

## METHODOLOGY

### **"SOFTWARE" EM PROLOG PARA ANÁLISE GENEALÓGICA: ESTIMAÇÃO DE COEFICIENTES DE CO-ANCESTRIA, CONSANGUINIDADE E ENDOCRUZAMENTO INTRAGRUPAIS**

**(Software in PROLOG for Genealogical Analysis: Estimation of Intragroup Coefficients of Kinship, Relationship and Inbreeding)**

Gilberto F. Souza Aguiar e Alfen F. Souza-Júnior

### **ABSTRACT**

Specialist computer programs for Genealogical Mathematics have been important for interpreting complex population pedigrees. This paper presents a system written in PROLOG language, called SAGEN ("Sistema de Análise Genealógica" or Genealogical Analysis System), for use in IBM/PC equipment. The program calculates estimates of kinship, relationship, and inbreeding in several practical population situations, involving individuals, samples, and couples, as well as the entire population under study. SAGEN, presented in Portuguese (or optionally in English) was tested by analysing a highly complex simulated pedigree and part of a real Indian pedigree, and it was in both cases efficient in terms of precision and memory.

### **INTRODUÇÃO**

O uso de aplicativos computacionais tem se tornado uma exigência básica em Genética de Populações e Genética Quantitativa. É virtualmente impossível desenvolver análises de dados precisas e rápidas nestas áreas sem que se faça uso dos recursos

específicos de softwares dirigidos para as diversas situações teóricas e práticas enfrentadas pelos geneticistas. Tal exigência constitui, aliás, uma característica moderna das ciências em geral (Barros *et al.*, 1989).

Trabalhos populacionais envolvendo problemas de Matemática Genealógica são certamente os que mais exigem programas especialistas, e pode-se dizer mesmo que estes chegam a ser em certos casos imprescindíveis, devido à grande quantidade de cálculos extensos e complexos que podem se achar envolvidos nos procedimentos de rotina.

O presente trabalho tem a finalidade básica de pôr ao alcance da comunidade de geneticistas brasileiros um instrumento eficiente para interpretações matemáticas detalhadas de heredogramas populacionais. Trata-se de um software em linguagem PROLOG intitulado SAGEN (Sistema de Análise Genealógica), versão 1.0, apresentado em língua portuguesa (opcionalmente em inglês), de uso direto em equipamentos IBM/PC compatíveis.

## MATERIAL E MÉTODOS

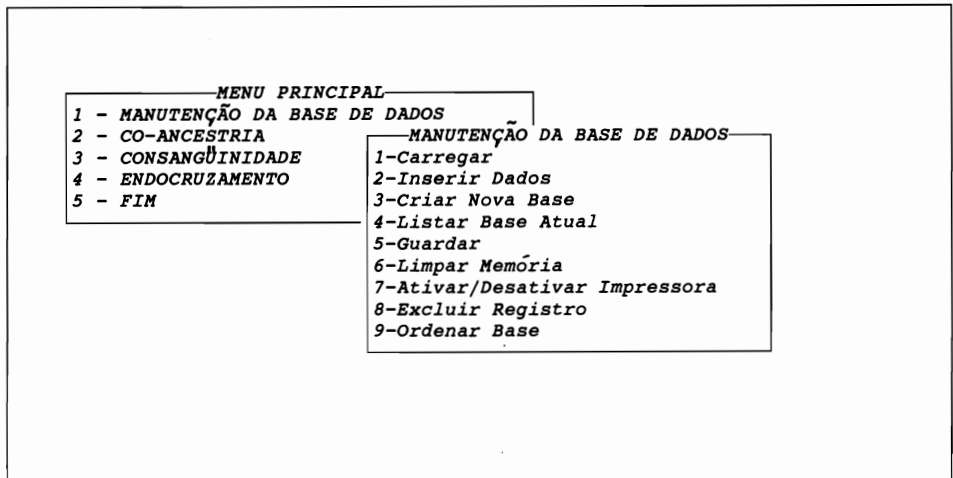
O SAGEN é o que em linguagem computacional se denomina um sistema especialista. Em linhas gerais, pode-se definir sistema especialista como sendo um "software" que emprega determinada forma de representação adequada para descrever regras e definições de uma área específica do conhecimento humano e uma estratégia de controle própria para manipulá-las. Este tipo de sistema normalmente utiliza técnicas de inteligência artificial que mimetizam os procedimentos de resolução de problemas empregados por especialistas (Yin e Solomon, 1987; Cardozo, 1988).

A ferramenta computacional utilizada na elaboração do sistema foi o PROLOG, versão 1.0, dadas as facilidades oferecidas por esta linguagem em análises envolvendo relações associativas entre elementos. O motivo principal da utilização dos recursos de uma linguagem declarativa como o PROLOG foi a dificuldade de se implementar algoritmos que possibilitem uma procura eficiente dentro de um heredograma populacional quando se utilizam linguagens seqüenciais (tais como BASIC e o FORTRAN). Graças a seu estilo de programação em cláusulas, o PROLOG admite a descrição das regras básicas que permitem o enlace lógico entre os elementos de uma base de dados (Kowalski, 1979; Casanova *et al.*, 1987).

O SAGEN apresenta uma rotina de entrada e cinco subrotinas: 1. Manutenção da base de dados (Figura 1); 2. Coeficiente de co-ancestria; 3. Coeficiente de consangüinidade; 4. Coeficiente de endocruzamento; e 5. Fim. As subrotinas 2 e 3 (apresentadas em forma de menus, conforme mostra a Figura 2) apresentam as seguintes opções de procedimentos: a) coeficiente interindividual (com apresentação de "paths");

b) coeficiente médio entre um indivíduo e uma amostra; c) coeficiente médio entre um indivíduo e a população; d) coeficiente médio amostral; e) coeficiente médio entre duas amostras; f) coeficiente médio entre uma amostra e a população; g) coeficiente médio de cada indivíduo com a população; h) coeficiente médio intrapopulacional. A subrotina 4, dividida em seis itens (ver tela de apresentação na Figura 3), proporciona o cálculo de: a) coeficiente individual; b) coeficiente médio amostral (envolvendo indivíduo); c) coeficiente médio amostral (envolvendo casais); d) coeficiente médio populacional (envolvendo indivíduos); e) coeficiente médio populacional (envolvendo casais com pelo menos um genitor conhecido); f) coeficiente médio populacional (envolvendo todos os casais).

Impressora: DESATIVADA



Selecione sua opção pressionando o número correspondente Esc-retorna F1-ajuda

Figura 1 - Menu principal e menu de manutenção da base de dados do SAGEN.

O coeficiente de co-ancestria ("coefficient of kinship" ou "coefficient of coancestry") entre dois indivíduos  $f_{ij}$  representa a probabilidade de que dois alelos em um dado loco, um retirado ao acaso de  $i$ , o outro retirado ao caso de  $j$ , sejam idênticos por ascendência (Kempthorne, 1963; Malécot, 1966). Ele pode ser calculado a partir da análise direta do heredograma. Textos clássicos de genética de populações (Elandt-Johnson, 1971; Falconer, 1986) proporcionam a seguinte fórmula para o caso em que se pode traçar a ascendência dos indivíduos  $i$  e  $j$  até seus ancestrais comuns:

Impressora: DESATIVADA

```

      MENU PRINCIPAL
1 - MANUTENÇÃO DA BASE DE DADOS
2 - CO-ANCESTRIA
3 -
4 - COEFICIENTE DE CO-ANCESTRIA
5 -
    1-Interindividual
    2-Entre um indivíduo e uma amostra
    3-Entre um indivíduo e a população
    4-Amostral
    5-Entre duas amostras
    6-Entre uma amostra e a população
    7-Cada indivíduo e restante da população
    8-Intrapopulacional
  
```

Selecione sua opção pressionando o número correspondente Esc-retorna Fl-ajuda

Figura 2 - Menu básico relativo aos coeficientes de co-ancestria e consangüinidade.

Impressora: DESATIVADA

```

      MENU PRINCIPAL
1 - MANUTENÇÃO DA BASE DE DADOS
2 - CO-ANCESTRIA
3 - CONSANGÜINIDADE
4 - ENDOCRUZAMENTO
5 - COEFICIENTE DE ENDOCRUZAMENTO
    1-Individual
    2-Amostral (envolvendo indivíduos)
    3-Amostral (envolvendo casais)
    4-Populacional (envolvendo indivíduos)
    5-Populacional (envolvendo casais com pelo menos um genitor conhecido)
    6-Populacional (envolvendo todos os casais)
  
```

Selecione sua opção pressionando o número correspondente

Figura 3 - Menu básico relativo ao coeficiente de endocruzamento.

$$f_{ij} = \frac{c}{\sum_{k=1}^c (n_{ik} + n_{jk} + 1)} (1 + F_k)$$

em que, para cada ancestral comum  $k$ , calcula-se  $n_{ik}$  (número de passos deste ancestral ao indivíduo  $i$ ) e  $n_{jk}$  (número de passos do ancestral comum ao indivíduo  $j$ ).  $F_k$  representa o coeficiente de endocruzamento do correspondente ancestral comum.

O coeficiente de consangüinidade ("coefficient of relationship") pode ser definido como:

$$r_{ij} = 2 f_{ij} / \sqrt{(1 + F_i) \cdot (1 + F_j)}$$

em que  $F_i$  e  $F_j$  são respectivamente os coeficientes de endocruzamento de  $i$  e  $j$  (Wright, 1922; Li, 1976).

O coeficiente de endocruzamento ("coefficient of inbreeding") de um casal é igual ao coeficiente de co-ancestria deste casal. O coeficiente de endocruzamento de um indivíduo é igual ao coeficiente de co-ancestria de seu pai (Falconer, 1986).

O Anexo 1 mostra a rotina principal de cálculo de coeficiente de co-ancestria interindividual. Todos os procedimentos computacionais relacionados aos demais coeficientes derivam desta rotina.

## EXEMPLO COM HEREDOGRAMA HIPOTÉTICO

O SAGEN permite a estimação de coeficientes entre indivíduos complexamente relacionados do ponto de vista genealógico. A Figura 4 apresenta o "pedigree" de uma população simulada de oito gerações, com dez casamentos consangüíneos ( $F = 0,0896$ ), em que é calculado o coeficiente de co-ancestria e consangüinidade entre dois indivíduos (N<sup>os</sup> 30 e 31). Os valores encontrados ( $f = 0,2402$ ;  $r = 0,4093$ ) foram determinados a partir de 197 caminhos ou "paths" (de até 14 passos cada um). O Anexo 2 apresenta a relação dos "paths" entre os referidos indivíduos no formato de impressão em português proporcionado pelo SAGEN. Apesar da ligação mais próxima entre eles ter cinco passos ("paths" N<sup>os</sup> 195, 196 e 197) - correspondendo a primos de 2<sup>o</sup> grau -, seus coeficientes de co-ancestria e de consangüinidade são próximos dos de irmãos completos ( $f = 0.25$ ;  $r = 0.5$ ).

## UM HEREDOGRAMA INDÍGENA

A análise do heredograma da população tribal dos Karitiana (Rondônia, Brasil) também foi efetuada pelo SAGEN. A Figura 5 mostra um segmento do heredograma

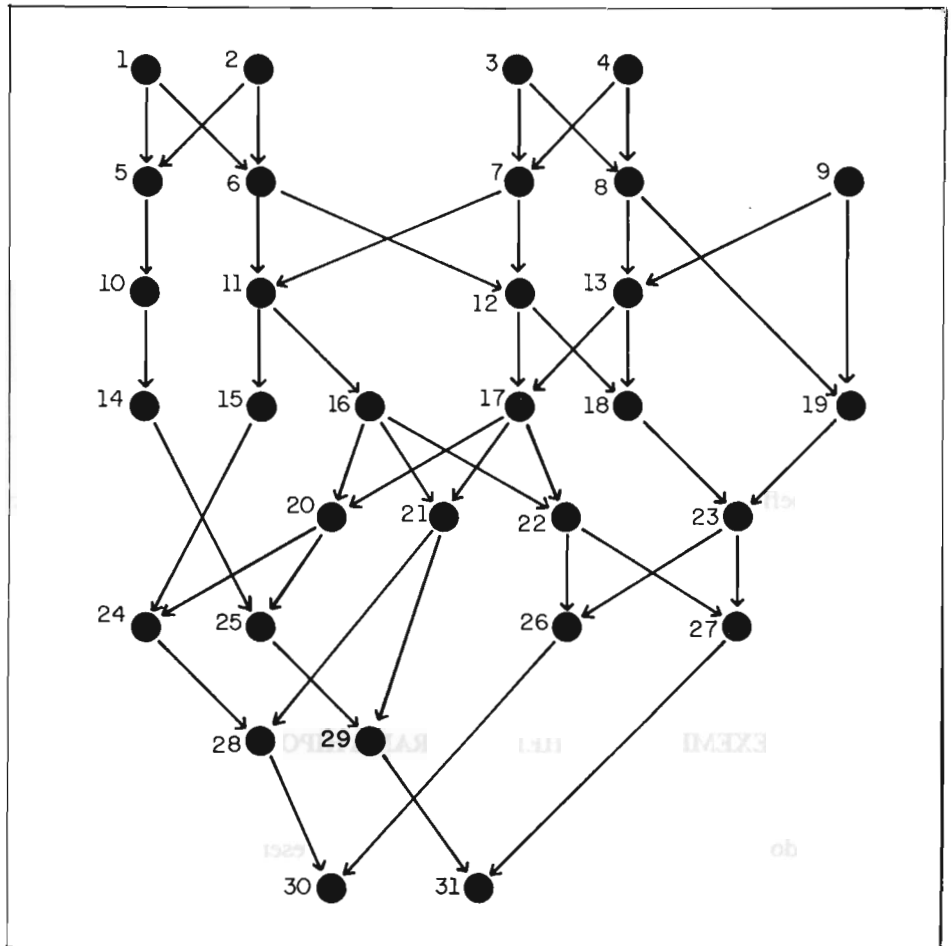


Figura 4 - Heredograma de uma população simulada.

envolvendo cinco gerações, selecionado por motivo de simplicidade de apresentação de dados.

A Tabela I apresenta as possibilidades proporcionadas pelo SAGEN para análise interindividual, indivíduo-amostra, indivíduo-população, inter-amostra, amostra-população e intra-população para os coeficientes de co-ancestria e consangüinidade, tendo em vista indivíduos e amostras selecionados do heredograma parcial. A Tabela II apresenta as possibilidades da subrotina 4 (coeficiente de endocruzamento) para alguns elementos também selecionados.

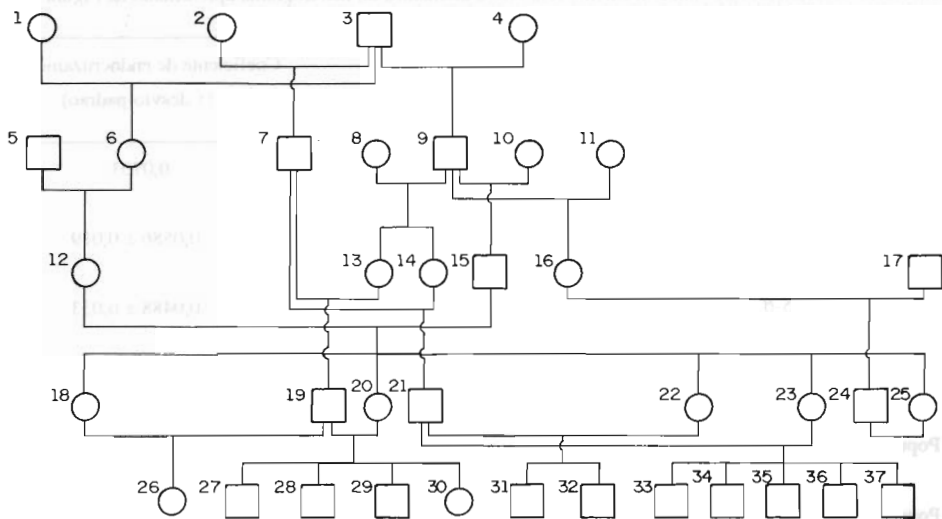


Figura 5 - Heredograma parcial da tribo indígena Karitiana, Rondônia.

ORRATO

Table I - Coeficientes de co-ancestria (valores superiores) e consangüinidade (valores inferiores), com os respectivos desvios-padrões, entre elementos extraídos do heredograma indígena mostrado na Figura 5.

	Indivíduo B (Nº 33)	Amostra B (Nºs 20, 21, 22 e 23)	População
Indivíduo A (Nº 31)	0,2344	0,2324 ± 0,074	0,1497 ± 0,079
Amostra A (Nºs 7, 8, 9 e 10)	0,1172 ± 0,063	0,1016 ± 0,080	0,0855 ± 0,084
	0,2265 ± 0,122	0,1989 ± 0,156	0,1675 ± 0,166
População	0,1549 ± 0,086	0,1476 ± 0,096	0,1132 ± 0,090
	0,2936 ± 0,162	0,2839 ± 0,184	0,2179 ± 0,173

Tabela II - Coeficientes de endocruzamento relativos a elementos do heredograma apresentado na Figura 5.

Tipo de análise	Coeficiente de endocruzamento (± desvio-padrão)
Individual (Nº 28)	0,0703
Amostral (Nº 19, 20, 32, 33)	0,0586 ± 0,019
Amostral (casais 5-6, 7-13, 7-14, 21-22)	0,0488 ± 0,033
Populacional (envolvendo indivíduos)	0,0304 ± 0,032
Populacional (envolvendo casais com pelo menos um genitor conhecido)	0,0625 ± 0,014
Populacional (envolvendo todos os casais)	0,0291 ± 0,033

## DISCUSSÃO E COMENTÁRIOS

Apesar das dificuldades relacionadas ao tempo de processamento, que é exponencial em relação à complexidade do heredograma, não foram detectadas limitações de memória no programa, tendo-se efetuado cerca de 10.700 cálculos interindividuais de maneira sistemática e ininterrupta.

Em virtude de sua variedade de opções de procedimentos, o aplicativo mostra-se particularmente útil no desenvolvimento de estudos genealógicos para fins antropogenéticos. Heredogramas de pequeno e médio porte (envolvendo até seis gerações) são os ideais para análise, em virtude das facilidades oriundas da economia de tempo e memória, fatores que precisam ser considerados quando se trabalha em equipamentos do tipo IBM/PC-compatível.

Técnicos e pesquisadores interessados em obter o SAGEN, versão 1.0, para aplicação especialista em seus trabalhos científicos, devem enviar um disquete virgem aos autores, recebendo estão uma cópia integral do aplicativo. Embora o programa seja praticamente auto-explicativo, um manual do usuário a ser editado brevemente pelo Museu Goeldi proporcionará uma listagem completa do SAGEN e uma descrição detalhada de seus recursos e meios de utilização.

## AGRADECIMENTOS

Desejamos agradecer ao Departamento de Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Pará e à Divisão de Processamento de Dados do Museu Paraense Emílio Goeldi, pelas facilidades oferecidas durante o trabalho de elaboração do programa SAGEN. Este projeto foi possível graças aos recursos fornecidos pelo Museu Paraense Emílio Goeldi, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (MPEG/CNPq), e pela Quota de No. 800085/89-2 de Iniciação Científica do CNPq.

## RESUMO

O uso de programas especialistas em Matemática Genealógica tem sido uma necessidade imprescindível na interpretação de heredogramas populacionais. O presente trabalho apresenta um sistema em linguagem PROLOG denominado SAGEN (Sistema de Análise Genealógica), para aplicação em equipamentos IBM/PC-compatíveis, que calcula as estimativas de co-ancestria, consangüinidade e endocruzamento em diversas situações populacionais práticas, envolvendo indivíduos, amostras e casais, bem como a população inteira estudada. O sistema, apresentado em língua portuguesa (ou opcionalmente em inglês), foi testado num heredograma simulado de alta complexidade e em parte de um heredograma indígena real, tendo-se mostrado eficiente em termos de precisão e memória.

## ANEXOS

### Anexo 1 - Rotina básica utilizada pelo SAGEN.

```
domains
  reallist=real*
  individuo=string
  individuolist=individuo*
  reallistlist=reallist*
  individuolistlist=individuolist*
  individuolistlistlist=individuolistlist*

database
  individuo(individuo, individuo, individuo)

predicates
  ancestral_comum(individuo, individuo, individuolist, individuolist)
  appendar(individuolist, individuolist, individuolist)
  caminhos(individuo, individuo, individuo, individuo, real)
  descendente(individuo, individuo)
  endo(individuo, real)
```

```

gera(individuo, individuo, individuolist)
inverter(individuolist, individuolist)
multiplic(real, reallist, reallist)
numero_de_elementos(individuolist, real)
genitor(individuo, individuo)
co_ancestria(individuo, individuo, individuolistlistlist, reallistlist, real)
pertence(individuo, individuolist)
predi(individuo, individuo, individuolist, individuolistlistlist, reallistlist, real)
soma(reallist, real)
nao_repete(individuolist, individuolist)

goal
  co_ancestria("30", "31", L, C, T),
  write(L, C, T).

clauses
genitor(X, Y):-individuo(Y, X, _).
genitor(X, Y):-individuo(Y, _, X).

descendente(X, Y):-individuo(X, Xgenitor, _), descendente(Xgenitor, Y).
descendente(X, Y):-individuo(X, _, Xgenitor), descendente(Xgenitor, Y).
descendente(X, Y):-genitor(Y, X).
descendente(A, A).

numero_de_elementos([], 1):-!.
numero_de_elementos([_|R], N):-numero_de_elementos(R, NN), N=NN*0.5.

inverter([], []).
inverter([A|R], L):-inverter(R, X), appendar(X, [A], L).

appendar([], L, L).
appendar([A|R], L, [A|L1]):-appendar(R, L, L1).

nao_repete([], _):-!.
nao_repete([A|B], L):-not(pertence(A, L)), nao_repete(B, L).

gera(A, A, []):-!.
gera(A, B, [X|R]):- genitor(A, X), gera(X, B, R).

soma([A|R], T):-soma(R, TT), T=A+TT.
soma([], 0).

```

```

multiplic(_, [], []).
multiplic(A, [B|C], [D|E]):-D=B*A,multiplic(A,C,E).

caminhos(A,B,C,List,Fator):- gera(C,A,L1),gera(C,B,L2),nao_repete(L1,L2),
    inverter(L1,L3),appendar(L3, [C|L2],List),numero_de_elementos(List,Fator).

ancestral_comum(A,B,L1, [C|R]):-descendente(A,C),descendente(B,C),C<>"0",
    not(pertence(C,L1)), ancestral_comum(A,B, [C|L1],R),!.
ancestral_comum(_,_,_,[]).

co_ancestria(X,Y, [], [], 0):-individuo(X,"0","0"),individuo(Y,"0","0"),!.
co_ancestria(X,Y,Caminhos,Fatores,Tot):-ancestral_comum(X,Y, [], L),
    predi(X,Y,L,Caminhos,Fatores,Tot),!.

predi(_,_,[], [], [], 0).
predi(A,B, [C|D], [E|F], [G|H], I):-endo(C,NN),findall(Y,caminhos(A,B,C,_),G1),
    findall(X,caminhos(A,B,C,X,_),E),NN1=1+NN,multiplic(NN1,G1,G),soma(G,Tot),!,
    predi(A,B,D,F,H,I),I=I+Tot.
predi(A,B, [_|C],D,E,F):-predi(A,B,C,D,E,F).
predi(_,_,[], [], [], 0).

endo(A,N):-individuo(A,X,Y),co_ancestria(X,Y,_,_),N),!.
endo(_,_).

pertence(A, [A|_]). pertence(A, [_|R]):-pertence(A,R).

individuo("1","0","0").individuo("2","0","0").
individuo("3","0","0").individuo("4","0","0").
individuo("5","1","2").individuo("6","1","2").
individuo("7","3","4").individuo("8","3","4").
individuo("9","0","0").individuo("10","5","0").
individuo("11","6","7").individuo("12","6","7").
individuo("13","8","9").individuo("14","10","0").
individuo("15","11","0").individuo("16","11","0").
individuo("17","12","13").individuo("18","12","13").
individuo("19","8","9").individuo("20","16","17").
individuo("21","16","17").individuo("22","16","17").
individuo("23","18","19").individuo("24","15","20").
individuo("25","14","20").individuo("26","22","23").
individuo("27","22","23").individuo("28","24","21").
individuo("29","25","21").individuo("30","28","26").
individuo("31","29","27").

```

Anexo 2 - Listagem de saída da relação de caminhos ("paths") entre os indivíduos 30 e 31 do heredograma apresentado na Figura 4.

a:exemplo.gen			INTERINDIVIDUAL
No	CAMINHOS	SUB.TOT.	
1	{30-28-24-15-11-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
2	{30-28-24-20-16-11-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00006103	
3	{30-28-21-16-11-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
4	{30-26-22-16-11-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
5	{30-28-24-20-17-12-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00006103	
6	{30-28-21-17-12-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
7	{30-26-22-17-12-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
8	{30-26-23-18-12-6-1-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
9	{30-28-24-15-11-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
10	{30-28-24-20-16-11-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00006103	
11	{30-28-21-16-11-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
12	{30-26-22-16-11-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
13	{30-28-24-20-17-12-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00006103	
14	{30-28-21-17-12-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
15	{30-26-22-17-12-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
16	{30-26-23-18-12-6-2-5-10-14-25-29-31}	0.00012207	
17	{30-28-24-15-11-6-12-17-20-25-29-31}	0.00024414	
18	{30-28-24-15-11-6-12-17-21-29-31}	0.00048828	
19	{30-28-24-15-11-6-12-17-22-27-31}	0.00048828	
20	{30-28-24-15-11-6-12-18-23-27-31}	0.00048828	
21	{30-28-24-20-16-11-6-12-17-21-29-31}	0.00024414	
22	{30-28-24-20-16-11-6-12-17-22-27-31}	0.00024414	
23	{30-28-24-20-16-11-6-12-18-23-27-31}	0.00024414	
24	{30-28-21-16-11-6-12-17-20-25-29-31}	0.00024414	
25	{30-28-21-16-11-6-12-17-22-27-31}	0.00048828	
26	{30-28-21-16-11-6-12-18-23-27-31}	0.00048828	
27	{30-26-22-16-11-6-12-17-20-25-29-31}	0.00024414	
28	{30-26-22-16-11-6-12-17-21-29-31}	0.00048828	
29	{30-26-22-16-11-6-12-18-23-27-31}	0.00048828	
30	{30-28-24-20-17-12-6-11-16-21-29-31}	0.00024414	
31	{30-28-24-20-17-12-6-11-16-22-27-31}	0.00024414	
32	{30-28-21-17-12-6-11-16-20-25-29-31}	0.00024414	
33	{30-28-21-17-12-6-11-16-22-27-31}	0.00048828	
34	{30-26-22-17-12-6-11-16-20-25-29-31}	0.00024414	
35	{30-26-22-17-12-6-11-16-21-29-31}	0.00048828	
36	{30-26-23-18-12-6-11-16-20-25-29-31}	0.00024414	
37	{30-26-23-18-12-6-11-16-21-29-31}	0.00048828	
38	{30-26-23-18-12-6-11-16-22-27-31}	0.00048828	
39	{30-28-24-15-11-7-3-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103	
40	{30-28-24-15-11-7-3-8-13-17-21-29-31}	0.00012207	
41	{30-28-24-15-11-7-3-8-13-17-22-27-31}	0.00012207	
42	{30-28-24-15-11-7-3-8-13-18-23-27-31}	0.00012207	
43	{30-28-24-15-11-7-3-8-19-23-27-31}	0.00024414	
44	{30-28-24-20-16-11-7-3-8-13-17-21-29-31}	0.00006103	
45	{30-28-24-20-16-11-7-3-8-13-17-22-27-31}	0.00006103	
46	{30-28-24-20-16-11-7-3-8-13-18-23-27-31}	0.00006103	
47	{30-28-24-20-16-11-7-3-8-19-23-27-31}	0.00012207	
48	{30-28-21-16-11-7-3-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103	
49	{30-28-21-16-11-7-3-8-13-17-22-27-31}	0.00012207	
50	{30-28-21-16-11-7-3-8-13-18-23-27-31}	0.00012207	
51	{30-28-21-16-11-7-3-8-19-23-27-31}	0.00024414	
52	{30-26-22-16-11-7-3-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103	
53	{30-26-22-16-11-7-3-8-13-17-21-29-31}	0.00012207	
54	{30-26-22-16-11-7-3-8-13-18-23-27-31}	0.00012207	

a:exemplo.gen		INTERINDIVIDUAL
No	CAMINHOS	SUB. TOT.
55	{30-26-22-16-11-7-3-8-19-23-27-31}	0.00024414
56	{30-28-24-20-17-12-7-3-8-13-18-23-27-31}	0.00006103
57	{30-28-24-20-17-12-7-3-8-19-23-27-31}	0.00012207
58	{30-28-21-17-12-7-3-8-13-18-23-27-31}	0.00012207
59	{30-28-21-17-12-7-3-8-19-23-27-31}	0.00024414
60	{30-26-22-17-12-7-3-8-13-18-23-27-31}	0.00012207
61	{30-26-22-17-12-7-3-8-19-23-27-31}	0.00024414
62	{30-26-23-18-12-7-3-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103
63	{30-26-23-18-12-7-3-8-13-17-21-29-31}	0.00012207
64	{30-26-23-18-12-7-3-8-13-17-22-27-31}	0.00012207
65	{30-28-24-20-17-13-8-3-7-11-16-21-29-31}	0.00006103
66	{30-28-24-20-17-13-8-3-7-11-16-22-27-31}	0.00006103
67	{30-28-24-20-17-13-8-3-7-12-18-23-27-31}	0.00006103
68	{30-28-21-17-13-8-3-7-11-16-20-25-29-31}	0.00006103
69	{30-28-21-17-13-8-3-7-11-16-22-27-31}	0.00012207
70	{30-28-21-17-13-8-3-7-12-18-23-27-31}	0.00012207
71	{30-26-22-17-13-8-3-7-11-16-20-25-29-31}	0.00006103
72	{30-26-22-17-13-8-3-7-11-16-21-29-31}	0.00012207
73	{30-26-22-17-13-8-3-7-12-18-23-27-31}	0.00012207
74	{30-26-23-18-13-8-3-7-11-16-20-25-29-31}	0.00006103
75	{30-26-23-18-13-8-3-7-11-16-21-29-31}	0.00012207
76	{30-26-23-18-13-8-3-7-11-16-22-27-31}	0.00012207
77	{30-26-23-18-13-8-3-7-12-17-20-25-29-31}	0.00006103
78	{30-26-23-18-13-8-3-7-12-17-21-29-31}	0.00012207
79	{30-26-23-18-13-8-3-7-12-17-22-27-31}	0.00012207
80	{30-26-23-19-8-3-7-11-16-20-25-29-31}	0.00012207
81	{30-26-23-19-8-3-7-11-16-21-29-31}	0.00024414
82	{30-26-23-19-8-3-7-11-16-22-27-31}	0.00024414
83	{30-26-23-19-8-3-7-12-17-20-25-29-31}	0.00012207
84	{30-26-23-19-8-3-7-12-17-21-29-31}	0.00024414
85	{30-26-23-19-8-3-7-12-17-22-27-31}	0.00024414
86	{30-28-24-15-11-7-4-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103
87	{30-28-24-15-11-7-4-8-13-17-21-29-31}	0.00012207
88	{30-28-24-15-11-7-4-8-13-17-22-27-31}	0.00012207
89	{30-28-24-15-11-7-4-8-13-18-23-27-31}	0.00012207
90	{30-28-24-15-11-7-4-8-19-23-27-31}	0.00024414
91	{30-28-24-20-16-11-7-4-8-13-17-21-29-31}	0.00006103
92	{30-28-24-20-16-11-7-4-8-13-17-22-27-31}	0.00006103
93	{30-28-24-20-16-11-7-4-8-13-18-23-27-31}	0.00006103
94	{30-28-24-20-16-11-7-4-8-19-23-27-31}	0.00012207
95	{30-28-21-16-11-7-4-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103
96	{30-28-21-16-11-7-4-8-13-17-22-27-31}	0.00012207
97	{30-28-21-16-11-7-4-8-13-18-23-27-31}	0.00012207
98	{30-28-21-16-11-7-4-8-19-23-27-31}	0.00024414
99	{30-26-22-16-11-7-4-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103
100	{30-26-22-16-11-7-4-8-13-17-21-29-31}	0.00012207
101	{30-26-22-16-11-7-4-8-13-18-23-27-31}	0.00012207
102	{30-26-22-16-11-7-4-8-19-23-27-31}	0.00024414
103	{30-28-24-20-17-12-7-4-8-13-18-23-27-31}	0.00006103
104	{30-28-24-20-17-12-7-4-8-19-23-27-31}	0.00012207
105	{30-28-21-17-12-7-4-8-13-18-23-27-31}	0.00012207
106	{30-28-21-17-12-7-4-8-19-23-27-31}	0.00024414
107	{30-26-22-17-12-7-4-8-13-18-23-27-31}	0.00012207
108	{30-26-22-17-12-7-4-8-19-23-27-31}	0.00024414

a:exemplo.gen		INTERINDIVIDUAL
No	CAMINHOS	SUB.TOT.
109	{30-26-23-18-12-7-4-8-13-17-20-25-29-31}	0.00006103
110	{30-26-23-18-12-7-4-8-13-17-21-29-31}	0.00012207
111	{30-26-23-18-12-7-4-8-13-17-22-27-31}	0.00012207
112	{30-28-24-20-17-13-8-4-7-11-16-21-29-31}	0.00006103
113	{30-28-24-20-17-13-8-4-7-11-16-22-27-31}	0.00006103
114	{30-28-24-20-17-13-8-4-7-12-18-23-27-31}	0.00006103
115	{30-28-21-17-13-8-4-7-11-16-20-25-29-31}	0.00006103
116	{30-28-21-17-13-8-4-7-11-16-22-27-31}	0.00012207
117	{30-28-21-17-13-8-4-7-12-18-23-27-31}	0.00012207
118	{30-26-22-17-13-8-4-7-11-16-20-25-29-31}	0.00006103
119	{30-26-22-17-13-8-4-7-11-16-21-29-31}	0.00012207
120	{30-26-22-17-13-8-4-7-12-18-23-27-31}	0.00012207
121	{30-26-23-18-13-8-4-7-11-16-20-25-29-31}	0.00006103
122	{30-26-23-18-13-8-4-7-11-16-21-29-31}	0.00012207
123	{30-26-23-18-13-8-4-7-11-16-22-27-31}	0.00012207
124	{30-26-23-18-13-8-4-7-12-17-20-25-29-31}	0.00006103
125	{30-26-23-18-13-8-4-7-12-17-21-29-31}	0.00012207
126	{30-26-23-18-13-8-4-7-12-17-22-27-31}	0.00012207
127	{30-26-23-19-8-4-7-11-16-20-25-29-31}	0.00012207
128	{30-26-23-19-8-4-7-11-16-21-29-31}	0.00024414
129	{30-26-23-19-8-4-7-11-16-22-27-31}	0.00024414
130	{30-26-23-19-8-4-7-12-17-20-25-29-31}	0.00012207
131	{30-26-23-19-8-4-7-12-17-21-29-31}	0.00024414
132	{30-26-23-19-8-4-7-12-17-22-27-31}	0.00024414
133	{30-28-24-15-11-7-12-17-20-25-29-31}	0.00024414
134	{30-28-24-15-11-7-12-17-21-29-31}	0.00048828
135	{30-28-24-15-11-7-12-17-22-27-31}	0.00048828
136	{30-28-24-15-11-7-12-18-23-27-31}	0.00048828
137	{30-28-24-20-16-11-7-12-17-21-29-31}	0.00024414
138	{30-28-24-20-16-11-7-12-17-22-27-31}	0.00024414
139	{30-28-24-20-16-11-7-12-18-23-27-31}	0.00024414
140	{30-28-21-16-11-7-12-17-20-25-29-31}	0.00024414
141	{30-28-21-16-11-7-12-17-22-27-31}	0.00048828
142	{30-28-21-16-11-7-12-18-23-27-31}	0.00048828
143	{30-26-22-16-11-7-12-17-20-25-29-31}	0.00024414
144	{30-26-22-16-11-7-12-17-21-29-31}	0.00048828
145	{30-26-22-16-11-7-12-18-23-27-31}	0.00048828
146	{30-28-24-20-17-12-7-11-16-21-29-31}	0.00024414
147	{30-28-24-20-17-12-7-11-16-22-27-31}	0.00024414
148	{30-28-21-17-12-7-11-16-20-25-29-31}	0.00024414
149	{30-28-21-17-12-7-11-16-22-27-31}	0.00048828
150	{30-26-22-17-12-7-11-16-20-25-29-31}	0.00024414
151	{30-26-22-17-12-7-11-16-21-29-31}	0.00048828
152	{30-26-23-18-12-7-11-16-20-25-29-31}	0.00024414
153	{30-26-23-18-12-7-11-16-21-29-31}	0.00048828
154	{30-26-23-18-12-7-11-16-22-27-31}	0.00048828
155	{30-28-24-15-11-16-20-25-29-31}	0.00097656
156	{30-28-24-15-11-16-21-29-31}	0.00195312
157	{30-28-24-15-11-16-22-27-31}	0.00195312
158	{30-28-24-20-16-21-29-31}	0.00390625
159	{30-28-24-20-16-22-27-31}	0.00390625
160	{30-28-21-16-20-25-29-31}	0.00390625
161	{30-28-21-16-22-27-31}	0.0078125
162	{30-26-22-16-20-25-29-31}	0.00390625

a:exemplo.gen		INTERINDIVIDUAL
No	CAMINHOS	SUB.TOT.
163	{30-26-22-16-21-29-31}	0.0078125
164	{30-28-24-20-17-12-18-23-27-31}	0.00097656
165	{30-28-21-17-12-18-23-27-31}	0.00195312
166	{30-26-22-17-12-18-23-27-31}	0.00195312
167	{30-26-23-18-12-17-20-25-29-31}	0.00097656
168	{30-26-23-18-12-17-21-29-31}	0.00195312
169	{30-26-23-18-12-17-22-27-31}	0.00195312
170	{30-28-24-20-17-13-8-19-23-27-31}	0.00048828
171	{30-28-21-17-13-8-19-23-27-31}	0.00097656
172	{30-26-22-17-13-8-19-23-27-31}	0.00097656
173	{30-26-23-19-8-13-17-20-25-29-31}	0.00048828
174	{30-26-23-19-8-13-17-21-29-31}	0.00097656
175	{30-26-23-19-8-13-17-22-27-31}	0.00097656
176	{30-28-24-20-17-13-9-19-23-27-31}	0.00048828
177	{30-28-21-17-13-9-19-23-27-31}	0.00097656
178	{30-26-22-17-13-9-19-23-27-31}	0.00097656
179	{30-26-23-19-9-13-17-20-25-29-31}	0.00048828
180	{30-26-23-19-9-13-17-21-29-31}	0.00097656
181	{30-26-23-19-9-13-17-22-27-31}	0.00097656
182	{30-28-24-20-17-13-18-23-27-31}	0.00097656
183	{30-28-21-17-13-18-23-27-31}	0.00195312
184	{30-26-22-17-13-18-23-27-31}	0.00195312
185	{30-26-23-18-13-17-20-25-29-31}	0.00097656
186	{30-26-23-18-13-17-21-29-31}	0.00195312
187	{30-26-23-18-13-17-22-27-31}	0.00195312
188	{30-28-24-20-17-21-29-31}	0.00415039
189	{30-28-24-20-17-22-27-31}	0.00415039
190	{30-28-21-17-20-25-29-31}	0.00415039
191	{30-28-21-17-22-27-31}	0.00830078
192	{30-26-22-17-20-25-29-31}	0.00415039
193	{30-26-22-17-21-29-31}	0.00830078
194	{30-28-24-20-25-29-31}	0.00842285
195	{30-28-21-29-31}	0.03369140
196	{30-26-22-27-31}	0.03369140
197	{30-26-23-27-31}	0.03613281
Total=0.240234375		

## REFERÊNCIAS

- Barros, L., Ferrentini, F., Nogueira, L., Alves, O.J.R., Rodrigues, R.R.J. e Abreu, H.F. (1989). Labor - Ambiente Integrado de Ferramentas de Software para Laboratórios de Ciência. *Anais do 9º Congresso da Sociedade Brasileira de Computação* (16-21 de julho, Uberlândia, MG). p. 498-509.
- Cardozo, E. (1988). Inteligência artificial em automação e controle. *Minicurso do 7º Congresso Brasileiro de Automática*. 15-19 de agosto, São José dos Campos, SP. p. 43-50.
- Casanova, M.A., Giorno, F.A. e Furtado, A.L. (1987). *Programação em lógica e a linguagem Prolog*. Edgard Blücher, São Paulo.

- Elandt-Johnson, R.C. (1971). *Probability Models and Statistical Methods in Genetics*. John Wiley & sons, New York.
- Falconer, D.S. (1986). *Introduction to Quantitative Genetics*. 2nd ed. Longman Scientific and Technical, New York.
- Kempthorne, O. (1963). *An Introduction to Genetic Statistics*. John Wiley & Sons, New York.
- Kowalski, R.A. (1979). *Logic for problem solving*. Artificial Intelligence Series, vol. 7. Elsevier, North Holland.
- Li, C.C. (1976). *A First Course in Population Genetics*. Boxwood Press, Pacific Grove.
- Malécot, G. (1966). *Probabilités et Hérité*, Cahier No. 47, Travaux et Documents, INED. Presses Universitaires de France, Paris.
- Wright, S. (1922). Coefficients of Inbreeding and Relationship. *Amer. Nat.* 56: 330-338.
- Yin, K.M. e Solomon, D. (1987). *Using Turbo Prolog*. Que Corporation, Indianapolis.

(Received January 14, 1991)