

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CÂMPUS DE BOTUCATU

**UTILIZAÇÃO DE REDES NEURAIS ARTIFICIAS APLICADAS NA
DISCRIMINAÇÃO DE PADRÕES DE DOENÇAS FLORESTAIS**

JOÃO RICARDO FAVAN

Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agronômicas da UNESP – Campus
de Botucatu, para obtenção do título de
Mestre em Ciência Florestal

BOTUCATU – SP

Julho - 2015

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CÂMPUS DE BOTUCATU

**UTILIZAÇÃO DE REDES NEURAIS ARTIFICIAS APLICADAS NA
DISCRIMINAÇÃO DE PADRÕES DE DOENÇAS FLORESTAIS**

JOÃO RICARDO FAVAN

Orientador: Prof. Dr. José Raimundo de Souza Passos

Co-Orientador: Prof. Dr. Edson Luiz Furtado

Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agronômicas da UNESP – Campus
de Botucatu, para obtenção do título de
Mestre em Ciência Florestal

BOTUCATU – SP

Julho – 2015

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉCNICA DE AQUISIÇÃO E TRATAMENTO DA INFORMAÇÃO - DIRETORIA TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - UNESP - FCA - LAGEADO - BOTUCATU (SP)

F272u Favan, João Ricardo, 1987-
Utilização de redes neurais artificiais aplicadas na discriminação de padrões de doenças florestais / João Ricardo Favan. - Botucatu : [s.n.], 2015
x, 74 f. : fots. color., grafs., ils. color., tabs.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu, 2015
Orientador: José Raimundo de Souza Passos
Coorientador: Edson Luiz Furtado
Inclui bibliografia

1. Eucalipto - Doenças e pragas. 2. Bacterioses. 3. Imagens digitais. 4. Topologia. I. Passos, José Raimundo de Souza. II. Furtado, Edson Luiz. III. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (Câmpus de Botucatu). Faculdade de Ciências Agrônomicas. IV. Título.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
CAMPUS DE BOTUCATU
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÔNICAS DE BOTUCATU

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: UTILIZAÇÃO DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS APLICADAS NA DISCRIMINAÇÃO DE
PADRÕES DE DOENÇAS FLORESTAIS

AUTOR: JOAO RICARDO FAVAN

ORIENTADOR: Prof. Dr. JOSE RAIMUNDO DE SOUZA PASSOS

CO-ORIENTADOR: Prof. Dr. EDSON LUIZ FURTADO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM CIÊNCIA
FLORESTAL, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. JOSE RAIMUNDO DE SOUZA PASSOS
Departamento de Bioestatística / Instituto de Biociências de Botucatu

Profa. Dra. MAGALI RIBEIRO DA SILVA
Dep de Ciência Florestal / Faculdade de Ciências Agrômicas de Botucatu

Prof. Dr. OSVALDO CESAR PINHEIRO DE ALMEIDA
Faculdade de Tecnologia de Botucatu

Data da realização: 31 de julho de 2015.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, fonte e princípio de tudo, por conceder saúde, foco, fé, inteligência, força e todos os dons necessários para completar esta etapa da minha vida.

Agradeço à minha família, primeiramente nas pessoas dos meus pais Benedito e Terezinha que me ensinaram educação, comprometimento, respeito e tantos outros valores. Eles são minha fortaleza e refugio, pessoas maravilhosas que me deram e me dão todo o suporte e apoio necessário, sem o qual não chegaria até aqui.

Estendo o agradecimento à minhas irmãs, Fernanda e Paula, e aos meus cunhados, Marcos e Fernando, por estarem presentes em minha vida, fazendo a caminhada do dia a dia mais fácil.

Agradeço à uma pessoa muito especial em minha vida, Renata, minha namorada. Ela que sempre me ajudou e apoiou, me deu forças quando precisava, me fez persistir e em cada momento me surpreende da forma mais inesperada. Ela que facilmente me faz sorrir, mesmo no dia mais chuvoso e me mostra que se deve caminhar um passo de cada vez.

Ao meu orientador, Prof. Dr. José Raimundo de Souza Passos, pessoa de excelência e profissional ímpar, que me aceitou como orientado, sem nem mesmo conhecer o “carinha que fez informática”. Em cada momento me inspira como profissional e pessoa, mostrando, em cada reunião, novos horizontes a explorar.

Aos meus colegas de grupo de pesquisa, André Jim e Vitor Furtado, pela amizade, apoio e ajuda em momentos decisivos. Ao Vitor, um agradecimento especial pelas imagens cedidas.

Não posso esquecer da Profa. Dra. Magali Ribeiro do DCF que me mostrou e auxiliou nos primeiros passos na pós-graduação, mesmo sem ser oficialmente seu orientado. Aproveito e estendo o agradecimento à sua orientada Gláucia Uesugi pela sua amizade e pelos trabalhos realizados.

Agradeço também ao grupo do Prof. Dr. Fernando Broetto. Erica, Dayane, Diogo, Enrique, Luz Maria, Edilson e Renata (kkk), pelos momentos de diversão e aprendizado.

Enfim, agradeço a todos que de forma direta ou indireta contribuíram para a conclusão dessa fase, e início da próxima. Que venha o doutorado!!!

“Dizem que o tempo muda tudo, mas não é verdade. Fazer coisas é que muda algo, não fazer nada deixa as coisas do jeito que estão.”

(HOUSE, M.D.)

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	3
1.1 Objetivo.....	4
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	5
2.1 O Setor Florestal Brasileiro.....	5
2.2 Manchas Foliares.....	6
2.3 Mancha foliar causada por bactérias.....	6
2.3.1 Sintomas.....	7
2.3.2 Controle.....	8
2.4 Mancha foliar causada por <i>Cylindrocladium</i> spp.....	8
2.4.1 Sintomas.....	9
2.4.2 Controle.....	10
2.5 Redes Neurais Artificiais.....	10
2.5.1 Definição.....	11
2.5.2 Histórico das Redes Neurais Artificiais.....	11
2.5.3 O neurônio biológico.....	12
2.5.4 O neurônio Artificial.....	15
2.5.5 Funções de ativação.....	17
2.5.6 Arquitetura das redes neurais artificiais.....	19
2.5.7 Treinamento ou aprendizagem de redes neurais artificiais.....	21
2.5.8 A RNA Perceptron Multi Camadas.....	22
2.5.9 Processo de treinamento das redes PMC (Backpropagation).....	23
2.5.10 Medidas de desempenho das redes backpropagation.....	26
2.6 A utilização das RNAs nas ciências agrárias e florestais.....	28
2.7 Imagens Digitais.....	31
2.7.1 Elemento da percepção visual humana.....	31
2.7.2 Representação de imagens digitais.....	33
2.7.3 Processamento de Imagens.....	34
2.7.4 Histogramas.....	35
2.7.5 Limiarização (threshold).....	36
2.8 Software Livre e Principais softwares utilizados.....	37
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	39
3.1 Aquisição das Imagens.....	39

3.2 Processamento das Imagens.....	39
3.3 Planejamento e Desenvolvimento da Rede Neural Artificial.....	41
3.3.1 Normalização dos dados.....	41
3.3.2 Topologias da Rede Neural Artificial.....	43
3.4 Testes e homologação da Rede Neural Artificial.....	45
3.4.1 Curva de Aprendizado.....	45
3.4.2 Desempenho da RNA.....	45
3.4.3 Análise Estatística.....	47
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	48
4.1 Normalização do dados.....	49
4.2 Topologia 1 – 34 neurônios.....	52
4.3 Topologia 2 – 128 neurônios.....	53
4.4 Topologia 3 – 256 neurônios.....	55
4.5 Topologia 4 – 384 neurônios.....	57
4.6 Topologia 5 - 511 neurônios.....	59
4.7 Comparações entre as topologias.....	60
4.8 Análises Estatísticas.....	63
5 CONCLUSÃO.....	67
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA.....	69

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Folha de Eucalipto com mancha bacteriana.....	7
Figura 2: Folha de Eucalipto com Mancha de <i>Cylindrocladium</i> spp.....	10
Figura 3: Imagem ilustrativa do neurônio com dendritos, corpo celular e axônio.....	13
Figura 4: Simulação de uma sinapse em uma rede neural biológica.....	14
Figura 5: Variação do potencial de ação de um neurônio em mV em função do tempo de excitação em ms.....	14
Figura 6: Modelo de neurônio artificial proposto por McCulloch e Pitts com dados de entrada (x), pesos sinápticos (w), limiar de ativação (θ), potencial de ativação (u), função de ativação (g(.)) e sinal de saída (y).....	15
Figura 7: Exemplo de rede feed forward de camadas múltiplas com n entrada, n1 neurônios da primeira camada Intermediária, n2 neurônios na segunda camada Intermediária e m neurônios na camada de saída.....	19
Figura 8: Exemplo de rede auto-organizável de kohonen com n entradas e 16 neurônios organizados em 4 linhas e 4 colunas.....	20
Figura 9: Exemplo de rede recorrente ou realimentada com n1 neurônios na camada Intermediária e m neurônios na camada de saída.....	20
Figura 10: Ilustração das fases de treinamento forward e backward do algoritmo de Backpropagation, com n neurônios na camada de entrada, n1 neurônios na primeira camada Intermediária, n2 neurônios na segunda camada Intermediária e n3 neurônios na camada de saída.....	24
Figura 11: Erro durante o processo de aprendizagem e validação da rede em função das épocas processadas.....	27
Figura 12: Erro da rede em função dos pesos sinápticos de um neurônio durante o processo de aprendizado, destacando os pontos de mínimos locais (p(1), p(2) e p(3)) e mínimo global. Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).....	28
Figura 13: imagem ilustrativa do olho humano e seus componentes.....	32
Figura 14: Uma seção do espectro de energia eletromagnética mostrando a escala de comprimentos de onda correspondendo ao espectro visível.....	33
Figura 15: Representação matricial da área selecionada de uma imagem e seus níveis de cinza correspondentes.....	33
Figura 16: Etapas de um sistema de processamento de imagens.....	35
Figura 17: Histograma composto pelos 256 níveis de cinza e a porcentagem de pixels para	

cada nível contido na imagem.....	36
Figura 18: Fases do processamento das imagens utilizadas no trabalho.....	40
Figura 19: Figura de folha com <i>Cylindrocladium</i> spp. e seu histograma utilizando o software ImageJ®.....	48
Figura 20: Histogramas com comportamento similar de duas imagens (a), histogramas diferentes de duas imagens (b), histogramas médios para cada uma das doenças estudadas(c).....	49
Figura 21: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 1.....	52
Figura 22: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 2.....	54
Figura 23: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 3.....	56
Figura 24: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 4.....	57
Figura 25: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 5.....	59

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Tipos de funções de ativação utilizadas em redes neurais artificiais.....	18
Tabela 2 - Métodos utilizados para a seleção das topologias para a Rede Neural Artificial, com a fórmula de cada método, quantidade de Neurônios e codificação das topologias. Em que, n_1 é o número de neurônios na camada Intermediária, n é o número de neurônios na camada de entrada, n_2 é o número de neurônios na camada de saída e n_c é o número de classes da RNA.....	44
Tabela 3 - Tabela de confusão genérica.....	46
Tabela 4 - Técnicas de normalização de dados para RNA, seguidos dos fatores de ajustes, médias das épocas até a convergência da rede, médias dos Erros Quadráticos Médios (EQM) na época de convergência e médias dos F1-Scores da redes treinadas.....	50
Tabela 5 - Valores do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos na fase de validação nos ensaios realizados com a topologia 1.....	52
Tabela 6 - Tabela de confusão para a Topologia 1.....	53
Tabela 7 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 2.....	54
Tabela 8 - Tabela de confusão para a Topologia 2.....	55
Tabela 9 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 3.....	55
Tabela 10 - Tabela de confusão para a Topologia 3.....	57
Tabela 11 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 4.....	57
Tabela 12 - Tabela de confusão para a Topologia 4.....	58
Tabela 13 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 5.....	59
Tabela 14 - Tabela de confusão para a Topologia 5.....	60
Tabela 15 - Valores mínimos, médios, máximos, coeficiente de variação, variância e desvio padrão dos principais indicadores de desempenho da RNA.....	64
Tabela 16 - Médias (desvio padrão entre parênteses) dos indicadores de desempenho da RNA segundo as cinco topologias analisadas.....	65

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

Adaline: *Adaptive Linear Element*

BP: *Back Propagation*

DPI: *Dots per Inch* (Pontos por polegadas)

EQM: Erro Quadrático Médio

FF: *Feed Forward*

MLP: *Multilayer Perceptron*

PMC: *Perceptron Multicamadas*

RNA: Redes Neurais Artificiais

SVM: *Support Vector Machine*

RESUMO

O setor florestal tem uma grande importância para a economia brasileira, sendo este, fornecedor de matéria-prima para uso em reflorestamento de áreas degradadas assim como para indústrias como de papel e celulose, carvão, moveleira, entre outras. No entanto para obtenção de bons resultados é necessária a utilização de mudas florestais sadias e livres de doenças. A mancha bacteriana do eucalipto e a mancha causada por *Cylindrocladium* são duas doenças muito comuns em viveiros e, embora os agentes etiológicos sejam diferentes, seus sintomas são bem parecidos, podendo causar dúvidas em um momento de diagnose. O objetivo do presente trabalho foi desenvolver uma rede neural artificial (RNA) que seja capaz de classificar as duas doenças citadas utilizando imagens digitais. Imagens de ambas doenças foram processadas, utilizando a técnica de limiarização a fim de remover o fundo da imagem, e utilizados seus histogramas para treinamento de uma RNA do tipo *perceptron* multicamadas com algoritmo *backpropagation*. Foram realizados dez ensaios com cinco topologias diferentes, sendo elas com 34, 128, 248, 368 e 511 neurônios na camada intermediária. Todas as topologias atingiram em média 95% de acertos, sendo considerada a mais adequada aquela que possuía 256 neurônios.

Palavras Chave: Bacteriose, *Cylindrocladium*, perceptron multicamadas, Imagens digitais

USE OF ARTIFICIAL NEURAL NETWORK APPLIED TO PATTERNS CLASSIFICATION OF FLOREST DISEASES. Botucatu, 2015. 56p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista.

Author: JOÃO RICARDO FAVAN

Adviser: JOSÉ RAIMUNDO DE SOUZA PASSOS

Co-Adviser: EDSON LUIZ FURTADO

SUMMARY

The forest sector has great importance for the Brazilian economy, whose, is raw materials supplier for reforestation of degraded areas as well as for industries like pulp and paper, coal, furniture, among others. However to achieve good results is necessary to use healthy forest seedlings. Bacterial stain of the eucalyptus and the stain caused by *Cylindrocladium* are two common diseases in nurseries and although the etiologic agents are different, their symptoms are similar, and may cause doubts in a diagnosis moment. The aim of this study was to develop an artificial neural network (ANN) to classify the two cited diseases using digital images. Images of both diseases were processed using a threshold technique to remove the image background, and their histograms were used to training a multilayer perceptron ANN with backpropagation algorithm. Ten essays with five different topologies (34, 128, 248, 368 and 511 neurons in the hidden layer) were carried out. All topologies reached on average 95% of correct classifications. The topology with 256 neurons in hidden layer was considered the most suitable one for this project.

Keywords: Bacterial spot , *Cylindrocladium* , multilayer perceptron , Digital Images

1 INTRODUÇÃO

O setor florestal brasileiro tem uma grande importância para a economia nacional, destacando principalmente as florestas de eucaliptos e pinus. Para manter essas florestas saudáveis, além do manejo apropriado, é necessário que as mudas utilizadas sejam de boa qualidade, livre de patógenos e com elevado padrão fitossanitário.

Os viveiros florestais são os responsáveis por fornecer as mudas utilizadas em reflorestamentos, sendo que esses fornecem matéria-prima para as indústrias de energia, como carvão, papel e celulose, moveleiras, entre outras. Dessa forma, o adequado manejo e a prevenção de doenças nas plantas comercializadas ocupam um lugar de destaque na produção dos viveiros.

A bacteriose foliar do eucalipto – mancha causada pela ação de bactérias - e as manchas foliares ocasionadas por fungos do complexo *Cylindrocladium spp.* são duas doenças muito preocupantes para os viveiristas visto que sua incidência, sem o devido tratamento, pode levar a grandes perdas. Nesse sentido, a correta identificação e diagnose da doença se faz necessária, para que, rapidamente, possam ser tomadas as medidas necessárias a fim de solucionar este problema.

A identificação e diagnose de doenças que até recentemente eram feitas através da observação por um especialista e, algumas vezes, utilizando testes laboratoriais, evoluiu nas últimas décadas, sendo aplicadas técnicas de neurocomputação, como as redes neurais artificiais, para identificar, diferenciar e até mesmo classificar a severidade de diversas doenças.

As redes neurais artificiais e diversas outras técnicas da

neurocomputação vêm sendo empregadas no setor agrícola com maior frequência, e seus resultados são cada vez mais precisos (VIANNA; CRUZ, 2013). No entanto, o uso das mesmas técnicas na área florestal ainda é pouco explorada, mas muito promissora (JUNIOR et al., 2006).

1.1 Objetivo

O presente trabalho tem como objetivo o desenvolvimento, treinamento e utilização de uma Rede Neural Artificial (RNA) para o reconhecimento de padrões e a discriminação de manchas foliares de bacteriose e manchas foliares ocasionadas por *Cylindrocladium spp.* em Eucalipto.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O Setor Florestal Brasileiro

O setor florestal brasileiro tem uma grande importância na economia nacional. Sua cadeia de produção alcançou, em 2012, um valor bruto de 56,3 bilhões de reais, sua participação na balança comercial foi de 28,1% e gerou aproximadamente 4,4 milhões de empregos (ABRAF, 2013).

A área de florestas plantadas de *Pinus* e *Eucalyptus* somaram, em 2012, 6,66 milhões de hectares no Brasil, um crescimento de 2,2% comparado com o indicador de 2011, sendo que dessa área 76,6% são florestas de *Eucalyptus*. Essas florestas se concentram principalmente nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná e Santa Catarina, cujos destinos das produções são para as indústrias de papel e celulose, carvão vegetal e painéis de madeira (ABRAF, 2013).

Neste contexto, torna-se importante salientar que utilizar mudas que atendam padrões estabelecidos de qualidade, sejam livres de doenças e cultivadas em viveiros com manejos fitossanitários adequados, são alguns dos diversos fatores necessários para obtenção de florestas bem estabelecidas (KRATZ; WENDLING, 2013).

Diante do exposto, dada a importância do setor florestal para a economia nacional, qualquer fator que possa vir a prejudicá-lo ou ainda auxiliar no incremento da produção deve ser objeto de estudo pela comunidade científica, como por exemplo as manchas foliares do eucalipto.

2.2 Manchas Foliaves

O tecido foliar, de uma forma geral, é o responsável pelo processo de fotossíntese que permite o crescimento vegetativo das plantas. As manchas foliares causam a necrose da folha reduzindo a área foliar e o potencial fotossintético da planta, podendo causar sua destruição (BEDENDO, 2011).

As manchas foliares são causadas principalmente por fungos e bactérias, destacando-se as espécies *Xanthomonas* e *Pseudomonas* para as bactérias e nos fungos quase que a totalidade do grupo dos anamórficos e dos ascomicetos. Essas doenças ocorrem principalmente em regiões de clima quente e úmido e tem como principais resultados a diminuição do desenvolvimento vegetativo da planta, seu rendimento no viveiro e na qualidade do produto final (AUER; SANTOS; NETO, 2011)

As manchas foliares, tanto causadas por fungos ou bactérias possuem forma, coloração e propagação diferentes, sendo que os principais métodos de controle são: o emprego de variedades resistentes e aplicação de fungicidas, ou como medidas alternativas podem ser salientadas a eliminação dos resíduos de cultura, o uso de sementes livres de patógenos e a erradicação da plantas hospedeiras (BEDENDO, 2011).

2.3 Mancha foliar causada por bactérias

A mancha foliar causada por bactérias - bacteriose, comparada com outras doenças do eucalipto, pode ser considerada como uma doença de registro recente (AUER; SANTOS; NETO, 2011), no entanto, sua primeira aparição data de 1995, mesmo assim a doença é classificada como uma das principais doenças foliares do eucalipto (GONÇALVES et al., 2008).

Esta doença tem sua ocorrência registrada principalmente nos estados de Amapá, Bahia, Minas Gerais, São Paulo, Pará, Mato Grosso do Sul e Rio Grande do Sul - principais estados produtores de eucalipto do Brasil - além de registros na Argentina, Paraguai e Uruguai (ALFENAS et al., 2009; AUER; SANTOS; NETO, 2011; GONÇALVES et al., 2008).

São atribuídos como principais agentes causadores dessa doença as *Xanthomonas axonopodis* e as *Pseudomonas cichori* (FURTADO et al., 2009). Sendo que as variedades de eucalipto mais suscetíveis ao seu ataque são *Eucalyptus cloeziana*, *E. grandis*, *E. globulus*, *E. maidenii*, *E. pellita*, *E. regnans*, *E. robusta*, *E. saligna*, *E. urophylla* e *E. viminalis* e *E. urograndis* (ALFENAS et al., 2009).

Sendo também importante destacar que os prejuízos causados pela doença são estimados em 2,4 milhões de reais por ano (FURTADO; WILCKEN, 2011).

2.3.1 Sintomas

Os sintomas da referida doença podem variar dependendo da idade da folha, do estado de desenvolvimento da lesão e a espécie de Eucalipto. No entanto, de uma forma geral, os sintomas podem ser caracterizados como pontuações nas folhas mais jovens e nos ponteiros, que podem evoluir na forma de manchas úmidas, do tipo anasarcas, com ocorrência angulares, internervurais e translúcidas, ocorrendo de ambos os lados da folha, estão concentradas ao longo da nervura principal, nas margens das folhas ou distribuídas aleatoriamente sobre o limbo. Posteriormente, essas manchas se tornam necróticas, com deformação do limbo foliar, como mostra a Figura 1 (AUER; SANTOS; NETO, 2011; GONÇALVES et al., 2008).



Figura 1: Folha de Eucalipto com mancha bacteriana.

Fonte: Damasceno *et al.*(2014)

A evolução da doença se caracteriza com o aumento do número de lesões e as mesmas adquirem um aspecto ressecado e coloração amarronzada, podendo conter orifícios no centro da lesão ou áreas recortadas do limbo, principalmente em folhas mais jovens, eventualmente, pode haver necrose em pecíolo e ramos. O ápice da doença é uma intensa desfolha devido à senescência precoce das folhas infectadas. Torna-se importante destacar que as lesões necróticas e escuras são semelhantes às aquelas causadas por *Cylindrocladium spp.* (ALFENAS et al., 2009; AUER; SANTOS; NETO, 2011; GONÇALVES et al., 2008).

A diagnose da doença é feita através da avaliação do material sob suspeita utilizando-se um microscópio estereoscópio, que deve mostrar a ausência de estruturas fúngicas, como hifas e esporos, que geralmente, são encontradas em folhas com lesões de origem fúngica. Para confirmação do diagnóstico deve-se utilizar a metodologia

de isolamento de fitobactérias com material doente em meio nutriente ágar, se realmente se tratar de bacteriose, deve ser percebido o surgimento de colônias nesse meio (AUER; SANTOS; NETO, 2011).

A mancha foliar bacteriana do eucalipto é causado principalmente por bactérias do gênero *Xanthomonas*, destacando-se *X. axonopodis* e *X. campestris* e bactérias do gênero *Pseudomonas*, sendo as três principais espécies *P. syringae*, *P. cichorri* e *P. putida* (GONÇALVES et al., 2008).

2.3.2 Controle

O controle da bacteriose em viveiros de eucalipto é feito por meio da multiplicação dos clones suscetíveis somente em épocas do ano que for desfavoráveis à infecção, ou seja, no outono e inverno, onde são caracterizadas as baixas temperaturas e umidade relativa do ar, assim como menos precipitação pluviométricas quando comparados com a primavera e o verão. Deve ser feita também a remoção das folhas doentes e evitar que haja o molhamento da parte aérea das mudas (ALFENAS et al., 2009; AUER; SANTOS; NETO, 2011).

Sendo considerado, então, que boa parte dos viveiros utilizam a microaspersão como método de fertirrigação, torna-se dificultoso evitar o molhamento da parte aérea das mudas, sendo assim, a remoção da muda doente é a principal técnica utilizada para o controle da doença em viveiros.

Esta doença pode ser facilmente levada a campo por meio de mudas infectadas, nesse sentido, é recomendado que os plantios, principalmente os clonais, sejam feitos com mudas sadias e certificadas, obtidas de viveiros idôneos. Uma outra medida que pode ser adotada é o plantio de material genético resistente. É importante ressaltar que não existem informações sobre a utilização de controle químico da bacteriose em árvores jovens, nem produtos registrados no ministério da agricultura para tal fim (AUER; SANTOS; NETO, 2011).

2.4 Mancha foliar causada por *Cylindrocladium* spp.

As manchas foliares ocasionadas por *Cylindrocladium* spp. são comumente encontradas em plantios de eucalipto, podendo também ocorrer em viveiros florestais mesmo não causando sérios prejuízos (AUER; KRUGNER, 2005).

A doença é observada no Brasil desde 1973 em praticamente todas

as regiões do país e foi encontrada em mais de 15 espécies de eucalipto, sendo *E. urophylla*, *E. citriodora*, *E. cloeziana* e *E. grandis* consideradas as mais suscetíveis (SANTOS; AUER; GRIGOLETTI JUNIOR, 2001). Os danos mais sérios causados pela doença foram encontrados nos estados de Minas Gerais, Bahia, Espírito Santo e região Amazônica, principalmente nas épocas mais chuvosas, quando ocorre uma intensa desfolha das plantas atacadas (AUER; KRUGNER, 2005)

As plantas atacadas por *Cyclindrocladium* spp. costumam se recuperar com a emissão de novas folhas nos meses seguintes ao ataque, mesmo se tratando de um ataque intenso da doença. O principal prejuízo está no fato da colonização e a desfolha da planta diminuir a área fotossintética e o crescimento das plantas, assim como, a abertura para infestações por plantas invasoras e outras pragas (AUER; KRUGNER, 2005).

2.4.1 Sintomas

As manchas geradas pela ação do *Cyclindrocladium* spp. possuem formas, coloração e tamanhos variados dependendo da espécie de Eucalipto, do fitopatógeno e das condições do ambiente. Primeiramente, é preciso destacar que os brotos não são atingidos, o que auxilia na recuperação da planta quando as condições ambientais voltam a ser desfavoráveis à doença. Tanto os ramos quanto as hastes podem, simultaneamente, serem atacadas (SANTOS; AUER; GRIGOLETTI JUNIOR, 2001).

Nos órgãos atacados formam-se lesões necróticas escuras que, frequentemente, são recobertas por um crescimento esbranquiçado constituído por conidióforos e conídios do patógeno. Dessa forma a doença provoca murcha, seca e morte de brotações especialmente em *E. grandis*, onde as folhas e frutificações são afetadas em sua face inferior com maior frequência (AUER; KRUGNER, 2005).

De uma forma geral, os principais sintomas da doença podem ser resumidos em manchas que se iniciam no ápice ou na borda do limbo e progridem radialmente para a nervura principal. Essas manchas podem alcançar tamanhos consideráveis e afetar grande parte da folha, sua coloração varia entre o marrom claro, o marrom arroxeado e o cinza. Estas são delimitadas por um halo clorótico que as separam da parte sadia da folha, como ilustra a Figura 2. Como consequência desse ataque pode ocorrer a desfolha da planta (SANTOS; AUER; GRIGOLETTI JUNIOR, 2001).

A doença da mancha foliar de *Cylindrocladium* spp. é causada por

fungos do complexo *Cylindrocladium*; sendo constatado como as principais espécies causadoras da doença as *C. candelabrum*, *C. floridanum*, *C. ilicicola*, *C. ovatum*, *C. parasiticum*, *C. pteridis*, *C. quinqueseptatum* e *C. scoparium* (AUER; KRUGNER, 2005).



Figura 2: Folha de Eucalipto com Mancha de *Cylindrocladium* spp.
Fonte: Damasceno *et al.*(2014)

2.4.2 Controle

O controle em viveiro é dispensável em situações em que as mudas estejam em local com boa aeração e seja evitado o adensamento das plantas. No caso de maiores riscos ou situações epidêmicas, pode-se proceder a aplicação de fungicidas cúpricos ou ditiocarbamatos alternados com benomyl. No entanto, é importante salientar quanto a impossibilidade legal do uso de fungicidas, devido a falta de registro desses para a cultura (AUER; KRUGNER, 2005).

Em campo, é verificada boa recuperação das árvores atacadas mesmo após longos períodos de intensa desfolha, sendo assim não é necessário o uso de controle químico para a doença. Um alternativa para o controle da doença é o uso de plantas de variedades resistentes, como *E. saligna*, *E. maculata*, *E. torelliana* e *E. microcorys*. São destacadas como menos resistentes as variedades *E. cloezina*, *E. citriodora*, *E. urophylla* e *E. grandis*, sendo essas últimas as mais plantadas no Brasil atualmente (ABRAF, 2013; AUER; KRUGNER, 2005).

2.5 Redes Neurais Artificiais

A origem das redes neurais artificiais remonta aos modelos matemáticos dos neurônios biológicos. O neurônio biológico foi descrito primeiramente e com notável riqueza de detalhes pelo neurologista Ramón y Cajal (CAJAL, 1894). No

entanto, o conceito de neurônio artificial só é apresentado a comunidade científica por McCulloch e Pitts (MCCULLOCH; PITTS, 1943), médico e matemático, respectivamente. Apesar de clássicos, os estudos sobre a modelagem matemática dos neurônios e suas aplicações com redes neurais artificiais em áreas diversas do conhecimento, teve sua expansão nos anos noventa (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010)

2.5.1 Definição

Redes Neurais Artificiais (RNA) são definidas de diferentes formas na literatura segundo sua área de aplicação, mas fundamentalmente todos remetem ao sistema cognitivo biológico. Uma definição mais simplificada e abrangente pode ser utilizada definindo RNA como um paradigma de processamento da informação inspirado na forma em que os sistemas nervosos biológicos, como por exemplo o cérebro, processam suas informações (NAHAR, 2012).

O neurônio é o principal elemento desse paradigma que está estruturado em um sistema de processamento da informação, composto por um certo número desses elementos altamente conectados entre si. Cada neurônio tem sua função individual mas todos trabalham em conjunto para resolver um problema específico, como reconhecimento de padrões ou a classificação de dados. Assim como as pessoas, as RNAs aprendem através de exemplos em um processo de treinamento ou aprendizagem, que consistem em ajustar as conexões que existem entre os neurônios (NAHAR, 2012).

2.5.2 Histórico das Redes Neurais Artificiais

Os estudos sobre redes neurais artificiais foi iniciado em 1943 com os trabalhos do médico Warren McCulloch e do matemático Walter Pitts que publicaram uma analogia entre as células nervosas e o processo eletrônico, onde foi desenvolvido o “neurônio booleano de McCulloch”, um dispositivo binário onde as entradas tinham ganhos arbitrários e suas somas ponderadas resultavam em uma saída de pulso (excitatória) ou não-pulso (inibitória) (KOVÁCS, 2006).

Em 1949, o psicólogo Donald Hebb, no livro *The Organization of Behavior*, apresentou pela primeira vez uma formulação específica de uma regra de aprendizado fisiológica. Sua hipótese era que a conectividade do cérebro era continuamente modificada conforme o organismo aprende tarefas diferentes. Hebb propôs que as conexões entre células que são ativadas ao mesmo tempo tendem a se fortalecerem,

enquanto que as outras conexões tendem a se enfraquecerem. Esta hipótese influenciou na evolução da teoria de aprendizagem em redes neurais artificiais (HAYKIN, 2001).

Frank Rosenblatt, em 1958, criou uma inovadora rede de múltiplos neurônios e a batizou de rede Perceptron. Rosenblatt tomou como base as linhas de pensamento de McCulloch para desenvolver o seu modelo matemático de sinapse humana (HAYKIN, 2001).

Ao mesmo tempo que Rosenblatt trabalhava no perceptron, Bernard Widrow desenvolveu um novo modelo de processamento de redes neurais chamado de ADALINE (*ADaptive LINear Element*), a qual se destacava pela sua diferenciada forma de aprendizado, utilizando o algoritmo do mínimo quadrado médio. O treinamento para as redes ADALINES foi mais tarde generalizada para redes com modelos neurais mais sofisticados. Posteriormente, Widrow criou a MADALINE, que era uma generalização multidimensional do ADALINE (*Multidimensional ADaptive LINear Element*) (HAYKIN, 2001).

No final da década de 50, os pesquisadores Minsky e Papert apresentaram diversas críticas sobre a neurocomputação que estava surgindo, desestimulando a continuidade da pesquisa nessa área. No entanto em 1982, o físico e biólogo John Hopfield escreveu vários artigos que estimulou outros cientistas a continuar suas pesquisas nessa área emergente (HAYKIN, 2001).

Em 1986 os professores de psicologia David Rumelhart e James McClelland, publicaram o livro *Parallel Distributed Processing: Explorations in the Microstructure of Cognition (vol.1: Foundations, vol.2: Psychological and Biological Models)*. Nesse livro, foi apresentado um modelo matemático e computacional que viabiliza o treinamento supervisionado dos neurônios artificiais, culminando no surgimento do algoritmo *backpropagation* (HAYKIN, 2001).

Desde então, as redes neurais artificiais veem sendo empregadas em diversas áreas do conhecimento e seus algoritmos aprimorados a cada dia, tornando-se uma ferramenta eficiente e precisa para a neurocomputação e de grande valia para todas as áreas em que são empregadas.

2.5.3 O neurônio biológico

A célula elementar do sistema cognitivo é o neurônio, seu papel se resume a conduzir impulsos elétricos, advindos de reações físico-químicas, sob

determinadas condições de operação. Tal elemento é dividido em três partes principais, sendo elas, os dendritos, o corpo celular, também chamado de soma, e o axônio, conforme é mostrado na Figura 3 (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010)

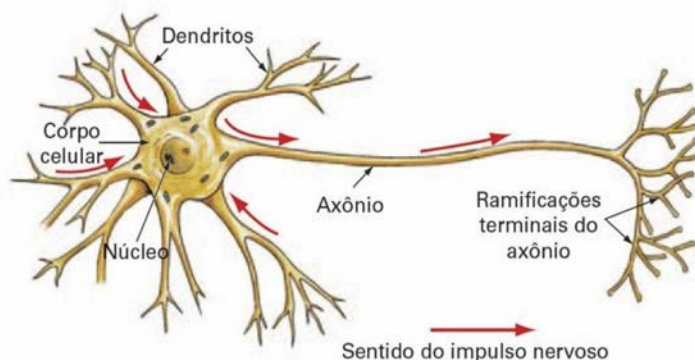


Figura 3: Imagem ilustrativa do neurônio com dendritos, corpo celular e axônio.

Fonte: Lopes (2000)

Os dendritos são constituídos por numerosos prolongamentos finos que formam a chamada árvore dendrital. São tão numerosos que frequentemente cobrem um volume maior que o corpo celular do neurônio. A principal função relacionada a estes é a captação dos estímulos elétricos vindo de outros neurônios ou do meio externo (KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O corpo celular tem a função de processar os estímulos recebidos pelos dendritos para produzir um dado potencial de ativação, este potencial indicará se o neurônio realizará o disparo de um impulso elétrico ao longo de seu axônio. No soma também são encontradas as principais organelas citoplasmáticas do neurônio, como núcleo, mitocôndrias, lisossomos, entre outras (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O Axônio é constituído por um único prolongamento, cuja função é levar os impulsos elétricos para outros neurônios conectados diretamente a este. Cada neurônio, de forma geral, possui apenas um axônio e este pode apresentar algumas ramificações, em alguns casos este estende-se por grandes distâncias, podendo chegar à vários metros. A sua terminação é também constituída de ramificações denominadas terminações sinápticas (KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

As sinapses são consideradas as conexões que realizam a transferência dos impulsos elétricos do axônio de um neurônio para os dendritos de outros. É importante ressaltar, que não existe conexões físicas entre um neurônio e outro, sendo que as substâncias neurotransmissoras liberadas são responsáveis por ponderar os impulsos elétricos (Figura 4). Estima-se que em um homem adulto existam 100 bilhões de neurônios

e cada um ligado, em média, a outros 6 mil neurônios, totalizando 600 trilhões de sinapses. (LOPES, 2000; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010)



Figura 4: Simulação de uma sinapse em uma rede neural biológica.
Fonte: profjh.com

No momento em que a célula nervosa é estimulada, recebendo sinais de múltiplos neurônios, que devem ultrapassar um limiar apropriado chamado de potencial de ativação, este dispara um impulso elétrico que será prolongado por todo axônio (PRESNELL; COHEN, 1993) dessa forma, entende-se que este neurônio foi excitado. Independente do tipo de neurônio, o potencial de ativação máximo é sempre o mesmo, no entanto, o tempo de duração da excitação varia de neurônio para neurônio, sendo que após este fenômeno, o neurônio volta ao estado original, como mostra a Figura 5 (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

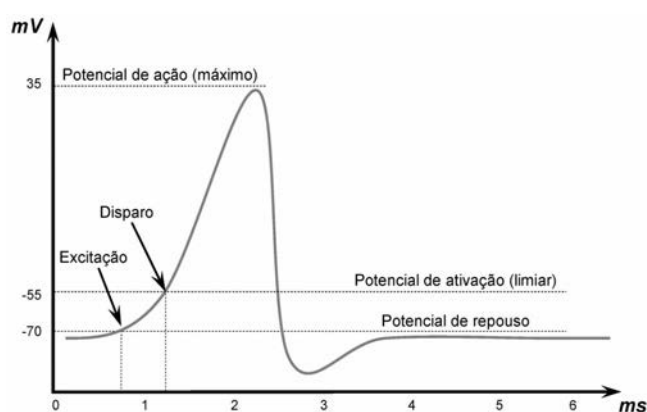


Figura 5: Variação do potencial de ação de um neurônio em mV em função do tempo de excitação em ms.

Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).

2.5.4 O neurônio Artificial

As redes neurais artificiais tem sua inspiração nas redes neurais biológicas, e seu principal componente de processamento, o neurônio. O neurônio artificial nada mais é do que uma modelagem simplificada do funcionamento do neurônio biológico, sendo que esta unidade de processamento se torna fundamental para o funcionamento das redes neurais artificiais (HAYKIN, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O modelo de neurônio artificial, primeiramente proposto por McCulloch e Pitts (1943), é o mais simples que atende as principais característica do neurônio biológico, e este é utilizado em diversas arquiteturas de redes neurais artificiais.

Para Haykin (2001) o neurônio artificial deve ser composto por seis elementos principais, sendo eles, um conjunto de sinais de entrada ($x_1, \dots, x_n$), um conjunto de pesos sinápticos ($w_1, \dots, w_n$), ou elos de conexões, uma função agregadora (Σ), um limiar de ativação (θ), um potencial de ativação (u), uma função de ativação ($g(\cdot)$) e um sinal de saída (y), como mostra a Figura 6.

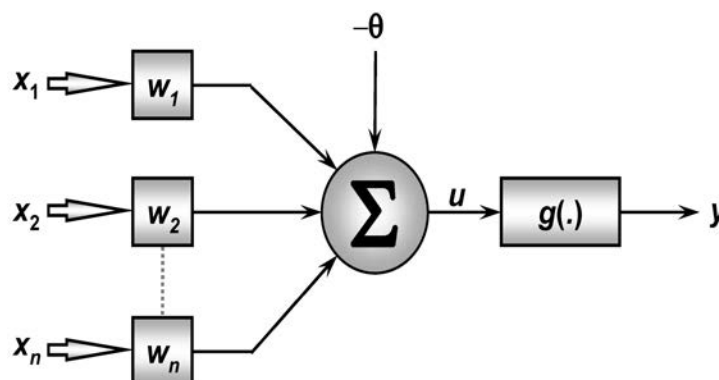


Figura 6: Modelo de neurônio artificial proposto por McCulloch e Pitts com dados de entrada (x), pesos sinápticos (w), limiar de ativação (θ), potencial de ativação (u), função de ativação ($g(\cdot)$) e sinal de saída (y).

Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).

Dessa forma, abaixo segue uma descrição de cada componente do neurônio artificial, juntamente, com sua descrição:

- a) Os sinais de entrada são advindos do meio externo e representam os valores assumidos pelas variáveis do fenômeno a ser modelado, geralmente estes sinais de entrada são normalizados para tornar o algoritmo de aprendizagem mais eficiente (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

- b) O conjunto de pesos sinápticos tem por objetivo ponderar os sinais de entradas do neurônio, antes que estes sejam processados pela função agregadora, dessa forma, o sinal de entrada é multiplicado pelo seu peso associado. Os pesos sinápticos dos neurônios são iniciados aleatoriamente e alterados durante o processo de treinamento, a fim de alcançar um resultado ótimo (HAYKIN, 2001).
- c) A função de agregação tem como objetivo somar todos os sinais de entradas já ponderados a fim de resultar em um potencial de ativação para o neurônio (HAYKIN, 2001).
- d) O limiar de ativação é uma variável que define qual o valor mínimo que o potencial de ativação do neurônio deve atingir para que haja o disparo em direção à saída do neurônio (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).
- e) O potencial de ativação é o valor produzido pela diferença do resultado da função de agregação e o limiar de ativação, seu valor define se o neurônio irá se comportar de forma excitatória ou inibitória (HAYKIN, 2001). Sua expressão matemática é definida por:

$$u = \sum_{i=1}^n w_i x_i - \theta \quad (1)$$

- f) A função de ativação tem por objetivo processar o valor do potencial de ativação para gerar um valor de saída do neurônio, sendo que cada um possui uma única função de ativação, no entanto, dentro de uma rede neural pode haver diversos tipos de funções de ativação, dentre elas são destacadas as funções lineares, gaussianas, logísticas, tangentes hiperbólicas, entre outras (KOVÁCS, 2006).
- g) Sinal de saída é o valor gerado pela função de ativação, sendo este o mesmo valor que o neurônio transmite às suas conexões. Seu cálculo depende do tipo de função de ativação utilizada, mas, de forma geral é dada pelo resultado do

potencial de ativação (u) submetido à função de ativação ($g(.)$) (KOVÁCS, 2006).

$$y = g(u) \quad (2)$$

2.5.5 Funções de ativação

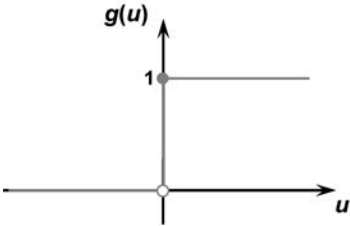
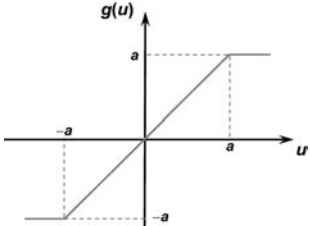
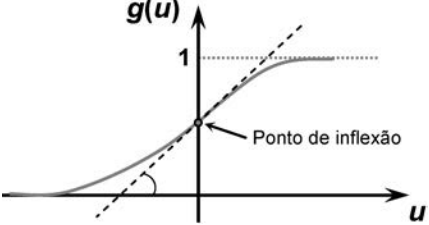
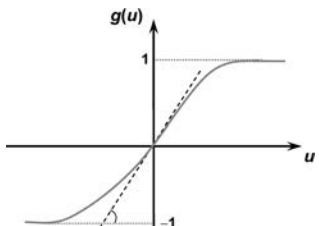
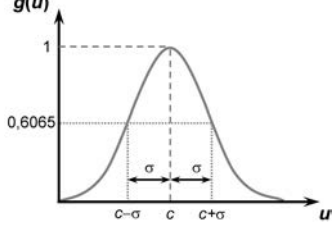
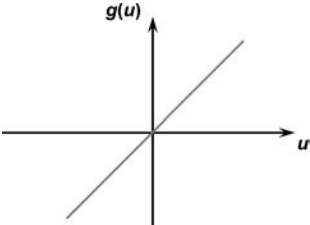
A função de ativação de cada neurônio tem por objetivo processar o potencial de ativação e transformá-lo em um sinal de saída. Estas são divididas em duas categorias principais, as funções parcialmente diferenciáveis, ou seja, aquelas que não são diferenciáveis em todo o seu domínio, como por exemplo, a função degrau e a função rampa simétrica. Por outro lado, as funções totalmente diferenciáveis são aquelas que suas derivadas de primeira ordem são conhecidas em todos os pontos de seu domínio, como por exemplo, a função logística, a função gaussiana, a função linear, entre outras (HAYKIN, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

As principais funções de ativação usadas em RNA são: função degrau, função rampa simétrica, função logística, função tangente hiperbólica, função gaussiana e função linear, como é mostrado na Tabela 1, juntamente com suas expressões matemáticas e representações gráficas (KOVÁCS, 2006).

Para a categoria de funções parcialmente diferenciáveis é destacado a função degrau, cuja seu resultado assume valores positivos quando o potencial de ativação tem valores acima de zero, e valores nulos caso contrário; Na função rampa simétrica, os valores retornados são iguais aos próprios potenciais de ativação quando estes estiverem dentro de um intervalo $(-a, a)$, em que a é um número real positivo, restringido aos valores limites caso contrário (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Para a categoria de funções totalmente diferenciáveis é destacada a função logística que retorna um valor entre 0 e 1 de acordo com sua expressão matemática, que depende do valor de β , ($\beta > 0$), que está associado à inclinação no ponto de inflexão; A função tangente hiperbólica retorna valores entre -1 e 1 de acordo com sua expressão matemática, onde β , ($\beta > 0$), está associado à inclinação no ponto de inflexão, assim como na função logística; A função gaussiana retornará valores iguais para os potenciais de ativação que se encontrarem a uma mesma distância de seu centro ou média (c); A função linear produz sinais de saídas idênticos aos potenciais de ativação (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

Tabela 1 - Tipos de funções de ativação utilizadas em redes neurais artificiais

Função de Ativação	Expressão matemática	Representação gráfica
Função degrau	$g(u) = \begin{cases} 1, & \text{se } u \geq 0 \\ 0, & \text{se } u < 0 \end{cases}$	
Função rampa simétrica	$g(u) = \begin{cases} a, & \text{se } u > a \\ u, & \text{se } -a \leq u \leq a \\ -a, & \text{se } u < -a \end{cases}$	
Função logística	$g(u) = \frac{1}{1 + e^{-\beta u}}$	
Função tangente hiperbólica	$g(u) = \frac{1 - e^{-\beta u}}{1 + e^{-\beta u}}$	
Função gaussiana	$g(u) = e^{-\frac{(u-c)^2}{2\sigma^2}}$	
Função linear	$g(u) = u$	

Fonte: Adaptado de Silva, Spatti e Flauzino (2010)

2.5.6 Arquitetura das redes neurais artificiais

A arquitetura de uma RNA é baseada no modelo em que as redes neurais biológicas conseguem reconhecer padrões e aprender a partir de interações com o ambiente. O cérebro humano é muito mais poderoso do que qualquer mecanismo desenvolvido artificialmente para este fim, no entanto, estas veem apresentando um bom resultado desde os anos cinquenta (HSU; GUPTA; SOROOSHIAN, 1995).

As arquiteturas de RNAs mais estudadas e utilizadas segundo Silva, Spatti e Flauzino (2010) são as redes *Feed Forward (FF)*, os mapas auto-organizáveis, as redes recorrentes ou realimentadas.

As redes *FF* podem possuir uma ou mais camadas neurais, no entanto, devem sempre contemplar a seguinte estrutura: A primeira camada conectada às variáveis de entrada da rede é chamada de **camada de entrada** (*input layer*), a última camada que esta conectada às variáveis de saída da rede é chamada de **camada de saída** (*output layer*), todas as camadas entre a camada de entrada e de saída são conhecidas como **camadas escondidas** (*hidden layer*). O elemento de processamento em cada camada é chamado de nó, unidade ou neurônio, assim, cada neurônio é conectado a um ou mais neurônios da camada subsequente, esta conexão é feita através de um parâmetro chamado peso (*weight*). A informação é transferida somente de um neurônio para as unidades da camada subsequente, nunca para a camada anterior, dessa forma chama-se essa arquitetura de *feed forward*. Dessa forma é importante ressaltar que nesse tipo de RNA há um número definido de camadas e de neurônios em cada camada. Como é mostrado na Figura 7 (HSU; GUPTA; SOROOSHIAN, 1995).

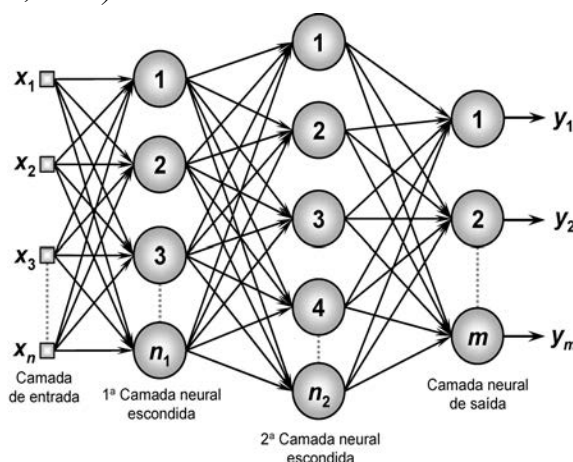


Figura 7: Exemplo de rede *feed forward* de camadas múltiplas com n entrada, n_1 neurônios da primeira camada Intermediária, n_2 neurônios na segunda camada Intermediária e m neurônios na camada de saída.

Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).

Os mapas auto-organizáveis tem como principal característica considerar a disposição espacial dos neurônios para extração de características da rede, isso significa que a localização de cada neurônio na rede está relacionada com os ajustes de pesos que ocorre nesse tipo de rede. A rede de *kohonen*, que é mostrada na Figura 8, é a principal representante dessa arquitetura (HSU; GUPTA; SOROOSHIAN, 1995; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). **Melhorar**

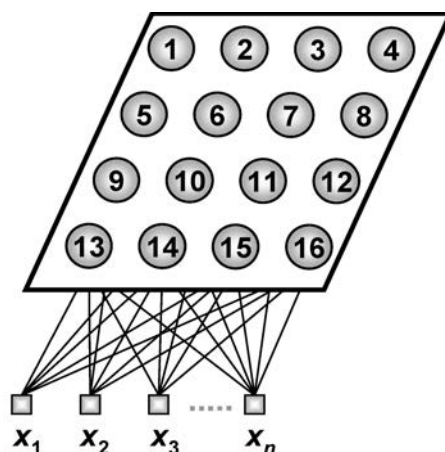


Figura 8: Exemplo de rede auto-organizável de kohonen com n entradas e 16 neurônios organizados em 4 linhas e 4 colunas.

Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).

As redes de arquitetura recorrentes ou realimentadas (Figura 14) são aquelas cuja a saída de determinados neurônios ou da própria rede é utilizada como entrada em camadas anteriores. Esse tipo de RNA é muito utilizada em processamento dinâmico da informação como previsão de séries temporais, otimização e controles de processos. (HSU; GUPTA; SOROOSHIAN, 1995; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

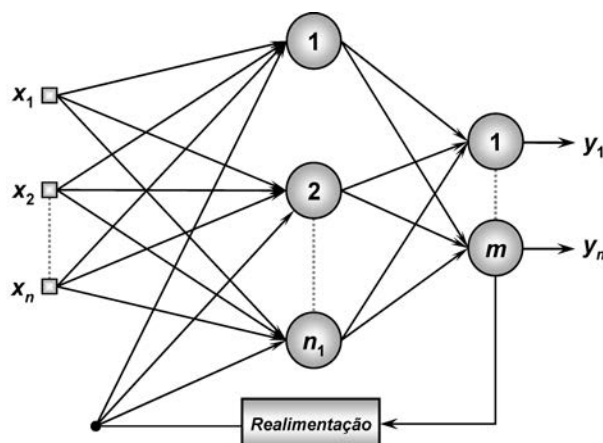


Figura 9: Exemplo de rede recorrente ou realimentada com n_1 neurônios na camada Intermediária e m neurônios na camada de saída.

Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).

2.5.7 Treinamento ou aprendizagem de redes neurais artificiais

Um grande destaque das RNAs é a capacidade de aprender a partir da apresentação de um conjunto de amostras que represente o problema a ser trabalhado, sendo que após o treinamento a RNA é capaz de produzir a saída desejada a partir de padrões não apresentados no processo de aprendizagem, esta característica é chamada de generalização (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O processo de aprendizagem de uma RNA consiste em equacionar as entradas e saídas de uma rede a fim de sincronizar os pesos sinápticos e os limiares dos neurônios com o objetivo de generalizar as saídas da RNA. O processo pode ser classificado em treinamento supervisionado, treinamento não-supervisionado e treinamento por reforço. Para qualquer uma das classificações o processo de aprendizagem pode ser *online* ou em lote (*offline*), seguindo o algoritmo proposto para cada rede neural artificial (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O processo de aprendizagem supervisionado propõe que o conjunto de amostras de treinamento seja composto pelos sinais de entrada da rede e as saídas desejadas para cada padrão de entrada. O algoritmo de treinamento conduz o processo para equacionar os pesos e limiares dos neurônios a fim de produzirem a saída desejada, dessa forma, se assemelha ao aprendizado por tentativa e erro (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O processo de aprendizagem não-supervisionado descarta o uso dos sinais de saída desejados do conjunto de amostras de treinamento, dessa forma o algoritmo conduz a rede a se auto-organizar de forma que consiga identificar subconjuntos das amostras que tenham similaridade. Os pesos e limiares dos neurônios são ajustados de forma a refletir essas similaridades (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O processo de aprendizagem por reforço torna-se um misto entre os dois processos anteriores, visto que não se possui os sinais de saídas desejadas, mas a cada sinal de saída emitido pela rede há um reforço de que este sinal é adequado ou não. Nesse sentido os pesos e limiares são ajustados gradativamente a medida que são gerados sinais apropriados (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O modo de aprendizagem *online* implica que os pesos sinápticos e os limiares dos neurônios serão ajustados após o processamento de cada amostra do conjunto de treinamento. O modo de aprendizagem em lote (*offline*) define que

primeiramente será processado todo o conjunto de treinamento e após término do processamento haverá o ajuste dos pesos e limiares dos neurônios (HAYKIN, 2001; KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

2.5.8 A RNA Perceptron Multi Camadas

As redes PMC (*Perceptron Multi Camadas*) são caracterizadas pela presença de pelo menos uma camada neural escondida, ou seja, entre a camada de entrada e a camada de saída da rede neural. Esse tipo de RNA é considerada uma das mais versáteis já desenvolvidas pois podem ser aplicadas em diversas áreas para diversas funcionalidades como aproximação de funções, reconhecimento de padrões, controle de processos, previsão de séries temporais e otimização de sistemas (KOVÁCS, 2006; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

As redes PMC são classificadas como redes *Feed Forward* de camadas múltiplas com treinamento supervisionado, que pode ser *online* ou em lote. Seu processo de execução inicia-se na camada de entrada e os sinais percorrem toda a rede, camada por camada, até chegarem na camada de saída, inexistindo qualquer tipo de realimentação dos valores produzidos. Um exemplo de rede PMC é mostrado na Figura 7, anteriormente apresentada (HAYKIN, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

A extensão do uso das redes PMC se deu em 1986 quando o pesquisador Rumelhart apresentou consistentemente o algoritmo de aprendizagem denominado *Backpropagation*, essencial para o treinamento das redes PMC atribuindo suas funcionalidade como hoje são conhecidas (HAYKIN, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

O processo de funcionamento das redes PMC pode ser resumido da seguinte forma: Os sinais são colocados na camada de entrada da rede neural, estes são propagados a todos os neurônios na primeira camada Intermediária, sendo que também são ponderados pelos seus pesos e limiares do neurônio para o cálculo do potencial de ativação. O potencial de ativação de cada neurônio é submetido a sua função de ativação e é gerado o sinal de saída da primeira camada Intermediária. Essas saídas são usadas como sinais de entrada para a segunda camada Intermediária que também os pondera para cálculo do potencial de ativação e gera seu sinal de saída. O sinal de saída dos neurônios de uma camada servem como sinais de entrada para todos os neurônios das camadas subsequentes. Esse processo é seguindo por tantas quantas são as camadas escondidas da

rede neural, até que o sinal de saída da última camada Intermediária seja propagado como sinal de entrada para a camada de saída da RNA e esta gere o sinal de resposta de rede (HAYKIN, 2001; PRESNELL; COHEN, 1993; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

A topologia da rede PMC - a quantidade de camadas da rede e a quantidade de neurônios em cada camada - não é pré-fixada, sendo assim essas definições dependem do tipo da rede e de qual será sua aplicação. Não há uma metodologia que defina para todos os casos uma topologia de rede. A melhor topologia deve ser encontrada por meio de análise de desempenho da rede neural artificial (HAYKIN, 2001; PRESNELL; COHEN, 1993; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

2.5.9 Processo de treinamento das redes PMC (*Backpropagation*)

O algoritmo de *backpropagation* possui diversas adaptações e modificações feitas desde sua criação, sendo que sua base sempre se manteve a mesma, dessa forma nesse tópico do presente trabalho é feita uma descrição dos algoritmo baseado nas publicações de Andrew (2001), Haykin (2001), Silva, Spatti e Flauzino (2010).

O algoritmo de *backpropagation*, também conhecido como retropropagação, é o mais utilizado em redes PMC. Baseado na estratégia de aprendizado supervisionado ele é dividido em duas fases bem definidas chamadas de propagação (*forward*) e retropropagação (*backward*).

Na primeira fase, chamada de propagação, os sinais de entrada são inseridos na rede, esses são propagados, de camada em camada, até a saída da rede, onde é gerado um sinal de saída. Nessa fase, o objetivo é apenas produzir os sinais de saída da rede. Após produzidos, estes sinais são comparados à saída desejada – sinal de saída que deveria ser produzido pela rede considerando os sinais de entrada utilizados no processo - . Esse método de treinamento, que utiliza as saídas desejadas da rede, é o qual caracteriza o aprendizado supervisionado. Os valores resultantes da diferença entre os sinais de saída da rede e os valores de saída desejados são denominados Erros. Estes são utilizados como referência para ajustar os pesos sinápticos das camadas de neurônios. O ajuste ocorre utilizando os erros da camada de saída para ajustar os pesos da última camada Intermediária; os erros da última camada Intermediária são utilizados para ajustar os pesos da camada anterior e assim sucessivamente até chegar a primeira camada Intermediária, essa fase chama-se retropropagação, como é ilustrado na Figura 10.

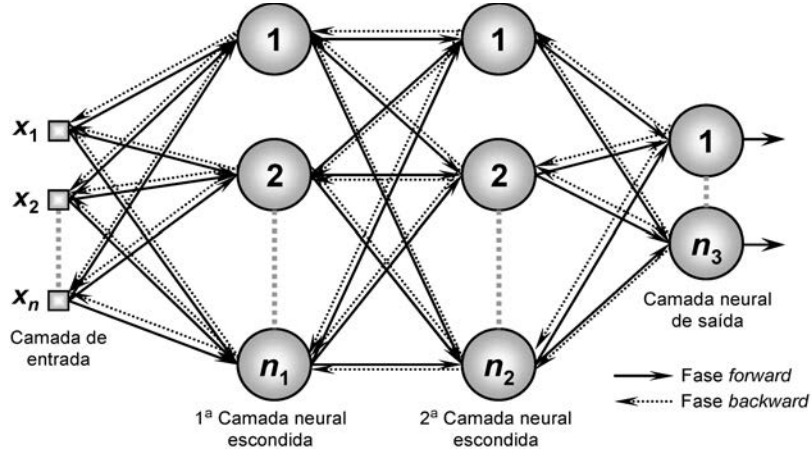


Figura 10: Ilustração das fases de treinamento *forward* e *backward* do algoritmo de *Backpropagation*, com n neurônios na camada de entrada, n_1 neurônios na primeira camada Intermediária, n_2 neurônios na segunda camada Intermediária e n_3 neurônios na camada de saída.

Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).

Ao término da execução da primeira fase do algoritmo, a fase *forward*, é executada o cálculo do erro quadrático (E) dos sinais produzidos pela camada de saída da rede com os valores de saída desejados. Considerando a amostra k de treinamento, com valor de saída desejada d e uma RNA com n neurônios na camada de saída, sendo que cada neurônio j produziu o valor de saída Y . O erro é calculado da seguinte forma:

$$E(k) = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n (d_j(k) - Y_j(k))^2 \quad (3)$$

Considerando que o conjunto de treinamento possui p amostras, é tomado como parâmetro de desempenho do algoritmo o erro quadrático médio dado por:

$$E_M = \frac{1}{p} \sum_{k=1}^p E(k) \quad (4)$$

O objetivo do algoritmo nesse momento é minimizar o erro quadrático médio (E_M) gerado pela rede, para isso, esse mesmo valor é utilizado no ajuste dos pesos sinápticos dos neurônios na camada de saída da rede, este cálculo é feito empregando a definição de gradiente. Considerando que $g'(\cdot)$ é a derivada de primeira ordem da função de ativação utilizada em relação a I , que seria o potencial de ativação do neurônio, $I^{(o)}$ é o potencial de ativação do neurônio na camada de saída da rede, o gradiente em relação ao neurônio j da camada de saída ($\delta_j^{(o)}$) é dado por:

$$\delta_j^{(o)} = (d_j - Y_j) g'(I_j^{(o)}) \quad (5)$$

Uma vez calculado o gradiente local, este deve ser utilizado no ajuste dos pesos sinápticos da camada de saída, dessa forma, considera-se η como a taxa de aprendizado definida pelo usuário da rede neural, $W^{(o)}$ como o vetor de pesos sinápticos que conectam os neurônios da última camada Intermediária com os neurônios da camada de saída e $Y^{(L)}$ os valores de saída dos neurônios da última camada Intermediária.

$$W^{(o)} = W^{(o)} + \eta \delta_j^{(o)} Y^{(L)} \quad (6)$$

Dessa forma é importante ressaltar que é necessário primeiro calcular o gradiente local de uma camada neural e sequencialmente ajustar seus pesos sinápticos da referida camada, a execução do cálculo do gradiente local da camada anterior somente deverá ser feita após haver ajustado o pesos sinápticos.

Para efetuar o cálculo do gradiente local e ajuste dos pesos em todas as camadas escondidas, com exceção da primeira, segue-se o mesmo procedimento utilizado na camada de saída, substituindo o valor de saída desejado pelo gradiente calculado da camada posterior. Dessa forma, objetiva-se atribuir uma responsabilidade para cada neurônio das camadas escondidas sobre o erro produzido pela rede.

Para o cálculo do gradiente local da camada Intermediária L , considerando n o número de neurônios na camada posterior a camada L , aqui denominada $L+1$, o gradiente local e o ajuste de pesos são dados respectivamente por:

$$\delta_j^{(L)} = \left(\sum_{k=1}^n \delta_k^{(L+1)} W_{ij}^{(L+1)} \right) g'(I_j^{(L)}) \quad (7)$$

$$W_{ij}^{(L)} = W_{ij}^{(L)} + \eta \delta_j^{(L)} Y_i^{(L-1)} \quad (8)$$

Para a primeira camada Intermediária o ajuste dos pesos é feito de forma diferenciada, uma vez que a camada anterior a esta é a camada de entrada de dados, o ajuste é feito utilizando os próprios sinais de entrada (x_i) como é demonstrado a seguir:

$$W_{ij}^{(1)} = W_{ij}^{(1)} + \eta \delta_j^{(1)} x_i \quad (9)$$

No algoritmo de *backpropagation* os passos *forward* e *backward* são repetidos diversas vezes, para cada ciclo completo (passo *forward* e *backward*) dá-se o nome de época. O processo de treinamento tem como critério de parada um número definido de épocas ou o alcance da precisão definida. Esta é dada pela diferença do erro quadrático médio de uma época comparado com sua época anterior. De uma forma mais generalizada o algoritmo pode ser resumido conforme a adaptação feita em Mathias

(2006).

1. Propagação (*Forward*)

1.1 Os padrões de entrada são apresentados a primeira camada que compõe a rede;

1.2. Para cada camada a partir da camada de entrada:

1.2.1. Os sinais de saída do neurônio de uma camada alimentam a entrada da próxima camada;

1.3. Os sinais provenientes da última camada serão comparados com os sinais desejados;

2. Retropropagação (*Backward*)

2. 1. Da última camada da rede até a primeira;

2.1.1. Os neurônios da camada atual devem ajustar seus pesos sinápticos a fim de reduzir seus erros;

2.1.2. O erro de um neurônio de uma camada será calculado utilizando os erros retro propagados dos neurônios que pertencem às camadas seguintes conectados a ele, os quais serão ponderados pelos pesos das conexões entre eles;

3. *Backpropagation*

3.1. Inicializar a rede (pesos sinápticos aleatórios)

3.2. Repita

3.2.1 para cada padrão de treinamento

3.2.1.1. Calcular a saída da rede usando a fase *Forward*

3.2.1.2. Comparar as saídas de 2.1.1 com as saídas desejadas

3.2.1.3. Ajustar os pesos sinápticos utilizando a fase *backward*

3.3. Até o erro ser mínimo ou atingir x épocas

2.5.10 Medidas de desempenho das redes *backpropagation*

O treinamento é um passo importante no desenvolvimento de uma RNA, no entanto, tão importante quanto, deve-se considerar indicadores para mensurar o desempenho que a referida rede tem em classificar seus padrões. A principal medida a ser usada é o erro quadrático médio, pois este serve como referências nos cálculos de precisão. Uma análise muito comumente utilizada é acompanhar a evolução do erro durante as épocas de treinamento e garantir que o mesmo tenha um comportamento decrescente (ANDREW, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

A RNA não deve ser capaz apenas de classificar amostras perfeitas, ela deve ser generalizada para que também possa ser executada com sinais ruidosos. No entanto, adicionar sinais ruidosos no conjunto de amostras pode levar a rede a ajustar seus parâmetros erroneamente de forma a prejudicar sua generalização. Uma solução viável é a separação do conjunto de amostras em três subconjuntos, sendo eles, o subconjunto de treinamento (*trainning set*), o subconjunto de validação (*validation set*) e o subconjunto de teste (*testing set*), contendo respectivamente 60%, 20% e 20% das amostras, deixando prioritariamente as amostras com ruídos dentro dos subconjuntos de validação e teste. Após finalizado o treinamento, a RNA deve ser executada utilizando como amostras os conjuntos de validação e teste para assim ser possível definir o erro e precisão da rede para uma dada aplicação. Ao ser plotado um gráfico com o erro da rede durante a fase de treinamento e validação, pode ser observado a época em que a rede torna-se treinada, como mostra a Figura 11, (ANDREW, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

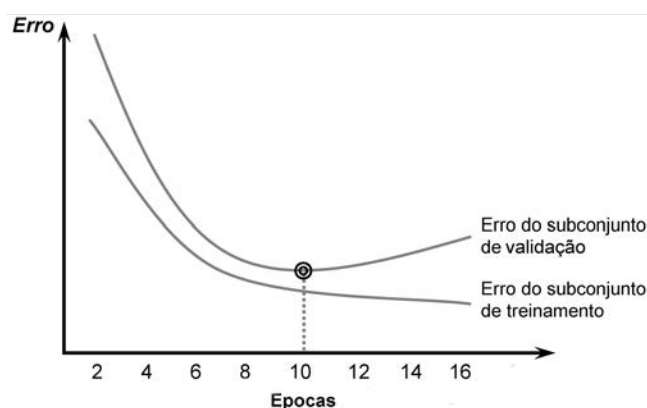


Figura 11: Erro durante o processo de aprendizagem e validação da rede em função das épocas processadas.

Fonte: adaptado de Silva; Spatti; Flauzino (2010).

Um outro problema muito conhecido no algoritmo de *backpropagation* é denominado mínimo local (*local minima*), este problema ocorre pois os pesos da rede são ajustados de acordo com o erro produzido, a tendência é sempre reduzir o erro, no entanto, devido a natureza não linear do algoritmo, o erro pode levar a rede a convergir para um mínimo local e não para um mínimo global do sistema, dessa forma, os pesos da rede não convergirá para seus valores ótimos. Como mostra a Figura 12 (ANDREW, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

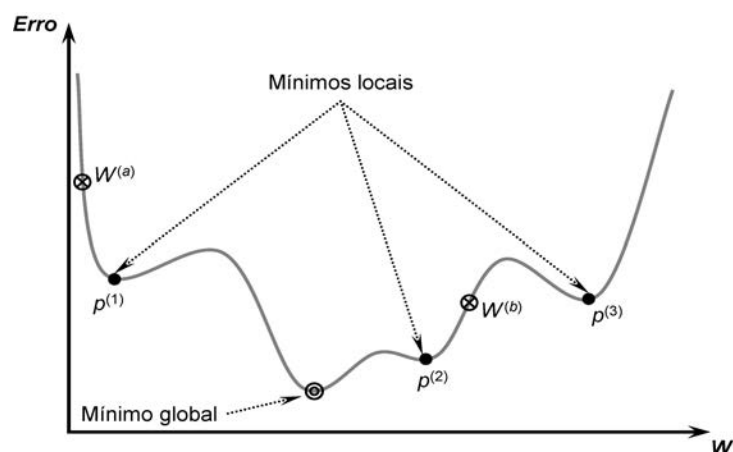


Figura 12: Erro da rede em função dos pesos sinápticos de um neurônio durante o processo de aprendizado, destacando os pontos de mínimos locais ($p^{(1)}$, $p^{(2)}$ e $p^{(3)}$) e mínimo global. Fonte: Silva; Spatti; Flauzino (2010).

Este problema pode ser minimizado com procedimentos como por exemplo reiniciar a rede neural, uma vez que seus pesos começam com valores aleatórios a reinicialização dos pesos pode levar a rede à convergir para o mínimo global. De outra forma, é possível utilizar um termo de *momentum* durante os ajustes dos pesos na rede, pois, o uso deste termo leva em consideração além do erro da época corrente os ajustes feitos nas épocas anteriores. Sua expressão matemática considera α como a taxa do parâmetro de *momentum* que deve ser entre 0 e 1 e deve ser especificado de acordo com o problema, $W_{ji}^{(L)}(t)$ é o vetor de pesos da camada L na época t e $W_{ji}^{(L)}(t-1)$ é o vetor de pesos da camada L na época anterior a t (ANDREW, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010).

$$W_{ji}^{(L)} = W_{ji}^{(L)} + \alpha (W_{ji}^{(L)}(t) - W_{ji}^{(L)}(t-1)) + \eta \delta_j^{(L)} Y_j^{(L-1)} \quad (10)$$

2.6 A utilização das RNAs nas ciências agrárias e florestais

O uso de redes neurais artificiais, de uma forma geral, tem se popularizado bastante nos últimos anos, prova disso é o aumento da utilização dessa técnica em diversas áreas do conhecimento, principalmente, na área da computação, telecomunicações e sistemas inteligentes. Sua utilização na área das ciências agrárias ainda é bem tímida, mas está em franca evolução, haja visto pela quantidade de trabalhos que foram publicados nos últimos anos.

Alguns exemplos de trabalhos nessa área são citados adiante, como o trabalho publicado por Moshou et al. (2004) que usaram redes neurais artificiais com padrões de medidas de reflectância em plantações de trigo para detecção da ferrugem amarela. Como continuidade do seu trabalho, Moshou et al. (2005) utilizaram a fusão de

dados de reflectância multiespectrais e hiperespectrais em uma RNA do tipo mapa de *Kohonen* para detectar a doença antes da mesma se tornar visível.

A utilização de RNAs abrange diversos objetivos como demonstrado por Chakraborty et al. (2004) para predição da severidade da antracnose na Austrália, Brasil e Colômbia. Marta et al. (2005) utilizaram as RNAs no desenvolvimento de um modelo epidemiológico para a predição da infecção por *Plasmopara viticola*.

As RNAs são muitas vezes combinadas com técnicas de processamento de imagens. Huang (2007) classificou doenças em mudas de *Phalaenopsis* como a podridão bacteriana, a mancha marrom bacteriana e a podridão negra de *phytophthora*, onde a rede teve uma acurácia de 89%. Já o trabalho de Sanyal e Patel (2008) trouxe o uso da técnica para o reconhecimento de padrões de *Brown spot* e *blast diseases* em plantas de arroz. Também, no escrito de Prabukumar, Krishna e Kamakakannan (2010) é mostrado diversas técnicas, entre elas as RNAs, para classificar doenças em folha de bananeiras.

A utilização de RNAs também está associada com técnicas estatísticas como demonstrado no trabalho de Liu, Wu e Huang (2010). Seu uso combinado com dados de reflectância e a técnica estatística de análise de componentes principais, objetivou classificar entre quatro diferentes níveis de infecção por fungos (sadio, leve, moderado e grave) em grãos de arroz, conseguindo precisões entre 85 e 100%.

As RNAs também são utilizadas em comparação com outras técnicas para resolver problemas específicos, como a utilização de *Support Vector Machine* com árvore de decisão binária (SVM-BDT), *fourier moment* e *Probabilistic Neural Network* para classificar entre 32 classes de plantas utilizando a forma da folha, onde a SVM-BDT obteve os melhores resultados (SINGH; GUPTA; GUPTA, 2010).

Os dados de entrada podem ser obtidos de várias fontes, como as imagens digitais (PATIL; KUMAR, 2011). Estes utilizaram diversas técnicas para avaliar os danos causados pelo cancro em laranjeiras. Lili, Borhan e Khalid (2011) combinaram essa técnica para extrair padrões objetivando a classificação de doenças de plantas herbáceas. Bernardes et al. (2013) propuseram um método automático de identificação de doenças do algodão extraindo padrões dos sintomas apresentados nas folhas através de imagens digitais e utilizando *Support Vector Machine* para classificar as doenças apresentadas. Revathi e Hemalatha (2014) desenvolveram uma RNA a partir de dados extraídos de imagens de folhas de algodoeiro para categorizar entre seis diferentes doenças

causadas tanto por bactérias como fungos.

Um outro exemplo para os tipos de entrada são os dados de reflectância espectral como no artigo de Zhang et al. (2011) que com auxílio de RNA estimaram as doenças presentes em plantações de arroz.

Na área da ciência florestal destacam-se os trabalhos de Chon et al. (2000) no qual é utilizado uma RNA *perceptron* multicamadas e *backpropagation* para prever a dinâmica populacional de uma importante praga - *Thecodiplosis japonensis* - em árvores de pinus no nordeste da Ásia. Kavzoglu e Mather (2002) utilizaram uma RNA para rotular os campos de cultivo e florestas através de imagens de satélite e dados de ondas multi-espectrais.

Em alguns trabalhos são observados a comparação entre diferentes RNAs para um dado problema, como em Junior et al. (2006) que compararam diversos modelos e formas de treinamento para classificar defeitos em madeira serrada de eucalipto utilizando imagens digitais, e conseguiram exatidões globais na ordem de 80%.

Há também sua utilização para classificações entre doenças, como visto por Pu (2009) que identificou, entre 11 espécies de árvores usadas na arborização urbana e florestas próximas à cidade de Tampa, Florida, nos Estados Unidos.

De uma forma geral, o uso de RNAs é bem dinâmico e para vários fins como em Pu et al. (2008) que as usaram para analisar imagens hiperespectrais e detectar a mudança de espécies invasoras na área de Lovelock, Nevada. Yong, Gang e Feng (2012) que publicaram um trabalho que objetivou a criação de um modelo dinâmico de redes neurais para a predição de doenças florestais e ataque de pestes na China. Ou então, Oliveira et al. (2013) que utilizaram simulações para hierarquizar os defeitos mais importantes encontrados em estradas florestais sob concessão de duas empresas.

Há, ainda, a utilização de redes neurais artificiais para modelar um índice para a qualidade da água (GAZZAZ et al., 2012), para estimar a concentração total de nitrogênio em uma determinada área (HE et al., 2011) para estimar o crescimento de espécies arbóreas (ÖZÇELİK et al., 2013) e, até mesmo, em comparação à outras técnicas bem estabelecidas como em Yuan et al. (2014) que compararam três técnicas (redes neurais artificiais, distância de *mahalanobis* e classificador de máxima verossimilhança) para mapeamento da ocorrência de oídio em trigo em campos de produção na china, com acurácia de 89%, 84% e 79%, respectivamente.

Dessa forma, é possível afirmar que as redes neurais artificiais estão, cada vez mais, ganhando espaço dentro da agricultura e da ciência florestal, nesse sentido, suas aplicações são das mais variadas devido sua flexibilidade e seus resultados. Esse último, de forma geral, são bem positivos e o uso dessa tecnologia deve ser incentivado e aprimorado para o desenvolvimento de ferramentas cada vez mais precisas e voltadas para o usuário final.

2.7 Imagens Digitais

Um sistema autônomo que reproduz a capacidade do sistema visual humano e que seja capaz de reagir adequadamente a estímulos visuais é um grande desafio. Na visão computacional uma das tarefas mais importantes é a análise e interpretação de imagens com o objetivo de extrair informações suficientes para distinguir entre os objetos de interesse com o mínimo de interferência humana (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008)

Sistemas de visão computacional são utilizados em diversas áreas do conhecimento, como radiologia, geoprocessamento, medicina, entre outras, sempre tentando trazer aos dispositivos computacionais uma interpretação visual tão precisa quanto a visão humana (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

2.7.1 Elemento da percepção visual humana

Dentre as principais capacidades sensoriais dos seres humanos a visão é a mais importante, pois envolve funções das mais importantes ordens como localização, reconhecimento e interpretação de objetos no ambiente (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

O olho humano tem o formato esférico irregular e é alojado em uma cavidade óssea denominada órbita e é protegido pelas pálpebras e pelos cílios. Em sua constituição, este é envolvido por três membranas denominadas esclerótica, coróide e retina, como mostra a Figura 13 (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

A esclerótica é uma camada resistente e opaca que envolve o globo ocular. A coróide contém uma rede de vasos sanguíneos que nutrem as estruturas oculares e a retina possui uma camada de tecidos nervosos que é responsável pela sensação de imagem visual projetadas pela parte frontal do olho (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

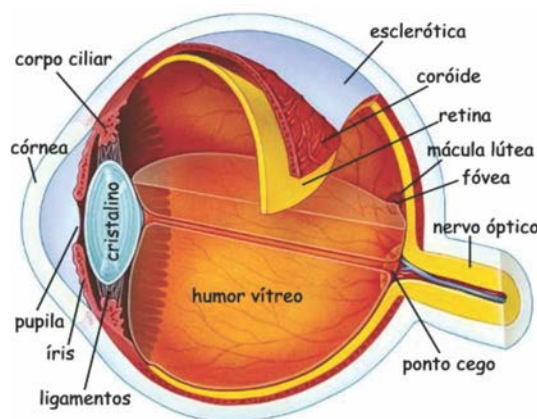


Figura 13: imagem ilustrativa do olho humano e seus componentes
Fonte: Lopes (2000)

Assim que o olho focaliza um objeto, a luz desse objeto é transformada em imagem na retina, por meio de receptores presentes em sua superfície denominados cones e bastonetes. Assim, a retina é responsável pela formação da imagem e transmite essas informações na forma de impulsos nervosos ao sistema nervoso central (GONZALEZ; WOODS, 2010).

O número de cones em cada olho variam entre 6 a 7 milhões, e são altamente sensíveis a cores, sendo divididos em três categorias, os cones responsáveis pela recepção das cores verde, azul e vermelho. A visão fornecida pelos cones é denominada visão fotópica (GONZALEZ; WOODS, 2010)

Os bastonetes estão presente em maior número, certa de 75 a 150 milhões e todos são conectados à uma única fibra nervosa, os bastonetes são responsáveis pelo campo de visão de uma forma geral e sua visão é denominada escotópica (GONZALEZ; WOODS, 2010).

A luz possui um comportamento de onda similar ao das ondas eletromagnéticas, as frequências dessas determinam as cores que serão refletidas no feixe de luz. Em uma determinada faixa de frequências podemos observar as cores refletidas por essa luz, e essa é chamada de espectro de luz visível, e seu comprimento de onda varia entre 350 nm e 750 nm, como mostra a Figura 14 (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

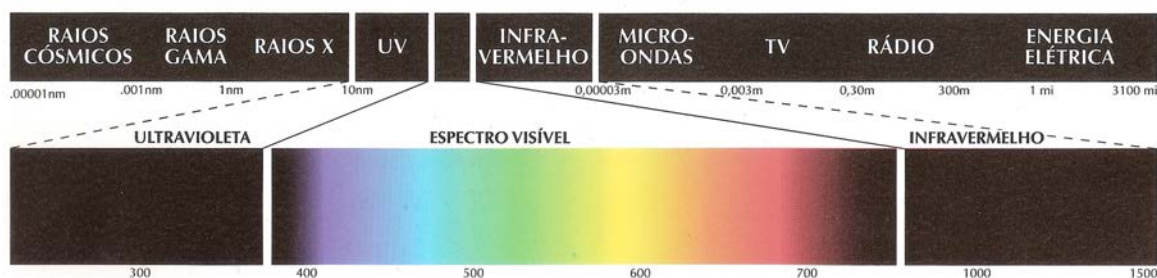


Figura 14: Uma seção do espectro de energia eletromagnética mostrando a escala de comprimentos de onda correspondendo ao espectro visível.

Fonte: Gonzalez e Woods (2010)

2.7.2 Representação de imagens digitais

Imagem pode ser definida como uma função de intensidade luminosa bidimensional denotado por $f(x,y)$ em que o valor da amplitude de f nas coordenadas (x,y) resulta na intensidade de brilho naquele determinado ponto da imagem. A intensidade de brilho depende da iluminação da cena e da reflectância dos objetos. Imagem digital é função discretizada em coordenadas espaciais de brilho, onde, o valor da função naquele determinado ponto representa uma cor. O conjunto desses pontos formam uma matriz onde seus índices identificam um elemento de imagem chamado *pixel*, como é mostrado pela Figura 15 (GONZALEZ; WOODS, 2010)



51	129	117	68	70
48	110	139	76	63
50	99	113	58	70
54	94	96	66	72
67	93	104	55	60

Figura 15: Representação matricial da área selecionada de uma imagem e seus níveis de cinza correspondentes.

Fonte: Adaptado de Pedrini e Schwartz (2008)

O modelo RGB (*Red, Green, Blue*) apresenta uma camada de imagem para cada componente espectral primário (vermelho, verde e azul), sendo que essas camadas são independentes, mas quando combinadas formam uma imagem de cores compostas (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

Os objetos que são percebidos pelas pessoas consistem na luz refletida, de forma que estas podem ser caracterizadas por dois componentes: A

iluminância que é a quantidade de luz que incide sobre o objeto observado; e a reflectância, que é a quantidade de luz refletida por este objeto (GONZALEZ; WOODS, 2010).

Uma das medidas mais importantes em relação às imagens digitais é sua resolução. Esta medida é definida como a quantidade de pontos ou *pixels* que uma imagem possui em uma determinada área, convencionalmente, a unidade utilizada é pontos por polegadas quadrada ou *dot per inch* (dpi) (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008). Quanto maior a resolução de uma imagem, mais informações esta possui, no entanto, mais custo computacional é necessário para processá-la.

2.7.3 Processamento de Imagens

Um sistema de processamento digital da imagem é constituído de um conjunto de etapas capaz de produzir um resultado a partir do domínio do problema. A primeira etapa é a aquisição da imagem, que deve considerar aspectos como, por exemplo, luminosidade e dispositivos utilizados. Após a captura da imagem há o pré-processamento, etapa em que são corrigidos ruídos que possam estar presentes. A terceira etapa é a segmentação da imagem que realiza a extração e identidade de áreas de interesse contidas na imagem. A quarta etapa refere-se à representação e descrição das imagens, que objetiva o armazenamento e manipulação das áreas de interesse extraídas das imagens, assim como a extração de características a serem usadas. A última etapa é denominada reconhecimento e interpretação que tem como objetivo atribuir um identificador aos objetos da imagem, baseado nas características extraídas anteriormente e designar um significado ao conjunto de objetos reconhecidos. Todo esse processo é apresentado na Figura 16 (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).



Figura 16: Etapas de um sistema de processamento de imagens.
 Fonte: Pedrini e Schwartz (2008)

2.7.4 Histogramas

O histograma de uma imagem é definido como uma distribuição de frequências dos níveis de cinza. Este é apresentado como um gráfico mostrando cada nível de cinza da imagem e a frequência dos *pixels* correspondente a aquele nível, no entanto, um histograma não apresenta a informação espacial da imagem, ou seja, em qual posição cada pixel está localizado. Logo, este pode ser visto como uma distribuição discreta de probabilidade, pois é possível usar o número de *pixels* de um determinado nível de cinza para calcular a probabilidade de se encontrar um *pixel* com aquele valor na imagem (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

Um histograma pode fornecer diversas medidas estatísticas de uma imagem como valores máximo, mínimo, média, variância e desvio padrão dos níveis de cinza. Assim como pode fornecer também uma avaliação sobre o contraste da imagem, geralmente, os histogramas com escala de cinza estreita correspondem a imagens com baixo contraste, no entanto, aquelas que possuem níveis de cinza melhores distribuídos sobre a escala correspondem à imagens com alto contraste. Um exemplo de histograma é apresentado na Figura 17 (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).



Figura 17: Histograma composto pelos 256 níveis de cinza e a porcentagem de *pixels* para cada nível contido na imagem.

Fonte: Adaptado de Filho et al. (2010)

Para imagens coloridas, cada camada de cor do padrão RGB possui seu próprio histograma, pois cada camada seria como uma imagem em tons de cinza separadamente, dessa forma, cada histograma pode ser analisado e manipulado separadamente. Torna-se importante ressaltar que uma imagem colorida (RGB) pode ser convertida em uma imagem em tons de cinza (I_c), seguindo a expressão matemática a seguir, onde R , G e B correspondem à intensidade do tom de cada cor, sendo que esta operação deve ser feita *pixel a pixel* (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

$$I_c = 0,299R + 0,587G + 0,114B \quad (11)$$

2.7.5 Limiarização (*threshold*)

Essa é uma das mais simples técnicas de segmentação, pois consiste na classificação dos *pixels* de acordo com um ou mais limiares definidos. Considere um dado histograma, a limiarização consiste em definir limites superiores e/ou inferiores dos níveis de cinza a fim de extrair somente os objetos de interesse da imagem. A seleção correta desses limites é crucial para que o processo produza bons resultados (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

Uma forma muito peculiar de limiarização, consiste em após a divisão dos níveis de cinza que compõem os objetos de interesse da imagem, atribuir aos *pixels* correspondentes o valor 1 (branco) e aos outros o valor 0 (preto). Essa técnica é chamada de binarização, pois seu resultado é uma imagem binária, ou seja, somente com as cores branco e preto (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

A limiarização pode ser aplicada na imagem de duas maneiras. A limiarização global onde toda a imagem é segmentada a partir da seleção de um único

valor de limiar, essa técnica por ser demasiadamente simplificada pois pode não trazer os resultados esperados, assim, diversos estudos apontam outras metodologias para seleção do limiar, muitas delas com base em probabilidade, estatística e conceitos de otimização (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

A segunda forma é a limiarização local, nessa técnica primeiramente define-se um tamanho padrão de janela, e posiciona-se algumas dessas em diversas regiões da imagem. A quantidade de janelas e suas posições dependem das definições do problema a ser tratado. Uma vez que são posicionadas, utilizam-se histogramas dos níveis de cinza locais, e nesses são definidos os limiares. Dessa forma, é possível que em cada histograma seja definido um valor diferente de limiar, possibilitando que a segmentação das regiões de interesse da imagem sejam melhoradas quando não há a possibilidade de utilizar a limiarização global (GONZALEZ; WOODS, 2010; PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

2.8 Software Livre e Principais softwares utilizados

“Software livre” são sistemas computacionais que fornecem aos seus usuários a liberdade de executar, copiar, distribuir, estudar, mudar e melhorar o software, sem discriminar a necessidade da existência da cobrança de um valor monetário para a utilização desse software. Com essas liberdades, os usuários – individual ou coletivamente – podem controlar plenamente os programas e suas “ações” (STALLMAN, 2013).

Para um software ser considerado livre, este deve possuir as quatro liberdades básicas de Stallman (2013), sendo elas:

Liberdade 0: A liberdade de executar o programa como desejar, para qualquer propósito.

Liberdade 1: A liberdade de estudar como o programa funciona, e adaptá-lo às necessidades. Para tanto, acesso ao código-fonte é um pré-requisito.

Liberdade 2: A liberdade de redistribuir cópias de modo que estas possam ajudar à outros usuários.

Liberdade 3: A liberdade de distribuir cópias de versões modificadas à outras pessoas ou empresas. Desta forma pode-se fornecer a qualquer usuário a oportunidade de beneficiar das mudanças realizadas (STALLMAN, 2013).

O GNU *Octave* é um *software* livre que oferece uma linguagem

interpretada de alto nível, destinada principalmente para cálculos numéricos. O *software* fornece recursos para a solução de problemas lineares e não lineares, e para a realização de experimentos numéricos. Ele também fornece extensos recursos para visualização de gráficos e manipulação de dados. O GNU *Octave* pode ser utilizado por meio de sua interface interativa de linha de comando, ou então, também, para escrever programas não-interativos. A linguagem *Octave* é bastante semelhante ao *Matlab* para que a maioria dos programas possam ser portados facilmente de uma plataforma para a outra (EATON, 2013)

O ImageJ® é um programa de processamento de imagem em Java de domínio público inspirado no *NIH Image* para o *Macintosh*. O *software* pode ser executado *online*, como um *applet*, ou como um aplicativo para *download*, em qualquer computador que possua instalada uma máquina virtual Java 1.4 ou superior. O *software* é distribuído nas versões para *Windows*, *Mac OS* e *Linux* (RASBAND, 2014).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Aquisição das Imagens

Um total de 242 imagens de folhas de eucalipto com manchas de bacteriose (121 imagens) e *Cyclindrocladium* (121 imagens) foram adquiridas do banco de imagens desenvolvido por Damasceno *et al.* (2014). Para o desenvolvimento do referido banco de imagens, foram coletadas folhas de *E. grandis* com cerca de dois anos de idade e espaçamento de 2,5 x 3,0 metros em um talhão no município de Botucatu, São Paulo, Brasil (Lat. 22°48' S Long. 48°23' O e 591 metros a.n.m).

As folhas utilizadas possuíam diferentes níveis de severidade de cada doenças, no entanto, para ambas doenças foram utilizadas folhas com severidade baixa, média, e alta.

As folhas foram digitalizadas utilizando um *scanner* de mesa modelo HP *Scanjet* 5590 com resolução de 200 *dpi* e arquivadas no formato “.jpg”. As imagens resultantes do processo de digitalização atenderam, quanto a sua qualidade, todas as necessidades para o processamento realizado, considerando que é recomendado a resolução de 300 *dpi* apenas quando se tratar da impressão da imagem (ABELSON, 1999).

3.2 Processamento das Imagens

Todas as imagens foram processadas afim de melhorar sua visualização e interpretação pela RNA, neste processo foi utilizado o software ImageJ®.

As imagens das folhas escaneadas que inicialmente continham entre 6 e 10 folhas por imagem, foram divididas a fim de obter imagens individuais de

cada folha. Para a realização desse procedimento utilizou-se o recurso de duplicação de uma área selecionada da imagem.

O fundo da imagem (parte que não contém a folha) foi selecionado utilizando o recurso de limiarização (*threshold*) e a ferramenta “*Wand Tool*” do ImageJ® (RASBAND, 2014), e então, substituído pela cor preta (RGB = 0,0,0). Posteriormente, a imagem, até então colorida (RGB) foi convertida para tons de cinza, finalizado com o armazenamento no formato “.tif” (TIFF).

O *Tagged Image File Format* (TIFF) é um formato complexo de arquivo de imagem que utiliza um algoritmo de compressão sem perdas, denominado Lempel-Ziv-Welch (LZW) (MANDAL; BANERJEE, 2012). Dessa forma as imagens foram mantidas fieis para a realização dos processamentos e análises necessárias.

Para ser utilizada na rede neural artificial, todas as imagens devem possuir a mesma quantidade de *pixels*, visto que imagens com quantidade discrepantes de pontos podem tender a RNA. Para definir um tamanho a adotar como padrão foi calculado a média dos tamanhos horizontais e verticais das imagens.

As imagens de tamanho maiores ou menores do que o tamanho padrão foram redimensionadas utilizando o algoritmo de *bicubic interpolation* que separa a imagem em blocos de 16 *pixels* e calcula a média ponderada desses valores considerando suas direções (vertical, horizontal e diagonal) e preenche o *pixel* com o valor calculado (GHANTE; INGOLE, 2014). Esse algoritmo mantém ao máximo possível a qualidade da imagem no processo de redimensionamento, assim como, este processo não vem a prejudicar a análise da imagem posteriormente. As fases do processamento das imagens estão demonstrados na Figura 18.

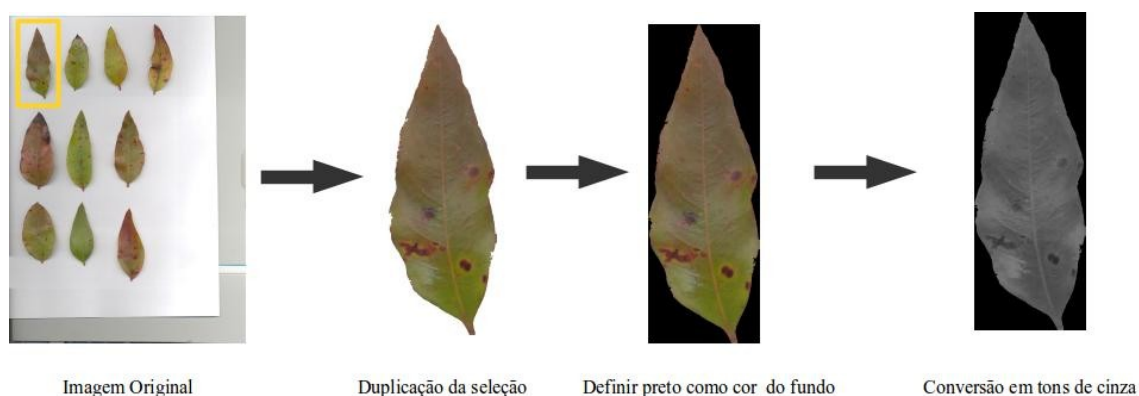


Figura 18: Fases do processamento das imagens utilizadas no trabalho

O processamento da imagem é findado com a extração do histograma das mesmas. Dessa forma, a quantidade de *pixels* em cada tom de cinza foram utilizados como sinais de entrada na rede neural artificial, reduzindo sua dimensionalidade.

Após a criação de cada histograma, esses foram analisados e manipulados de forma a excluir o tom de cinza 0 (zero), que representa a cor preta, visto que esta corresponde ao fundo da imagem, parte esta que não foi considerada para o processamento da RNA

3.3 Planejamento e Desenvolvimento da Rede Neural Artificial

A Rede Neural Artificial foi desenvolvida utilizando o software GNU Octave® (EATON, 2013).

O *training set* - conjunto de amostras aleatórias utilizados para treinar a RNA - foi composto por histogramas de 60% das imagens processadas. O restante foi reservado para compor o *cross validation set* - conjunto de imagens utilizadas para testes da rede, conforme recomendado por Silva, Spatti e Flauzino (2010)

No presente trabalho foi utilizado para a classificação de doenças uma rede neural artificial do tipo Perceptron de Multi Camadas (PMC) (*Multilayer Perceptron* – MLP) com algoritmo de treinamento *backpropagation*, pois, esta configuração é a mais utilizada e apropriada para Redes Neurais com objetivo de classificação de padrões.

3.3.1 Normalização dos dados

A normalização de dados é uma técnica utilizada no pré-processamento que tem por objetivo reorganizar os dados em uma faixa de valores adequada para a modelagem do problema. Usado também para manter os dados em um intervalo preestabelecido, evitando a saturação dos neurônios, assim como para manter dentro de um mesmo intervalo variáveis com valores muito diferentes entre si (HAYKIN, 2001).

Portanto, utilizar este recurso provê um melhor resultado no uso de diversas técnicas de aprendizado de máquina, quando comparado com o uso sem a normalização dos dados (ÖNSKOG et al., 2011). Para definir a melhor técnica de normalização a ser empregada no presente trabalho foram testadas empiricamente três diferentes técnicas, sendo que duas delas com fatores de ajustes também testados de forma

empírica.

Na primeira técnica escolhida foi utilizado o princípio dos segmentos proporcionais (teorema de tales) (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010), onde o valor de cada variável (x) foi convertido em um valor na escala entre 0 e 1 (z). Ainda, foram utilizados fatores de ajustes (F) no valor de 1, 2, 4 e 6, esses multiplicam o resultado da normalização para dar-lhe uma maior amplitude. Esta é calculada conforme fórmula 12, onde, x_{min} é o menor valor do conjunto de variáveis e x_{max} o maior valor desse mesmo conjunto.

$$z = F \frac{x - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} \quad (12)$$

A segunda técnica elencada foi a normalização pela média e desvio padrão, nessa técnica os dados são normalizados em torno da média e do desvio padrão, resultando em um conjunto de dados com média igual a 0 e desvio padrão igual a 1 (JAIN; NANDAKUMAR; ROSS, 2005). Nesta também foram usados fatores de ajustes (F) com valores de 1 a 6 que multiplicam o resultado da normalização, dando maior amplitude. A formula 13 é utilizada nessa técnica de normalização, onde, z é o dado normalizado, x é o valor da variável sem normalização, $\bar{x}$ é o valor da média do conjunto de dados e s é o valor do desvio padrão para o mesmo conjunto.

$$z = F \frac{x - \bar{x}}{s} \quad (13)$$

Por fim, a terceira técnica testada foi o escalonamento, esta técnica deriva do princípio dos segmentos proporcionais, no entanto, os limites superior e inferior para os dados normalizados podem ser escolhidos (ANTON; RORRES, 2012). Para este trabalho foi atribuído como limites superiores e inferiores respectivamente, nos valores de (-1, 1), (-4, 4) e (-4, 6). Na fórmula 14 observa-se que z é valor do dado normalizado e reescalonado, x é o valor do dado antes da normalização, x_{max} é o maior valor no conjunto dessa variável, x_{min} é o menor valor do mesmo conjunto, L_{sup} é o valor máximo para a escala escolhida e L_{inf} é o valor mínimo para a mesma escala.

$$z = \frac{x - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} (L_{sup} - L_{inf}) + L_{inf} \quad (14)$$

Os teste de todos os métodos de normalização foram feitos com a RNA configurada com os mesmos parâmetros. A taxa de aprendizado foi configurado em 0,05; a precisão requerida para o problema foi de 0,000001, o termo de *momentum* foi configurado em 0,3 e a camada Intermediária da RNA foi configurada com 200 neurônios. Dessa forma foi avaliado o erro quadrático médio da rede no momento de convergência, assim como a porcentagem de acertos (vide 3.4.2) da rede.

3.3.2 Topologias da Rede Neural Artificial

Cada camada da rede possui uma forma para determinar seu número de unidades de processamento, dessa forma para o presente trabalho foi determinada a existência de 3 camadas, sendo elas a camada de entrada, a camada intermediária ou escondida e a camada de saída.

A quantidade de neurônios na camada de saída da rede foi definida como dois neurônios, visto que o objetivo do presente projeto foi discriminar entre duas doenças. Este número deve ser o mesmo que a quantidade de classes a serem identificadas no projeto.

A primeira categoria de resposta é denominada bacteriose, onde o primeiro neurônio da camada de saída (N_1) terá como resultado o valor 1 e o segundo neurônio da camada de saída (N_2) terá o valor 0, cuja representação pode ser dada por (1,0), esta categoria representa as folhas com manchas foliares de bacteriose. A segunda categoria de resposta é denominada *Cylindrocladium*, onde N_1 produzirá o valor 0 e N_2 produzirá o valor 1, cuja representação pode ser dada por (0,1), sendo que esta categoria representa as imagens com manchas foliares ocasionadas por *Cylindrocladium*. Não será admitida nenhuma outra resposta para a referida RNA.

A camada de entrada da RNA deve ter o mesmo número de neurônios quanto são suas variáveis de entrada. Para o presente trabalho, cada variável de entrada deve representar um tom de cinza do histograma da imagem utilizada. Nesse sentido, a camada de entrada da RNA possuía 255 neurônios sendo que os tons de cinza são distribuídos entre os valores 1 e 255, onde 1 é o tom de cinza mais escuro e 255 corresponde a cor branca. Dessa forma, primariamente os dados de entrada são as quantidades de *pixels* de cada tom de cinza presente em uma determinada amostra.

A RNA contará com uma camada Intermediária, sendo que o número de neurônios nessa camada foram proposto por diversos autores da literatura. Cada

topologia de rede, ou seja, o efeito que a quantidade de neurônios na camada escondida causa em toda a rede será analisado para selecionar a melhor topologia a ser utilizada. Foram testadas 5 topologias sendo a quantidade de neurônios em cada topologia é dado de uma forma, como mostra a Tabela 2.

Tabela 2 - Métodos utilizados para a seleção das topologias para a Rede Neural Artificial, com a fórmula de cada método, quantidade de Neurônios e codificação das topologias. Em que, n_1 é o número de neurônios na camada Intermediária, n é o número de neurônios na camada de entrada, n_2 é o número de neurônios na camada de saída e n_c é o número de classes da RNA.

Nome do método	Fórmula	Quantidade de neurônios	Codificação da topologia
Fletcher-Goss (FLETCHER; GOSS, 1993)	$n_1 = 2\sqrt{n} + n_2$	34	Topologia 1
<i>Weka</i> (WITTEN; FRANK, 2005)	$n_1 = \frac{n + n_c}{2}$	128	Topologia 2
-	-	256	Topologia 3
-	-	384	Topologia 4
Kolmogorov (KOLMOROGOV, 1957)	$n_1 = 2n + 1$	511	Topologia 5

As topologias 1, 2 e 5 foram utilizados os resultados de suas fórmulas para determinar o número de neurônios na camada Intermediária. Para as topologias 3 e 4 foi calculada a diferença entre a quantidade de neurônio das topologias 2 e 5, sendo que este valor foi dividido por 3, resultando em 128, esse valor, foi acrescido da topologia 2 e chegou ao número de 256 neurônios para a topologia 3, a topologia 3 foi acrescida do mesmo valor e resultou em 384 neurônios na topologia 4.

As 5 topologias candidatas, foram testadas em 10 ensaios, sendo cada um deles com amostras escolhidas aleatoriamente, baseando-se na técnica de Simulação de Monte Carlo (SHAPIRO; GROSS, 1981). Dessa forma, os ensaios foram realizados utilizando os mesmos conjuntos de amostras. Cada uma das topologias foram avaliadas quanto ao erro quadrático médio na época de convergência e sua porcentagem de acertos (vide 3.4.2).

Independentemente da topologia utilizada, diversos parâmetros da RNA se mantiveram os mesmos, esses valores devem ser alterados dependendo do problema tratado pela aprendizagem, no entanto, no presente trabalho foi mantido os

valores recomendados pela literatura (HAYKIN, 2001; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). A taxa de aprendizado foi configurado em 0,05; a precisão requerida para o problema foi de 0,000001 e o termo de *momentum* foi configurado em 0,3.

3.4 Testes e homologação da Rede Neural Artificial

Uma vez construída toda a rede neural artificial, sua performance, precisão, acurácia e generalização serão testadas utilizando os histogramas das imagens que compõe o conjunto de amostras para testes, dessa forma, foi possível analisar a viabilidade do uso da RNA proposta.

3.4.1 Curva de Aprendizado

As curvas de aprendizado (*learning curver*) tem como principal objetivo estimar uma taxa de erro empírica baseada na quantidade de amostras no conjunto de dados para treinamento (MUKHERJEE et al., 2003). Ao treinar a RNA com número limitados de dados e realizar a validação cruzada desse treinamento, foi mostrado se houve mudanças no erro quadrático médio de acordo com a quantidade de dados utilizados e se existiu a possibilidade de diminuir este erro com a aquisição de mais amostras, diminuindo assim distâncias entre a curva do erro de treinamento com a curva do erro de validação (HUANG, 2012). Muitas vezes a aquisição de mais amostras, dependendo do problema pode ser caro e dispendioso, sendo necessário retirar o maior proveito dos dados já coletados (KROGH; VEDELSBY, 1995).

No presente trabalho, para avaliar se o número de amostras utilizadas foram suficientes, foi realizado, para cada topologia, um treinamento com número de amostras variando de 1 até 147, sendo este ultimo o número máximo de amostras possíveis, dado que o conjunto de treinamento é composto por 60% do todas de amostras existentes. Dessa forma, foi esperado que o erro quadrático médio do conjunto de treinamento tenha um comportamento de estabilidade de acordo com o aumento do número de amostras, assim como, uma aproximação do erro quadrático médio do conjunto de validação.

3.4.2 Desempenho da RNA

O principal indicador utilizado para avaliar a RNA foi sua porcentagem de acertos, sendo que o significado de cada métrica, assim como sua

importância e utilização estão descritos adiante.

O treinamento da RNA foi executado com 60% das amostras obtidas, resultado em 145 amostras, após concluído o treinamento da RNA, foi utilizado o conjunto de dados do *cross validation set*, composto por 40% das amostras não utilizadas no treinamento, ou seja, 97 amostras. O resultado dessa execução foi alocado em uma tabela, denominada tabela de confusão, esta tabela organiza a quantidade de acertos e erros da RNA de acordo com as classes do problema, colocando nas linhas a quantidade de amostras das classes que realmente foram catalogadas no problema e nas colunas a quantidade de amostras que foram classificadas pela RNA como pertencendo a cada determinada classe (KAZEROUNI; SCHLEMPER; KUHNERT, 2015). Uma tabela de confusão genérica é mostrada na Tabela 3.

Tabela 3 - Tabela de confusão genérica

		Previsto	
		Positivo	Negativo
Real	Positivo	Verdadeiro Positivo (VP)	Falso Negativo (FN)
	Negativo	Falso Positivo (FP)	Verdadeiro Negativo (VN)

Fonte: Quilici-Gonzalez e Zampirolli (2014)

A tabela de confusão foi utilizada para extrair quatro informações, sendo elas: A quantidade de Verdadeiros Positivos (*True Positives* [TP]) – Amostras que realmente pertencem a uma classe e foram classificadas pela RNA como pertencentes a esta classe; A quantidade de Falsos Positivos (*False Positives* [FP]) – Amostras que foram classificadas pela RNA como pertencentes a uma classe, mas de fato pertencem a outra classe; A quantidade de Falsos Negativos (*Falses Negatives* [FN]) – Amostras que pertencem à uma classe, sendo esta a classe contrária do TP, e foram classificados como outra classe; e a quantidade de Verdadeiros Negativos (*True Negatives* [TN]) - Amostras que pertencem à classe contrária do TP e foram classificados corretamente pela RNA.

A porcentagem de acertos (Ac) é entendida como um parâmetro de avaliação da eficiência da Rede Neural Artificial, sendo utilizado em seu cálculo os valores do obtidos na tabela de confusão (GULHANE; KOLEKAR, 2015; HUANG; POWERS;

MONTELIONE, 2005; VIANNA; CRUZ, 2013). Este parâmetro foi utilizado para comparação das topologias testadas no projeto. Sua fórmula é dada como a seguir:

$$Ac = 100 * \frac{VP + VN}{VP + FP + VN + FN} \quad (15)$$

3.4.3 Análise Estatística

Na análise estatística do erro quadrático médio e da porcentagem de acertos, foram utilizados modelos lineares generalizados com distribuição de probabilidade gama e função de ligação logarítmica (DIGGLE et al., 2002; NELDER; WEDDERBURN, 1972), considerando como fator a topologia da rede. A qualidade do ajuste dos modelos foi feita através da análise de desvios (*deviance*) e para comparações entre tratamentos (topologias da rede) foi utilizado o teste LSMeans do procedimento genmod do programa estatístico SAS (Statistical Analysis System versão 9.2, 2015, licenciado para a Universidade Estadual Paulista, UNESP).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As 242 imagens, em tons de cinza, no formato “.tiff” foram processadas com dimensões de 278 *pixels* de largura e 715 *pixels* de altura, totalizando 198.770 pontos em cada imagem. Cada uma das imagens teve seu histograma extraído e desse foi excluído o tom de cinza zero, que representa a cor preta, ficando com 255 tons de cinza, como mostra a Figura 19. A Figura 20 mostra duas imagens com histogramas semelhantes (a) e diferentes (b), assim como, os histogramas médios para as imagens de cada uma das doenças estudadas (c).

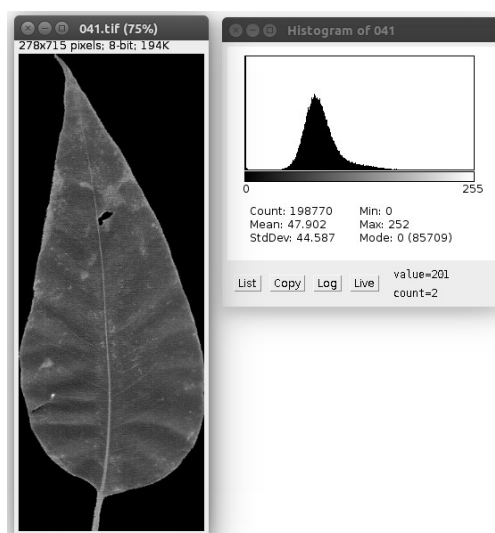


Figura 19: Figura de folha com *Cylindrocladium spp.* e seu histograma utilizando o software ImageJ®

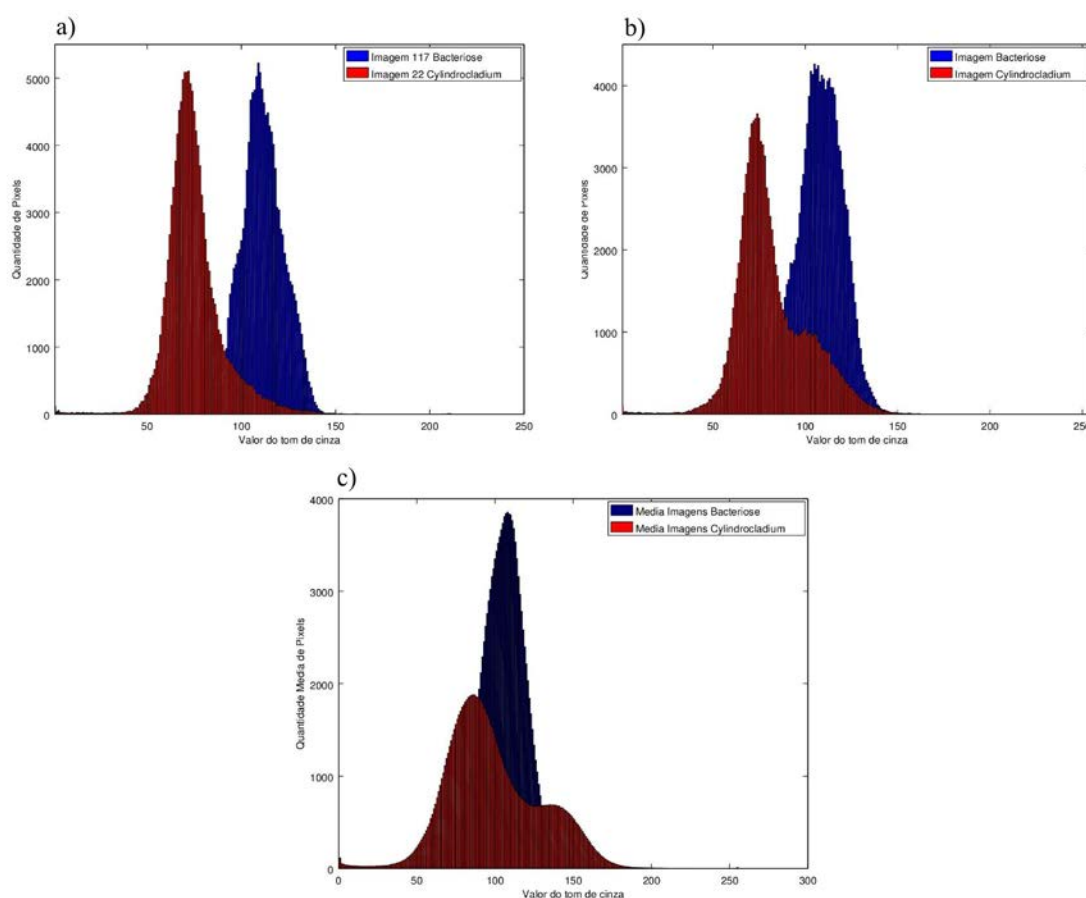


Figura 20: Histogramas com comportamento similar de duas imagens (a), histogramas diferentes de duas imagens (b), histogramas médios para cada uma das doenças estudadas(c).

O conjunto de histogramas foi dividido em dois subconjuntos, o primeiro denominado *Training Set* (ou conjunto de Treinamento) possuindo 145 histogramas selecionados aleatoriamente advindos de imagens de ambas as doenças. O segundo conjunto foi denominado *Validation set* (ou conjunto de validação) possuindo 97 histogramas dos quais não foram selecionados para o primeiro conjunto.

4.1 Normalização do dados

A normalização dos dados dos histogramas utilizados nas redes neurais artificiais foi um procedimento necessário para o aprendizado, as três técnicas estudadas mostraram resultados bem divergentes entre si, como é mostrado na Tabela 4.

Tabela 4 - Técnicas de normalização de dados para RNA, seguidos dos fatores de ajustes, médias das épocas até a convergência da rede, médias dos Erros Quadráticos Médios (EQM) na época de convergência e médias dos *F1-Scores* da redes treinadas.

Técnica de normalização	Fator de Ajuste / Intervalo	EQM Treinamento	Porcentagem de Acertos
Segmentos Proporcionais	1	1,3859	48,45%
	2	1,3858	48,45%
	4	1,3858	48,45%
	6	1,3858	48,45%
Média e Desvio Padrão	1	1,3118	93,81%
	2	0,7696	94,85%
	3	0,5964	94,85%
	4	0,5062	95,88%
	5	0,4506	95,88%
	6	0,4117	95,88%
Escalonamento	(-1, 1)	1,3862	49,49%
	(-4, 4)	1,3769	43,30%
	(-4, 6)	1,1114	88,66%

A técnica de normalização por segmentos proporcionais demonstrou uma porcentagem de acertos baixa e um EQM elevado comparado com a técnica de normalização pela média e desvio padrão. A porcentagem de acertos baixa foi resultado da não separação das amostras entre classes, classificando todas como pertencentes a uma única classe, este fenômeno ocorreu tanto para a classe *bacteriose* como para a classe *Cylindrocladium*.

A técnica de normalização pela média e desvio padrão apresentou valores decrescente de EQM conforme era aumentado o fator de ajuste, no entanto o fator igual a 1, que não ajustou o resultado da normalização, obteve um valor de EQM muito superior aos demais fatores de ajustes estudados com essa técnica. Os valores de EQM menores do que 0,8 e com tendência de queda mostram a capacidade da rede em aprender e discriminar as amostras com mais facilidade, principalmente porque o fator de ajuste com valores maiores resultam em maior amplitude na distribuição das amostras.

Os valores da porcentagem de acertos se mantiveram praticamente inalterados, todos entre 93% e 95%, demonstrando que a rede tem a capacidade de separar

entre as duas categorias de amostras, bacteriose e *Cylindrocladium*.

A normalização por escalonamento, por compartilhar do mesmo princípio da técnica de segmentos proporcionais teve resultados também semelhantes. A normalização nos intervalos de (-1, 1) e (-4, 4) obtiveram resultados bem próximos com diferença de EQM de apenas 0,0093, assim como suas porcentagens de acertos estão bem próximas e ambas abaixo de 50%. Este comportamento evidencia a não separação das categorias das doenças, assim como ocorreu com a técnica de segmentos proporcionais.

Os resultados do intervalo (-4, 6) são destacados nessa técnica, pois estão mais adequados quando comparados aos outros intervalos estudados. Seu EQM menor que os obtidos pelos outros intervalos e sua porcentagem de acertos mais elevada demonstra uma separação das doenças em duas categorias, mas, com diversas amostras sendo erroneamente classificadas. Considerando isto, foi percebida uma tendência de aumento na porcentagem de acerto conforme a amplitude do intervalo da normalização é aumentada.

Comparando as técnicas utilizadas observa-se que a normalização pela média e desvio padrão ofereceu melhores resultados que as outras duas, no entanto, o fator de ajuste utilizado deve estar entre os valores de 2 e 6. Önskoh *et al.* (2011) confirmaram que para o aprendizado de máquinas, dados normalizados resultam em melhores modelos do que dados não normalizados e Jain, Nandakumar e Ross (2005) mostraram que para dados não estimados a normalização por média e desvio padrão é uma das melhores técnicas a ser empregada.

García-gimeno *et al.* (2005) utilizaram urna para modelagem do crescimento da bactéria *leuconostoc mesenteroides*, sendo que também foram utilizados ajustes no processo de normalização dos dados com o objetivo de evitar a saturação dos neurônios que utilizavam a função de ativação logística.

Dessa forma, a normalização pela média e desvio padrão, com fator de ajuste igual a 4 demonstrou ser a opção mais adequada para ser utilizado na RNA do presente trabalho, pois apresentou EQM ligeiramente superior a 0,5; e, a porcentagem de acertos não apresentou valores muito distantes entre si para essa técnica de normalização, independente do fator utilizado. Assim, essa técnica foi utilizada na comparação das topologias de rede.

4.2 Topologia 1 – 34 neurônios

A Topologia 1 teve sua quantidade de neurônios definida pelo método de Fletcher-Goss, sendo esta de 34 neurônios. Os resultado da Topologia 1 são apresentados na Figura 21 e na Tabela 5

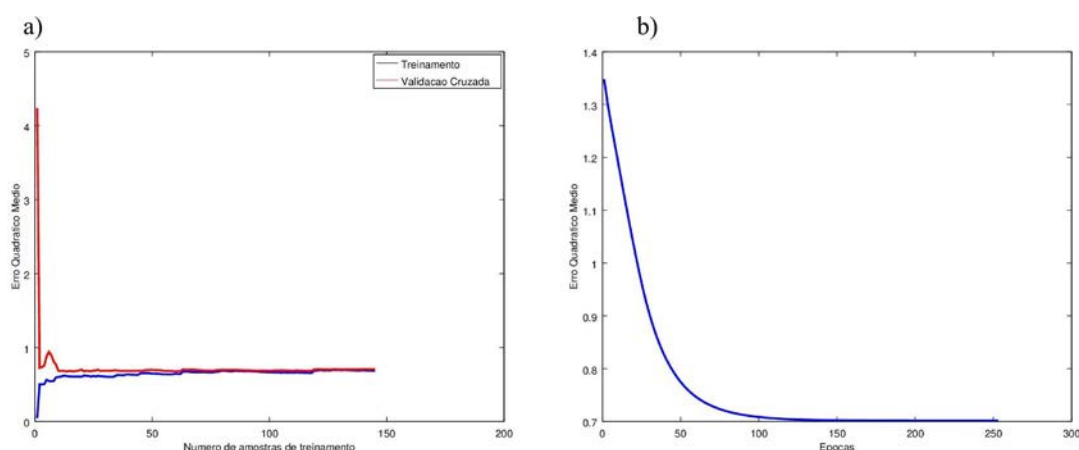


Figura 21: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 1

Tabela 5 - Valores do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos na fase de validação nos ensaios realizados com a topologia 1

	Ensaio									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
EQM	0,6726	0,6676	0,6694	0,6275	0,7015	0,6610	0,6726	0,6414	0,7029	0,6522
Épocas	260	425	2218	269	253	807	1140	915	2158	3381
Acertos (%)	94,85	96,91	94,85	91,75	97,94	95,88	97,94	93,81	95,88	94,85

A quantidade mínima de amostras necessárias para a estabilização do erro quadrático médio (EQM) foi de 50 amostras, sendo observado também que não houve distâncias entre os EQMs do conjunto de treinamento e validação, este comportamento indica que a quantidade de amostras utilizadas no treinamento é adequada para o modelo proposto.

Considerando todos os ensaios realizados a topologia 1 convergiu com EQM médio de 0,6669; sendo que seu valor mínimo está em 0,6275 e seu valor máximo em 0,7029. A variabilidade desses valores foi bem pequena demonstrando uma constância da rede no processo de convergência.

Quanto ao número de épocas até a convergência, esta topologia utilizou em média 1182 épocas, sendo que a maior quantidade se deu no décimo ensaio com 3381 épocas e a menor delas no quinto ensaio com 253 épocas. Esta topologia necessitou de uma maior quantidade de épocas em quatro ensaios sendo eles os número 3, 7, 9 e 10.

A alta quantidade de épocas utilizadas e o elevado valor de EQM são explicadas pela baixa quantidade de neurônios nessa topologia, mostrando a necessidade de “maior esforço” para a convergência da rede.

Findado o processo de aprendizado, a topologia 1 demonstrou boa capacidade de classificação entre as doenças estudadas, com média de acertos de 95,46% sendo que sua menor pontuação foi de 91,75% no ensaio 4 e sua maior de 97,94% no ensaio 7. Esses valores demonstram que embora com poucas unidades de processamento foi possível classificar as doenças com mais de 90% de acertos.

A tabela de confusão dessa topologia, considerando o melhor ensaio, mostra que nenhuma imagem de *Cylindrocladium* foi classificada como bacteriose, no entanto, duas amostras de bacteriose foram classificadas como *Cylindrocladium*, assim, a assertividade do modelo foi bem elevada, como é mostrado na Tabela 6.

Tabela 6 - Tabela de confusão para a Topologia 1

		Classificação pela RNA	
		Bacteriose	<i>Cylindrocladium</i>
Classificação Real	Bacteriose	54	2
	<i>Cylindrocladium</i>	0	41

4.3 Topologia 2 – 128 neurônios

As amostras foram sorteadas aleatoriamente em cada ensaio e todas as topologias utilizavam as mesmas amostras em um determinado ensaio. Seus resultados são apresentados na Figura 22 e na Tabela 7

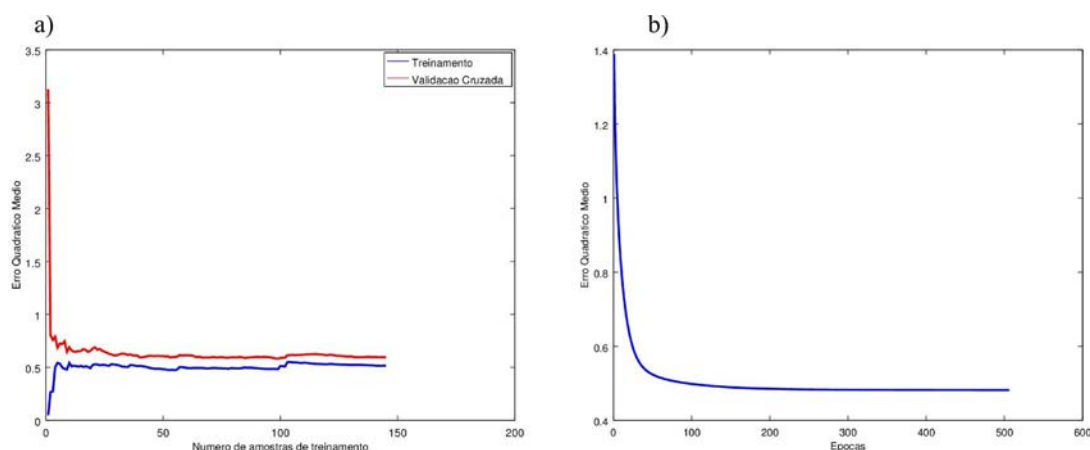


Figura 22: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 2

Tabela 7 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 2

	Ensaio									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
EQM	0,5163	0,5116	0,5162	0,4642	0,5521	0,5073	0,5152	0,4819	0,5559	0,4962
Épocas	462	450	428	444	543	492	432	506	398	480
Acertos(%)	95,88	96,91	93,81	91,75	96,91	95,88	96,91	92,78	95,88	94,85

A quantidade mínima de amostras necessárias para a estabilização do EQM foi de 55 amostras, sendo observado a pequena distância entre os EQMs do conjunto de treinamento e validação, principalmente em treinamento utilizando mais de 100 amostras, indicando que a quantidade de amostras utilizadas no treinamento foi suficiente para o modelo.

Considerando todos os ensaios realizados a topologia 2 convergiu com EQM médio de 0,5117; com valor mínimo de 0,4642 e máximo de 0,5559. A variabilidade desses valores também pode ser considerada pequena o que demonstra a continuidade no processo de convergência da rede.

O número de épocas para a convergência desta topologia foi em média 463 épocas, sendo que a maior quantidade foi alcançada no quinto ensaio com 543 épocas e a menor no nono ensaio com 398 épocas. Para essa topologia a quantidade de épocas não variou tanto quanto a topologia 1.

Ao término do processo de aprendizado da topologia 2, esta demonstrou boa capacidade de classificação entre as doenças estudadas, com média de

acertos de 95,15% sendo que sua menor pontuação foi de 91,75% no ensaio 4 e sua maior de 96,91% no ensaio 7. Esses valores demonstraram que a discriminação entre as doenças nesse modelo, em seu melhor resultado é de 96,91% de assertividade.

A tabela de confusão dessa topologia, considerando o melhor ensaio, mostrou que 3 imagens foram classificadas erroneamente, como é apresentado na Tabela 8.

Tabela 8 - Tabela de confusão para a Topologia 2

		Classificação pela RNA	
		Bacteriose	<i>Cylindrocladium</i>
Classificação Real	Bacteriose	53	2
	<i>Cylindrocladium</i>	1	41

4.4 Topologia 3 – 256 neurônios

Os resultados obtidos por essa topologia são apresentados na Tabela 9 e na Figura 23

Tabela 9 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 3

	Ensaio									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
EQM	0,4856	0,4493	0,4737	0,5003	0,4937	0,5152	0,4933	0,5306	0,4777	0,5097
Épocas	709	788	753	710	641	762	889	726	894	790
Acertos(%)	94,85	92,78	94,85	96,91	95,88	96,91	93,81	96,91	94,85	96,91

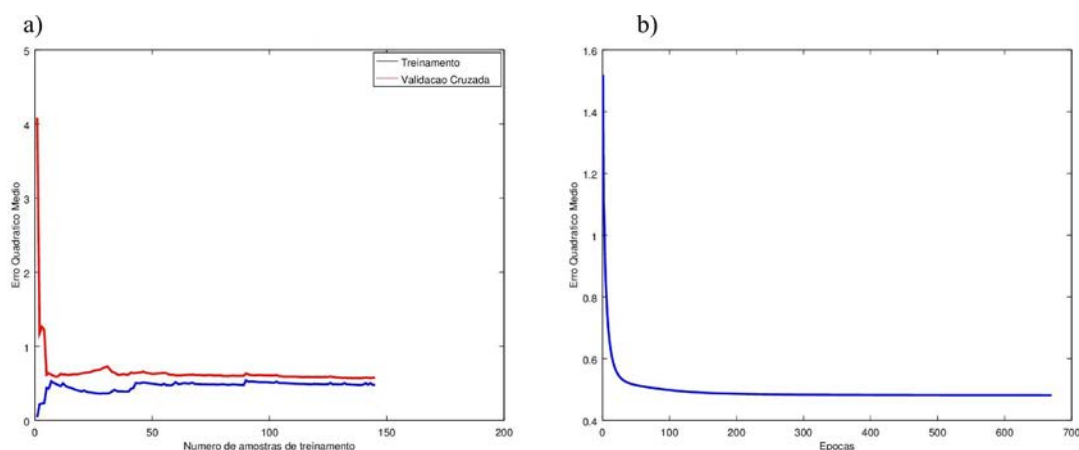


Figura 23: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 3

A quantidade mínima de amostras necessárias para a estabilização do EQM foi de 60 unidades. Observou-se uma considerável redução na distância entre os erros do conjunto de treinamento e validação com a utilização de 90 ou mais amostras.

Considerando todos os ensaios, a topologia 3 convergiu com EQM mínimo de 0,4493 e máximo de 0,5306. A variabilidade desses valores também pode ser considerada pequena e percebe-se um estreitamento nessa variabilidade quando comparado com as outras topologias estudadas com menor número de neurônios.

O número de épocas para a convergência desta topologia foi em média 766 épocas, sendo que a maior quantidade foi alcançada no ensaio 9 com 894 épocas e a menor no ensaio 6 com 641 épocas.

Ao iniciar o processo de validação com a topologia 3, esta demonstrou boa capacidade de classificação entre as doenças, com média de acertos de 96,90% sendo que sua menor pontuação foi de 92,78% no ensaio 2 e sua maior de 96,91% nos ensaios 4, 6, 8 e 10. Esses dados demonstraram que os valores de máximos são iguais aos obtidos na topologia 2, essa característica é devida à seleção das amostras de treinamento.

A tabela de confusão dessa topologia, considerando o melhor ensaio, mostra que 3 imagens foram classificadas erroneamente, mas que nenhuma imagem de *Cylindrocladium* foi classificada como bacteriose, como é mostrado na Tabela 10.

Tabela 10 - Tabela de confusão para a Topologia 3

		Classificação pela RNA	
		Bacteriose	<i>Cylindrocladium</i>
Classificação Real	Bacteriose	39	3
	<i>Cylindrocladium</i>	0	55

4.5 Topologia 4 – 384 neurônios

Os resultados para a topologia 4 são apresentados na Figura 24 e na Tabela 11.

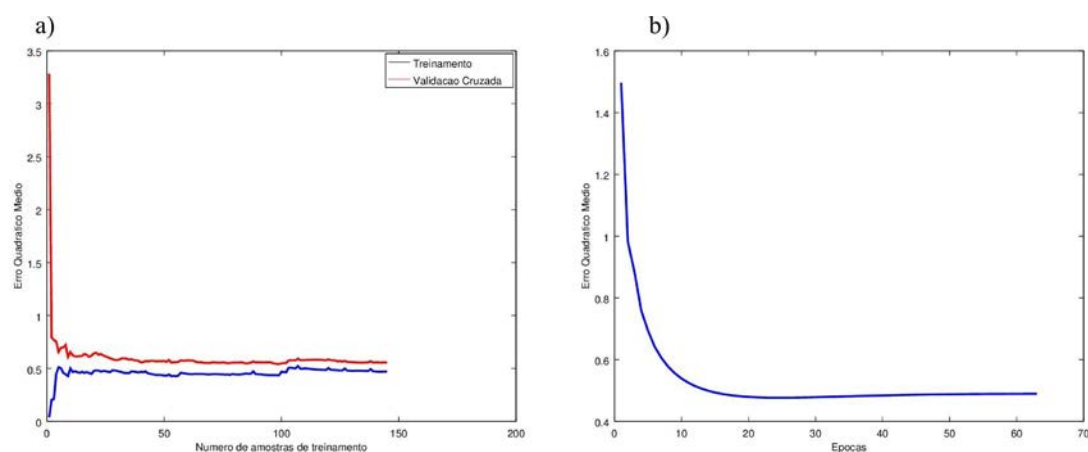


Figura 24: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 4

Tabela 11 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 4

	Ensaio									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
EQM	0,4736	0,4371	0,4620	0,5058	0,4824	0,5042	0,4820	0,5194	0,4661	0,4978
Épocas	934	841	906	71	857	921	801	930	913	1011
Acertos(%)	94,85	92,78	94,85	96,91	95,88	96,91	93,81	96,91	94,85	96,91

A quantidade mínima de amostras necessárias para a estabilização do EQM foi de 25 amostras. Foi observado uma considerável redução na distância entre os erros dos subconjunto de treinamento e validação após o processamento com mais de 100

amostras. Um comportamento muito semelhante ao encontrado na topologia 3, até mesmo pela aproximação das curvas. Dessa forma, as amostras utilizadas foram classificadas de forma semelhantes mesmo com a rede possuindo mais de cem neurônios a mais para processamento.

Considerando todos os ensaios, a topologia 4 convergiu com EQM médio de 0,4830; sendo seu valor mínimo de 0,4371 e máximo de 0,5194; respectivamente nos ensaios 2 e 8. A variabilidade desses valores é considerada pequena e novamente é percebida uma diminuição no EQM quando comparado com topologias com quantidade menores de neurônios na camada intermediária..

O número de épocas para a convergência desta topologia foi em média 818 épocas, sendo que a maior quantidade foi alcançada no ensaio 10 com 1011 épocas e a menor no ensaio 4 com 71 épocas. Para essa topologia, alcançar a convergência em um número reduzido de épocas foi explicado pela aleatoriedade na inicialização dos pesos sinápticos, visto que para as outras topologias a quantidade de épocas utilizadas foi mais alta e com menor variação entre si.

O processo de validação para a topologia 4 demonstrou boa capacidade de classificação entre as doenças, com média de acertos de 95,46%, onde sua menor pontuação está em 92,78% no ensaio 2 e sua maior em 96,91% nos ensaios 4, 6, 8 e 10.

A tabela de confusão dessa topologia, considerando o melhor ensaio, mostrou que 3 imagens foram classificadas erroneamente, pois, duas delas eram imagens de folhas com a mancha ocasionada por *Cylindrocladium* e a RNA classificou como Bacteriose. Assim como uma delas era imagem de mancha ocasionada por bacteriose e foi classificada como mancha causada por *Cylindrocladium*, como é mostrado na Tabela 12.

Tabela 12 - Tabela de confusão para a Topologia 4

		Classificação pela RNA	
		Bacteriose	Cylindrocladium
Classificação Real	Bacteriose	45	1
	Cylindrocladium	2	49

4.6 Topologia 5 - 511 neurônios

Os resultados da topologia 5 são apresentados na Figura 25 e na Tabela 13

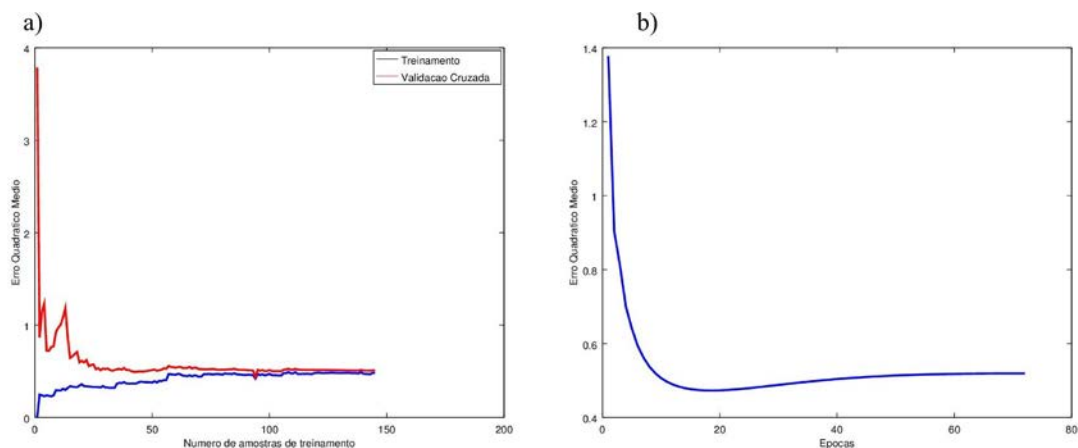


Figura 25: Curva de aprendizagem (a) e evolução do erro durante as épocas de treinamento (b) da topologia 5

Tabela 13 - Valor do EQM, épocas para convergência e porcentagem de acertos nos ensaios realizados com a topologia 5

	Ensaio									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
EQM	0,4636	0,4577	0,4637	0,4113	0,5194	0,4570	0,4630	0,4284	0,5063	0,4411
Épocas	927	1018	922	874	72	913	999	1051	1014	1010
Acertos(%)	95,88	95,88	93,81	91,75	97,94	95,88	96,91	92,78	95,88	94,85

A quantidade mínima de amostras necessárias para a estabilização do erro quadrático médio (EQM) foi encontrada em treinamentos com pelo menos 55 amostras. Observou-se a pequena distância entre os EQMs do conjunto de treinamento e validação, no entanto, essa distância se torna sensivelmente menor quando o treinamento é feito com o mínimo de 90 amostras. Este comportamento indica a suficiência da quantidade de amostras para resolução do problema modelado.

Considerando todos os ensaios realizados a topologia 5 convergiu com EQM médio de 0,4612; sendo que seu valor mínimo está em 0,4113 e seu valor máximo em 0,5063; sendo esses obtidos respectivamente nos ensaios 4 e 9. A variabilidade desses valores foi a menor obtida dentre as topologias estudadas.

Quanto ao número de épocas até a convergência, esta topologia utilizou em média 880 épocas, sendo que a maior quantidade se deu no segundo ensaio com 1018 épocas e a menor delas no quinto ensaio com 72 épocas. A diferença considerável entre a quantidade mínima e máxima de épocas para a convergência nessa topologia pode ser explicada pela partida aleatória dos pesos sinápticos, dessa forma auxiliando na convergência da RNA, assim como foi visto na topologia 4.

Ao término do processo de aprendizado a topologia 5 demonstrou boa capacidade de classificação entre as doenças estudadas, com média de acertos de 95,15%, sendo que sua menor pontuação foi de 91,75% no ensaio 4 e sua maior de 97,94% no ensaio 5. Esses valores demonstram que um número elevado de unidades de processamento não garantiu resultados melhores comparando com topologias com menor número de neurônios.

A tabela de confusão dessa topologia, considerando o melhor ensaio, mostra que nenhuma imagem de *Cylindrocladium* foi classificada como bacteriose e que a assertividade do modelo foi bem elevada, como é mostrado na Tabela 14.

Tabela 14 - Tabela de confusão para a Topologia 5

		Classificação pela RNA	
		Bacteriose	<i>Cylindrocladium</i>
Classificação Real	Bacteriose	54	2
	<i>Cylindrocladium</i>	0	41

4.7 Comparações entre as topologias

Os resultados mostram que para todas as topologias testadas, a quantidade de amostras foi suficiente para o correto aprendizado da rede neural artificial, e que a aquisição de mais amostras de dados não trariam benefícios para a resolução do problema modelado. Krogh e Vedelsby (1995) apontaram a importância de utilizar a seleção aleatória para as amostras de treinamento e validação, assim como foi feito no presente trabalho. Mukherjee et al. (2003) utilizaram o conceito da curva de aprendizagem para definir um número ideal de amostras para a resolução de diversos problemas de

classificação molecular.

A curva do erro quadrático médio é uma ferramenta utilizada para acompanhar o comportamento da rede durante o processo de treinamento, devendo sempre apresentar uma queda durante o treinamento.

Haykin (2001) coloca que erro quadrático médio deve constantemente decrescer de forma a alcançar a precisão requerida pelo problema, enquanto um comportamento ascendente dessa variável pode indicar que a modelagem utilizada não é suficiente para atender a complexidade do problema. Karmokar et al. (2015) mostraram em seu trabalho uma RNA com o comportamento descendente do erro até que este se mantém estável.

A constante queda do EQM em todas as topologias mostra o bom funcionamento do algoritmo de *Backpropagation* utilizado, assim como o alcance da precisão requerido no problema (10^{-6}) em todos os casos. Embora seja observado uma ascensão no EQM durante o treinamento da topologia 5, esta não vem a prejudicar o desempenho do algoritmo.

A tabela de confusão foi utilizada como ferramenta com a finalidade de comparar o desempenho de cada topologia, sendo calculado a porcentagem de acertos para cada uma delas.

Precision é um indicador de assertividade de uma RNA sendo este definido como a fração das amostras que foram corretamente classificadas como pertencentes a uma classe considerando todas as amostras classificadas pela RNA como pertencentes à aquela classe. *Recall* é um indicador complementar ao *Precision*, sendo este definido como a fração entre todas as amostras classificadas corretamente com pertencentes à uma classe e todas as outras amostras que de fato pertencem a esta classe (SUBRAMANI; FLOUDAS, 2012).

Todas as topologias estudadas obtiveram resultado satisfatórios, sendo que o menor *Precision* apresentado foi de 0,9583, na topologia 4, e o menor *Recall* foi de 0,9636, na topologia 2 para bacteriose. Para *Cylindrocladium* os menores valores de *Precision* e *Recall* foram respectivamente 0,8980 no ensaio 3 das topologias 2, 3, 4 e 5, e 0,8983 no ensaio 4 para todas as topologias.

Huang, Powers e Montelione (2005) fazendo um estudo sobre indicadores de qualidades de *machine learning* em três bases de dados sobre resultados da ressonância magnéticas com proteínas, e Kazerouni, Schlemper e Kuhnert (2015)

utilizando três técnicas distintas de aprendizagem automática para reconhecimento de formas foliares obtiveram valores de *Recall* de 0,45 a 1,0 e de 0,15 a 1,0 respectivamente, enquanto os valores de *Precision* variaram de 0,8 a 1,0 e 0,3 a 1,0. A alta variação desses valores mostram que a técnica utilizada pode não ter sido tão assertiva, o que não acontece nesse estudo.

Costa, Motta e Nogueira (2010) mostram resultados semelhantes aos outros estudos, quando utilizaram uma RNA do tipo PMC para classificação de doenças pulmonares onde os valores de *Precision* e *Recall* variaram de 0,5 a 1 e 0,62 a 1 respectivamente. Dessa forma salienta-se a maior variabilidade nesses valores quando há a comparação de diversas técnicas de aprendizado, no entanto, esse trabalho comparou diversas topologias de uma mesma técnica o que explica a pequena variabilidade nesses indicadores.

Os elevados valores nos componentes *True Positive* (TP) e *True Negative* (TN) das tabelas de confusão mostram que a rede, em todas as topologias, obteve uma generalização adequada, visto que essas avaliações são feitas com amostras que não foram utilizadas no processo de aprendizagem, assim, foi salientado que as diferenças quanto ao número de amostras de bacteriose e *Cylindrocladium* nas tabelas de confusão foi devido ao processo aleatório de seleção das mesmas.

A taxa de acertos é uma medida simples que mostra a porcentagem de classificações corretas feita pela RNA e no presente trabalho a menor taxa de acerto obtida foi de 91,75%, resultado do ensaio 4 para todas as topologias. A maior taxa de acerto foi de 97,94% das topologias 1 e 4 obtida no ensaio 7, enquanto os valores médios estão na faixa de 95%, o que mostra a alta assertividade dos modelos propostos. Resultados estes, bem próximos dos obtidos por Almeida (2014) que utilizou uma RNA do tipo *Perceptron* Multicamadas para classificação de madeira de *pinus*.

Gulhane e Kolekar (2014) compararam a técnica de *K-mean Neural Network* utilizando Análise de Componentes Principais com a classificação feita por especialistas para diferenciar as doenças de manchas foliares, “*leaf Necrosis disease*”, “*Gray Mildew*”, *Alternaria* e deficiência por magnésio em folhas de algodão. A classificação automática atingiu valores de acurácia entre 92% e 97%, enquanto a classificação manual obteve valores entre 70% e 98%. Resultados corroborados com Rajpurohit e Sannakki (2015) que utilizando redes neurais artificiais com algoritmo *BackPropagation* para classificação de manchas foliares por bacteriose e doença de *Wilt*

Complex em plantas de romã conseguiram uma acurácia de 97,30%

O trabalho de Vianna e Cruz (2013) que testaram diversas configurações de RNA para classificação de doenças foliares em tomateiro aplicando reconhecimento de padrões e processamento de imagens digitais, mostrou taxas de acerto entre 82% e 88%; e o artigo de Huang (2007) sobre detecção de *bacterial soft rot*, *bacterial brown spot* e *Phytophthora black rot* em mudas de *Phalaenopsis* utilizou uma RNA com os atributos de textura e coloração da imagens e obteve acurácia para cada doença nos valores de 88,8%, 90,9% e 89,1% respectivamente. Com esses resultados, pôde ser visto uma tendência para os valores das taxas de acertos em redes neurais artificiais.

Diante do exposto, foi percebido que trabalhos com temáticas sobre *machine learning*, RNAs do tipo PMC com algoritmo de *Backpropagation*, que possuam taxas de acertos maiores que 95% são raros, enquanto valores na faixa de 80% são considerados aceitáveis (KARMOKAR et al., 2015).

Dessa forma, fazendo uma análise mais generalizada, a porcentagem de acerto das topologias estudadas são elevadas e variaram pouco dentro de cada ensaio, mostrando que, considerando somente este indicador de desempenho, quase não há influência da quantidade de neurônios que foi utilizada na RNA com os resultados das classificações feitas pela mesma.

Um ponto que deve ser ressaltado é que para ambas as doenças analisadas, a severidade presente nas folhas não foi padronizada, ou seja, haviam folhas com baixa, média e alta severidade, mesmo assim, na maior parte dos casos, a RNA foi apta à discriminar entre essas duas doenças.

4.8 Análises Estatísticas

A estatística descritiva realizada mostra uma grande variação no indicador Épocas, sendo este o que mais variou dentre os analisados, como pode ser visto no componente coeficiente de variação, essa alta variação mostra que este parâmetro épocas não foi muito controlado durante os ensaios, o que de fato ocorreu, visto que cada topologia em cada ensaio necessita de quantidades diferentes de épocas de aprendizado, isso porque este fator depende das amostras utilizadas e dos valores iniciais dos pesos sinápticos, que em ambos os casos são selecionados aleatoriamente, como é mostrado na Tabela 15.

Tabela 15 - Valores mínimos, médios, máximos, coeficiente de variação, variância e desvio padrão dos principais indicadores de desempenho da RNA

	E.Q.M. Treinamento	Porcentagem de Acertos
Mínimo	0,4113	91,75
Média	0,5172	95,34
Máximo	0,7029	97,93
CV(%)	15,9	1,73
Variância	0,0068	2,74
Desvio Padrão	0,0823	1,65

O indicador Erro Quadrático Médio (EQM), por sua vez, apresentou um coeficiente de variação que pode ser considerado pequeno quando comparado com a variação do indicador épocas. Isto mostra que mesmo com topologias diferentes e amostras selecionadas aleatoriamente, a convergência da RNA sempre se dava em valores aproximados.

O indicador porcentagem de acertos possui uma variação que pode ser considerada mínima, ou seja, este foi o indicador que menos variou durante os ensaios com diferentes topologias. Dessa forma, independente das amostras, topologias, ensaios ou pesos sinápticos, a RNA sempre resultou em uma classificação adequada.

Realizando uma análise estatística utilizando a técnica de modelos lineares generalizados foi possível perceber os efeitos das topologias, ou seja a quantidade de neurônios na camada intermediária, nos indicadores de desempenho da RNA e a influência desse fator nos mesmos. A Tabela 16 compara a média dos indicadores de desempenho segundo as topologias estudadas.

Tabela 16 - Médias (desvio padrão entre parenteses) dos indicadores de desempenho da RNA segundo as cinco topologias analisadas

Topologia	E.Q.M. Treinamento	Acertos (%) Validação
1	0,6668 c (0,0236)	95,46 a (1,89)
2	0,51169 b (0,0279)	95,15 a (1,82)
3	0,4929 a (0,0231)	95,46 a (1,47)
4	0,4830 a (0,0245)	95,46 a (1,47)
5	0,45115 a (0,0323)	95,15 a (1,89)

Médias, segundo indicadores de desempenho, seguidas de mesma letra minúscula nas colunas, não diferem estatisticamente pelo LSMEANS Test ($p < 0,05$).

Considerando o indicador de porcentagem de acertos é percebido que qualquer das topologias testadas não exercem influência nenhuma sobre seus valores, visto que não há diferença significativa entre suas médias. Dessa forma, independente da topologia utilizada a quantidade de acertos e erros da RNA tende a ser sempre a mesma, não podendo afirmar então que uma topologia pode ser mais assertiva do que a outra.

A decisão de qual topologia deve ser empregada na discriminação dessas doenças, que inicialmente deveria ser feita pelo parâmetro porcentagem de acertos, visto que este é o principal fonte de comparação, passou a ser feita utilizando outros indicadores.

Analisando o indicador Erro Quadrático Médio para o treinamento do modelo, que mostra este valor na época de convergência da rede, não houve diferença significativa entre as topologias 3, 4 e 5, sendo que estas apresentaram os menores valores. A topologia 1 e 2 diferiram entre si e entre as outras, sendo que estas apresentaram os maiores valores. Dessa forma, as topologias 3, 4 e 5 foram consideradas as melhores neste quesito, também foram vistas como um critério na escolha da topologia mais adequada.

O aumento do número de neurônios na camada Intermediária reflete principalmente no aumento do números de épocas de aprendizado e no decréscimo do valor do EQM, no entanto, como não há diferença significativa nesses valores, o custo computacional para as estruturas com maiores números de unidade de processamento não se torna viável. (LEMM et al., 2011).

As topologias 3, 4 e 5 alcançaram as menores médias para o indicador EQM, sem diferir significativamente entre si, ao passo que, o indicador porcentagem de acertos não apresentou diferenças significativas entre as topologias.

Considerando o disposto, a topologia 3 obteve os melhores resultados de EQM, gerando o menor custo computacional em seu processamento. Mostrando assim que com um número inferior de neurônios pôde-se chegar a resultados similares proporcionando uma redução em seu custo computacional, mesmo com EQM ligeiramente superior à topologias com maior quantidade de neurônios. Portanto, esta topologia foi considerada a mais adequada para a resolução do problema modelado.

Pôde ser entendido que o modelo PMC com algoritmo *backpropagation* foi adequado para o problema proposto, assim como no trabalho de Chon et al. (2000) que utilizaram este mesmo modelo de RNA para previsão da dinâmica populacional de *Cecidomyiida* em florestas de pinheiro, ao comparar os dados de campo obtidos em duas bases diferentes com os previstos pela RNA, como resultado os coeficientes de determinação foram de 0,94 e 0,97.

Com isso, para o desenvolvimento de um programa capaz de diferenciar imagens de folhas de eucalipto com manchas de bacteriose e manchas ocasionadas por *Cylindrocladium*, uma boa estratégia foi a utilização de RNA do tipo PMC com algoritmo de *backpropagation*, utilizando os histogramas das imagens como dados de entrada e 256 neurônios na camada intermediária. Assim, o modelo classificador se manteve estável e com altos índices de acertos.

5 CONCLUSÃO

A RNA para discriminação das manchas foliares ocasionadas por Bacteriose e *Cylindrocladium* em Eucalipto foi desenvolvida e cinco topologias candidatas foram testadas. As cinco topologias foram consideradas aptas à modelar e resolver o problema tratado neste trabalho.

A quantidade de amostras utilizadas para treinamento e validação da RNA foi adequada para todas as topologias, sendo que, para obtenção de resultados aceitáveis deve-se empregar pelo menos 100 amostras no conjunto de treinamento. No entanto, é importante ressaltar que para a utilização da presente ferramenta não será necessários futuros treinamentos, ou, qualquer configuração por parte dos usuários.

Todas as topologias testadas convergiram com EQM inferior à 0,7 e obtiveram bons resultados de classificação, com porcentagem de acertos superior a 91%. Sendo que a topologia que melhor se adequou ao problema modelado foi a Topologia 3, com 256 neurônios na camada intermediária, EQM média de 0,4929 e porcentagem de acertos médios de 95,45%.

Topologias com quantidade de neurônios muito menores do que o selecionado pode causar aumento no valor do EQM para o treinamento da rede, enquanto, as topologias com quantidade de neurônios muito superiores podem prejudicar a capacidade de generalização da rede.

Dessa forma, este trabalho contempla o primeiro passo para o desenvolvimento de uma ferramenta tecnológica com a principal funcionalidade de discriminar entre doenças florestais e auxiliar seu usuário na diagnose dessas doenças,

provendo dessa forma um melhor controle fitossanitário de florestas e viveiros. Permitindo também, uma correta tomada de decisão quanto as ações após diagnose da doença.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

ABELSON, M. Digital Imaging Update. **American Journal of Orthodontics and Dentofacial Orthopedics**, v. 116, n. 5, p. 587–590, nov. 1999.

ABRAF, A. B. DE P. DE F. P. **Anuário Estatístico ABRAF 2013**. Brasília: Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas, 2013. . Acesso em: 19 jan. 2014.

ALFENAS, A. C. et al. **Clonagem e doenças do eucalipto**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2009.

ALMEIDA, O. C. P. DE. **CLASSIFICAÇÃO DE TÁBUAS DE MADEIRA USANDO PROCESSAMENTO DE IMAGENS DIGITAIS E APRENDIZADO DE MÁQUINA**. Tese de doutorado—Botucatu: Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, dez. 2014.

ANDREW, A. M. Backpropagation. **Kybernetes**, v. 30, n. 9/10, p. 1110–1117, 1 dez. 2001.

ANTON, H.; RORRES, C. **Álgebra Linear com Aplicações - 10.ed.** [s.l.] Bookman Editora, 2012.

AUER, C. G.; KRUGNER, T. L. Doenças do Eucalipto. In: KIMATI, H. et al. (Eds.). . **Manual de Fitopatologia**. 4. ed. Piracicaba: Editora Agronômica Ceres, 2005. v. 2p. 663.

AUER, C. G.; SANTOS, A. F. DOS; NETO, J. R. Mancha foliar bacteriana em plantios de eucalipto na região Sul do Brasil. **Comunicado Técnico 269**, v. 1, n. 1, p. 3, abr. 2011.

BEDENDO, I. P. Manchas Foliares. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMO FILHO, A. (Eds.). . **Manual de Fitopatologia**. 4. ed. Piracicaba: Editora Agronômica Ceres, 2011. v. 1p. 704.

BERNARDES, A. A. et al. Identification of Foliar Diseases in Cotton Crop. In: TAVARES, J. M. R. S.; JORGE, R. M. N. (Eds.). . **Topics in Medical Image Processing and Computational Vision**. Lecture Notes in Computational Vision and Biomechanics. [s.l.] Springer Netherlands, 2013. p. 67–85.

CAJAL, S. R. Y. The Croonian Lecture: La Fine Structure des Centres Nerveux. **Proceedings of the Royal Society of London**, v. 55, n. 331-335, p. 444–468, 1 jan. 1894.

CHAKRABORTY, S. et al. Weather-based prediction of anthracnose severity using artificial neural network models. **Plant Pathology**, v. 53, n. 4, p. 375–386, 2004.

CHON, T.-S. et al. Use of an Artificial Neural Network to Predict Population Dynamics of the Forest-Pest Pine Needle Gall Midge (Diptera: Cecidomyiida). **Environmental Entomology**, v. 29, n. 6, p. 1208–1215, 1 dez. 2000a.

CHON, T.-S. et al. Use of an Artificial Neural Network to Predict Population Dynamics of the Forest-Pest Pine Needle Gall Midge (Diptera: Cecidomyiida). **Environmental Entomology**, v. 29, n. 6, p. 1208–1215, 1 dez. 2000b.

COSTA, F. DE O.; MOTTA, L. C. S.; NOGUEIRA, J. L. T. Uma abordagem baseada em Redes Neurais Artificiais para o auxílio ao diagnóstico de doenças meningocócicas. **Revista Brasileira de Computação Aplicada**, v. 2, n. 1, p. 79–88, 25 fev. 2010.

DAMASCENO, V. F. F. et al. Comparison of two methods to elaborate and validate a diagrammatic scale for quantifying the severity of *Cylindrocladium* leaf spot on Eucalyptus. **Summa Phytopathologica**, v. 40, n. 3, p. 248–255, set. 2014.

DA SILVA, I. N.; SPATTI, D. H.; FLAUZINO, R. A. **Redes Neurais Artificiais Para Engenharia e Ciências Aplicadas**. 1. ed. São Paulo: Artliber, 2010. v. 1

DIGGLE, P. et al. **Analysis of longitudinal data**. 2nd ed ed. Oxford: Oxford University Press, 2002.

EATON, J. W. **GNU Octave**. [s.l: s.n.].

FILHO, S. et al. Estudo da cicatriz uterina de cesariana avaliada pelo histograma escalacinza. **Revista da Associação Médica Brasileira**, v. 56, n. 1, p. 99–102, 2010.

FLETCHER, D.; GOSS, E. Forecasting with neural networks: An application using bankruptcy data. **Information & Management**, v. 24, n. 3, p. 159–167, mar. 1993.

FURTADO, E. L. et al. **Doenças do Eucalipto no Brasil**. 1. ed. Botucatu: FEPAF/FCA/UNESP, 2009.

FURTADO, E. L.; WILCKEN, C. F. **Principais doenças e pragas em plantios de eucalipto no Brasil**. In: CÂMERA SETORIAL DE FLORESTAS PLANTADAS NO BRASIL. IPEF/PROTEF, maio 2011.

GARCÍA-GIMENO, R. M. et al. Modelling the growth of *Leuconostoc mesenteroides* by Artificial Neural Networks. **International Journal of Food Microbiology**, v. 105, n. 3, p. 317–332, dez. 2005.

GAZZAZ, N. M. et al. Artificial neural network modeling of the water quality index for Kinta River (Malaysia) using water quality variables as predictors. **Marine Pollution Bulletin**, v. 64, n. 11, p. 2409–2420, nov. 2012.

GHANTE, F. M.; INGOLE, A. B. Image Super-resolution using Wavelet Transform and Bicubic Interpolation. **International Journal Of Engineering Sciences & Research Technology**, v. 3, n. 12, p. 500–504, dez. 2014.

GONÇALVES, R. C. et al. Etiology of bacterial leaf blight of eucalyptus in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 33, n. 3, p. 180–188, jun. 2008.

GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Processamento de imagens digitais**. 1. ed. São Paulo: Blucher, 2010.

GULHANE, V. A.; KOLEKAR, M. H. **Diagnosis of diseases on cotton leaves using principal component analysis classifier** 2014 Annual IEEE India Conference (INDICON). **Anais...** In: 2014 ANNUAL IEEE INDIA CONFERENCE (INDICON). dez. 2014

HAYKIN, S. **Redes Neurais: Principio e Prática**. 2. ed. Porto Alegre: Bookman, 2001.

HE, B. et al. Estimating monthly total nitrogen concentration in streams by using artificial neural network. **Journal of Environmental Management**, v. 92, n. 1, p. 172–177, jan. 2011.

HSU, K.; GUPTA, H. V.; SOROOSHIAN, S. Artificial Neural Network Modeling of the Rainfall-Runoff Process. **Water Resources Research**, v. 31, n. 10, p. 2517–2530, 1995.

HUANG, D. Electroencephalography (EEG)-based brain computer interfaces for rehabilitation. **Theses and Dissertations**, 25 abr. 2012.

HUANG, K.-Y. Application of artificial neural network for detecting Phalaenopsis seedling diseases using color and texture features. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 57, n. 1, p. 3–11, maio 2007.

HUANG, Y. J.; POWERS, R.; MONTELLIONE, G. T. Protein NMR Recall, Precision, and F-measure Scores (RPF Scores): Structure Quality Assessment Measures Based on Information Retrieval Statistics. **Journal of the American Chemical Society**, v. 127, n. 6, p. 1665–1674, 1 fev. 2005.

JAIN, A.; NANDAKUMAR, K.; ROSS, A. Score normalization in multimodal biometric systems. **Pattern Recognition**, v. 38, n. 12, p. 2270–2285, dez. 2005.

JUNIOR, J. K. K. et al. Redes neurais para reconhecimento de defeitos de madeira serrada de eucalipto em imagens digitais. **SCIENTIA FORESTALIS**, n. 70, p. 85–96, 2006.

KARMOKAR, B. C. et al. Tea Leaf Diseases Recognition using Neural Network Ensemble. **International Journal of Computer Applications**, v. 114, n. 17, 2015.

KAVZOGLU, T.; MATHER, P. M. The role of feature selection in artificial neural network applications. **International Journal of Remote Sensing**, v. 23, n. 15, p. 2919–2937, jan. 2002.

KAZEROUNI, M. F.; SCHLEMPER, J.; KUHNERT, K.-D. Comparison of Modern Description Methods for the Recognition of 32 Plant Species. **Signal & Image**

Processing : An International Journal, v. 6, n. 2, p. 01–13, 30 abr. 2015.

KOLMOROGOV, A. N. On the representation of continuous functions of many variables by superposition of continuous functions of one variable and addition. **Doklady Akademii Nauk SSSR**, n. 144, p. 679–681, 1957.

KOVÁCS, Z. L. **Redes Neurais Artificiais: Fundamentos e Aplicações**. 4. ed. São Paulo: Livraria da Física, 2006.

KRATZ, D.; WENDLING, I. PRODUÇÃO DE MUDAS DE *Eucalyptus dunnii* EM SUBSTRATOS RENOVÁVEIS. **FLORESTA**, v. 43, n. 1, p. 125 – 136, 24 abr. 2013.

KROGH, A.; VEDELSBY, J. Neural Network Ensembles, Cross Validation, and Active Learning. In: TESAURO, G.; TOURETZKY, D. S.; LEEN, T. K. (Eds.). . **Advances in Neural Information Processing Systems 7**. [s.l.] MIT Press, 1995. p. 231–238.

LEMM, S. et al. Introduction to machine learning for brain imaging. **NeuroImage**, Multivariate Decoding and Brain Reading. v. 56, n. 2, p. 387–399, 15 maio 2011.

LILI, N. A.; BORHAN, N. M.; KHALID, F. Classification of Herbs Plant Diseases via Hierarchical Dynamic Artificial Neural Network after Image Removal using Kernel Regression Framework. **International Journal on Computer Science and Engineering**, v. 3, n. 1, p. 15–20, 2011.

LIU, Z.-Y.; WU, H.-F.; HUANG, J.-F. Application of neural networks to discriminate fungal infection levels in rice panicles using hyperspectral reflectance and principal components analysis. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 72, n. 2, p. 99–106, jul. 2010.

LOPES, S. **Bio**. 11. ed. São Paulo: Editora Saraiva, 2000. v. 1

MANDAL, S. N.; BANERJEE, K. Performance Analysis for Detection and Location of Human Faces in Digital Image With Different Color Spaces for Different Image Formats. **International Journal of Image, Graphics and Signal Processing(IJIGSP)**, v. 4, n. 7, p. 15, 16 jul. 2012.

MARTA, A. D. et al. Neural network for the estimation of leaf wetness duration: application to a *Plasmopara viticola* infection forecasting. **Physics and Chemistry of the Earth, Parts A/B/C**, v. 30, n. 1-3, p. 91–96, jan. 2005.

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

MOSHOU, D. et al. Automatic detection of “yellow rust” in wheat using reflectance measurements and neural networks. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 44, n. 3, p. 173–188, set. 2004.

MOSHOU, D. et al. Plant disease detection based on data fusion of hyper-spectral and multi-spectral fluorescence imaging using Kohonen maps. **Real-Time Imaging, Spectral Imaging II Spectral Imaging II**. v. 11, n. 2, p. 75–83, abr. 2005.

MUKHERJEE, S. et al. Estimating Dataset Size Requirements for Classifying DNA Microarray Data. **Journal of Computational Biology**, v. 10, n. 2, p. 119–142, 1 abr. 2003.

NAHAR, K. Artificial Neural Network. **COMPUSOFT**, v. 1, n. 2, p. 25–27, dez. 2012.

NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized Linear Models. **Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)**, v. 135, n. 3, p. 370, 1972.

OLIVEIRA, R. J. DE et al. Analytic hierarchy process for the management of forest roads. **Floresta e Ambiente**, v. 20, n. 1, p. 38–44, mar. 2013.

ÖNSKOG, J. et al. Classification of microarrays; synergistic effects between normalization, gene selection and machine learning. **BMC Bioinformatics**, v. 12, n. 1, p. 390, 7 out. 2011.

ÖZÇELİK, R. et al. Estimating Crimean juniper tree height using nonlinear regression and artificial neural network models. **Forest Ecology and Management**, v. 306, n. 0, p. 52–60, 15 out. 2013.

PATIL, J. K.; KUMAR, R. ADVANCES IN IMAGE PROCESSING FOR DETECTION OF PLANT DISEASES. **Journal of Advanced Bioinformatics Applications and Research**, 2. v. 2, n. 2, p. 135–141, 2011.

PEDRINI, H.; SCHWARTZ, W. R. **Análise de Imagens Digitais**. 1. ed. São Paulo: Thomson Learning, 2008. v. 1

PRABUKUMAR, M.; KRISHNA, B.; KAMALAKANNAN, J. Image Processing and Pattern Classification Technique in a Machine Vision System that Identifies and Classifies the Plant Diseases Based on the Visual Symptoms. **International Journal of Advanced Research in Computer Science**, v. 1, n. 4, p. 302–307, dez. 2010.

PRESNELL, S. R.; COHEN, F. E. Artificial Neural Networks for Pattern Recognition in Biochemical Sequences. **Annual Review of Biophysics and Biomolecular Structure**, v. 22, n. 1, p. 283–298, 1993.

PU, R. et al. Invasive species change detection using artificial neural networks and CASI hyperspectral imagery. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 140, n. 1-3, p. 15–32, 1 maio 2008.

PU, R. Broadleaf species recognition with in situ hyperspectral data. **International Journal of Remote Sensing**, v. 30, n. 11, p. 2759–2779, 2009.

QUILICI-GONZALEZ, J. A.; ZAMPIROLI, F. DE A. **Sistemas inteligentes e mineração de dados**. 1. ed. Santo André: Triunfal Gráfica e Editora, 2014.

RAJPUROHIT, S. I.; SANNAKKI, S. S. Classification of Pomegranate Diseases Based on Back propagation Neural Network. **International Journal of Advance Foundation and Research in Computer**, Special Issue. v. 2, jan. 2015.

RASBAND, W. **ImageJ**. Bethesda, Maryland, USA: National Institute of Mental Health, 2014.

REVATHI, P.; HEMALATHA, M. Cotton Disease Identification Using Proposed CIG-DFNN Classifier. **Asian Journal of Scientific Research**, v. 7, n. 2, p. 225–231, 1 fev. 2014.

SANTOS, A. F.; AUER, C. G.; GRIGOLETTI JUNIOR, A. Doenças do eucalipto no sul do Brasil: identificação e controle. **Circular Técnica 45**, Embrapa Florestas. Circular Técnica, 45. p. 20, 2001.

SANYAL, P.; PATEL, S. C. Pattern recognition method to detect two diseases in rice plants. **The Imaging Science Journal**, v. 56, n. 6, p. 319–325, dez. 2008.

SHAPIRO, S. S.; GROSS, A. J. **Statistical modeling techniques**. New York: M. Dekker, 1981.

SINGH, K.; GUPTA, I.; GUPTA, S. SVM-BDT PNN and Fourier Moment Technique for Classification of Leaf Shape. **International Journal of Signal Processing, Image Processing and Pattern Recognition**, v. 3, n. 2, p. 67–78, dez. 2010.

STALLMAN, R. **O que é o software livre?** Disponível em: <<https://www.gnu.org/philosophy/free-sw.html>>. Acesso em: 10 jun. 2015.

SUBRAMANI, A.; FLOUDAS, C. A. β -sheet Topology Prediction with High Precision and Recall for β and Mixed α/β Proteins. **PLoS ONE**, v. 7, n. 3, p. 1–9, mar. 2012.

VIANNA, G. K.; DA CRUZ, S. M. S. Redes Neurais Artificiais aplicadas ao Monitoramento Inteligente de Doenças e Pragas em Tomateiros. 2013.

WITTEN, I. H.; FRANK, E. **Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques**. 2 edition ed. San Francisco: Morgan Kaufmann, 2005.

YONG, W.; GANG, W.; FENG, S. The Dynamic Model Prediction Study of the Forest Disease, Insect Pest and Rat Based on BP Neural Networks. **Journal of Agricultural Science**, v. 4, n. 3, p. p291, 2012.

YUAN, L. et al. Damage Mapping of Powdery Mildew in Winter Wheat with High-Resolution Satellite Image. **Remote Sensing**, v. 6, n. 5, p. 3611–3623, 25 abr. 2014.

ZHANG, H. et al. Estimation of rice neck blasts severity using spectral reflectance based on BP-neural network. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 33, n. 6, p. 2461–2466, 18 maio 2011.