



## Genetics and Molecular Biology

Print version ISSN 1415-4757 On-line version ISSN 1678-4685

Genet. Mol. Biol. vol. 21 n. 1 São Paulo Mar. 1998

<http://dx.doi.org/10.1590/S1415-47571998000100022>

### METHODOLOGY

# Programa GENES - Aplicativo Computacional em Estatística Aplicada à Genética (GENES - Software for Experimental Statistics in Genetics)

**Cosme Damião Cruz**

Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, 36571-000 Viçosa, MG, Brasil.

#### Services on Demand

##### Journal

- SciELO Analytics
- Google Scholar H5M5 (2018)

##### Article

- Article in xml format
- How to cite this article
- SciELO Analytics
- Curriculum ScienTI
- Automatic translation

##### Indicators

##### Related links

##### Share

More

More

Permalink

### ABSTRACT

The main purpose of the GENES software is to help people working with genetic analysis and data processing in breeding programs, using several biometrics models. This software has several help windows that are very friendly to the user. More information about this program is available in the book "Programa GENES - Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, 442. 1997". Purchase orders are welcome at the following address: [editora@mail.ufv.br](mailto:editora@mail.ufv.br). Shareware copies of the GENES software are available at <http://www.genetica.dbg.ufv.br>.

### INTRODUÇÃO

Os princípios teóricos desenvolvidos por inúmeros pesquisadores têm permitido o planejamento e a execução mais eficiente de programas de melhoramento e, principalmente, a predição das conseqüências das diferentes estratégias adotadas por melhoristas. Para que o programa de melhoramento tenha sucesso, deve-se ter, no contexto de genética quantitativa, uma série de informações da espécie a ser melhorada, dos métodos de melhoramento e das metodologias de análises genético-biométricas disponíveis.

Para a obtenção de materiais genéticos superiores é necessário que os indivíduos selecionados reúnam, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhes confirmem rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaça às exigências do consumidor.

Assim, uma maneira de se aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento é a realização de experimentos fidedignos, dos quais são obtidos grandes volumes de dados experimentais. É a partir do processamento adequado destes dados que os parâmetros genéticos são estimados e os fenômenos biológicos são interpretados. Nesta etapa de análise e interpretação de resultados é fundamental a existência de recursos computacionais e aplicativos eficientes à disposição do pesquisador.

O desenvolvimento de aplicativos na área de Genética e Melhoramento torna-se fundamental pela escassez dos mesmos, tanto no Brasil quanto no exterior. Sua disponibilidade visa atender a uma demanda crescente de usuários nas diversas instituições de pesquisa, que manipulam um grande volume de dados, os quais requerem um processamento adequado para que parâmetros estatísticos e biológicos sejam convenientemente estimados.

Para o caso específico da Genética Quantitativa, verifica-se que o melhoramento intensivo de muitas espécies e a complexidade dos caracteres de maior importância têm requerido a utilização de critérios de seleção cada vez mais apurados. Nas diversas etapas do melhoramento os melhoristas têm a necessidade de utilizar informações, expressas em parâmetros de modelos biométricos, que normalmente não estão disponíveis nas saídas da maioria dos softwares disponíveis para a área científica. Assim, por exemplo, metodologias de análises dialéticas, para escolha de progenitores para hibridações e formação de populações-base para seleção, de avaliação da estabilidade e adaptabilidade, para recomendação de cultivares, de estimação de parâmetros genéticos tais como herdabilidade, correlações etc., para avaliar e direcionar programas de melhoramento, não são geralmente encontradas nos aplicativos difundidos em nossa comunidade científica.

Assim, foi desenvolvido o programa GENES, nas versões DOS e Windows, com a finalidade de atender, principalmente, a área de Genética e Estatística Experimental. O software pode ser obtido pela rede Internet no endereço <http://www.genetica.dbg.ufv.br>, em suas duas versões.

## DESCRIÇÃO DO PROGRAMA

O programa GENES foi desenvolvido na linguagem QB4.5, versão DOS, e Visual Basic 5.0, versão para Windows. Os procedimentos são utilizados em diversos estudos genéticos aplicados a animais de grande e pequeno porte ou da cultura de plantas em geral. O GENES apresenta procedimentos de análise estatística que podem ser utilizados por grande número de pesquisadores de qualquer área de pesquisa. Assim, estatísticas descritivas, análise de variância, de regressão, de correlação e testes comparativos de médias são amplamente utilizados por pesquisadores das diversas áreas. Além destes procedimentos, o GENES conta com procedimentos específicos de biometria aplicados a dados obtidos de estudos de Genética e Melhoramento. Dados binários, normalmente obtidos de estudos de Genética Molecular, também são processados, permitindo análise de diversidade genética.

Sua utilização é facilitada, por contar com painéis globais de ajuda, em cada procedimento, e sistema de "rodapé" explicativo em cada solicitação de informação ou dimensionamento de parâmetros. A entrada de dados, para o GENES versão DOS, é facilitada, pois o programa dá acesso ao seu próprio editor de texto/dados. O usuário também pode utilizar outros editores para inserir seus dados e posteriormente convertê-los na forma .txt ou .prn, para o processamento. A versão para Windows permite importar dados da planilha Excel e exportar resultados para o Word 97.

## PROCEDIMENTOS DISPONÍVEIS

A opção Procedimentos permite ao usuário ter acesso às várias metodologias de análise e processamento disponível no GENES. No painel principal há 16 itens possíveis de serem

acessados pelo usuário, os quais são relacionados a seguir:

**1. Estatísticas Descritivas:** Permite o cálculo de

- a) Médias, variâncias, máximos, mínimos etc;
- b) Correlação de Pearson;
- c) Correlação de Spearman;
- d) Distribuição de frequência;
- e) Coeficiente de coincidência;
- f) Dispersão gráfica.

**2. Interação Genótipo x Ambiente:** Conta com as seguintes opções de análise ou cálculo:

- a) Estratificação de ambientes com base em interação não-significativa;
- b) Medidas de dissimilaridade entre ambientes envolvendo a partição da soma de quadrado da interação em partes simples e complexa;
- c) Correlações para cada variável, considerando pares de ambientes.

**3. Estabilidade e Adaptabilidade:** A análise é feita pelos seguintes modelos:

- a) Método Tradicional;
- b) Método de Plaisted e Peterson (1959);
- c) Método de Wricke (1965);
- d) Método de Eberhart e Russel (1966)
- e) Método de Finlay e Wilkison (1963);
- f) Método de Tai (1971);
- g) Método de Verma, Chahal e Murty (1978);
- h) Método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989);
- i) Método de Huen (1990);
- j) Método Bi-segmentado modificado;
- k) Método da Análise Visual.

**4. Correlações e Regressões:** Há os seguintes procedimentos:

- a) Análise de trilha (path analysis);
- b) Análise de trilha sob multicolinearidade;
- c) Análise de regressão simples;
- d) Análise de regressão múltipla;
- e) Correlações parciais;
- f) Correlações canônicas.

**5. Análise Multivariada:** Os seguintes procedimentos estão disponíveis:

- a) Medidas de dissimilaridade;
  - a1) Variáveis quantitativas (distância euclidiana e de Mahalanobis);
  - a2) Variáveis binárias (com 15 índices de similaridade, dentre eles o de Jaccard e Nei e Li);
- b) Técnicas de agrupamento;
  - b1) Hierárquico (vizinho mais próximo);
  - b2) Otimização (Tocher);
  - b3) Projeção gráfica;
- c) Análise de componentes principais;
- d) Análise por variáveis canônicas.
- e) Análise discriminante de Anderson (1958);
- f) Análise de fatores.

**6. Matrizes - Teste e Álgebra:** Com as opções:

- a) Álgebra de matrizes (com as operações de multiplicação, inversão, cálculo de autovalores e autovetores, dentre outras);
- b) Teste de multicolinearidade;
- c) Testes de estruturas.

**7. Ganhos por Seleção - Índices:** Estimam-se ganhos de seleção pelos seguintes procedimentos:

- a) Seleção direta e indireta;
- b) Seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias;
- c) Índices de seleção;
- c1) Índice clássico (Smith, 1936 e Hazel, 1949);
- c2) Índice de Pesek e Baker (1969);
- c3) Índice base (Willians, 1962);
- c4) Índice multiplicativo (Subandi e outros, 1973);
- c5) Índice livre de pesos e parâmetros (Elston, 1963);
- c6) Índice baseado em soma de Ranks (Mulamba e Mock, 1978);
- d) Seleção baseada em análise visual.

**8. Análise de Variância e Estimação de Parâmetros Genéticos:** São analisados dados obtidos dos seguintes delineamentos:

- a) Inteiramente ao acaso;
- b) Blocos ao acaso;
- c) Fatorial simples;
- d) Parcelas subdivididas;
- e) Blocos com informação dentro da parcela;
- f) Hierárquico;
- g) Látices simples e triplos.

Em todas as análises de variância são fornecidas as estimativas de herdabilidades, coeficientes de variação genética e ambiental, correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, dentre outras.

**9. Análise Dialélica:** Estão disponíveis mais de 20 procedimentos de análise dialélica, classificando-se em:

- a) Dialetos balanceados (Griffing, 1956; Gardner e Eberhart, 1966; Hayman, 1954);
- b) Dialetos desbalanceados;
- c) Dialetos circulantes;
- d) Dialetos parciais.

**10. Escala ou Análise de Gerações:** Procedimento destinado à análise de dados obtidos das gerações de pais (homozigotos), F1s, F2s e retrocruzamentos.

**11. Repetibilidade:** Permite estimar coeficientes de repetibilidade pelos métodos da análise de variância, dos componentes principais e da análise estrutural.

**12. Quadrados Mínimos Generalizados:** Permite a estimação de parâmetros a partir do modelo  $Y = Xb + e$  com  $E(e) = f$  e  $E(ee) = V$ , sendo  $V$  uma matriz simétrica e positiva definida.

**13. Simulação de Amostras ou Ensaio:** Permite as seguintes simulações:

- a) Simulação de amostras com distribuição normal, a partir de médias e variâncias conhecidas;
- b) Simulação de ensaios considerando variáveis com distribuição normal, a partir de parâmetros conhecidos, como média, herdabilidade e coeficiente de variação experimental.

**14. Seleção Combinada Univariada:** Permite estimar e comparar ganhos obtidos com a seleção entre e dentro de famílias e por seleção combinada.

A seleção combinada é baseada em índice estabelecido pela combinação linear da informação do indivíduo e de seus aparentados.

**15. Progresso Genético e Ambiental:** Destina-se à obtenção de estimativas de ganhos genéticos e melhorias tecnológicas obtidas em programa de melhoramento conduzido durante um determinado período.

**16. Comparação entre Médias:** São realizados os seguintes testes:

- a) Teste t;
- b) Teste Tukey;
- c) Teste Duncan.

Descrições sobre metodologias empregadas são encontradas em Cruz e Regazzi (1994) e Cruz (1997).

## AGRADECIMENTO

O autor agradece ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro concedido para o desenvolvimento do Programa GENES.

## RESUMO

O programa GENES é um software destinado à análise e processamento de dados por meio de diferentes modelos biométricos. Seu uso é de grande importância em estudos genéticos aplicados ao melhoramento vegetal e animal, por permitir estimativa de parâmetros para entendimento de fenômenos biológicos e fundamentais em processo de tomada de decisão e na predição do sucesso e viabilidade da estratégia de seleção. O programa pode ser obtido pela rede Internet (<http://www.genetica.dbg.ufv.br>) ou por solicitação pelo endereço: Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, 36571-000 Viçosa, MG, Brasil. O programa conta com telas de ajuda, tornando-o de fácil utilização. Informações adicionais sobre seu uso estão disponíveis no livro "Programa GENES - Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, 442, 1997" adquirido por E-mail enviado para [editora@mail.ufv.br](mailto:editora@mail.ufv.br).

## BIBLIOGRAFIA

**Cruz, C.D. and Regazzi, A.J.** (1994). *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. Imprensa Universitária, Viçosa, MG, pp. 390. [ [Links](#) ]

**Cruz, C.D.** (1997). *Programa GENES - Aplicativo Computacional em Genética e Estatística*. Editora UFV, Viçosa, MG, pp. 442. [ [Links](#) ]

**Microsoft QuickBASIC** (1988). *Programming in BASIC Version 4.5*, pp. 458. [ [Links](#) ]

**Microsoft QuickBASIC** (1988). *Learning to use Microsoft QuickBASIC Version 4.5*, pp. 307 [ [Links](#) ]

**(Received October 30, 1997)**



All the contents of this journal, except where otherwise noted, is licensed under a [Creative Commons Attribution License](#)

**Rua Cap. Adelmio Norberto da Silva, 736  
14025-670 Ribeirão Preto SP Brazil  
Tel.: (55 16) 3911-4130 / Fax.: (55 16) 3621-3552**



[editora@gmb.org.br](mailto:editora@gmb.org.br)