

## Utilização de métodos de agrupamentos hierárquicos em acessos de *Paspalum* (*Gramínea* (*Poaceae*))<sup>1</sup>

### Application of methods of hierarchical clustering to accessions of *Paspalum* (*Gramínea* (*Poaceae*))

Renata Totti<sup>2</sup>; Roland Vencovsky<sup>3</sup>; Luiz Alberto Rocha Batista<sup>4</sup>

**Resumo:** O objetivo deste estudo foi organizar acessos das espécies *Paspalum guenoarum* e *Paspalum plicatulum*, em grupos de similaridade, a partir de características reprodutivas, vegetativas e agronômicas utilizando três métodos de análise de agrupamento hierárquico. Visou à obtenção de conhecimentos básicos para o melhoramento genético do gênero *Paspalum* cujas espécies contém opções importantes de forrageiras com alta produtividade e boa adaptação. As análises envolveram 5 acessos de *Paspalum guenoarum* e 21 de *Paspalum plicatulum*, utilizando um total de 44 descritores, sendo 15 descritores reprodutivos, 22 vegetativos e 7 agronômicos para a avaliação anual. Também foi realizada uma análise considerando um conjunto reduzido de 8 descritores, os quais foram previamente selecionados com base em análises de componentes principais. A construção de dendrogramas mostrou que o método da ligação média não ponderada (UPGMA) foi superior aos demais métodos utilizados, apresentando grupos de acessos mais coerentes e com um menor grau de encadeamento entre espécies, assim como um alto valor do coeficiente de correlação cofenética. O conjunto reduzido de descritores principais demonstrouse eficiente para quantificar as similaridades e realizar o agrupamento dos acessos, fornecendo grupos coerentes com as espécies a que os acessos pertencem e também com seus locais de coleta. As medidas de distância revelaram a existência de uma ampla gama de diversidades genéticas, não só entre as espécies como dentro delas. Vários acessos coletados em locais próximos mostraram-se muito similares, indicando tratar-se de réplicas ou de materiais com base genética muito semelhante.

**Palavras-chave:** análise de agrupamentos, métodos hierárquicos, dendrograma.

**Abstract:** The objective of this study was to organize accessions of the species *Paspalum guenoarum* and *Paspalum plicatulum*, in groups of similarity, based on reproductive, vegetative and agronomic traits, using three methods of hierarchical cluster analysis. It was aimed at providing basic informations for the breeding of the genus *Paspalum*, which contains species with high forrage potential, in local conditions. The analyses involved: 5 accessions of *Paspalum guenoarum* and 21 of *Paspalum plicatulum* and one total of 44 traits of which 22 are vegetative, 15 reproductive and 7 agronomic, evaluated on an annual basis. A separate analysis was carried out considering a reduced set of traits which were previously selected on the basis of principal component analyses. The construction of dendrograms showed that the average linkage clustering method (UPGMA) was superior to the other methods used. This method led to a more coherent grouping of the accessions, with a lower degree of overlapping between species and a higher coefficient of cophenetic correlation. The reduced set of 8 traits was found to be sufficient for measuring similarities and for the clustering of the accessions. Results revealed a wide range of diversity values, both within as between species. Several accessions that have been collected in the same site showed pronounced similarities, indicating a probable common genetic background.

**Key words:** cluster analysis, hierarchical methods, dendrogram.

<sup>1</sup> Parte da Dissertação apresentada ao Departamento de Matemática e Estatística ESALQ-USP, para a obtenção do título de Mestre em Estatística e Experimentação Agronômica.

<sup>2</sup> Docente do Departamento de Matemática / Escola de Engenharia de Piracicaba- Fundação Municipal de Ensino de Piracicaba - FUMEP, Caixa Postal 226, CEP 13414-040, Piracicaba, SP.

<sup>3</sup> Professor Doutor do Departamento de Genética/ ESALQ/USP, Caixa Postal 09, CEP-13418-900, Piracicaba, SP.

<sup>4</sup> Pesquisador Doutor do CPPSE-EMBRAPA, Rodovia Washington Luiz Km 234, Caixa Postal 339, CEP 13560-970, São Carlos, SP.

## 1 Introdução

Em função de trabalhos realizados recentemente, o gênero *Paspalum* ocupa um lugar de destaque entre as gramíneas brasileiras. Não só engloba o maior número de espécies nativas, representadas por uma gama de formas biológicas distintas, mas, também é o que reúne o maior número de espécies com um considerável potencial forrageiro.

Suas espécies ocorrem em praticamente todas as comunidades herbáceas nos distintos ecossistemas do país, e esse número de espécies tem aumentado consideravelmente, refletindo a preocupação em se oferecer aos pecuaristas opções que possam solucionar problemas que limitam a produção animal em pastagens, tais como a qualidade e a quantidade de forragem por unidade de área.

Há uma grande necessidade de estudos básicos em espécies do gênero *Paspalum*, o qual poderá, graças à adaptabilidade de suas espécies, fornecer bons resultados em um curto espaço de tempo.

Diante desse contexto, surge a necessidade da aplicação de diferentes técnicas estatísticas com o intuito de quantificar as informações existentes dos caracteres biológicos.

O Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste (CPPSE/EMBRAPA), vem desenvolvendo pesquisas visando introduzir, caracterizar e avaliar agronomicamente o germoplasma do gênero *Paspalum*, principalmente as espécies pertencentes ao grupo Plicatula, visando à obtenção de conhecimentos básicos sobre o gênero para futuros trabalhos em melhoramento genético, na tentativa de obter opções de espécies forrageiras com alta produtividade e boa adaptação.

O objetivo deste trabalho foi mensurar o grau de similaridade entre acessos das espécies *Paspalum guenoarum* e *Paspalum plicatulum*, do gênero *Paspalum*, a partir de características vegetativas, reprodutivas e agronômicas, visando reuni-los em grupos através de técnicas de Análise de Agrupamento, além de comparar os métodos hierárquicos, utilizando tanto o conjunto completo de variáveis como as selecionadas previamente por Strapasson (1997).

Em estudos biológicos é muito comum que sejam efetuadas diversas medidas de um conjunto de unidades amostrais. Cada indivíduo de uma amostra multivariada pode ser considerado como um ponto em um espaço euclidiano multidimensional e os processos de classificação objetivam agrupar esses pontos em conjuntos que evidenciem aspectos importantes da amostra. Assim, dado um conjunto de unidades

conhecidas somente por uma listagem de seus caracteres, objetiva-se encontrar a melhor maneira de descrever seus padrões de similaridades mútuas. Um dos métodos utilizados com esta finalidade é a análise de agrupamentos ("Cluster Analysis"). Ao contrário de outros campos da análise multivariada, que se encontram mais bem fundamentados teoricamente, os processos de agrupamento foram desenvolvidos por analistas de problemas práticos, dando ênfase à solução de situações específicas (CURI, 1982).

A análise de agrupamentos engloba uma variedade de técnicas e algoritmos, cujo objetivo principal é a descoberta de grupos naturais nos itens ou variáveis, sendo considerada uma importante técnica exploratória, na qual nenhuma suposição é feita a respeito do número de grupos ou de sua estrutura. Pode-se utilizar a análise de componentes principais como um passo anterior ao uso da análise de agrupamentos, com o objetivo de reduzir a quantidade de variáveis a serem analisadas e conseqüentemente o tempo computacional empregado para a técnica, mas os resultados podem diferir com ou sem a sua prévia utilização (MANLY, 1986).

Sokal e Sneath (1963) reuniram as principais publicações em áreas biológicas e lançaram os fundamentos para um estudo em bases numéricas, com os caracteres sendo tratados como variáveis em escalas qualitativas e quantitativas e os organismos considerados como Unidades Taxonômicas Operacionais (OTU's). Essa técnica de avaliação numérica da similaridade entre unidades, e de ordenação das mesmas com base nas suas afinidades foi denominada de Taxonomia Numérica.

## 2 Material e métodos

Os dados utilizados no presente estudo foram fornecidos pelo Centro de Pecuária do Sudeste (CPPSE/EMBRAPA) localizado no município de São Carlos-SP e foram coletados no ano de 1995.

Foram avaliados 26 acessos do gênero *Paspalum*, pertencentes ao grupo botânico Plicatula, sendo cinco da espécie *Paspalum guenoarum* e 21 da espécie *Paspalum plicatulum*, cuja identificação e procedência encontram-se no Apêndice – Tabela 1. Essas avaliações foram realizadas em três ensaios em delineamento experimental de blocos completos casualizados com três repetições: a primeira repetição foi utilizada para a aplicação de descritores vegetativos e reprodutivos e coleta de sementes, e a segunda e terceira repetições para avaliação da produção de matéria seca por meio de cortes sucessivos.

Exemplar da espécie *P. guenoarum*



*Paspalum guenoarum* Arech

*Paspalum guenoarum* Arech. - código do acesso: **BRA-006572** CPPSE/EMBRAPA - Município de São Carlos-S.P.

Exemplar da espécie *P.plicatulum*.



*Paspalum plicatulum* Michx

*Paspalum plicatulum* Michx. — código do acesso: **BRA-009181** CPPSE/EMBRAPA - Município de São Carlos-S.P.

As parcelas experimentais foram de 5m x 2m com área útil de 4m x 1m constituídas pelas fileiras centrais e as mudas foram espaçadas de 0,5m x 0,5m. Os ensaios foram plantados em latossolo Vermelho-Amarelo álico.

Foram utilizados descritores de caracterização (vegetativos e reprodutivos) e de avaliação (agronômicos) visando à determinação dos melhores acessos, sendo os caracteres denominados de descritores. Para facilidade metodológica foram utilizados acessos para o total de descritores, nas características reprodutivas em época de floração, vegetativas em época de maior desenvolvimento vegetativo e agrônomicas nas fases de realização dos cortes, e também os descritores que foram previamente selecionados em cada característica por Strapasson (1997).

O conjunto de descritores é apresentado a seguir:

#### Parte Reprodutiva

Os caracteres seguintes foram avaliados por notas:

- Pilosidade do escapo (PE);
- Pilosidade do eixo floral (PEF);
- Pilosidade do ráculo (PR);\*
- Pilosidade da espiguetas (PES);
- Disposição do ráculo no eixo floral (DREF);
- Época de florescimento (EFL); \*
- Época de maturação (EM);
- Comprimento do escapo, em centímetros (CE); \*
- Comprimento do eixo floral, em centímetros (CEF).

O valor dos descritores abaixo foi obtido considerando a média de três plantas:

- Número médio de ráculo por inflorescência (NMRI);
- Número médio de pedicelos por ráculo (NMPR);
- Comprimento médio do ráculo mais longo, em centímetros (CMRML).

Os descritores a seguir foram avaliados pela média de três sementes:

- Comprimento médio da semente, em milímetros (CMS);
- Largura média da semente, em milímetros (LMS).

O descritor abaixo foi avaliado pesando-se um grama de semente e procedendo-se à posterior contagem:

- P - Número médio de sementes em 1 grama (NMS).

### Parte Vegetativa

- Número médio de entrenós (NMEN);
- Comprimento médio dos entrenós, em centímetros (CMEN);
- Altura média das plantas, em centímetros (AMP).

Os caracteres seguintes foram avaliados por notas:

- Distribuição dos pêlos no limbo foliar (DIPLF);
- Densidade dos pêlos no limbo foliar (DEPLF);
- Comprimento dos pêlos no limbo foliar (CPLF);
- Distribuição dos pêlos nas bainhas (DIPB); \*
- Densidade dos pêlos nas bainhas (DEPB);
- Comprimento dos pêlos nas bainhas (COPB);
- Densidade dos pêlos nos nós (DEPN);
- Comprimento dos pêlos nos nós (COPN);
- Distribuição dos pêlos nos entrenós (DIPEN);
- Densidade dos pêlos nos entrenós (DEPEN);
- Comprimento dos pêlos nos entrenós (COPEN).

Para os caracteres seguintes foram calculados os valores médios de três plantas:

- Comprimento médio da lâmina foliar, em centímetros (CMLF);
- Largura média da lâmina foliar da base, em centímetros (LMLFBASE);
- Largura média da lâmina foliar do meio, em centímetros (LMLFMEIO);
- Comprimento médio da bainha, em centímetros (CMB); \*
- Largura média da base da bainha, em centímetros (LMBBASE); \*
- Largura média do meio da bainha, em centímetros (LMBMEIO);
- Largura média do ápice da bainha, em centímetros (LMBAPICE);
- Comprimento da haste reprodutiva, em centímetros (CHR).

### Parte Agronômica

Descritores de Avaliação Anual

- Porcentagem média de matéria seca (PORMSANO); \*
- Produção total de matéria seca (kg/ha) (PRMSANO);
- Porcentagem média de proteína bruta na matéria seca (PPMSANO);
- Porcentagem média de fibra em detergente neutro (FDNANO);

- Porcentagem média de digestibilidade “in vitro” (DIVANO); \*
- Nota média de desenvolvimento vegetativo (NOTANO);
- Rebrotas média (REBROAN).

Todos os descritores apresentados se encontram detalhados em Strapasson (1997), sendo os previamente selecionados identificados em cada conjunto por meio de um asterisco (\*).

Seja  $\mathbf{X} = (X_{ij})$  a matriz de dados, onde  $X_{ij}$  representa o j-ésimo caráter do i-ésimo indivíduo, com  $i = 1, 2, \dots, n$  e  $j = 1, 2, \dots, p$ . Desta forma cada vetor coluna representa um caráter e cada vetor linha um determinado indivíduo.

Se os dados se encontram na mesma unidade de medida e as variâncias de cada caráter são homogêneas ou quase homogêneas, podem-se utilizar os dados originais.

Para este estudo houve a necessidade da transformação das observações em escores padrão, para se eliminar os efeitos das diferentes unidades de medida, de tal forma que todos os caracteres passaram a ter média zero e variância unitária. As p variáveis passaram a ser adimensionais ficando reduzidas a uma escala de variação comparável.

Segundo Morrison (1990), a mais comum padronização dos caracteres é dada pela expressão:

$$z_{ij} = \frac{(X_{ij} - \bar{X}_j)}{s_j}$$

sendo  $z_{ij}$  o valor do j-ésimo caráter padronizado para o i-ésimo indivíduo;  $\bar{X}_j$  é a média do j-ésimo caráter, dada por  $\bar{X}_j = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_{ij}$ ;  $s_j$  é o desvio-padrão do j-ésimo caráter, dado por

$$s_j = \left[ \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (X_{ij} - \bar{X}_j)^2 \right]^{\frac{1}{2}}$$

A similaridade entre dois indivíduos é medida através de um coeficiente que representa a quantificação da semelhança entre duas linhas (indivíduos) da matriz de dados.

Dentre os vários tipos de coeficientes que podem ser utilizados, merecem destaque especial as distâncias e a correlação, sendo os demais coeficientes encontrados em Sneath e Sokal (1973).

Embora, na realidade, a distância seja uma medida de dissimilaridade freqüentemente é referida como uma medida de semelhança.

Dadas as observações de p variáveis para cada

um dos  $n$  indivíduos ou objetos, existem muitas maneiras de se construir uma matriz ( $n \times n$ ) de similaridades entre pares de indivíduos. Entretanto, a medida mais utilizada e de mais fácil acesso, disponível em quase todos os softwares de análise de agrupamentos, é a distância euclidiana.

Expressa pela fórmula:

$$d(j,k) = \left[ \sum_{i=1}^p (x_{ij} - x_{ik})^2 \right]^{1/2}$$

em que as variáveis foram padronizadas, utiliza-se a mesma expressão descrita anteriormente substituindo  $x_{ij}$  e  $x_{ik}$  por  $z_{ij}$  e  $z_{ik}$ :

$$d(j,k) = \left[ \sum_{i=1}^p (z_{ij} - z_{ik})^2 \right]^{1/2}$$

$d(j,k)$ , é a distância do indivíduo  $j$  ao indivíduo  $k$ .

Este é o coeficiente que será utilizado para o cálculo das matrizes de similaridade (Apêndice – Tabelas 2 e 3), obtidas para posterior aplicação nas metodologias de análise de agrupamento.

Os processos de agrupamento foram desenvolvidos por analistas preocupados com a resolução de problemas práticos, ocasionando uma grande quantidade de técnicas propostas, cujas revisões se encontram em Sneath e Sokal (1973).

No método aglomerativo, cada indivíduo (ou objeto) constitui-se como um grupo inicial, que se une em etapas posteriores segundo suas similaridades em conjuntos sucessivos até que todos constituam um único grupo. O método divisivo opera na direção oposta.

Para este estudo serão utilizados os métodos hierárquicos aglomerativos.

Os métodos aglomerativos diferem na proporção em que as definições de distância ou similaridade são utilizadas.

O algoritmo é denominado aglomerativo porque efetua uma série de fusões, iniciando com  $n$  grupos de indivíduos isolados e terminando com um grupo de  $n$  indivíduos.

Seus resultados são resumidos até que seja estabelecido um dendrograma (ou fenograma), sendo este um diagrama bidimensional em forma de árvore ilustrando as fusões ou partições efetuadas em cada nível sucessivo, no qual o eixo das abscissas representa os indivíduos e o eixo das ordenadas as distâncias obtidas após a utilização de uma metodologia de agrupamento.

Os ramos da árvore fornecem a ordem das  $(n-1)$  ligações, em que o primeiro nível representa a primeira ligação, o segundo a segunda ligação, e assim sucessivamente, até que todos se juntem.

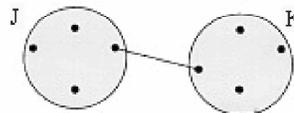
Para os dendrogramas obtidos foram utilizadas distâncias relativas percentuais (distância de ligação/distância máxima)\*100, para permitir a comparação entre os métodos.

As técnicas aglomerativas mais utilizadas são o “single linkage method”, “complete linkage method” e “unweighted pair group with average arithmetic linkage method”.

Dada a indefinição de qual método é mais adequado a um determinado conjunto de dados, optou-se pelo emprego desses três métodos na tentativa de determinar qual se adequaria melhor ao conjunto de dados. Optou-se em utilizar também os descritores previamente selecionados em um estudo anterior por Strapasson (1997), na tentativa de avaliar a importância do processo de seleção nos agrupamentos obtidos.

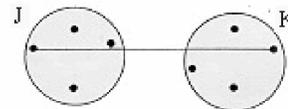
O Método do vizinho mais próximo (single linkage method) é a mais antiga das estratégias convencionais referida como “método do vizinho mais próximo”. Um indivíduo candidato a um agrupamento apresenta uma distância a este igual à sua menor distância com relação a seus membros, ou seja, o coeficiente de distância entre dois agrupamentos  $J$  e  $K$  será dado por:

$$d_{j,k} = \min d_{jk}, \text{ onde } j \in J \text{ e } k \in K.$$



O Método do vizinho mais distante (complete linkage method) é a antítese direta do anterior, portanto:

$$d_{j,k} = \max d_{jk}, \text{ onde } j \in J \text{ e } k \in K.$$



O Método da ligação média não ponderada de agrupamento aos pares, usando as médias aritméticas, é a técnica de agrupamento mais utilizada.

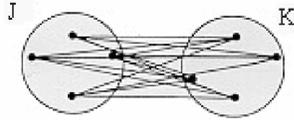
Nesse caso, a distância entre dois agrupamentos  $J$  e  $K$  será definida como

$$d_{jk} = \frac{1}{n_j n_k} \sum_{j \in J} d_{jk}, \text{ onde } j \in J \text{ e } k \in K$$

sendo,

$n_j$  o número de elementos do agrupamento  $J$ ;

$n_k$  o número de elementos do agrupamento  $K$ ;



Com o objetivo de se determinarem grupos de acessos mais similares e avaliar a importância da seleção prévia das variáveis na representação dos agrupamentos, procedeu-se às análises utilizando os três métodos anteriormente descritos, em cada característica avaliada para o total e também para os descritores selecionados.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) mede o grau de ajuste entre a matriz de similaridade original (matriz fenética F) e a matriz resultante da simplificação proporcionada pelo método de agrupamento (matriz cofenética C).

O CCC é um coeficiente de correlação momento produto calculado, segundo a expressão:

$$r_{\text{cof}} = \frac{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (c_{jj'} - \bar{c})(f_{jj'} - \bar{f})}{\sqrt{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (c_{jj'} - \bar{c})^2} \sqrt{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (f_{jj'} - \bar{f})^2}}$$

sendo que,

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n c_{jj'}$$

e

$$\bar{f} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n f_{jj'}$$

Quanto maior o valor obtido para o CCC, menor será a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos.

Segundo Rohlf (1970), na prática, fenogramas com CCC menor que 0,7 indicariam a inadequação do método de agrupamento para resumir a informação do conjunto de dados, sendo esse o critério adotado neste estudo conjuntamente com a representação do dendrograma, para a escolha do melhor método entre as três metodologias utilizadas.

### 3 Resultados e discussão

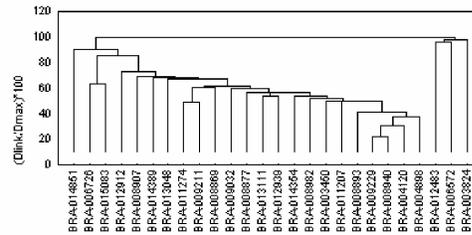
Os resultados obtidos foram apresentados primeiramente para o total de 44 descritores e posteriormente para os 8 descritores selecionados, considerando as três metodologias.

Pela Figura 1, observou-se que os acessos que caracterizaram a espécie de *Paspalum guenoarum* foram BRA-006572 e BRA-003824, apresentando a maior distância de ligação em relação ao grupo formado pelos restantes.

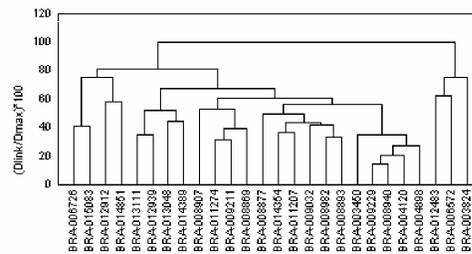
Verificou-se também a existência tanto de acessos pertencentes à espécie *Paspalum plicatulum* dentro do grupo formado por *Paspalum guenoarum* (BRA-012483) como a ocorrência do contrário (BRA-014851, BRA-015083 e BRA-004898).

Para a determinação da melhor metodologia, foram avaliadas as representações dos dendrogramas conjuntamente com o valor dos coeficientes de correlação obtidos para cada método. O método da ligação média não ponderada mostrou-se mais coerente na formação dos agrupamentos, apresentando também o maior valor do  $r_{\text{cof}}=0,918$ . Para esta análise o grupo de acessos mais similar foi constituído por: BRA-004120, Rio Pardo-RS, BRA-009229, Guaíba-RS e BRA-008940 proveniente de São Gabriel-RS.

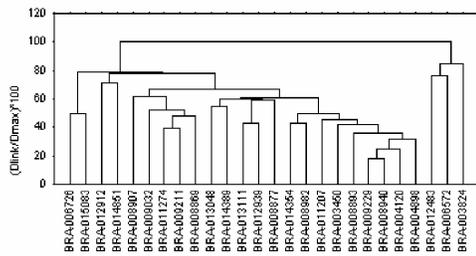
a) método do vizinho mais próximo



b) método do vizinho mais distante



c) método da ligação média não ponderada



**Figura 1** – Dendrogramas obtidos para os 05 acessos de *Paspalum guenoarum* e 21 acessos *Paspalum plicatulum* com o total de descritores (vegetativos, reprodutivos e agrônômicos).

Para a construção dos dendrogramas apresentados na Figura 2, foram utilizados os 8 descritores selecionados: PR, EFL, CE (reprodutivos); DIPB, CMB, LMB BASE (vegetativos), e PORMSANO, DIVANO (agrônômicos), obtidos através da análise de componentes principais (STRAPASSON, 1997).

Através do dendrograma obtido para o método do vizinho mais próximo, observa-se que a metodologia não se demonstrou eficiente em separar os acessos entre as duas espécies (*Paspalum plicatulum* e *Paspalum guenoarum*), e o único acesso que se distinguiu do grande grupo formado pelos demais foi o BRA-003824, apresentando a maior distância de ligação (menor similaridade) em relação aos acessos restantes.

Na análise efetuada pelo método do vizinho mais distante, é possível distinguir uma melhor representação dos grupos, sendo que os acessos BRA-006572, BRA-014851 e BRA-003824 caracterizaram a espécie de *Paspalum guenoarum* para essa metodologia.

Nos agrupamentos formados entre as duas espécies, também se encontram acessos não pertencentes às mesmas, sendo BRA-008907 no grupo formado por *Paspalum guenoarum* e BRA-015083 e BRA-004898 para a outra espécie.

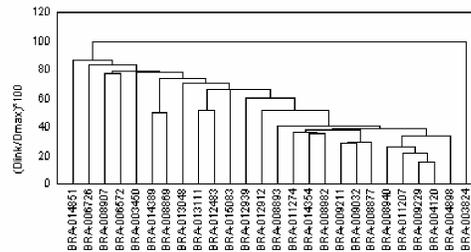
O método da ligação média não ponderada forneceu a melhor representação do dendrograma, permitindo a separação dos grupos entre as duas espécies. Somente o acesso BRA-004898 foi excluído do agrupamento de *Paspalum guenoarum*, sugerindo que sua classificação botânica pode ter sido incorreta. O grupo que apresentou a maior variabilidade foi constituído pelos acessos da espécie de *Paspalum guenoarum*.

As características avaliadas permitiram a formação de três grupos de acessos mais similares relacionados em função de seus respectivos locais de coleta:

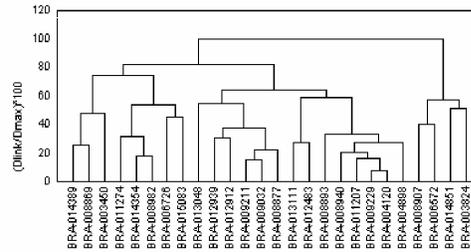
- 1) BRA-004120, Rio Pardo-RS;  
BRA-009229, Guaíba-RS;  
BRA-011207, Santa Maria-RS;  
BRA-008940, São Gabriel-RS.
- 2) BRA-009211, Guaíba-RS;  
BRA-009032, Itaqui-RS;  
BRA-008877, Encruzilhada do Sul-RS.
- 3) BRA-014354, Palmas-PR;  
BRA-008982, Lages-SC.

Observa-se que os descritores selecionados apresentaram agrupamentos mais coerentes de acordo com o esperado pela taxonomia, a análise tornou-se mais sensível após a retirada de variáveis possivelmente redundantes e foi possível encontrar acessos mais semelhantes segundo essas características relacionados a seus locais de coleta.

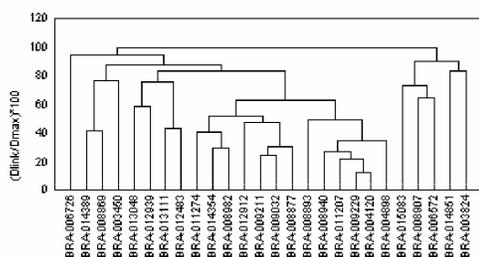
a) método do vizinho mais próximo



b) método do vizinho mais distante



c) método da ligação média não ponderada



**Figura 2** – Dendrogramas obtidos para os 05 acessos de *Paspalum guenoarum* e 21 acessos *Paspalum plicatulum* com o total de descritores selecionados (vegetativos, reprodutivos e agrônômicos).

### Conclusões

Em todas as análises efetuadas, em acessos das espécies *Paspalum guenoarum* e *Paspalum plicatulum*, o método do vizinho mais próximo ("single linkage method"), tanto para o total de descritores quanto para os descritores selecionados em todas as características avaliadas, não apresentou uma boa representação da formação de grupos, levando a apresentar um maior grau de encadeamento e dendrogramas menos úteis aos propósitos desejados.

O método de agrupamento da ligação média não ponderada, de maneira geral, foi o mais eficiente, proporcionando menores graus de encadeamento e os maiores valores do coeficiente de correlação cofenética, bem como resultados mais coerentes com o esperado na prática.

A utilização de vários métodos para o mesmo conjunto de dados permitiu uma interpretação compa-

rativa e também uma discussão mais ampla dos resultados, identificando agrupamentos mais concordantes.

### Agradecimentos

– Ao Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste (CPPSE/EMBRAPA), município de São Carlos, pela cessão dos dados utilizados neste trabalho.

– Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

### Referências

- CURI, P.R. *Análise de Agrupamento complementada com ordenação por componentes principais e análise de variância multivariada. Aplicação em experimentos biológicos*. 1982. 136p. Tese (Livre-Docência) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu.
- MANLY, B.F.J. *Multivariate statistical methods: a primer*. London: Chapman and Hall, 1986. 159p.
- MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. *Multivariate analysis*. London: Academic Press, 1979. 520p.
- MORRISON, D.F. *Multivariate statistical methods*. 3<sup>th</sup> ed. New York: McGraw- Hill, 1990. 495p.
- ROHLF, F. J. Adaptive Hierarchical clustering schemes. *Systematic Zoology*, v.18, p.58-82, 1970.
- SNEATH, P.H.A.; SOKAL, R.R. *Numerical Taxonomy*. San Francisco: W.H. Freeman and Company, 1973. 573p.
- SOKAL, R.R.; SNEATH, P.H.A. *Principles of Numerical Taxonomy*. San Francisco: W.H. Freeman and Company, 1963. 359p.
- STRAPASSON, E. *Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de Paspalum através de Componentes Principais*. 1997. 95p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

## Apêndice

**Tabela 1** – Identificação dos acessos do gênero *Paspalum*, CPPSE/EMBRAPA, São Carlos, S.P - 1998.

Acessos	Código da Coleção	Espécie	Grupo Botânico	Local de coleta	Latitude	Longitude	Altitude (metros)
01	BRA-003824	P.guenoarum	PLICATULA	Bela Vista, MS	21° 53'	56° 19'	180
02	BRA-004898	P.guenoarum	PLICATULA	São Joaquim, SC	28° 12'	49° 48'	1510
03	BRA-006572	P.guenoarum	PLICATULA	São Borja, RS	28° 55'	55° 36'	270
04	BRA-014851	P.guenoarum	PLICATULA	João Pinheiro, MG	17° 44'	46° 11'	630
05	BRA-015083	P.guenoarum	PLICATULA	Quaraí, RS	30° 12'	56° 13'	160
06	BRA-003450	P.plicatulum	PLICATULA	Lages, SC	27° 57'	50° 27'	900
07	BRA-004120	P.plicatulum	PLICATULA	Rio Pardo, RS	30° 13'	52° 37'	100
08	BRA-008893	P.plicatulum	PLICATULA	São Gabriel, RS	30° 19'	54° 16'	160
09	BRA-008940	P.plicatulum	PLICATULA	São Gabriel, RS	30° 15'	54° 32'	160
10	BRA-009229	P.plicatulum	PLICATULA	Guaíba, RS	30° 06'	51° 19'	30
11	BRA-011207	P.plicatulum	PLICATULA	Sta. Maria, RS	29° 49'	53° 45'	150
12	BRA-008869	P.plicatulum	PLICATULA	Butiá, RS	30° 07'	51° 58'	100
13	BRA-008877	P.plicatulum	PLICATULA	Encruz. do Sul, RS	30° 13'	52° 28'	50
14	BRA-008907	P.plicatulum	PLICATULA	São Gabriel, RS	30° 24'	54° 19'	140
15	BRA-008982	P.plicatulum	PLICATULA	Lages, SC	28° 02'	50° 33'	950
16	BRA-009032	P.plicatulum	PLICATULA	Itaqui, RS	28° 59'	55° 18'	40
17	BRA-009211	P.plicatulum	PLICATULA	Guaíba, RS	30° 06'	51° 19'	30
18	BRA-011274	P.plicatulum	PLICATULA	Soledade, RS	28° 50'	52° 26'	770
19	BRA-012912	P.plicatulum	PLICATULA	Aral Moreira, MS	22° 30'	55° 26'	720
20	BRA-014354	P.plicatulum	PLICATULA	Palmas, PR	26° 31'	51° 55'	1050
21	BRA-014389	P.plicatulum	PLICATULA	Palmas, PR	26° 31'	51° 55'	1050
22	BRA-006726	P.plicatulum	PLICATULA	Lagoa Vermelha, RS	28° 17'	51° 23'	830
23	BRA-012483	P.plicatulum	PLICATULA	Pereira Barreto, SP	30° 04'	53° 40'	320
24	BRA-012939	P.plicatulum	PLICATULA	Aral Moreira, MS	22° 30'	55° 26'	660
25	BRA-013048	P.plicatulum	PLICATULA	Campo Largo, PR	25° 27'	49° 23'	970
26	BRA-013111	P.plicatulum	PLICATULA	Balsa Nova, PR	25° 27'	49° 38'	1160

**Tabela 2 – Estimativas das distâncias euclidianas entre pares de acessos das espécies *P. guenoarum* e *P. plicatulum* para o total de descritores – 1998.**

Acesso	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
01	0,000	12,863	9,647	10,206	10,434	11,325	12,372	12,350	12,110	11,895	11,592	14,931	3,248	11,994	13,527	13,779	4,656	4,539	13,843	13,365	15,062	11,741	11,459	13,571	15,320	13,521
02		0,000	12,344	10,739	9,117	5,038	3,754	5,286	4,035	4,217	6,266	8,469	7,859	8,007	6,519	7,683	7,429	7,794	9,510	7,736	7,607	9,647	12,160	8,450	8,008	7,894
03			0,000	9,832	10,717	11,012	11,994	11,370	11,417	11,456	12,653	13,813	13,376	10,235	13,488	13,772	14,326	14,511	12,353	12,444	12,555	11,779	3,459	11,607	13,379	11,668
04				0,000	10,006	9,994	10,555	9,697	10,583	9,920	9,809	11,623	10,335	9,332	9,342	9,910	11,592	11,529	8,859	9,544	10,612	11,449	11,443	10,842	11,410	12,429
05					0,000	9,079	8,590	9,213	9,065	9,053	9,084	10,176	8,668	8,680	8,862	10,527	9,722	8,934	9,645	8,601	10,032	6,251	11,259	9,912	10,154	9,315
06						0,000	5,149	5,812	5,317	4,992	5,629	8,478	7,979	8,669	7,283	7,897	8,407	8,508	9,740	5,889	7,145	9,501	11,688	8,005	8,977	7,756
07							0,000	4,129	3,106	3,084	5,841	8,793	7,823	8,430	5,858	7,385	7,927	8,484	9,304	6,403	8,151	10,046	11,655	7,372	8,111	7,488
08								0,000	4,389	4,124	5,524	8,072	6,860	7,874	5,110	6,338	7,324	8,967	8,124	6,423	6,826	10,428	11,388	5,621	6,617	7,157
09									0,000	2,201	5,957	9,209	8,641	8,319	6,780	7,619	8,658	9,190	9,665	6,848	8,568	9,863	11,090	7,814	8,625	8,036
10										0,000	0,000	8,848	8,941	8,113	6,954	8,347	8,765	9,160	10,046	6,062	8,171	10,046	11,072	7,360	8,338	7,858
11											0,000	8,942	8,952	9,042	5,804	6,593	7,683	8,082	9,040	5,999	7,662	8,899	11,852	7,197	8,636	7,529
12												0,000	8,742	6,794	7,463	6,134	5,950	6,043	10,065	7,834	8,353	11,535	13,914	9,838	9,019	10,144
13													0,000	0,000	8,379	7,555	7,035	8,346	8,297	8,663	7,080	8,384	12,797	10,089	8,014	8,097
14															0,000	5,914	7,033	7,570	9,789	8,663	8,971	10,104	12,198	6,850	9,343	10,283
15																0,000	0,000	6,451	6,848	7,183	6,623	11,537	11,958	8,257	9,153	9,815
16																		4,888	9,520	7,637	8,664	10,556	14,470	8,753	8,069	9,654
17																		0,000	0,000	6,161	9,132	9,876	14,404	10,298	10,117	10,137
18																			0,000	7,439	9,030	10,664	10,499	8,016	8,360	9,817
19																				0,000	6,764	9,421	12,159	7,182	7,995	7,309
20																				0,000	0,000	10,207	13,527	6,998	6,816	7,879
21																					0,000	0,000	11,777	10,511	11,612	9,773
22																						0,000	0,000	11,432	13,629	10,642
23																							0,000	0,000	6,850	5,329
24																								0,000	7,897	0,000
25																									0,000	0,000
26																										0,000

**Tabela 3 – Estimativas das distâncias euclidianas entre pares de acessos das espécies *P. guenoarum* e *P. plicatulum* para o total de descritores selecionados – 1998.**

Acesso	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
01	0,000	5,479	3,907	3,855	4,428	5,518	5,312	5,185	4,890	5,175	4,670	6,230	6,656	4,220	5,865	5,722	5,855	5,970	6,213	5,684	7,105	6,210	4,160	6,130	7,516	5,757
02	0,000	0,000	5,788	3,973	4,457	3,430	1,460	2,462	2,039	1,317	1,625	4,219	3,091	4,025	1,526	2,547	2,406	3,476	3,603	2,428	4,078	4,731	4,104	3,635	3,800	3,453
03	0,000	0,000	0,000	4,307	3,747	3,984	5,827	5,035	5,672	5,653	4,982	4,320	5,226	2,988	5,487	4,910	4,859	5,233	5,044	5,111	5,150	5,184	3,497	4,442	6,157	4,767
04	0,000	0,000	0,000	0,000	4,163	4,393	4,397	4,124	4,603	3,915	3,413	5,235	4,242	4,104	3,701	3,840	3,850	3,950	4,010	3,35	5,126	4,739	4,021	4,568	6,129	4,944
05	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	4,517	4,203	4,579	4,220	4,999	3,288	4,513	4,356	3,051	3,946	4,000	3,584	2,546	4,132	3,163	5,077	3,405	3,658	4,607	6,128	4,208
06	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3,329	3,803	3,208	3,185	3,033	3,521	4,646	4,626	3,752	3,987	3,877	4,375	5,534	3,935	3,586	4,754	4,981	4,900	5,634	4,962
07	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2,180	1,017	0,585	1,233	4,233	3,627	4,163	2,026	2,602	2,751	3,549	4,029	2,918	4,406	4,536	4,335	3,908	4,559	3,811
08	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2,367	2,174	2,317	3,679	3,005	3,334	2,516	1,571	2,370	4,150	3,347	3,521	3,828	4,977	4,441	3,152	4,084	4,188
09	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,300	1,536	4,561	4,112	4,208	4,767	3,076	3,153	4,038	4,302	3,468	4,812	4,388	4,402	4,054	4,720	4,004
10	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,837	4,203	3,351	4,079	1,679	2,377	2,471	3,183	3,735	2,498	4,227	4,231	4,247	3,788	4,612	3,822
11	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	4,157	3,596	1,669	2,299	2,208	2,702	3,352	2,063	4,106	3,602	3,698	3,486	4,603	3,478
12	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3,635	3,565	3,746	3,276	3,417	4,243	4,918	4,044	1,926	5,540	4,629	3,939	4,726	4,361
13	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3,671	1,963	1,647	1,164	2,888	2,003	2,253	2,847	4,127	4,572	2,466	3,300	3,793
14	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
15	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
16	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
17	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
18	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
19	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
20	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
21	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
22	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
23	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
24	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
25	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
26	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000