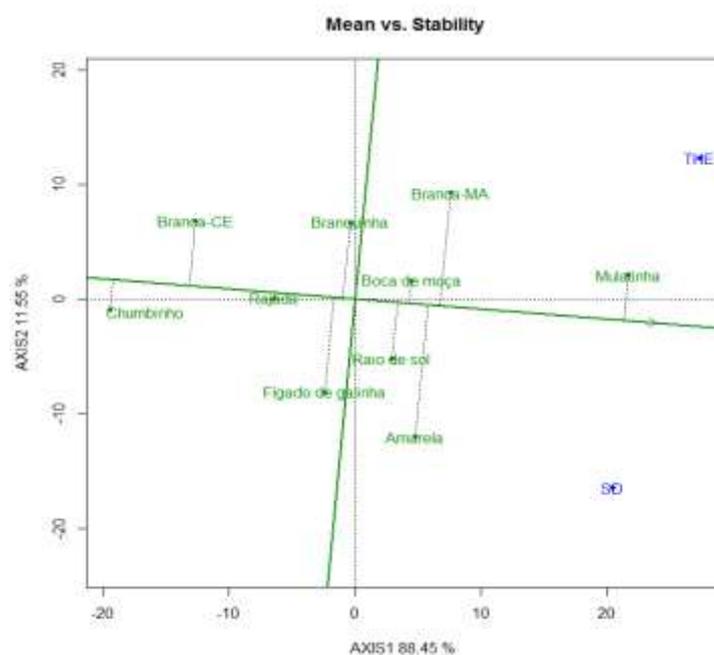


Figura 7 Gráfico GGE *biplot* “média versus estabilidade”, com eixo do ambiente-média (EAM), demonstrando a produtividade de grãos e estabilidade de dez variedades crioulas de feijão-fava avaliadas em dois ambientes, Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA .

Um “genótipo ideal” pode ser um ponto sobre o EAM, no sentido positivo, e tem um comprimento do vetor igual aos vetores mais longos dos genótipos sobre o lado positivo do EAM, isto é, maior desempenho médio (Figura 9). Portanto, os genótipos localizados mais perto desse ponto são desejáveis . Pode-se observar que a variedade Mulatinha foi o genótipo mais próximo do “ideal” dentre os avaliados, apresentando maior produtividade para os dados reais, bem como para os dados preditos em São Domingos do Maranhão - MA, de 1.490,05 kg.ha⁻¹ e 1.381,05 kg.ha⁻¹, respectivamente.

As variedades crioulas Fava Branca MA e Amarela tiveram rendimento médio superior, contudo não foram estáveis. Já as variedades Fava Branca CE e Chumbinho não apresentaram desempenho desejável (Figura 8). A Fava Rajada teve

desempenho estável, porém não apresentou bom rendimento de grãos, o que reflete um desempenho relativo consistente, porém afastado do ideal.

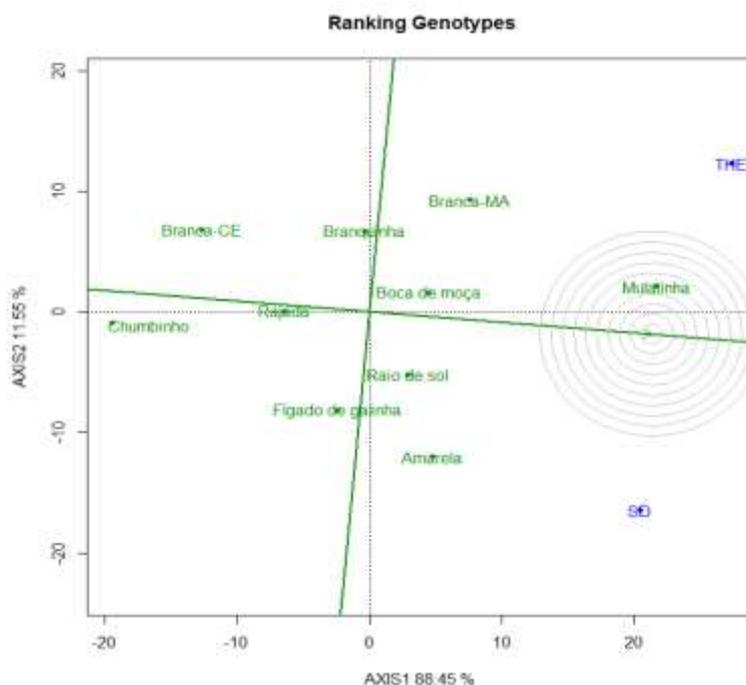


Figura 8 Gráfico GGE *biplot* com eixo do ambiente-média (EAM) para classificar as dez variedades crioulas de feijão-fava em relação ao genótipo ideal (no centro dos círculos concêntricos).

A Figura 8 ilustra um conceito importante em relação à estabilidade, em que o termo “estabilidade elevada” só tem sentido quando associado ao desempenho médio, pois o genótipo estável é desejável apenas quando apresenta alta performance média (YAN; TINKER, 2006; YAN, 2011).

Mega-ambientes contêm um ou mais ambientes, portanto, os ambientes agrupados dentro desses espaços são considerados similares em relação aos efeitos ambientais sobre genótipos. Dessa forma, os ambientes Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA encontram-se no mesmo mega-ambiente (Figura 9). Na seleção de genótipos de feijoeiro realizada por Corrêa et al. (2016), o GGE *biplot* agrupou seis ambientes em um mega-ambiente, sendo o genótipo presente no vértice destacado como o que obteve o maior rendimento médio de grãos.

Os vértices do polígono são formados pelas variedades Mulatinha, Fava Branca do MA, Amarela e Chumbinho (Figura 9). A variedade Mulatinha é vértice do setor em que os ambientes Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA são agrupados,

destacando-se portanto como o genótipo que apresentou melhor desempenho nestes ambientes.

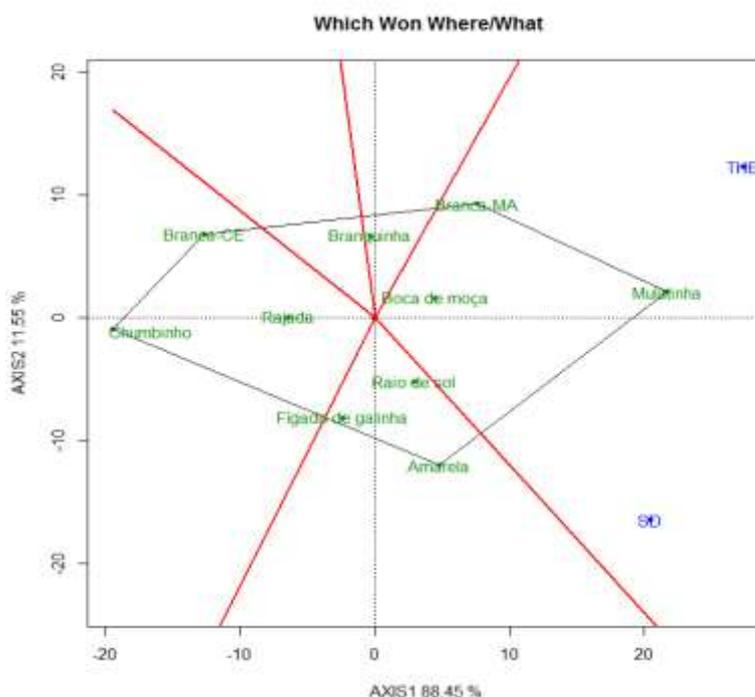


Figura 9 Gráfico GGE *biplot* demonstrando as variedades crioulas que apresentaram melhor desempenho, e em quais ambientes, com dados de produtividade de grãos de feijão-fava ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$).

Em estudos sobre o conhecimento tradicional de feijão-fava, Soares (2018) afirma que a Fava do tipo Branca é o material mais coletado e utilizado para o plantio pelos agricultores no município de São Domingos do Maranhão - MA, considerada portanto como a de melhor comercialização e palatabilidade. Dessa forma, a variedade “Fava Branca MA” também deve ser incluída no grupo de recomendação para o município tendo em vista que apresenta cor e produtividade que atendem a demanda do mercado local.

O objetivo da avaliação do “ambiente teste” é identificar ambientes que podem ser utilizados para selecionar genótipos superiores de forma eficaz, para um mega-ambiente. Um ambiente de teste “ideal” deve ser tanto de discriminação dos genótipos, como representação do ambiente alvo (HONGYU et al., 2015).

Quando o GGE *biplot* baseia-se em dados centrados no ambiente, o comprimento do vetor de um ambiente é proporcional ao desvio padrão das médias de genótipos, que é igual à raiz quadrada da variância fenotípica em ambiente de

teste, o qual pode ser utilizado como uma medida do poder de discriminação do ambiente (YAN, 2011).

Portanto os ambientes de teste com vetores mais longos são mais discriminantes em relação aos genótipos. Aqueles ambientes com vetor curto são menos discriminantes, o que significa que todos os genótipos tendem a se comportar de forma semelhante, e pouca ou nenhuma informação sobre as diferenças genótípicas podem ser observadas, logo, os últimos não são recomendados para serem utilizados como ambientes teste.

Um vetor curto também significa que o ambiente não é bem representado por PC1 e PC2 se o *biplot* não exibir adequadamente o padrão G + GE dos dados (HONGYU et al., 2015). No presente estudo, todos os ambientes apresentaram vetores longos, significando que são discriminantes em relação aos genótipos. O ambiente Teresina - PI apresentou vetor maior que o de São Domingos do Maranhão - MA, demonstrando maior capacidade para discriminação (Figura 10).

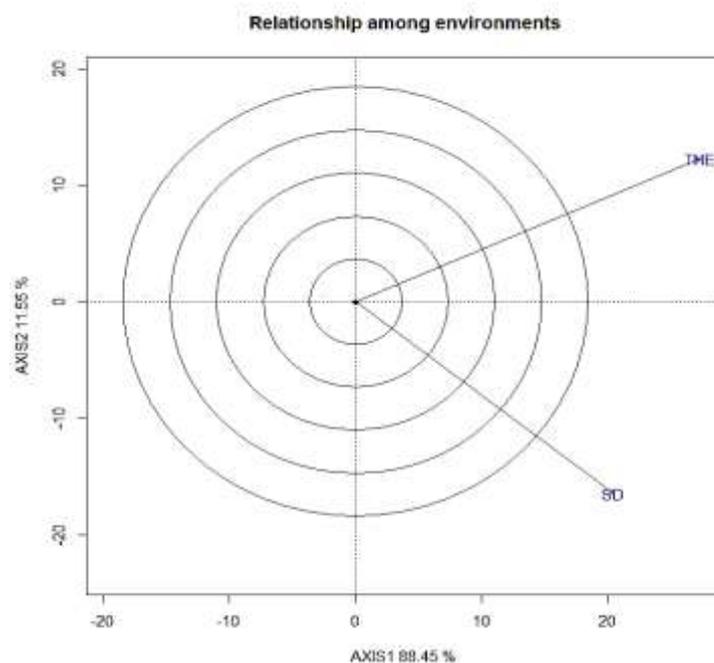


Figura 10 Gráfico GGE *biplot* "relação entre ambientes" com base na produtividade de grãos de dez variedades crioulas de feijão-fava avaliadas em dois ambientes, Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA.

Os ambientes de elevada representatividade do ambiente alvo podem ser indicados nas Figura 8 e 10. Uma vez que os ambientes de teste que tem pequenos ângulos com EAM são mais representativos do ambiente alvo do que aqueles que têm ângulos maiores. Portanto, os ambientes de teste Teresina - PI e São Domingos do

Maranhão - MA são discriminantes e representativos, sendo ambientes de teste ideais para a seleção de genótipos amplamente adaptados a esses locais. Para Hongyu et al. (2015), os ambientes de teste discriminantes, mas não representativos, são úteis para seleção de genótipos com adaptação específica.

Em estudos realizados por Tolessae e Gela (2014) foram observados dois ambientes discriminantes, mas não representativos, os quais foram utilizados para selecionar genótipos especificamente adaptados. Já Ashango e Alamerew (2017) verificaram que o mesmo ambiente foi o mais representativo e mais discriminante, ao avaliarem 15 genótipos de feijão comum na Etiópia.

5 CONCLUSÕES

- A Rede Neural Artificial do tipo *Perceptrons* de Múltiplas camadas (*Multilayer Perceptron*) é um método adequado para predição de produtividade de grãos de feijão-fava;
- O método GGE *biplot* é eficiente para indicar as variedades crioulas de feijão-fava com melhor adaptabilidade e estabilidade;
- O município de Teresina - PI destacou-se como sendo um ambiente indicado para a realização de ensaios que visem a seleção de variedades de feijão-fava de alto desempenho;
- As variedades crioulas Mulatinha e Boca de Moça são recomendadas para o plantio nos municípios de Teresina - PI e São Domingos do Maranhão - MA.

6 REFERÊNCIAS

- ALVES, G. R.; TEIXEIRA, I. R.; MELO, F. R.; SOUZA, R. T. G.; SILVA, S. A. G. Estimating soybean yields with artificial neural networks, **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 40, p. 1- 9 2018.
- ANDRUEZA-NOH, R. H.; SERRANO-SERRANO, M. L.; CHACÓN SÁNCHEZ, M. I.; SANCHÉZ DEL PINO, I.; CAMACHO-PÉREZ, L.; COELLO-COELLO, J. MIJANGOS CORTE, J.; DEBOUCK, D. G.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J. Multiple domestications of the Mesoamerican gene pool of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.): evidence from chloroplast DNA sequences. **Genetic Resources Crop Evolution**, v.60, p.1069- 1086, 2013.
- ANR PUBLICATION. Lima bean production in California – baby and large: Relatório Técnico. Califórnia: University of California, 2014. 24 p.
- ASHANGO, Z.; ALAMEREW, S. Seed Yield Stability and Genotype x Environment Interaction in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Varieties in Dawro Zone, Southwestern Ethiopia. **Greener Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 5, n. 1, p. 1 - 12, 2017.
- AYOUBIA, S.; SAHRAWATB, K. L. Comparing multivariate regression and artificial neural network to predict barley production from soil characteristics in northern Iran. **Archives of Agronomy and Soil Science**, v. 57, n. 5, p. 549–565, 2011.
- BARROS, V. P. A. **Avaliação do desempenho de algoritmos de retropropagação com redes neurais artificiais para a resolução de problemas não-lineares**. 2018. 135 f. Dissertação (Mestrado em ciência da computação) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná - UTFP, Paraná, 2018.
- BENIN, G.; PINNOW, C.; SILVA, C. L.; PAGLIOSA, E. S.; BECHE, E.; BORNHOFEN, E.; MUNALRO, L. B.; SILVA, R. R. Análises biplot na avaliação de cultivares de trigo em diferentes níveis de manejo. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 1, p. 28-36, 2012.
- BEYRA, A.; ARTILES, G. R. Revisión taxonômica de los géneros *Phaseolus* y *Vigna* (Leguminosae – Papilionoideae) en Cuba. **Anales Del Jardín Botánico de Madrid**, v.61, n.2, p.135-154, 2004.
- BRAGA, A. P.; CARVALHO, A. C. P. L. F.; LUDEMIR, T. B. **Redes neurais artificiais: Teoria e Aplicações**. 2. ed. Rio de Janeiro: LTC, 2012.
- BRANQUINHO, R. G.; HEINEMANN, A. B.; CASTRO, A. P.; COLOMBARI FILHO, J. M.; DUARTE, J. B.; MELO, P. G. S.; MORAIS JÚNIOR, O. P.; GUIMARÃES, P. H. R. AMMI e GGE biplot: uma análise comparativa da avaliação de locais de teste de genótipos de arroz. in: congresso brasileiro de arroz irrigado, 8., 2013, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: UFSM, 2013. p. 65-68.
- BRASIL, E. M.; CHAVES, L. J. Utilización de um modelo cuadrático para el estudio de la resposta de cultivares a lavariación ambiental. In: CONGRESSO LATIIONAMERICANO DE GENÉTICA, 11., 1994, Monterrey. **Memorias**. Monterrey: AsociaciónLatinoamericana de Genética, p. 616, 1994.
- BRASIL. Ministério do Desenvolvimento Agrário. Amplia e torna permanente o cadastramento nacional de cultivares tradicionais, locais e crioulas. Portaria nº 58, de 18 de julho de 2006, publicada no Diário Oficial da União de 19 de julho de 2006, Seção 1.
- CAICEDO, A. L.; GAITÁN, M.C.; DUQUE, O.; D.G. DEBOUCK, D. G.; THOME, J. “AFLP fingerprinting of *Phaseolus lunatus* L. and related wild species from South America”. **Crop Science**, v. 39, p. 1497-1507, 1999.
- CAMACHO-PÉREZ, L.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; MIJANGOS-CORTÉS, J. O.; FERRER-ORTEGA, M. M.; BAUDOIN, J. P.; ANDUEZA-NOH, R. H. Genetic structure of Lima bean

(*Phaseolus lunatus* L.) landraces grown in the Mayan área. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 65, p. 229 – 241, 2017.

CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E. Q. M; GÓRDONMENDOZA, R. Identificación de megaambientes para potenciar el uso de genotipos superiores de arroz en Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 1061-1069, 2011.

CARVALHO, L. C. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J ; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, G. C. X. . Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. **African Journal of Agricultural Research**. v. 11, p. 990-1000, 2016.

CORRÊA, A. M.; TEODORO, P. E.; GONÇALVES, M. C.; SANTOS, A.; TORRES, F. E. Selection of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using a genotype plus genotype x environment interaction biplot. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, 2016.

COSTA, A. F.; LEAL, N. R.; VENTURA, J. A.; GONÇALVES, L. S. A. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; COSTA, H. Adaptability and stability of strawberry cultivars using a mixed model. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 37, n. 4, p. 435-440, 2015.

CRUZ C. D.; CARNEIRO P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: 2. ed., v. 2 Viçosa: UFV, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: UFV, 2012.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOSKY, A. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva & Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, p. 567-580, 1989.

DELGADO-SALINAS, A.; R. BIBLER, Y M. LAVIN. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): a recent diversification in an ancient landscape. **Systematic Botany**, v. 31, p. 779-791. 2006.

DOMINGUES, L. S.; RIBEIRO, N. D.; MINETTO, C.; SOUZA, J. F.; FERREIRA ANTUNES, F. I. Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 3, p. 1065-1076, 2013.

DOBERT, R. C.; BLEVINS, D. G. Effect of seed size and plant growth on nodulation and nodule development in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Plant and Soil**, The Hague, v. 148, p. 11-19, 1993.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 36-40, 1966.

FARIAS NETO, J. T.; YOKOMIZO, G. K. I. Y.; OLIVEIRA, M. S. P.; HONGYU, K. GGE Biplot para estabilidade e adaptabilidade em progênies de açaizeiro de Anajás, PA. **Revista Agroambiente**, v. 12, n. 1, p. 25-33, 2018.

FERREIRA, P. V. **Estatística experimental aplicada às ciências agrárias**. 3. ed. Viçosa: UFV. 2000.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. Analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, p. 742-754, 1963.

FOFANA, B.; BAUDOIN, J. P.; VEKEMANS, D.G.; JARDIN, P. Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) using chloroplast DNA. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 98, p. 202-212, 1999.

FREITAS, V. S.; GONÇALVES, G. M. C.; SOUZA, A. M. C.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. .Avaliação de variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) destinadas à agricultura familiar. In: II Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste, 2015, Fortaleza. II Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste, 2015.

- GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971. Disponível em: <biomet.oxfordjournals.org/content/58/3/453.abstract > Acesso em: 07 março 2018.
- GOLDBERG, Y. A primer on neural network models for natural language processing. Disponível em: <arXiv:1510.00726v1> Acesso em 24 outubro 2018.
- GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A. **A cultura da fava**. Teresina - PI: Universidade Federal do Piauí, (Comunicado Técnico, 07). 2006. 2 p.
- GREGO, S. **Modelos para relacionar variáveis de solos e área basal de espécies florestais em uma área de vegetação natural**. 2014. 67 f. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrônômica) - Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", São Paulo, 2016.
- GUIMARÃES, B. V. C.; DONATO, S. L. R.; AZEVEDO, A. M.; ASPIAZÚ, I.; SILVA JUNIOR, A. A.; Prediction of 'Gigante' cactus pear yield by morphological characters and artificial neural networks. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.22, n.5, p.315-319, 2018.
- GUJARATI, D. N. **Econometria Básica**. 3. ed. São Paulo: Makron Books, 2000.
- GUTIÉRREZ-SALGADO, A.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. "Evidence for two gene pools of the Lima beans, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas". **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 42, p. 15-28, 1995.
- HAGAN, M. T.; MENHAJ, M. B. Training feed forward networks with the marquardt algorithm. **IEEE Transactions on Neural Networks**, v. 5, n. 6, p. 989-993, 1994.
- HAYKIN, S. **Neural network: A Comprehensive Foundation**: 2. ed. Ontario: Pearson Prentice Hall, 2005.
- HONGYU, K.; SILVA, F. L.; OLIVEIRA, A. C. S.; SARTI, D. A.; ARAÚJO, L. A.; DIAS, C. T. S. Comparação entre os modelos AMMI e GGE biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 33, n. 2, p. 139-155, 2015.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Banco de dados agregados**: pesquisa: produção agrícola. Piauí, 2018. Disponível em: Acesso em 23 de setembro de 2018.
- IPGRI. Descritores para *Phaseolus lunatus* (Feijão espadinho). International Plant Genetic Resources Institute. Rome, 2001. 42 p.
- KAPLAN, L.; LYNCH, T. F. "*Phaseolus* (Fabaceae) in archaeology: AMS radiocarbon dates and their significance for pre-colombian agriculture". **Economic Botany**, v. 53, p. 261-272, 1999.
- KOVACS, Z. L. **Redes Neurais Artificiais**: Fundamentos e Aplicações: 4. ed. São Paulo: Livraria da Física, 2002.
- LEGATES, D. R.; G. J. MCCABE. Evaluating the use of "goodness-of-fit" measures in hydrologic and hydroclimatic model validation, **Water Resources Research**, v. 35, p. 2233-241, 1999.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis: where do we stand. **Crop Science**, v. 26, p. 894-900, 1986.
- LIOI, L.; LOTTI, C.; GALASSO, I. Isozyme diversity, RFLP of the rDNA and phylogenetic affinities among cultivated Lima beans, *Phaseolus lunatus* L. (Fabaceae). **Plant Systematics and Evolution**. v. 213, p. 153-164, 1998.
- LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; SILVA, R. N. O.; COSTA, E. M. R.; SOUSA, I. F. S.; SANTOS, J. O.; SOUSA, T. H. P.; SILVA, K. J. D.; Diversidade Genética. In: Araújo, A. S. F.;

- Lopes, A. C. A.; Gomes, R. L. F. (Org.). **A cultura do feijão-fava na Região Meio-Norte do Brasil**. 1. ed. Teresina - PI: EDUFPI, v.1, p. 45-72, 2010.
- LOPES, N. S.; SILVA, F. E.; COSTA, M. N. F.; RODRIGUES, W. A. D.; CAMARA, F. T. Produtividade de fava e milho em função do sistema de consórcio em regime de sequeiro na região do Cariri-ce. **Agrarian Academy**, Goiânia, v. 4, n. 8; p. 220-227, 2017.
- MACKIE, W. W. Origin dispersal and variability of the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Hilgardia**, v. 15, n. 1, p. 1-29, 1943.
- MAQUET, A.; VEKEMANS, X. Z.; BAUDOIN, J. P. Phylogenetic study on wild allies of lima bean, *Phaseolus lunatus* L. (Fabaceae), and implications on its origin. **Plant Systematics and Evolution**, v. 218, n. 1-2, p. 43-54, 1999.
- MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; L. CAMACHO-PÉREZ, S.; VILLANUEVA-VIRAMONTES, R.H.; ANDUEZA-NOH.; M.I. CHACÓN-SÁNCHEZ. Genetic structure within the Mesoamerican gene pool of wild *Phaseolus lunatus* (fabaceae) from Mexico as revealed by microsatellite markers: implications for conservation and the domestication of the species. **American Journal of Botany**, v. 101, p. 851-864, 2014.
- MCCULLOCH, W. S.; PITTS, W. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. **Bulletin of Mathematical Biophysics**, v. 5, n. 4, p. 155 -133. 1943.
- MEHNATKESH,A.; AYOUBI, S.; JALALIAN, A.; DEGHANI, A. A. Prediction of rainfed wheat Grain yield and biomass using Artificial Neural Networks and Multiple Linear Regressions and determination the most factors by sensitivity analysis. 2010.
- MONTGOMERY; D. C.; VINING, G. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. 3. ed. New York: J. Wiley, 2001.
- MOTTA-ALDANA, J. R, SERRANO-SERRANO, M. L.; HERNANDEZ-TORRES, J.; CASTILLO-VILLAMIZAR, G.; DEBOUCK, D. G. Multiple origins of lima bean landraces in the Americas: evidence from chloroplast and nuclear DNA polymorphisms. **Crop Science**, v. 50, p. 1773–1787, 2010.
- NETER, J.; KUTNER, M.; NACHTSHEIM, C.; LI, W. **Applied linear statistical models**. 5. ed. New York: Mc Graw-Hill/Irwin, 2005.
- NIELSEN. M. A. **Neural Networks and Deep Learning**, 2015, Disponível em: <http://deeplearningbook.com.br/>. Acesso em 23 outubro 2018.
- OLIVEIRA, F. N.; TORRES, S. B.; BENEDITO, C. P. Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava em Mossoró, RN. **Revista Caatinga**, v. 24, n. 1, p.143-148, 2011.
- OLIVEIRA, A. C.; REIS, G. S.; SANTOS, K. B. S.; BARBOSA, E. L.; LOPES, A. C. A.; Comercialização do feijão fava (*Phaseolus lunatus*) no Piauí. In: **Congresso da Sociedade Brasileira de Economia Administração e Sociologia Rural do Regional Nordeste: Novas dinâmicas de desenvolvimento do Semiárido**, 8., 2018. In: Disponível em: <[https://www.even3.com.br/anais/soberne2018/115808-COMERCIALIZACAO-DO-FEIJAO-FAVA-\(PHASEOLUS-LUNATUS\)-NO-PIAUI](https://www.even3.com.br/anais/soberne2018/115808-COMERCIALIZACAO-DO-FEIJAO-FAVA-(PHASEOLUS-LUNATUS)-NO-PIAUI)>. Acesso em: 16/12/2018
- OLIVEIRA, A. R. **Redes neurais artificiais aplicadas na detecção, classificação e localização de defeitos em linhas de transmissão**. 2005. 132 f. Dissertação (Mestrado em Ciência da Computação) - Universidade Federal de Juiz de Fora - UFJF, Minas Gerais, 2005.
- OLIVEIRA, T. R. A.; GRAVINA, G. A.; OLIVEIRA, G. H. F.; ARAÚJO, K. C. A.; ARAÚJO, L. C.; DAHER, R. F.; VIVAS, M.; GRAVINA, L. M.; CRUZ, D. P. The GT biplot analysis of Green bean traits. **Ciência Rural**, v. 48, n. 6, 2018.
- ORMENO-ORRILLO, E.; SERVIN-GARCIDUENAS, L. E.; ROGEL, M. A.; GONZALEZ, V.; PERALTA, H., MORA, J.; MARTINEZ-ROMERO, J.; MARTINEZ-ROMERO, E. Taxonomy of

rhi-zobia and agrobacteria from the Rhizobiaceae family in light of genomics. **Systematic and Applied Microbiology**, v. 38, p. 287–291, 2015

PENHA, J. S.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; PINHEIRO, J. B.; ASSUNÇÃO FILHO, J. R.; SILVESTRE, E. A.; VIANA, J. P. G.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J. Estimation of natural outcrossing rate and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L. var. *lunatus*) from Brazil using SSR markers: implications for conservation and breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, p. 1355-1364, 2016.

PONTI, M. A.; COSTA, B. P. Como funciona o *Deep Learning*. In: VIEIRA, V.; RAZENTE, H, L.; BARIONI, M. C. N. Tópicos em Gerenciamento de Dados e Informações. 1. ed. Uberlândia: SBC, 2017. cap. 3, p. 63 – 88.

R Core Team R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2015.

REGIS, J. A. V.; ANDRADE, J. A. C.; SANTOS, A.; MORAES, A.; TRINDADE, R. W. R.; HENRIQUES, H. J. R.; POLIS, B. H.; OLIVEIRA, L. C.; Adaptability and phenotypic stability of sugarcane clones. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 53, n. 1, p. 42-52, 2018.

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v. 22, p. 1–22, 2004.

RUSSELL, S.; NORVIG, P. **Artificial intelligence: A modern Approach**: 2. ed. New Jersey, Englewood Cliffs: Pearson Pearson Prentice Hall, 2010.

SANTOS, D.; CORLETT, F. M. F.; MENDES, J. E. M. F.; WANDERLEY JÚNIOR, J. S. A. Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 10, p. 1407- 1412, 2002.

SANTOS, J. O.; ARAUJO, A. S. F.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A.; FIGEIREDO, M. V. B. Rhizobia- *Phaseolus lunatus* Symbiosis: Importance and Diversity in Tropical Soils A Review. **Dynamic Soil, Dynamic Plant**, v. 2, p. 56-60, 2008.

SANTOS, J. O.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A.; SILVA, S. C. C. C.; BASTOS, E. M.; COSTA, E. M. R.; SILVA, K. J. D. Genetic divergence for physical and chemical characters of seeds in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 53, p. 178-179, 2010.

SERRANO-SERRANO, M. L.; ANDUEZA-NOH, R. H.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; DEBOUCK, D. G.; CHACÓN, M. I.; Evolution and domestication of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mexico: evidence from ribosomal DNA. **Crop Science** v. 52, p. 1698 – 1712, 2012.

SERRANO-SERRANO, M. L.; J. HERNANDEZ-TORRES, G.; CASTILLO-VILLAMIZAR, D. G.; CHACÓN, M. I. Gene pools in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: Evidences for an Andean origin and past migrations. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 54, p. 76-87. 2010.

SHARIFI, P.; AMINPANAH, H.; ERFANI, R.; MOHADDESI, A.; ABBASIAN, A. Evaluation of Genotype Environment Interaction in Rice Based on AMMI Model in Iran. **Rice Science**, v. 24, n. 3, 2017.

SILVA, I. N.; SPATTI, D. H.; FLAUZINO, R. A. **Redes neurais artificiais para engenharia e ciências aplicadas – curso prático**: 1. ed. São Paulo: Artliber, 2010.

SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A. Produção de feijão-caupisemi-prostrado em cultivos de sequeiro e irrigado. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, p. 29-36, 2011.

SILVA, R. N. O.; **Estudos genéticos em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) visando o melhoramento genético da cultura**. 2015. 86 f. Tese (Doutorado em Genética e

Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 2015.

SOARES, C. A.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; GÂNDAR, F. C. Aspectos sócioeconômicos. Capítulo 12, p. 235-245. In: LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; ARAÚJO, A. S. F. (Eds.) **A cultura do feijão-fava no Meio Norte do Brasil**. Teresina - PI: EDUFPI, 2010.

SOARES, F. C.; RUSSI, J. L.; ROBAINA, A. D.; PEITER, M. X.; PARIZI, A. R. C. Uso de rede neural artificial para predição da produção na cultura do feijoeiro. In: **Congresso Brasileiro de Engenharia Agrícola**, 43, 2014, Campo Grande, MS. Disponível: <http://conbea14.sbea.org.br/2014/livro/R0171-1.pdf>. Acesso em 18/11/2018.

SOARES, L. A. C. **Conservação on farm e avaliação agrônômica de variedades crioulas de feijão-fava**. 2018. 94 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Piauí - UFPI, Piauí, 2018.

SOUSA, M. B.; SILVA, K. J. D.; ROCHA, M. M.; MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; LIMA, L. R. L. Genotype by environment interaction in cowpea lines using GGE biplot method. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 31, n. 1, p. 64-71, 2018.

SQUILASSI, M.G. **Interação de genótipos com ambientes**. Embrapa Tabuleiros Costeiros. 2003, 47 p. Disponível em <http://www.cpatc.embrapa.br>

STEVENSON, W. J. (1986). **Estatística aplicada à administração**. São Paulo: Harbra, p. 341.

TOLER, J. E.; BURROWS, P. M. Genotypic performance over environmental arrays: A non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, Abingdon, v. 25, n. 1. p. 131-143, 1998.

TOLESSA, T. T; GELA, T. S. Sites regression GGE biplot analysis of haricot bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotypes in three contrasting environments. **World Journal of Agricultural Research**, v. 2, n. 5, p. 228-236, 2014.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 53, p. 89-91, 1978.

VIEIRA, R. F. A cultura do feijão-fava. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 16, n. 174, p. 30 - 37, 1992.

WOYANN, L. G.; MILIOLI, A. S.; BOZI, A. H.; DALLÓ, S. C.; MATEI, G.; STORCK, L.; BENIN, G. Repeatability of associations between analytical methods of adaptability, stability, and productivity in soybean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 53, n. 1, p. 63-73, 2018.

YAN, W. GGE biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.

YAN, W. Optimal use of biplots in analysis of multi-location variety test data. **Acta Agronomica Sinica**, v. 36, n. 11, p. 1805 - 1819, 2010.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q. L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v. 40, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists**. 1. ed. Boca Raton: CRC Press LLC, 2003.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplots vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v. 47, p. 643-655, 2007.

YAN, W.; HOLLAND, J. B. A heritability-adjusted GGE *biplot* for test environment evaluation. **Euphytica**, v. 171, n. 3, p. 355-369, 2010.

ZIMMERMANN, M. J. O; TEIXEIRA, M. G.; Origem e evolução. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. eds. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato (POTAFOS). 1996.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v. 80, p. 388-393, 1988.