LÓGICA FUZZY APLICADA NA ORGANIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO PIPOCA

SILVA, Priscila Carvalho da[1] (carvalhopriscs@gmail.com); **RADER, Everson**[1] (everson_rader@hotmail.com); **PIÑEYRO, Nahara Gabriela**[1] (gapiuy@gmail.com); **CASTANHARO, Claudia Alessandra**[2] (claudiaacastanharo@gmail.com); **GONÇALVES, Manoel Carlos**[3] (ManoelGoncalves@ufgd.edu.br); **CANDIDO, Liliam Silvia**[4] (liliamcandido@ufgd.edu.br).

[1]Discente do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da UFGD – Dourados;
[2]Discente do curso de Biotecnologia da UFGD - Dourados;
[3]Docente do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da UFGD – Dourados;
[4]Docente do curso de Biotecnologia da UFGD– Dourados.

Os programas de melhoramento vegetal atualmente utilizam-se de análises estatísticas para auxiliar na identificação de genótipos superiores. Diferentemente dessas análises que são baseadas no paradigma estocástico, a abordagem da inteligência computacional tem sido pouco explorada no melhoramento genético. Dentre estas, a lógica nebulosa fuzzy baseada em referencial teórico que pode formalizar conceitos imprecisos, tomadas de decisões, formar conjuntos e classificações. O objetivo deste trabalho foi utilizar a lógica fuzzy para estimar a organização da diversidade genética entre 20 linhagens parcialmente endogâmicas de milho pipoca e a análise multivariada para inferir sobre a importância relativa dos caracteres. O experimento foi conduzido em campo, na fazenda experimental da Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados/MS. Na safra I (ano agrícola 2014/2015), vinte linhagens S_2 de milho pipoca foram instaladas no delineamento DBC, com 3 repetições. Foram avaliados: dias para o florescimento feminino (FF) e masculino (FM), altura de plantas (AP), e da inserção da primeira espiga (AE), diâmetro de colmo (DC), prolificidade (PROLIF), plantas quebradas e acamadas (AQ), número de espigas autofecundadas (NEA), comprimento (CPE) e diâmetro de espiga (DE), número de fileiras de grãos (NFG), massa de cem grãos (M100), produtividade (PROD), capacidade de expansão dos grãos (CE), e volume de pipoca por hectare (VP). Foi realizada a análise estatística multivariada para a importância relativa dos caracteres, e a utilização das redes neurais artificiais para a metodologia da lógica fuzzy. Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência entre as linhagens foram PROD (20,80%), VP (10,90%), M100 (10,10%) e CE (8,46%). Por meio da lógica fuzzy, foi identificado a existência de variabilidade genética, ocorrendo a formação de 3 grupos, contidos das seguintes linhagens, GI: 3, 4, 5, 6, 7, 9, 11, 14, 16, 17, 18; GII: 1, 2, 8, 10, 12, 13, 15, 19; e GIII: 20. As linhagens dentro do mesmo grupo apresentam maior similaridade genética entre si, e entre grupos a maior dissimilaridade. A PROD apresentou a maior contribuição para a dissimilaridade genética entre as linhagens. Verificou-se que a lógica fuzzy pode ser aplicada para determinar e organizar a divergência genética.

Palavras-chave: *Zea mays* L. everta, dissimilaridade genética, lógica nebulosa.

Agradecimentos: ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo auxílio financeiro concedido ao primeiro autor.