

UTILIZAÇÃO DE DIFERENTES MÉTODOS DE AGRUPAMENTOS BASEADOS NA DISTÂNCIA EUCLIDIANA¹

Eucymara França Nunes Santos², Kleber Régis Santoro³, Rinaldo Luiz Caraciolo Ferreira⁴,
Eufrázio de Souza Santos⁵ e Gladston Rafael dos Santos⁶

A técnica multivariada de análise de agrupamentos consiste em agrupar indivíduos em função da informação existente, de tal modo que os indivíduos pertencentes a um mesmo grupo sejam tão semelhantes quanto possível do que os elementos dos grupos restantes [1]. A distância euclidiana é a métrica de maior utilização como função de agrupamento nos estudos de divergência genética, juntamente com os métodos de agrupamento hierárquico [2]. A distância multivariada Euclidiana foi utilizada juntamente aos métodos de agrupamentos de ligação completa, ligação simples, ligação média, centróide e Ward com o objetivo de escolher o método mais apropriado para tal distância. Os dados utilizados são provenientes do cruzamento entre animais Holandês (H) e Gir(G) dispostos em três grupos genéticos: 1/2 HG; 3/4 HG; 7/8 HG, com 1.903, 8.903 e 3.479 observações respectivamente, totalizando 13.643 observações. Foram utilizadas as variáveis: grupo genético, peso do leite (kg) produzido no dia do controle, peso do leite (kg) produzido na primeira, segunda e terceira ordenhas, idade da vaca (dias) ao parto, idade da vaca (dias) na data do controle leiteiro e intervalo entre partos (dias), para os cálculos das distâncias, e para a construção dos dendogramas foram usados as classes produtivas de animais referente ao peso do leite no dia do controle com intervalos de quatro em quatro quilos para os diferentes grupos genéticos. Os resultados foram avaliados através do coeficiente cofenético, de tabela de contingência e teste qui-quadrado. Constatou-se que os métodos de ligação completa e ligação média são os mais indicados na construção dos agrupamentos, quando baseados na distância Euclidiana.

[1] BARROSO, L. P. Análise multivariada. Universidade de São Paulo: Ibmec/SP. 2003. 156 p. Notas de aula.

[2] CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2 ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

1. Parte da Dissertação do primeiro autor, financiada pelo CNPq (478911/2004-1);

2. Mestranda em Biometria e Estatística Aplicada da Universidade Federal Rural de Pernambuco. E-mail: eucymarinha@ibest.com.br;

3. Professor Adjunto do PPG em Biometria e Estatística Aplicada e UAG da Universidade Federal Rural de Pernambuco;

4. Professor Adjunto do PPG em Biometria e Estatística Aplicada e do Departamento de Ciência Florestal da Universidade Federal Rural de Pernambuco;

5. Professor Adjunto do PPG em Biometria e Estatística Aplicada e do Departamento de Estatística e Informática da Universidade Federal Rural de Pernambuco;

6. Pesquisador do Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA/PE.