

PROGRAMA DE COMPUTADOR PARA ESTIMAR PARÂMETROS GENÉTICOS, COMPONENTES DE MÉDIAS E VARIÂNCIAS, PELO MÉTODO DOS QUADRADOS MÍNIMOS PONDERADOS¹

JOSÉ FRANCISCO FERRAZ DE TOLEDO²

RESUMO - Nos trabalhos de genética e melhoramento é rotina estimar os componentes genéticos em controle das características de interesse. Os estimadores obtidos pelo método dos quadrados mínimos ponderados são eficientes e não-viesados, embora os cálculos envolvidos sejam demorados e tediosos. A tarefa de cálculo pode e deve ser realizada por computadores para dar confiabilidade e rapidez aos procedimentos. Neste trabalho apresenta-se um programa em linguagem Fortran que realiza todos os cálculos necessários à obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos de populações experimentais. Os resultados são confiáveis e precisos e incluem estatísticas que medem a significância dos parâmetros estimados e a qualidade do ajuste do modelo genético encontrado.

Termos para indexação: modelos genéticos, efeitos genéticos aditivos, dominância, heterose, estimador de máxima verossimilhança, programação Fortran.

COMPUTER PROGRAM TO ESTIMATE GENETIC PARAMETERS FROM MEANS AND VARIANCES OF EXPERIMENTAL POPULATIONS BY THE METHOD OF WEIGHTED LEAST SQUARES

ABSTRACT - Estimating genetic parameters of important traits is a routine in most breeding programs. Estimates obtained by the weighted least square proceedings are nonbiased and efficient, but the actual estimating process may be cumbersome and time consuming. The calculations can and should be performed by a computer to improve the speed and the reliability of the whole process. This paper presents a computer program written in Fortran language that performs all the necessary calculations to estimate genetic parameters from means and variances of natural or experimental populations. The results are reliable and precise and the output includes statistics that evaluate the significance levels of the estimated parameters and the goodness-of-fit of the adjusted genetic model.

Index terms: genetic models, additive genetic effect, dominance, heterosis, maximum likelihood estimator, Fortran programming.

INTRODUÇÃO

Nos trabalhos de genética quantitativa, as médias e variâncias das diversas gerações obtidas por autofecundação, retrocruzamento, "sib-mating" etc, permitem que se construa um conjunto de equações relacionando tais estatísticas aos efeitos genéticos componentes de cada uma delas (Warner 1952, Falconer

1960). Estimadores desses efeitos genéticos podem ser obtidos de diversas maneiras (Cavalli 1952, Hayman 1960, Jinks 1981). Uma maneira eficiente de estimar os parâmetros genéticos não viesados e de mínima variância é a utilização de toda informação obtida através de uma análise de quadrados mínimos ponderados (Mather & Jinks 1982). Como os cálculos de uma estimativa por quadrados mínimos ponderados são relativamente complexos e demorados, especialmente quando iterações são necessárias, resolveu-se apresentar um programa de computador capaz de elaborá-los com rapidez e precisão.

¹ Aceito para publicação em 21 de janeiro de 1991

² Eng.-Agr., M.Sc., Ph.D., especialista em Genética Quantitativa. CNPSO-EMBRAPA, Caixa Postal 1061, CEP 86100 Londrina, PR.

MATERIAL E MÉTODOS

O programa estima parâmetros genéticos a partir de médias e variâncias de gerações de autofecundação, fecundação entre irmãos ("sib-mating"), retrocruzamento, etc., utilizando a seguinte fórmula:

$$B' = (X' WX)^{-1} X' WY$$

onde:

B' é o vetor transposto dos parâmetros a serem estimados de dimensão n (parâmetros) por 1;

X é a matriz de informação de dimensão n por m (equações);

W é a matriz de pesos de dimensão n por n;

Y é o vetor de estatísticas das gerações de dimensão n por 1.

Quando a variância da estatística é desconhecida, como por exemplo no caso de ajuste de modelos genéticos às variâncias das gerações, o programa fornece a opção de se construir a matriz de pesos W com as estimativas das variâncias das estatísticas, utilizando a aproximação $W_{ij} = g_{ij}/2(\text{var}_{ij})^2$ e, em seguida, refazendo os cálculos, substituindo na matriz de pesos a estatística inicial var_{ij} por sua respectiva estimativa por quadrados mínimos ponderados, sucessivamente, até que entre estimativas haja uma diferença máxima de 0,001 unidades ou que dez iterações tenham ocorrido. Para detalhes do procedimento, ver Hayman (1960).

O programa foi desenvolvido em linguagem Fortran, para ser utilizado em microcomputador da linha PC-XT ou compatível, e está apresentado no Apêndice I. Ele segue as idéias gerais de um programa criado para o mesmo fim, que é utilizado no computador de grande porte do Departamento de Genética da Universidade de Birmingham, Inglaterra. As subrotinas "invert" e "quiqua" foram adaptadas dos programas de inversão de matrizes da IBM (1968) e de teste quiquadrado de Poole et al. (1985).

Entrada e saída de dados

Existem duas opções de entrada de dados: com instruções fornecidas pelo operador ou com instruções pelo operador com o auxílio de arquivo de informações básicas. Na primeira opção o operador responde diretamente às questões apresentadas no vídeo, como, por exemplo, número de gerações, respectivos graus de liberdade, médias e variâncias, modelo genético completo e modelos genéticos alternativos parciais que se pretende ajustar ao con-

junto de dados disponíveis. As questões são auto-explicativas. Na segunda opção, apenas os modelos genéticos a serem ajustados são fornecidos pelo operador; as demais informações deverão estar gravadas em arquivo auxiliar. Dois exemplos de arquivos auxiliares são fornecidos no Apêndice II.

Existem duas opções de saída de dados: A primeira, mais completa, fornece, no vídeo ou em arquivo de dados, o modelo utilizado, as estimativas dos parâmetros genéticos e respectivos erros, e testes de significância, o quiquadrado de ajuste do modelo genético escolhido e respectiva probabilidade, com as contribuições individuais por geração, e a matriz de variância e covariância das estimativas obtidas. A segunda opção, mais simples, fornece, no vídeo ou em arquivo, as estimativas dos parâmetros com respectivos erros e testes de significância, além do quiquadrado de ajuste do modelo escolhido e respectiva probabilidade.

Ajuste de modelos genéticos

Considere-se um experimento que produziu as médias e variâncias das gerações $P_1, P_2, F_1, F_2, F_3, Rc_1$ e Rc_2 , sendo P_1 e P_2 linhagens homocigotas para efeito de simplificação do modelo genético. Os componentes genéticos das gerações acima são os mostrados na Tabela 1 (Jinks & Jones 1958, Mather & Jinks 1982). Os parâmetros a serem estimados inicialmente são: m, que engloba os efeitos dos genes não segregantes dos progenitores; [d], estimador dos efeitos aditivos, e [h], estimador dos efeitos de dominância. Se o quiquadrado de ajuste for não-significativo, indicando que o modelo é adequado para representar a variabilidade do cruzamento, e as estimativas de m, [d] e [h] forem significativas, o processo de ajuste de modelos encerra-se. Se o quiquadrado for não-significativo e alguma estimativa for não-significativa, deve-se simplificar o modelo eliminando-se tal estimativa. Por outro lado, caso o modelo composto por estes efeitos não seja adequado para explicar toda a variabilidade genética encontrada entre as gerações, a julgar por um valor significativo do quiquadrado avaliador da qualidade de ajuste do modelo, passa-se a utilizar, sucessivamente, outros modelos mais elaborados. Devem ser incluídos, além dos efeitos aditivos e de dominância, efeitos epistáticos digênicos, e assim por diante, até atingir-se modelo completo, que é especificado pelo número e pelas características das gerações disponíveis. As implicações, vantagens e desvantagens do uso deste procedimento de análise genética se en-

TABELA 1. Componentes genéticos das médias e variâncias das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, F₃, Rc₁ e Rc₂. Efeitos aditivos, de dominância e epistáticos digênicos para médias, e aditivos, de dominância e ambientais para as variâncias.

| (i) Componentes das médias | | | | | | |
|----------------------------|---|------|------|------|-------|--------|
| | m | [d] | [h] | [i] | [j] | [l] |
| P ₁ | 1 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 |
| P ₂ | 1 | -1 | 0 | 1 | 0 | 0 |
| F ₁ | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| F ₂ | 1 | 0 | 0,5 | 0 | 0 | 0,25 |
| F ₃ | 1 | 0 | 0,25 | 0 | 0 | 0,0625 |
| Rc ₁ | 1 | 0,5 | 0,5 | 0,25 | 0,25 | 0,25 |
| Rc ₂ | 1 | -0,5 | 0,5 | 0,25 | -0,25 | 0,25 |

| (ii) Componentes das variâncias | | | | |
|---------------------------------|------|--------|-------|-------------------------|
| | D | H | F | E |
| P ₁ | 0 | 0 | 0 | 1 |
| P ₂ | 0 | 0 | 0 | 1 |
| F ₁ | 0 | 0 | 0 | 1 |
| F ₂ | 0,5 | 0,25 | 0 | 1 |
| F ₃₁ | 0,5 | 0,0625 | 0 | 1/r* (F ₃₂) |
| F ₃₂ | 0,25 | 0,125 | 0 | 1 |
| Rc ₁ | 0,25 | 0,25 | -0,25 | 1 |
| Rc ₂ | 0,25 | 0,25 | 0,25 | 1 |

* r = número de indivíduos na família.

contram discutidas em Jinks & Perkins (1969) e Perkins & Jinks (1970).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias e variâncias das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, F₃, Rc₁ e Rc₂, aparecem na Tabela 2. Os modelos ajustados e as demais estatísticas fornecidas pelo programa aparecem na Tabela 3, onde as duas alternativas de saída de dados estão explicadas. A primeira saída é composta por todas as informações fornecidas,

e a segunda é composta pelos caracteres em negro.

TABELA 2. Graus de liberdade, médias e variâncias de altura de planta das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, F₃, Rc₁ e Rc₂.

| | gl | médias | variâncias |
|-------------------|----|--------|------------|
| P ₁ | 19 | 65,60 | 88,23 |
| P ₂ | 18 | 52,55 | 107,50 |
| F ₁ | 27 | 63,61 | 120,35 |
| F ₂ | 65 | 63,28 | 204,61 |
| F ₃₁ * | 28 | 63,00 | 198,14 |
| F ₃₂ * | 28 | 63,61 | 94,84 |
| Rc ₁ | 32 | 67,28 | 109,95 |
| Rc ₂ | 38 | 61,14 | 118,52 |

* Entre famílias.

** Dentro de famílias.

O primeiro modelo ajustado envolveu os parâmetros m, [d] e [h]. O quiquadrado de ajuste do modelo foi não-significativo ($X^2 = 3,35$ com 4 gl, Prob. = 0,50) e indicou que os parâmetros estimados explicam a variabilidade genética presente no cruzamento. Entretanto, o efeito de dominância foi não-significativo, ($[h] = 4,85 \pm 2,49$ e Prob. = 0,06) e, portanto, o modelo pôde ser simplificado. Retirou-se [h] do modelo inicial, ajustando-se outro com apenas m e [d]. No novo modelo, m e [d] foram significativos, e o quiquadrado de ajuste foi não significativo. O modelo com m e [d], portanto, foi adequado para explicar a variabilidade existente nos dados analisados. Caso os parâmetros m, [d] e [h] fossem insuficientes para explicar a variabilidade das gerações estudadas, outro modelo, mais complexo incluindo parâmetros representativos de epistasia, ligação gênica, etc., deveria ser ajustado. Procedimento semelhante deve ser adotado ao ajustar modelos genéticos e ambientais às variâncias. Para evitar tornar este trabalho extenso e repetitivo, omitiu-se a estimativa de parâmetros das variâncias.

TABELA 3. Exemplo de ajuste de modelos genéticos às médias de altura de planta das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, F₃, Rc₁ e Rc₂.

(i) Ajuste do primeiro modelo.

Altura de Plantas

MODELO

| | m | [d] | [h] |
|-----|--------|---------|--------|
| P1 | 1.0000 | 1.0000 | 0.0000 |
| P2 | 1.0000 | -1.0000 | 0.0000 |
| F1 | 1.0000 | 0.0000 | 1.0000 |
| F2 | 1.0000 | 0.0000 | 0.5000 |
| F3 | 1.0000 | 0.0000 | 0.2500 |
| Rc1 | 1.0000 | 0.5000 | 0.5000 |
| Rc2 | 1.0000 | -0.5000 | 0.5000 |

| | ESTIMATIVA | ERRO | C |
|-----|------------|--------|---------|
| m | 60.7211 | 1.2860 | 47.2183 |
| [d] | 6.2429 | 1.3399 | 4.6592 |
| [h] | 4.8459 | 2.4895 | 1.9465 |

| | GL | PESO | OBS | ESP | O-E | QUI-QUA |
|-----|----|--------|---------|---------|---------|---------|
| P1 | 19 | 0.2267 | 65.6000 | 66.9640 | -1.3640 | 0.4218 |
| P2 | 18 | 0.1767 | 52.5500 | 54.4782 | -1.9282 | 0.6571 |
| F1 | 27 | 0.2326 | 63.6100 | 65.5671 | -1.9571 | 0.8911 |
| F2 | 65 | 0.3226 | 63.2800 | 63.1441 | 0.1359 | 0.0060 |
| F3 | 56 | 0.2321 | 63.6100 | 61.9326 | 1.6774 | 0.6531 |
| Rc1 | 32 | 0.3001 | 67.2800 | 66.2656 | 1.0144 | 0.3089 |
| Rc2 | 38 | 0.3291 | 61.1400 | 60.0227 | 1.1173 | 0.4108 |

QUI-QUADRADO = 3.3488 G.L. = 4 PROB. = 0.5012

MATRIZ DE VARIANCIAS-COVARIANCIAS

| | m | [d] | [h] |
|-----|-----------|-----------|-----------|
| m | 1.653710 | -0.138349 | -2.615280 |
| [d] | -0.138349 | 1.795330 | 0.245380 |
| [h] | -2.615280 | 0.245380 | 6.197770 |

TABELA 3. Continuação.

(ii) Ajuste do segundo modelo.

Altura de Plantas

MODELO

| | m | [d] |
|-----|--------|---------|
| P1 | 1.0000 | 1.0000 |
| P2 | 1.0000 | -1.0000 |
| F1 | 1.0000 | 0.0000 |
| F2 | 1.0000 | 0.0000 |
| F3 | 1.0000 | 0.0000 |
| Rc1 | 1.0000 | 0.5000 |
| Rc2 | 1.0000 | -0.5000 |

| | ESTIMATIVA | ERRO | C |
|-----|------------|--------|---------|
| m | 62.7660 | 0.7417 | 84.6228 |
| [d] | 6.0510 | 1.3363 | 4.5283 |

| | GL | PESO | OBS | ESP | O-E | QUI-QUA |
|-----|----|--------|---------|---------|---------|---------|
| P1 | 19 | 0.2267 | 65.6000 | 68.8170 | -3.2170 | 2.3460 |
| P2 | 18 | 0.1767 | 52.5500 | 56.7149 | -4.1649 | 3.0659 |
| F1 | 27 | 0.2326 | 63.6100 | 62.7660 | 0.8440 | 0.1657 |
| F2 | 65 | 0.3226 | 63.2800 | 62.7660 | 0.5140 | 0.0852 |
| F3 | 56 | 0.2321 | 63.6100 | 62.7660 | 0.8440 | 0.1654 |
| Rc1 | 32 | 0.3001 | 67.2800 | 65.7915 | 1.4885 | 0.6650 |
| Rc2 | 38 | 0.3291 | 61.1400 | 59.7404 | 1.3995 | 0.6445 |

QUI-QUADRADO = 7.1377 G.L. = 5 PROB. = 0.2106

MATRIZ DE VARIANCIAS-COVARIANCIAS

| | m | [d] |
|-----|-----------|-----------|
| m | 0.550141 | -0.034806 |
| [d] | -0.034806 | 1.785610 |

APÊNDICE I. O programa escrito em linguagem Fortran.

```

C-----
C   SISTEMA   : GENÉTICA QUANTITATIVA - CNPSO - EMBRAPA
C   AUTOR     : Jose F. F. de Toledo
C   PROGRAMA  : MODELOS LINEARES - estgene.for
C             : Método Quadrados Mínimos Ponderados
C   DATA     : 24/02/1988
C   VERSÃO    : 01 REVISÃO 01
C-----
PROGRAM estgene
IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
IMPLICIT INTEGER (i-n)
CHARACTER*1 resposta
CHARACTER*20 entrada
CHARACTER*25 saída
CHARACTER*7 hparam, hstat, fhpara, hvar
DIMENSION xx(15), nn(15), vv(15), ww(15), x(15), v(15)
COMMON /blok1/ nd(15), w(15,15)
COMMON /blok2/ a(15,15), fa(15,15)
COMMON /blok3/ hparam(15), hstat(15), hvar(9)
COMMON /blok4/ fhpara(15)
DO 333 ijft=1,15
  xx(ijft)=0.0
  nn(ijft)=0.0
  vv(ijft)=0.0
  ww(ijft)=0.0
333 CONTINUE
CALL zera (fa,15,15)
C INICIALIZA ZERANDO AS MATRIZES E VETORES
WRITE(6,670)
WRITE(6,1111)
READ(5,102)resposta
IF (resposta .EQ. 'S' .OR. resposta .EQ. 's') THEN
  WRITE(6,3333)
  READ(5,2001)entrada
2001 FORMAT(a20)
  OPEN(24,FILE=entrada,FORM='formatted')
  OPEN(21,FORM='formatted',STATUS='scratch')
  ient=24
  isai=21
ELSE
  ient=5
  isai=6
ENDIF
WRITE(6,1112)
READ(5,102)resposta
IF (resposta .EQ. 'S' .OR. resposta .EQ. 's') THEN
  WRITE(6,1113)
  READ(5,2001)saida
  OPEN(23,FILE=saida,FORM='formatted')
  isaid=23
  isaida=6

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

        ELSE
            OPEN(22,FORM='formatted',STATUS='scratch')
            isaid=22
            isaida=6
        ENDIF
10000 CONTINUE
        iii=0
2222 WRITE(isai,1000)
        WRITE(isai,1001)
222 READ(ient,*)it
        WRITE(isai,1000)
        WRITE(isai,1002)
15 READ(ient,200) (hvar(j),j=1,9)
        WRITE(isai,1000)
        WRITE(isai,1101)
        READ(ient,*)n
        DO 999 i=1,n
            WRITE(isai,1000)
            WRITE(isai,1003)i
999 READ(ient,101)hstat(i)
        GOTO (1,2,3),it
1 CONTINUE
        DO 9 i=1,n
            WRITE(isai,1000)
            WRITE(isai,1004)i
9 READ(ient,*)nn(i), xx(i)
        GOTO 8
2 CONTINUE
        DO 22 i=1,n
            WRITE(isai,1000)
            WRITE(isai,1005)i
22 READ(ient,*) nn(i), vv(i), xx(i)
        GOTO 8
3 CONTINUE
        DO 33 i=1,n
            WRITE(isai,1000)
            WRITE(isai,1006)i
33 READ(ient,*) nn(i), ww(i), xx(i)
8 WRITE(isai,1000)
        WRITE(isai,1007)
        READ(ient,*)kf
        DO 9999 i=1,kf
            WRITE(isai,1000)
            WRITE(isai,1008)i
9999 READ(ient,101)fhpara(i)
        DO 6 i=1,n
            WRITE(isai,1000)
            WRITE(isai,1009)i
6 READ(ient,*) (fa(i,j),j=1,kf)
C ENTRA COM O MODEL LINEAR COMPLETO
44 CONTINUE
        iabrev=0
        WRITE(6,1014)
        READ(5,102)resposta

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

7      IF(resposta .EQ. 'S' .OR. resposta .EQ. 's') iabrev=1
      CONTINUE
      DO 910 ijft=1,15
      nd(ijft)=0
      x(ijft)=0.0
      v(ijft)=0.0
910    CONTINUE
      CALL zera (w,15,15)
C      ZERA AS MATRIZES e VETORES
      iii=iii+1
      WRITE(6,1000)
      WRITE(6,1010)iii
      READ(5,*)k
      IF (k) 10,11,11
11     CONTINUE
      ih=0
      CALL modelo (k,ih,n,iii)
      DO 5 i=1,n
      nd(i)=nn(i)
      x(i)=xx(i)
      w(i,i)=ww(i)
      v(i)=vv(i)
5      CONTINUE
      CALL ajuste (v,x,n,k,ih,j,isaiaid,isaiaida,it,iabrev)
      GOTO 7
10     CONTINUE
      WRITE(6,1050)
1050    FORMAT(' AJUSTAR MODELOS A OUTROS DADOS ?')
      READ(5,102)resposta
      IF (resposta .EQ. 'S' .OR. resposta .EQ. 's') GOTO 10000
      STOP ' Programa executado'
670    FORMAT(' PROGRAMA PARA AJUSTAR MODELOS GENÉTICOS'//
1' "AS < médias e variâncias > DAS GERAÇÕES DISPONÍVEIS'//
1' PELO MÉTODO DOS QUADRADOS MÍNIMOS PONDERADOS'//)
101    FORMAT(2A5)
102    FORMAT(A1)
200    FORMAT(16A7)
1000   FORMAT(' Resposta teclando...')
1001   FORMAT(' Se os dados compreendem'// '<_GL e VARIANCIAS >, < GL, VA
1RIANCIAS E MÉDIAS > ou < GL, PESOS E MÉDIAS >'//
1' *** Entre com < 1, 2 ou 3 > pela ordem ***')
1101   FORMAT(' 0 numero de <gerações disponiveis> nos seus dados. '//)
1002   FORMAT(' Titulo da característica sob análise.'//
1' Máximo de 45 colunas '//)
1003   FORMAT(' Símbolo para a <geração> número:',I3/
1' Máximo de 4 caracteres//)
1004   FORMAT(' GL e VARIANCIA para a <geração> número:',I3//)
1005   FORMAT(' GL, VARIANCIA E MÉDIA para a <geração> número:',I3//)
1006   FORMAT(' GL, PESO E MÉDIA para a <geração> número:',I3//)
1007   FORMAT(' 0 numero de parametros no seu modelo completo. '//)
1008   FORMAT(' 0 símbolo para o parametro de número:',I3// Máximo de
14 caracteres//)
1009   FORMAT(' Coeficientes dos parametros da <geração> número:',I3//)
1010   FORMAT(' 0 numero de parametros no modelo de número:',I3// Entre
1 com <-1> para terminar programa '//)

```


APÊNDICE I. Continuação.

```

1014  FORMAT(' Saida de dados em versao simplificada?')
1111  FORMAT(' O modelo completo e os dados estao armazenados em arquiv
10 ?')
1112  FORMAT(' Os dados ( modelos ajustados ) deverao ser armazenados
1em arquivo?')
1113  FORMAT(' De um nome ao arquivo. ( por ex. estgene1.dat ) ')
3333  FORMAT(' Qual o nome do arquivo?')
      END

      SUBROUTINE modelo(k,ih,n,iii)
      IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
      IMPLICIT INTEGER (i-n)
      CHARACTER*7 hparam, hstat, fhpara, hvar
      DIMENSION nik(15),nih(15)
      COMMON /blok2/ a(15,15), fa(15,15)
      COMMON /blok3/ hparam(15), hstat(15), hvar(9)
      COMMON /blok4/ fhpara(15)

      DO 671 ijft=1,15
      nik(ijft)=0
671   nih(ijft)=0
      CALL zera (a,15,15)
      WRITE(6,1000)iii
      READ(5,*)(nik(i),i=1,k)
C      nik - vetor com os números dos parametros do modelo completo
C      numerados de 1 a kf da esquerda para a direita
17    DO 12 j=1,k
      iki=nik(j)
      DO 13 i=1,n
13     a(i,j)=fa(i,iki)
C      copia o modelo desejado
      hparam(j)=fhpara(iki)
12    CONTINUE
1000  FORMAT(' Entre com o vetor indicando os parametros do',I3,' model
10'' Parâmetros numerados da esquerda para a direita.'')
      RETURN
      END

      SUBROUTINE ajuste (v,x,n,k,ih,if,isaid,isaida,it,iabrev)
      IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
      IMPLICIT INTEGER (i-n)
      DIMENSION at(15,15), atwa(15,15), atwx(15,1), e(15), c(15),
1 nd(15), x(15), v(15), theta(15,1), aaa(15,15),ww(15,15),
1 wkw(15,15), xxx(15)
C      a - matriz contendo o modelo  w - matriz diagonal de pesos
C      x - vetor das QMs observados  n - equacoes (geracoes)
C      k - parametros
C      reajuste e chamada para realizar as operacoes com as matrizes
      DO 672 ijft=1,15
      e(ijft)=0.0
      c(ijft)=0.0
672   xxx(ijft)=0.0
      CALL zera (at,15,15)
      CALL zera (atwa,15,15)
      CALL zera (atwx,15,1)

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

CALL zera (theta,15,1)
CALL zera (aaa,15,15)
CALL zera (wkw,15,15)
C Zera os vetores e matrizes
CALL reajuste (at,atwa,atwx,theta,k,n,isaid,isaida,e,v,if,x,c,d,
1 it,ih,xxx,wkw,aaa,ww,iabrev)
RETURN
END

SUBROUTINE reajuste(at,atwa,atwx,theta,k,n,isaid,isaida,e,v,if,x,
1c,d,it,ih,xxx,wkw,aaa,ww,iabrev)
IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
IMPLICIT INTEGER (i-n)
CHARACTER*7 hparam, hstat, hvar
DIMENSION at(k,n), atwa(k,k), atwx(k,1), theta(k,1), aaa(n,k),
1wkw(k,k), v(15), ww(n,n), e(n), c(15), d(15), x(15), xxx(n),
1acol(300),vecl(15),vecm(15)
COMMON /blok1/ nd(15), w(15,15)
COMMON /blok2/ a(15,15), fa(15,15)
COMMON /blok3/ hparam(15), hstat(15), hvar(9)
DO 200 ij=1,n
DO 201 ji=1,k
201 aaa(ij,ji)=a(ij,ji)
200 CONTINUE
DO 301 ij=1,n
xxx(ij)=x(ij)
DO 302 ji=1,n
302 ww(ij,ji)=w(ij,ji)
301 CONTINUE
quiqnov=0
IF (it .EQ. 3) GOTO 12
ind=1
IF (it .EQ. 2) GOTO 17
CALL pesov (xxx,n,ww)
GOTO 18
17 CONTINUE
CALL pesom (v,n,ww)
18 CONTINUE
quiqvelh=quiqnov
GOTO 12
11 CONTINUE
CALL pesov (e,n,ww)
ind=ind+1
quiqvelh=quiqnov
12 CONTINUE
CALL zera (at,k,n)
CALL zera (atwa,k,k)
CALL zera (atwx,k,1)
CALL zera (theta,k,1)
C Zera as matrizes
DO 90000 kin1=1,k
DO 90000 kin2=1,n
90000 at(kin1,kin2)=aaa(kin2,kin1)
C at - matriz transposta de aaa
CALL mul (k,n,n,n,k,n,at,ww,at)

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

C      at - matriz produto de at e ww
      CALL mul (k,n,n,k,k,k,at,aaa,atwa)
C      atwa - matriz de informacao
      CALL mul (k,n,n,1,k,1,at,xxx,atwx)
C      atwx - vetor "lado direito" das equações normais
      CALL zera (wkw,k,k)
      CALL zera (acol,300,1)
c      Zera as matrizes wkw e acol
C      transforma a matriz atwa em vetor coluna
      nlines=0
      do 711 nt1=1,k
      do 711 nt2=1,k
      nlines=nlines+1
      acol(nlines)=atwa(nt1,nt2)
711    continue
      CALL zera (vecl,15,1)
      CALL zera (vecm,15,1)
      CALL invert (acol,k,determ,vecl,vecm)
C      transforma o vetor coluna na matriz wkw
      nlines=0
      do 713 nt1=1,k
      do 713 nt2=1,k
      nlines=nlines+1
      wkw(nt1,nt2)=acol(nlines)
713    continue
C      inverte a matriz de informacoes - atwa
C      inversa em wkw
      CALL mul (k,k,k,1,k,1,wkw,atwx,theta)
C      obtem a solucao das equações. Resultado em theta
      quiqnov=0.0
      DO 4 i=1,n
      e(i)=0.0
      DO 5 j=1,k
      e(i)=e(i)+theta(j,1)*a(i,j)
5      CONTINUE
      d(i)=x(i)-e(i)
      c(i)=d(i)*d(i)*ww(i,i)
      quiqnov=quiqnov+c(i)
4      CONTINUE
      IF (it .EQ. 2 .OR. it .EQ. 3) GOTO 16
      IF (ind .EQ. 1) GOTO 11
      r=DABS(quiqnov-quiqvelh)
      IF (ind .EQ. 10) GOTO 23
      IF (r .GT. 0.001) GOTO 11
23      CALL pesov (e,n,ww)
      WRITE(isaid,100) (hvar(i),i=1,9),ind
      WRITE(isaida,100) (hvar(i),i=1,9),ind
      GOTO 21
16      WRITE(isaid,99) (hvar(i),i=1,9)
      WRITE(isaida,99) (hvar(i),i=1,9)
21      CONTINUE
      IF (iabrev) 31,31,30
31      WRITE(isaid,97) (hparam(i),i=1,k)
      WRITE(isaida,97) (hparam(i),i=1,k)

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

DO 2 i=1,n
  WRITE(isaid,98) hstat(i),(aaa(i,j),j=1,k)
2  WRITE(isaida,98) hstat(i),(aaa(i,j),j=1,k)
30  WRITE(isaid,103)
  WRITE(isaida,103)
DO 3 i=1,k
  se=DSQRT(wkw(i,i))
  cn=theta(i,1)/se
  WRITE(isaid,104) hparam(i),theta(i,1),se,cn
  WRITE(isaida,104) hparam(i),theta(i,1),se,cn
3  CONTINUE
  IF (iabrev) 32,32,33
32  IF (it .EQ. 1) WRITE(isaid,105)
  IF (it .EQ. 1) WRITE(isaida,105)
  IF (it .EQ. 2 .OR. it .EQ. 3) WRITE(isaid,108)
  IF (it .EQ. 2 .OR. it .EQ. 3) WRITE(isaida,108)
DO 6 i=1,n
  WRITE(isaid,106) hstat(i),nd(i),ww(i,i),x(i),e(i),d(i),c(i)
6  WRITE(isaida,106) hstat(i),nd(i),ww(i,i),x(i),e(i),d(i),c(i)
33  ndf=n-k
  IF (ndf .EQ. 0) GOTO 15
  call quiqua (quiqnov,ndf,prob)
  WRITE(isaid,107) quiqnov,ndf,prob
  WRITE(isaida,107) quiqnov,ndf,prob
15  CONTINUE
  quiqnu=0.0
  IF (iabrev)34,34,35
34  WRITE(isaid,111)
  WRITE(isaida,111)
  WRITE(isaid,101) (hparam(i),i=1,k)
  WRITE(isaida,101) (hparam(i),i=1,k)
DO 10 i=1,k
  WRITE(isaid,102) hparam(i),(wkw(i,j),j=1,k)
10  WRITE(isaida,102) hparam(i),(wkw(i,j),j=1,k)
C  escreve a matriz de variâncias e covariâncias
35  RETURN
97  FORMAT(6x,45(5x,a5))
98  FORMAT(1x,a5,1x,60f10.4)
99  FORMAT(10x,9a7//20x,'MODELO'/20x,5(1H-))
100  FORMAT(10x,9a7//20x,'MODELO',20x,'No. Iterações',I3/20x,5(1H-))
101  FORMAT(60(9x,a5))
102  FORMAT(1x,a5,1x,60g14.6)
103  FORMAT(/,22x,'ESTIMATIVA',10x,'ERRO',15x,'C'/20x,47(1H-))
104  FORMAT(10x,a5,2G20.8,f13.4)
105  FORMAT(/10x,'GL',6x,'PESO',8x,'OBS',9x,'ESP',9x,'0-E',9x,
1 'QUI-QUA'/1x,72(1H-))
108  FORMAT(/10x,'GL',6x,'PESO',8x,'OBS',9x,'ESP',9x,'0-E',9x,
1 'QUI-QUA'/1x,72(1H-))
106  FORMAT(1x,a5,I7,5f12.5)
107  FORMAT(/6x,' QUI-QUADRADO =',f8.4,2x,' G.L. =',i3,4x,' PROB. =',
1,1x,f6.4)
111  FORMAT(/10x,' MATRIZ DE VARIÂNCIAS-COVARIÂNCIAS'/15x,26(1H-))
  END

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

SUBROUTINE pesov (x,n,ww)
IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
IMPLICIT INTEGER (i-n)
DIMENSION x(n),ww(n,n)
COMMON /blok1/ nd(15),w(15,15)
CALL zera (ww,n,n)
DO 1 i=1,n
1 ww(i,i)=float(nd(i))/(2.0*x(i)*x(i))
RETURN
END

SUBROUTINE pesom (v,n,ww)
IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
IMPLICIT INTEGER (i-n)
DIMENSION v(n),ww(n,n)
COMMON /blok1/ nd(15),w(15,15)
CALL zera (ww,n,n)
DO 1 i=1,n
1 ww(i,i)=float(nd(i)+1)/v(i)
RETURN
END

SUBROUTINE zera (x1,n1,n2)
IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
IMPLICIT INTEGER (j-n)
DIMENSION x1(n1,n2)
C PRÓXIMOS PASSOS ZERAM A MATRIZ
DO 1000 j=1,n1
DO 2000 k=1,n2
x1(j,k)=0.0
2000 CONTINUE
1000 CONTINUE
RETURN
END

SUBROUTINE mul(n1,n2,n3,n4,n5,n6,x1,x2,x3)
IMPLICIT DOUBLE PRECISION (a-h,o-z)
IMPLICIT INTEGER (j-n)
DIMENSION x1(n1,n2),x2(n3,n4),x3(n5,n6)
IF (n2 .EQ. n3) GOTO 9
WRITE(6,36)
36 FORMAT(' Matrizes incompatíveis para multiplicação !')
GOTO 19
C PRÓXIMAS LINHAS MULTIPLICAM AS MATRIZES
9 DO 3000 j1=1,n1
DO 4000 j2=1,n4
s=0.0
DO 5000 k=1,n2
s=s+x1(j1,k)*x2(k,j2)
5000 CONTINUE
x3(j1,j2)=s
4000 CONTINUE
3000 CONTINUE
C MATRIZ X3 CONTEM O RESULTADO DA MULTIPLICAÇÃO ( X1 * X2)

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

19      RETURN
      END

      subroutine invert(a,n,d,l,m)
      dimension a(n), l(n), m(n)
      implicit double precision (a-h,o-z)
      implicit integer (i-n)
c      procura o maior elemento
      d=1.0
      nk= -n
      do 80 k=1,n
      nk=nk+n
      l(k)=k
      m(k)=k
      kk=nk+k
      biga=a(kk)
      do 21 j=k,n
      iz=n*(j-1)
      do 21 i=k,n
      ij=iz+i
10      if(abs(biga)-abs(a(ij))) 15,21,21
15      biga=a(ij)
      l(k)=i
      m(k)=j
21      continue
c      troque linhas
      j=l(k)
      if (j-k) 35,35,25
25      ki=k-n
      do 30 i=1,n
      ki=ki+n
      hvelh=-a(ki)
      ji=ki-k+j
      a(ki)=a(ji)
30      a(ji)=hvelh
c      troque colunas
35      i=m(k)
      if (i-k) 45,45,38
38      jp=n*(i-1)
      do 40 j=1,n
      jk=nk+j
      ji=jp+j
      hvelh=-a(jk)
      a(jk)=a(ji)
40      a(ji)=hvelh
c      divisao da coluna por pivot = (- biga)
45      if ( abs(biga)-10.0** (-20)) 46, 46, 48
46      d=0.0
      return
48      do 55 i=1,n
      if (i-k) 50, 55, 50
50      ik=nk+i
      a(ik)=a(ik)/(-biga)
55      continue
c      reduzir a matriz

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

do 65 i=1,n
ik=nk+i
hvelh=a(ik)
ij=i-n
do 65 j=1,n
ij=ij+n
if(i-k) 60, 65, 60
60 if (j-k) 62, 65, 62
62 kj=ij-i+k
a(ij)=hvelh*a(kj)+a(ij)
65 continue
c divisão da linha por pivot
kj=k-n
do 75 j=1,n
kj=kj+n
if(j-k) 70, 75, 70
70 a(kj)=a(kj)/biga
75 continue
c produto dos pivots
d=d*biga
c troca do pivot pelo recíproco
a(kk)=1.0/biga
80 continue
c troca final de linhas e colunas
k=n
100 k=k-1
if (k) 150, 150, 105
105 i=l(k)
if (i-k) 120, 120, 108
108 jq=n*(k-1)
jr=n*(i-1)
do 110 j=1,n
jk=jq+j
hvelh=a(jk)
ji=jr+j
a(jk)=-a(ji)
110 a(ji)=hvelh
120 j=m(k)
if (j-k) 100, 100, 125
125 ki=k-n
do 130 i=1,n
ki=ki+n
hvelh=a(ki)
ji=ki-k+j
a(ki)=-a(ji)
130 a(ji)=hvelh
goto 100
150 return
end

subroutine quiqua (c,ndf,prob)
implicit double precision (a-h,o-z)
implicit integer (i-n)
xn=ndf
c xr igual produto do denominador

```

APÊNDICE I. Continuação.

```

xr=1.0
do 11 i=ndf,2, -2
11  xr=xr*i
c   xk igual produto do numerador
   xk=c**(int((xn+1)/2))* dexp(-c/2)/xr
c   e=2.7182818284
c   fator pi usado qdo gl impar
   if ( int(xn/2) .eq. xn/2 ) goto 100
xj=dsqrt(2.0/c/3.141592653599)
goto 200
c   fator soma calculado nas próximas linhas
100  xj=1.0
200  x1=1.0
     xm=1.0
400  xn=xn+2
     xm=xm*c/xn
c   verifica fim da soma
   if ( xm .lt. .0000001) goto 300
x1=x1+xm
goto 400
300  prob=1.0-xj*xk*x1
     return
     end

```

APÊNDICE II. Os arquivos auxiliares de entrada de informações.

i) Ajuste de modelos
às médias.

```

2
Altura de Plantas.
7
P1
P2
F1
F2
F3
Rc1
Rc2
19 88.23 65.60
18 107.5 52.55
27 120.35 63.61
65 204.61 63.28
56 245.56 63.61
32 109.95 67.28
38 118.52 61.14
6
m
[d]
[h]
[i]
[j]
[l]
1 1 0 1 0 0
1 -1 0 1 0 0
1 0 1 0 0 1
1 0 .5 0 0 .25
1 0 .25 0 0 .0625
1 .5 .5 .25 .25 .25
1 -.5 .5 .25 -.25 .25

```

ii) Ajuste de modelos
às variâncias.

```

1
Altura de Plantas
8
P1
P2
F1
F2
F3e
F3d
Rc1
Rc2
19 88.23
18 107.5
27 120.35
65 204.61
28 198.14
28 87.17
32 109.95
38 118.52
4
D
H
F
E
0 0 0 1
0 0 0 1
0 0 0 1
0.5 0.25 0 1
0.625 0.125 0 0.5
0.25 0.125 0 1
0.25 0.25 -0.25 1
0.25 0.25 0.25 1

```


CONCLUSÕES

O potencial de utilização de um programa deste tipo é bastante vasto. Ele permite que modelos genéticos bastante complexos possam ser ajustados às médias e variâncias das gerações, e torna possível, através de experimentos bem programados, estudar a contribuição de ligações gênicas, epistasia, etc., na expressão de um carácter, e assim, determinar com precisão o mecanismo genético em controle de características de interesse. Conseqüentemente, os programas de melhoramento poderão ser realizados com base em informações genéticas detalhadas, e portanto, de forma mais precisa e eficiente.

REFERÊNCIAS

- CAVALLI, L.L. An analysis of linkage in quantitative inheritance. In: REEVE, C.R.; WADINGTON, C.D. (Ed.). **Quantitative Inheritance**. [S.l.]: HMSO, 1952. p.135-144.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: The Ronald Press, 1960. 365p.
- HAYMAN, B.I. Maximum likelihood estimation of genetic components of variation. **Biometrics**, v.16, p.369-381, 1960.
- IBM. **Manual de operação do computador "mainframe - 1130"**. [S.l.], 1968.
- JINKS, J.L. **The genetic framework of plant breeding. The manipulation of genetic systems in plant breeding**. [S.l.]: The Royal Society, 1981. 209p.
- JINKS, J.L.; JONES, R.M. Estimation of the components of heterosis. **Genetics**, v.43, p.223-234, 1958.
- JINKS, J.L.; PERKINS, J.M. The detection of linked epistatic genes for a metrical trait. **Heredity**, v.24, p.465-475, 1969.
- MATHER, K.; JINKS, J.L. **Biometrical genetics**. 3.ed. [S.l.]: Chapman e Hall, 1982. 396p.
- PERKINS, J.M.; JINKS, J.L. Detection and estimation of genotype-environmental, linkage and epistatic components of variation for a metrical trait. **Heredity**, v.25, p.157-177, 1970.
- POOLE, L.; BORCHERS, M.; BURKE, P.M. **Programas práticos em Basic**. Trad. de C.O. Gomes. [S.l.]: McGraw-Hill, 1985. 225p.
- WARNER, J.N. A method of estimating heritability. **Agronomy Journal**, v.44, p.427-430, 1952.