

Redes neurais artificiais para identificar genótipos de feijão-caupi semiprostrado com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas

Paulo Eduardo Teodoro⁽¹⁾, Laís Mayara Azevedo Barroso⁽²⁾, Moysés Nascimento⁽²⁾, Francisco Eduardo Torres⁽¹⁾, Edvaldo Sagrilo⁽³⁾, Adriano dos Santos⁽⁴⁾ e Larissa Pereira Ribeiro⁽¹⁾

⁽¹⁾Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Campus Aquidauana, Rodovia Aquidauana, Km 12, s/nº, CEP 79200-000 Aquidauana, MS, Brasil. E-mail: eduteodoro@hotmail.com, feduardo@uems.br, larissa.uems@gmail.com ⁽²⁾Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Estatística, Avenida Peter Henry Rolfs, s/nº, Campus Universitário, CEP 36571-000 Viçosa, MG, Brasil. E-mail: lais.azevedobarroso@gmail.com, moysesnascim@ufv.br ⁽³⁾Embrapa Meio-Norte, Avenida Duque de Caxias, nº 5.650, Buenos Aires, Caixa Postal 001, CEP 64006-220 Teresina, PI, Brasil. E-mail: edvaldo.sagrilo@embrapa.br ⁽⁴⁾Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Avenida Alberto Lamego, nº 2.000, Parque Califórnia, CEP 28013-602 Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil. E-mail: adriano.agro84@yahoo.com.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi verificar a concordância entre as redes neurais artificiais (RNAs) e o método de Eberhart & Russel na identificação de genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. Os tratamentos consistiram de 18 linhagens experimentais e duas cultivares de feijão-caupi. Foram conduzidos quatro ensaios de valor de cultivo e uso nos municípios de Aquidauana, Chapadão do Sul e Dourados, no estado do Mato Grosso do Sul. Os dados de produtividade de grãos foram submetidos às análises de variância individual e conjunta. Em seguida, os dados foram submetidos às análises de adaptabilidade e estabilidade por meio dos métodos de Eberhart & Russell e de RNAs. Houve elevada concordância entre os métodos avaliados quanto à discriminação da adaptabilidade fenotípica dos genótipos de feijão-caupi semiprostrado, o que indica que as RNAs podem ser utilizadas em programas de melhoramento genético. Em ambos os métodos avaliados, os genótipos BRS Xiquexique, TE97-304G-12 e MNC99-542F-5 são recomendados para ambientes desfavoráveis, gerais e favoráveis, respectivamente, por apresentarem produtividade de grãos acima da média geral dos ambientes e alta estabilidade fenotípica.

Termos para indexação: *Vigna unguiculata*, inteligência artificial, interação genótipos x ambientes.

Artificial neural networks to identify semi-prostrate cowpea genotypes with high phenotypic adaptability and stability

Abstract – The objective of this work was to verify the agreement between artificial neural networks (ANNs) and the Eberhart & Russel method in identifying cowpea (*Vigna unguiculata*) genotypes with high phenotypic adaptability and stability. The experimental design was in a randomized complete block with four replicates. The treatments consisted of 18 experimental lines and two cowpea cultivars. Four value for cultivation and use trials were conducted in the municipalities of Aquidauana, Chapadão do Sul, and Dourados, in the state of Mato Grosso do Sul, Brazil. Grain yield data were subjected to individual and joint variance analyses. Then, the data were subjected to adaptability and stability analyses through the methods of Eberhart & Russell and ANNs. There was a high agreement between the methods evaluated for discrimination of the phenotypic adaptability of semi-prostrate cowpea genotypes, indicating that ANNs can be used in breeding programs. In both evaluated methods, the BRS Xiquexique, TE97-304G-12, and MNC99-542F-5 genotypes are recommended for harsh, general, and favorable environments, respectively, for having grain yield above the overall average of environments and high phenotypic stability.

Index terms: *Vigna unguiculata*, artificial intelligence, genotypes x environments interaction.

Introdução

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é atualmente cultivado em três regiões do Brasil, o que torna importante investigar a magnitude da interação genótipos x ambientes para a escolha da melhor

estratégia de seleção e recomendação de cultivares. Nesse sentido, alguns trabalhos têm sido conduzidos com o objetivo de selecionar genótipos de feijão-caupi de portes ereto/semiereto e prostrado/semiprostrado superiores em adaptabilidade e estabilidade fenotípicas. Para isso, são utilizados vários métodos, entre eles

o AMMI, REML/BLUP e o de Eberhart & Russel baseado na regressão linear (Almeida et al., 2012; Barros et al., 2013; Nunes et al., 2014; Torres et al., 2015b). Esses estudos têm subsidiado o melhoramento e o lançamento de cultivares de feijão-caupi em várias regiões tropicais, como o Cerrado brasileiro.

Dos métodos citados, o de Eberhart & Russel (1966) é amplamente utilizado em razão da sua fácil aplicação e utilização. Porém, em pesquisas nas quais o número de ambientes avaliados é pequeno ($n < 6$), a aplicação do método não é consistente, o que pode causar a não rejeição de hipóteses nulas. Como alternativa para resolver esse problema, Nascimento et al. (2013) utilizaram redes neurais artificiais (RNAs) para classificação de genótipos de alfafa (*Medicago sativa* L.), em conjunto com o método de Eberhart & Russell. Nesta abordagem, são simulados genótipos pertencentes às classes de adaptabilidade e estabilidade fenotípicas definidas por Eberhart & Russell (1966). Posteriormente, os genótipos simulados são utilizados na formação e na validação de redes neurais. Assim, pelas RNAs treinadas, a avaliação de genótipos quanto à estabilidade e à adaptabilidade fenotípicas não é apenas executada com base nos genótipos em estudo, mas em uma grande coleção de genótipos simulados de acordo com as classes predefinidas (Nascimento et al., 2013).

As RNAs são modelos que emulam uma rede de neurônios biológicos, capazes de processar rapidamente uma grande quantidade de dados e de reconhecer padrões com base em sua autoaprendizagem (Haykin, 2009). Por causa dessas características, essas redes têm sido empregadas para selecionar indivíduos dentro de famílias de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) (Brasileiro et al., 2015); prever o volume de eucalipto (*Eucalyptus* spp.) (Bhering et al., 2015); e quantificar a divergência genética de acessos de mamão (*Carica papaya* L.) (Barbosa et al., 2011). Contudo, sua aplicação para a seleção de genótipos em presença de interação genótipos x ambientes significativa ainda se restringe ao trabalho de Nascimento et al. (2013); portanto, são necessárias mais pesquisas que comprovem a eficácia desse método.

O objetivo deste trabalho foi verificar a concordância entre as redes neurais artificiais e o método de Eberhart & Russel na identificação de genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas.

Material e Métodos

Foram conduzidos quatro ensaios de valor de cultivo e uso com linhagens e cultivares de genótipos de feijão-caupi, em 2005 e 2006, nos municípios de Aquidauana, Chapadão do Sul e Dourados, no Estado do Mato Grosso do Sul, cujas características edafoclimáticas estão descritas na Tabela 1. Utilizou-se o delineamento experimental utilizado de blocos ao acaso, com 20 tratamentos e quatro repetições. A unidade experimental foi constituída por quatro fileiras de 5,0 m de comprimento, espaçadas em 0,5 m entre fileiras e 0,25 m entre plantas dentro da fileira. Em cada unidade experimental, a produtividade de grãos foi avaliada nas duas fileiras centrais, corrigida para 13% de umidade e extrapolada para kg ha^{-1} .

Os tratamentos foram constituídos por 18 linhagens (MNC99-505G-11, MNC99-507G-4, MNC99-507G-8, BRS Xiquexique, MNC99-510G-8, MNC99-510F-16, TE97-309G-18, TE97-304G-4, TE97-304G-12, TE97-309G-24, MNC99-508G-1, MNC99-541F-15, MNC99-541F-18, MNC99-541F-21, MNC99-542F-5, MNC99-542F-7, MNC99-547F-2 e CNC x 409-11F-P2), oriundas do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, e por duas cultivares (BRS Paraguaçu e BR 17-Gurguéia) de feijão-caupi com alta estabilidade fenotípica.

Os dados de produtividade de grãos foram submetidos a análises de variância individual, tendo-se considerado o efeito de tratamentos como fixo e os demais efeitos, como aleatórios. Detectou-se que a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo da análise de variância individual não excedeu a relação 7:1, o que permitiu a realização da análise conjunta dos ensaios (Banzatto & Kronka, 2006). Em seguida, os dados foram submetidos às análises de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de Eberhart & Russell e de RNAs.

O método proposto por Eberhart & Russell (1966) baseia-se na análise de regressão linear simples, que mede a resposta de cada genótipo às variações ambientais. Assim, para um experimento com g genótipos, a ambientes e r repetições, define-se o seguinte modelo estatístico: $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \psi_{ij}$, em que Y_{ij} é a média do genótipo i no ambiente j ; β_{0i} é o coeficiente linear (média) do i -ésimo genótipo; β_{1i} é o coeficiente de regressão que mensura a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente j ; I_j é o índice ambiental,

$$I_j = \sum_j Y_j/g - \sum_i \sum_j Y_{ij}/ga;$$

e ψ_{ij} é o erro aleatório, em que cada componente pode ser decomposto como: $\psi_{ij} = \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$, em que δ_{ij} é o desvio da regressão e $\bar{\epsilon}_{ij}$ é o erro experimental médio.

Os estimadores dos parâmetros de adaptabilidade e de estabilidade são dados, respectivamente, por

$$\hat{\beta}_{ii} = \sum_j Y_{ij} / \sum_j I_j^2 e \hat{\sigma}_{di}^2 = (QMD_i - QMR) / r,$$

em que QMD_i é o quadrado médio dos desvios do genótipo i; QMR é o quadrado médio do resíduo; e r é o número de repetições.

As hipóteses de interesse são H₀: $\beta_{ii} = 1$ versus H₁: $\beta_{ii} \neq 1$ e H₀: $\sigma_{di}^2 = 0$ versus H₁: $\sigma_{di}^2 > 0$. Estas hipóteses foram avaliadas pelos testes t e F, a 5% de probabilidade, respectivamente. Em seguida, os genótipos foram classificados em uma das seis classes descritas na Tabela 2.

De acordo com Nascimento et al. (2013), para avaliação da adaptabilidade e da estabilidade de genótipos por uma RNA, dois conjuntos de dados são necessários: o conjunto de treinamento e o conjunto de teste. Estes conjuntos foram obtidos de acordo com as classes definidas na Tabela 2. Para isso, 1.500 genótipos foram simulados, de acordo com o modelo estatístico, avaliado em quatro ambientes (Tabela 1). Deve-se

ressaltar que a simulação desses conjuntos é realizada com os valores do índice ambiental do conjunto de dados avaliados, ou seja, foram considerados quatro ambientes na simulação. Os seguintes valores paramétricos foram utilizados para obtenção dos genótipos das classes 1, 2 e 3 (Tabela 1), cada uma composta de 500 genótipos: classe 1, $\beta_{0i} = \bar{X}_G$, $\beta_{ii} \sim U[0,90;1,10]$ e $\sigma_{\psi}^2 = 250$, isto é, β_{ii} será considerado igual a 1 se $\beta_{ii} \in [0,90; 1,10]$; classe 2, $\beta_{0i} = \bar{X}_G$, $\beta_{ii} \sim U[1,11; 2,00]$ e $\sigma_{\psi}^2 = 250$, isto é, β_{ii} será considerado maior que 1 se $\beta_{ii} \in [1,11; 2,00]$; e classe 3, $\beta_{0i} = \bar{X}_G$, $\beta_{ii} \sim U[0,00; 0,89]$ e $\sigma_{\psi}^2 = 250$, isto é, β_{ii} será considerado menor que 1 se $\beta_{ii} \in [0,00; 0,89]$. Além disso, U[a;b] representa a distribuição de probabilidade uniforme contínua com os parâmetros a e b. Na obtenção das três classes restantes (4, 5 e 6), os valores simulados foram transformados para escala logarítmica, para tornar linear o conjunto dos valores, ou seja, para as classes 4, 5 e 6, têm-se $\sigma_{\psi}^2 = 0$. Assim, da mesma forma que no trabalho de Finlay & Wilkinson (1963), o conceito de estabilidade está ligado à capacidade de os genótipos apresentarem uma resposta previsível em função do estímulo do ambiente.

A partir dos 3.000 genótipos representantes das seis classes, o conjunto de dados da RNA foi dividido em dois: conjunto de treinamento e conjunto de teste. O conjunto de treinamento da RNA, composto de

Tabela 1. Ambientes, número de genótipos, ano agrícola, local, latitude, longitude, altitude, precipitação pluvial, temperatura média do ar e data de semeadura de genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) semiprostrado, avaliados em quatro ambientes no Estado do Mato Grosso do Sul.

Ambiente	Número de genótipos	Ano	Local	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Precipitação acumulada (mm)	Temperatura média (°C)	Semeadura
1	20	2005	Aquidauana	22°01'S	54°05'W	430	83	24,5	5/6/2005
2	20	2005	Chapadão do Sul	18°05'S	52°04'W	790	116	22,7	10/6/2005
3	20	2006	Aquidauana	22°01'S	54°05'W	430	121	23,2	28/5/2006
4	20	2006	Dourados	20°03'S	55°05'W	147	196	21,3	30/6/2006

Tabela 2. Classes de genótipos obtidas com o método de Eberhart & Russell (1966) e respectivos valores paramétricos.

Classes	Classificação prática	Valores paramétricos
1	Adaptabilidade geral e previsibilidade baixa	$\beta_{ii} = 1$ e $\sigma_{di}^2 > 0$
2	Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e previsibilidade baixa	$\beta_{ii} > 1$ e $\sigma_{di}^2 > 0$
3	Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e previsibilidade baixa	$\beta_{ii} < 1$ e $\sigma_{di}^2 > 0$
4	Adaptabilidade geral e previsibilidade alta	$\beta_{ii} = 1$ e $\sigma_{di}^2 = 0$
5	Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e previsibilidade alta	$\beta_{ii} > 1$ e $\sigma_{di}^2 = 0$
6	Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e previsibilidade alta	$\beta_{ii} < 1$ e $\sigma_{di}^2 = 0$

2.400 genótipos, foi obtido pela seleção ao acaso de 400 genótipos dentro de cada classe. Já o conjunto de teste, composto dos 600 genótipos restantes, 100 de cada classe, foi utilizado para o teste da rede, como descrito em Nascimento et al. (2013).

A RNA utilizada no presente trabalho é denominada de retropropagação com camadas ocultas (Figura 1). Considerou-se que as variáveis Z_m são funções de somas ponderadas das variáveis de entrada X_i , ou seja, $Z_m = \gamma(\alpha_{0m} + \alpha_m^T X)$, $m = 1, 2, \dots, M$, enquanto as saídas, Y_k , são modeladas como funções destas combinações. Assim, $T_k = \beta_{0k} + \beta_k^T Z$, $k = 1, 2, \dots, K$, $Y_k = f_k(X) = g_k(T)$, $k = 1, 2, \dots, K$, em que $Z = (Z_1, Z_2, \dots, Z_M)$ e $T = (T_1, T_2, \dots, T_k)$. A função de ativação, sigmoide, $\gamma(v)$, é dada por: $\gamma(v) = 1/(1 + e^{-v})$.

A função de saída, $g_k(T)$, permite uma transformação final do vetor de saídas T . Em estudos de regressão, a função $g_k(T)$ é definida como a identidade, ou seja, $g_k(T) = T$. No entanto, quando a rede é utilizada para classificação, objetivo do presente trabalho, em um dos k grupos, utiliza-se a função “softmax”,

$$g_k(T) = e^{T_k} / \sum_{l=1}^K e^{T_l},$$

que produz estimativas positivas, cuja soma é um (Haykin, 2009).

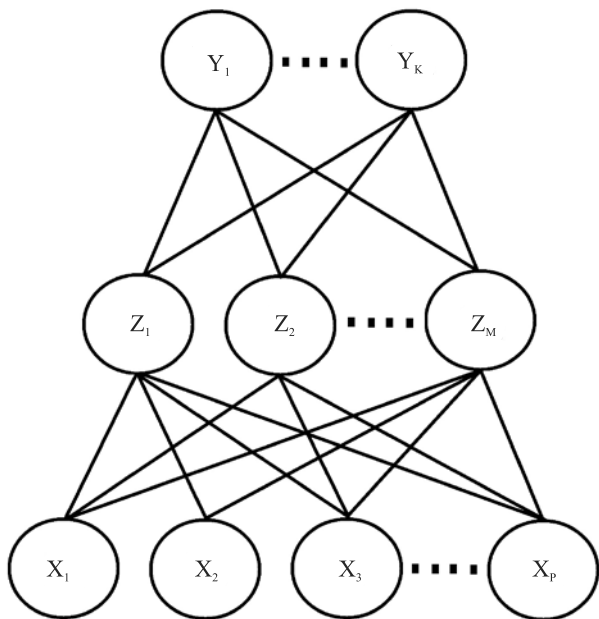


Figura 1. Esquema da única camada oculta da rede neural de retropropagação.

A estimação do conjunto de todos os parâmetros da rede, conhecidos como pesos, $\{\alpha_{0m}, \alpha_m; m = 1, 2, \dots, M\}$ e $\{\beta_{0k}, \beta_k; k = 1, 2, \dots, K\}$, foi realizada com a minimização da soma de quadrado dos erros,

$$R(\theta) = \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^N [y_{ik} - f_k(x_i)]^2,$$

e o classificador correspondente é dado por: $G(\theta) = \operatorname{argmax}_k f_k(X)$. A minimização da função foi realizada pela aplicação do algoritmo do gradiente descendente, conhecido como retropropagação (Haykin, 2009).

Após a etapa de treinamento e o teste da RNA, em que foi considerado um erro máximo de 2% para o conjunto de teste, o conjunto de dados de feijão-caupi semiprostrado foi submetido à RNA para classificação. A classificação quanto à adaptabilidade e à estabilidade fenotípicas foi realizada como descrito na Tabela 2. Para fins de comparação, a avaliação da adaptabilidade e da estabilidade dos genótipos também foi realizada pelo método proposto por Eberhart & Russell (1966).

A RNA utilizada foi implementada no programa R (R Development Core Team, Viena, Áustria), tendo-se utilizado os códigos disponibilizados pelo Departamento de Estatística da Universidade Federal de Viçosa (2015). Para obter os resultados encontrados com o método de Eberhart & Russell, foi utilizado o programa Genes (Cruz, 2013).

Resultados e Discussão

Com o teste F da análise de variância individual, obteve-se efeito de bloco significativo em 75% dos ensaios (Tabela 3), o que evidencia que este delineamento deve ser utilizado nas áreas experimentais

Tabela 3. Resumo das análises de variância individuais para produtividade de grãos (Mg ha^{-1}) de 20 genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) semiprostrado, avaliados em quatro ambientes no Estado do Mato Grosso do Sul⁽¹⁾.

Fontes de variação	GL	Quadrado médio			
		A1	A2	A3	A4
Blocos	3	0,0231 ^{ns}	0,1288*	0,0506*	0,4768*
Genótipos	19	0,0743*	0,1098*	0,0420*	0,1922*
Erro	57	0,0364	0,0296	0,0098	0,0142
Média	-	1,154	0,394	0,343	0,477
CV (%)	-	16,52	43,66	28,94	24,93

⁽¹⁾A1, Aquidauana (2005); A2, Chapadão do Sul (2005); A3, Aquidauana (2006); e A4, Dourados (2006). ^{ns}Não significativo. *Significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade.

para garantir o controle dessa fonte de heterogeneidade, no caso de sua existência. Houve diferença significativa entre os genótipos em todos os ensaios, o que sugere variabilidade genética. Resultados similares foram obtidos em outras pesquisas com feijão-caupi (Almeida et al., 2012; Santos et al., 2014a, 2014b; Torres et al., 2015a).

Na análise conjunta, todos os efeitos foram significativos, o que indica contrastes entre os ambientes e ocorrência de resposta diferencial dos

Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta para a produtividade de grãos ($Mg\ ha^{-1}$) de 20 genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) semiprostrado, avaliados em quatro ambientes no Estado do Mato Grosso do Sul.

Fontes de variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Blocos/ambientes	12	0,1698
Genótipos	19	0,2256*
Ambientes	3	11,4784*
Genótipos \times ambientes	57	0,0642*
Erro	228	0,0225
Média	-	0,5920
CV (%)	-	25,32

*Significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade.

genótipos frente aos efeitos ambientais (Tabela 4). Isso pode ser explicado pelas diferentes características edafoclimáticas de cada ambiente (Tabela 1), com variações em altitude, latitude, longitude, clima e tipo de solo, bem como em efeitos climáticos, como precipitação e temperatura. Resultados similares foram obtidos por Barros et al. (2013) e Torres et al. (2015b), que também encontraram diferenças significativas para os efeitos de genótipos, ambientes e interação genótipos \times ambientes, ao avaliar genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado em ensaios multiambientes no Brasil. A existência de interação genótipos \times ambientes significativa é uma indicação de que as análises de estabilidade e adaptabilidade fenotípicas são necessárias, uma vez que os fatores edafoclimáticos são os que mais influenciam a produtividade de grãos dos genótipos.

Os genótipos BRS Xiquexique, TE97-304G-12 e MNC99-542F-5 se destacaram por apresentarem produtividade de grãos acima da média geral dos ambientes e alta estabilidade fenotípica, com base em ambos os métodos avaliados, o que os torna recomendados para ambientes desfavoráveis, gerais e favoráveis, respectivamente (Tabela 5).

Tabela 5. Média da produtividade de grãos e classificação, quanto à adaptabilidade e à estabilidade fenotípicas, de 20 genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) semiprostrado, avaliados em quatro ambientes no Estado do Mato Grosso do Sul, pelos métodos de Eberhart & Russel (1966) e de redes neurais artificiais.

Genótipo	Média ($Mg\ ha^{-1}$)	Eberhart & Russel		Redes neurais artificiais	
		Adaptabilidade	Estabilidade	Adaptabilidade	Estabilidade
MNC99-505G-11	0,481	Geral	Alta	Geral	Alta
MNC99-507G-4	0,512	Geral	Alta	Geral	Alta
MNC99-507G-8	0,535	Geral	Alta	Geral	Alta
BRS Xiquexique	0,629	Desfavorável	Alta	Desfavorável	Alta
MNC99-510G-8	0,535	Geral	Baixa	Geral	Alta
MNC99-510F-16	0,557	Geral	Alta	Geral	Alta
TE97-309G-18	0,390	Favorável	Alta	Favorável	Alta
TE97-304G-4	0,592	Geral	Baixa	Geral	Alta
TE97-304G-12	0,705	Geral	Alta	Geral	Alta
TE97-309G-24	0,625	Favorável	Baixa	Favorável	Alta
MNC99-508G-1	0,719	Geral	Baixa	Geral	Alta
MNC99-541F-15	0,630	Geral	Alta	Geral	Alta
MNC99-541F-18	0,678	Geral	Alta	Geral	Alta
MNC99-541F-21	0,466	Geral	Alta	Geral	Alta
MNC99-542F-5	0,801	Geral	Alta	Geral	Alta
MNC99-542F-7	0,548	Favorável	Alta	Favorável	Alta
MNC99-547F-2	0,427	Geral	Alta	Geral	Alta
BRS Paraguaçu	0,801	Geral	Baixa	Geral	Alta
BR 17-Gurguéia	0,723	Geral	Alta	Geral	Alta
CNC x 409-11F-P2	0,487	Geral	Baixa	Geral	Alta
Percentagem de concordância		Adaptabilidade: 100%		Estabilidade: 70%	

Resultado semelhante foi obtido por Barros et al. (2013), que verificaram adaptabilidade a ambientes desfavoráveis e alta previsibilidade para a cultivar BRS Xiquexique.

Observou-se 100% de concordância entre o método de Eberhart & Russel e de RNAs quanto à discriminação da adaptabilidade fenotípica dos genótipos de feijão-caupi semiprostrado (Tabela 5). Em relação à estabilidade fenotípica, houve similaridade de 70% na classificação dos genótipos, provavelmente porque, no método RNA, a estabilidade é baseada no conceito de Finlay & Wilkinson (1963), que difere do adotado no método de Eberhart & Russel (1966), que considera a estabilidade como invariância e não previsibilidade. Resultados similares foram obtidos por Nascimento et al. (2013), que relataram concordância média entre os métodos de Eberhart & Russel e de RNAs, de 93 e 85%, respectivamente, quanto à adaptabilidade e à estabilidade fenotípicas de genótipos de alfafa.

Em decorrência da sua estrutura não linear (Haykin, 2009), as redes neurais podem capturar as características mais complexas do conjunto de dados e não necessitam informações detalhadas sobre o processo a ser modelado, o que pode ser atribuído a sua autoaprendizagem (Nascimento et al., 2013). Em razão das altas taxas de concordância entre os métodos avaliados, as RNAs podem ser consideradas uma alternativa eficaz para mensurar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípicas de genótipos em programas de melhoramento genético.

Conclusões

1. Há elevada concordância entre os métodos de Eberhart & Russel e de redes neurais artificiais quanto à discriminação da adaptabilidade fenotípica dos genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) semiprostrado, o que indica que as redes neurais artificiais podem ser utilizadas em programas de melhoramento genético.

2. Com base nos métodos de redes neurais artificiais e de Eberhart & Russel, os genótipos BRS Xiquexique, TE97-304G-12 e MNC99-542F-5 são os mais recomendados para ambientes desfavoráveis, gerais e favoráveis, respectivamente, por apresentarem produtividade de grãos acima da média geral dos ambientes e alta estabilidade fenotípica.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) e à Fundação Arthur Bernardes (Funarbe), pela concessão de bolsas.

Referências

- ALMEIDA, W.S. de; FERNANDES, F.R.B.; TEÓFILO, E.M.; BERTINI, C.H.C. de M. Adaptability and stability of grain yield in cowpea under different biometrics. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.18, p.221-228, 2012. DOI: 10.18539/cast.v18i3.2648.
- BANZATTO, D.A.; KRONKA, S. do N. **Experimentação agrícola**. 4.ed. Jaboticabal: Funep, 2006. 237p.
- BARBOSA, C.D.; VIANA, A.P.; QUINTAL, S.S.R.; PEREIRA, M.G. Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.224-231, 2011. DOI: 10.1590/S1984-70332011000300004.
- BARROS, M.A.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R.L.F.; SILVA, K.J.D. e; NEVES, A.C. das. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi de porte semiprostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, p.403-410, 2013. DOI: 10.1590/S0100-204X2013000400008.
- BHERING, L.L.; CRUZ, C.D.; PEIXOTO, L. de A.; ROSADO, A.M.; LAVIOLA, B.G.; NASCIMENTO, M. Application of neural networks to predict volume in eucalyptus. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.15, p.125-131, 2015. DOI: 10.1590/1984-70332015v15n3a23.
- BRASILEIRO, B.P.; MARINHO, C.D.; COSTA, P.M. de A.; CRUZ, C.D.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Selection in sugarcane families with artificial neural networks. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.15, p.72-78, 2015. DOI: 10.1590/1984-70332015v15n2a14.
- CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251.
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p.36-40, 1966. DOI: 10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x.
- FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.14, p.742-754, 1963. DOI: 10.1071/AR9630742.
- HAYKIN, S. **Neural networks and learning machines**. 3rd ed. New York: Prentice Hall, 2009. 936p.
- NASCIMENTO, M.; PETERNELLI, L.A.; CRUZ, C.D.; NASCIMENTO, A.C.C.; FERREIRA, R. de P.; BHERING, L.L.; SALGADO, C.C. Artificial neural networks for adaptability and stability evaluation in alfalfa genotypes. **Crop Breeding and**

Applied Biotechnology, v.13, p.152-156, 2013. DOI: 10.1590/S1984-70332013000200008.

NUNES, H.F.; FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; GOMES, R.L.F. Grain yield adaptability and stability of blackeyed cowpea genotypes under rainfed agriculture in Brazil. **African Journal of Agricultural Research**, v.9, p.255-261, 2014. DOI: 10.5897/AJAR212.2204.

SANTOS, J.A. da S.; TEODORO, P.E.; CORREA, A.M.; SOARES, C.M.G.; RIBEIRO, L.P.; ABREU, H.K.A. de. Desempenho agrônomico e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no ecótono Cerrado/Pantanal. **Bragantia**, v.73, p.377-382, 2014a. DOI: 10.1590/1678-4499.0250.

SANTOS, J.A. da S.; SOARES, C.M.G.; CORREA, A.M.; TEODORO, P.E.; RIBEIRO, L.P.; ABREU, H.K.A. de. Agronomic

performance and genetic dissimilarity among cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes. **Global Advanced Research Journal of Agricultural Science**, v.3, p.271-277, 2014b.

TORRES, F.E.; SAGRILO, E.; TEODORO, P.E.; RIBEIRO, L.P.; CARGNELUTTI FILHO, A. Número de repetições para avaliação de caracteres em genótipos de feijão-caupi. **Bragantia**, v.74, p.161-168, 2015a. DOI: 10.1590/1678-4499.0393.

TORRES, F.E.; TEODORO, P.E.; SAGRILO, E.; CECCON, G.; CORREA, A.M. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v.74, p.255-260, 2015b. DOI: 10.1590/1678-4499.0099.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA. Departamento de Estatística. **Materiais disponíveis**. [2015]. Disponível em: <<http://www.det.ufv.br/~moyses/links.php>>. Acesso em: 5 fev. 2015.

Recebido em 15 de julho de 2015 e aprovado em 31 de agosto de 2015