INFERÊNCIA SOBRE PARÂMETROS RELATIVOS À ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES COM DADOS DE FREQUÊNCIAS GÊNICAS

JOEL AUGUSTO MUNIZ
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. DECIO BARBIN

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade
de São Paulo, para obtenção do título de Doutor
em Agronomia, área de concentração: Estatística
e Experimentação Agronômica

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

SETEMBRO - 1994

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da
Divisão de Biblioteca e Documentação - FCLQ/USP

Muniz, Joel Augusto

M966i Inferência sobre parâmetros relativos à estrutura
genética de populações com dados de frequências gêni-
cas. Piracicaba, 1994.
224p.

Tese - ESALQ
Bibliografia.

1. Estatística experimental 2. Experimentação agri-
cola 3. Genética de população - Análise de variância
I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz,
Piracicaba

CDD 575.15
519.5
630.72

**INFERÊNCIA SOBRE PARÂMETROS RELATIVOS
À ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES
COM DADOS DE FREQUÊNCIAS GÊNICAS**

JOEL AUGUSTO MUNIZ

Aprovada em : 25. 11. 1994

Comissão julgadora

Prof. Dr. Décio Barbin

ESALQ/USP

Prof. Dra. Clarice Garcia Borges Demétrio

ESALQ/USP

Prof. Dr. Roland Vencovsky

ESALQ/USP

Prof. Dr. Evaristo Bianchini Sobrinho

FMVAJ/UNESP

Prof. Dr. Sérgio do Nascimento Kronka

FMVAJ/UNESP

Prof. Dr. DÉCIO BARBIN

Orientador

Aos meus pais e sogros: Cora e João, Vera (in memoriam) e Antônio, pelo exemplo de vida.

Ao meu irmão José Aurélio (in memoriam) pela pouca oportunidade que teve na vida.

Aos demais irmãos, cunhados e sobrinhos

OFEREÇO

À Orminda, minha esposa e aos
nossos filhos: Frederico e Fabiana

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Professor Dr. Décio Barbin pela eficiente e dedicada orientação, pela confiança e amizade.

Ao Professor Dr. Roland Vencovsky pelos ensinamentos e estímulos, pelo desprendimento e amor à Ciência, a quem mais devo este trabalho.

À minha esposa, Orminda, companheira carinhosa e paciente, pelo apoio, compreensão, força e garra oferecidos em todos os momentos.

À Escola Superior de Agricultura de Lavras e seu Departamento de Ciências Exatas, pela oportunidade de aperfeiçoamento.

À Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" e seu Departamento de Matemática e Estatística por possibilitarem a realização do Curso de Pós-Graduação.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES/PICD) pela bolsa de estudo concedida.

Aos Professores do Departamento de Matemática e Estatística da ESALQ/USP, pelos ensinamentos.

Aos funcionários do Departamento de Matemática e Estatística e do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pela atenção e amizade.

Aos colegas de curso: Amauri, Augusto, César, Eufrázio, Genex, Gilmar, Guideni, Joaquim, Paulo Cecon, Rosana, Rui, Samuel, Sônia e Tadeu pela agradável convivência.

Ao Professor Ruben Delly Veiga, chefe do Centro de Processamento de Dados da ESAL pelo apoio na simulação dos dados.

À Srta. Vera Lúcia de Oliveira pelos serviços de digitação.

A todos que, de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	ix
SUMMARY	xii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Parâmetros de variabilidade e diversidade genética.....	4
2.2. Estimação de parâmetros de variabilidade e diversidade genética	18
2.3. Estimação de parâmetros definidos como o quociente entre duas variáveis aleatórias	27
2.4. Teste de hipótese sobre os parâmetros de variabilidade e diversidade genética estimados através da análise de variância das frequências gênicas.....	43
3. MATERIAL E MÉTODOS	50
3.1. Modelo matemático e análise de variância	50
3.2. Estimação dos parâmetros genéticos	53
3.3. Média e variância dos estimadores	54
3.4. O teste F	54
3.5. Métodos e formas de simulação	55
3.6. Critérios de comparação.....	59

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	61
4.1. Amostras de indivíduos de uma população	61
4.1.1. Obtenção das esperanças dos quadrados médios na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população	61
4.1.2. Estimação do coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população	66
4.1.3. Estimação da taxa de fecundação cruzada na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população	67
4.1.4. Média e variância do estimador do coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população	68
4.1.5. Média e variância do estimador da taxa de fecundação cruzada na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população	95
4.1.6. Média e variância do estimador do coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população no caso de alelos múltiplos	115

4.1.7. O teste F para o coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população	139
4.2. Amostras de indivíduos de populações diferentes	188
4.2.1. Obtenção das esperanças dos quadrados médios na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes..	188
4.2.2. Estimação dos parâmetros genéticos análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes.....	191
4.2.3. Estimação da taxa de fecundação cruzada análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes	195
4.2.4. Média e variância dos estimadores dos parâmetros genéticos obtidos na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes	196
4.2.5. Média e variância do estimador da taxa de fecundação cruzada na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes	198
5. CONCLUSÕES.....	199
5.1. Análise das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população.....	199

5.2. Análise das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes	201
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	202
APÊNDICE.....	211

INFERÊNCIA SOBRE PARÂMETROS RELATIVOS À ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES COM DADOS DE FREQUÊNCIAS GÊNICAS

Autor: JOEL AUGUSTO MUNIZ

Orientador: PROF. DR. DÉCIO BARBIN

RESUMO

Com o objetivo de estudar a análise de variância de frequências gênicas visando a caracterização da estrutura genética de populações de indivíduos diplóides, estabeleceram-se as propriedades dos estimadores dos parâmetros genéticos obtidos pelo método dos momentos, bem como a distribuição do quociente entre quadrados médios tentando propor um critério para testar a nulidade do coeficiente de endogamia. Foram considerados os seguintes casos:

- a. análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população;
- b. análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes.

No estudo dos estimadores dos parâmetros genéticos, por se tratar, da estimação de quocientes entre variáveis aleatórias, utilizou-se a aproximação através do desenvolvimento de uma função em série de Taylor.

No caso de amostras de indivíduos de uma população, as expressões dos estimadores foram avaliadas numericamente utilizando-se os resultados da estimação em $N = 100$ experimentos simulados através do SAS ("Statistical Analysis System"), considerando-se amostras com $n = 10$, 20, 30, 50, 100 e 200 indivíduos, extraídas em 99 populações de dois alelos e em 110 populações de três alelos, com diferentes coeficientes de endogamia e frequências gênicas. Nas populações de três alelos, comparou-se ainda a estimação do coeficiente de endogamia obtida da média das estimativas de cada alelo e através da análise conjunta envolvendo os três alelos. No estudo da distribuição do quociente entre quadrados médios, os resultados foram avaliados numericamente utilizando-se os resultados da simulação de $N = 1000$ experimentos através do SAS, considerando-se 17 tamanhos diferentes de amostra entre 5 e 500 indivíduos em 19 populações não endogâmicas de dois alelos e 21 populações não endogâmicas de três alelos, com diferentes frequências gênicas.

Os estimadores do coeficiente de endogamia e da taxa de fecundação cruzada foram tendenciosos. As expressões das tendências apresentaram-se em função de $1/n$, tornando-se desprezíveis com o aumento de n . As fórmulas propostas para estimação da variância do estimador do coeficiente de endogamia e do estimador da taxa de fecundação cruzada apresentaram resultados satisfatórios quando o coeficiente de endogamia da população foi inferior a 0,5, a frequência gênica estava entre 0,3 e 0,7 e o tamanho da amostra superior a 30

indivíduos. A estimação do coeficiente de endogamia em populações com alelos múltiplos, usando a análise conjunta com todos os alelos foi menos tendenciosa que a estimação através da média das estimativas nas análises de cada alelo, embora apresentassem a mesma variância . O critério para testar a nulidade do coeficiente de endogamia mostrou-se válido usando-se: 30 indivíduos se a frequência gênica da população estiver entre 0,3 e 0,7 ; 50 indivíduos se a frequência gênica estiver entre 0,25 e 0,75 e 100 indivíduos se a frequência gênica estiver entre 0,2 e 0,8. No caso de três alelos o critério usando a análise conjunta foi bastante restrito, valendo apenas se a frequência de cada alelo não for menor que 0,2 , o número de indivíduos estiver entre 10 e 30 e o nível de significância for 0,01.

No caso de amostras de indivíduos de populações diferentes, os estimadores do coeficiente de endogamia de todos os indivíduos das populações, do coeficiente de endogamia dos indivíduos dentro das populações, do coeficiente de coancestria e da taxa de fecundação cruzada foram tendenciosos. As tendências dos estimadores dos coeficientes de endogamia foram negativas. As variâncias dos estimadores dos coeficientes de endogamia e da taxa de fecundação cruzada tiveram expressões semelhantes às fórmulas obtidas no caso de amostras de indivíduos de uma população.

INFERENCE UPON PARAMETERS CONCERNING THE GENETICAL STRUCTURE OF POPULATIONS WITH GENE FREQUENCY DATA

Author: JOEL AUGUSTO MUNIZ
Adviser: PROF. DR. DÉCIO BARBIN

SUMMARY

The purpose of this study was to investigate the analysis of variance of gene frequencies aiming to characterize the genetic structure of diploid populations. Properties of the genetic parameters estimators obtained by the method of moments and the distribution of ratios between mean squares were studied in order to propose a criterion to test the nullity of the inbreeding coefficient. The following cases were considered:

- a. analysis of variance of gene frequencies of samples from a single population.
- b. analysis of variance of gene frequencies of samples from different populations.

In studying the estimators of genetic parameters an approximation through the development of Taylor's function series was used.

In the case of samples of individuals from a population, the expressions of the estimators were numerically evaluated from one hundred experiments simulated through SAS (Statistical Analysis System) and

considering samples of 10, 20, 30, 50, 100 and 200 individuals extracted from 99 populations with two alleles and from 110 populations with three alleles, and different inbreeding coefficient and gene frequencies. In populations with three alleles the inbreeding coefficient estimated as the mean coefficient from the analysis for each allele, was compared with the inbreeding coefficient obtained from the joint analysis of variance for all three alleles. The distribution of ratios between mean squares was evaluated numerically from one thousand experiments simulated through SAS and considering 17 different sample sizes varying from 5 to 500 individuals from 19 non-inbred populations with two alleles and from 21 non-inbred populations with three alleles, and having different gene frequencies.

The estimators for the inbreeding coefficient and for the cross-fertilization rate were biased. The expressions for biases were functions of $1/n$ and became negligible as the sample size (n) increased. The formulae proposed for estimating the variance of estimators for the inbreeding coefficients and for the rate of cross-fertilization presented satisfactory results for populations with inbreeding coefficient lower than 0.5, gene frequencies varying from 0.3 and 0.7, and sample size greater than 30 individuals. The estimate of the inbreeding coefficient in populations with multiple alleles was least biased using the joint analysis of variance than the mean estimate obtained from the analysis of variance for each allele, though they presented the same variance. The criterion for testing nullity of the inbreeding coefficient proved to be valid for

populations with sample size of 30 individuals and gene frequencies between 0.30 and 0.70 , or 50 individuals with gene frequencies between 0.25 and 0.75 or 100 individuals if gene frequencies were between 0.20 and 0.80 . In populations with three alleles the criterion using the joint analysis of variance proved to be highly restricted, being valid only if any allele has frequency not smaller than 0.20 , the sample size is between 10 and 30 individuals and significance level is 0.01 .

In the case of samples from different populations the estimators for the inbreeding coefficient of all individuals in the populations, for the inbreeding coefficient of individuals within the populations, for the coefficient of coancestry and of the rate of cross-fertilization were biased. The biases of the estimators for the inbreeding coefficients were negative. Expressions for the variances of the estimators of the inbreeding coefficient and of the rate of cross-fertilization were similar to those obtained from samples taken from a single population.

1. INTRODUÇÃO

O conhecimento da estrutura genética de populações fornece importantes subsídios para o entendimento da dinâmica evolutiva destas populações.

No melhoramento de plantas, é importante conhecer o máximo de fontes de variabilidade genética visando atingir o objetivo básico de reunir em um só indivíduo, as características de alta produção e outros caracteres agronômicos de interesse. O melhorista conta com a variabilidade genética da espécie como o principal meio para ampliar a potencialidade de cultivo, nas diversas condições de clima e solo.

Nas últimas décadas a técnica de eletroforese de enzimas tem sido utilizada para estudar a variação genética existente tanto em plantas como em animais. Segundo MORAES (1993), a separação de isoenzimas por eletroforese é uma técnica poderosa com grande abrangência de aplicação nas diversas áreas da biologia devido à simplificação da infraestrutura necessária à sua utilização e ao tempo gasto nas análises para obtenção dos resultados. Seu uso tem sido ferramenta auxiliar nos estudos de genética e melhoramento de plantas com aplicações entre outras, nas áreas de genética de populações, identificação de cultivares e genética evolutiva. A eletroforese de enzimas permite a separação dos produtos de alelos de um mesmo gene possibilitando a

caracterização de um indivíduo pelo seu genótipo representado por uma amostra de genes.

A variância é uma propriedade importante das frequências gênicas e sua análise permite descrever eficientemente a estrutura de populações quando se dispõe de dados de marcadores bioquímicos ou moleculares (VENCOVSKY, 1992). A técnica de análise com os dados obtidos de marcadores considera a variável indicadora x , que vale um quando um dado alelo, por exemplo A_1 de um loco, está no indivíduo, e vale zero quando este alelo está ausente, e presente por exemplo $A_2, A_3, \dots, A_n$. A análise de variância é realizada de acordo com o procedimento clássico da Estatística Experimental, associando-se um modelo de acordo com a estrutura do problema e estimando-se os parâmetros genéticos afins. No processo de inferência, a respeito dos parâmetros genéticos envolvidos no modelo, existem algumas dificuldades pois a variável indicadora não tem distribuição normal e em consequência, o quociente entre dois quadrados médios na análise de variância não terá uma distribuição F (WEIR, 1990).

Visando estudar a análise de variância de frequências gênicas para a caracterização da estrutura genética de populações no caso de indivíduos diplóides, o presente trabalho teve os seguintes objetivos:

- a. estabelecer as propriedades dos estimadores do coeficiente de endogamia e da taxa aparente de fecundação cruzada, na análise de

variância de uma amostra de indivíduos de uma população com dois ou mais alelos.

- b. estabelecer as propriedades dos estimadores dos coeficientes de endogamia e de coancestria e da taxa aparente de fecundação cruzada, na análise de variância de uma amostra de indivíduos de populações diferentes.
- c. conhecer a distribuição do quociente entre os quadrados médios, para verificar a validade do teste F para testar o coeficiente de endogamia, no caso de uma amostra de indivíduos de uma população.
- d. comprovar numericamente, através da simulação de dados considerando diferentes combinações de números de indivíduos e frequência gênicas, os resultados obtidos no caso de uma amostra de indivíduos de uma população com dois ou mais alelos.

2 . REVISÃO DE LITERATURA

A estimação de parâmetros genéticos com dados de frequências gênicas é uma técnica relativamente recente, apresentando poucos trabalhos na literatura .

2.1. Parâmetros de variabilidade e diversidade genética

Endogamia, variância das frequências gênicas e seus correspondentes tamanhos efetivos de população são termos comuns no estudo de genética de populações. Os conceitos e a maior parte da teoria se devem aos trabalhos clássicos desenvolvidos por Fisher e Wright (COCKERHAM, 1969).

FALCONER(1964) e HARTL & CLARK(1989) definem endogamia como o acasalamento entre indivíduos que são relacionados por ascendência, tendo como primeiro efeito uma mudança nas frequências genotípicas de Hardy-Weinberg devido a um aumento na frequência de genótipos homozigóticos à custa da frequência de genótipos heterozigóticos. O coeficiente F , de endogamia, segundo os autores, mede a probabilidade de dois genes em qualquer loco, num indivíduo, serem idênticos por ascendência, isto é, de os genes serem originados da cópia de um gene apenas numa geração anterior.

HARTL & CLARK (1989) afirmam que existem duas interpretações a serem dadas ao coeficiente de endogamia. Quando F for utilizado em modelos para prever frequências genotípicas, então ele é um parâmetro assumido como conhecido e sem erro. Por outro lado, quando F for estimado numa população, ele é um estimador estatístico e assim representa uma descrição de uma observação. Em termos biológicos, F mede a redução fracionária na heterozigosidade, em relação a uma população de acasalamento aleatório com a mesma frequência alélica. No caso de um loco com dois alelos, as frequências genotípicas de AA , Aa e aa podem ser expressas em relação ao coeficiente de endogamia pela expressão

$$(1-F)(p^2, 2pq, q^2) + F(p, 0, q).$$

SOUZA JÚNIOR (1989) apresenta o seguinte quadro sintetizando a estrutura genotípica de uma população no caso de um loco com dois alelos:

Genótipos	Frequências Genotípicas		
	$F = F$	$F = 0$	$F = 1$
AA	$p^2 + pqF$	p^2	p
Aa	$2pq - 2pqF$	$2pq$	0
aa	$q^2 + pqF$	q^2	q

O quadro facilita as comparações com as frequências genotípicas no princípio de Hardy-Weinberg. Quando $F = 0$, o que representa acasalamento aleatório ou ausência de endogamia, as frequências genotípicas estarão nas proporções de Hardy-Weinberg. Quando $F = 1$, o que representa endogamia total, a população terá somente genótipos homozigóticos AA e aa nas frequências p e q .

O autor mostra ainda um esquema de uma população inicial não endogâmica, apresentando a estrutura genética desta população sob autofecundações sucessivas para um loco com os alelos A_i e A_j . Excluindo-se a geração zero e a geração infinito, a população fica dividida em duas classes a saber: indivíduos endogâmicos (homozigotos A_iA_i e A_jA_j) e não endogâmicos (heterozigotos A_iA_j). Em cada geração a probabilidade de o indivíduo ser heterozigótico é $(1/2)^g$ e de ser homozigótico é $1-(1/2)^g$. Portanto, numa geração g qualquer, o coeficiente de endogamia é dado por

$$F_g = 1 - (1/2)^g.$$

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) afirmam que a endogamia é uma descrição dos zigotos e não dos gametas, sendo determinada pela porcentagem de homozigose no zigoto.

WRIGHT (1965) discute o relacionamento entre gametas mostrando o significado do coeficiente de endogamia e de parâmetros similares relacionados a pares de gametas em geral, realçando o fato de que eles podem sempre ser interpretados tanto como coeficientes de correlação, quanto como probabilidade de identidade de genes de mesma origem. No caso de populações naturais hierarquicamente subdivididas, três parâmetros de descrição ou índices de fixação foram propostos em termos de população total (T), de subpopulações(S) e de indivíduos (I). Os parâmetros são os seguintes:

- (i) F_{IT} - representa a correlação entre os gametas que se unem para produzir os indivíduos em relação aos gametas da população total.
- (ii) F_{IS} - representa a média das correlações, sendo cada uma delas proveniente dos gametas que se unem em cada subpopulação em relação aos gametas desta subpopulação.
- (iii) F_{ST} - representa a correlação entre os gametas ao acaso dentro das subpopulações em relação aos gametas da população total.

O parâmetro F_{IT} reúne informações dos outros dois parâmetros, existindo a seguinte relação

$$1-F_{IT} = (1-F_{IS})(1-F_{ST}).$$

COCKERHAM(1969) utiliza as diversas correlações como medidas de probabilidades de identidade por descendência, tomando por base a análise de variância das frequências gênicas em populações experimentais ou naturais. Para tanto, considera o modelo linear

$$x_{kij} = p + a_k + b_{ki} + w_{kij}$$

sendo:

x_{kij} o valor observado do gene j , do indivíduo i , pertencente ao grupo

k , que vale 1 se o alelo é A e vale 0 se o alelo é a ;

p uma constante associada a todas observações ;

a_k o efeito do grupo k ;

b_{ki} o efeito do indivíduo i dentro do grupo k ;

w_{kij} o efeito do gene j dentro de cada indivíduo .

Os parâmetros a_k , b_{ki} e w_{kij} são todos aleatórios e não correlacionados e têm variâncias σ_a^2 , σ_b^2 e σ_w^2 , respectivamente.

De acordo com o modelo, as esperanças matemáticas dos quadrados dos termos são os seguintes:

$$\begin{aligned}
E[x_{kij} x_{k'ij'}] &= p^2 + \sigma^2 \quad \text{se } k = k', i = i' \text{ e } j = j' ; \\
&= p^2 + \text{Cov}_{ab} \quad \text{se } k = k', i = i' \text{ e } j \neq j' ; \\
&= p^2 + \text{Cov}_a \quad \text{se } k = k', i \neq i' \text{ e } j = j' ; \\
&= p^2 + \text{Cov}_b \quad \text{se } k \neq k' \text{ e } i = i' \text{ e } j = j' .
\end{aligned}$$

Considerando-se os grupos não correlacionados, $\text{Cov}_g = 0$ e parametricamente em termos de correlações tem-se:

$$\sigma^2 = p(1-p) \quad , \quad \text{Cov}_{ab} = \rho_{ab} p(1-p) \quad , \quad \text{Cov}_a = \rho_a p(1-p) \quad .$$

As correlações ρ_a e ρ_{ab} estão associadas aos componentes de variância da seguinte maneira:

$$\begin{aligned}
(1 - \rho_{ab}) p(1-p) &= \sigma_w^2 \quad , \\
(\rho_{ab} - \rho_a) p(1-p) &= \sigma_b^2 \quad , \\
\rho_a p(1-p) &= \sigma_a^2
\end{aligned}$$

e portanto
$$\sigma^2 = \sigma_w^2 + \sigma_b^2 + \sigma_a^2 = p(1-p).$$

Percebe-se, então, que as correlações intraclasse, as covariâncias e os componentes de variância, embora de diferentes formas, representam parametrizações equivalentes.

COCKERHAM (1969) afirma que se a variação se origina inteiramente devido à deriva e ao sistema de acasalamento, então os resultados podem ser expressos em termos de F e $\bar{\theta}$, sendo que a barra

sobre θ quer enfatizar que se trata de uma medida global . Assim , a correlação entre frequências gênicas de diferentes indivíduos no mesmo grupo é

$$\rho_a = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_w^2 + \sigma_b^2 + \sigma_a^2} = \bar{\theta} ,$$

entre genes dentro de indivíduos de diferentes grupos é

$$\rho_{ab} = \frac{\sigma_b^2 + \sigma_a^2}{\sigma_w^2 + \sigma_b^2 + \sigma_a^2} = F$$

e entre genes dentro de indivíduos dentro de grupos é

$$\rho_b = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_w^2 + \sigma_b^2} = \frac{F - \bar{\theta}}{1 - \bar{\theta}} .$$

Percebe-se a equivalência entre as correlações propostas por COCKERHAM (1969) e os índices de fixação apresentados por WRIGHT (1965), isto é,

$$\rho_a = F_{ST} , \rho_{ab} = F_{IT} \text{ e } \rho_b = F_{IS} .$$

COCKERHAM (1973) afirma que uma dificuldade em se relacionarem as correlações com a teoria geral envolvendo componentes de variância como usualmente apresentado, é que por hipótese, não se admitem valores negativos para componentes de variância, enquanto as correlações podem ser negativas.

VENCOVSKY (1993) mostra para o caso de um loco com dois alelos, que F é o coeficiente de correlação entre os genes. Para tanto, utilizando a variável indicadora $x = 1$, se o gene é A , e $x = 0$, se o gene é a , considera o quadro que se segue:

Genótipos	x_1	x_2	Frequência (f)	Produto (x_1x_2)
AA	1	1	$p^2 + Fpq$	1
Aa	1	0	$pq(1-F)$	0
aA	0	1	$pq(1-F)$	0
aa	0	0	$q^2 + Fpq$	0

Para estes dados, tem-se:

$$\sum f = 1, \quad \sum f x_1 x_2 = p^2 + Fpq, \quad \sum f x_1 = p$$

$$\sum f x_2 = p, \quad \sum f x_1^2 = p, \quad (\sum f x_1)^2 = p^2.$$

Assim,

$$\text{Cov}(x_1, x_2) = \frac{1}{\sum f} \left[\sum f x_1 x_2 - \frac{(\sum f x_1)(\sum f x_2)}{\sum f} \right] = Fpq ,$$

$$\sigma_{x_1}^2 = \frac{1}{\sum f} \left[\sum f x_1^2 - \frac{(\sum f x_1)^2}{\sum f} \right] = pq = \sigma_{x_2}^2 .$$

Portanto,

$$\rho(x_1, x_2) = \frac{\text{Cov}(x_1, x_2)}{\sigma_{x_1} \sigma_{x_2}} = \frac{Fpq}{\sqrt{pq \cdot pq}} = F ,$$

confirmando que o coeficiente de endogamia F é realmente o coeficiente de correlação entre os genes.

HARTL & CLARK (1989) discutem a equivalência entre endogamia e correlação. Quando não existe endogamia, $F = 0$ e $\rho = 0$. Se a endogamia é total, $F = 1$ e $\rho = 1$, pois os gametas são idênticos por descendência, sendo absolutamente correlacionados. WRIGHT (1965) enfatiza a importante diferença de interpretação dos parâmetros na discriminação da estrutura de populações. A definição de endogamia como correlação na união de gametas deve ser preferida em relação a probabilidade de autozigosidade, pois por definição a correlação pode ser

negativa como o coeficiente de endogamia ao contrário dos valores de probabilidade que são sempre positivos entre 0 e 1.

COCKERHAM (1973) afirma que, conforme discutido em FISHER (1970) o menor valor que a correlação intraclasse pode assumir num esquema de hierarquização simples é

$$-\frac{1}{k-1},$$

onde k representa o número de elementos na classe. Considerando-se k=2 o número de genes nos indivíduos, percebe-se que o menor valor que a correlação entre genes pode assumir é -1. SANTOS & ALBIERI (1982) mostram que o coeficiente de correlação intraclasse, no caso de conglomerados de tamanhos iguais se situa - se no intervalo

$$\left(-\frac{1}{k-1}, 1\right).$$

WEIR & COCKERHAM (1984) consideram, para o caso de um dos alelos de um loco, as seguintes definições e notações: F , a correlação entre genes dentro de indivíduos ou endogamia; θ , a correlação entre genes de diferentes indivíduos da mesma população ou coancestria e f , a correlação entre genes dentro de indivíduos dentro de populações. Os três parâmetros correspondem às estatísticas F de WRIGHT da seguinte forma

$$F = F_{IT} \quad , \quad \theta = F_{ST} \quad e \quad f = F_{IS};$$

estando relacionados por

$$f = \frac{F - \theta}{1 - \theta}.$$

LONG (1986) estima as estatísticas F para dois grupos tribais vizinhos Gainj e Kalam na Nova Guiné, que constituam duas populações linguisticamente diferentes mas culturalmente e ecologicamente bastante similares. O autor considera o modelo hierárquico com os genes estratificados em três níveis a saber: indivíduos, subdivisões e população total e afirma que o modelo com as estatísticas F é pertinente a uma população natural hierarquicamente subdividida em que as correlações podem se originar como consequência de uma diversidade do processo evolucionário.

COCKERHAM & WEIR (1983) apontam os coeficientes de endogamia e de coancestria bem como outras medidas de identidade por descendência dos genes, como parâmetros importantes em genética quantitativa e de populações. Estes parâmetros são úteis para informar sobre homozigosidade, deriva, endogamia e variação quantitativa. O cálculo dos coeficientes de endogamia e de coancestria a partir de linhagens e do conhecimento do sistema de acasalamento e do tamanho da população levam a valores esperados em torno dos quais as identidades reais se diversificam através dos descendentes. É importante saber a extensão através da qual o conceito de "real" e "esperado" se correspondem.

REYNOLDS et al. (1983) usam o coeficiente de coancestria θ como base para uma medida da distância genética da evolução a curto prazo, quando a divergência entre populações com um ancestral comum pode ser considerada como sendo exclusivamente devido à deriva. As distâncias baseadas no coeficiente de coancestria são consideradas como medidas da divergência entre as populações apenas pela deriva.

NEI (1973) discute um método no qual a diversidade genética de uma população subdividida pode ser analisada em seus componentes, isto é, a diversidade entre e dentro de subpopulações. O método é aplicado para qualquer população sem considerar o número de alelos por loco, as forças padrões de evolução tais como mutação, seleção e migração, além do sistema de reprodução e do tipo de organismo considerado. O método se baseia na identidade de duas amostras de genes dentro e entre populações. No caso de um loco, a frequência do alelo k na população é x_k . Assim, a probabilidade de identidade de dois genes escolhidos aleatoriamente é dada por

$$J = \sum_k x_k^2,$$

enquanto que a probabilidade de não identidade é

$$H = 1 - J,$$

chamada de heterozigosidade. O autor, entretanto, considera este termo impróprio para o caso de uma população com acasalamento não aleatório preferindo adotar a palavra diversidade.

No caso de uma população subdividida em s subpopulações pode-se estabelecer a relação

$$J_T = J_S - D_{ST}$$

em que J_T e J_S são, respectivamente, as identidades genéticas médias total e dentro das subpopulações e D_{ST} é a diversidade genética média entre subpopulações.

A diversidade genética média na população total pode ser desdobrada nas diversidades médias dentro e entre subpopulações de acordo com a seguinte expressão

$$H_T = H_S + D_{ST},$$

sendo $H_T = 1 - J_T$ e $H_S = 1 - J_S$.

A diversidade entre subpopulações relativa à população total é obtida por

$$G_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_T},$$

portanto as expressões apresentadas permitem obter a relação

$$1 - J_S = (1 - G_{ST})(1 - J_T)$$

que é uma expressão análoga àquela apresentada por WRIGHT (1965) para as estatísticas F , diferindo apenas no enfoque das interpretações. Na expressão de WRIGHT (1965), F_{IS} e F_{IT} medem os desvios das frequências genótípicas em relação às proporções de Hardy - Weinberg. Na expressão de NEI (1973), J_S e J_T são identidades genéticas. Além disso, F_{IS} e F_{IT} podem assumir valores negativos, enquanto que J_S , J_T e G_{ST} são todos não negativos.

NEI (1977) estende a idéia de seu trabalho anterior e mostra que as estatísticas F não precisam ser definidas como correlação entre gametas, podendo ser definidas como uma função da heterozigosidade esperada e observada. Os parâmetros definidos desta forma podem ser utilizados em qualquer situação, havendo ou não seleção, e sem qualquer questionamento sobre quantos alelos estão segregando num loco. Os índices de fixação estabelecidos na população são dados por

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_O}{H_S}, \quad F_{IT} = \frac{H_T - H_O}{H_T}, \quad F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

sendo H_S a heterozigosidade esperada, H_O a heterozigosidade observada e

$$H_T = 1 - \sum p_k^2.$$

O índice F_{ST} é idêntico ao coeficiente de diferenciação genética, G_{ST} definido em NEI (1973).

VENCOVSKY (1993) discute os índices propostos por NEI (1973) ilustrando os resultados através de um exemplo numérico envolvendo três alelos.

2.2. Estimação de parâmetros de variabilidade e diversidade genética

VENCOVSKY (1992) descreve a técnica de análise de variância com frequências gênicas, quando os dados estão organizados em progênies e discute sua utilização para descrever a estrutura genética de populações. O autor admite dados de marcadores colhidos numa estrutura hierárquica a saber.

- (i) Uma ou mais populações de uma espécie são tomadas para o estudo ;
- (ii) Colhem-se sementes de plantas-mãe, que são mantidas separadamente constituindo progênies;
- (iii) Os marcadores são pesquisados planta a planta, permitindo-se um número arbitrário de locos e de alelos por loco.

De acordo com o autor, considerando-se a frequência da variável indicadora x que vale um, quando um dado alelo, por exemplo A_1 , de um loco está na planta e vale zero quando este alelo está ausente, e presente por exemplo $A_2, A_3, \dots, A_n$. Considerando-se ainda r populações,

m progênies por população, n plantas por progênie e dois genes de um dado loco por planta, tem-se o seguinte modelo hierárquico para cada frequência alélica:

$$y_{ljk} = \mu + p_i + f_{j(i)} + i_{k(j)} + g_{l(jk)}$$

sendo:

y_{ljk} a frequência do gene l, dentro do indivíduo k, da família j, pertencente à população i;

μ uma constante associada a todas observações;

p_i o efeito da população i, com $i = 1, 2, \dots, r$;

$f_{j(i)}$ o efeito da família j dentro da população i, com $j = 1, 2, \dots, m$;

$i_{k(j)}$ o efeito do indivíduo k dentro da família j e da população i, com $k = 1, 2, \dots, n$;

$g_{l(jk)}$ o efeito do gene l dentro do indivíduo k, dentro da família j e da população i, com $l = 1, 2$.

Este modelo, segundo o autor, é aleatório conforme COCKERHAM (1969), o que pressupõe que todas as entidades da estrutura hierárquica são obtidas por amostragem no estudo. Geneticamente este modelo admite que a diversidade entre as populações foi, fundamentalmente, provocada por deriva genética ocorrida nas

gerações passadas. O esquema da análise de variância para o modelo é o da Tabela 1.

Tabela 1. Análise de variância das frequências (variável x) de um alelo de um loco.

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Populações (P)	$r - 1$	S_P	Q_P	$\sigma_G^2 + 2\sigma_I^2 + 2n\sigma_F^2 + 2rm\sigma_P^2$
Família (F)/P	$r(m-1)$	S_F	Q_F	$\sigma_G^2 + 2\sigma_I^2 + 2n\sigma_F^2$
Indivíduos (I)/F	$r m (n-1)$	S_I	Q_I	$\sigma_G^2 + 2\sigma_I^2$
Genes / I	rmn	S_G	Q_G	σ_G^2
Total	$2rmn - 1$	S_T		

Havendo g locos com u alelos cada um, ou com um número variável de alelos, procede-se a gu análises de variância da variável x ou a $\sum u$ análises.

Em cada análise, a variância total da frequência alélica para o alelo em questão é dada por

$$\sigma_T^2 = \sigma_P^2 + \sigma_F^2 + \sigma_I^2 + \sigma_G^2 = p(1-p)$$

sendo:

σ_p^2 a variância entre populações,

σ_F^2 a variância entre famílias,

σ_I^2 a variância entre indivíduos,

σ_G^2 a variância entre genes e

σ_T^2 a variância total, que corresponde à soma de todas as variâncias.

O autor mostra ainda as seguintes relações paramétricas:

$$\sigma_p^2 = p(1-p)\theta_2,$$

$$\sigma_F^2 = p(1-p)(\theta_1 - \theta_2),$$

$$\sigma_I^2 = p(1-p)(F - \theta_1),$$

$$\sigma_G^2 = p(1-p)(1 - F),$$

$$f = \frac{F - \theta_2}{1 - \theta_2},$$

sendo:

p a frequência de um gene em um determinado loco;

F o coeficiente médio de endogamia de todas as plantas nas populações analisadas, ao nível de espécie;

f o coeficiente médio de endogamia dentro das populações;

θ_1 o coeficiente de parentesco das plantas dentro das famílias;

θ_2 a medida da distância genética entre as populações estudadas, correspondendo também ao parentesco entre as plantas de famílias diferentes dentro das populações.

As taxas aparentes de autofecundação, s , ou de fecundação cruzada, t , relacionam-se com f como segue:

$$f = \frac{s}{2 - s} = \frac{1 - t}{1 + t}$$

o que é válido quando as populações estão em equilíbrio de WRIGHT, isto é, em equilíbrio com endocruzamento.

A partir da análise de variância apresentada na Tabela 1, o método dos momentos pode ser empregado para obter as estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos, fornecendo as expressões seguintes:

$$\begin{aligned}
\hat{\sigma}_P^2 &= \frac{1}{2mn} [Q_P - Q_F] , \\
\hat{\sigma}_F^2 &= \frac{1}{2n} [Q_F - Q_I] , \\
\hat{\sigma}_I^2 &= \frac{1}{2} [Q_I - Q_G] , \\
\hat{\sigma}_G^2 &= Q_G , \\
\hat{\theta}_2 &= \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\hat{\sigma}_T^2} , \\
\hat{\theta}_1 - \hat{\theta}_2 &= \frac{\hat{\sigma}_F^2}{\hat{\sigma}_T^2} , \\
\hat{F} - \hat{\theta}_1 &= \frac{\hat{\sigma}_I^2}{\hat{\sigma}_T^2} \quad e \\
1 - \hat{F} &= \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_T^2} .
\end{aligned}$$

Na obtenção das estimativas, envolvendo quocientes usa-se a aproximação que considera a estimativa do quociente como sendo o quociente das estimativas. A estimativa da taxa aparente de fecundação cruzada segundo o autor é obtida por

$$\hat{t} = \frac{1 - \hat{f}}{1 + \hat{f}} .$$

MORAES (1993) discute a técnica de eletroforese e a caracterização de isoenzimas, apresentando um organograma que mostra todas as etapas de uma análise eletroforética desde a escolha e coleta das amostras, passando pela interpretação genética dos fenótipos enzimáticos

apresentados nos zimogramas, o que permite a obtenção dos dados das frequências alélicas para análise de variância e estimação dos parâmetros genéticos.

WEIR (1990) aborda a técnica de análise de variância com frequências gênicas para organismos haplóides e diplóides. No caso de diplóides são apresentados modelos hierárquicos com até quatro níveis de hierarquia.

MORAES (1992), estuda a variabilidade genética em populações naturais de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* FF & MF), comparando a divergência genética entre as populações através da técnica de eletroforese e por caracteres quantitativos. São avaliadas duas populações, utilizando-se 25 famílias de uma população e 26 de outra, e 20 indivíduos de cada família. Os dados de frequências gênicas são analisados segundo um modelo de classificação hierárquica desbalanceado com três níveis de hierarquia. Os parâmetros de variabilidade genética são estimados mostrando expressiva endogamia e baixa taxa aparente de fertilização cruzada nas populações. O autor encontra ainda maior variabilidade genética dentro do que entre as populações.

PAIVA (1992) avalia a variabilidade enzimática em populações naturais de seringueira (*Hevea brasilienses* Willd ex Adr de Juss) para fazer inferências sobre a estrutura genética dessas populações procurando orientar o processo de amostragem na coleta e conservação de germoplasma. São estudadas duas populações envolvendo 53 famílias,

utilizando 30 indivíduos de cada família. A variabilidade e diversidade genética das populações é determinada usando para cada alelo identificado uma análise de variância de acordo com um modelo desbalanceado em classificação hierárquica com três níveis de hierarquia. Os resultados mostram que as duas populações apresentam distâncias genéticas bem semelhantes.

MORI (1993) estuda a variabilidade isoenzimática em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden com diferentes intensidades de seleção, quantificando a variabilidade genética através de uma análise de variância semelhante às apresentadas por PAIVA (1992) e MORAES (1992). Os resultados mostram pequena distância genética entre subpopulações, havendo fixação de alelos em locos originalmente polimórficos na subpopulação composta por menor número de clones.

Se um loco tem apenas dois alelos, somente um deles deve ser utilizado para estimar os parâmetros através da análise de variância proposta por WEIR (1990) e VENCovsky (1992), pois a análise em relação a qualquer entre dois alelos é sempre a mesma. No caso de u alelos de um loco haverá u análises de variância e, em consequência, u estimativas dos parâmetros. Para estimar o coeficiente de coancestria, θ , REYNOLDS et al. (1983) sugerem, no caso de u alelos, obter um estimador médio sobre todos alelos, por dois métodos. Seja um determinado alelo k para o qual o estimador de θ , é dado por

$$\hat{\theta}_k = \frac{a_k}{a_k + b_k} ,$$

o primeiro método consiste em obter uma média aritmética sobre todos alelos dada por

$$\hat{\theta}_u = \frac{1}{u} \sum \hat{\theta}_k ,$$

enquanto que o segundo método propõe uma média somando-se numerador e denominador dos estimadores individuais, isto é,

$$\hat{\theta}_w = \frac{\sum a_k}{\sum (a_k + b_k)} .$$

WEIR & COCKERHAM (1984) afirmam que o primeiro método não é tão satisfatório quanto o segundo, e que no caso de mais de um loco o conceito se generaliza.

REYNOLDS et al. (1983) concluem que o estimador médio nos dois casos só é imparcial se for considerado que a esperança matemática de uma razão é a razão das esperanças matemáticas, o que não é verdade.

WEIR (1990) propõe também a utilização dos métodos de reamostragem numérica conforme discutido em EFRON (1982) como meio para se fazerem inferências sobre os parâmetros associados às frequências gênicas de populações, através das frequências amostrais.

Estes métodos conhecidos por Jackknife e Bootstrap, possibilitam estimar variâncias e construir intervalos de confiança.

2.3. Estimação de parâmetros definidos como o quociente entre duas variáveis aleatórias

De acordo com SUTHERLAND (1965), o autor que primeiro estuda a variância de uma razão é Pearson em 1897, propondo uma fórmula aproximada para a variância da razão x_1/x_2 , quando momentos superiores ao de segunda ordem são desprezados, dada por

$$\text{Var} \left(\frac{x_1}{x_2} \right) \approx \left(\frac{\bar{x}_1}{\bar{x}_2} \right)^2 (c_1^2 + c_2^2 - 2r_{12} c_1 c_2)$$

sendo:

$\bar{x}_i$ a média da variável x_i ,

r_{12} o coeficiente de correlação entre x_1 e x_2 e

c_i o coeficiente de variação da variável x_i .

Em seu estudo o autor aplica a sugestão de Pearson para encontrar a variância genética da razão x_1/x_2 . Sendo h_i^2 a herdabilidade de x_i , r_{Gij} a correlação genética entre x_i e x_j e c_i o coeficiente de variação de x_i , então a variância genética de x_1/x_2 pode ser escrita por:

$$(\bar{x}_1/\bar{x}_2)^2 (h_1^2 c_1^2 + h_2^2 c_2^2 - 2r_{G12} h_1 h_2 c_1 c_2)$$

e em consequência, a herdabilidade da razão, ou a razão entre a variância genética e a variância fenotípica pode ser expressa como:

$$h_{\bar{x}_1/\bar{x}_2}^2 = \frac{h_1^2 c_1^2 + h_2^2 c_2^2 - 2r_{G12} h_1 h_2 c_1 c_2}{c_1^2 + c_2^2 - 2r_{12} c_1 c_2}$$

Todos os trabalhos que desenvolvem expressões aproximadas para a variância de um quociente entre variáveis aleatórias baseiam-se no estudo da aproximação de uma função através da expansão em série de Taylor. Para tanto, é importante entender o comportamento de seqüências de números reais $\{a_n\}_{n \geq 1}$ e $\{b_n\}_{n \geq 1}$, quando n tende ao infinito, conhecendo-se as ordens de magnitude destas seqüências, o que exige a compreensão da notação $O(\cdot)$ e $o(\cdot)$ e sua aplicação (LEITE & SINGER, 1990).

De acordo com os autores, se $\{a_n\}_{n \geq 1}$ e $\{b_n\}_{n \geq 1}$ são seqüências de números reais, então:

(i) $a_n = O(b_n)$ se existirem um número real $k > 0$ e um número inteiro positivo $n_0 = n_0(k)$ tal que

$$|a_n / b_n| \leq k, \forall n \geq n_0;$$

(ii) $a_n = o(b_n)$ se para todo $\varepsilon > 0$ existir um número inteiro positivo $n_0 = n_0(\varepsilon)$ tal que

$$| a_n / b_n | < \varepsilon, \forall n \geq n_0 .$$

Em outros termos, $a_n = O(b_n)$ se a razão $| a_n / b_n |$ for limitada para todo n suficientemente grande e $a_n = o(b_n)$ se

$$a_n / b_n \longrightarrow 0 \text{ quando } n \longrightarrow \infty .$$

Segundo LEITE & SINGER (1990), dentre as várias maneiras de aproximar uma função f por um polinômio, a que mais interessa corresponde ao caso em que:

- (i) f coincide com o polinômio em um determinado ponto x_0 ;
- (ii) a k -ésima derivada de f coincide com a k -ésima derivada do polinômio no ponto x_0 , $k = 1, 2, \dots, n$.

Assim, sendo f uma função derivável até a ordem n em um ponto x_0 , o polinômio de Taylor, de ordem n , de f em torno de x_0 , é

$$P(x) = \sum_{k=0}^n \frac{f^{(k)}(x_0)}{k!} (x - x_0)^k .$$

Então, para todo $x \in Df$, $P_n(x) = f(x) - P(x)$ é o resto ou o erro de aproximação de $f(x)$ por $P(x)$. Portanto, se f for derivável até a ordem n em um ponto x_0 , tem-se:

$$f(x) = \sum_{k=0}^n \frac{f^{(k)}(x_0)}{k!} (x - x_0)^k + R_n(x)$$

que é chamada de fórmula de Taylor com resto R_n , de f em torno de x_0 , onde $R_n(x)$ é tal que

$$R_n(x) = o((x - x_0)^n) \text{ quando } x \rightarrow x_0.$$

Em consequência, a função $f(x)$ pode ser escrita como:

$$f(x) = \sum_{k=0}^n \frac{f^{(k)}(x_0)}{k!} (x - x_0)^k + o((x - x_0)^n).$$

Como R_n também é tal que $R_n(x) = O((x - x_0)^n)$ a fórmula de Taylor pode também ser escrita como

$$f(x) = \sum_{k=0}^n \frac{f^{(k)}(x_0)}{k!} (x - x_0)^k + O((x - x_0)^n).$$

Finalmente, conclui-se que, se uma função real f , definida em algum intervalo aberto em torno de um ponto x_0 , tem derivadas de todas as ordens nesse intervalo, a série de Taylor de f em torno de x_0 é:

$$\sum_{k=0}^{\infty} \frac{f^{(k)}(x_0)}{k!} (x - x_0)^k = f(x_0) + \sum_{k=1}^{\infty} \frac{f^{(k)}(x_0)}{k!} (x - x_0)^k.$$

De acordo com KENDALL & STUART (1963), supondo que x_i tenha média θ_i e variância de ordem n^{-1} e que g

tenha média e variância finitas, então se g é diferenciável para $x_i = \theta_i$, tem-se escrevendo $\partial g / \partial \theta_i$ por $\partial g / \partial x_i$ para $x_i = \theta_i$,

$$\Delta g = \sum_{i=1}^k \frac{\partial g}{\partial \theta_i} \Delta x_i + O(\Delta x)^2$$

em que os x_i são tomados em seus valores esperados.

Com amostras grandes, a esperança de $(\Delta x)^2$ é $O(1)$. Então tem-se, para primeira ordem, uma vez que $E(\Delta x_i) = 0$,

$$E[\Delta g] = 0.$$

Portanto o valor médio de g é $g(\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_k)$.

Se as derivadas não são nulas, tem-se também para a primeira ordem,

$$\text{Var}[g] = E\left[\sum \frac{\partial g}{\partial \theta_i} \Delta x_i\right]^2 = \sum_{i,j}^k \left[\frac{\partial g}{\partial \theta_i} \frac{\partial g}{\partial \theta_j} \text{Cov}(x_i, x_j) \right]$$

onde i e j podem ser iguais, caso em que $\text{Cov}(x_i, x_j) = \text{Var}(x_i)$.

Os autores consideram a expressão $\text{Var}[g]$ de fundamental importância, pois ela fornece a variância de uma função de variáveis aleatórias em termos de suas variâncias e covariâncias. Três particularizações de $\text{Var}[g]$ são de interesse:

(i) g é uma função de uma única variável aleatória. Então

$$\text{Var} [g(x)] = \left(\frac{dg}{d\theta}\right)^2 \text{Var} [x] ;$$

(ii) g é uma função linear de variáveis aleatórias. Se

$$g(x_1, \dots, x_k) = \sum_{i=1}^k a_i x_i ,$$

$$\text{então } \text{Var} [g] = \sum_{i=1}^k a_i^2 \text{Var}[x_i] + \sum_{i \neq j} a_i a_j \text{Cov}(x_i, x_j) .$$

Se as variáveis x_i são independentes, a variância de g é uma soma ponderada de suas variâncias individuais.

(iii) g é o quociente entre duas variáveis aleatórias, por exemplo x_1/x_2 com $x_2 > 0$. Então,

$$\begin{aligned} \text{Var}[x_1/x_2] &= \frac{\text{Var}[x_1]}{\theta_2^2} + \frac{\theta_1^2 \text{Var}[x_2]}{\theta_2^4} - \frac{2\theta_1 \text{Cov}(x_1, x_2)}{\theta_2^3} \\ &= \left[\frac{E(x_1)}{E(x_2)} \right]^2 \left\{ \frac{\text{Var}[x_1]}{[E(x_1)]^2} + \frac{\text{Var}[x_2]}{[E(x_2)]^2} - \frac{2\text{Cov}(x_1, x_2)}{E(x_1)E(x_2)} \right\} . \end{aligned}$$

A expressão final, segundo os autores, é a soma de quadrados dos coeficientes de variação das duas variáveis aleatórias menos duas vezes o quadrado do que pode ser analogamente chamado de coeficiente de covariação das duas variáveis.

MOOD et al. (1974) afirmam que a média e a variância de uma função das variáveis aleatórias X e Y podem ser aproximadas através da expansão em série de Taylor por:

$$E[g(X,Y)] \approx g(\mu_X, \mu_Y) + \frac{1}{2}Var[X] \frac{\partial^2}{\partial x^2} g(x,y) |_{\mu_X, \mu_Y} + \\ + \frac{1}{2}Var[Y] \frac{\partial^2}{\partial y^2} g(x,y) |_{\mu_X, \mu_Y} + Cov[X,Y] \frac{\partial^2}{\partial x \partial y} g(x,y) |_{\mu_X, \mu_Y}$$

e

$$Var[g(X,Y)] \approx Var[X] \left\{ \frac{\partial}{\partial x} g(x,y) |_{\mu_X, \mu_Y} \right\}^2 + Var[Y] \left\{ \frac{\partial}{\partial y} g(x,y) |_{\mu_X, \mu_Y} \right\}^2 + \\ + 2 Cov[X,Y] \left\{ \frac{\partial}{\partial x} g(x,y) |_{\mu_X, \mu_Y} \cdot \frac{\partial}{\partial y} g(x,y) |_{\mu_X, \mu_Y} \right\}.$$

Se a função das variáveis aleatórias X e Y for definida por $g(X,Y) = X/Y$, então:

$$E\left[\frac{X}{Y}\right] \approx \frac{\mu_X}{\mu_Y} - \frac{1}{\mu_Y^2} Cov[X,Y] + \frac{\mu_X}{\mu_Y^3} Var[Y]$$

e

$$Var\left[\frac{X}{Y}\right] \approx \left(\frac{\mu_X}{\mu_Y}\right)^2 \left\{ \frac{Var[X]}{\mu_X^2} + \frac{Var[Y]}{\mu_Y^2} - \frac{2Cov[X,Y]}{\mu_X \mu_Y} \right\}$$

WEIR (1990) afirma que os estimadores de parâmetros genéticos envolvem sempre quocientes de frequências multinomiais, os quais não permitem estabelecer expressões exatas para as variâncias. Neste caso, usa-se um método aproximado, comumente chamado de

método delta, baseado na expansão em série de Taylor de funções a partir da qual as variâncias são obtidas. Se a variância a ser encontrada é da função T das variáveis n_i , o método delta fornece

$$Var[T] \approx \sum_i \left(\frac{\partial T}{\partial n_i} \right)^2 Var[n_i] + \sum_i \sum_j \frac{\partial T}{\partial n_i} \frac{\partial T}{\partial n_j} Cov(n_i, n_j)$$

sendo cada derivada avaliada com os valores de n_i substituídos por suas esperanças matemáticas.

COX (1990) usa o método delta para uma aproximação da variância de um quociente entre estimativas de parâmetros, no caso de se assumir uma parametrização linear. A expressão obtida para a variância do quociente entre as estimativas $\hat{\alpha}$ e $\hat{\beta}$ em função de suas esperanças, variâncias e covariâncias é a seguinte:

$$Var\left[\frac{\hat{\alpha}}{\hat{\beta}}\right] \approx \frac{E(\hat{\alpha})^2}{E(\hat{\beta})^2} \left[\frac{Var(\hat{\alpha})}{E(\hat{\alpha})^2} + \frac{Var(\hat{\beta})}{E(\hat{\beta})^2} - \frac{2Cov(\hat{\alpha}, \hat{\beta})}{E(\hat{\alpha})E(\hat{\beta})} \right]$$

BIELER & WILLIAMS (1993), estudando a variância do estimador $p'_i = y_i/n'_i$ da resposta quantal ajustada, utiliza a expressão aproximada pela expansão em série de Taylor

$$Var[p'_i] \approx \frac{Var[y_i] + (p'_i)^2 Var[n'_i] - 2p'_i Cov[y_i, n'_i]}{(n'_i)^2}$$

Vários trabalhos têm utilizado a expansão de uma função pela série de Taylor como método para obtenção de uma aproximação de variância do coeficiente de herdabilidade. OSBORNE & PATERSON (1952) deduzem as estimativas das variâncias das estimativas dos componentes de variância relacionadas a um modelo, com o objetivo de se estimar o erro padrão do coeficiente de herdabilidade. BARBIN & PIMENTEL GOMES (1970) apresentam fórmulas para estimação da variância das seguintes expressões do coeficiente de herdabilidade, no caso de famílias de meio-irmãos:

$$h_1^2 = \frac{4S}{E + D + S}, \quad h_2^2 = \frac{4D}{E + D + S} \quad \text{e} \quad h_3^2 = \frac{2(D + S)}{E + D + S}$$

calculadas a partir da análise de variância seguindo o modelo de blocos incompletos, onde:

E é a estimativa da variância do ambiente,

D é a estimativa da variância devida a vacas e

S é a estimativa da variância devida a touros ..

GORDON et al. (1972) estudam as herdabilidades no sentido amplo e restrito, estimando as variâncias das estimativas de ambas as formas em dois modelos aleatórios. A estimação das variâncias dos componentes de variância, baseia-se na expressão seguinte:

$$Var[\hat{\sigma}_i^2] = \frac{1}{n_i^2} \sum_u \frac{2[E(QM_u)]^2}{f_u}$$

sendo:

n_i o divisor apropriado no estimador de σ_i^2 ,

QM_u o u-ésimo quadrado médio no estimador de σ_i^2 e

f_u o número de graus de liberdade do u-ésimo quadrado médio.

VELLO & VENCovsky (1974) deduzem expressões para a estimação das variâncias associadas às estimativas de algumas variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade, em populações alógamas e autógamas. IWASAKI & WILTON (1993) estudam a regressão do valor genotípico sobre o valor fenotípico de um caráter razão, usando aproximação através da expansão de uma função em série de Taylor.

BURNHAM & REXSTAD (1993), estudando a variância da distribuição de probabilidade de sobrevivência

$$\sigma_g^2 = S_1(S_2 - S_1) = S_1(1 - S_1) \frac{a}{a+1}$$

propõem um estimador dado por

$$\hat{\sigma}_g^2 = \hat{S}_1(1 - \hat{S}_1) \frac{\hat{a}}{\hat{a}+1},$$

cuja variância é aproximada por uma expansão em série de Taylor, fornecendo

$$\text{Var}\left[\hat{\sigma}_s^2\right] \approx \left[\frac{s_1(1-s_1)}{(a+1)^2}\right]^2 \text{Var}\left[\hat{a}\right] + \left[\frac{a(1-2s_1)}{a+1}\right]^2 \text{Var}\left[\hat{s}_1\right] + \frac{2 a s_1(1-s_1)(1-2s_1)}{(a+1)^3} \text{Cov}\left[\hat{a}, \hat{s}_1\right].$$

Na obtenção de estimativa não tendenciosa da variância de um componente de variância, OSBORNE & PATERSON (1952) sugerem que se some 2 ao número de graus de liberdade, de acordo com sugestão de DANIELS (1939), o que segundo os autores, não tem consenso na literatura.

CRUMP (1946) sugere a correção do viés das estimativas somando-se 2 ao número de graus de liberdade v , o que não é feito por SATTERTHWAITE (1946). Entretanto BARBIN & PIMENTEL GOMES (1970), GORDON et al. (1972) e VELLO & VENCOVSKY (1974) fazem a correção do viés das estimativas das variâncias de um componente de variância utilizando $v + 2$ como denominador de suas fórmulas.

JOHNSON & KOTZ (1970) discutem a distribuição do coeficiente de correlação

$$R = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\left[\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2 \sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2 \right]^{1/2}}$$

e, através do desenvolvimento aproximado de uma função em série de Taylor, mostram que o viés de R como estimador de ρ é

$$-\frac{1}{2} \frac{\rho(1-\rho^2)}{n}$$

e que a variância do estimador de ρ é dada por

$$\text{Var}[R] \approx \frac{(-\rho^2)^2}{n}.$$

FISHER (1970) afirma que, trabalhando-se com amostras grandes, correlações moderadas ou baixas, o coeficiente de correlação de uma amostra de n pares de valores tem distribuição normal em torno do verdadeiro valor de ρ , com variância

$$\frac{(1-\rho^2)^2}{n-1}.$$

Assim, segundo o autor, é comum utilizar para um valor observado r um erro padrão $(1-r^2)/\sqrt{n-1}$ ou $(1-r^2)/\sqrt{n}$. Para o caso de k classes, a variância do coeficiente de correlação intraclass é dada por

$$\frac{\{(1-\rho)[1+(k-1)\rho]\}^2}{\frac{1}{2} k(k-1)n}.$$

SWIGER et al. (1964) propõem uma fórmula aproximada para a variância do coeficiente de correlação intraclass quando ocorre número diferente de observações por grupo, utilizando a fórmula da variância de um quociente obtida por série de Taylor. Assim, a variância do estimador da correlação intraclass

$$t = \frac{\hat{\sigma}_s^2}{\hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_s^2}$$

é dada por

$$\text{Var}(t) \approx \frac{2(n-1)(1-t)^2 [1+(k-1)t]^2}{k^2(N-s)(s-1)}$$

sendo:

N o número total de observações,

s o número de grupos,

$$k = \frac{1}{s-1} \left(N - \frac{\sum n_i^2}{N} \right) \text{ e}$$

n_i é o número de observações por grupo.

Um estudo é feito para avaliação da fórmula proposta, através de simulação utilizando-se grupos com tamanhos 25, 50, 100 e 200. Os números de observações por grupo são de 2, 3, 6, 10, 15, 20 e 50 e as correlações intraclass avaliadas são de 0,05 e 0,10. Os

resultados mostram que a fórmula apresentada para a variância do coeficiente de correlação intraclasse é satisfatória.

NEI & CHAKRAVARTI (1977) estudam a média e a variância da diversidade genética entre subpopulações

$$G_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_T} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

obtendo fórmulas aproximadas usando a expansão de Taylor. A média de G_{ST} é dada por

$$E[G_{ST}] = 1 - \frac{E(H_S)}{E(H_T)} + \frac{\text{Cov}(H_S, H_T)}{[E(H_T)]^2} - \frac{E(H_S)\text{Var}(H_T)}{[E(H_T)]^3},$$

e a variância por

$$\text{Var}[G_{ST}] = \frac{[E(H_S)]^2}{[E(H_T)]^2} \left\{ \frac{\text{Var}(H_S)}{[E(H_T)]^2} + \frac{\text{Var}(H_T)}{[E(H_S)]^2} - \frac{2\text{Cov}(H_S, H_T)}{E(H_S)E(H_T)} \right\}.$$

Segundo os autores, a exatidão das fórmulas depende da magnitude dos termos restantes da série. A avaliação analítica dos termos restantes é bastante difícil pois envolve termos de momentos de ordem superior de H_S e H_T os quais são funções complexas das frequências alélicas iniciais, do tamanho da população, do número de subpopulações e do tempo de geração. As fórmulas são avaliadas através de um estudo de simulação a partir de dois conjuntos de

frequências gênicas iniciais: $p_1 = 0,1$; $p_2 = 0,9$ e $p_1 = 0,05$; $p_2 = 0,95$, utilizando $s = 10$ subpopulações com tamanho efetivo $N = 10$. A acurácia das fórmulas piora se as frequências iniciais dos alelos são muito diferentes.

LONG (1986) afirma que os estimadores das estatísticas F, à semelhança dos coeficientes de correlação intraclass, são tendenciosos, por serem funções de razões de estimadores não tendenciosos. Segundo o autor, a variância da estimativa de uma estatística F pode ser estimada pela expansão em série de Taylor ou através de método de reamostragem numérica. A aproximação pela série de Taylor é recomendada, pois fornece expressão analítica acessível possibilitando a construção de intervalos de confiança aproximados para as estimativas das estatísticas F .

ROBERTSON & HILL (1984) estudam algumas propriedades amostrais dos desvios das proporções de Hardy-Weinberg e das estimativas obtidas destes desvios. Os autores consideram uma amostra de N indivíduos, com N_{ij} ($i \leq j$; $i, j = 1, 2, \dots, k$ alelos) o número de indivíduos do genótipo $A_i A_j$ e N_i o número de indivíduos do alelo A_i . A frequência do alelo A_i na amostra é $N_i/2N$ e na população é p_i . O afastamento D_{ii} ou D_{ij} dos números de indivíduos dos valores esperados de Hardy-Weinberg é

$$D_{ii} = N_{ii} - \frac{N_i^2}{4N} \text{ e } D_{ij} = N_{ij} - \frac{N_i N_j}{2N}.$$

Considerando dois alelos e usando aproximações apropriadas tais que termos de $O(1/N^2)$ podem ser ignorados em relação àqueles de $O(1/N)$, a expansão de D em série de Taylor nos termos N_{11} , N_{12} e N_{22} fornece:

$$\begin{aligned} \text{Var}[D] &= \left(\frac{\partial D}{\partial N_{11}} \right)^2 \text{Var}(N_{11}) + 2 \left(\frac{\partial D}{\partial N_{11}} \right) \left(\frac{\partial D}{\partial N_{12}} \right) \text{Cov}(N_{11}, N_{12}) + \dots \\ &= \text{Var}[N_{11}(1-p)^2 - N_{12}p(1-p) + N_{22}p^2] \\ &= Np^2(1-p)^2[1 + (n-1)r] . \end{aligned}$$

Os autores estudam ainda a estimação do coeficiente de endogamia f numa população subdividida, com acasalamento aleatório dentro das subpopulações, ou seja, $F_{ST} \neq 0$ e $F_{IS} = 0$. Neste caso o valor populacional esperado de $\hat{f}$ medido através do excesso de homozigotos, $p_{ii} - p_i^2$, é diferente para diferentes genes. No caso de uma população consistindo de n subpopulações escolhidas aleatoriamente, e um gene com frequência P_{im} na m -ésima subpopulação, o excesso de homozigotos é dado por

$$p_{ii} - p_i^2 = \sum_m \frac{P_{im}^2}{n} - \frac{\left(\sum_m P_{im} \right)^2}{n^2} = \frac{n-1}{n} \frac{\left[\sum_m P_{im}^2 - \left(\sum_m P_{im} \right)^2 / n \right]}{n-1} .$$

O termo multiplicado por $(n-1)/n$ na última expressão é uma estimativa da variância, V , da frequência gênica entre subpopulações com $n-1$ graus de liberdade. Assim,

$$E[\hat{f}_{\bar{a}}] = \frac{n-1}{n} \left[\frac{V}{P_{to}(1-P_{to})} \right] = \frac{n-1}{n} F_{ST}$$

sendo P_{to} a frequência na população original. Admitindo que a endogamia das subpopulações, F_{ST} , seja suficientemente pequena de modo que P_{tm} tenha distribuição normal, então a variância de V nos locos é $2V^2/(n-1)$. Assim, a variância de $\hat{f}$ nos genes de uma mesma população é

$$\frac{2[E(\hat{f})]^2}{n-1},$$

sendo $\hat{f}$ uma estimativa do coeficiente de endogamia devido ao excesso de homozigotos.

2.4. Teste de hipótese sobre os parâmetros de variabilidade e

**diversidade genética estimados através da análise de
variância das frequências gênicas**

COCKERHAM (1969) considera, para o caso de um grupo de n indivíduos, a análise de variância apresentada na Tabela 2.

Tabela 2. Análise de Variância das frequências gênicas de um simples grupo.

Causa de Variação	GL	QM	E[QM]
Entre indivíduos	n-1	S_b	$\sigma_w^2 + 2\sigma_b^2$
Dentro de indivíduos	n	S_w	σ_w^2

No caso de m grupos, cada um deles com um número constante n de indivíduos, de acordo com o autor, a análise de variância é a apresentada na Tabela 3.

Tabela 3. Análise de variância combinada das frequências gênicas.

Causa de Variação	GL	QM	E[QM]
Entre grupos (G)	m-1	S_a	$\sigma_w^2 + 2\sigma_b^2 + 2n\sigma_a^2$
Entre indivíduos/G	m(n-1)	S_b	$\sigma_w^2 + 2\sigma_b^2$
Dentro de indivíduos	mn	S_w	σ_w^2

Na Tabela 2, para testar a hipótese de que para os dados de um grupo os genes se reuniram ao acaso ou $F_{IT} = 0$, segundo

o autor, dois testes aproximados são sugeridos. O primeiro consiste em assumir que

$$T_{bw} = \frac{S_b}{S_w}$$

apresenta distribuição de F, podendo-se aplicar o teste F de Snedecor. O outro teste consiste em calcular as frequências observadas (AA , $A\bar{A}$ e $\bar{A}\bar{A}$) no modelo incluindo F_{IT} e no modelo considerando $F_{IT} = 0$ aplicando-se um teste de χ^2 com as frequências obtidas.

No caso da Tabela 3, o autor afirma que três hipóteses podem ser testadas:

H_{01} : genes uniram-se aleatoriamente dentro de grupos,

$$F_{IT} - F_{ST} = 0 \text{ ou } \sigma_b^2 = 0 ;$$

H_{02} : genes são distribuídos aleatoriamente entre grupos, $F_{ST} = 0$

$$\text{ou } \sigma_a^2 = 0 ;$$

H_{03} : genes são distribuídos aleatoriamente entre e dentro de

$$\text{grupos, } F_{IT} = F_{ST} = 0 \text{ ou } \sigma_a^2 = \sigma_b^2 = 0.$$

Os testes estatísticos envolvendo as funções de quadrados médios são:

H_{01} : idêntico ao teste da Tabela 2;

$$H_{02} : T_{ab} = \frac{S_a}{S_b} ;$$

$$H_{03} : T_{(ab)W} = \frac{(n-2)S_b + 2S_a}{mn S_w}.$$

Os dois primeiros testes podem ser aproximados pela distribuição de F e o último por uma distribuição aproximada adequada para razões de quadrados médios combinados. As três hipóteses podem também ser testadas pelo teste de χ^2 com as frequências obtidas de forma análoga ao caso da Tabela 2.

WEIR (1990) aponta as limitações de se aplicar o teste F na análise de variância envolvendo a variável indicadora de ocorrência de um gene, por se tratar de uma variável que não tem distribuição normal, e em consequência, o quociente entre dois quadrados médios da análise de variância não terá distribuição de F.

Alguns trabalhos na área de modelos lineares generalizados desenvolvem testes assintóticos para dados que não apresentam distribuição normal. JØRGENSEN (1983) discute o modelo da forma

$$f(y; \theta, k) = c(y, k) \exp \{a(k) t(y, \theta)\}$$

considerado classe estendida de modelos lineares generalizados, o qual tem propriedades semelhantes às propriedades dos modelos lineares generalizados. Neste modelo, y , θ e k podem ser vetores, $a(k) > 0$ e a parte sistemática do modelo é especificada por $\theta = \theta(\beta)$, onde β é um vetor de parâmetros. São incluídas as possibilidades de erros

correlacionados e hipóteses não lineares sem levar em consideração as suposições da família exponencial. O modelo satisfaz às suposições da teoria de verossimilhança para amostras grande e apresenta analogias com a distribuição normal uma vez que θ faz o papel da média, $a(k)^{-1}$ o da variância e $t(y, \theta)$ o da soma de quadrados dos desvios. Para amostras grandes, de maneira análoga às estatísticas familiares, as distribuições t , F e χ^2 aparecem, e as estimativas de máxima verossimilhança podem ser calculadas através de um algoritmo iterativo de mínimos quadrados ponderados.

O autor generaliza a análise de “deviance” introduzida por NELDER & WEDDERBURN (1972) para a classe de modelos lineares generalizados estendidos, propondo um teste F assintótico. São consideradas $H_i: \theta \in \Omega_i$ ($i = 0, 1, 2$) três hipóteses hierárquicas $\Omega_0 \supseteq \Omega_1 \supseteq \Omega_2$ de dimensões p_0 , p_1 e p_2 respectivamente, todas com valores arbitrários k . Uma vez que a estimativa $\hat{\theta}_i$ de máxima verossimilhança de θ sob H_i é a mesma para todos os valores de k , a diferença em logaritmo de máxima verossimilhança entre H_0 e H_i , para k conhecido é,

$$L(\hat{\theta}_0, k) - L(\hat{\theta}_i, k) = a(k) \{ t(y, \hat{\theta}_0) - t(y, \hat{\theta}_i) \} = 1/2 a(k) D_i,$$

sendo D_i a “deviance” de H_i em relação a H_0 . Através de um argumento adequado de amostra grande, prova-se que sob H_2 ,

assintoticamente $a(k)D_1$ e $a(k)(D_2 - D_1)$ têm distribuições de χ^2 independentes com graus de liberdade $p_0 - p_1$ e $p_1 - p_2$, respectivamente. Em consequência, um teste assintótico de H_2 sob H_1 , com k desconhecido é dado por

$$F = \frac{(D_2 - D_1)/(p_1 - p_2)}{D_1/(p_0 - p_1)} .$$

JØRGENSEN (1987a) estuda o modelo de dispersão exponencial estabelecendo regra importante para o parâmetro de dispersão $\sigma^2 = 1/\lambda$. Através da teoria assintótica, é generalizada a análise de “deviance” para modelos lineares generalizados, originando a versão assintótica dos testes t , F e χ^2 da teoria dos modelos lineares. Expandindo o domínio de aplicação da teoria de amostra grande, é utilizada uma estrutura assintótica, chamada de pequena dispersão assintótica que se aplica para λ grande, desenvolvida por JØRGENSEN (1987b). Esta estrutura inclui resultados assintóticos nos quais as aproximações requerem que um certo parâmetro ou conjunto de parâmetros tendam para infinito quando o tamanho da amostra é fixo. Assim, JØRGENSEN (1987a) mostra que um teste de H_2 pode ser baseado na convergência em distribuição, sob H_2 , de

$$\tilde{F} = \frac{\{D(y; \hat{\gamma}) - D(y; \hat{\beta})\}/(p_1 - p_2)}{\tilde{\sigma}^2} \rightarrow F(p_1 - p_2, k - p_1)$$

à medida que $\lambda \rightarrow \infty$, em que $F(d_1, d_2)$ é a distribuição de F com (d_1, d_2) graus de liberdade e $\tilde{\sigma}^2$ é uma estimativa de σ^2 sob H_1 .

BARNDORFF - NIELSEN & JØRGENSEN (1991) estudando o modelo próprio de dispersão propõem um teste utilizando dois tipos de teoria assintótica, a teoria padrão de amostra grande ($n \rightarrow \infty$) e a pequena dispersão assintótica da expressão

$$W_{\min} = \min \{W_1, \dots, W_n\} \rightarrow \infty$$

em que $W_1, \dots, W_n$ são ponderações conhecidas. Os autores indicam um teste geral para H_2 sob H_1 dado por

$$F = \frac{(D_2 - D_1)/(k_1 - k_2)}{D_1/(nk - k_1)},$$

se $W_{\min} \rightarrow \infty$, em que k_1, k_2, D_1 e D_2 representam respectivamente as dimensões e as “deviances” estimadas considerando H_1 e sob H_2 e k representa a dimensão dos n vetores y independentes.

DEMÉTRIO (1993) apresenta uma análise através do GLIM de um experimento em blocos casualizados com os tratamentos num fatorial $2 \times 3 \times 3$, em que a variável resposta é binária, e a distribuição de F é utilizada para verificar a significância das razões calculadas. A autora chama a atenção para o fato de que a “deviance” não tem distribuição conhecida, mas que a diferença de “deviance” tem distribuição de χ^2 , assintótica.

3. MATERIAL E MÉTODOS

São consideradas as análises de variância de frequências gênicas para a caracterização da estrutura genética de dados diplóides, no caso de amostras de indivíduos de uma população e no caso de amostras de indivíduos de populações diferentes.

3.1. Modelo matemático e análise de variância

Para o caso da análise de variância para amostras de indivíduos de uma população, o modelo para cada alelo, é representado por:

$$y_{ji} = m + a_i + g_{j(i)}$$

sendo:

y_{ji} a frequência do gene j dentro do indivíduo i , correspondente aos valores de uma variável binária que assume o valor um, se o gene j dentro do indivíduo i é o alelo A e assume o valor zero, caso contrário;

m uma frequência constante;

a_i o efeito do indivíduo i , com $i = 1, 2, \dots, n$;

$g_{j(i)}$ o efeito do gene j dentro do indivíduo i , com $j = 1, 2$.

Para este modelo considerado aleatório, tem-se:

$$\begin{aligned} E(m) &= m = p, & E(m^2) &= m^2 = p^2, \\ E(a_i) &= 0, & E(a_{ij}^2) &= \sigma_1^2 = p(1-p)F, \\ E(g_{j(i)}) &= 0, & E(g_{j(i)}^2) &= \sigma_G^2 = p(1-p)(1-F), \\ E(y_{ij}) &= p, & \text{Var}[y_{ij}] &= p(1-p), \end{aligned}$$

sendo p a frequência gênica da população e F o coeficiente médio de endogamia de todos os indivíduos. As fontes de variação e as esperanças dos quadrados médios da análise de variância relativa ao modelo de acordo com WEIR (1990), estão na Tabela 4.

Tabela 4. Análise de variância com as frequências gênicas de um alelo, em uma amostras de n indivíduos.

Causa de variação	GL	QM	E[QM]
Indivíduos	$n-1$	QMI	$p(1-p)[(1-F)+2F]$
Genes d. Ind.	n	QMG	$p(1-p)(1-F)$

Para o caso da análise de variância com amostras de indivíduos de populações diferentes, o modelo para cada alelo, é representado por:

$$y_{ijk} = m + s_i + a_{j(i)} + g_{k(i)}$$

sendo:

y_{ijk} a frequência do gene k dentro do indivíduo j da população i , correspondente aos valores de uma variável binária que assume o valor um, se o gene k no indivíduo j da população i é alelo A_k , e assume o valor zero, caso contrário;

m uma frequência constante;

s_i o efeito da população i , com $i = 1, 2, \dots, r$;

$a_{j(i)}$ o efeito do indivíduo j dentro da população i , com $j = 1, 2, \dots, n$;

$g_{k(ij)}$ o efeito do gene k dentro do indivíduo j da população i , com $k = 1, 2$.

Para este modelo considerado aleatório, tem-se:

$$\begin{aligned} E(m) &= m = p, & E(m^2) &= m^2 = p^2, \\ E(s_i) &= 0, & E(s_i^2) &= \sigma_p^2 = p(1-p)\theta, \\ E[a_{j(i)}] &= 0, & E[a_{j(i)}^2] &= \sigma_I^2 = p(1-p)(F-\theta), \\ E[g_{k(ij)}] &= 0, & E[g_{k(ij)}^2] &= \sigma_G^2 = p(1-p)(1-F), \\ E[y_{ij}] &= p, & \text{Var}[y_{ij}] &= p(1-p), \end{aligned}$$

sendo p a frequência gênica geral de todas populações, F o coeficiente médio de endogamia dos indivíduos dentro das populações e θ o coeficiente médio de coancestria entre os indivíduos de diferentes populações que é uma medida de parentesco (WEIR & COCKERHAM, 1984). As fontes de variação e as esperanças dos quadrados médios da análise de variância relativa ao modelo, de acordo com WEIR(1990), estão na Tabela 5.

Tabela 5. Análise de variância com as frequências gênicas de um alelo, em amostras de n indivíduos de r populações.

Causa de variação	GL	QM	E[QM]
Populações	$r-1$	QMP	$p(1-p)[(1-F) + 2(F-\theta) + 2n\theta]$
Indivíduos d. Pop.	$r(n-1)$	QMI	$p(1-p)[(1-F) + 2(F-\theta)]$
Genes d. Indiv.	m	QMG	$p(1-p)[1-F]$

No caso de se terem u alelos, com $u > 2$, são realizadas u análises de variância da mesma maneira como as apresentadas nas Tabelas 4 e 5.

3.2. Estimação dos parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos envolvidos nos dois modelos foram estimados pelo método dos momentos ou da análise de variância. De acordo com BARBIN (1993) e VALÉRIO FILHO (1991), o método dos momentos é o mais utilizado para estimar componentes de variância principalmente quando os dados são balanceados. As estimativas foram feitas utilizando-se a aproximação que considera a estimativa de um quociente como sendo o quociente das estimativas, conforme WEIR (1990) e VENCOVSKY (1992).

No caso de mais de 2 alelos, foram comparados os dois métodos de estimação sugeridos por REYNOLDS et al. (1983).

3.3. Média e variância dos estimadores

Para estudar as propriedades dos estimadores dos parâmetros genéticos associados aos dois modelos, foi utilizada, para os estimadores envolvendo o quociente entre variáveis aleatórias, a aproximação de uma função através da expansão em série de Taylor, conforme KENDAL & STUART (1963), MOOD et al. (1974), NEI & CHAKRAVARTI (1977) e LEITE & SINGER (1990).

Foram desenvolvidas expressões da média e da variância dos estimadores dos parâmetros no caso de dois alelos e de mais de dois alelos, permitindo comparar os métodos sugeridos por REYNOLDS et al. (1983) para estimação no caso de alelos múltiplos.

3.4. O teste F

Para o caso da análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população, cuja estrutura de análise está apresentada na Tabela 4, foram desenvolvidas as expressões das distribuições dos quadrados médios com o objetivo de definir a distribuição relativa ao quociente entre dois quadrados médios, tentando propor um critério para testar se o coeficiente médio de endogamia de todos os indivíduos F_{IT} é nulo, conforme COCKERHAM (1969).

O critério proposto foi avaliado comparando-se a sua distribuição com a distribuição do teste F de Snedecor, com diferentes

combinações de tamanhos de amostras e frequências gênicas, nos casos de dois e de três alelos.

3.5. Métodos e formas de simulação

Na simulação dos dados para a análise de variância de frequências gênicas, no caso de amostras de indivíduos de uma população, foram considerados os casos de dois e de três alelos. As frequências genótípicas foram construídas, considerando-se que a população estava em equilíbrio com endogamia. Estas frequências, de acordo com CROW (1978) são dadas por:

genótipo homozigótico $A_i A_i$ $p_i^2(1-F) + p_i F$

genótipo heterozigótico $A_i A_j$ $2 p_i p_j (1-F)$.

No caso de dois alelos A_1 e A_2 com frequências gênicas p e $q = 1-p$, respectivamente, com $p + q = 1$, os genótipos ocorrem com as seguintes frequências:

$A_1 A_1$ $p^2(1-F) + pF$

$A_1 A_2$ $2p(1-p)(1-F)$

$A_2 A_2$ $(1-p)^2(1-F) + (1-p)F$.

No caso de três alelos A_1 , A_2 e A_3 com frequências gênicas p_1 , p_2 e p_3 , respectivamente, sendo $p_1 + p_2 + p_3 = 1$, os genótipos podem ser representados de acordo com as seguintes frequências:

A_1A_1	$p_1^2(1-F) + p_1F$
A_1A_2	$2p_1 p_2(1-F)$
A_1A_3	$2p_1 p_3(1-F)$
A_2A_2	$p_2^2(1-F) + p_2F$
A_2A_3	$2p_2 p_3(1-F)$
A_3A_3	$p_3^2(1-F) + p_3F,$

onde se admite F constante para todos os genótipos.

Para avaliação das expressões desenvolvidas para a média e a variância dos estimadores dos parâmetros, no caso de dois alelos, foram construídas noventa e nove (99) populações, definidas pelas combinações entre os seguintes valores de frequência gênica (p) e coeficiente de endogamia (F):

$$p = 0,1 \ 0,2 \ 0,3 \ 0,4 \ 0,5 \ 0,6 \ 0,7 \ 0,8 \ 0,9$$

$$F = 0,0 \ 0,1 \ 0,2 \ 0,3 \ 0,4 \ 0,5 \ 0,6 \ 0,7 \ 0,8 \ 0,9 \ 1,0.$$

Foram simulados cem (100) experimentos considerando-se os seguintes números de indivíduos amostrados com reposição:

$$n = 10 \ 20 \ 30 \ 50 \ 100 \ 200,$$

totalizando seiscentos (600) experimentos em cada população e cinquenta e nove mil e quatrocentos (59.400) experimentos em todas as populações.

Para avaliação do teste F proposto por COCKERHAM (1969), foram construídas dezenove (19) populações não endogâmicas, admitindo-se a hipótese $H_0: F = 0$, com as seguintes frequências gênicas:

$p = 0,05 \ 0,10 \ 0,15 \ 0,20 \ 0,25 \ 0,30 \ 0,35 \ 0,40 \ 0,45 \ 0,50$
 $0,55 \ 0,60 \ 0,65 \ 0,70 \ 0,75 \ 0,80 \ 0,85 \ 0,90 \ 0,95$

e simulados mil (1000) experimentos em cada população considerando-se os seguintes números de indivíduos amostrados com reposição

$n = 5 \ 10 \ 15 \ 20 \ 25 \ 30 \ 35 \ 40 \ 45$
 $50 \ 75 \ 100 \ 150 \ 200 \ 300 \ 400 \ 500,$

totalizando dezessete mil (17.000) experimentos em cada população e trezentos e vinte e três mil (323.000) experimentos em todas as populações.

No estudo completo das populações com dois alelos foram simulados trezentos e oitenta e dois mil e quatrocentos (382.400) experimentos.

Para avaliação das expressões desenvolvidas para a média e a variância dos estimadores dos parâmetros e dos métodos de estimação de REYNOLDS et al. (1983), no caso de três alelos, foram construídas cento e dez (110) populações, definidas pelas combinações entre as seguintes frequências gênicas e valores do coeficiente de endogamia:

$$\begin{aligned}
 (p_1; p_2; p_3) = & (0,50; 0,30; 0,20) \quad (0,50; 0,25; 0,25) \quad (0,50; 0,40; 0,10) \\
 & (0,50; 0,45; 0,05) \quad (0,50; 0,49; 0,01) \quad (0,60; 0,20; 0,20) \\
 & (0,60; 0,30; 0,10) \quad (0,60; 0,39; 0,01) \quad (0,40; 0,30; 0,30) \\
 & (0,33; 0,33; 0,34)
 \end{aligned}$$

$$F = 0,0 \quad 0,1 \quad 0,2 \quad 0,3 \quad 0,4 \quad 0,5 \quad 0,6 \quad 0,7 \quad 0,8 \quad 0,9 \quad 1,0$$

e simulados cem (100) experimentos utilizando-se os seguintes números de indivíduos amostrados com reposição

$$n = 10 \quad 20 \quad 30 \quad 50 \quad 100 \quad 200,$$

totalizando seiscentos (600) experimentos em cada população e sessenta e seis mil (66.000) experimentos em todas as populações.

Para avaliação do teste F proposto por COCKERHAM (1969), no caso de três alelos, foram construídas vinte e uma (21) populações não endogâmicas, admitindo-se a hipótese $H_0 : F = 0$ com as seguintes frequências gênicas:

$$\begin{aligned}
 (p_1; p_2; p_3) = & (0,50; 0,25; 0,25) \quad (0,50; 0,30; 0,20) \quad (0,50; 0,35; 0,15) \\
 & (0,50; 0,40; 0,10) \quad (0,50; 0,45; 0,05) \quad (0,50; 0,49; 0,01) \\
 & (0,40; 0,30; 0,30) \quad (0,40; 0,35; 0,25) \quad (0,40; 0,40; 0,20) \\
 & (0,40; 0,45; 0,15) \quad (0,40; 0,59; 0,01) \quad (0,60; 0,20; 0,20) \\
 & (0,60; 0,25; 0,15) \quad (0,60; 0,30; 0,10) \quad (0,60; 0,35; 0,05) \\
 & (0,60; 0,39; 0,01) \quad (0,70; 0,15; 0,15) \quad (0,70; 0,20; 0,10) \\
 & (0,70; 0,25; 0,05) \quad (0,70; 0,29; 0,01) \quad (0,80; 0,10; 0,10)
 \end{aligned}$$

e simulados mil (1.000) experimentos em cada população considerando-se os seguintes números de indivíduos amostrados com reposição:

$n = 5 \ 10 \ 15 \ 20 \ 25 \ 30 \ 35 \ 40 \ 45 \ 50 \ 75 \ 100 \ 150 \ 200 \ 300 \ 400 \ 500,$

totalizando dezessete mil (17.000) experimentos em cada população e trezentos e cinquenta e sete mil (357.000) experimentos em todas as populações.

No estudo completo das populações com três alelos foram simulados quatrocentos e vinte e três mil (423.000) experimentos. No total foram simulados oitocentos e cinco mil e quatrocentos (805.400) experimentos.

A simulação de cada experimento foi feita através de um programa no SAS (Statistical Analysis System), utilizando-se a função RANUNI (SAS, 1985), na geração dos efeitos aleatórios. Esta função produz valores de uma variável aleatória uniformemente distribuída no intervalo entre zero e um.

3.6. Critérios de comparação

As expressões desenvolvidas para a média e variância dos estimadores dos parâmetros foram avaliadas, comparando-se os valores esperados e variâncias dos estimadores nas populações, considerando os diversos tamanhos de amostra com aqueles obtidos através do PROC. UNIVARIATE (Procedimento Univariado) do SAS, em cada conjunto de cem (100) experimentos simulados.

O teste F foi avaliado, calculando-se as estatísticas descritivas: média, variância, percentil 0,95 e percentil 0,99 da variável “nível significância” dada por:

$$\text{Nível de significância} = 1 - \text{PROBF}(x, \text{ndf}, \text{ddf}),$$

sendo:

$$\text{PROBF}(x, \text{ndf}, \text{ddf}) = \int_0^x f(F) dF.$$

A função PROBF do SAS calcula a probabilidade de que uma variável aleatória tendo distribuição F, com n graus de liberdade no numerador e d graus de liberdade no denominador, assuma valores menores que o valor de x.

Para cada experimento realizado, o valor de x foi obtido pelo quociente

$$\frac{\text{QM Indivíduos}}{\text{QM Genes}}.$$

Os valores obtidos pelas estatísticas descritivas nos N=1.000 experimentos foram comparados com os valores teóricos da distribuição do teste F de Snedecor.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Amostras de indivíduos de uma população

4.1.1. Obtenção das esperanças dos quadrados médios na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população

A análise de variância apresentada na Tabela 4 corresponde à análise de um experimento inteiramente casualizado, com n tratamentos e duas repetições. Para esta análise, de acordo com os procedimentos clássicos da Estatística Experimental, as somas de quadrados são definidas por:

$$\text{SQ Indivíduos} = \frac{1}{2} \sum_i y_{i\cdot}^2 - \frac{1}{2n} \left(\sum_{\ddot{y}} y_{\ddot{y}} \right)^2 \quad e$$

$$\text{SQ Genes d. Ind.} = \sum_{\ddot{y}} y_{\ddot{y}}^2 - \frac{1}{2} \sum_i y_{i\cdot}^2$$

WEIR (1990) apresenta as seguintes expressões para as somas de quadrados:

$$\text{SQ Indivíduos} = n \left[\hat{p}_A + \hat{p}_{AA} - 2\hat{p}_A^2 \right] \quad e$$

$$\text{SQ Genes d. Ind.} = \frac{n}{2} \hat{H}_A = n \left[\hat{p}_A - \hat{p}_{AA} \right],$$

sendo:

$\hat{H}_A$ a frequência de indivíduos heterozigóticos na amostra;

$\hat{p}_A$ a frequência gênica do alelo A na amostra;

$\hat{p}_{AA}$ a frequência de indivíduos homozigóticos em relação ao alelo A na amostra

A frequência amostral do alelo A é dada por:

$$\hat{p}_A = \frac{1}{2n} \sum_{\ddot{y}} y_{\ddot{y}}.$$

Assim, utilizando-se os conceitos de esperança matemática,

$$E[\hat{p}_A] = E\left[\frac{1}{2n} \sum_{ij} y_{ij}\right] = \frac{1}{2n} \sum_{ij} E[y_{ij}] = p_A$$

$$\begin{aligned} E[\hat{p}_A^2] &= E\left[\left(\frac{1}{2n} \sum_{ij} y_{ij}\right)^2\right] = \frac{1}{4n^2} E\left[\sum_{ij} y_{ij}\right]^2 \\ &= \frac{1}{4n^2} \left[E\left(\sum_{ij} y_{ij}^2\right) + E\left(\sum_i \sum_j \sum_{j \neq i} y_{ij} y_{ij'}\right) + E\left(\sum_i \sum_{i \neq i} \sum_j \sum_{j \neq j} y_{ij} y_{i'j'}\right) \right] \\ &= \frac{1}{4n^2} [2np_A + 2np_{AA} + 4n(n-1)p_A^2] \\ &= p_A^2 + \frac{1}{2n} (p_A + p_{AA} - 2p_A^2) \end{aligned}$$

podendo-se obter a variância de $\hat{p}_A$ dada por:

$$\text{Var}[\hat{p}_A] = \frac{1}{2n} (p_A + p_{AA} - 2p_A^2).$$

A frequência de homozigotos do alelo A, admitindo que a população esteja em equilíbrio de Wright com endogamia é dada por:

$$p_{AA} = p_A^2 + p_A(1 - p_A)F,$$

e consequentemente, a variância de $\hat{p}_A$ tem a seguinte expressão:

$$\text{Var}[\hat{p}_A] = \frac{1}{2n} p_A(1 - p_A)(1 + F).$$

A frequência amostral de homozigotos em relação ao alelo A é dada por:

$$\hat{p}_{AA} = \frac{1}{n} \sum_i y_{ij} y_{ij'} \quad (j \neq j')$$

logo,

$$E[\hat{p}_{AA}] = \frac{1}{n} \sum_i E[y_{ij} y_{ij'}] \quad (j \neq j') .$$

Mas pela definição da variável indicadora, o produto $y_{ij} y_{ij'}$ ($j \neq j'$) é diferente de zero apenas quando ambos os genes j e j' no indivíduo i forem do alelo A e portanto,

$$E[y_{ij} y_{ij'}] = \sum y_{ij} y_{ij'} P[y_{ij} y_{ij'}] = 1 p_{AA} + 0 (1 - p_{AA}) = p_{AA},$$

e em consequência,

$$E[\hat{p}_{AA}] = p_{AA}.$$

Trabalhando-se com as expressões apresentadas por WEIR (1990) para as somas de quadrados, tem-se:

$$\begin{aligned} E[\text{SQ Indivíduos}] &= E[n(\hat{p}_A + \hat{p}_{AA} - 2\hat{p}_A^2)] = n[E(\hat{p}_A) + E(\hat{p}_{AA}) - 2E(\hat{p}_A^2)] \\ &= np_A + np_{AA} - 2np_A^2 - p_A - p_{AA} + 2p_A^2 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
E[\text{SQIndivíduos}] &= np_A + np_A^2 + np_A(1-p_A)F - 2np_A^2 - p_A \\
&\quad - p_A^2 - p_A(1-p_A)F + 2p_A^2 \\
&= (n-1)p_A - (n-1)p_A^2 + (n-1)p_A(1-p_A)F \\
&= (n-1)p_A(1-p_A) + (n-1)p_A(1-p_A)F \\
&= (n-1)p_A(1-p_A)[1+F] ;
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
E[\text{SQGenes d. Ind.}] &= E[n(\hat{p}_A - \hat{p}_{AA})] = nE(\hat{p}_A) - nE(\hat{p}_{AA}) \\
&= np_A - np_A^2 - np_A(1-p_A)F \\
&= np_A(1-p_A) - np_A(1-p_A)F \\
&= np_A(1-p_A)[1-F] .
\end{aligned}$$

Portanto, desconsiderando o índice A, as esperanças matemáticas dos quadrados médios na análise de variância das frequências gênicas são dadas por:

$$\begin{aligned}
E[\text{QMIndivíduos}] &= \frac{1}{n-1} E[\text{SQIndivíduos}] \\
&= p(1-p)[(1-F)+2F] ,
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
E[\text{QMGenes d. Ind.}] &= \frac{1}{n} E[\text{SQGenes d. Ind.}] \\
&= p(1-p)[1-F].
\end{aligned}$$

4.1.2. Estimação do coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população

Na análise de variância apresentada na Tabela 4 pode ser identificado o componente de variância devido a genes

$$\sigma_G^2 = p(1-p)[1-F],$$

que é estimado pelo método dos momentos por

$$\hat{\sigma}_G^2 = \text{QMGenes d. Ind.}$$

O componente de variância devido a indivíduos é

$$\sigma_I^2 = p(1-p)F,$$

que é estimado através do método dos momentos por

$$\hat{\sigma}_I^2 = \frac{\text{QMI} - \text{QMG}}{2}.$$

A soma dos componentes de variância devido a genes e a indivíduos fornece a variância total dada por

$$\sigma^2 = \sigma_G^2 + \sigma_I^2 = p(1-p)[1-F] + p(1-p)F = p(1-p),$$

que é estimada por

$$\hat{\sigma}^2 = \text{QMG} + \frac{\text{QMI} - \text{QMG}}{2} = \frac{\text{QMG} + \text{QMI}}{2}.$$

O quociente entre o componente de variância devido a indivíduos e a variância total fornece o valor paramétrico de F, isto é,

$$\frac{\sigma_I^2}{\sigma^2} = \frac{p(1-p)F}{p(1-p)} = F.$$

Assim, utilizando-se a aproximação que considera a estimativa de um quociente como sendo o quociente das estimativas, obtém-se a estimativa do coeficiente de endogamia F dada pela expressão seguinte:

$$\hat{F} = \frac{\hat{\sigma}_I^2}{\hat{\sigma}^2} = \frac{QMI - QMG}{QMI + QMG}.$$

4.1.3 Estimação da taxa de fecundação cruzada na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população

Para o modelo em questão, admitindo-se equilíbrio de Wright, isto é, equilíbrio com endogamia, a taxa de fecundação cruzada, t , se relaciona com F através da seguinte expressão:

$$F = \frac{1-t}{1+t},$$

a qual pode ser resolvida isolando-se t fornecendo

$$t = \frac{1-F}{1+F}.$$

Assim, obtida a estimativa de F ela pode ser utilizada para fornecer uma estimativa de t dada pela expressão:

$$\hat{t} = \frac{1-\hat{F}}{1+\hat{F}}.$$

4.1.4. Média e variância do estimador do coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população

A esperança matemática do estimador de F pode ser obtida através do desenvolvimento em série de Taylor, no ponto $X = \mu_X$ e $Y = \mu_Y$, da função X/Y conforme MOOD et al. (1974) que define:

$$E[X/Y] \approx \mu_X / \mu_Y - 1 / \mu_Y^2 \text{Cov}[X, Y] + \mu_X / \mu_Y^3 \text{Var}[Y].$$

Assim,

$$E[\hat{F}] = E\left[\frac{QMI - QMG}{QMI + QMG}\right] = E\left[\frac{X}{Y}\right]$$

sendo:

$$X = QMI - QMG \quad \text{e} \quad Y = QMI + QMG.$$

Como QMI e QMG são independentes, podem-se obter os seguintes resultados:

$$\begin{aligned} (a) \quad E[X] &= E[QMI - QMG] \\ &= E[QMI] - E[QMG] \\ &= p(1-p)(1+F) - p(1-p)(1-F) \\ &= 2p(1-p)F, \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{Var}[X] &= \text{Var}[QMI - QMG] \\ &= \text{Var}(QMI) + \text{Var}(QMG) - 2 \text{Cov}[QMI, QMG] \\ &= \text{Var}(QMI) + \text{Var}(QMG); \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 (b) \quad E[Y] &= E[QMI + QMG] \\
 &= E[QMI] + E[QMG] \\
 &= p(1-p)(1+F) + p(1-p)(1-F) \\
 &= 2p(1-p),
 \end{aligned}$$

$$Var[Y] = Var[QMI + QMG] = Var(QMI) + Var(QMG);$$

$$\begin{aligned}
 (c) \quad Cov[X, Y] &= Cov[(QMI - QMG), (QMI + QMG)] \\
 &= E\{[(QMI - QMG) - E(QMI - QMG)] [(QMI + QMG) - E(QMI + QMG)]\} \\
 &= E\{[(QMI - E(QMI)) - (QMG - E(QMG))] [(QMI - E(QMI)) + QMG - E(QMG)]\} \\
 &= \left\{ [QMI - E(QMI)]^2 + [QMI - E(QMI)] [QMG - E(QMG)] \right. \\
 &\quad \left. - [QMI - E(QMI)] [QMG - E(QMG)] - [QMG - E(QMG)]^2 \right\} \\
 &= Var(QMI) - Var(QMG).
 \end{aligned}$$

Substituindo-se os resultados (a), (b) e (c) na expressão de $E[\hat{F}]$, obtém-se:

$$\begin{aligned}
 E[\hat{F}] &\approx \frac{2p(1-p)F}{2p(1-p)} - \frac{1}{[2p(1-p)]^2} [Var(QMI) - Var(QMG)] + \frac{2p(1-p)F}{[2p(1-p)]^3} [Var(QMI) + Var(QMG)] \\
 &\approx F + \frac{(F-1)Var(QMI) + (F+1)Var(QMG)}{[2p(1-p)]^2}.
 \end{aligned}$$

De acordo com KSHIRSAGAR (1983), para todos os parâmetros independentes e com distribuição normal de um modelo balanceado, a distribuição de

$$\frac{\text{qualquer SQ na análise de variância}}{E[QM \text{ correspondente}]}$$

é uma variável χ^2 com os graus de liberdade, v , da SQ correspondente.

Assim,

$$\frac{SQ}{E(QM)} = \frac{v \cdot QM}{E(QM)} \sim \chi_v^2.$$

Esta relação permite obter a variância de um QM, conforme mostrado em SEARLE (1958,1971) e BARBIN (1993), e dada pela expressão

$$\text{Var}[QM] = \frac{2[E(QM)]^2}{v}.$$

Considerando-se que na análise de variância das frequências gênicas, o número de indivíduos e a frequência gênica sejam suficientes para que

$$\frac{v \cdot QM}{E(QM)} \approx \chi_v^2$$

e conseqüentemente

$$\text{Var}(QM) \approx \frac{2[E(QM)]^2}{v},$$

então pode-se escrever que:

$$\text{Var}(QMI) \approx \frac{2[E(QMI)]^2}{v} = \frac{2[p(1-p)(1+F)]^2}{n-1} \quad e$$

$$\text{Var}(QMG) \approx \frac{2[E(QMG)]^2}{v} = \frac{2[p(1-p)(1-F)]^2}{n}.$$

Substituindo-se estes resultados na expressão de $E[\hat{F}]$, obtém-se:

$$E[\hat{F}] \approx F + \frac{2[p(1-p)]^2}{[2p(1-p)]^2} \left[\frac{(F+1)^2(F-1)}{n-1} + \frac{(F+1)(1-F)^2}{n} \right]$$

$$\approx F + \frac{1}{2} \left[\frac{F^3 + F^2 - F - 1}{n-1} + \frac{F^3 - F^2 - F + 1}{n} \right]$$

Considerando-se que o número de indivíduos seja tal que $n-1 \approx n$, então:

$$E[\hat{F}] \approx F + \frac{1}{2} \left[\frac{2F^3 - 2F}{n} \right] \approx F + \frac{F^3 - F}{n}$$

$$\approx F - \frac{F(1-F^2)}{n}$$

O resultado obtido mostrou que o estimador encontrado pelo método dos momentos é tendencioso, considerando-se a aproximação de primeira ordem pela série de Taylor. O viés do estimador foi negativo, isto é, as estimativas de F obtidas pelo método dos momentos tendem a ser em média inferiores ao verdadeiro valor de F . O viés do estimador é função de $1/n$ portanto à medida que o tamanho da amostra aumenta ele reduz.

A expressão encontrada para o viés do estimador de F

$$= \frac{F(1 - F^2)}{n}$$

foi semelhante àquela apresentada por JOHNSON & KOTZ (1970), para viés do estimador do coeficiente de correlação, diferindo apenas por não ter o valor 2 no denominador.

A variância do estimador de F pode ser obtida também pelo desenvolvimento em série de Taylor da função X/Y no ponto $X = \mu_X$ e $Y = \mu_Y$ conforme MOOD et al. (1974) que define

$$\text{Var}\left[\frac{X}{Y}\right] \approx \frac{\mu_Y^2 \text{Var}[X] + \mu_X^2 \text{Var}[Y] - 2\mu_X\mu_Y \text{Cov}[X,Y]}{\mu_Y^4}$$

Substituindo-se os resultados (a), (b) e (c) obtidos anteriormente na expressão de $\text{Var}[\hat{F}]$, obtém-se:

$$\begin{aligned} \text{Var}[\hat{F}] &\approx \frac{[2p(1-p)]^2 \text{Var}[QMI - QMG] + [2p(1-p)F]^2 \text{Var}[QMI + QMG] - 2[2p(1-p)] \text{Var}(QMI) - \text{Var}(QMG)]}{[2p(1-p)]^4} \\ &= \frac{\{[2p(1-p)]^2 - 2[2p(1-p)][2p(1-p)F] + [2p(1-p)F]^2\} \text{Var}(QMI) + \{[2p(1-p)]^2 + 2[2p(1-p)][2p(1-p)F] + [2p(1-p)F]^2\} \text{Var}(QMG)}{[2p(1-p)]^4} \\ &\approx \frac{[2p(1-p) - 2p(1-p)F]^2 \text{Var}(QMI) + [2p(1-p) + 2p(1-p)F]^2 \text{Var}(QMG)}{[2p(1-p)]^4} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\text{Var}[\hat{F}] &\approx \frac{[2p(1-p)(1-F)]^2 \text{Var}(\text{QMI}) + [2p(1-p)(1+F)]^2 \text{Var}(\text{QMG})}{[2p(1-p)]^4} \\
&\approx \frac{(1-F)^2 \text{Var}(\text{QMI}) + (1+F)^2 \text{Var}(\text{QMG})}{[2p(1-p)]^2} \\
&\approx \frac{1}{[2p(1-p)]^2} \left\{ (1-F)^2 \frac{2[p(1-p)(1+F)]^2}{n-1} + (1+F)^2 \frac{2[p(1-p)(1-F)]^2}{n} \right\} \\
&\approx \frac{1}{2} \left\{ \frac{(1-F)^2 (1+F)^2}{n-1} + \frac{(1+F)^2 (1-F)^2}{n} \right\} \\
&\approx \frac{(1-F)^2 (1+F)^2}{n} \\
&\approx \frac{(1-F^2)^2}{n}
\end{aligned}$$

A expressão encontrada para a variância do estimador de F assemelhou-se às expressões apresentadas por JOHNSON & KOTZ (1970) e FISHER (1970).

Na prática, quando se toma uma amostra de n indivíduos, não se conhece F . Assim, é importante ter-se uma maneira de obter uma estimativa $\hat{F}$ e de sua variância. Na estimação da variância de $\hat{F}$ precisou-se estimar a variância de um quadrado médio.

Utilizando-se como estimador de um quadrado médio a expressão sugerida por vários autores tais como SEARLE (1971),

$$\text{Vâr}(\text{QM}) = \frac{2(\text{QM})^2}{v + 2},$$

pode-se obter um estimador de $\text{Var}[\hat{F}]$.

Substituindo-se os parâmetros por suas estimativas na expressão:

$$\begin{aligned} \text{Var}[\hat{F}] &\approx \frac{(1-F)^2 \text{Var}(\text{QMI}) + (1+F)^2 \text{Var}(\text{QMG})}{[2p(1-p)]^2} \\ &\approx \frac{(1-F)^2 \text{Var}(\text{QMI}) + (1+F)^2 \text{Var}(\text{QMG})}{(2\sigma^2)^2} \end{aligned}$$

obteve-se um estimador de $\text{Var}[\hat{F}]$ dado por:

$$\begin{aligned} \text{Vâr}_1(\hat{F}) &\approx \frac{1}{(2\hat{\sigma}^2)^2} \left\{ (1-\hat{F})^2 \frac{2[\hat{\sigma}^2(1+\hat{F})]^2}{n+1} + (1+\hat{F})^2 \frac{2[\hat{\sigma}^2(1-\hat{F})]^2}{n+2} \right\} \\ &\approx \frac{1}{2} \left[\frac{(1-\hat{F})^2(1+\hat{F})}{n+1} + \frac{(1+\hat{F})^2(1-\hat{F})^2}{n+2} \right] \\ &\approx \frac{2n+3}{2(n+1)(n+2)} (1-\hat{F}^2)^2. \end{aligned}$$

Uma outra fórmula para estimar $\text{Var}[\hat{F}]$ foi obtida utilizando-se como estimador da variância de um quadrado médio a expressão

$$\text{Vâr}(\text{QM}) = \frac{2(\text{QM})^2}{v},$$

que não soma 2 aos graus de liberdade v . Para este caso, o estimador da variância de $\hat{F}$ foi dado por

$$\text{Vâr}_2(\hat{F}) \approx \frac{2n-1}{2n(n-1)}(1-\hat{F}^2)^2.$$

Pode-se também utilizar como estimador da variância de $\hat{F}$ a fórmula obtida para esta variância, substituindo os parâmetros por suas estimativas, correspondente à expressão sugerida por FISHER (1970) para estimativa da variância do coeficiente de correlação, dada por

$$\text{Vâr}_3(\hat{F}) \approx \frac{(1-\hat{F}^2)^2}{n}.$$

A Tabela 6 apresenta a média ($\bar{\hat{F}}$), a variância $\text{Var}(\hat{F})$ e as médias dos três estimadores da variância de $\hat{F}$ obtidas em N=100 experimentos com diferentes números de indivíduos em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

A Tabela 7 apresenta o valor esperado e a variância das estimativas do coeficiente de endogamia para populações de dois alelos, com diferentes valores de coeficiente de endogamia, calculado através das expressões obtidas pelo desenvolvimento em série de Taylor com diferentes números de indivíduos.

As médias ($\bar{\hat{F}}$) obtidas em todas populações, considerando as diversas combinações de número de indivíduos comprovaram que o estimador

$$\hat{F} = \frac{QMI - QMG}{QMI + QMG}$$

obtido pelo método dos momentos foi realmente um estimador tendencioso, apresentando um viés negativo, o que pode ser visto na Tabela 6 onde a maioria

dos valores de $\bar{\hat{F}}$ está abaixo do valor F da população. Com o aumento do tamanho da amostra os valores de $\bar{\hat{F}}$ se aproximaram de F . Comparando-se os valores de $\bar{\hat{F}}$ da Tabela 6 com os valores esperados de $\hat{F}$, apresentados na Tabela 7, observa-se que houve uma concordância entre os resultados observados e os teóricos.

Os valores das variâncias de $\hat{F}$, apresentados na Tabela 6 indicaram que, quando a frequência gênica da população esteve entre 0,3 e 0,7, o coeficiente de endogamia foi inferior a 0,5 e se trabalhou com pelo menos 30 indivíduos, houve uma concordância entre os resultados observados e aqueles teoricamente esperados na Tabela 7. Com a frequência gênica entre 0,3 e 0,7 e o coeficiente de endogamia inferior a 0,3, a concordância se verificou quando se usaram 20 ou mais indivíduos. Estes resultados comprovaram que a fórmula proposta para a variância de $\hat{F}$ foi válida quando a população teve baixo coeficiente de endogamia, a frequência gênica e o número de indivíduos foram suficientes para se admitir uma razoável aproximação normal, concordando com as condições apresentadas por FISHER (1970), para a distribuição do coeficiente de correlação.

Com relação aos três estimadores da variância de $\hat{F}$, eles forneceram valores que se aproximaram bem dos valores de $\text{Var}[\hat{F}]$ na Tabela 6 nas mesmas faixas de frequência gênica, coeficiente de endogamia e número de indivíduos. Os resultados obtidos para os três estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ foram semelhantes aos teóricos da Tabela 7, quando o coeficiente de endogamia foi inferior a 0,8 independentemente da frequência gênica e do número de indivíduos. Os três estimadores praticamente forneceram os mesmos resultados quando se

usaram pelo menos 20 indivíduos, em qualquer situação, indicando que se pode utilizar o último deles cuja expressão

$$\text{Vâr}(\hat{F}) \approx \frac{(1 - \hat{F}^2)^2}{n}$$

é bastante simples e semelhante com aquela apresentada por FISHER (1970).

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\bar{\hat{F}}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{\text{Var}}_1(\hat{F})$	$\bar{\text{Var}}_2(\hat{F})$	$\bar{\text{Var}}_3(\hat{F})$
10	0,1	0,0	-0,0197	0,0273	0,0953	0,0786	0,0903
20			-0,0090	0,0267	0,0488	0,0443	0,0476
30			0,0144	0,0354	0,0318	0,0298	0,0313
50			0,0009	0,0170	0,0195	0,0188	0,0193
100			0,0207	0,0112	0,0098	0,0096	0,0098
200			-0,0096	0,0053	0,0050	0,0049	0,0050
10	0,1	0,1	0,0440	0,0610	0,0879	0,0725	0,0832
20			0,0794	0,0637	0,0459	0,0416	0,0447
30			0,0888	0,0520	0,0304	0,0285	0,0299
50			0,0866	0,0271	0,0190	0,0182	0,0187
100			0,1096	0,0157	0,0095	0,0093	0,0095
200			0,0862	0,0086	0,0049	0,0048	0,0048
10	0,1	0,2	0,1220	0,0842	0,0699	0,0577	0,0662
20			0,1356	0,0704	0,0424	0,0385	0,0413
30			0,1713	0,0568	0,0290	0,0271	0,0285
50			0,1436	0,0338	0,0182	0,0175	0,0180
100			0,1893	0,0211	0,0090	0,0088	0,0089
200			0,1847	0,0120	0,0046	0,0045	0,0046
10	0,1	0,3	0,1890	0,1341	0,0596	0,0492	0,0565
20			0,2072	0,1004	0,0397	0,0360	0,0387
30			0,2471	0,0842	0,0260	0,0243	0,0255
50			0,2766	0,0461	0,0160	0,0153	0,0158
100			0,2753	0,0216	0,0082	0,0081	0,0082
200			0,2958	0,0083	0,0041	0,0040	0,0041

$\bar{\hat{F}}$: média de $\hat{F}$ nos $N=100$ experimentos;

$\text{Var}(\hat{F})$: variância de $\hat{F}$ nos $N=100$ experimentos;

$\bar{\text{Var}}_1(\hat{F})$: média das 100 estimativas de $\text{Var}(\hat{F})$ obtidas por $\text{Var}_1(\hat{F})$;

$\bar{\text{Var}}_2(\hat{F})$: média das 100 estimativas de $\text{Var}(\hat{F})$ obtidas por $\text{Var}_2(\hat{F})$;

$\bar{\text{Var}}_3(\hat{F})$: média das 100 estimativas de $\text{Var}(\hat{F})$ obtidas por $\text{Var}_3(\hat{F})$.

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{A}_1(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{A}_2(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{A}_3(\hat{F})$
10	0,1	0,4	0,2771	0,1595	0,0579	0,0478	0,0549
20			0,3518	0,1314	0,0328	0,0297	0,0320
30			0,3455	0,0949	0,0222	0,0208	0,219
50			0,3801	0,0465	0,0138	0,0133	0,0137
100			0,3844	0,0246	0,0070	0,0069	0,0070
200			0,4030	0,0137	0,0034	0,0034	0,0034
10	0,1	0,5	0,2362	0,1491	0,0536	0,0442	0,0508
20			0,4069	0,1332	0,0267	0,0242	0,0260
30			0,4472	0,0846	0,0192	0,0180	0,0189
50			0,4753	0,0558	0,0112	0,0108	0,0111
100			0,5009	0,0168	0,0055	0,0054	0,0055
200			0,4892	0,0104	0,0029	0,0028	0,0029
10	0,1	0,6	0,3879	0,1974	0,0393	0,0324	0,0372
20			0,4709	0,1580	0,0218	0,0197	0,0212
30			0,5284	0,0825	0,0161	0,0151	0,0159
50			0,5587	0,0482	0,0093	0,0089	0,0092
100			0,5800	0,0192	0,0044	0,0043	0,0044
200			0,5855	0,0119	0,0022	0,0021	0,0022
10	0,1	0,7	0,4605	0,1956	0,0217	0,0180	0,0206
20			0,5646	0,1681	0,0187	0,0170	0,0182
30			0,6585	0,0731	0,0106	0,0099	0,0104
50			0,6876	0,0422	0,0061	0,0058	0,0060
100			0,6961	0,0197	0,0029	0,0029	0,0029
200			0,6986	0,0070	0,0013	0,0013	0,0013
10	0,1	0,8	0,5665	0,2150	0,0180	0,0149	0,0171
20			0,6826	0,1244	0,0108	0,0098	0,0105
30			0,7624	0,0622	0,0067	0,0063	0,0066
50			0,8083	0,0164	0,0030	0,0029	0,0030
100			0,7998	0,0128	0,0015	0,0015	0,0015
200			0,7963	0,0054	0,0007	0,0007	0,0007
10	0,1	0,9	0,4922	0,2284	0,0153	0,0126	0,0145
20			0,8552	0,0714	0,0036	0,0033	0,0036
30			0,8568	0,0533	0,0039	0,0037	0,0039
50			0,8886	0,0135	0,0015	0,0014	0,0015
100			0,8956	0,0077	0,0006	0,0006	0,0006
200			0,9014	0,0028	0,0002	0,0002	0,0002
10	0,1	1,0	0,5880	0,2431	0,0001	0,0001	0,0001
20			0,8488	0,1286	0,0000	0,0000	0,0000
30			0,9478	0,0480	0,0004	0,0003	0,0004
50			0,9920	0,0014	0,0001	0,0001	0,0001
100			0,9966	0,0002	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,9950	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{r}_1(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{r}_2(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{r}_3(\hat{F})$
10	0,2	0,0	0,0015	0,0726	0,0917	0,0757	0,0869
20			-0,0362	0,0359	0,0477	0,0432	0,0465
30			-0,0235	0,0297	0,0319	0,0299	0,0314
50			-0,0090	0,0185	0,0195	0,0187	0,0193
100			-0,0098	0,0088	0,0099	0,0097	0,0098
200			0,0004	0,0037	0,0050	0,0049	0,0050
10	0,2	0,1	0,1026	0,0885	0,0874	0,0722	0,0828
20			0,0829	0,0515	0,0460	0,0417	0,0448
30			0,0995	0,0371	0,0309	0,0290	0,0304
50			0,1060	0,0286	0,0187	0,0180	0,0185
100			0,0863	0,0132	0,0096	0,0095	0,0096
200			0,0958	0,0060	0,0049	0,0048	0,0048
10	0,2	0,2	0,2088	0,1312	0,0777	0,0641	0,0736
20			0,1954	0,0629	0,0424	0,0385	0,0414
30			0,1716	0,0375	0,0298	0,0279	0,0293
50			0,1820	0,0298	0,0179	0,0172	0,0177
100			0,1986	0,0122	0,0091	0,0089	0,0090
200			0,1898	0,0052	0,0046	0,0046	0,0046
10	0,2	0,3	0,3114	0,1472	0,0695	0,0573	0,0658
20			0,2742	0,0730	0,0386	0,0350	0,0376
30			0,2687	0,0433	0,0270	0,0253	0,0266
50			0,2746	0,0268	0,0165	0,0158	0,0163
100			0,2948	0,0118	0,0082	0,0080	0,0082
200			0,3096	0,0062	0,0040	0,0040	0,0040
10	0,2	0,4	0,4032	0,1430	0,0611	0,0504	0,0579
20			0,3793	0,0708	0,0334	0,0303	0,0326
30			0,4192	0,0455	0,0216	0,0203	0,0213
50			0,3657	0,0289	0,0145	0,0139	0,0143
100			0,3935	0,0119	0,0071	0,0069	0,0070
200			0,3893	0,0065	0,0036	0,0035	0,0036
10	0,2	0,5	0,4097	0,1410	0,0564	0,0466	0,0534
20			0,4873	0,0756	0,0273	0,0248	0,0266
30			0,5003	0,0497	0,0182	0,0170	0,0179
50			0,4872	0,0233	0,0115	0,0110	0,0114
100			0,4811	0,0106	0,0059	0,0058	0,0058
200			0,4856	0,0054	0,0029	0,0029	0,0029
10	0,2	0,6	0,5089	0,1419	0,0470	0,0388	0,0445
20			0,5735	0,0548	0,0229	0,0208	0,0223
30			0,5976	0,0300	0,0143	0,0134	0,0140
50			0,6331	0,0175	0,0073	0,0071	0,0073
100			0,6012	0,0082	0,0041	0,0040	0,0041
200			0,5908	0,0068	0,0021	0,0021	0,0021

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{v}_{\hat{F}_1}(\hat{F})$	$\bar{v}_{\hat{F}_2}(\hat{F})$	$\bar{v}_{\hat{F}_3}(\hat{F})$
10	0,2	0,7	0,6192	0,1149	0,0369	0,0304	0,0349
20			0,6621	0,0536	0,0165	0,0150	0,0161
30			0,6942	0,0227	0,0097	0,0091	0,0095
50			0,6836	0,0242	0,0060	0,0058	0,0060
100			0,7071	0,0083	0,0026	0,0025	0,0026
200			0,6895	0,0047	0,0014	0,0014	0,0014
10	0,2	0,8	0,6712	0,1558	0,0253	0,0209	0,0240
20			0,7902	0,0375	0,0088	0,0079	0,0085
30			0,7737	0,0236	0,0065	0,0061	0,0064
50			0,7792	0,0106	0,0034	0,0033	0,0034
100			0,7879	0,0045	0,0015	0,0015	0,0015
200			0,8026	0,0036	0,0007	0,0007	0,0007
10	0,2	0,9	0,8138	0,0947	0,0122	0,0100	0,0115
20			0,8831	0,0349	0,0047	0,0043	0,0046
30			0,8740	0,0229	0,0027	0,0025	0,0027
50			0,8974	0,0110	0,0013	0,0012	0,0012
100			0,8981	0,0030	0,0005	0,0004	0,0005
200			0,8952	0,0017	0,0002	0,0002	0,0002
10	0,2	1,0	0,8879	0,0989	0,0012	0,0010	0,0012
20			0,9854	0,0104	0,0001	0,0001	0,0001
30			1,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
50			0,9949	0,0004	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9969	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,3	0,0	-0,0104	0,0922	0,0884	0,0730	0,0838
20			-0,0295	0,0455	0,0468	0,0425	0,0456
30			0,0084	0,0282	0,0301	0,0301	0,0315
50			-0,0070	0,0274	0,0192	0,0184	0,0190
100			-0,0016	0,0086	0,0099	0,0097	0,0098
200			-0,0045	0,0051	0,0050	0,0049	0,0050
10	0,3	0,1	0,1069	0,1019	0,0849	0,0700	0,0804
20			0,0909	0,0511	0,0459	0,0416	0,0447
30			0,0935	0,0337	0,0312	0,0292	0,0307
50			0,1083	0,0189	0,0190	0,0183	0,0188
100			0,1037	0,0139	0,0096	0,0094	0,0095
200			0,0851	0,0046	0,0049	0,0048	0,0049
10	0,3	0,2	0,1980	0,0983	0,0182	0,0670	0,0769
20			0,1941	0,0630	0,0422	0,0383	0,0412
30			0,2146	0,0467	0,0284	0,0266	0,0279
50			0,2006	0,0208	0,0179	0,0172	0,0177
100			0,2000	0,0099	0,0091	0,0089	0,0090
200			0,1964	0,0059	0,0046	0,0045	0,0046

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{A}r_1(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{A}r_2(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{A}r_3(\hat{F})$
10	0,3	0,3	0,2728	0,1135	0,0751	0,0619	0,0711
20			0,3278	0,0440	0,0378	0,0343	0,0369
30			0,2927	0,0281	0,0270	0,0253	0,0265
50			0,2932	0,0245	0,0162	0,0156	0,0160
100			0,2893	0,0098	0,0083	0,0081	0,0083
200			0,2988	0,0049	0,0041	0,0041	0,0041
10	0,3	0,4	0,3646	0,1325	0,0645	0,0532	0,0611
20			0,3518	0,0552	0,0361	0,0327	0,0352
30			0,3837	0,0364	0,0233	0,0218	0,0229
50			0,3967	0,0199	0,0139	0,0134	0,0138
100			0,4053	0,0084	0,0069	0,0068	0,0069
200			0,3885	0,0052	0,0036	0,0036	0,0036
10	0,3	0,5	0,4955	0,1007	0,0532	0,0439	0,0504
20			0,4728	0,0450	0,0291	0,0264	0,0284
30			0,4757	0,0391	0,0195	0,0183	0,0192
50			0,4841	0,0183	0,0117	0,0112	0,0115
100			0,4950	0,0089	0,0057	0,0056	0,0056
200			0,4781	0,0043	0,0030	0,0029	0,0030
10	0,3	0,6	0,5002	0,1010	0,0519	0,0428	0,0492
20			0,5755	0,0373	0,0228	0,0207	0,0222
30			0,5932	0,0321	0,0143	0,0133	0,0140
50			0,6168	0,0147	0,0078	0,0075	0,0078
100			0,6008	0,0075	0,0041	0,0040	0,0041
200			0,5928	0,0046	0,0021	0,0021	0,0021
10	0,3	0,7	0,7022	0,0679	0,0285	0,0235	0,0270
20			0,6681	0,0405	0,0168	0,0152	0,0163
30			0,7033	0,0197	0,0092	0,0086	0,0090
50			0,6841	0,0117	0,0059	0,0056	0,0058
100			0,7014	0,0052	0,0026	0,0026	0,0026
200			0,6956	0,0032	0,0013	0,0013	0,0013
10	0,3	0,8	0,7446	0,0741	0,0246	0,0203	0,0233
20			0,7606	0,0356	0,0104	0,0094	0,0101
30			0,7888	0,0157	0,0057	0,0054	0,0056
50			0,7974	0,0095	0,0030	0,0029	0,0030
100			0,7943	0,0039	0,0014	0,0014	0,0014
200			0,7953	0,0022	0,0007	0,0007	0,0007
10	0,3	0,9	0,8498	0,0649	0,0127	0,0104	0,0120
20			0,9114	0,0109	0,0029	0,0026	0,0028
30			0,8821	0,0098	0,0024	0,0023	0,0024
50			0,8994	0,0049	0,0010	0,0010	0,0010
100			0,8907	0,0021	0,0005	0,0005	0,0005
200			0,9011	0,0010	0,0002	0,0002	0,0002

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{v}_{\hat{F}_1}(\hat{F})$	$\bar{v}_{\hat{F}_2}(\hat{F})$	$\bar{v}_{\hat{F}_3}(\hat{F})$
10	0,3	1,0	1,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
20			0,9968	0,0006	0,0001	0,0001	0,0001
30			0,9986	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
50			0,9983	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9972	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,9986	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,4	0,0	-0,0684	0,1133	0,0846	0,0698	0,0801
20			-0,0101	0,0548	0,0461	0,0418	0,0449
30			0,0183	0,0353	0,0316	0,0296	0,0311
50			-0,0262	0,0172	0,0195	0,0187	0,0193
100			0,0112	0,0095	0,0099	0,0097	0,0098
200			-0,0050	0,0058	0,0050	0,0049	0,0049
10	0,4	0,1	0,0887	0,1046	0,0859	0,0709	0,0813
20			0,0850	0,0446	0,0464	0,0420	0,0452
30			0,1344	0,0274	0,0310	0,0291	0,0305
50			0,1168	0,0194	0,0189	0,0182	0,0187
100			0,1103	0,0100	0,0096	0,0094	0,0096
200			0,1046	0,0058	0,0049	0,0048	0,0048
10	0,4	0,2	0,1844	0,1110	0,0807	0,0666	0,0764
20			0,1951	0,0470	0,0436	0,0395	0,0425
30			0,2156	0,0329	0,0290	0,0271	0,0285
50			0,2139	0,0212	0,0177	0,0170	0,0175
100			0,2027	0,0070	0,0091	0,0089	0,0091
200			0,1935	0,0056	0,0046	0,0045	0,0046
10	0,4	0,3	0,2644	0,0946	0,0771	0,0636	0,0730
20			0,3133	0,0587	0,0377	0,0342	0,0367
30			0,2701	0,0305	0,0276	0,0259	0,0272
50			0,2960	0,0185	0,0163	0,0157	0,0161
100			0,2870	0,0111	0,0083	0,0081	0,0082
200			0,2945	0,0048	0,0041	0,0041	0,0041
10	0,4	0,4	0,3732	0,0947	0,0673	0,0555	0,0637
20			0,3759	0,0406	0,0357	0,0324	0,0348
30			0,3788	0,0282	0,0239	0,0224	0,0235
50			0,4018	0,0163	0,0139	0,0133	0,0137
100			0,3907	0,0091	0,0071	0,0070	0,0071
200			0,3888	0,0045	0,0036	0,0036	0,0036
10	0,4	0,5	0,4780	0,0945	0,0568	0,0469	0,0538
20			0,5006	0,0436	0,0277	0,0251	0,0270
30			0,4727	0,0330	0,0197	0,0185	0,0194
50			0,5041	0,0130	0,0111	0,0107	0,0110
100			0,4794	0,0080	0,0059	0,0058	0,0059
200			0,4918	0,0045	0,0029	0,0028	0,0029

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}r_1(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}r_2(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}r_3(\hat{F})$
10	0,4	0,6	0,5804	0,0726	0,0455	0,0376	0,0431
20			0,5920	0,0343	0,0218	0,0198	0,0213
30			0,6034	0,0200	0,0139	0,0130	0,0136
50			0,5866	0,0137	0,0087	0,0083	0,0086
100			0,5856	0,0060	0,0043	0,0043	0,0043
200			0,5919	0,0043	0,0021	0,0021	0,0021
10	0,4	0,7	0,6901	0,0524	0,0314	0,0259	0,0298
20			0,6716	0,0251	0,0160	0,0145	0,0156
30			0,7282	0,0149	0,0080	0,0075	0,0079
50			0,6888	0,0090	0,0057	0,0055	0,0057
100			0,6920	0,0060	0,0028	0,0027	0,0028
200			0,6978	0,0026	0,0013	0,0013	0,0013
10	0,4	0,8	0,8077	0,0536	0,0182	0,0150	0,0172
20			0,8107	0,0187	0,0078	0,0070	0,0076
30			0,8034	0,0112	0,0049	0,0046	0,0048
50			0,8013	0,0069	0,0028	0,0027	0,0028
100			0,8086	0,0037	0,0013	0,0012	0,0013
200			0,7972	0,0018	0,0007	0,0007	0,0007
10	0,4	0,9	0,9052	0,0187	0,0081	0,0067	0,0077
20			0,9036	0,0091	0,0030	0,0027	0,0029
30			0,9098	0,0053	0,0015	0,0014	0,0015
50			0,8925	0,0049	0,0011	0,0010	0,0010
100			0,8964	0,0016	0,0004	0,0004	0,0004
200			0,8979	0,0012	0,0002	0,0002	0,0002
10	0,4	1,0	0,9900	0,0100	0,0000	0,0000	0,0000
20			1,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
30			0,9953	0,0004	0,0001	0,0000	0,0001
50			0,9987	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9983	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,9977	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,5	0,0	-0,0409	0,0811	0,0903	0,0745	0,0855
20			-0,0070	0,0434	0,0471	0,0428	0,0459
30			-0,0017	0,0488	0,0308	0,0289	0,0303
50			0,0060	0,0158	0,0196	0,0188	0,0194
100			-0,0168	0,0099	0,0098	0,0097	0,0098
200			-0,0162	0,0046	0,0050	0,0049	0,0050
10	0,5	0,1	0,0375	0,1203	0,0840	0,0693	0,0796
20			0,1045	0,0413	0,0463	0,0420	0,0451
30			0,0949	0,0293	0,0314	0,0294	0,0309
50			0,0918	0,0234	0,0190	0,0182	0,0188
100			0,1055	0,0086	0,0097	0,0095	0,0096
200			0,1008	0,0037	0,0049	0,0048	0,0049

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\text{Var}_1(\hat{F})$	$\text{Var}_2(\hat{F})$	$\text{Var}_3(\hat{F})$
10	0,5	0,2	0,2164	0,1021	0,0796	0,0637	0,0754
20			0,2134	0,0608	0,0418	0,0379	0,0407
30			0,2045	0,0257	0,0296	0,0278	0,0292
50			0,2095	0,0192	0,0178	0,0171	0,0176
100			0,1956	0,0087	0,0091	0,0090	0,0091
200			0,2092	0,0046	0,0045	0,0045	0,0045
10	0,5	0,3	0,2314	0,0993	0,0795	0,0656	0,0753
20			0,2570	0,0604	0,0403	0,0365	0,0392
30			0,3198	0,0291	0,0260	0,0243	0,0256
50			0,3045	0,0180	0,0162	0,0155	0,0160
100			0,2870	0,0067	0,0084	0,0082	0,0083
200			0,3148	0,0033	0,0040	0,0040	0,0040
10	0,5	0,4	0,4114	0,0837	0,0648	0,0534	0,0614
20			0,3943	0,0331	0,0348	0,0316	0,0339
30			0,4130	0,0276	0,0225	0,0210	0,0221
50			0,3749	0,0159	0,0145	0,0140	0,0144
100			0,3860	0,0117	0,0071	0,0070	0,0071
200			0,3949	0,0042	0,0035	0,0035	0,0035
10	0,5	0,5	0,4935	0,0758	0,0566	0,0467	0,0536
20			0,4851	0,0439	0,0286	0,0260	0,0279
30			0,5142	0,0226	0,0180	0,0169	0,0177
50			0,5182	0,0151	0,0107	0,0103	0,0106
100			0,4962	0,0073	0,0057	0,0055	0,0056
200			0,4900	0,0036	0,0029	0,0029	0,0029
10	0,5	0,6	0,5783	0,0813	0,0456	0,0376	0,0432
20			0,5874	0,0346	0,0222	0,0201	0,0216
30			0,5950	0,0196	0,0142	0,0133	0,0140
50			0,5685	0,0120	0,0092	0,0089	0,0091
100			0,5929	0,0061	0,0042	0,0041	0,0042
200			0,5996	0,0027	0,0021	0,0020	0,0020
10	0,5	0,7	0,6527	0,0722	0,0374	0,0309	0,0355
20			0,7101	0,0278	0,0140	0,0127	0,0137
30			0,6830	0,0211	0,0101	0,0095	0,0099
50			0,7053	0,0093	0,0053	0,0051	0,0052
100			0,6996	0,0055	0,0027	0,0026	0,0026
200			0,6858	0,0028	0,0014	0,0014	0,0014
10	0,5	0,8	0,8194	0,0342	0,0175	0,0144	0,0166
20			0,8011	0,0180	0,0081	0,0073	0,0079
30			0,7894	0,0118	0,0054	0,0051	0,0053
50			0,7922	0,0088	0,0031	0,0030	0,0030
100			0,7997	0,0036	0,0014	0,0013	0,0014
200			0,7914	0,0016	0,0007	0,0007	0,0007

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\text{V}\hat{\text{ar}}_1(\hat{F})$	$\text{V}\hat{\text{ar}}_2(\hat{F})$	$\text{V}\hat{\text{ar}}_3(\hat{F})$
10	0,5	0,9	0,8881	0,0300	0,0098	0,0081	0,0093
20			0,9013	0,0112	0,0033	0,0030	0,0032
30			0,8774	0,0084	0,0025	0,0023	0,0025
50			0,8955	0,0038	0,0010	0,0010	0,0010
100			0,8961	0,0022	0,0004	0,0004	0,0004
200			0,9013	0,0009	0,0002	0,0002	0,0002
10	0,5	1,0	0,9925	0,0014	0,0005	0,0004	0,0005
20			0,9971	0,0003	0,0001	0,0001	0,0001
30			0,9971	0,0002	0,0000	0,0000	0,0000
50			0,9984	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9972	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,9978	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,6	0,0	-0,0326	0,0954	0,0877	0,0724	0,0831
20			-0,0016	0,0479	0,0468	0,0424	0,0456
30			0,0056	0,0274	0,0321	0,0301	0,0316
50			0,0052	0,0280	0,0193	0,0186	0,0191
100			0,0174	0,0086	0,0099	0,0097	0,0098
200			-0,0090	0,0053	0,0050	0,0049	0,0049
10	0,6	0,1	0,1230	0,0984	0,0860	0,0710	0,0815
20			0,1272	0,0537	0,0450	0,0408	0,0438
30			0,1112	0,0342	0,0310	0,0290	0,0304
50			0,0947	0,0209	0,0190	0,0183	0,0188
100			0,0940	0,0114	0,0097	0,0095	0,0096
200			0,0895	0,0044	0,0049	0,0048	0,0049
10	0,6	0,2	0,1943	0,1003	0,0815	0,0673	0,0772
20			0,1705	0,0551	0,0437	0,0396	0,0426
30			0,2025	0,0241	0,0299	0,0280	0,0294
50			0,2337	0,0140	0,0176	0,0169	0,0174
100			0,2008	0,0087	0,0091	0,0089	0,0091
200			0,1899	0,0049	0,0046	0,0046	0,0046
10	0,6	0,3	0,2860	0,0966	0,0741	0,0612	0,0702
20			0,2918	0,0421	0,0399	0,0362	0,0389
30			0,2964	0,0301	0,0268	0,0251	0,0263
50			0,2896	0,0211	0,0163	0,0157	0,0161
100			0,2909	0,0096	0,0083	0,0081	0,0082
200			0,2854	0,0047	0,0042	0,0042	0,0042
10	0,6	0,4	0,4081	0,1088	0,0622	0,0513	0,0589
20			0,3987	0,0446	0,0343	0,0311	0,0334
30			0,3698	0,0295	0,0241	0,0226	0,0237
50			0,4123	0,0185	0,0136	0,0131	0,0134
100			0,3783	0,0087	0,0073	0,0071	0,0072
200			0,3803	0,0043	0,0036	0,0036	0,0036

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}r_1(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}r_2(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}r_3(\hat{F})$
10	0,6	0,5	0,5143	0,0640	0,0543	0,0448	0,0515
20			0,5055	0,0327	0,0277	0,0251	0,0270
30			0,4960	0,0321	0,0186	0,0174	0,0183
50			0,5136	0,0172	0,0108	0,0104	0,0107
100			0,4987	0,0078	0,0056	0,0055	0,0056
200			0,4971	0,0031	0,0028	0,0028	0,0028
10	0,6	0,6	0,5630	0,0913	0,0470	0,0388	0,0445
20			0,5681	0,0426	0,0234	0,0212	0,0228
30			0,6121	0,0268	0,0133	0,0124	0,0131
50			0,5997	0,0119	0,0083	0,0080	0,0082
100			0,6047	0,0059	0,0040	0,0041	0,0040
200			0,6028	0,0031	0,0020	0,0020	0,0020
10	0,6	0,7	0,7258	0,0558	0,0288	0,0238	0,0273
20			0,7150	0,0341	0,0137	0,0124	0,0134
30			0,7093	0,0175	0,0089	0,0084	0,0088
50			0,7053	0,0119	0,0053	0,0051	0,0053
100			0,7021	0,0044	0,0026	0,0027	0,0026
200			0,6990	0,0025	0,0013	0,0013	0,0013
10	0,6	0,8	0,8067	0,0484	0,0191	0,0158	0,0181
20			0,7938	0,0191	0,0084	0,0076	0,0082
30			0,7840	0,0166	0,0059	0,0055	0,0058
50			0,7979	0,0100	0,0030	0,0029	0,0029
100			0,7968	0,0041	0,0014	0,0014	0,0026
200			0,7971	0,0021	0,0007	0,0007	0,0007
10	0,6	0,9	0,9103	0,0168	0,0074	0,0061	0,0070
20			0,8887	0,0112	0,0036	0,0033	0,0035
30			0,8930	0,0061	0,0019	0,0018	0,0019
50			0,9036	0,0036	0,0020	0,0008	0,0009
100			0,8900	0,0024	0,0005	0,0005	0,0005
200			0,9012	0,0011	0,0002	0,0002	0,0002
10	0,6	1,0	1,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
20			0,9988	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
30			0,9993	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
50			0,9983	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9977	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,9979	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,7	0,0	-0,0048	0,1083	0,0855	0,0705	0,0810
20			0,0415	0,0461	0,0468	0,0424	0,0456
30			-0,0145	0,0244	0,0323	0,0323	0,0318
50			-0,0030	0,0237	0,0193	0,0185	0,0191
100			-0,0049	0,0076	0,0099	0,0097	0,0098
200			-0,0205	0,0034	0,0050	0,0049	0,0050

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}_1(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}_2(\hat{F})$	$\bar{V}\hat{a}_3(\hat{F})$
10	0,7	0,1	0,0836	0,1084	0,0848	0,0700	0,0803
20			0,0777	0,0679	0,0447	0,0405	0,0435
30			0,0887	0,0452	0,0307	0,0287	0,0301
50			0,0882	0,0177	0,0192	0,0185	0,0190
100			0,0983	0,0100	0,0097	0,0095	0,0096
200			0,1144	0,0058	0,0048	0,0048	0,0048
10	0,7	0,2	0,1904	0,1142	0,0800	0,0660	0,0758
20			0,1855	0,0624	0,0430	0,0390	0,0419
30			0,2060	0,0312	0,0293	0,0274	0,0288
50			0,1917	0,0218	0,0180	0,0173	0,0178
100			0,1952	0,0123	0,0091	0,0089	0,0090
200			0,1891	0,0053	0,0046	0,0046	0,0046
10	0,7	0,3	0,2364	0,1220	0,0759	0,0627	0,0719
20			0,2674	0,0632	0,0396	0,0359	0,0386
30			0,2809	0,0396	0,0270	0,0252	0,0265
50			0,2841	0,0238	0,0164	0,0157	0,0162
100			0,2828	0,0092	0,0084	0,0082	0,0083
200			0,2962	0,0048	0,0041	0,0041	0,0041
10	0,7	0,4	0,3287	0,1081	0,0691	0,0570	0,0654
20			0,4033	0,0483	0,0334	0,0303	0,0326
30			0,4052	0,0353	0,0224	0,0210	0,0221
50			0,3904	0,0230	0,0140	0,0135	0,0139
100			0,4078	0,0096	0,0069	0,0068	0,0068
200			0,3975	0,0041	0,0035	0,0035	0,0035
10	0,7	0,5	0,4798	0,0959	0,0558	0,0461	0,0529
20			0,4921	0,0456	0,0281	0,0255	0,0273
30			0,4868	0,0252	0,0192	0,0180	0,0189
50			0,4912	0,0157	0,0115	0,0110	0,0114
100			0,4771	0,0091	0,0059	0,0058	0,0059
200			0,4956	0,0035	0,0028	0,0028	0,0028
10	0,7	0,6	0,5633	0,0925	0,0450	0,0371	0,0426
20			0,5421	0,0364	0,0252	0,0228	0,0245
30			0,5900	0,0289	0,0144	0,0135	0,0142
50			0,6085	0,0158	0,0081	0,0077	0,0080
100			0,5828	0,0076	0,0044	0,0043	0,0044
200			0,5984	0,0041	0,0021	0,0020	0,0021
10	0,7	,07	0,6950	0,0739	0,0286	0,0236	0,0271
20			0,7009	0,0293	0,0144	0,0131	0,0140
30			0,6751	0,0206	0,0104	0,0097	0,0102
50			0,6895	0,0123	0,0058	0,0055	0,0057
100			0,6769	0,0066	0,0030	0,0029	0,0030
200			0,6975	0,0042	0,0013	0,0013	0,0013

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\text{Var}_1(\hat{F})$	$\text{Var}_2(\hat{F})$	$\text{Var}_3(\hat{F})$
10	0,7	0,8	0,7536	0,0770	0,0227	0,0187	0,0215
20			0,8111	0,0332	0,0078	0,0070	0,0076
30			0,7856	0,0200	0,0060	0,0056	0,0059
50			0,7785	0,0107	0,0034	0,0033	0,0034
100			0,7987	0,0043	0,0014	0,0014	0,0014
200			0,7913	0,0024	0,0007	0,0007	0,0007
10	0,7	0,9	0,8922	0,0322	0,0103	0,0085	0,0097
20			0,8964	0,0148	0,0037	0,0034	0,0036
30			0,8880	0,0083	0,0022	0,0021	0,0022
50			0,8934	0,0056	0,0011	0,0011	0,0011
100			0,9028	0,0021	0,0004	0,0040	0,0004
200			0,9026	0,0011	0,0002	0,0002	0,0002
10	0,7	1,0	0,9682	0,0296	0,0001	0,0001	0,0001
20			0,9978	0,0002	0,0000	0,0000	0,0000
30			0,9978	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000
50			0,9950	0,0002	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9983	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,9972	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,8	0,0	-0,0066	0,0657	0,0939	0,0775	0,0890
20			0,0160	0,0515	0,0464	0,0421	0,0452
30			-0,0205	0,0454	0,0310	0,0290	0,0305
50			-0,0203	0,0166	0,0195	0,0188	0,0193
100			-0,0268	0,0111	0,0098	0,0096	0,0098
200			-0,0064	0,0052	0,0050	0,0049	0,0050
10	0,8	0,1	0,0635	0,0956	0,0874	0,0721	0,0828
20			0,0712	0,0491	0,0462	0,0419	0,0451
30			0,1020	0,0405	0,0308	0,0288	0,0303
50			0,0968	0,0248	0,0189	0,0182	0,0187
100			0,0879	0,0117	0,0097	0,0095	0,0096
200			0,1010	0,0046	0,0049	0,0048	0,0049
10	0,8	0,2	0,1212	0,1236	0,0818	0,0675	0,0775
20			0,2110	0,0732	0,0414	0,0376	0,0404
30			0,1811	0,0467	0,0291	0,0273	0,0286
50			0,1785	0,0259	0,0180	0,0173	0,0178
100			0,1715	0,0139	0,0092	0,0090	0,0092
200			0,1954	0,0060	0,0046	0,0045	0,0046
10	0,8	0,3	0,1786	0,1177	0,0802	0,0662	0,0760
20			0,2406	0,0761	0,0396	0,0359	0,0386
30			0,2603	0,0389	0,0276	0,0258	0,0271
50			0,3175	0,0287	0,0156	0,0150	0,0154
100			0,2951	0,0145	0,0082	0,0080	0,0081
200			0,3064	0,0071	0,0041	0,0040	0,0041

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{\text{Var}}_1(\hat{F})$	$\bar{\text{Var}}_2(\hat{F})$	$\bar{\text{Var}}_3(\hat{F})$
10	0,8	0,4	0,2512	0,1198	0,0720	0,0594	0,0682
20			0,3992	0,0638	0,0328	0,0298	0,0320
30			0,3826	0,0551	0,0228	0,0213	0,0224
50			0,4117	0,0274	0,0133	0,0128	0,0132
100			0,4004	0,0139	0,0069	0,0069	0,0069
200			0,3933	0,0065	0,0035	0,0035	0,0035
10	0,8	0,5	0,3886	0,1264	0,0599	0,0495	0,0568
20			0,4203	0,0648	0,0316	0,0287	0,0308
30			0,4644	0,0512	0,0196	0,0183	0,0193
50			0,4828	0,0230	0,0116	0,0112	0,0115
100			0,5174	0,0117	0,0053	0,0052	0,0053
200			0,4861	0,0064	0,0029	0,0029	0,0029
10	0,8	0,6	0,4746	0,1430	0,0499	0,0412	0,0473
20			0,5311	0,0731	0,0250	0,0227	0,0243
30			0,5834	0,0430	0,0147	0,0138	0,0144
50			0,6214	0,0222	0,0077	0,0074	0,0077
100			0,5921	0,0117	0,0043	0,0042	0,0042
200			0,6104	0,0055	0,0020	0,0020	0,0020
10	0,8	0,7	0,6505	0,1310	0,0304	0,0251	0,0288
20			0,6745	0,0605	0,0164	0,0149	0,0160
30			0,6590	0,0402	0,0112	0,0105	0,0110
50			0,7169	0,0141	0,0051	0,0049	0,0050
100			0,6872	0,0116	0,0029	0,0028	0,0029
200			0,6966	0,0043	0,0013	0,0013	0,0013
10	0,8	0,8	0,6898	0,1289	0,0273	0,0225	0,00259
20			0,7831	0,0454	0,0101	0,0092	0,0090
30			0,7512	0,0349	0,0076	0,0071	0,0074
50			0,7931	0,0121	0,0032	0,0031	0,0032
100			0,7787	0,0063	0,0017	0,0016	0,0016
200			0,7857	0,0031	0,0008	0,0008	0,0008
10	0,8	0,9	0,8791	0,0436	0,0093	0,0077	0,0088
20			0,8956	0,0355	0,0044	0,0040	0,0043
30			0,9023	0,0084	0,0019	0,0018	0,0019
50			0,8834	0,0060	0,0013	0,0012	0,0013
100			0,8977	0,0034	0,0005	0,0005	0,0005
200			0,8956	0,0017	0,0002	0,0002	0,0002
10	0,8	1,0	0,8856	0,0989	0,0014	0,0011	0,0013
20			0,9886	0,0102	0,0001	0,0000	0,0000
30			0,9978	0,0002	0,0000	0,0000	0,0000
50			0,9941	0,0004	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9964	0,0001	0,0000	0,0000	0,0000
200			0,9969	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\text{V}\hat{\text{a}}\text{r}_1(\hat{F})$	$\text{V}\hat{\text{a}}\text{r}_2(\hat{F})$	$\text{V}\hat{\text{a}}\text{r}_3(\hat{F})$
10	0,9	0,0	-0,0264	0,0201	0,0880	0,0726	0,0834
20			-0,0235	0,0243	0,0480	0,0435	0,0468
30			-0,0177	0,0239	0,0324	0,0303	0,0318
50			-0,0033	0,0195	0,0195	0,0187	0,0193
100			-0,0017	0,0117	0,0098	0,0096	0,0098
200			-0,0148	0,0045	0,0050	0,0049	0,0050
10	0,9	0,1	0,0578	0,0756	0,0829	0,0684	0,0785
20			0,0366	0,0361	0,0468	0,0425	0,0456
30			0,0966	0,0669	0,0299	0,0280	0,0294
50			0,0889	0,0310	0,0187	0,0180	0,0186
100			0,0744	0,0167	0,0096	0,0094	0,0096
200			0,0785	0,0062	0,0049	0,0048	0,0049
10	0,9	0,2	0,1009	0,0940	0,0743	0,0613	0,0704
20			0,1402	0,0790	0,0430	0,0390	0,0419
30			0,1688	0,0614	0,0282	0,0264	0,0277
50			0,1563	0,0408	0,0178	0,0171	0,0177
100			0,1540	0,0180	0,0093	0,0091	0,0092
200			0,1983	0,0087	0,0046	0,0045	0,0045
10	0,9	0,3	0,1298	0,1004	0,0721	0,0595	0,0683
20			0,1876	0,1062	0,0399	0,0361	0,0389
30			0,2989	0,0758	0,0246	0,0230	0,0241
50			0,2647	0,0437	0,0162	0,0156	0,0161
100			0,2603	0,0225	0,0084	0,0082	0,0083
200			0,3035	0,0135	0,0040	0,0040	0,0040
10	0,9	0,4	0,2055	0,1385	0,0652	0,0538	0,0617
20			0,3540	0,1376	0,0297	0,0269	0,0289
30			0,3337	0,0900	0,0227	0,0212	0,0233
50			0,3729	0,0437	0,0140	0,0134	0,0138
100			0,3720	0,0285	0,0071	0,0070	0,0071
200			0,4026	0,0136	0,0034	0,0034	0,0034
10	0,9	0,5	0,2475	0,1626	0,0517	0,0426	0,0489
20			0,4280	0,1377	0,0279	0,0253	0,0272
30			0,4444	0,0844	0,0197	0,0185	0,0194
50			0,4775	0,0475	0,0114	0,0109	0,0113
100			0,4755	0,0244	0,0058	0,0057	0,0058
200			0,5069	0,0092	0,0027	0,0027	0,0027
10	0,9	0,6	0,4037	0,2012	0,0412	0,0340	0,0391
20			0,4684	0,1389	0,0255	0,0231	0,0248
30			0,5600	0,1018	0,0143	0,0134	0,0140
50			0,5849	0,0421	0,0088	0,0084	0,0087
100			0,5977	0,0243	0,0042	0,0041	0,0042
200			0,5914	0,0114	0,0021	0,0021	0,0021

TABELA 6 - Média e variância do estimador de F e médias dos estimadores de $\text{Var}(\hat{F})$ em $N = 100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	$\hat{F}$	$\text{Var}(\hat{F})$	$\bar{V\hat{a}}_1(\hat{F})$	$\bar{V\hat{a}}_2(\hat{F})$	$\bar{V\hat{a}}_3(\hat{F})$
10	0,9	0,7	0,5024	0,2170	0,0275	0,0227	0,0261
20			0,5918	0,1280	0,0190	0,0172	0,0185
30			0,6334	0,0853	0,0117	0,0109	0,0115
50			0,6829	0,0486	0,0061	0,0059	0,0060
100			0,6835	0,0214	0,0030	0,0029	0,0030
200			0,7016	0,0081	0,0013	0,0013	0,0013
10	0,9	0,8	0,5109	0,2127	0,0199	0,0164	0,0189
20			0,6895	0,1330	0,0118	0,0107	0,0115
30			0,7263	0,0711	0,0079	0,0074	0,0078
50			0,8208	0,0310	0,0028	0,0027	0,0028
100			0,7895	0,0118	0,0016	0,0016	0,0016
200			0,7908	0,0042	0,0007	0,0007	0,0007
10	0,9	0,9	0,6153	0,2171	0,0098	0,0081	0,0093
20			0,8186	0,0968	0,0063	0,0057	0,0061
30			0,8290	0,0709	0,0040	0,0038	0,0040
50			0,9170	0,0089	0,0010	0,0010	0,0010
100			0,8805	0,0065	0,0007	0,0006	0,0007
200			0,8884	0,0026	0,0003	0,0002	0,0002
10	0,9	1,0	0,6876	0,2151	0,0002	0,0002	0,0002
20			0,8586	0,1214	0,0001	0,0000	0,0000
30			0,9769	0,0202	0,0000	0,0000	0,0000
50			0,9982	0,0002	0,0000	0,0000	0,0000
100			0,9972	0,0002	0,0000	0,0000	0,03000
200			0,9938	0,0002	0,0000	0,0000	0,0000

TABELA 7 - Valor esperado e variância das estimativas do coeficiente de endogamia (F) e da taxa de fecundação cruzada, (t) em populações de dois alelos com diversos valores de coeficiente de endogamia, considerando amostras com diferentes tamanhos, obtidos através das expressões encontradas pelo o desenvolvimento em série de Taylor.

n	F	t	E ($\hat{F}$)	Var _p ($\hat{F}$)	E ($\hat{t}$)	Var _p ($\hat{t}$)
10	0,0	1,0	0,0	0,1000	1,0	0,4000
20			0,0	0,0500	1,0	0,2000
30			0,0	0,0333	1,0	0,1333
50			0,0	0,0200	1,0	0,0800
100			0,0	0,0100	1,0	0,0400
200			0,0	0,0050	1,0	0,0200
10	0,1	0,8182	0,0901	0,0980	0,9860	0,2678
20			0,0951	0,0490	0,9009	0,1339
30			0,0967	0,0327	0,8732	0,0893
50			0,0980	0,0196	0,8511	0,0536
100			0,0990	0,0098	0,8420	0,0268
200			0,0995	0,0049	0,8264	0,0134
10	0,2	0,6667	0,1808	0,0922	0,8058	0,1778
20			0,1904	0,0461	0,7348	0,0889
30			0,1936	0,0307	0,7117	0,0593
50			0,1962	0,0184	0,6935	0,0356
100			0,1981	0,0092	0,6800	0,0178
200			0,1990	0,0046	0,6734	0,0089
10	0,3	0,5385	0,2727	0,0828	0,6518	0,1160
20			0,2864	0,0414	0,5936	0,0580
30			0,2909	0,0276	0,5750	0,0387
50			0,2945	0,0166	0,5603	0,0232
100			0,2973	0,0083	0,5493	0,0116
200			0,2986	0,0041	0,5379	0,0058
10	0,4	0,4286	0,3664	0,0706	0,5190	0,0735
20			0,3832	0,0353	0,4726	0,0367
30			0,3888	0,0235	0,4576	0,0245
50			0,3933	0,0141	0,4459	0,0147
100			0,3966	0,0071	0,4373	0,0073
200			0,3983	0,0035	0,4329	0,0037

Var_p ($\hat{F}$): Variância de $\hat{F}$ utilizando-se o valor paramétrico de F;

Var_p ($\hat{t}$): Variância de $\hat{t}$ utilizando-se o valor paramétrico de t.

TABELA 7 - Valor esperado e variância das estimativas do coeficiente de endogamia (F) e da taxa de fecundação cruzada, (t) em populações de dois alelos com diversos valores de coeficiente de endogamia, considerando amostras com diferentes tamanhos, obtidos através das expressões encontradas pelo o desenvolvimento em série de Taylor.

n	F	t	E ($\hat{F}$)	Var _p ($\hat{F}$)	E ($\hat{t}$)	Var _p ($\hat{t}$)
10	0,5	0,3333	0,4625	0,0563	0,4035	0,0444
20			0,4813	0,0281	0,3675	0,0222
30			0,4875	0,0188	0,3560	0,0148
50			0,4925	0,0113	0,3468	0,0089
100			0,4963	0,0056	0,3400	0,0044
200			0,4981	0,0028	0,3367	0,0022
10	0,6	0,2500	0,5616	0,0410	0,3023	0,0250
20			0,5808	0,0205	0,2756	0,0125
30			0,5872	0,0137	0,2669	0,0083
50			0,5923	0,0082	0,2601	0,0050
100			0,5962	0,0041	0,2550	0,0025
200			0,5981	0,0020	0,2525	0,0013
10	0,7	0,1765	0,6643	0,0260	0,2130	0,0125
20			0,6822	0,0130	0,1944	0,0062
30			0,6881	0,0087	0,1884	0,0042
50			0,6929	0,0052	0,1835	0,0025
100			0,6964	0,0026	0,1800	0,0012
200			0,6982	0,0013	0,1782	0,0006
10	0,8	0,1111	0,7712	0,0130	0,1339	0,0049
20			0,7856	0,0065	0,1224	0,0025
30			0,7904	0,0043	0,1186	0,0016
50			0,7942	0,0026	0,1156	0,0010
100			0,7971	0,0013	0,1134	0,0005
200			0,7986	0,0006	0,1122	0,0002
10	0,9	0,0526	0,8829	0,0036	0,0633	0,0011
20			0,8915	0,0018	0,0579	0,0006
30			0,8943	0,0012	0,0562	0,0004
50			0,8966	0,0007	0,0547	0,0002
100			0,8983	0,0004	0,0537	0,0001
200			0,8991	0,0002	0,0532	0,0001
10	1,0	0,0	1,0	0,0	0,0	0,0
20			1,0	0,0	0,0	0,0
30			1,0	0,0	0,0	0,0
50			1,0	0,0	0,0	0,0
100			1,0	0,0	0,0	0,0
200			1,0	0,0	0,0	0,0

4.1.5. Média e variância do estimador da taxa de fecundação cruzada na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população

A esperança matemática do estimador

$$\hat{t} = \frac{1 - \hat{F}}{1 + \hat{F}}$$

pode ser obtida através do desenvolvimento em série de Taylor da função X/Y no ponto $X = \mu_x$ e $Y = \mu_y$.

Assim,

$$E[\hat{t}] = E\left[\frac{1 - \hat{F}}{1 + \hat{F}}\right] = E\left[\frac{X}{Y}\right],$$

sendo:

$$E[X] = 1 - E[\hat{F}],$$

$$E[Y] = 1 + E[\hat{F}],$$

$$\text{Var}[X] = \text{Var}[Y] = \text{Var}[\hat{F}],$$

$$\text{Cov}[X, Y] = -\text{Var}[\hat{F}].$$

Substituindo-se estes resultados na expressão apresentada por MOOD et al. (1974)

$$E[X/Y] \approx \mu_X / \mu_Y - 1 / \mu_Y^2 \text{Cov}[X,Y] + \mu_X / \mu_Y^3 \text{Var}[Y],$$

obteve-se:

$$E[\hat{t}] \approx \frac{1 - E(\hat{F})}{1 + E(\hat{F})} - \frac{1}{[1 + E(\hat{F})]^2} [-\text{Var}(\hat{F})] + \frac{1 - E(\hat{F})}{[1 + E(\hat{F})]^3} [\text{Var}(\hat{F})]$$

$$\approx \frac{1 - E(\hat{F})}{1 + E(\hat{F})} + \frac{2 \text{Var}(\hat{F})}{[1 + E(\hat{F})]^3}$$

$$\approx \frac{1 - F + \frac{F}{n}(1 - F^2)}{1 + F - \frac{F}{n}(1 - F^2)} + \frac{2}{n} \frac{(1 - F^2)^2}{[1 + F - \frac{F}{n}(1 - F^2)]^3}.$$

A expressão encontrada mostrou que o estimador de t obtido pelo métodos dos momentos foi tendencioso, ou seja, $E[\hat{t}] = t$ somente quando $n \rightarrow \infty$.

Os valores de $E(\hat{t})$ da tabela 7 e de $\bar{\hat{t}}$ da tabela 8 comprovaram que o estimador de t teve um viés positivo, pois os resultados se mostraram sempre acima do valor paramétrico. Com o aumento do tamanho da amostra, o viés torna-se desprezível.

A variância do estimador de t foi desenvolvida, utilizando-se a expressão apresentada por MOOD et al. (1974)

$$\text{Var}[X/Y] \approx \frac{\mu_Y^2 \text{Var}[X] + \mu_X^2 \text{Var}[Y] - 2\mu_X\mu_Y \text{Cov}[X,Y]}{\mu_Y^4},$$

apresentando os seguintes resultados:

$$\begin{aligned}
\text{Var}[i] &\approx \frac{[1 + E(\hat{F})]^2 \text{Var}(\hat{F}) + [1 - E(\hat{F})]^2 \text{Var}(\hat{F}) - 2[1 - E(\hat{F})][1 + E(\hat{F})] \text{Var}(\hat{F})}{[1 + E(\hat{F})]^4} \\
&\approx \frac{\text{Var}[\hat{F}] \{ [1 + E(\hat{F})] + [1 - E(\hat{F})] \}^2}{[1 + E(\hat{F})]^4} \\
&\approx \frac{4}{[1 + E(\hat{F})]^4} \text{Var}(\hat{F}).
\end{aligned}$$

Mas a expressão $1 + E(\hat{F})$ pode ser escrita como

$$1 + E(\hat{F}) \approx (1 + F) - \frac{F(1 - F^2)}{n}$$

e, consequentemente,

$$\begin{aligned}
[1 + E(\hat{F})]^4 &\approx (1 + F)^4 - 4(1 + F)^3 \frac{F(1 - F^2)}{n} + 6(1 + F)^2 \left[\frac{F(1 - F^2)}{n} \right]^2 \\
&\quad - 4(1 + F) \left[\frac{F(1 - F^2)}{n} \right]^3 + \left[\frac{F(1 - F^2)}{n} \right]^4.
\end{aligned}$$

Mas por definição $F \in (0,1)$ e a expressão aproximada de $[1 + E(\hat{F})]^4$, a partir do segundo termo, tem dois termos negativos e dois positivos e todos eles em funções de $1/n$. Portanto, à medida que n cresce,

$$[1 + E(\hat{F})]^4 \approx (1 + F)^4.$$

Substituindo-se este resultado em $\text{Var}(\hat{t})$, obteve-se:

$$\text{Var}(\hat{t}) \approx \frac{4}{(1+F)^4} \text{Var}(\hat{F}).$$

Esta expressão assemelha-se à apresentada em WEIR (1990) para o caso geral de u alelos e discutida com mais detalhes por PAIVA et al. (1993) e VENCOVSKY (1994).

Substituindo-se o resultado obtido para $\text{Var}(\hat{F})$ na expressão de $\text{Var}(\hat{t})$ encontrou-se:

$$\begin{aligned} \text{Var}(\hat{t}) &\approx \frac{4}{(1+F)^4} \frac{(1-F^2)^2}{n} \\ &\approx \frac{(2t)^2}{n}. \end{aligned}$$

Para se estimar a variância de $\hat{t}$ numa amostra de n indivíduos, pode-se utilizar sem muito rigor, a estimativa $\hat{t}$, levando à expressão:

$$\text{Vâr}(\hat{t}) \approx \frac{(2\hat{t})^2}{n}.$$

A Tabela 8 apresenta a média e a variância da proporção gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em $N=100$ experimentos

com diferentes números de indivíduos em populações de dois alelos com diversas combinações de frequência gênica e coeficiente de endogamia.

Os valores da média e da variância da frequência gênica amostral estiveram de acordo com os valores teóricos esperados conforme expressões apresentadas no item 4.1.1.

Os valores das variâncias de $\hat{t}$ da Tabela 8 comparados com os valores médios do estimador $V\hat{a}r(\hat{t})$ e com os valores teóricos apresentados na Tabela 7, mostraram concordância dos resultados quando a frequência gênica da população esteve entre 0,3 e 0,7 o coeficiente de endogamia foi inferior a 0,4 e trabalhou-se com pelo menos 30 indivíduos.

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	Vâr ($\hat{t}$)
10	0,1	0,0	1,0	0,1045	0,0035	1,0823	0,0683	0,4956
20				0,0922	0,0018	1,0607	0,0706	0,2390
30				0,0977	0,0014	1,0256	0,0892	0,1520
50				0,1001	0,0006	1,0286	0,0565	0,0891
100				0,0960	0,0004	0,9790	0,0370	0,0398
200				0,1006	0,0003	1,0299	0,0210	0,0216
10	0,1	0,1	0,8182	0,1045	0,0039	0,9940	0,1168	0,4414
20				0,0905	0,0021	0,9301	0,1165	0,1961
30				0,0945	0,0015	0,9061	0,1153	0,1247
50				0,0997	0,0006	0,8815	0,0755	0,0681
100				0,0956	0,0005	0,8250	0,0413	0,0289
200				0,1003	0,0003	0,8546	0,0248	0,0151
10	0,1	0,2	0,6667	0,0955	0,0063	0,8736	0,1320	0,3575
20				0,1062	0,0028	0,8461	0,1410	0,1711
30				0,1035	0,0018	0,7746	0,1150	0,0952
50				0,0979	0,0011	0,7940	0,0820	0,0569
100				0,0988	0,0005	0,7070	0,0450	0,0218
200				0,0991	0,0002	0,7025	0,0247	0,0104
10	0,1	0,3	0,5385	0,0980	0,0065	0,8109	0,1840	0,3359
20				0,1055	0,0031	0,7629	0,1734	0,1507
30				0,1022	0,0025	0,6885	0,1421	0,0820
50				0,0927	0,0009	0,6130	0,0800	0,0364
100				0,1004	0,0006	0,5904	0,0387	0,0155
200				0,0999	0,0002	0,5513	0,0127	0,0063
10	0,1	0,4	0,4286	0,1000	0,0054	0,7042	0,2056	0,2798
20				0,1066	0,0037	0,5873	0,1724	0,1031
30				0,1042	0,0026	0,5699	0,1417	0,0620
50				0,0971	0,0012	0,4878	0,0652	0,0242
100				0,1053	0,0007	0,4668	0,0402	0,0103
200				0,0988	0,0003	0,4355	0,0145	0,0041

$\bar{p}$: média de $\hat{p}$ nos N = 100 experimentos;

Var ($\hat{p}$) : variância de $\hat{p}$ nos N=100 experimentos;

$\bar{t}$: média de $\hat{t}$ nos N= 100 experimentos;

Var ($\hat{t}$) : variância de $\hat{t}$ nos N= 100 experimentos;

Vâr ($\hat{t}$) : média de Vâr($\hat{t}$) nos N= 100 experimentos.

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\bar{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\bar{t}$)	Vár ($\bar{t}$)
10	0,1	0,5	0,3333	0,0905	0,0066	0,7479	0,1817	0,2957
20				0,1048	0,0043	0,5255	0,1698	0,0889
30				0,1038	0,0023	0,4491	0,1179	0,0424
50				0,0970	0,0013	0,3971	0,0718	0,0183
100				0,1008	0,0007	0,3429	0,0150	0,0053
200				0,1016	0,0004	0,3495	0,0095	0,0026
10	0,1	0,6	0,2500	0,1115	0,0087	0,5906	0,2277	0,2297
20				0,0910	0,0040	0,4730	0,1845	0,0813
30				0,0937	0,0020	0,3646	0,0954	0,0303
50				0,1062	0,0016	0,3130	0,0484	0,0117
100				0,0962	0,0008	0,2763	0,0150	0,0036
200				0,0974	0,0004	0,2675	0,0080	0,0016
10	0,1	0,7	0,1765	0,0895	0,0070	0,5062	0,2117	0,1864
20				0,0948	0,0037	0,3963	0,1787	0,0652
30				0,1028	0,0029	0,2478	0,0713	0,0176
50				0,0983	0,0016	0,2059	0,0314	0,0059
100				0,0962	0,0008	0,1950	0,0115	0,0020
200				0,0988	0,0004	0,1803	0,0035	0,0007
10	0,1	0,8	0,1111	0,0970	0,0068	0,4138	0,2212	0,1561
20				0,0965	0,0044	0,2602	0,1233	0,0380
30				0,1062	0,0027	0,1658	0,0518	0,0105
50				0,1042	0,0020	0,1118	0,0068	0,0015
100				0,0984	0,0007	0,1160	0,0061	0,0008
200				0,1045	0,0005	0,1153	0,0022	0,0003
10	0,1	0,9	0,0526	0,0865	0,0068	0,4938	0,2359	0,1910
20				0,1052	0,0033	0,1139	0,0655	0,0156
30				0,1045	0,0034	0,1022	0,0438	0,0072
50				0,1085	0,0014	0,0635	0,0055	0,0008
100				0,0990	0,0008	0,0575	0,0028	0,0002
200				0,1029	0,0005	0,0527	0,0009	0,0001
10	0,1	1,0	0,0	0,0965	0,0105	0,4111	0,2436	0,1640
20				0,1032	0,0055	0,1506	0,1286	0,0300
30				0,1048	0,0039	0,0512	0,0479	0,0067
50				0,0996	0,0018	0,0044	0,0005	0,0000
100				0,0974	0,0008	0,0018	0,0001	0,0000
200				0,1010	0,0003	0,0025	0,0001	0,0000
10	0,2	0,0	1,0	0,1965	0,0102	1,1220	0,2443	0,0003
20				0,2052	0,0035	1,1571	0,1925	0,3059
30				0,2093	0,0030	1,1129	0,1415	0,1838
50				0,1928	0,0015	1,0556	0,0774	0,0953
100				0,2011	0,0007	1,0379	0,0381	0,0446
200				0,1998	0,0004	1,0065	0,0151	0,0206

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	Var ($\bar{t}$)
10	0,2	0,1	0,8182	0,2095	0,0078	0,9382	0,2331	0,4444
20				0,1945	0,0032	0,9237	0,1442	0,1992
30				0,2013	0,0025	0,8774	0,1185	0,1183
50				0,1978	0,0021	0,8513	0,0838	0,0646
100				0,1982	0,0007	0,8623	0,0417	0,0314
200				0,2000	0,0004	0,8342	0,0172	0,0143
10	0,2	0,2	0,6667	0,2105	0,0091	0,8103	0,2972	0,3803
20				0,2030	0,0045	0,7512	0,1505	0,1427
30				0,1950	0,0030	0,7546	0,0874	0,0874
50				0,2061	0,0020	0,7302	0,0720	0,0484
100				0,2092	0,0009	0,6828	0,0244	0,0196
200				0,2005	0,0004	0,6872	0,0108	0,0097
10	0,2	0,3	0,5385	0,1980	0,0086	0,6660	0,2558	0,2787
20				0,1983	0,0058	0,6432	0,1306	0,1086
30				0,2040	0,0040	0,6223	0,0834	0,0626
50				0,2011	0,0019	0,5962	0,0467	0,0321
100				0,2026	0,0010	0,5557	0,0180	0,0131
200				0,2012	0,0004	0,5324	0,0080	0,0058
10	0,2	0,4	0,4286	0,1995	0,0106	0,5492	0,2300	0,2117
20				0,2045	0,0068	0,5154	0,1234	0,0776
30				0,1938	0,0033	0,4448	0,0800	0,0343
50				0,2019	0,0023	0,4893	0,0422	0,0225
100				0,1987	0,0010	0,4442	0,0136	0,0084
200				0,1996	0,0006	0,4444	0,0071	0,0041
10	0,2	0,5	0,3333	0,1880	0,0125	0,5326	0,1957	0,1910
20				0,1970	0,0060	0,4007	0,0996	0,0518
30				0,1997	0,0045	0,3662	0,0533	0,0249
50				0,1975	0,0022	0,3595	0,0213	0,0120
100				0,1963	0,0009	0,3569	0,0092	0,0055
200				0,2034	0,0006	0,3496	0,0045	0,0025
10	0,2	0,6	0,2500	0,1935	0,0108	0,4273	0,1789	0,1438
20				0,1982	0,0050	0,3038	0,0530	0,0290
30				0,2075	0,0046	0,2667	0,0193	0,0120
50				0,2045	0,0023	0,2333	0,0118	0,0053
100				0,2008	0,0013	0,2531	0,0053	0,0028
200				0,1948	0,0007	0,2606	0,0044	0,0014
10	0,2	0,7	0,1765	0,2065	0,0136	0,3052	0,1198	0,0847
20				0,2000	0,0073	0,2321	0,0469	0,0201
30				0,2030	0,0049	0,1903	0,0126	0,0065
50				0,1994	0,0025	0,1991	0,0155	0,0044
100				0,2034	0,0013	0,1751	0,0043	0,0014
200				0,2019	0,0008	0,1858	0,0024	0,0007

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\bar{a}$ r ($\hat{t}$)
10	0,2	0,8	0,1111	0,1785	0,0150	0,2894	0,1612	0,0974
20				0,1972	0,0071	0,1340	0,0263	0,0088
30				0,1970	0,0043	0,1368	0,0118	0,0041
50				0,1980	0,0032	0,1280	0,0048	0,0017
100				0,2008	0,0014	0,1201	0,0017	0,0006
200				0,2016	0,0008	0,1108	0,015	0,0003
10	0,2	0,9	0,0526	0,2100	0,0149	0,1522	0,0903	0,0450
20				0,2120	0,0067	0,0778	0,0272	0,0066
30				0,2107	0,0059	0,0767	0,0150	0,0028
50				0,2026	0,0040	0,0577	0,0045	0,0006
100				0,1994	0,0013	0,0546	0,0009	0,0002
200				0,1995	0,0006	0,0558	0,0005	0,0001
10	0,2	1,0	0,0	0,2050	0,0160	0,1114	0,0988	0,0441
20				0,2105	0,0084	0,0124	0,0101	0,0020
30				0,2037	0,0055	0,0000	0,0000	0,0000
50				0,1941	0,0030	0,0027	0,0001	0,0000
100				0,2060	0,0019	0,0016	0,0000	0,0000
200				0,1983	0,0008	0,0016	0,0000	0,0000
10	0,3	0,0	1,0	0,2800	0,0114	1,2737	1,1004	1,0847
20				0,3060	0,0047	1,1718	0,2785	0,3298
30				0,3030	0,0038	1,0428	0,1384	0,1633
50				0,2989	0,0019	1,0705	0,1244	0,1015
100				0,2984	0,0008	1,0203	0,0353	0,0430
200				0,3029	0,0006	1,0194	0,0216	0,0212
10	0,3	0,1	0,8182	0,2980	0,0090	1,0026	0,5781	0,6310
20				0,3092	0,0052	0,9162	0,1770	0,2029
30				0,3027	0,0030	0,8831	0,1121	0,1188
50				0,3072	0,0025	0,8337	0,0572	0,0601
100				0,3011	0,0010	0,8329	0,0394	0,0293
200				0,3029	0,0006	0,8503	0,0136	0,0147
10	0,3	0,2	0,6667	0,2980	0,0131	0,8005	0,2741	0,3649
20				0,2995	0,0057	0,7600	0,1792	0,1510
30				0,3055	0,0044	0,7038	0,1127	0,0809
50				0,2994	0,0027	0,6908	0,0453	0,0418
100				0,2990	0,0013	0,6781	0,0199	0,0192
200				0,3002	0,0006	0,6786	0,0119	0,0094
10	0,3	0,3	0,5385	0,2985	0,0155	0,7029	0,2821	0,3094
20				0,3127	0,0069	0,5502	0,0835	0,0771
30				0,3113	0,0054	0,5745	0,0468	0,0502
50				0,2951	0,0027	0,5699	0,0391	0,0291
100				0,3012	0,0013	0,5604	0,0147	0,0131
200				0,2969	0,0006	0,5444	0,0072	0,0061

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\bar{a}$ r ($\hat{t}$)
10	0,3	0,4	0,4286	0,2950	0,0157	0,5992	0,2792	0,2541
20				0,2870	0,0085	0,5290	0,0872	0,0732
30				0,3023	0,0054	0,4762	0,0537	0,0373
50				0,2918	0,0032	0,4469	0,0228	0,0178
100				0,3042	0,0016	0,4295	0,0095	0,0078
200				0,2990	0,0009	0,4443	0,0056	0,0041
10	0,3	0,5	0,3333	0,2915	0,0121	0,4121	0,1368	0,1221
20				0,3005	0,0055	0,3922	0,0618	0,0430
30				0,2890	0,0044	0,3816	0,0412	0,0248
50				0,3028	0,0025	0,3587	0,0153	0,0115
100				0,3033	0,0016	0,3432	0,0075	0,0050
200				0,2966	0,0008	0,3557	0,0036	0,0026
10	0,3	0,6	0,2500	0,2900	0,0169	0,4089	0,1383	0,1217
20				0,3060	0,0091	0,2897	0,0286	0,0224
30				0,3065	0,0050	0,2726	0,0248	0,0132
50				0,3027	0,0029	0,2441	0,0092	0,0055
100				0,3048	0,0020	0,2530	0,0048	0,0028
200				0,2951	0,0008	0,2580	0,0031	0,0014
10	0,3	0,7	0,1765	0,2920	0,0145	0,2098	0,0556	0,0396
20				0,3002	0,0085	0,2182	0,0208	0,0148
30				0,3042	0,0043	0,1827	0,0111	0,0059
50				0,3089	0,0034	0,1926	0,0064	0,0035
100				0,2996	0,0014	0,1777	0,0026	0,0014
200				0,3003	0,0009	0,1808	0,0016	0,0007
10	0,3	0,8	0,1111	0,3030	0,0212	0,1846	0,0649	0,0393
20				0,3052	0,0118	0,1539	0,0310	0,0109
30				0,2893	0,0056	0,1236	0,0064	0,0029
50				0,3046	0,0046	0,1161	0,0040	0,0014
100				0,3036	0,0022	0,1160	0,0016	0,0006
200				0,3036	0,0009	0,1147	0,0009	0,0003
10	0,3	0,9	0,0526	0,2855	0,0199	0,1124	0,0552	0,0270
20				0,3030	0,0082	0,0496	0,0038	0,0012
30				0,2960	0,0076	0,0658	0,0036	0,0011
50				0,2919	0,0041	0,0544	0,0016	0,0004
100				0,2915	0,0023	0,0584	0,0006	0,0002
200				0,2980	0,0009	0,0523	0,0003	0,0001
10	0,3	1,0	0,0	0,3240	0,0190	0,0000	0,0000	0,0000
20				0,2910	0,0096	0,0018	0,0002	0,0000
30				0,2950	0,0063	0,0007	0,0000	0,0000
50				0,3066	0,0032	0,0009	0,0000	0,0000
100				0,2958	0,0021	0,0014	0,0000	0,0000
200				0,2944	0,0010	0,0007	0,0000	0,0000

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\bar{a}$ r ($\hat{t}$)
10	0,4	0,0	1,0	0,3900	0,0114	1,6453	3,0457	2,2889
20				0,3988	0,0068	1,1447	0,3032	0,3221
30				0,4015	0,0040	1,0360	0,1612	0,1644
50				0,4038	0,0030	1,0919	0,0846	0,1021
100				0,3959	0,0012	0,9965	0,0390	0,0413
200				0,3962	0,0008	1,0220	0,0251	0,0214
10	0,4	0,1	0,8182	0,4210	0,0105	1,0308	0,5332	0,6362
20				0,3992	0,0064	0,9201	0,1674	0,2025
30				0,3953	0,0039	0,8025	0,0790	0,0963
50				0,4016	0,0025	0,8197	0,0560	0,0582
100				0,4058	0,0013	0,8170	0,0323	0,0280
200				0,4022	0,0007	0,8192	0,0159	0,0137
10	0,4	0,2	0,6667	0,3780	0,0137	0,8783	0,5975	0,5452
20				0,3898	0,0066	0,7316	0,1121	0,1292
30				0,3953	0,0043	0,6859	0,0785	0,0731
50				0,4064	0,0026	0,6740	0,0521	0,0405
100				0,4021	0,0016	0,6708	0,0134	0,0185
200				0,3953	0,0007	0,6823	0,0114	0,0095
10	0,4	0,3	0,5385	0,4085	0,0155	0,7114	0,3551	0,3430
20				0,4112	0,0086	0,5829	0,1159	0,0909
30				0,3848	0,0051	0,6049	0,0509	0,0555
50				0,3966	0,0024	0,5602	0,0270	0,0272
100				0,3966	0,0015	0,5650	0,0185	0,0135
200				0,4002	0,0006	0,5494	0,0072	0,0062
10	0,4	0,4	0,4286	0,4015	0,0154	0,5534	0,2152	0,2077
20				0,4042	0,0064	0,4857	0,0502	0,0571
30				0,4155	0,0047	0,4723	0,0336	0,0342
50				0,4007	0,0040	0,4392	0,0192	0,0170
100				0,4052	0,0016	0,4448	0,0100	0,0083
200				0,4020	0,0009	0,4434	0,0048	0,0040
10	0,4	0,5	0,3333	0,3940	0,0176	0,4291	0,1627	0,1381
20				0,3970	0,0088	0,3607	0,0424	0,0344
30				0,3997	0,0055	0,3804	0,0351	0,0239
50				0,3929	0,0040	0,3374	0,0106	0,0100
100				0,3972	0,0015	0,3569	0,0071	0,0054
200				0,4026	0,0008	0,3433	0,0036	0,0024
10	0,4	0,6	0,2500	0,4035	0,0171	0,3102	0,0752	0,0683
20				0,3950	0,0076	0,2742	0,0249	0,0200
30				0,4232	0,0069	0,2572	0,0129	0,0105
50				0,3853	0,0031	0,2678	0,0098	0,0065
100				0,3982	0,0019	0,2645	0,0039	0,0030
200				0,3992	0,0010	0,2585	0,0028	0,0014

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	Vâr ($\hat{t}$)
10	0,4	0,7	0,1763	0,3900	0,0225	0,2080	0,0352	0,0312
20				0,3938	0,0087	0,2083	0,0168	0,0120
30				0,4043	0,0049	0,1632	0,0073	0,0045
50				0,4095	0,0039	0,1881	0,0047	0,0032
100				0,4004	0,0018	0,1845	0,0030	0,0015
200				0,4051	0,0011	0,1790	0,0012	0,0007
10	0,4	0,8	0,1111	0,3830	0,0218	0,1327	0,0474	0,0258
20				0,4102	0,0109	0,1110	0,0076	0,0040
30				0,3390	0,0072	0,1129	0,0046	0,0023
50				0,3958	0,0030	0,1127	0,0027	0,0012
100				0,3986	0,0021	0,1071	0,0014	0,0005
200				0,3967	0,0008	0,1134	0,0007	0,0003
10	0,4	0,9	0,0526	0,3990	0,0228	0,0557	0,0070	0,0040
20				0,3905	0,0127	0,0534	0,0031	0,0012
30				0,3897	0,0077	0,0488	0,0017	0,0005
50				0,4011	0,0054	0,0583	0,0016	0,0004
100				0,3958	0,0023	0,0551	0,0005	0,0002
200				0,3964	0,0013	0,0542	0,0004	0,0001
10	0,4	1,0	0,0	0,4090	0,0253	0,0100	0,0100	0,0040
20				0,3865	0,0106	0,0000	0,0000	0,0000
30				0,3995	0,0077	0,0025	0,0001	0,0000
50				0,4019	0,0041	0,0007	0,0000	0,0000
100				0,3867	0,0023	0,0008	0,0000	0,0000
200				0,4045	0,0013	0,0012	0,0000	0,0000
10	0,5	0,0	1,0	0,5055	0,0083	1,3634	1,2897	1,2543
20				0,5302	0,0064	1,1120	0,2428	0,2954
30				0,5098	0,0040	1,1121	0,2725	0,2009
50				0,5108	0,0027	1,0201	0,0693	0,0887
100				0,4972	0,0011	1,0557	0,0474	0,0464
200				0,5008	0,0007	1,0428	0,0211	0,0222
10	0,5	0,1	0,8182	0,4875	0,0158	1,2567	1,4662	1,2124
20				0,5060	0,0070	0,8806	0,1568	0,1861
30				0,5010	0,0051	0,8738	0,0962	0,1145
50				0,5042	0,0024	0,8710	0,0841	0,0674
100				0,4934	0,0012	0,8221	0,0244	0,0280
200				0,5016	0,0008	0,8226	0,0107	0,0137
10	0,5	0,2	0,6667	0,5070	0,0153	0,8047	0,4549	0,4392
20				0,4945	0,0070	0,7269	0,1657	0,1385
30				0,4978	0,0041	0,6936	0,0668	0,030
50				0,4941	0,0030	0,6761	0,0403	0,0398
100				0,4971	0,0011	0,6833	0,0188	0,0194
200				0,4976	0,0007	0,6593	0,0091	0,0089

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\bar{a}$ r ($\hat{t}$)
10	0,5	0,3	0,5385	0,4785	0,0167	0,7768	0,4680	0,4267
20				0,5040	0,0086	0,6573	0,1243	0,1110
30				0,5097	0,0062	0,5422	0,0452	0,0452
50				0,5054	0,0029	0,5490	0,0244	0,0260
100				0,5024	0,0015	0,5602	0,0100	0,0129
200				0,5004	0,0008	0,5241	0,0045	0,0056
10	0,5	0,4	0,4286	0,4805	0,0154	0,4946	0,1674	0,1642
20				0,5022	0,0096	0,4611	0,0444	0,0513
30				0,4922	0,0049	0,4357	0,0310	0,0294
50				0,4975	0,0036	0,4676	0,0203	0,0191
100				0,4968	0,0020	0,4521	0,0141	0,0087
200				0,5068	0,0008	0,4368	0,0044	0,0039
10	0,5	0,5	0,3333	0,5185	0,0218	0,3926	0,0931	0,0985
20				0,4945	0,0072	0,3768	0,0487	0,0380
30				0,5008	0,0056	0,3344	0,0192	0,0174
50				0,5124	0,0034	0,3262	0,0122	0,0095
100				0,5012	0,0021	0,3414	0,0089	0,0049
200				0,5018	0,0006	0,3445	0,0030	0,0024
10	0,5	0,6	0,2500	0,5095	0,0204	0,3193	0,0938	0,0779
20				0,5110	0,0067	0,2778	0,0243	0,0202
30				0,5065	0,0091	0,2639	0,0135	0,0111
50				0,5034	0,0037	0,2814	0,0083	0,0070
100				0,4962	0,0020	0,2586	0,0040	0,0028
200				0,4987	0,0009	0,2516	0,0017	0,0013
10	0,5	0,7	0,1765	0,4850	0,0220	0,2480	0,0584	0,0477
20				0,4838	0,0104	0,1809	0,0142	0,0094
30				0,5087	0,0051	0,1977	0,0122	0,0068
50				0,4902	0,0039	0,1766	0,0045	0,0028
100				0,5007	0,0025	0,1790	0,0027	0,0014
200				0,5024	0,0008	0,1875	0,0014	0,0007
10	0,5	0,8	0,1111	0,5070	0,0197	0,1117	0,0153	0,0110
20				0,4922	0,0112	0,1169	0,0078	0,0043
30				0,5015	0,0099	0,1220	0,0051	0,0026
50				0,5096	0,0055	0,1191	0,0038	0,0014
100				0,4858	0,0021	0,1125	0,0014	0,0006
200				0,4968	0,0012	0,1170	0,0006	0,0003
10	0,5	0,9	0,0526	0,5085	0,0210	0,0713	0,0187	0,0094
20				0,4955	0,0106	0,0554	0,0039	0,0014
30				0,5027	0,0094	0,0679	0,0028	0,0010
50				0,5062	0,0042	0,0562	0,0013	0,0004
100				0,4940	0,0023	0,0554	0,0007	0,0002
200				0,5019	0,0012	0,0522	0,0003	0,0001

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\hat{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\hat{a}r$ ($\hat{t}$)
10	0,5	1,0	0,0	0,5050	0,0196	0,0041	0,0004	0,0002
20				0,4968	0,0105	0,0015	0,0001	0,0000
30				0,4940	0,0098	0,0015	0,0001	0,0000
50				0,4930	0,0045	0,0008	0,0000	0,0000
100				0,4970	0,0023	0,0014	0,0000	0,0000
200				0,5018	0,0013	0,0011	0,0000	0,0000
10	0,6	0,0	1,0	0,6130	0,0111	1,3662	1,0596	1,1662
20				0,6008	0,0067	1,1240	0,3633	0,3246
30				0,5933	0,0039	1,0440	0,1189	0,1610
50				0,6059	0,0021	1,0384	0,1156	0,0954
100				0,6070	0,0009	0,9822	0,0331	0,0399
200				0,6033	0,0005	1,0288	0,0218	0,0216
10	0,6	0,1	0,8182	0,6125	0,0132	0,9512	0,4751	0,5500
20				0,5852	0,0063	0,8546	0,1690	0,1795
30				0,6092	0,0045	0,8569	0,1297	0,1150
50				0,5969	0,0025	0,8612	0,0708	0,0649
100				0,5907	0,0014	0,8460	0,0344	0,0300
200				0,6054	0,0006	0,8426	0,0132	0,0145
10	0,6	0,2	0,6667	0,6035	0,0143	0,8836	1,0740	0,7376
20				0,6052	0,0051	0,7852	0,1626	0,1555
30				0,6007	0,0049	0,6912	0,0496	0,0702
50				0,5975	0,0028	0,6361	0,0253	0,0344
100				0,6008	0,0014	0,6758	0,0184	0,0190
200				0,6049	0,0007	0,6865	0,0098	0,0096
10	0,6	0,3	0,5385	0,5850	0,0152	0,6799	0,2958	0,3020
20				0,6058	0,0097	0,5910	0,0744	0,0852
30				0,5983	0,0050	0,5721	0,0510	0,0504
50				0,6038	0,0029	0,5718	0,0362	0,0290
100				0,6013	0,0014	0,5585	0,0152	0,0131
200				0,5992	0,0008	0,5604	0,0070	0,0064
10	0,6	0,4	0,4286	0,6095	0,0183	0,5168	0,1835	0,1795
20				0,5935	0,0092	0,4651	0,0614	0,0554
30				0,6083	0,0055	0,4843	0,0394	0,0365
50				0,6073	0,0030	0,4292	0,0189	0,0162
100				0,6028	0,0017	0,4577	0,0100	0,0088
200				0,5986	0,0009	0,4522	0,0049	0,0042
10	0,6	0,5	0,3333	0,5905	0,0142	0,3627	0,0680	0,0796
20				0,5985	0,0111	0,3485	0,0290	0,0300
30				0,6040	0,0053	0,3579	0,0322	0,0213
50				0,6056	0,0033	0,3315	0,0140	0,0099
100				0,5939	0,0018	0,3391	0,0061	0,0048
200				0,5993	0,0010	0,3377	0,0025	0,0023

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\bar{a}r$ ($\hat{t}$)
10	0,6	0,6	0,2500	0,5930	0,0230	0,3472	0,1538	0,1091
20				0,5980	0,0091	0,2990	0,0339	0,0246
30				0,6085	0,0058	0,2552	0,0220	0,0116
50				0,6038	0,0039	0,2560	0,0075	0,0058
100				0,5957	0,0015	0,2493	0,0037	0,0026
200				0,6009	0,0010	0,2493	0,0018	0,0013
10	0,6	0,7	0,1765	0,5805	0,0215	0,1842	0,0371	0,0283
20				0,6022	0,0107	0,1811	0,0200	0,0105
30				0,5845	0,0068	0,1773	0,0091	0,0054
50				0,5978	0,0040	0,1777	0,0060	0,0030
100				0,6036	0,0022	0,1769	0,0022	0,0013
200				0,6046	0,0013	0,1781	0,0012	0,0007
10	0,6	0,8	0,1111	0,5845	0,0215	0,1272	0,0296	0,0182
20				0,5930	0,0099	0,1222	0,0093	0,0048
30				0,6028	0,0082	0,1272	0,0074	0,0031
50				0,5936	0,0036	0,1160	0,0044	0,0014
100				0,5953	0,0020	0,1145	0,0016	0,0006
200				0,5999	0,0012	0,1136	0,0008	0,0003
10	0,6	0,9	0,0526	0,5885	0,0234	0,0522	0,0063	0,0036
20				0,6058	0,0123	0,0625	0,0042	0,0016
30				0,6038	0,0088	0,0584	0,0022	0,0007
50				0,5898	0,0037	0,0517	0,0012	0,0003
100				0,6031	0,0020	0,0589	0,0008	0,0002
200				0,6007	0,0015	0,0523	0,0003	0,0001
10	0,6	1,0	0,0	0,5920	0,0199	0,0000	0,0000	0,0000
20				0,6152	0,0108	0,0006	0,0000	0,0000
30				0,6188	0,0081	0,0004	0,0000	0,0000
50				0,6092	0,0041	0,0008	0,0000	0,0000
100				0,6046	0,0022	0,0012	0,0000	0,0000
200				0,5979	0,0014	0,0010	0,0000	0,0000
10	0,7	0,0	1,0	0,6910	0,0104	1,2671	0,7202	0,9274
20				0,6990	0,0055	1,0098	0,2078	0,2451
30				0,6963	0,0035	1,0868	0,1399	0,1760
50				0,6992	0,0025	1,0547	0,1048	0,0972
100				0,7016	0,0009	1,0254	0,0324	0,0433
200				0,7018	0,0005	1,0492	0,0150	0,0223
10	0,7	0,1	0,8182	0,6810	0,0139	1,0438	0,5082	0,6370
20				0,7008	0,0060	0,9740	0,2743	0,2440
30				0,7032	0,0033	0,9100	0,1535	0,1307
50				0,6983	0,0027	0,8661	0,0553	0,0644
100				0,7032	0,0009	0,8359	0,0279	0,0290
200				0,7029	0,0006	0,8034	0,0164	0,0132

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\bar{a}r$ ($\bar{t}$)
10	0,7	0,2	0,6667	0,6895	0,0144	0,8499	0,4504	0,4673
20				0,6950	0,0086	0,7674	0,1640	0,1502
30				0,6958	0,0042	0,6967	0,0726	0,0743
50				0,7007	0,0019	0,7057	0,0519	0,0440
100				0,7014	0,0010	0,6879	0,0254	0,0199
200				0,6951	0,0005	0,6884	0,0112	0,0097
10	0,7	0,3	0,5385	0,6975	0,0146	0,7666	0,3068	0,3566
20				0,7002	0,0074	0,6473	0,1320	0,1099
30				0,7107	0,0043	0,5993	0,0628	0,0562
50				0,7041	0,0032	0,5807	0,0390	0,0301
100				0,6984	0,0017	0,5679	0,0142	0,0135
200				0,6982	0,0004	0,5474	0,0070	0,0061
10	0,7	0,4	0,4286	0,7100	0,0130	0,6820	0,2513	0,2543
20				0,7000	0,0085	0,4648	0,0690	0,0569
30				0,7078	0,0044	0,4516	0,0476	0,0335
50				0,6972	0,0037	0,4564	0,0281	0,0189
100				0,7010	0,0015	0,4278	0,0109	0,0078
200				0,7026	0,0008	0,4340	0,0043	0,0039
10	0,7	0,5	0,3333	0,7195	0,0110	0,4236	0,1311	0,1237
20				0,6965	0,0080	0,3738	0,0620	0,0402
30				0,6930	0,0059	0,3618	0,0258	0,0209
50				0,7051	0,0032	0,3508	0,0133	0,0109
100				0,6932	0,0016	0,3598	0,0084	0,0055
200				0,7005	0,0008	0,3394	0,0028	0,0024
10	0,7	0,6	0,2500	0,6690	0,0184	0,3467	0,1380	0,1027
20				0,7030	0,0077	0,3179	0,0301	0,0262
30				0,7047	0,0062	0,2732	0,0215	0,0128
50				0,6968	0,0033	0,2512	0,0102	0,0059
100				0,7137	0,0014	0,2674	0,0050	0,0031
200				0,6932	0,0010	0,2533	0,0027	0,0013
10	0,7	0,7	0,1765	0,7020	0,0180	0,2210	0,0717	0,0480
20				0,6965	0,0089	0,1888	0,0174	0,0106
30				0,7115	0,0061	0,2037	0,0137	0,0073
50				0,6986	0,0034	0,1890	0,0065	0,0034
100				0,7070	0,0014	0,1955	0,0034	0,0017
200				0,7006	0,0009	0,1799	0,0020	0,0007
10	0,7	0,8	0,1111	0,6965	0,0203	0,1797	0,065	0,0389
20				0,6918	0,0104	0,1196	0,0253	0,0079
30				0,7120	0,0068	0,1275	0,0092	0,0034
50				0,7072	0,0046	0,1287	0,0053	0,0017
100				0,7052	0,0022	0,1134	0,0017	0,0006
200				0,7002	0,0009	0,1174	0,0010	0,0003

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	Var ($\hat{t}$)
10	0,7	0,9	0,0526	0,6885	0,0188	0,0694	0,0186	0,0093
20				0,7140	0,0084	0,0594	0,0057	0,0018
30				0,6892	0,0081	0,0618	0,0028	0,0009
50				0,7016	0,0037	0,0580	0,0018	0,0004
100				0,7002	0,0025	0,0517	0,0007	0,0001
200				0,6986	0,0011	0,0515	0,0003	0,0001
10	0,7	1,0	0,0	0,7065	0,0247	0,0310	0,0294	0,0120
20				0,6970	0,0104	0,0012	0,0001	0,0000
30				0,7052	0,0081	0,0012	0,0001	0,0000
50				0,6962	0,0037	0,0026	0,0001	0,0000
100				0,6984	0,0020	0,0008	0,0000	0,0000
200				0,7067	0,0014	0,0014	0,0000	0,0000
10	0,8	0,0	1,0	0,7955	0,0065	1,1342	0,2535	0,6149
20				0,8008	0,0040	1,0646	0,1990	0,2661
30				0,8073	0,0030	1,1334	0,1906	0,1964
50				0,7967	0,0014	1,0768	0,0758	0,0988
100				0,8014	0,0008	1,0792	0,0515	0,0486
200				0,7987	0,0004	1,0235	0,0224	0,0214
10	0,8	0,1	0,8182	0,8175	0,0074	1,0190	0,2534	0,5156
20				0,8002	0,0047	0,9488	0,1687	0,2134
30				0,8043	0,028	0,8757	0,1192	0,1180
50				0,8019	0,0015	0,8615	0,0734	0,0652
100				0,8059	0,0009	0,8571	0,0370	0,0309
200				0,7998	0,0004	0,8235	0,0129	0,0138
10	0,8	0,2	0,6667	0,8120	0,0075	0,9421	0,2798	0,4658
20				0,7922	0,0056	0,9421	0,2798	0,4658
30				0,8132	0,0026	0,7513	0,1073	0,0894
50				0,8057	0,0017	0,7304	0,0629	0,0477
100				0,7977	0,0009	0,7249	0,0324	0,0223
200				0,8012	0,0006	0,6801	0,0120	0,0095
10	0,8	0,3	0,5385	0,7965	0,0090	0,8372	0,2506	0,3796
20				0,7928	0,0051	0,7005	0,1693	0,1317
30				0,7918	0,0042	0,6259	0,0660	0,0610
50				0,8013	0,0019	0,5442	0,0434	0,0271
100				0,7990	0,0009	0,5576	0,0213	0,0133
200				0,7964	0,0004	0,5372	0,0098	0,0060
10	0,8	0,4	0,4286	0,8280	0,0114	0,7154	0,1920	0,2808
20				0,7892	0,0058	0,4880	0,1182	0,0710
30				0,8042	0,0036	0,4932	0,0811	0,0431
50				0,8016	0,0020	0,4389	0,0380	0,0184
100				0,8016	0,0012	0,4383	0,0151	0,0083
200				0,7997	0,0005	0,4404	0,0073	0,0040

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\hat{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\hat{a}r$ ($\hat{t}$)
10	0,8	0,5	0,3333	0,8105	0,0109	0,5451	0,1818	0,1908
20				0,7955	0,007	0,4609	0,0925	0,0608
30				0,7978	0,0041	0,4035	0,0646	0,0302
50				0,8050	0,0025	0,3634	0,0213	0,0122
100				0,7996	0,0011	0,3249	0,0097	0,0046
200				0,7998	0,0006	0,3496	0,0053	0,0025
10	0,8	0,6	0,2500	0,8065	0,0172	0,4581	0,1682	0,1505
20				0,8052	0,0088	0,3566	0,0894	0,0431
30				0,8087	0,0032	0,2868	0,0344	0,0155
50				0,8048	0,0020	0,2442	0,0140	0,0059
100				0,8004	0,0011	0,2621	0,0077	0,0031
200				0,8010	0,0006	0,2446	0,0035	0,0013
10	0,8	0,7	0,1765	0,7880	0,0144	0,2927	0,1461	0,0921
20				0,7955	0,0067	0,2259	0,0498	0,0201
30				0,8052	0,0044	0,2269	0,0340	0,0114
50				0,8013	0,0031	0,1706	0,0071	0,0029
100				0,7955	0,0014	0,1905	0,0065	0,0017
200				0,8050	0,0008	0,1806	0,0021	0,0007
10	0,8	0,8	0,1111	0,8040	0,0121	0,2570	0,1272	0,0768
20				0,7962	0,0068	0,1422	0,328	0,0106
30				0,7935	0,0057	0,1574	0,0222	0,0062
50				0,8002	0,0022	0,1196	0,0050	0,0015
100				0,7999	0,0014	0,1266	0,0025	0,0007
200				0,7994	0,0007	0,1211	0,0012	0,0003
10	0,8	0,9	0,0526	0,7900	0,0114	0,0838	0,0333	0,0160
20				0,7998	0,0074	0,0711	0,0286	0,0067
30				0,7928	0,0064	0,0539	0,0028	0,0008
50				0,8020	0,0026	0,0637	0,0020	0,0005
100				0,7989	0,0015	0,0549	0,0011	0,0002
200				0,8056	0,0007	0,0556	0,0005	0,0001
10	0,8	1,0	0,0	0,8095	0,0133	0,1125	0,0986	0,0441
20				0,7948	0,0098	0,0107	0,0100	0,0020
30				0,7922	0,0061	0,0012	0,0001	0,0000
50				0,8032	0,0030	0,0031	0,0001	0,0000
100				0,8028	0,0016	0,0018	0,0000	0,0000
200				0,7960	0,0008	0,0016	0,0000	0,0000
10	0,9	0,0	1,0	0,9040	0,0044	1,0867	0,0550	0,4941
20				0,8898	0,0026	1,0890	0,0707	0,2512
30				0,9007	0,0014	1,0762	0,0679	0,1634
50				0,9032	0,0010	1,0403	0,0604	0,0914
100				0,9024	0,0005	1,0248	0,0404	0,0436
200				0,9030	0,0002	1,0390	0,0178	0,0219

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V $\bar{a}$ r ($\hat{t}$)
10	0,9	0,1	0,8182	0,9035	0,0038	0,9790	0,1256	0,4331
20				0,9045	0,0032	0,9825	0,0875	0,2104
30				0,9057	0,0014	0,9060	0,1298	0,1266
50				0,9005	0,0009	0,8822	0,0829	0,0688
100				0,9034	0,0004	0,8873	0,0476	0,0334
200				0,8993	0,0003	0,8644	0,0187	0,0153
10	0,9	0,2	0,6667	0,9075	0,0045	0,9174	0,1381	0,3913
20				0,9028	0,0021	0,8446	0,1432	0,1710
30				0,8973	0,0021	0,7830	0,1217	0,0978
50				0,8987	0,0014	0,7808	0,0898	0,0559
100				0,9030	0,0005	0,7561	0,0408	0,0245
200				0,8993	0,0003	0,6792	0,0179	0,0096
10	0,9	0,3	0,5385	0,9095	0,0058	0,8716	0,1388	0,3589
20				0,9052	0,0022	0,7939	0,1695	0,1596
30				0,8973	0,0021	0,7830	0,1217	0,0978
50				0,8987	0,0014	0,7808	0,0898	0,0559
100				0,9030	0,0005	0,7561	0,0408	0,0245
200				0,8993	0,0003	0,6792	0,0179	0,0096
10	0,9	0,4	0,4286	0,9025	0,0052	0,7882	0,1856	0,3220
20				0,9120	0,0024	0,5916	0,1859	0,1068
30				0,9087	0,0023	0,5805	0,1366	0,0630
50				0,9047	0,0010	0,4943	0,0646	0,0247
100				0,9042	0,0006	0,4821	0,0413	0,0109
200				0,9000	0,0003	0,4368	0,0164	0,0041
10	0,9	0,5	0,3333	0,9145	0,0055	0,7433	0,1964	0,2988
20				0,9018	0,0032	0,5057	0,1737	0,0856
30				0,9012	0,0026	0,4491	0,1098	0,0414
50				0,9035	0,0014	0,3874	0,0561	0,0164
100				0,9000	0,0008	0,3720	0,0257	0,0066
200				0,8982	0,0003	0,3327	0,0076	0,0024
10	0,9	0,6	0,2500	0,8880	0,0083	0,5739	0,2272	0,2217
20				0,8985	0,0040	0,4642	0,1707	0,0769
30				0,9030	0,0023	0,3500	0,1183	0,0320
50				0,9027	0,0012	0,2850	0,0342	0,0092
100				0,8972	0,0005	0,2639	0,0159	0,0034
200				0,9014	0,0004	0,2625	0,0077	0,0015
10	0,9	0,7	0,1765	0,8930	0,0079	0,4787	0,2349	0,1847
20				0,8952	0,0031	0,3388	0,1428	0,0512
30				0,9012	0,0028	0,2740	0,0822	0,0209
50				0,8962	0,0020	0,2138	0,0405	0,0069
100				0,9031	0,0005	0,1980	0,0138	0,0021
200				0,8998	0,0003	0,1787	0,0042	0,0007

TABELA 8 - Média e variância da frequência gênica e da taxa de fecundação cruzada estimadas em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes, extraídas em populações de dois alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficientes de endogamia.

n	p	F	t	$\bar{p}$	Var ($\hat{p}$)	$\bar{t}$	Var ($\hat{t}$)	V$\bar{a}$r ($\hat{t}$)
10	0,9	0,8	0,1111	0,9015	0,0075	0,4648	0,2210	0,1740
20				0,9015	0,0046	0,2806	0,1332	0,0400
30				0,9032	0,0022	0,1969	0,0664	0,0139
50				0,9021	0,0013	0,1125	0,0234	0,0029
100				0,9015	0,0011	0,1219	0,0050	0,0008
200				0,9020	0,0005	0,1182	0,0017	0,0003
10	0,9	0,9	0,0526	0,8995	0,0081	0,3714	0,2194	0,1421
20				0,9030	0,0033	0,1500	0,0910	0,0225
30				0,9055	0,0026	0,1298	0,0664	0,0110
50				0,9010	0,0013	0,0460	0,0030	0,0004
100				0,8997	0,0009	0,0656	0,0023	0,0003
200				0,8972	0,0004	0,0598	0,0008	0,0001
10	0,9	1,0	0,0	0,8985	0,0079	0,3114	0,2154	0,1241
20				0,9112	0,0050	0,1407	0,1215	0,0280
30				0,8947	0,0034	0,0217	0,0199	0,0027
50				0,9002	0,0019	0,0009	0,0000	0,0000
100				0,8980	0,0009	0,0014	0,0000	0,0000
200				0,9032	0,0004	0,0032	0,0000	0,0000

4.1.6. Média e variância do estimador do coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população no caso de alelos múltiplos

Quando uma população apresenta u alelos, com $u > 2$, são realizadas u análises de variância semelhantes à análise apresentada na Tabela 4. Em cada análise é feita uma estimativa do coeficiente de endogamia. Para se encontrar uma estimativa de F na população considerando todos os alelos, existem duas maneiras sugeridas por REYNOLDS et al. (1983). A primeira consiste em obter a média aritmética das u estimativas $\hat{F}$. Assim, o estimador de F em u alelos é dado por:

$$\bar{F} = \frac{1}{u} \sum_{i=1}^u \hat{F}_i = \frac{1}{u} \sum_{i=1}^u \frac{QMI_i - QMG_i}{QMI_i + QMG_i}.$$

Como as u estimativas de $\hat{F}$ são independentes, pois são obtidas de u análises de variância independentes, então a esperança matemática de $\bar{F}$ foi obtida fazendo-se:

$$\begin{aligned} E[\bar{F}] &= E\left[\frac{1}{u} \sum_{i=1}^u \hat{F}_i\right] \\ &= \frac{1}{u} \sum_{i=1}^u E[\hat{F}_i] \\ &\approx F - \frac{F(1 - F^2)}{n}, \end{aligned}$$

correspondendo à mesma expressão do valor esperado de $\hat{F}$ no caso de dois alelos.

A variância de $\hat{F}$ encontrada foi

$$\text{Var}[\hat{F}] \approx \frac{(1 - F^2)^2}{u n}$$

A segunda maneira de estimar F na população consiste em se tomar

$$F^* = \frac{\sum_{i=1}^u (QMI_i - QMG_i)}{\sum_{i=1}^u (QMI_i + QMG_i)}$$

que corresponde a estimar F através de uma análise de variância conjunta envolvendo todos os alelos. Pelo mesmo processo utilizado no caso de dois alelos, encontrou-se:

$$E[F^*] \approx F - \frac{F(1 - F^2)}{u n}$$

O resultado obtido mostrou que o estimador de F através da análise conjunta envolvendo todos os alelos foi menos tendencioso que o estimador que considerou a média aritmética dos estimadores de cada alelo.

A variância de F^* encontrada foi

$$\text{Var}[F^*] \approx \frac{(1 - F^2)^2}{u n},$$

indicando que a análise conjunta estimou F com a mesma variância no caso de se usar a média dos estimadores de F de cada alelo.

A Tabela 9 apresenta a média e a variância do coeficiente de endogamia estimado em $N=100$ experimentos com diferentes números de indivíduos, através da média das estimativas em análises individuais e da análise conjunta, em populações com três alelos com diferentes combinações de proporção gênica e coeficiente de endogamia.

Os valores obtidos comprovaram a validade das fórmulas propostas evidenciando que os resultados foram mais consistentes quando o alelo menos frequente da população não foi inferior a 0,20. Neste caso, percebeu-se que trabalhando-se com um mínimo de 30 indivíduos, os dois métodos de estimação apresentaram praticamente a mesma variância.

Quando a população apresentou algum alelo com frequência gênica inferior a 0,20 os dois métodos apresentaram variâncias bastantes discrepantes.

Os resultados mostraram ainda que a análise conjunta dos alelos produziu um estimador menos tendencioso que a média dos estimadores das análises individuais. Os valores observados nas diversas combinações de frequências da Tabela 9 concordaram com os valores teóricos esperados da Tabela 10, havendo uma maior variabilidade nos resultados observados quando a população apresentou algum alelo raro.

Os resultados obtidos para os dois estimadores de F no caso de alelos múltiplos concordaram com WEIR & COCKERHAM (1984) que afirmam ser o método da análise conjunta mais eficiente.

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	($P_1;P_2;P_3$)	F	$\bar{F}$	Var($\bar{F}$)	F^*	Var(F^*)
10	(0,40;0,30;0,30)	0,0	-0,0140	-0,0431	-0,0150	0,0429
20			-0,0286	0,0289	-0,0282	0,0293
30			-0,0273	0,0155	-0,0296	0,0161
50			-0,0127	0,0110	-0,0119	0,0110
100			-0,0216	0,0040	-0,0220	0,0041
200			-0,0008	0,0022	-0,0005	0,0022
10	0,1	0,1	0,0636	0,0467	0,0667	0,0461
20			0,0622	0,0247	0,0639	0,0250
30			0,0691	0,0172	0,0680	0,0175
50			0,0865	0,0110	0,0882	0,0100
100			0,0748	0,0057	0,0743	0,0058
200			0,0960	0,0030	0,0965	0,0030
10	0,2	0,2	0,1564	0,0596	0,1640	0,0626
20			0,1937	0,0237	0,1973	0,0246
30			0,1763	0,0192	0,1769	0,0197
50			0,1922	0,0095	0,1926	0,0096
100			0,1839	0,0056	0,1842	0,0057
200			0,1940	0,0024	0,1940	0,0024
10	0,3	0,3	0,2967	0,0721	0,3055	0,0752
20			0,3361	0,0213	0,3420	0,0220
30			0,2868	0,0180	0,2900	0,0178
50			0,2857	0,0106	0,2865	0,0104
100			0,2980	0,0058	0,2990	0,0058
200			0,2994	0,0034	0,2998	0,0034
10	0,4	0,4	0,3752	0,0534	0,3955	0,0563
20			0,3801	0,0300	0,3863	0,0308
30			0,3720	0,0159	0,3731	0,0159
50			0,3811	0,0092	0,3814	0,0092
100			0,3898	0,0055	0,3906	0,0056
200			0,3886	0,0028	0,3890	0,0028

$\bar{F}$: média do estimador de F utilizando a média das estimativas em análises individuais em N = 100 experimentos;

Var($\bar{F}$): variância do estimador de F utilizando a média das estimativas em análises individuais em N = 100 experimentos;

F^* : média do estimador de F utilizando a análise conjunta em N = 100 experimentos;

Var(F^*): variância do estimador de F utilizando a análise conjunta em N = 100 experimentos.

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(P_1, P_2, P_3)	F	$\bar{F}$	Var($\bar{F}$)	F^*	Var(F^*)
10	(0,40;0,30;0,30)	0,5	0,4676	0,0526	0,4802	0,0502
20			0,4785	0,0257	0,4829	0,0248
30			0,4756	0,0162	0,4767	0,0158
50			0,4924	0,0110	0,4935	0,0110
100			0,4856	0,0035	0,4860	0,0035
200			0,4968	0,0024	0,4972	0,0024
10		0,6	0,5718	0,0491	0,5836	0,0466
20			0,6090	0,0258	0,6148	0,0253
30			0,5929	0,0137	0,5961	0,0131
50			0,5863	0,0081	0,5876	0,0080
100			0,5897	0,0043	0,5907	0,0042
200			0,6061	0,0021	0,6062	0,0021
10		0,7	0,6982	0,0410	0,7119	0,0386
20			0,7063	0,0210	0,7130	0,0198
30			0,6989	0,0129	0,7011	0,0126
50			0,6847	0,0099	0,6852	0,0098
100			0,6914	0,0039	0,6919	0,0038
200			0,7020	0,001	0,7022	0,0018
10		0,8	0,7811	0,0378	0,7903	0,0324
20			0,7885	0,0132	0,7933	0,0134
30			0,7900	0,0094	0,7906	0,0093
50			0,7816	0,0057	0,7818	0,0057
100			0,7860	0,0031	0,7872	0,0031
200			0,7950	0,0015	0,7952	0,0015
10		0,9	0,8889	0,0192	0,8919	0,0150
20			0,8904	0,0091	0,8922	0,0084
30			0,9132	0,0027	0,9130	0,0026
50			0,9006	0,0025	0,9006	0,0026
100			0,8905	0,0013	0,8910	0,0013
200			0,8960	0,0007	0,8962	0,0007
10		1,0	0,9951	0,0008	0,9957	0,0006
20			0,9962	0,0004	0,9968	0,0002
30			0,9930	0,0005	0,9933	0,0005
50			0,9940	0,0002	0,9943	0,0002
100			0,9961	0,0001	0,9961	0,0001
200			0,9953	0,0000	0,9953	0,0000

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(P_1, P_2, P_3)	F	F	$Var(F)$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,50;0,30;0,20)	0,0	-0,0191	0,0571	-0,0138	0,0666
20			0,0051	0,0246	0,0085	0,0274
30			-0,0129	0,0165	-0,00106	0,0180
50			-0,0042	0,0102	-0,0028	0,0106
100			-0,0053	0,0051	-0,0038	0,0054
200			-0,0094	0,0031	-0,0076	0,0034
10		0,1	0,0876	0,0558	0,0869	0,0598
20			0,0918	0,0256	0,0951	0,0273
30			0,0626	0,0184	0,0646	0,0183
50			0,0956	0,0116	0,0971	0,0115
100			0,0857	0,0045	0,0864	0,0045
200			0,0977	0,0026	0,0989	0,0026
10		0,2	0,1780	0,0535	0,1829	0,0627
20			0,1723	0,0326	0,1804	0,0340
30			0,1670	0,0237	0,1698	0,0238
50			0,1931	0,0105	0,1938	0,0108
100			0,1956	0,0074	0,1958	0,0073
200			0,1894	0,0028	0,1912	0,0030
10		0,3	0,2509	0,0620	0,2674	0,0662
20			0,3097	0,0313	0,3159	0,0312
30			0,3053	0,0216	0,3093	0,0213
50			0,2808	0,0107	0,2835	0,0104
100			0,2935	0,0057	0,2951	0,0057
200			0,2883	0,0041	0,2902	0,0041
10		0,4	0,3933	0,0695	0,4015	0,0721
20			0,3843	0,0305	0,4042	0,0301
30			0,3738	0,0192	0,3787	0,0188
50			0,3756	0,0129	0,3757	0,0128
100			0,3849	0,0066	0,3885	0,0064
200			0,3897	0,0034	0,3909	0,0032
10		0,5	0,4475	0,0687	0,4678	0,0664
20			0,4954	0,0270	0,5036	0,0246
30			0,4772	0,0167	0,4846	0,0165
50			0,4919	0,0097	0,4927	0,0105
100			0,4981	0,0044	0,5002	0,0043
200			0,4907	0,0028	0,4922	0,0029

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	($P_1:P_2:P_3$)	F	$\bar{F}$	$\text{Var}(\bar{F})$	F^*	$\text{Var}(F^*)$
10	(0,50;0,30;0,20)	0,6	0,5654	0,0688	0,5943	0,0623
20			0,5949	0,0254	0,6035	0,0228
30			0,5887	0,0162	0,5958	0,0138
50			0,5980	0,0100	0,6003	0,0106
100			0,5845	0,0056	0,5857	0,0056
200			0,5907	0,0026	0,5906	0,0026
10		0,7	0,6806	0,0494	0,6959	0,0447
20			0,6945	0,0251	0,6955	0,0240
30			0,6903	0,0174	0,6942	0,0162
50			0,6809	0,0110	0,6840	0,0107
100			0,6933	0,0035	0,6950	0,0033
200			0,6944	0,0018	0,6952	0,0018
10		0,8	0,7891	0,0391	0,7967	0,0333
20			0,7713	0,0155	0,7812	0,0130
30			0,7926	0,0130	0,8016	0,0114
50			0,7836	0,0054	0,7870	0,0051
100			0,7866	0,0028	0,7881	0,0027
200			0,7995	0,0018	0,8001	0,0018
10		0,9	0,8792	0,0192	0,8867	0,0160
20			0,8962	0,0092	0,9002	0,0079
30			0,8654	0,0086	0,8711	0,0070
50			0,9020	0,0031	0,9049	0,0028
100			0,8977	0,0016	0,8982	0,0015
200			0,8950	0,0009	0,8949	0,0009
10		1,0	0,9909	0,0022	0,9918	0,0013
20			0,9959	0,0003	0,9959	0,0003
30			0,9957	0,0003	0,9959	0,0002
50			0,9952	0,0002	0,9954	0,0002
100			0,9956	0,0001	0,9958	0,0001
200			0,9941	0,0000	0,9942	0,0000
10	(0,50;0,25;0,25)	0,0	-0,0172	0,0499	-0,0195	0,0532
20			-0,0254	0,0245	-0,0243	0,0259
30			0,0002	0,0163	0,0016	0,0168
50			-0,0126	0,0092	-0,0127	0,0094
100			-0,0012	0,0039	-0,0005	0,0039
200			-0,0065	0,0024	-0,0066	0,0025

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(P_1, P_2, P_3)	F	$\bar{F}$	$\text{Var}(\bar{F})$	F^*	$\text{Var}(F^*)$
10	(0,50;0,25;0,25)	0,1	0,0708	0,0510	0,0761	0,0573
20			0,1036	0,0297	0,1050	0,0306
30			0,0957	0,0248	0,0980	0,0269
50			0,0936	0,0104	0,0942	0,0104
100			0,0873	0,0051	0,0864	0,0053
200			0,0864	0,0025	0,0857	0,0025
10		0,2	0,1740	0,0510	0,1885	0,0567
20			0,1694	0,0306	0,1722	0,0324
30			0,2024	0,0172	0,2015	0,0172
50			0,1937	0,0120	0,1950	0,0124
100			0,1924	0,0043	0,1932	0,0043
200			0,1922	0,0033	0,1933	0,0034
10		0,3	0,2702	0,0567	0,2834	0,0576
20			0,2664	0,0293	0,2710	0,0286
30			0,3006	0,0206	0,3029	0,0211
50			0,2972	0,0129	0,2981	0,0129
100			0,3000	0,0057	0,3023	0,0057
200			0,2897	0,0031	0,2911	0,0031
10		0,4	0,3891	0,0530	0,4072	0,0521
20			0,3926	0,0257	0,3956	0,0261
30			0,3998	0,0222	0,4048	0,0221
50			0,3843	0,0117	0,3893	0,0117
100			0,3906	0,0073	0,3920	0,0072
200			0,3952	0,0024	0,3956	0,0024
10		0,5	0,4674	0,0564	0,4774	0,0510
20			0,4544	0,0250	0,4660	0,0221
30			0,5074	0,0158	0,5096	0,0160
50			0,4959	0,0107	0,4986	0,0109
100			0,4964	0,0042	0,4988	0,0042
200			0,4864	0,0031	0,4873	0,001
10		0,6	0,5626	0,0410	0,5898	0,0358
20			0,5770	0,0243	0,5808	0,0221
30			0,5705	0,0167	0,5749	0,0160
50			0,5868	0,0081	0,5909	0,0077
100			0,5834	0,0052	0,5851	0,0050
200			0,5927	0,0020	0,5936	0,0020

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(p_1, p_2, p_3)	F	$\bar{F}$	$\text{Var}(\bar{F})$	F^*	$\text{Var}(F^*)$
10	(0,50;0,25;0,25)	0,7	0,7076	0,0467	0,7189	0,0415
20			0,7043	0,0205	0,7106	0,0192
30			0,6945	0,0149	0,6964	0,0146
50			0,6945	0,0095	0,6956	0,0094
100			0,6960	0,0033	0,6964	0,0033
200			0,6912	0,0017	0,6917	0,0017
10		0,8	0,7422	0,0409	0,7564	0,0412
20			0,7935	0,0119	0,7974	0,0110
30			0,7773	0,0081	0,7807	0,0082
50			0,7955	0,0051	0,7973	0,0048
100			0,7971	0,0029	0,7971	0,0029
200			0,7963	0,0016	0,7964	0,0016
10		0,9	0,9105	0,0124	0,9103	0,0115
20			0,8810	0,0093	0,8811	0,0095
30			0,8775	0,0072	0,8804	0,0069
50			0,8978	0,0028	0,8990	0,0027
100			0,8904	0,0017	0,8907	0,0017
200			0,8930	0,0007	0,8935	0,0007
10		1,0	0,9973	0,0004	0,9968	0,0005
20			0,9931	0,0007	0,9937	0,0006
30			0,9951	0,0004	0,9950	0,0003
50			0,9966	0,0001	0,9966	0,0001
100			0,9951	0,0001	0,9952	0,0001
200			0,9944	0,0000	0,9946	0,0000
10	(0,33;0,33;0,34)	0,0	-0,0232	0,0478	-0,0213	0,0531
20			0,0151	0,0270	0,0148	0,0280
30			-0,0054	0,0182	-0,0045	0,0185
50			-0,0054	0,0094	-0,0051	0,0094
100			-0,0044	0,0040	0,0050	0,0041
200			-0,0064	0,0020	-0,0064	0,0020
10		0,1	0,1136	0,0486	0,1168	0,0515
20			0,0975	0,0221	0,1001	0,0228
30			0,0978	0,0151	0,0973	0,0148
50			0,0860	0,0122	0,0857	0,0121
100			0,0880	0,0048	0,0878	0,0048
200			0,0914	0,0022	0,0915	0,0022

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	$(p_1; p_2; p_3)$	F	F	$Var(F)$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,33;0,33;0,34)	0,2	0,1404	0,0652	0,1532	0,0709
20			0,1986	0,0258	0,2015	0,0259
30			0,2044	0,0168	0,2078	0,0168
50			0,1795	0,0087	0,1811	0,0087
100			0,1978	0,0054	0,1981	0,0054
200			0,1948	0,0027	0,1949	0,0027
10		0,3	0,2999	0,0543	0,3112	0,0559
20			0,2954	0,0325	0,3008	0,0320
30			0,2663	0,0173	0,2686	0,0170
50			0,3183	0,0124	0,3188	0,0124
100			0,2995	0,0055	0,3000	0,0055
200			0,2903	0,0020	0,2906	0,0020
10		0,4	0,3794	0,0547	0,3898	0,0544
20			0,3840	0,0238	0,3922	0,0236
30			0,4171	0,0194	0,4196	0,0190
50			0,4040	0,0120	0,4055	0,0120
100			0,3943	0,0049	0,3952	0,0049
200			0,4010	0,0027	0,4014	0,0027
10		0,5	0,4894	0,0482	0,4958	0,0463
20			0,4888	0,0253	0,4977	0,0241
30			0,5171	0,0186	0,5197	0,0181
50			0,5072	0,0119	0,5088	0,0119
100			0,4963	0,0036	0,4972	0,0036
200			0,5052	0,0026	0,5055	0,0026
10		0,6	0,5256	0,0483	0,5407	0,0458
20			0,5983	0,0239	0,6047	0,0226
30			0,5849	0,0108	0,5874	0,0107
50			0,5834	0,0096	0,5858	0,0095
100			0,5875	0,0033	0,5880	0,0033
200			0,5967	0,0022	0,5971	0,0022
10		0,7	0,6494	0,0468	0,6577	0,0432
20			0,7060	0,0167	0,7068	0,0169
30			0,7002	0,0111	0,7032	0,0105
50			0,6775	0,0064	0,6793	0,0064
100			0,6956	0,0040	0,6959	0,0040
200			0,6988	0,0015	0,6992	0,0015

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia

n	$(P_1; P_2; P_3)$	F	F	$Var(F)$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,33;0,33;0,34)	0,8	0,7722	0,0365	0,7813	0,0329
20			0,7796	0,0155	0,7853	0,0148
30			0,7966	0,0085	0,7984	0,0085
50			0,7868	0,0069	0,7875	0,0069
100			0,7991	0,0027	0,7997	0,0026
200			0,7885	0,0015	0,7886	0,0015
10		0,9	0,8737	0,0204	0,8883	0,0140
20			0,9106	0,0071	0,9136	0,0060
30			0,8953	0,0048	0,8962	0,0048
50			0,8956	0,0030	0,8968	0,0030
100			0,8960	0,0016	0,8961	0,0016
200			0,8943	0,0010	0,8944	0,0010
10		1,0	0,9960	0,0005	0,9957	0,0006
20			0,9979	0,0001	0,9976	0,0002
30			0,9939	0,0003	0,9941	0,0003
50			0,9970	0,0001	0,9970	0,0001
100			0,9963	0,0001	0,9963	0,0001
200			0,9963	0,0000	0,9963	0,0000
10	(0,60;0,30;0,10)	0,0	0,0430	0,0611	-0,0059	0,0632
20			0,0128	0,0266	0,0004	0,0315
30			-0,0218	0,0221	-0,0260	0,0314
50			-0,0246	0,0082	-0,0190	0,0119
100			-0,0316	0,0042	-0,0256	0,0058
200			-0,0229	0,0021	-0,0208	0,0028
10		0,1	0,1113	0,0704	0,0802	0,0862
20			0,1228	0,0372	0,1222	0,0376
30			0,0691	0,0134	0,0794	0,0170
50			0,0791	0,0139	0,0834	0,0174
100			0,0774	0,0069	0,0836	0,0077
200			0,0714	0,0032	0,0758	0,0040
10		0,2	0,2269	0,0699	0,2179	0,0684
20			0,1871	0,0280	0,1968	0,0313
30			0,1725	0,0224	0,1789	0,0240
50			0,1790	0,0167	0,1846	0,0174
100			0,1966	0,0076	0,1973	0,0081
200			0,1823	0,0037	0,1904	0,0038

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(P_1, P_2, P_3)	F	F	$Var(F)$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,60;0,30;0,10)	0,3	0,2992	0,0670	0,2873	0,0689
20			0,2569	0,0317	0,2789	0,0333
30			0,2778	0,0277	0,2953	0,0301
50			0,2872	0,0158	0,2946	0,0152
100			0,2783	0,0081	0,2812	0,0082
200			0,2898	0,0030	0,2968	0,0028
10		0,4	0,3614	0,0772	0,3517	0,0882
20			0,4312	0,0355	0,4430	0,0270
30			0,3514	0,0221	0,3735	0,0243
50			0,3686	0,0173	0,3789	0,0161
100			0,3888	0,0047	0,3940	0,0042
200			0,3787	0,0035	0,3884	0,0034
10		0,5	0,5229	0,0655	0,5151	0,0683
20			0,4885	0,0381	0,4959	0,0290
30			0,4590	0,0267	0,4831	0,0243
50			0,4708	0,0156	0,4907	0,0115
100			0,4821	0,0066	0,4873	0,0060
200			0,4944	0,0034	0,4963	0,0032
10		0,6	0,6066	0,0627	0,5975	0,0632
30			0,5829	0,0389	0,5894	0,0322
30			0,5635	0,0266	0,5856	0,0218
50			0,5840	0,0140	0,5918	0,0123
100			0,5834	0,0061	0,5867	0,0051
200			0,6012	0,0031	0,6030	0,0028
10		0,7	0,6520	0,0563	0,6575	0,0470
20			0,6672	0,0340	0,6934	0,0254
30			0,7053	0,0198	0,7158	0,0159
50			0,6704	0,0119	0,6864	0,0085
100			0,6933	0,0053	0,6960	0,0047
200			0,6894	0,0023	0,6938	0,0019
10		0,8	0,7846	0,0368	0,7879	0,0323
20			0,7952	0,0221	0,8068	0,0168
30			0,7765	0,0161	0,7823	0,0121
50			0,7812	0,0079	0,7906	0,0062
100			0,7906	0,0036	0,7942	0,0033
200			0,7881	0,0017	0,7930	0,0013

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	($P_1;P_2;P_3$)	F	$\bar{F}$	$Var(\bar{F})$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,60;0,30;0,10)	0,9	0,8973	0,0255	0,9030	0,0238
20			0,8709	0,0163	0,8846	0,0093
30			0,8782	0,0089	0,8870	0,0062
50			0,8869	0,0042	0,8904	0,0024
100			0,8969	0,0019	0,8994	0,0017
200			0,8866	0,0011	0,8895	0,0009
10		1,0	0,9982	0,0003	0,9984	0,0002
20			0,9898	0,0029	0,9953	0,0004
30			0,9925	0,0007	0,9946	0,0003
50			0,9928	0,0003	0,9935	0,0002
100			0,9949	0,0001	0,9960	0,0001
200			0,9932	0,0001	0,9945	0,0001
10	(0,50;0,40;0,10)	0,0	0,0131	0,0562	-0,0243	0,0623
20			0,0106	0,0246	-0,0030	0,0277
30			-0,0034	0,0147	0,0006	0,0202
50			-0,0276	0,0078	-0,0224	0,0118
100			-0,0032	0,0047	0,0049	0,0063
200			-0,0063	0,0019	0,0010	0,0025
10		0,1	0,1323	0,0567	0,1093	0,0720
20			0,1086	0,0365	0,1042	0,0381
30			0,0868	0,0202	0,0935	0,0240
50			0,0915	0,0129	0,0971	0,0146
100			0,0783	0,0057	0,0840	0,0069
200			0,0912	0,0026	0,0968	0,0031
10		0,2	0,2201	0,0668	0,1976	0,0694
20			0,1408	0,0309	0,1540	0,0329
30			0,1864	0,0206	0,1928	0,0221
50			0,1741	0,0128	0,1834	0,0137
100			0,1851	0,0070	0,1901	0,0074
200			0,1880	0,0035	0,1884	0,0034
10		0,3	0,3415	0,0637	0,3306	0,0565
20			0,2818	0,0353	0,2989	0,0359
30			0,2803	0,0251	0,2942	0,0258
50			0,2745	0,0123	0,2816	0,0116
100			0,2754	0,0085	0,2810	0,0082
200			0,2946	0,0028	0,3020	0,0033

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F*), em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(P ₁ ;P ₂ ;P ₃)	F	F	Var(F)	F*	Var(F*)
10	(0,50;0,40;0,10)	0,4	0,3998	0,0716	0,3834	0,0744
20			0,4217	0,0346	0,4376	0,0256
30			0,3620	0,0222	0,3708	0,0184
50			0,3645	0,0129	0,3801	0,0121
100			0,4071	0,0048	0,4076	0,0053
200			0,3837	0,0036	0,3902	0,0033
10		0,5				
20			0,5024	0,0383	0,5153	0,0289
30			0,4603	0,0234	0,4844	0,0175
50			0,4674	0,0133	0,4900	0,0128
100			0,4922	0,0046	0,5030	0,0044
200			0,4894	0,0022	0,4950	0,0022
10		0,6	0,5111	0,0617	0,5158	0,0566
20			0,5735	0,0340	0,5914	0,0257
30			0,5791	0,0217	0,5884	0,0182
50			0,5809	0,0122	0,5861	0,0108
100			0,5768	0,0056	0,5893	0,0042
200			0,5945	0,0030	0,5981	0,0026
10		0,7	0,6561	0,0474	0,6554	0,0402
20			0,6741	0,0326	0,6925	0,0234
30			0,6996	0,0173	0,7066	0,0141
50			0,6973	0,0107	0,7071	0,0086
100			0,6943	0,0043	0,6955	0,0040
200			0,6857	0,0018	0,6895	0,0019
10		0,8	0,8169	0,0352	0,8023	0,0361
20			0,7515	0,0309	0,7705	0,0220
30			0,7967	0,0125	0,8064	0,0100
50			0,7919	0,0058	0,7949	0,0053
100			0,7850	0,0043	0,7921	0,0036
200			0,7856	0,0020	0,7896	0,0017
10		0,9	0,8969	0,0220	0,8914	0,0208
20			0,8891	0,0138	0,8972	0,0082
30			0,8678	0,0113	0,8889	0,0053
50			0,9024	0,0036	0,9030	0,0035
100			0,8857	0,0026	0,8884	0,0019
200			0,8907	0,0011	0,8923	0,0009

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em N=100 experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	($P_1; P_2; P_3$)	F	F	$Var(F)$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,50;0,40;0,10)	1,0	0,9968	0,0005	0,9969	0,0005
20			0,9980	0,0001	0,9976	0,0002
30			0,9922	0,0016	0,9945	0,0005
50			0,9950	0,0002	0,9962	0,0001
100			0,9958	0,0001	0,9965	0,0001
200			0,9916	0,0001	0,9932	0,0000
10	(0,60;0,39;0,01)	0,0	0,2845	0,0714	0,0030	0,1153
20			0,2562	0,0376	0,0235	0,0472
30			0,1688	0,0406	-0,0060	0,0280
50			0,1377	0,0373	-0,0017	0,0189
100			0,0579	0,0212	-0,0006	0,0069
200			-0,0047	0,0044	-0,0141	0,0045
10		0,1	0,2978	0,0656	0,0762	0,0930
20			0,3101	0,0376	0,0696	0,0439
30			0,2451	0,0494	0,0772	0,0320
50			0,1773	0,0350	0,0857	0,0161
100			0,1083	0,0166	0,0978	0,0071
200			0,0694	0,0047	0,0953	0,0050
10		0,2	0,4306	0,0662	0,2321	0,1063
20			0,4016	0,0528	0,2211	0,0480
30			0,3417	0,0465	0,1911	0,0326
50			0,3096	0,0329	0,1977	0,0175
100			0,2011	0,0246	0,2003	0,0094
200			0,1470	0,0088	0,1901	0,0047
10		0,3	0,4407	0,0648	0,2113	0,1002
20			0,4648	0,0352	0,29644	0,0364
30			0,3892	0,0452	0,2804	0,0307
50			0,3470	0,0407	0,2776	0,0262
100			0,2779	0,0255	0,2943	0,0092
200			0,2232	0,0108	0,2929	0,0043
10		0,4	0,5238	0,0675	0,3665	0,0942
20			0,5124	0,0430	0,3843	0,0476
30			0,4450	0,0412	0,3721	0,0296
50			0,4396	0,0351	0,3999	0,0160
100			0,3462	0,0237	0,3951	0,0091
200			0,2682	0,0046	0,3840	0,0028

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(P_1, P_2, P_3)	F	F	$Var(F)$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,60;0,39;0,01)	0,5	0,6183	0,0510	0,4617	0,0863
20			0,6045	0,0373	0,4803	0,0500
30			0,5857	0,0339	0,5150	0,0275
50			0,5131	0,0310	0,4929	0,0143
100			0,4786	0,0265	0,5009	0,0056
200			0,3960	0,0149	0,4926	0,0037
10		0,6	0,6957	0,0414	0,5969	0,0585
20			0,6596	0,0348	0,5856	0,0363
30			0,6509	0,0256	0,6024	0,0142
50			0,5981	0,0286	0,5798	0,0118
100			0,5408	0,0290	0,5912	0,0067
200			0,4963	0,0176	0,5898	0,0040
10		0,7	0,7743	0,0270	0,6874	0,0510
20			0,7758	0,0243	0,7170	0,0286
30			0,7077	0,0305	0,6861	0,0172
50			0,6974	0,0268	0,6906	0,0118
100			0,6332	0,0281	0,6924	0,0040
200			0,6073	0,0181	0,7027	0,0024
10		0,8	0,8404	0,0377	0,7965	0,0546
20			0,8182	0,0285	0,7970	0,0207
30			0,8078	0,0236	0,8013	0,0111
50			0,7664	0,0274	0,7944	0,0074
100			0,7365	0,0238	0,7839	0,0031
200			0,7150	0,0207	0,7903	0,0024
10		0,9	0,8996	0,0234	0,8747	0,0274
20			0,9134	0,0112	0,8983	0,0085
30			0,8944	0,0133	0,8866	0,0063
50			0,8991	0,0153	0,9058	0,0048
100			0,8518	0,0189	0,8978	0,0020
200			0,8147	0,0175	0,8903	0,0009
10		1,0	1,0000	0,0000	1,0000	0,0000
20			0,9803	0,0065	0,9931	0,0006
30			0,9858	0,0041	0,9942	0,0005
50			0,9754	0,0066	0,9932	0,0003
100			0,9526	0,0110	0,9937	0,0001
200			0,9494	0,0093	0,9941	0,0001

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(p_1, p_2, p_3)	F	F	$Var(\bar{F})$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,60;0,20;0,20)	0,0	-0,0233	0,0443	-0,0290	0,0554
20			0,0114	0,0294	0,0018	0,0315
30			-0,0265	0,0134	-0,0230	0,0154
50			-0,0220	0,0093	-0,0198	0,0100
100			-0,0166	0,0046	-0,0163	0,0048
200			-0,0077	0,0026	-0,0072	0,0028
10		0,1	0,0889	0,0557	0,0827	0,0638
20			0,0688	0,0283	0,0713	0,0306
30			0,0922	0,0225	0,0960	0,0240
50			0,1093	0,0134	0,1122	0,0140
100			0,0933	0,0064	0,0952	0,0066
200			0,0844	0,0032	0,0901	0,0033
10		0,2	0,1811	0,0494	0,1937	0,0568
20			0,2031	0,0326	0,2106	0,0323
30			0,1589	0,0234	0,1600	0,0242
50			0,1889	0,0170	0,1900	0,0172
100			0,1835	0,0064	0,1846	0,0064
200			0,1901	0,0031	0,1916	0,0030
10		0,3	0,2385	0,0707	0,2505	0,0760
20			0,2815	0,0406	0,2930	0,0421
30			0,2961	0,0201	0,3035	0,0196
50			0,2894	0,0101	0,2924	0,0099
100			0,2972	0,0066	0,2982	0,0065
200			0,2976	0,0036	0,2985	0,0035
10		0,4	0,3554	0,0544	0,3764	0,0551
20			0,3871	0,0353	0,3920	0,0323
30			0,3849	0,0191	0,3910	0,0187
50			0,3786	0,0140	0,3819	0,0140
100			0,3804	0,0073	0,3824	0,0072
200			0,3837	0,0040	0,3851	0,0041
10		0,5	0,4725	0,0840	0,4011	0,1225
20			0,4953	0,0438	0,5059	0,0783
30			0,4802	0,0270	0,5069	0,0386
50			0,5107	0,0199	0,4964	0,0235
100			0,4783	0,0067	0,4932	0,0106
200			0,4817	0,0036	0,4853	0,0060

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(p_1, p_2, p_3)	F	$\bar{F}$	Var($\bar{F}$)	F^*	Var(F^*)
10	(0,60;0,20;0,20)	0,6	0,5550	0,0908	0,5335	0,1283
20			0,5746	0,0367	0,5219	0,0706
30			0,5882	0,0247	0,5970	0,0377
50			0,5883	0,0162	0,5894	0,0213
100			0,6028	0,0066	0,5909	0,0107
200			0,5923	0,0036	0,5850	0,0052
10		0,7	0,7197	0,0608	0,7066	0,0996
20			0,6955	0,0311	0,6183	0,0693
30			0,6731	0,0175	0,7123	0,0277
50			0,6957	0,0105	0,6830	0,0168
100			0,6995	0,0059	0,6996	0,0078
200			0,7058	0,0031	0,7059	0,0043
10		0,8	0,7990	0,0545	0,7230	0,1203
20			0,7762	0,0192	0,7505	0,0640
30			0,7894	0,0104	0,7679	0,0257
50			0,7926	0,0081	0,7900	0,0130
100			0,7987	0,0031	0,8006	0,0048
200			0,7986	0,0019	0,7980	0,0030
10		0,9	0,8958	0,0224	0,8729	0,0619
20			0,9088	0,0084	0,8832	0,0348
30			0,8937	0,0067	0,9001	0,0092
50			0,8973	0,0041	0,8933	0,0073
100			0,8936	0,0021	0,8905	0,0026
200			0,8954	0,0012	0,8962	0,0016
10		1,0	0,9944	0,0010	0,9951	0,0008
20			0,9991	0,0001	0,9992	0,0001
30			0,9911	0,0005	0,9915	0,0005
50			0,9921	0,0003	0,9928	0,0003
100			0,9946	0,0001	0,9946	0,0001
200			0,9937	0,0001	0,9940	0,0000
10	(0,50;0,45;0,05)	0,0	0,0914	0,0815	-0,0714	0,0928
20			0,0464	0,0364	0,0102	0,0413
30			-0,0039	0,0148	-0,0171	0,0224
50			-0,0266	0,0099	-0,0219	0,0186
100			-0,0155	0,0034	-0,0056	0,0066
200			-0,0220	0,0023	-0,0131	0,0044

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	(P_1, P_2, P_3)	F	F	Var(F)	F*	Var(F*)
10	(0,50;0,45;0,05)	0,1	0,1709	0,0758	0,0589	0,0858
20			0,1313	0,0394	0,1009	0,0458
30			0,0894	0,0213	0,0901	0,0267
50			0,0698	0,0130	0,0801	0,0148
100			0,0574	0,0066	0,0737	0,0080
200			0,0788	0,0029	0,1006	0,0045
10		0,2	0,3025	0,0791	0,2146	0,0898
20			0,2027	0,0513	0,1660	0,0396
30			0,2115	0,0247	0,2406	0,0210
50			0,1634	0,0154	0,1775	0,0135
100			0,1821	0,0079	0,1900	0,0071
200			0,1651	0,0033	0,1835	0,0030
10		0,3	0,3816	0,0794	0,3088	0,0794
20			0,2928	0,0399	0,2905	0,0359
30			0,2641	0,0284	0,2962	0,0287
50			0,2748	0,0190	0,2874	0,0146
100			0,2810	0,0088	0,3019	0,0073
200			0,2780	0,0048	0,2963	0,0041
10		0,4	0,4351	0,0645	0,3634	0,0659
20			0,4366	0,0461	0,154	0,0374
30			0,3728	0,0294	0,3923	0,0229
50			0,3657	0,0169	0,3939	0,0111
100			0,3349	0,0087	0,3693	0,0073
200			0,3560	0,0056	0,3787	0,0048
10		0,5	0,5309	0,0605	0,4916	0,0632
20			0,4720	0,0480	0,4731	0,0399
30			0,4900	0,0297	0,5058	0,0179
50			0,4791	0,0220	0,5084	0,0132
100			0,4638	0,0109	0,4886	0,0064
200			0,4688	0,0050	0,4845	0,0032
10		0,6	0,6244	0,0519	0,5834	0,0681
20			0,5763	0,0430	0,5842	0,0327
30			0,5799	0,0326	0,5954	0,0187
50			0,5372	0,0194	0,5700	0,0105
100			0,5702	0,0095	0,5876	0,0054
200			0,5824	0,0044	0,5953	0,0026

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	($p_1;p_2;p_3$)	F	$\bar{F}$	Var($\bar{F}$)	F^*	Var(F^*)
10	(0,50;0,45;0,05)	0,7	0,6931	0,0482	0,6452	0,0622
20			0,6828	0,0335	0,6993	0,0235
30			0,6509	0,0347	0,6794	0,0194
50			0,6831	0,0178	0,7044	0,0081
100			0,6748	0,0104	0,6918	0,0053
200			0,6642	0,0033	0,6791	0,0024
10		0,8	0,8243	0,0356	0,8090	0,0350
20			0,7914	0,0236	0,7949	0,0173
30			0,7691	0,0236	0,7824	0,0116
50			0,7545	0,0194	0,7878	0,0087
100			0,7816	0,0055	0,7958	0,0033
200			0,7815	0,0025	0,7870	0,0015
10		0,9	0,8989	0,0226	0,8867	0,0292
20			0,8892	0,0167	0,8946	0,0106
30			0,8504	0,0158	0,8703	0,0072
50			0,8762	0,0095	0,8925	0,0034
100			0,8803	0,0050	0,8912	0,0022
200			0,8886	0,0016	0,8969	0,000
10		1,0	0,9926	0,0021	0,9943	0,0011
20			0,9862	0,0036	0,9927	0,0008
30			0,9880	0,0020	0,9923	0,0005
50			0,9876	0,0020	0,9944	0,0002
100			0,9901	0,0014	0,9950	0,0001
200			0,9884	0,0003	0,9942	0,0001
10	(0,50;0,49;0,01)	0,0	0,2670	0,0534	-0,0332	0,0816
20			0,2440	0,0336	-0,0089	0,0422
30			0,1886	0,0444	-0,0059	0,0352
50			0,1533	0,0312	0,0060	0,0232
100			0,0317	0,0161	-0,0145	0,0098
200			-0,0026	0,0028	-0,0057	0,0046
10		0,1	0,3088	0,0655	0,0430	0,1146
20			0,3030	0,0337	0,1021	0,0383
30			0,2813	0,0340	0,0910	0,0279
50			0,2220	0,0408	0,0926	0,0228
100			0,1248	0,0211	0,1025	0,0081
200			0,0796	0,0058	0,1006	0,0035

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	($p_1:p_2:p_3$)	F	$\bar{F}$	Var($\bar{F}$)	F^*	Var(F^*)
10	(0,50;0,49;0,01)	0,2	0,4266	0,0653	0,2179	0,0969
20			0,3912	0,0467	0,2140	0,0569
30			0,3307	0,0391	0,2034	0,0244
50			0,2600	0,0352	0,2076	0,0185
100			0,1994	0,0231	0,1929	0,0087
200			0,1483	0,0043	0,2068	0,0044
10		0,3	0,4267	0,0633	0,2223	0,0979
20			0,4115	0,0460	0,2487	0,0565
30			0,4235	0,0448	0,3120	0,0271
50			0,3768	0,0406	0,3024	0,0175
100			0,2657	0,0252	0,2813	0,0067
200			0,2216	0,0062	0,3103	0,0032
10		0,4	0,5610	0,0543	0,4074	0,0808
20			0,5111	0,0345	0,3917	0,0313
30			0,4797	0,0461	0,4050	0,0267
50			0,4276	0,0337	0,3675	0,0153
100			0,2979	0,0201	0,3778	0,0112
200			0,2868	0,0101	0,3872	0,0040
10		0,5	0,5980	0,0464	0,4437	0,0774
20			0,6015	0,0363	0,5031	0,0396
30			0,5843	0,0399	0,5006	0,0296
50			0,5532	0,0325	0,5005	0,0132
100			0,4376	0,0298	0,4872	0,0077
200			0,3873	0,0154	0,4934	0,0031
10		0,6	0,6891	0,0504	0,5702	0,0854
20			0,6557	0,0375	0,5831	0,0318
30			0,6395	0,0363	0,6133	0,0176
50			0,5979	0,0314	0,6077	0,0087
100			0,5491	0,0307	0,5929	0,0061
200			0,5088	0,0199	0,5859	0,0021
10		0,7	0,7587	0,0331	0,6746	0,0483
20			0,7647	0,0240	0,7044	0,0286
30			0,7459	0,0245	0,7041	0,0189
50			0,6934	0,0324	0,6972	0,0091
100			0,6354	0,0266	0,6844	0,0060
200			0,5796	0,0219	0,6884	0,0028

TABELA 9 - Média e variância do coeficiente de endogamia estimadas através da média das estimativas em análises individuais (F) e através da análise conjunta (F^*), em $N=100$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas e coeficiente de endogamia.

n	$(P_1; P_2; P_3)$	F	F	$Var(\bar{F})$	F^*	$Var(F^*)$
10	(0,50;0,49;0,01)	0,8	0,8163	0,0288	0,7598	0,0414
20			0,8355	0,0186	0,8124	0,0162
30			0,7945	0,0225	0,7714	0,0116
50			0,8038	0,0210	0,8020	0,0083
100			0,7294	0,0262	0,7816	0,0035
200			0,7012	0,0196	0,7804	0,0015
10		0,9	0,9249	0,0122	0,8960	0,0225
20			0,9150	0,0106	0,8932	0,0103
30			0,8958	0,0161	0,9025	0,0057
50			0,8898	0,0161	0,9066	0,0041
100			0,8514	0,0172	0,8893	0,0019
200			0,8206	0,0185	0,8937	0,0009
10		1,0	0,9892	0,0035	0,9923	0,0015
20			0,9927	0,0026	0,9982	0,0002
30			0,9667	0,0104	0,9923	0,0004
50			0,9596	0,0121	0,9938	0,0002
100			0,9566	0,0102	0,9936	0,0001
200			0,9344	0,0129	0,9945	0,0000

TABELA 10 - Valor esperado e variância das estimativas do coeficiente de endogamia usando a média das estimativas em análises individuais (F) e a análise conjunta (F^*) em experimentos com amostra de tamanhos diferentes extraídas de populações com três alelos e diversos valores de coeficiente de endogamia.

n	F	$E(\bar{F})$	$E(F^*)$	$Var_P(\bar{F})$	$Var_P(F^*)$
10	0,0	0,0	0,0	0,0333	0,0333
20		0,0	0,0	0,0167	0,0167
30		0,0	0,0	0,0111	0,0111
50		0,0	0,0	0,0067	0,0067
100		0,0	0,0	0,0033	0,0033
200		0,0	0,0	0,0017	0,0017
10	0,1	0,0901	0,0967	0,0327	0,0327
20		0,0951	0,0984	0,0163	0,0163
30		0,0967	0,0989	0,0109	0,0109
50		0,0980	0,0993	0,0065	0,0065
100		0,0990	0,0997	0,0033	0,0033
200		0,0995	0,0998	0,0016	0,0016
10	0,2	0,1808	0,1936	0,0307	0,0307
20		0,1904	0,1968	0,0154	0,0154
30		0,1936	0,1979	0,0102	0,0102
50		0,1962	0,1987	0,0061	0,0061
100		0,1981	0,1994	0,0031	0,0031
200		0,1990	0,1997	0,0015	0,0015
10	0,3	0,2727	0,2909	0,0276	0,0276
20		0,2864	0,2955	0,0138	0,0138
30		0,2909	0,2970	0,0092	0,0092
50		0,2945	0,2982	0,0055	0,0055
100		0,2973	0,2991	0,0028	0,0028
200		0,2986	0,2995	0,0014	0,0014
10	0,4	0,3664	0,3888	0,0235	0,0235
20		0,3832	0,3944	0,0118	0,0118
30		0,3888	0,3963	0,0078	0,0078
50		0,3983	0,3978	0,0047	0,0047
100		0,3966	0,3989	0,0024	0,0024
200		0,3983	0,3994	0,0012	0,0012

$Var_P(\bar{F})$: variância de $\bar{F}$ utilizando-se o valor paramétrico de F ;

$Var_P(F^*)$: variância de F^* utilizando-se o valor paramétrico de F .

TABELA 10 - Valor esperado e variância das estimativas do coeficiente de endogamia usando a média das estimativas em análises individuais ($\bar{F}$) e a análise conjunta (F^*) em experimentos com amostra de tamanhos diferentes extraídas de populações com três alelos e diversos valores de coeficiente de endogamia.

n	F	$E(\bar{F})$	$E(F^*)$	$Var_P(\bar{F})$	$Var_P(F^*)$
10	0,5	0,4625	0,4875	0,0188	0,0188
20		0,4813	0,4938	0,0094	0,0094
30		0,4875	0,4958	0,0063	0,0063
50		0,4925	0,4975	0,0038	0,0038
100		0,4963	0,4988	0,0019	0,0019
200		0,4981	0,4994	0,0009	0,0009
10	0,6	0,5616	0,5872	0,0137	0,0137
20		0,5808	0,5936	0,0068	0,0068
30		0,5872	0,5957	0,0046	0,0046
50		0,5923	0,5974	0,0027	0,0027
100		0,5962	0,5987	0,0014	0,0014
200		0,5981	0,5994	0,0007	0,0007
10	0,7	0,6643	0,6881	0,0087	0,0087
20		0,6822	0,6941	0,0043	0,0043
30		0,6881	0,6960	0,0029	0,0029
50		0,6929	0,6976	0,0017	0,0017
100		0,6964	0,6988	0,0009	0,0009
200		0,6962	0,6994	0,0004	0,0004
10	0,8	0,7712	0,7904	0,0043	0,0043
20		0,7856	0,7952	0,0022	0,0022
30		0,7904	0,7968	0,0014	0,0014
50		0,7942	0,7981	0,0009	0,0009
100		0,7971	0,7990	0,0004	0,0004
200		0,7986	0,7995	0,0002	0,0002
10	0,9	0,8829	0,8943	0,0012	0,0012
20		0,8915	0,8972	0,0006	0,0006
30		0,8943	0,8981	0,0004	0,0004
50		0,8966	0,8989	0,0002	0,0002
100		0,8983	0,8994	0,0001	0,0001
200		0,8991	0,8997	0,0001	0,0001
10	1,0	1,0	1,0	0,0	0,0
20		1,0	1,0	0,0	0,0
30		1,0	1,0	0,0	0,0
50		1,0	1,0	0,0	0,0
100		1,0	1,0	0,0	0,0
200		1,0	1,0	0,0	0,0

4.1.7. O teste F para o coeficiente de endogamia na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população

Na análise de variância apresentada na Tabela 4 um critério para testar

$$H_0: F = 0$$

parece lógico ao assumir que o quociente

$$C = \frac{QMI}{QMG}$$

tem distribuição de F com $v_1 = n-1$ e $v_2 = n$ graus de liberdade.

Para discutir a validade deste teste, foi necessário estudar a distribuição das somas de quadrados dividido pelas esperanças dos quadrados médios correspondentes.

A soma de quadrados de indivíduos foi definida por

$$SQI = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n y_i^2 - \frac{1}{2n} \left(\sum_{\bar{y}} y_{\bar{y}} \right)^2 = 2 \sum_{i=1}^n (\hat{p}_i - \hat{p})^2$$

sendo:

$\hat{p}_i$ a frequência gênica do alelo A no indivíduo i, sendo $\hat{p}_i = 0,0$; 0,5 e 1,0 se o indivíduo i tiver os genótipos aa, Aa e AA, respectivamente;

$\hat{p}$ a frequência gênica do alelo A em n indivíduos.

A expressão da soma de quadrados de indivíduos pode ser escrita somando-se e subtraindo-se a frequência gênica teórica p,

$$\begin{aligned}
 SQI &= 2 \sum_{i=1}^n (\hat{p}_i - \hat{p})^2 = 2 \sum_{i=1}^n [(\hat{p}_i - p) - (\hat{p} - p)]^2 \\
 &= 2 \sum_{i=1}^n [(\hat{p}_i - p)^2 - 2(\hat{p}_i - p)(\hat{p} - p) + (\hat{p} - p)^2] \\
 &= 2 \sum_{i=1}^n (\hat{p}_i - p)^2 - 2n(\hat{p} - p)^2.
 \end{aligned}$$

Na Tabela 4, sob H_0 : $F = 0$

$$\begin{aligned}
 E[QMI] &= p(1-p), \text{ então} \\
 \frac{(n-1)QMI}{E[QMI]} &= \frac{SQI}{E[QMI]} = \frac{2 \sum_{i=1}^n (\hat{p}_i - p)^2 - 2n(\hat{p} - p)^2}{p(1-p)} \\
 &= \frac{\sum_{i=1}^n (\hat{p}_i - p)^2}{\frac{p(1-p)}{2}} - \frac{(\hat{p} - p)^2}{\frac{p(1-p)}{2n}} \\
 &= \sum_{i=1}^n \left(\frac{\hat{p}_i - p}{\sqrt{\frac{p(1-p)}{2}}} \right)^2 - \left(\frac{\hat{p} - p}{\sqrt{\frac{p(1-p)}{2n}}} \right)^2 \\
 &= \sum_{i=1}^n Z_{1i}^2 - Z_2^2.
 \end{aligned}$$

Mas na variável aleatória

$$Z_{1i} = \frac{\hat{p}_i - p}{\sqrt{\frac{p(1-p)}{2}}},$$

a frequência gênica do alelo A no indivíduo i, $\hat{p}_i$ é tal que:

$$E[\hat{p}_i] = p \quad \text{e} \quad \text{Var}[\hat{p}_i] = \frac{1}{2}p(1-p)(1+F).$$

$$\text{Sob } H_0: F = 0, \quad \text{Var}[\hat{p}_i] = \frac{p(1-p)}{2}$$

ou seja, a frequência gênica do alelo A no indivíduo i

$$\hat{p}_i = \bar{y}_i = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^2 y_{ij}$$

tem distribuição binomial com densidade dada por:

$$P\left[\bar{Y}_i = \frac{k}{2}\right] = C_2^k p^k (1-p)^{2-k}, \quad k = 0, 1, 2.$$

Como $E[Z_{ii}] = 0$ e $\text{Var}[Z_{ii}] = 1$, então

a variável aleatória Z_{ii} tem distribuição aproximadamente normal com média zero e variância 1 e conseqüentemente,

$$\sum_{i=1}^n Z_{ii}^2$$

tem distribuição aproximada de χ^2 com n graus de liberdade.

Na variável aleatória

$$Z_2 = \frac{\hat{p} - p}{\sqrt{\frac{p(1-p)}{2n}}}$$

a frequência gênica da amostra, $\hat{p}$, é tal que:

$$E[\hat{p}] = p \quad \text{e} \quad \text{Var}[\hat{p}] = \frac{1}{2n} p(1-p)(1+F).$$

$$\text{Sob } H_0: F = 0, \quad \text{Var}[\hat{p}] = \frac{p(1-p)}{2n}, \text{ ou seja, a frequência do}$$

gene A na amostra

$$\hat{p} = \frac{1}{2n} \sum_{ij} y_{ij}$$

tem distribuição binomial com densidade dada por:

$$P\left[\bar{Y} = \frac{k}{2n}\right] = C_{2n}^k p^k (1-p)^{2n-k}, \quad k = 0, 1, \dots, 2n.$$

Como $E[Z_2] = 0$ e $\text{Var}[Z_2] = 1$, então a variável aleatória Z_2 tem distribuição aproximadamente normal com média zero e variância 1, conseqüentemente Z_2^2 tem distribuição aproximada de χ^2 com 1 grau de liberdade e portanto

$$\frac{(n-1)QMI}{E[QMI]}$$

tem distribuição aproximada de χ^2 com $n-1$ graus de liberdade.

A soma de quadrados de genes foi definida por:

$$SQG = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^2 y_{ij}^2 - \frac{1}{2} \sum_i y_i^2 = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^2 (y_{ij} - \hat{p}_i)^2$$

sendo:

y_{ij} a frequência do gene j dentro do indivíduo i ,

$\hat{p}_i$ a frequência gênica do alelo A no indivíduo i .

De maneira análoga da SQL , somando-se e subtraindo-se

p ,

$$SQG = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^2 (y_{ij} - p)^2 - 2 \sum_{i=1}^n (\hat{p}_i - p)^2.$$

Na Tabela 4, sob $H_0 : F = 0$

$$E[QMG] = p(1 - p).$$

Assim,

$$\begin{aligned} \frac{n QMG}{E[QMG]} &= \frac{SQG}{E[QMG]} = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^2 (y_{ij} - p)^2 - 2 \sum_{i=1}^n (\hat{p}_i - p)^2}{p(1 - p)} \\ &= \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^2 \left(\frac{y_{ij} - p}{\sqrt{p(1 - p)}} \right)^2 - \sum_{i=1}^n \left(\frac{\hat{p}_i - p}{\sqrt{\frac{p(1 - p)}{2}}} \right)^2 \\ &= \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^2 U_{ij}^2 - \sum_{i=1}^n Z_i^2. \end{aligned}$$

Mas na variável aleatória

$$U_{ij} = \frac{y_{ij} - p}{\sqrt{p(1-p)}},$$

a frequência y_{ij} do gene j dentro do indivíduo i corresponde aos valores de uma variável binária, que apresenta distribuição de Bernoulli. Assim,

$$E[y_{ij}] = p \quad \text{e} \quad \text{Var}[y_{ij}] = p(1-p).$$

Como $E[U_{ij}] = 0$ e $\text{Var}[U_{ij}] = 1$, então a variável U_{ij} tem média e variância iguais à distribuição normal padronizada. Assim,

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^2 U_{ij}^2$$

é a soma de $2n$ valores ao quadrado de uma variável com características semelhantes a uma distribuição normal de média zero e variância 1, podendo ser considerada como uma variável com características semelhantes a uma χ^2 com $2n$ graus de liberdade. Assim,

$$\frac{n \text{ QMG}}{E[\text{QMG}]}$$

tem distribuição com características semelhantes a uma χ^2 com n graus de liberdade.

Finalmente, conclui-se que

$$\frac{QMI}{p(1-p)} \approx \frac{\chi^2_{(n-1)}}{n-1}$$

e que

$$\frac{QMG}{p(1-p)} \approx \frac{\chi^2_{(n)}}{n}$$

e em consequência, que

$$\begin{aligned} \frac{QMI}{QMG} &\approx \frac{\chi^2_{(n-1)}/(n-1)}{\chi^2_{(n)}/n} \\ &\approx F_{(n-1, n)}. \end{aligned}$$

Portanto, o quociente QMI/QMG na análise de variância apresentada na Tabela 4 pode ser utilizado como uma aproximação para testar a hipótese $H_0: F = 0$.

A Tabela 11 apresenta a distribuição da estatística nível de significância, no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos considerando amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações com dois alelos e diversas frequências gênicas. Confrontando-se os valores obtidos das estatísticas a saber: média, variância, percentis 0,95 e 0,99 com aqueles teóricos apresentados na Tabela 12, observou-se que utilizando-se 30 indivíduos o critério proposto foi válido se a frequência gênica da população esteve entre 0,30 e 0,70. Para 50

indivíduos o teste foi válido com a frequência entre 0,25 e 0,75 e com 100 indivíduos o teste foi válido com a frequência entre 0,20 e 0,80.

Quando uma população apresenta u alelos, com $u > 2$ pode-se pensar em fazer o teste para o coeficiente de endogamia utilizando a análise conjunta envolvendo os u alelos. Neste caso admite-se que na análise conjunta

$$C = \frac{QMI}{QMG} \approx F_{[\alpha(n-1), um]}.$$

A Tabela 13 apresenta a distribuição da estatística nível de significância no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos considerando amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações com três alelos e várias frequências gênicas, sendo mostrados os resultados das análises individuais e da análise conjunta.

Percebe-se que, quando a análise conjunta é realizada em populações em que a frequência de cada alelo não é menor que 0,20 e o número de indivíduos está entre 10 e 30, a média da distribuição (Tabela 13) se aproximou da média teórica (Tabela 12). A variância foi um pouco maior que a variância teórica, o percentil 0,95 ficou sempre acima enquanto que o percentil 0,99 apresentou valores considerados ideais. Estes resultados indicaram que o teste F para o coeficiente de endogamia nestas condições só é válido com $\alpha = 0,01$. Com $\alpha = 0,05$ a distribuição do nível de significância apresentou sempre P_{95} maior que 0,95; portanto o teste F, se utilizado, ficará comprometido pelo aumento do erro tipo II.

Nas populações onde algum alelo tinha frequência menor que 0,20 a distribuição do nível de significância apresentou forma diferente da distribuição teórica de F, impossibilitando a utilização do teste, qualquer que seja o número de indivíduos utilizado. Quanto mais raro foi um alelo da população, mais a distribuição do nível de significância da análise conjunta diferiu da distribuição de F.

TABELA 11- Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de dois alelos com diversas frequências gênicas.

n	Estatística	P									
		0,05	0,10	0,15	0,20	0,25	0,30	0,35	0,40	0,45	0,50
5	$\bar{C}$	6200	3930	2341	1391	851	681	561	361	411	231
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,60	0,60	0,74	0,74	0,90	0,90	0,90	0,90	0,90	0,90
	P_{99}	0,60	0,74	0,90	0,90	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
10	$\bar{C}$	3670	1311	431	191	101	41	41	31	1,30	1,32
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	1,19	1,60
	P_{95}	0,64	0,72	0,80	0,88	0,88	0,88	0,94	0,94	0,96	0,94
	P_{99}	0,64	0,80	0,88	0,94	0,94	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99
15	$\bar{C}$	2480	591	121	31	1,18	1,18	1,16	1,21	1,15	1,17
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	0,63	0,83	0,57	0,76	0,61	0,56
	P_{95}	0,61	0,73	0,85	0,90	0,90	0,92	0,95	0,95	0,97	0,97
	P_{99}	0,67	0,82	0,90	0,94	0,94	0,97	0,99	0,99	0,99	0,99
20	$\bar{C}$	1321	271	1,14	1,15	1,13	1,10	1,09	1,12	1,11	1,10
	S_C^2	(*)	(*)	0,55	0,50	0,47	0,36	0,33	0,38	0,33	0,33
	P_{95}	0,64	0,74	0,84	0,88	0,92	0,95	0,95	0,95	0,96	0,96
	P_{99}	0,74	0,84	0,90	0,94	0,97	0,99	0,98	0,99	0,99	0,99
25	$\bar{C}$	751	81	31	1,11	1,12	1,09	1,08	1,07	1,11	1,07
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	0,31	0,29	0,25	0,26	0,21	0,25	0,27
	P_{95}	0,67	0,80	0,84	0,91	0,93	0,95	0,95	0,95	0,95	0,96
	P_{99}	0,71	0,84	0,90	0,95	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99
30	$\bar{C}$	491	11	1,09	1,07	1,09	1,09	1,08	1,08	1,07	1,08
	S_C^2	(*)	(*)	0,26	0,20	0,22	0,27	0,18	0,19	0,17	0,19
	P_{95}	0,69	0,80	0,87	0,92	0,92	0,95	0,94	0,94	0,96	0,96
	P_{99}	0,75	0,87	0,92	0,96	0,97	0,99	0,98	0,99	0,98	0,99

(*) : valores maiores que 10^4 ;

(1) : valores multiplicados por 10^{-2} ;

$\bar{C}$: valor obtido para a média da variável nível de significância nos $N = 1000$ experimentos;

S_C^2 : valor obtido para a variância da variável nível de significância nos $N = 1000$ experimentos;

P_{95} : valor obtido para o percentil 0,95 da variável nível de significância nos $N = 1000$ experimentos;

P_{99} : valor obtido para percentil 0,99 da variável nível de significância nos $N = 1000$ experimentos.

TABELA 11- Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de dois alelos com diversas frequências gênicas.

n	Estatística	P								
		0,55	0,60	0,65	0,70	0,75	0,80	0,85	0,90	0,95
5	$\bar{C}$	311	431	491	541	961	1491	2520	3420	6380
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,90	0,90	0,90	0,90	0,90	0,74	0,74	0,60	0,60
	P_{99}	1,00	1,00	0,95	1,00	0,90	0,90	0,90	0,74	0,60
10	$\bar{C}$	1,27	1,27	1,28	61	121	191	601	1511	3610
	S_C^2	1,21	1,27	1,36	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,96	0,94	0,94	0,94	0,88	0,88	0,80	0,72	0,64
	P_{99}	0,99	0,98	0,98	0,98	0,94	0,94	0,88	0,80	0,72
15	$\bar{C}$	1,11	1,16	1,19	1,14	21	31	121	611	2061
	S_C^2	0,47	0,49	(*)	0,56	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,97	0,97	0,94	0,94	0,90	0,85	0,79	0,73	0,67
	P_{99}	0,99	0,99	0,98	0,98	0,97	0,94	0,90	0,79	0,70
20	$\bar{C}$	1,10	1,14	1,11	1,14	1,11	1,14	11	191	1281
	S_C^2	0,32	0,36	0,31	0,46	0,34	0,70	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,95	0,95	0,94	0,95	0,92	0,88	0,84	0,74	0,64
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,97	0,94	0,92	0,84	0,69
25	$\bar{C}$	801	1,07	1,09	1,08	1,10	1,06	11	11	61
	S_C^2	(*)	0,22	0,22	0,25	0,24	0,21	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,67	0,96	0,94	0,96	0,94	0,93	0,90	0,85	0,78
	P_{99}	0,71	0,99	0,99	0,99	0,98	0,97	0,95	0,90	0,84
30	$\bar{C}$	1,08	1,07	1,05	1,06	1,08	1,10	1,03	41	471
	S_C^2	0,21	0,18	0,18	0,20	0,19	0,22	0,24	(*)	(*)
	P_{95}	0,96	0,96	0,95	0,96	0,94	0,90	0,87	0,81	0,69
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,97	0,96	0,92	0,84	0,73

TABELA 11- Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de dois alelos com diversas frequências gênicas.

n	Estatística	P									
		0,05	0,10	0,15	0,20	0,25	0,30	0,35	0,40	0,45	0,50
35	$\bar{C}$	281	1,07	1,06	1,08	1,08	1,09	1,08	1,05	1,04	1,05
	S_C^2	(*)	0,22	0,16	0,22	0,21	0,18	0,14	0,14	0,14	0,15
	P_{95}	0,68	0,81	0,90	0,92	0,94	0,95	0,93	0,96	0,96	0,96
	P_{99}	0,75	0,87	0,92	0,97	0,97	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99
40	$\bar{C}$	221	11	1,05	1,05	1,06	1,05	1,06	1,05	1,05	1,06
	S_C^2	(*)	(*)	0,13	0,16	0,16	0,13	0,12	0,12	0,12	0,14
	P_{95}	0,70	0,82	0,90	0,92	0,95	0,95	0,95	0,95	0,96	0,95
	P_{99}	0,73	0,87	0,95	0,96	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
45	$\bar{C}$	131	1,07	1,06	1,06	1,06	1,06	1,05	1,02	1,05	1,05
	S_C^2	(*)	0,17	0,15	0,12	0,11	0,13	0,12	0,10	0,11	0,09
	P_{95}	0,72	0,82	0,90	0,93	0,94	0,94	0,96	0,95	0,94	0,95
	P_{99}	0,78	0,88	0,95	0,97	0,97	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99
50	$\bar{C}$	81	1,04	1,05	1,02	1,05	1,03	1,03	1,04	1,04	1,04
	S_C^2	(*)	0,12	0,11	0,09	0,11	0,09	0,09	0,09	0,09	0,10
	P_{95}	0,70	0,84	0,90	0,94	0,95	0,95	0,95	0,96	0,95	0,95
	P_{99}	0,76	0,88	0,93	0,97	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
75	$\bar{C}$	1,06	1,03	1,04	1,03	1,03	1,03	1,04	1,04	1,02	1,03
	S_C^2	0,13	0,06	0,06	0,07	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06
	P_{95}	0,73	0,87	0,91	0,95	0,95	0,95	0,93	0,95	0,96	0,95
	P_{99}	0,78	0,90	0,96	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
100	$\bar{C}$	1,04	1,01	1,03	1,03	1,03	1,02	1,02	1,01	1,02	1,02
	S_C^2	0,08	0,05	0,05	0,05	0,05	0,04	0,05	0,04	0,04	0,05
	P_{95}	0,76	0,89	0,93	0,94	0,95	0,95	0,96	0,96	0,95	0,95
	P_{99}	0,81	0,93	0,96	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99

TABELA 11- Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de dois alelos com diversas frequências gênicas.

n	Estatística	P								
		0,55	0,60	0,65	0,70	0,75	0,80	0,85	0,90	0,95
35	$\bar{C}$	1,06	1,06	1,06	1,06	1,06	1,06	1,04	11	330
	S_C^2	0,15	0,17	0,12	0,15	0,15	0,22	0,17	(*)	(*)
	P_{95}	0,96	0,94	0,93	0,94	0,95	0,92	0,90	0,81	0,68
	P_{99}	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98	0,97	0,94	0,87	0,74
40	$\bar{C}$	1,05	1,04	1,04	1,03	1,05	1,05	1,05	1,05	251
	S_C^2	0,11	0,12	0,13	0,13	0,13	0,15	0,27	0,20	(*)
	P_{95}	0,94	0,95	0,94	0,96	0,95	0,93	0,90	0,82	0,70
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,97	0,95	0,88	0,76
45	$\bar{C}$	1,04	1,03	1,06	1,05	1,03	1,04	1,01	1,02	91
	S_C^2	0,11	0,10	0,12	0,12	0,11	0,12	0,11	0,14	(*)
	P_{95}	0,95	0,94	0,95	0,93	0,95	0,93	0,90	0,83	0,72
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,97	0,95	0,88	0,78
50	$\bar{C}$	1,03	1,05	1,03	1,04	1,03	1,03	1,04	1,01	101
	S_C^2	0,10	0,10	0,09	0,11	0,09	0,10	0,11	0,10	(*)
	P_{95}	0,96	0,96	0,94	0,95	0,95	0,93	0,90	0,84	0,70
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98	0,94	0,88	0,76
75	$\bar{C}$	1,04	1,02	1,01	1,02	1,03	1,02	1,01	1,01	0,96
	S_C^2	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,04
	P_{95}	0,93	0,96	0,96	0,96	0,94	0,93	0,92	0,87	0,76
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,96	0,91	0,79
100	$\bar{C}$	1,02	1,02	1,00	1,01	1,02	1,01	1,00	0,99	0,96
	S_C^2	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,03
	P_{95}	0,95	0,95	0,96	0,94	0,95	0,93	0,94	0,89	0,76
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,97	0,97	0,93	0,81

TABELA 11- Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de dois alelos com diversas frequências gênicas.

n	Estatística	P									
		0,05	0,10	0,15	0,20	0,25	0,30	0,35	0,40	0,45	0,50
150	$\bar{C}$	1,03	1,01	1,02	1,02	1,02	1,01	1,01	1,02	1,02	1,01
	S_C^2	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03
	P_{95}	0,80	0,91	0,93	0,94	0,93	0,94	0,94	0,95	0,94	0,96
	P_{99}	0,83	0,95	0,97	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
200	$\bar{C}$	1,03	1,01	1,00	1,01	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,01
	S_C^2	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02
	P_{95}	0,82	0,93	0,95	0,94	0,96	0,95	0,96	0,94	0,95	0,96
	P_{99}	0,86	0,95	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
300	$\bar{C}$	1,02	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	S_C^2	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P_{95}	0,85	0,94	0,93	0,94	0,94	0,96	0,95	0,95	0,95	0,95
	P_{99}	0,88	0,97	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
400	$\bar{C}$	1,02	1,00	1,02	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P_{95}	0,87	0,94	0,93	0,95	0,95	0,96	0,95	0,95	0,96	0,95
	P_{99}	0,90	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,98	0,99	0,99	0,99
500	$\bar{C}$	1,02	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	$S_C^2(1)$	0,98	0,78	0,89	0,77	0,80	0,79	0,79	0,79	0,83	0,81
	P_{95}	0,89	0,94	0,94	0,94	0,95	0,94	0,94	0,95	0,96	0,95
	P_{99}	0,92	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99

TABELA 11- Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0: F = 0$, em $N = 1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de dois alelos com diversas frequências gênicas.

n	Estatística	P								
		0,55	0,60	0,65	0,70	0,75	0,80	0,85	0,90	0,95
150	$\bar{C}$	1,02	1,02	1,00	1,01	1,00	1,00	0,99	0,99	0,95
	S_C^2	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,02	0,01
	P_{95}	0,94	0,95	0,95	0,95	0,95	0,95	0,95	0,91	0,80
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,95	0,83
200	$\bar{C}$	1,00	1,01	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	0,99	0,95
	S_C^2	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01
	P_{95}	0,95	0,96	0,94	0,96	0,96	0,96	0,95	0,93	0,83
	P_{99}	0,99	0,99	0,98	0,99	0,99	0,99	0,98	0,96	0,86
300	$\bar{C}$	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	0,95
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P_{95}	0,96	0,94	0,96	0,95	0,94	0,95	0,96	0,95	0,86
	P_{99}	0,99	0,98	0,99	0,99	0,98	0,99	0,99	0,98	0,89
400	$\bar{C}$	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	0,95
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P_{95}	0,95	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96	0,95	0,89
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,91
500	$\bar{C}$	1,00	0,99	1,00	1,00	0,99	1,00	0,98	0,98	0,94
	$S_C^2(1)$	0,85	0,75	0,76	0,82	0,79	0,77	0,77	0,69	0,35
	P_{95}	0,96	0,96	0,95	0,95	0,96	0,95	0,96	0,95	0,91
	P_{99}	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,99	0,98	0,93

Tabela 12 - Média e variância da distribuição F de Snedecor na análise de variância com dois alelos e na análise de variância conjunta com três alelos, com amostras de tamanhos diferentes.

n	E(F_S)	Var(F_S)	E(F_{Sac})	Var(F_{Sac})
5	1,667	9,722	1,154	0,504
10	1,250	0,984	1,071	0,180
15	1,154	0,467	1,046	0,108
20	1,111	0,300	1,034	0,077
25	1,087	0,220	1,027	0,060
30	1,071	0,174	1,023	0,049
35	1,061	0,143	1,019	0,041
40	1,053	0,122	1,017	0,036
45	1,046	0,106	1,015	0,031
50	1,042	0,093	1,014	0,028
75	1,027	0,059	1,009	0,018
100	1,020	0,043	1,007	0,014
150	1,014	0,028	1,004	0,009
200	1,010	0,021	1,003	0,007
300	1,007	0,014	1,002	0,004
400	1,005	0,010	1,002	0,003
500	1,004	0,008	1,001	0,003

F_S : F de Snedecor na análise de variância com dois alelos;

F_{Sac} : F de Snedecor na análise de variância conjunta com três alelos.

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estadística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,35	P ₃ 0,15	AC	P ₁ 0,50	P ₂ 0,25	P ₃ 0,25	AC
5	$\bar{C}$	261,270	431,187	2150,56	81,223	411,223	930,984	1080,91	101,234
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,89	0,73	0,98	0,89	0,89	0,89	0,97
	P ₉₉	1,00	1,00	0,89	0,99	1,00	1,00	0,89	0,99
10	$\bar{C}$	1,291	31,262	560,97	1,133	11,244	111,240	81,15	1,097
	S_C^2	1,369	(*)	(*)	0,545	(*)	(*)	(*)	0,335
	P ₉₅	0,96	0,94	0,80	0,98	0,96	0,88	0,88	0,97
	P ₉₉	0,99	0,98	0,88	0,99	0,98	0,94	0,94	0,99
15	$\bar{C}$	1,182	11,152	94,05	1,073	1,162	1,189	21,11	1,062
	S_C^2	0,704	(*)	(*)	0,284	0,702	0,835	(*)	0,219
	P ₉₅	0,95	0,95	0,79	0,98	0,95	0,89	0,89	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,89	0,99	0,99	0,96	0,95	0,99
20	$\bar{C}$	1,085	1,098	21,060	1,030	1,118	1,135	1,060	1,036
	S_C^2	0,303	0,374	(*)	0,151	0,399	0,452	0,336	0,132
	P ₉₅	0,96	0,94	0,83	0,98	0,96	0,91	0,91	0,98
	P ₉₉	0,98	0,98	0,91	0,99	0,99	0,97	0,96	0,99
25	$\bar{C}$	1,093	1,068	11,00	1,027	1,081	1,096	1,07	1,033
	S_C^2	0,240	0,212	(*)	0,105	0,277	0,276	0,252	0,112
	P ₉₅	0,95	0,94	0,87	0,98	0,96	0,93	0,93	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,90	0,99	0,99	0,96	0,98	0,99

$\bar{C}$: valor obtido para a média da variável nível de significância;

S_C^2 : valor obtido para a variância da variável nível de significância;

P₉₅ : valor obtido para o percentil 0,95 da variável nível de significância;

P₉₉ : valor obtido para o percentil 0,99 da variável nível de significância;

AC : análise conjunta envolvendo os três alelos;

(*) : valores maiores que 10^4 .

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁	P ₂	P ₃	AC	P ₁	P ₂	P ₃	AC
		0,50	0,35	0,15		0,50	0,25	0,25	
30	$\bar{C}$	1,073	1,074	1,000	1,027	1,055	1,084	1,050	1,022
	S_C^2	0,181	0,182	0,194	0,089	0,180	0,216	0,199	0,088
	P ₉₅	0,95	0,96	0,88	0,98	0,96	0,94	0,94	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,92	0,99	0,99	0,97	0,98	0,99
35	$\bar{C}$	1,055	1,055	1,020	1,019	1,058	1,081	1,030	1,022
	S_C^2	0,162	0,165	0,176	0,084	0,154	0,162	0,146	0,064
	P ₉₅	0,96	0,96	0,89	0,99	0,95	0,93	0,93	0,97
	P ₉₉	0,99	0,98	0,92	0,99	0,99	0,98	0,97	0,99
40	$\bar{C}$	1,041	1,055	1,010	1,014	1,050	1,053	1,010	1,014
	S_C^2	0,118	0,139	0,099	0,064	0,129	0,132	0,112	0,063
	P ₉₅	0,94	0,95	0,89	0,98	0,96	0,94	0,95	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,94	0,99	0,98	0,98	0,98	0,99
45	$\bar{C}$	1,042	1,055	1,010	1,018	1,036	1,053	1,010	1,010
	S_C^2	0,107	0,106	0,099	0,056	0,105	0,113	0,112	0,053
	P ₉₅	0,94	0,93	0,89	0,98	0,95	0,94	0,95	0,98
	P ₉₉	0,98	0,98	0,93	0,99	0,99	0,98	0,98	0,99
50	$\bar{C}$	1,022	1,029	0,980	0,998	1,043	1,033	1,030	1,015
	S_C^2	0,092	0,095	0,108	0,047	0,096	0,087	0,102	0,043
	P ₉₅	0,95	0,95	0,91	0,98	0,95	0,94	0,94	0,97
	P ₉₉	0,99	0,9	0,95	0,99	0,99	0,98	0,98	0,99
75	$\bar{C}$	1,022	0,030	0,970	1,002	1,017	1,032	0,99	1,001
	S_C^2	0,064	0,063	0,050	0,033	0,056	0,062	0,062	0,029
	P ₉₅	0,95	0,94	0,93	0,98	0,95	0,94	0,95	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,96	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta

n	Estatística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,35	P ₃ 0,15	AC	P ₁ 0,50	P ₂ 0,25	P ₃ 0,25	AC
100	$\bar{C}$	1,014	1,024	0,970	1,001	1,006	1,029	0,990	0,999
	S_C^2	0,040	0,040	0,038	0,021	0,041	0,046	0,038	0,022
	P ₉₅	0,93	0,94	0,95	0,98	0,96	0,95	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,98	0,99	0,99	0,98	0,99	0,99
150	$\bar{C}$	0,995	1,002	0,950	0,982	1,007	1,015	0,950	0,994
	S_C^2	0,027	0,026	0,030	0,014	0,030	0,028	0,022	0,015
	P ₉₅	0,96	0,95	0,96	0,99	0,96	0,94	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,98	1,00	0,99	0,98	0,99	1,00
200	$\bar{C}$	0,999	1,008	0,960	0,990	1,003	1,020	0,980	0,997
	S_C^2	0,020	0,021	0,016	0,011	0,020	0,022	0,020	0,010
	P ₉₅	0,95	0,95	0,96	0,99	0,95	0,94	0,97	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
300	$\bar{C}$	0,996	1,000	0,950	0,985	0,996	1,009	0,980	0,991
	S_C^2	0,013	0,014	0,011	0,008	0,014	0,014	0,013	0,007
	P ₉₅	0,96	0,96	0,97	0,99	0,96	0,95	0,97	0,989
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
400	$\bar{C}$	0,995	0,994	0,950	0,983	0,998	1,006	0,97	0,991
	S_C^2	0,010	0,010	0,008	0,005	0,010	0,011	0,009	0,005
	P ₉₅	0,95	0,95	0,98	0,99	0,95	0,95	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
500	$\bar{C}$	0,994	1,003	0,950	0,986	0,998	1,00	0,980	0,994
	S_C^2	0,008	0,008	0,006	0,004	0,008	0,008	0,007	0,004
	P ₉₅	0,95	0,94	0,98	0,99	0,94	0,94	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,98	0,98	0,99	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	p_1 0,50	p_2 0,40	p_3 0,10	AC	p_1 0,40	p_2 0,40	p_3 0,20	AC
5	$\bar{C}$	361,313	441,289	3780,22	161,301	291,309	331,223	1500,74	51,269
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,89	0,89	0,59	0,98	0,89	0,89	0,73	0,97
	P_{99}	1,00	1,00	0,73	1,00	1,00	1,00	0,89	0,99
10	$\bar{C}$	21,251	11,250	1450,71	1,141	21,320	11,341	181,14	1,169
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	0,739	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,96	0,96	0,72	0,99	0,95	0,94	0,87	0,97
	P_{99}	0,99	0,99	0,80	1,00	0,99	0,98	0,91	0,99
15	$\bar{C}$	1,133	1,150	520,920	1,069	1,133	1,141	31,14	1,053
	S_C^2	0,486	0,548	(*)	0,255	0,624	0,502	(*)	0,213
	P_{95}	0,95	0,96	0,73	0,99	0,96	0,95	0,89	0,97
	P_{99}	0,99	0,99	0,79	1,00	0,99	0,99	0,93	0,99
20	$\bar{C}$	1,129	1,135	190,960	1,068	1,104	1,106	1,090	1,040
	S_C^2	0,413	0,338	(*)	0,202	0,336	0,361	0,428	0,142
	P_{95}	0,96	0,95	0,79	0,99	0,95	0,96	0,88	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,84	1,00	0,99	0,99	0,94	0,99
25	$\bar{C}$	1,067	1,088	41,000	1,034	1,089	1,065	1,090	1,034
	S_C^2	0,210	0,270	(*)	0,131	0,235	0,228	0,336	0,109
	P_{95}	0,95	0,97	0,80	0,99	0,94	0,96	0,90	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,84	1,00	0,98	0,99	0,95	1,00
30	$\bar{C}$	1,044	1,046	10,990	1,010	1,078	1,076	1,030	1,028
	S_C^2	0,172	0,180	(*)	0,101	0,194	0,190	0,182	0,082
	P_{95}	0,96	0,96	0,80	0,99	0,94	0,96	0,92	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,87	1,00	0,98	0,99	0,96	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	p_1 0,50	p_2 0,40	p_3 0,10	AC	p_1 0,40	p_2 0,40	p_3 0,20	AC
35	$\bar{C}$	1,034	1,049	10,970	1,009	1,061	1,057	1,020	1,018
	S_C^2	0,142	0,148	(*)	0,085	0,142	0,140	0,151	0,060
	P_{95}	0,96	0,96	0,81	0,99	0,96	0,93	0,92	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,87	1,00	0,99	0,99	0,96	1,00
40	$\bar{C}$	1,039	1,055	10,970	1,017	1,029	1,036	1,020	1,002
	S_C^2	0,117	0,124	(*)	0,070	0,123	0,120	0,120	0,055
	P_{95}	0,95	0,94	0,82	0,99	0,96	0,95	0,93	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,86	1,00	0,99	0,99	0,96	1,00
45	$\bar{C}$	1,024	1,037	0,960	1,002	1,050	1,055	1,020	1,019
	S_C^2	0,095	0,111	0,108	0,057	0,112	0,110	0,108	0,051
	P_{95}	0,95	0,95	0,85	0,99	0,95	0,95	0,93	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,87	1,00	0,99	0,99	0,97	1,00
50	$\bar{C}$	1,050	1,053	0,960	1,023	1,022	1,045	1,000	1,004
	S_C^2	0,091	0,093	0,074	0,054	0,091	0,105	0,088	0,046
	P_{95}	0,95	0,94	0,84	0,98	0,95	0,95	0,94	0,99
	P_{99}	0,99	0,99	0,88	1,00	0,99	0,99	0,98	1,00
75	$\bar{C}$	1,021	1,029	0,940	1,002	1,036	1,040	1,000	1,016
	S_C^2	0,054	0,058	0,039	0,033	0,059	0,059	0,057	0,030
	P_{95}	0,95	0,93	0,88	0,98	0,94	0,94	0,94	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,91	1,00	0,99	0,99	0,98	1,00
100	$\bar{C}$	1,001	1,011	0,950	0,989	1,021	1,013	0,990	1,002
	S_C^2	0,043	0,047	0,030	0,027	0,043	0,043	0,041	0,022
	P_{95}	0,96	0,96	0,90	0,99	0,95	0,96	0,95	0,98
	P_{99}	0,99	0,99	0,93	1,00	0,99	0,99	0,98	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,40	P ₃ 0,10	AC	P ₁ 0,40	P ₂ 0,40	P ₃ 0,20	AC
150	$\bar{C}$	1,014	1,012	0,930	0,996	1,011	1,007	0,970	0,994
	S_C^2	0,030	0,031	0,019	0,018	0,029	0,028	0,024	0,014
	P ₉₅	0,95	0,96	0,93	0,99	0,95	0,96	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,95	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
200	$\bar{C}$	0,997	1,001	0,930	0,985	1,007	1,009	0,970	0,995
	S_C^2	0,021	0,021	0,012	0,013	0,021	0,020	0,018	0,010
	P ₉₅	0,96	0,96	0,94	0,99	0,95	0,94	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,97	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
300	$\bar{C}$	0,997	0,996	0,930	0,983	1,000	0,997	0,970	0,987
	S_C^2	0,013	0,013	0,008	0,008	0,014	0,014	0,012	0,007
	P ₉₅	0,96	0,96	0,97	0,99	0,96	0,96	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,98	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
400	$\bar{C}$	0,999	1,003	0,930	0,988	0,995	0,998	0,970	0,987
	S_C^2	0,010	0,010	0,006	0,006	0,010	0,010	0,009	0,005
	P ₉₅	0,96	0,95	0,98	0,99	0,95	0,96	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
500	$\bar{C}$	1,001	1,001	0,93	0,989	1,003	1,001	0,97	0,992
	S_C^2	0,008	0,009	0,005	0,005	0,008	0,008	0,007	0,004
	P ₉₅	0,95	0,96	0,98	0,99	0,95	0,95	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,45	P ₃ 0,05	AC	P ₁ 0,50	P ₂ 0,49	P ₃ 0,01	AC
5	$\bar{C}$	271,279	381,264	5949,79	171,272	231,404	251,401	9169,17	221,398
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,89	0,60	0,99	0,89	0,89	0,48	0,99
	P ₉₉	1,00	1,00	0,60	1,00	1,00	1,00	0,48	1,00
10	$\bar{C}$	11,258	11,294	3850,19	1,219	1,342	1,371	8519,29	1,334
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	1,139	1,524	1,624	(*)	1,394
	P ₉₅	0,96	0,96	0,64	0,99	0,94	0,94	0,49	0,99
	P ₉₉	0,98	0,99	0,68	1,00	0,98	0,98	0,53	1,00
15	$\bar{C}$	1,197	1,198	2440,47	1,138	1,143	1,158	7839,43	1,143
	S_C^2	0,729	0,803	(*)	0,490	0,456	0,448	(*)	0,424
	P ₉₅	0,96	0,96	0,61	0,99	0,95	0,95	0,50	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,67	1,00	0,99	0,99	0,55	1,00
20	$\bar{C}$	1,110	1,108	1350,68	1,074	1,108	1,123	6789,64	1,107
	S_C^2	0,305	0,355	(*)	0,224	0,299	0,303	(*)	0,273
	P ₉₅	0,95	0,96	0,64	0,99	0,95	0,95	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,74	1,00	0,99	0,99	0,54	1,00
25	$\bar{C}$	1,062	1,092	830,77	1,046	1,091	1,107	6479,70	1,093
	S_C^2	0,223	0,246	(*)	0,161	0,299	0,303	(*)	0,284
	P ₉₅	0,95	0,94	0,67	0,99	0,96	0,45	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,71	1,00	0,99	0,99	0,58	1,00
30	$\bar{C}$	1,065	1,070	500,83	1,043	1,061	1,079	5599,88	1,065
	S_C^2	0,170	0,171	(*)	0,124	0,173	0,188	(*)	0,165
	P ₉₅	0,94	0,96	0,69	0,99	0,96	0,96	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,73	1,00	0,99	0,99	0,57	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,45	P ₃ 0,05	AC	P ₁ 0,50	P ₂ 0,49	P ₃ 0,01	AC
35	$\bar{C}$	1,050	1,060	310,87	1,032	1,068	0,090	5449,91	1,074
	S_C^2	0,134	0,142	(*)	0,098	0,157	0,169	(*)	0,153
	P ₉₅	0,94	0,94	0,68	0,99	0,96	0,94	0,53	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,75	1,00	0,99	0,99	0,57	1,00
40	$\bar{C}$	1,063	1,073	200,89	1,045	1,018	1,038	4770,04	1,025
	S_C^2	0,150	0,141	(*)	0,106	0,112	0,119	(*)	0,108
	P ₉₅	0,95	0,95	0,70	0,99	0,96	0,96	0,53	0,999
	P ₉₉	0,99	0,99	0,76	1,00	0,99	0,99	0,56	1,00
45	$\bar{C}$	1,041	1,046	110,90	1,024	1,058	1,073	4280,14	1,062
	S_C^2	0,112	0,119	(*)	0,084	0,115	0,115	(*)	0,108
	P ₉₅	0,95	0,95	0,72	0,99	0,95	0,94	0,56	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,77	1,00	0,99	0,99	0,59	1,00
50	$\bar{C}$	1,019	10,32	70,91	1,010	1,048	1,063	3960,2	1,053
	S_C^2	0,081	0,081	(*)	0,060	0,097	0,101	(*)	0,094
	P ₉₅	0,95	0,93	0,70	0,99	0,95	0,95	0,53	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,76	1,00	0,99	0,99	0,56	1,00
75	$\bar{C}$	1,023	1,024	0,92	1,009	1,019	1,033	2630,47	1,024
	S_C^2	0,057	0,057	0,001	0,042	0,060	0,061	(*)	0,057
	P ₉₅	0,94	0,94	0,73	0,99	0,95	0,95	0,57	0,99
	P ₉₉	0,98	0,99	0,80	1,00	0,99	0,99	0,59	1,00
100	$\bar{C}$	1,009	1,019	0,91	1,002	1,008	1,022	1510,69	1,014
	S_C^2	0,043	0,044	0,00084	0,032	0,045	0,046	(*)	0,043
	P ₉₅	0,95	0,95	0,77	0,99	0,96	0,95	0,56	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,81	1,00	0,99	0,99	0,60	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁	P ₂	P ₃	AC	P ₁	P ₂	P ₃	AC
		0,50	0,45	0,05		0,50	0,49	0,01	
150	$\bar{C}$	0,996	1,010	0,910	0,992	1,005	1,020	550,88	1,011
	S_C^2	0,024	0,026	0,00058	0,018	0,027	0,027	(*)	0,026
	P ₉₅	0,95	0,95	0,80	0,99	0,95	0,94	0,58	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,83	1,00	0,99	0,99	0,60	1,00
200	$\bar{C}$	1,006	1,014	0,910	0,999	0,995	1,012	310,93	1,003
	S_C^2	0,020	0,020	0,00041	0,015	0,020	0,021	(*)	0,019
	P ₉₅	0,95	0,95	0,83	0,99	0,96	0,95	0,58	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,86	1,00	0,99	0,99	0,61	1,00
300	$\bar{C}$	1,002	1,008	0,910	0,995	0,994	1,009	30,98	1,001
	S_C^2	0,014	0,013	0,00029	0,010	0,013	0,013	(*)	0,013
	P ₉₅	0,95	0,95	0,87	0,99	0,96	0,95	0,60	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,89	1,00	0,99	0,99	0,63	1,00
400	$\bar{C}$	0,999	1,007	0,91	0,99	1,001	1,017	0,98	1,008
	S_C^2	0,010	0,010	0,0002	0,0074	0,010	0,010	0,0004	0,010
	P ₉₅	0,95	0,95	0,89	0,99	0,96	0,94	0,61	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,91	1,00	0,99	0,99	0,63	1,00
500	$\bar{C}$	0,995	1,004	0,910	0,991	0,992	1,008	0,98	1,000
	S_C^2	0,008	0,008	0,00016	0,006	0,008	0,008	0,00004	0,008
	P ₉₅	0,96	0,96	0,91	0,99	0,96	0,94	0,62	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,93	1,00	0,99	0,99	0,64	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,40	P ₂ 0,45	P ₃ 0,15	AC	P ₁ 0,40	P ₂ 0,35	P ₃ 0,25	AC
5	$\bar{C}$	421,71	321,321	2140,58	61,289	361,196	271,238	970,950	21,231
	S^2_C	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,89	0,73	0,98	0,89	0,89	0,89	0,97
	P ₉₉	1,00	1,00	0,89	0,99	1,00	1,00	1,00	0,99
10	$\bar{C}$	41,290	11,255	610,950	1,135	31,208	21,263	131,170	1,109
	S^2_C	(*)	(*)	(*)	0,894	(*)	(*)	(*)	0,455
	P ₉₅	0,96	0,97	0,80	0,98	0,94	0,94	0,88	0,97
	P ₉₉	0,99	0,99	0,88	0,99	0,98	0,98	0,94	0,99
15	$\bar{C}$	1,165	1,137	51,070	1,059	1,203	1,232	1,110	1,090
	S^2_C	0,746	0,451	(*)	0,219	0,763	0,892	0,505	0,240
	P ₉₅	0,96	0,97	0,85	0,98	0,95	0,94	0,94	0,97
	P ₉₉	0,99	0,99	0,89	0,99	0,99	0,99	0,97	0,99
20	$\bar{C}$	1,113	1,127	11,07	1,055	1,119	1,092	1,11	1,042
	S^2_C	0,326	0,366	(*)	0,158	0,379	0,324	0,386	0,134
	P ₉₅	0,95	0,96	0,83	0,98	0,95	0,95	0,91	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,91	0,99	0,99	0,99	0,97	0,99
25	$\bar{C}$	1,082	1,087	1,040	1,032	1,068	1,109	1,070	1,036
	S^2_C	0,244	0,252	0,335	0,124	0,210	0,280	0,308	0,108
	P ₉₅	0,94	0,95	0,87	0,98	0,95	0,95	0,93	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,90	0,99	0,99	0,99	0,97	0,99
30	$\bar{C}$	1,055	1,057	1,010	1,015	1,079	1,082	1,040	1,030
	S^2_C	0,166	0,167	0,195	0,085	0,186	0,202	0,184	0,082
	P ₉₅	0,94	0,96	0,87	0,98	0,94	0,95	0,94	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,92	0,99	0,99	0,99	0,93	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁	P ₂	P ₃	AC	P ₁	P ₂	P ₃	AC
		0,40	0,45	0,15		0,40	0,35	0,25	
35	$\bar{C}$	1,054	1,046	1,010	1,014	1,048	1,055	1,020	1,012
	S_C^2	0,133	0,139	0,140	0,066	0,142	0,156	0,141	0,069
	P ₉₅	0,93	0,96	0,89	0,98	0,96	0,96	0,95	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,94	0,99	0,99	0,99	0,98	0,99
40	$\bar{C}$	1,049	1,043	1,000	1,014	1,043	1,048	1,040	1,017
	S_C^2	0,120	0,114	0,120	0,062	0,120	0,132	0,124	0,059
	P ₉₅	0,96	0,95	0,89	0,98	0,96	0,96	0,95	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,93	0,99	0,99	0,99	0,98	0,99
45	$\bar{C}$	1,044	1,043	0,990	1,011	1,020	1,016	1,010	0,993
	S_C^2	0,111	0,118	0,104	0,057	0,100	0,098	0,106	0,047
	P ₉₅	0,96	0,96	0,90	0,98	0,95	0,95	0,94	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,93	0,99	0,99	0,99	0,98	0,99
50	$\bar{C}$	1,033	1,031	0,980	1,004	1,033	1,038	0,990	1,001
	S_C^2	0,092	0,090	0,091	0,047	0,092	0,095	0,083	0,042
	P ₉₅	0,96	0,95	0,91	0,98	0,96	0,94	0,95	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,95	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
75	$\bar{C}$	1,033	1,036	0,980	1,009	1,035	1,044	1,000	1,014
	S_C^2	0,061	0,064	0,053	0,031	0,064	0,062	0,063	0,031
	P ₉₅	0,93	0,94	0,93	0,98	0,95	0,94	0,95	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,97	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
100	$\bar{C}$	1,018	1,024	0,960	1,001	1,006	1,016	0,990	0,993
	S_C^2	0,044	0,044	0,036	0,024	0,043	0,042	0,042	0,020
	P ₉₅	0,95	0,95	0,95	0,98	0,96	0,95	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,40	P ₂ 0,45	P ₃ 0,15	AC	P ₁ 0,40	P ₂ 0,35	P ₃ 0,25	AC
150	$\bar{C}$	1,012	1,003	0,960	0,993	1,013	1,011	0,980	0,997
	S_C^2	0,028	0,028	0,022	0,015	0,028	0,026	0,027	0,013
	P ₉₅	0,94	0,94	0,96	0,98	0,95	0,94	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
200	$\bar{C}$	1,004	1,003	0,960	0,990	1,005	1,014	0,980	0,995
	S_C^2	0,023	0,022	0,018	0,012	0,019	0,020	0,020	0,010
	P ₉₅	0,95	0,96	0,97	0,99	0,95	0,93	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,98	0,99	0,99
300	$\bar{C}$	1,000	0,999	0,960	0,988	0,996	1,005	0,980	0,991
	S_C^2	0,013	0,013	0,011	0,007	0,012	0,013	0,013	0,006
	P ₉₅	0,95	0,96	0,97	0,99	0,96	0,95	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	0,99
400	$\bar{C}$	1,002	1,000	0,950	0,988	1,002	1,009	0,980	0,995
	S_C^2	0,010	0,010	0,008	0,006	0,010	0,011	0,009	0,005
	P ₉₅	0,95	0,95	0,97	0,99	0,95	0,96	0,97	0,98
	P ₉₉	0,98	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	0,99
500	$\bar{C}$	1,002	0,998	0,950	0,987	1,000	1,004	0,98	0,993
	S_C^2	0,008	0,008	0,006	0,004	0,008	0,008	0,007	0,004
	P ₉₅	0,96	0,96	0,97	0,99	0,96	0,94	0,97	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁	P ₂	P ₃	AC	P ₁	P ₂	P ₃	AC
		0,40	0,30	0,30		0,40	0,59	0,01	
5	$\bar{C}$	401,23	601,132	591,04	11,23	401,21	371,26	9099,18	361,23
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,89	0,89	0,97	0,89	0,89	0,48	0,98
	P ₉₉	1,00	1,00	0,89	0,99	1,00	1,00	0,48	1,00
10	$\bar{C}$	11,289	41,214	31,21	1,109	1,33	1,36	8169,36	1,32
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	0,505	1,41	1,36	(*)	1,24
	P ₉₅	0,94	0,88	0,94	0,97	0,94	0,94	0,49	0,99
	P ₉₉	0,98	0,98	0,98	0,99	0,98	0,98	0,56	1,00
15	$\bar{C}$	11,161	1,183	11,12	1,068	1,16	1,18	7669,46	1,16
	S_C^2	(*)	0,734	(*)	0,196	0,96	0,98	(*)	0,94
	P ₉₅	0,96	0,94	0,94	0,98	0,94	0,94	0,50	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,98	0,99	0,98	0,98	0,55	1,00
20	$\bar{C}$	1,126	1,164	1,090	1,055	1,09	1,10	7029,59	1,09
	S_C^2	0,335	0,733	0,355	0,146	0,34	0,34	(*)	0,32
	P ₉₅	0,95	0,94	0,94	0,97	0,96	0,96	0,50	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,54	1,00
25	$\bar{C}$	1,112	1,081	1,100	1,045	1,09	1,10	6239,75	1,09
	S_C^2	0,263	0,254	0,263	0,105	0,27	0,29	(*)	0,26
	P ₉₅	0,95	0,94	0,94	0,97	0,94	0,94	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,54	1,00
30	$\bar{C}$	1,069	1,101	1,070	1,039	1,06	1,08	5749,85	1,07
	S_C^2	0,169	0,252	0,226	0,086	0,18	0,18	(*)	0,17
	P ₉₅	0,94	0,95	0,94	0,97	0,95	0,95	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,57	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,40	P ₂ 0,30	P ₃ 0,30	AC	P ₁ 0,40	P ₂ 0,59	P ₃ 0,01	AC
150	$\bar{C}$	1,011	1,009	0,990	0,998	1,01	1,02	650,86	1,02
	S_C^2	0,028	0,026	0,027	0,013	0,03	0,03	(*)	0,03
	P ₉₅	0,95	0,95	0,96	0,98	0,95	0,95	0,58	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,60	1,00
200	$\bar{C}$	1,004	1,013	0,990	0,999	1,00	1,02	200,95	1,01
	S_C^2	0,019	0,021	0,020	0,010	0,02	0,02	(*)	0,02
	P ₉₅	0,95	0,95	0,95	0,98	0,95	0,94	0,58	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,60	1,00
300	$\bar{C}$	1,000	1,007	0,990	0,994	1,00	1,01	50,98	1,01
	S_C^2	0,014	0,014	0,014	0,007	0,02	0,01	(*)	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,97	0,98	0,96	0,95	0,60	1,00
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,63	1,00
400	$\bar{C}$	0,998	1,000	0,980	0,991	1,00	1,02	0,98	1,01
	S_C^2	0,010	0,010	0,009	0,005	0,01	0,01	(*)	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,96	0,98	0,95	0,94	0,60	1,00
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,63	1,00
500	$\bar{C}$	0,994	1,003	0,980	0,991	1,00	1,01	0,98	1,01
	S_C^2	0,008	0,009	0,007	0,004	0,01	0,01	(*)	0,01
	P ₉₅	0,95	0,95	0,96	0,98	0,95	0,93	0,62	1,00
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,63	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,70	P ₂ 0,20	P ₃ 0,10	AC	P ₁ 0,80	P ₂ 0,10	P ₃ 0,10	AC
5	$\bar{C}$	761,03	1740,74	3570,26	551,03	1370,76	3720,25	3760,22	1190,81
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,74	0,60	0,92	0,74	0,60	0,60	0,88
	P ₉₉	1,00	0,89	0,74	0,99	0,89	0,74	0,74	0,92
10	$\bar{C}$	31,22	111,23	1380,72	21,13	211,22	1570,80	1260,75	181,09
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,94	0,88	0,72	0,96	0,80	0,72	0,72	0,90
	P ₉₉	0,98	0,91	0,80	0,99	0,94	0,80	0,80	0,96
15	$\bar{C}$	1,15	51,19	440,92	1,06	11,13	431,04	350,91	11,03
	S_C^2	0,71	(*)	(*)	0,26	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,94	0,90	0,73	0,96	0,89	0,73	0,73	0,93
	P ₉₉	0,97	0,95	0,79	0,99	0,94	0,79	0,85	0,96
20	$\bar{C}$	1,10	11,19	210,98	1,06	1,12	231,10	170,97	1,5
	S_C^2	0,39	(*)	(*)	0,22	0,69	(*)	(*)	0,37
	P ₉₅	0,94	0,88	0,79	0,98	0,88	0,79	0,79	0,94
	P ₉₉	0,98	0,94	0,84	0,99	0,94	0,84	0,84	0,97
25	$\bar{C}$	1,07	1,09	30,98	1,03	1,08	61,17	40,97	1,03
	S_C^2	0,24	0,28	(*)	0,12	0,29	(*)	(*)	0,15
	P ₉₅	0,95	0,90	0,80	0,97	0,90	0,76	0,80	0,94
	P ₉₉	0,98	0,95	0,84	0,99	0,95	0,84	0,84	0,98
30	$\bar{C}$	1,04	1,06	60,99	1,01	1,06	31,13	20,97	1,02
	S_C^2	0,19	0,20	(*)	0,10	0,20	(*)	(*)	0,10
	P ₉₅	0,96	0,92	0,81	0,98	0,92	0,81	0,81	0,96
	P ₉₉	0,99	0,96	0,87	0,99	0,97	0,87	0,87	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,70	P ₂ 0,20	P ₃ 0,10	AC	P ₁ 0,80	P ₂ 0,10	P ₃ 0,10	AC
35	$\bar{C}$	1,04	1,08	10,98	1,01	1,06	1,09	0,97	1,01
	S_C^2	0,14	0,21	(*)	0,08	0,18	0,26	0,11	0,08
	P ₉₅	0,95	0,93	0,81	0,98	0,92	0,81	0,81	0,96
	P ₉₉	0,99	0,97	0,87	0,99	0,95	0,87	0,84	0,98
40	$\bar{C}$	1,03	1,06	0,97	1,01	1,04	1,08	0,97	1,01
	S_C^2	0,11	0,13	0,12	0,06	0,12	0,25	0,10	0,06
	P ₉₅	0,95	0,93	0,82	0,99	0,93	0,82	0,82	0,97
	P ₉₉	0,98	0,97	0,87	0,99	0,96	0,87	0,87	0,99
45	$\bar{C}$	1,03	1,05	0,98	1,01	1,02	1,08	0,99	1,00
	S_C^2	0,11	0,11	0,11	0,06	0,11	0,25	0,15	0,06
	P ₉₅	0,95	0,93	0,83	0,98	0,93	0,83	0,83	0,97
	P ₉₉	0,98	0,97	0,87	0,99	0,97	0,87	0,88	0,99
50	$\bar{C}$	1,05	1,05	0,97	1,02	1,02	1,08	0,95	1,00
	S_C^2	0,11	0,12	0,08	0,06	0,10	0,13	0,07	0,05
	P ₉₅	0,95	0,93	0,84	0,98	0,93	0,84	0,84	0,97
	P ₉₉	0,99	0,97	0,90	0,99	0,97	0,88	0,89	0,99
75	$\bar{C}$	1,00	1,02	0,94	0,99	1,01	1,05	0,95	0,99
	S_C^2	0,06	0,06	0,05	0,03	0,05	0,07	0,04	0,03
	P ₉₅	0,96	0,96	0,88	0,99	0,95	0,87	0,87	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,92	1,00	0,98	0,91	0,91	0,99
100	$\bar{C}$	1,01	1,02	0,94	0,99	1,00	1,01	0,95	0,98
	S_C^2	0,04	0,04	0,03	0,02	0,04	0,04	0,03	0,02
	P ₉₅	0,95	0,94	0,90	0,99	0,95	0,89	0,90	0,98
	P ₉₉	0,99	0,97	0,93	1,00	0,99	0,92	0,93	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,70	P ₂ 0,20	P ₃ 0,10	AC	P ₁ 0,80	P ₂ 0,10	P ₃ 0,10	AC
150	$\bar{C}$	1,00	1,03	0,93	0,99	0,99	1,02	0,93	0,98
	S_C^2	0,03	0,03	0,02	0,02	0,03	0,03	0,02	0,02
	P ₉₅	0,96	0,95	0,93	0,99	0,95	0,91	0,92	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,95	1,00	0,99	0,94	0,95	0,99
200	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,94	0,99	0,99	1,02	0,94	0,98
	S_C^2	0,02	0,02	0,01	0,01	0,02	0,02	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,93	0,95	0,99	0,95	0,93	0,95	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,97	1,00	0,99	0,96	0,97	1,00
300	$\bar{C}$	1,00	1,02	0,94	0,99	0,99	1,02	0,93	0,98
	S_C^2	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,94	0,96	0,99	0,95	0,94	0,96	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,98	1,00	0,99	0,97	0,98	1,00
400	$\bar{C}$	0,99	1,01	0,93	0,99	0,98	1,02	0,93	0,98
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,95	0,94	0,97	0,99	0,95	0,93	0,98	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,98	0,99	1,00
500	$\bar{C}$	0,99	1,01	0,93	0,98	0,98	1,02	0,93	0,98
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,98	0,99	0,96	0,92	0,98	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,96	0,99	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	p_1 0,70	p_2 0,25	p_3 0,05	AC	p_1 0,70	p_2 0,15	p_3 0,15	AC
5	$\bar{C}$	611,08	861,01	6179,74	471,10	661,08	2520,51	2170,60	421,08
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,89	0,89	0,59	0,97	0,89	0,74	0,73	0,92
	P_{99}	1,00	0,89	0,59	0,99	1,00	0,89	0,89	0,99
10	$\bar{C}$	31,24	81,21	3780,21	11,18	81,24	491,09	480,97	41,12
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,88	0,88	0,60	0,98	0,94	0,80	0,80	0,95
	P_{99}	0,98	0,94	0,68	0,99	0,98	0,88	0,88	0,99
15	$\bar{C}$	1,20	1,24	2470,46	1,14	11,20	101,20	71,05	1,10
	S_C^2	0,85	1,00	(*)	0,59	(*)	(*)	(*)	0,37
	P_{95}	0,94	0,89	0,64	0,98	0,94	0,84	0,79	0,95
	P_{99}	0,98	0,96	0,73	0,99	0,97	0,89	0,89	0,99
20	$\bar{C}$	1,10	1,11	1330,68	1,06	1,08	31,13	21,02	1,02
	S_C^2	0,36	0,33	(*)	0,22	0,36	(*)	(*)	0,14
	P_{95}	0,94	0,91	0,64	0,98	0,94	0,83	0,84	0,96
	P_{99}	0,98	0,96	0,69	0,99	0,97	0,89	0,91	0,99
25	$\bar{C}$	1,07	1,11	980,75	1,05	1,09	11,14	11,04	1,04
	S_C^2	0,26	0,33	(*)	0,19	0,25	(*)	(*)	0,13
	P_{95}	0,94	0,93	0,67	0,99	0,94	0,87	0,86	0,97
	P_{99}	0,98	0,97	0,71	1,00	0,98	0,93	0,91	0,99
30	$\bar{C}$	1,05	1,07	400,85	1,03	1,06	1,09	1,02	1,02
	S_C^2	0,17	0,18	(*)	0,12	0,19	0,37	0,19	0,10
	P_{95}	0,94	0,92	0,69	0,99	0,95	0,87	0,87	0,97
	P_{99}	0,99	0,98	0,73	1,00	0,99	0,92	0,92	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁	P ₂	P ₃	AC	P ₁	P ₂	P ₃	AC
		0,70	0,25	0,05		0,70	0,15	0,15	
35	$\bar{C}$	1,06	1,08	380,86	1,04	1,08	1,10	1,01	1,03
	S_C^2	0,15	0,19	(*)	0,11	0,19	0,22	0,18	0,08
	P ₉₅	0,95	0,95	0,68	0,99	0,94	0,87	0,89	0,97
	P ₉₉	0,99	0,98	0,75	1,00	0,99	0,92	0,94	0,99
40	$\bar{C}$	1,03	1,06	180,89	1,02	1,02	1,06	0,99	1,00
	S_C^2	0,13	0,14	(*)	0,09	0,12	0,18	0,14	0,06
	P ₉₅	0,95	0,94	0,69	0,99	0,94	0,90	0,90	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,73	1,00	0,99	0,95	0,95	0,99
45	$\bar{C}$	1,03	1,05	100,90	1,02	1,04	1,09	0,98	1,01
	S_C^2	0,12	0,12	(*)	0,08	0,12	0,17	0,09	0,06
	P ₉₅	0,95	0,95	0,72	0,99	0,94	0,90	0,90	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,75	1,00	0,99	0,93	0,96	0,99
50	$\bar{C}$	1,03	1,06	60,91	1,02	1,03	1,07	0,99	1,01
	S_C^2	0,10	0,10	(*)	0,07	0,10	0,13	0,10	0,05
	P ₉₅	0,95	0,94	0,70	0,99	0,95	0,90	0,92	0,98
	P ₉₉	0,98	0,98	0,76	1,00	0,99	0,94	0,95	0,99
75	$\bar{C}$	1,02	1,05	0,92	1,02	1,02	1,04	0,97	1,00
	S_C^2	0,06	0,07	0,14	0,04	0,06	0,07	0,05	0,03
	P ₉₅	0,95	0,93	0,76	0,99	0,95	0,92	0,93	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,80	1,00	0,99	0,95	0,96	0,99
100	$\bar{C}$	1,00	1,02	0,91	0,99	1,01	1,04	0,98	1,00
	S_C^2	0,04	0,04	0,09	0,03	0,05	0,05	0,04	0,02
	P ₉₅	0,95	0,94	0,76	0,99	0,95	0,94	0,95	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,81	1,00	0,99	0,97	0,98	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estadística	P ₁ 0,70	P ₂ 0,25	P ₃ 0,05	AC	P ₁ 0,70	P ₂ 0,15	P ₃ 0,15	AC
150	$\bar{C}$	0,99	1,01	0,91	0,99	1,00	1,02	0,96	0,99
	S_C^2	0,02	0,03	0,06	0,02	0,03	0,03	0,02	0,02
	P ₉₅	0,96	0,95	0,80	0,99	0,95	0,94	0,96	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,83	1,00	0,99	0,97	0,99	1,00
200	$\bar{C}$	1,00	1,02	0,91	1,00	0,99	1,02	0,95	0,98
	S_C^2	0,02	0,02	0,05	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01
	P ₉₅	0,96	0,94	0,83	0,99	0,96	0,93	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,86	1,00	0,99	0,98	0,99	1,00
300	$\bar{C}$	1,00	1,02	0,91	0,99	0,99	1,02	0,96	0,99
	S_C^2	0,01	0,02	0,03	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,93	0,87	0,99	0,95	0,93	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,90	1,00	0,99	0,98	0,99	1,00
400	$\bar{C}$	1,00	1,02	0,91	1,00	0,99	1,01	0,95	0,98
	S_C^2	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,95	0,93	0,89	0,99	0,96	0,93	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,92	1,00	0,99	0,98	0,99	1,00
500	$\bar{C}$	0,99	1,01	0,91	0,99	0,99	1,01	0,95	0,99
	S_C^2	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,91	0,99	0,95	0,94	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,93	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	p_1 0,70	p_2 0,29	p_3 0,01	AC	p_1 0,60	p_2 0,30	p_3 0,10	AC
5	$\bar{C}$	741,07	871,06	9059,19	731,08	331,29	481,13	3860,20	151,22
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,89	0,89	0,48	0,98	0,89	0,89	0,59	0,98
	P_{99}	1,00	0,89	0,48	0,99	1,00	0,89	0,74	0,99
10	$\bar{C}$	31,26	41,29	8189,36	31,26	11,22	51,23	1520,70	11,11
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P_{95}	0,94	0,88	0,49	0,98	0,94	0,94	0,72	0,98
	P_{99}	0,98	0,98	0,56	1,00	0,98	0,98	0,80	0,99
15	$\bar{C}$	1,14	1,16	7499,50	1,14	1,16	1,17	440,93	1,08
	S_C^2	0,48	0,51	(*)	0,46	0,55	0,63	(*)	0,25
	P_{95}	0,94	0,94	0,50	0,99	0,96	0,94	0,73	0,98
	P_{99}	0,97	0,97	0,55	1,00	0,99	0,98	0,79	1,00
20	$\bar{C}$	1,08	1,11	7139,57	1,09	1,12	1,14	230,96	1,07
	S_C^2	0,36	0,34	(*)	0,30	0,34	0,36	(*)	0,20
	P_{95}	0,94	0,94	0,50	0,99	0,95	0,94	0,79	0,98
	P_{99}	0,98	0,98	0,54	1,00	0,99	0,98	0,84	1,00
25	$\bar{C}$	1,08	1,11	6129,77	1,09	1,11	1,12	60,98	1,06
	S_C^2	0,26	0,30	(*)	0,25	0,32	0,35	(*)	0,20
	P_{95}	0,94	0,93	0,54	0,99	0,96	0,94	0,80	0,99
	P_{99}	0,99	0,98	0,56	1,00	0,99	0,99	0,87	1,00
30	$\bar{C}$	1,06	1,09	5559,88	1,07	1,08	1,09	1,00	1,04
	S_C^2	0,18	0,20	(*)	0,18	0,24	0,23	0,20	0,14
	P_{95}	0,94	0,94	0,54	0,99	0,96	0,95	0,81	0,99
	P_{99}	0,98	0,97	0,58	1,00	0,99	0,98	0,87	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,70	P ₂ 0,29	P ₃ 0,01	AC	P ₁ 0,60	P ₂ 0,30	P ₃ 0,10	AC
35	$\bar{C}$	1,04	1,07	5239,95	1,05	1,05	1,08	0,99	1,02
	S_C^2	0,14	0,14	(*)	0,13	0,16	0,17	0,17	0,09
	P ₉₅	0,94	0,94	0,53	0,99	0,96	0,94	0,81	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,57	1,00	0,99	0,98	0,87	1,00
40	$\bar{C}$	1,02	1,05	4830,03	1,03	1,05	1,05	0,99	1,02
	S_C^2	0,11	0,12	(*)	0,11	0,13	0,13	0,16	0,08
	P ₉₅	0,95	0,94	0,53	0,99	0,95	0,95	0,82	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,56	1,00	0,99	0,99	0,87	1,00
45	$\bar{C}$	1,03	1,06	4660,06	1,04	1,04	1,04	0,97	1,01
	S_C^2	0,11	0,11	(*)	0,10	0,11	0,11	0,10	0,06
	P ₉₅	0,95	0,95	0,53	0,99	0,94	0,95	0,83	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,56	1,00	0,98	0,99	0,88	1,00
50	$\bar{C}$	1,03	1,05	3770,24	1,04	1,02	1,03	20,95	1,00
	S_C^2	0,09	0,09	(*)	0,08	0,09	0,10	(*)	0,05
	P ₉₅	0,95	0,95	0,56	0,99	0,96	0,95	0,86	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,58	1,00	0,99	0,99	0,90	1,00
75	$\bar{C}$	1,01	1,04	2510,49	1,02	1,02	1,03	0,95	1,00
	S_C^2	0,06	0,06	(*)	0,06	0,06	0,06	0,05	0,03
	P ₉₅	0,96	0,95	0,57	0,99	0,95	0,95	0,88	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,59	1,00	0,99	0,99	0,92	1,00
100	$\bar{C}$	1,01	1,03	1500,69	1,02	1,01	1,01	0,94	1,00
	S_C^2	0,05	0,05	(*)	0,05	0,04	0,04	0,03	0,03
	P ₉₅	0,95	0,95	0,56	0,99	0,95	0,95	0,89	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,58	1,00	0,99	0,99	0,93	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,70	P ₂ 0,29	P ₃ 0,01	AC	P ₁ 0,60	P ₂ 0,30	P ₃ 0,10	AC
150	$\bar{C}$	1,00	1,03	670,85	1,01	1,00	1,02	0,93	1,00
	S_C^2	0,03	0,03	(*)	0,03	0,03	0,03	0,02	0,02
	P ₉₅	0,96	0,95	0,57	0,99	0,96	0,95	0,93	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,60	1,00	0,99	0,99	0,96	1,00
200	$\bar{C}$	0,99	1,02	310,92	1,01	1,00	1,01	0,93	0,99
	S_C^2	0,02	0,02	(*)	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,58	0,99	0,95	0,96	0,95	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,61	1,00	0,99	0,99	0,97	1,00
300	$\bar{C}$	1,00	1,02	60,97	1,01	1,00	1,01	0,93	0,99
	S_C^2	0,01	0,01	(*)	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01
	P ₉₅	0,95	0,92	0,59	0,99	0,96	0,95	0,96	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,62	1,00	0,99	0,99	0,98	1,00
400	$\bar{C}$	0,99	1,01	0,99	1,00	0,99	1,00	0,93	0,98
	S_C^2	0,01	0,01	(*)	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,95	0,93	0,61	0,99	0,96	0,95	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,63	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
500	$\bar{C}$	1,00	1,01	10,98	1,00	1,00	1,00	0,93	0,99
	S_C^2	0,01	0,01	(*)	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,94	0,62	0,99	0,96	0,95	0,98	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,64	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	p ₁ 0,60	p ₂ 0,35	p ₃ 0,05	AC	p ₁ 0,60	p ₂ 0,25	p ₃ 0,15	AC
5	$\bar{C}$	361,19	401,20	6089,76	261,20	401,19	1080,94	2220,59	191,16
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,89	0,59	0,98	0,89	0,89	0,74	0,96
	P ₉₉	1,00	1,00	0,59	1,00	1,00	0,89	0,89	0,99
10	$\bar{C}$	11,33	21,36	3900,18	1,27	11,30	81,23	600,95	1,13
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	1,46	(*)	(*)	(*)	0,58
	P ₉₅	0,94	0,94	0,64	0,99	0,94	0,88	0,80	0,96
	P ₉₉	0,99	0,98	0,64	1,00	0,98	0,94	0,91	0,99
15	$\bar{C}$	1,14	1,15	2210,51	1,10	1,16	11,17	151,07	1,07
	S_C^2	0,46	0,54	(*)	0,34	0,80	(*)	(*)	0,28
	P ₉₅	0,95	0,94	0,61	0,99	0,95	0,90	0,79	0,97
	P ₉₉	0,98	0,98	0,67	1,00	0,99	0,95	0,89	0,99
20	$\bar{C}$	1,08	1,09	1390,67	1,05	1,15	1,16	61,06	1,07
	S_C^2	0,36	0,32	(*)	0,22	0,39	0,43	(*)	0,17
	P ₉₅	0,95	0,95	0,64	0,99	0,96	0,92	0,84	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,69	1,00	0,99	0,98	0,91	0,99
25	$\bar{C}$	1,07	1,08	880,76	1,05	1,07	1,08	11,05	1,03
	S_C^2	0,24	0,24	(*)	0,17	0,24	0,23	(*)	0,12
	P ₉₅	0,94	0,95	0,67	0,99	0,96	0,93	0,87	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,71	1,00	0,99	0,97	0,93	1,00
30	$\bar{C}$	1,08	1,10	450,84	1,06	1,06	1,09	1,02	1,03
	S_C^2	0,18	0,20	(*)	0,13	0,18	0,21	0,24	0,10
	P ₉₅	0,94	0,95	0,69	0,99	0,96	0,92	0,87	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,73	1,00	0,99	0,96	0,92	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,60	P ₂ 0,35	P ₃ 0,05	AC	P ₁ 0,60	P ₂ 0,25	P ₃ 0,15	AC
35	$\bar{C}$	1,06	1,07	290,87	1,04	1,06	1,07	0,99	1,02
	S_C^2	0,17	0,17	(*)	0,11	0,15	0,19	0,13	0,07
	P ₉₅	0,96	0,95	0,71	0,99	0,96	0,94	0,87	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,75	1,00	0,99	0,98	0,94	1,00
40	$\bar{C}$	1,05	1,06	250,88	1,04	1,04	1,05	0,99	1,01
	S_C^2	0,12	0,13	(*)	0,09	0,12	0,14	0,13	0,06
	P ₉₅	0,95	0,94	0,69	0,99	0,95	0,94	0,89	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,76	1,00	0,99	0,98	0,93	1,00
45	$\bar{C}$	1,04	1,05	120,90	1,02	1,04	1,04	1,00	1,01
	S_C^2	0,11	0,11	(*)	0,08	0,12	0,12	0,11	0,06
	P ₉₅	0,95	0,94	0,71	0,99	0,95	0,95	0,90	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,74	1,00	0,99	0,98	0,95	1,00
50	$\bar{C}$	1,04	1,05	50,91	1,02	1,03	1,06	0,98	1,01
	S_C^2	0,10	0,11	(*)	0,08	0,10	0,11	0,10	0,06
	P ₉₅	0,95	0,95	0,70	0,99	0,96	0,95	0,92	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,76	1,00	0,99	0,98	0,96	1,00
75	$\bar{C}$	1,02	1,03	10,92	1,01	1,01	1,03	0,97	1,00
	S_C^2	0,06	0,06	0,12	0,04	0,06	0,06	0,05	0,03
	P ₉₅	0,95	0,94	0,75	0,99	0,96	0,95	0,93	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,77	1,00	0,99	0,98	0,96	1,00
100	$\bar{C}$	1,02	1,03	0,91	1,01	1,01	1,03	0,97	1,00
	S_C^2	0,05	0,05	0,08	0,04	0,05	0,05	0,04	0,02
	P ₉₅	0,96	0,95	0,77	0,99	0,96	0,95	0,94	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,81	1,00	0,99	0,99	0,97	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,60	P ₂ 0,35	P ₃ 0,05	AC	P ₁ 0,60	P ₂ 0,25	P ₃ 0,15	AC
150	$\bar{C}$	1,01	1,02	0,91	1,00	1,00	1,03	0,95	0,99
	S_C^2	0,03	0,03	0,06	0,02	0,03	0,03	0,02	0,02
	P ₉₅	0,95	0,94	0,81	0,99	0,96	0,94	0,96	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,83	1,00	0,99	0,98	0,98	1,00
200	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,91	1,00	0,99	1,01	0,95	0,99
	S_C^2	0,02	0,02	0,04	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01
	P ₉₅	0,96	0,96	0,83	0,99	0,95	0,94	0,96	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,86	1,00	0,99	0,98	0,99	1,00
300	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,91	1,00	0,99	1,00	0,95	0,99
	S_C^2	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,95	0,94	0,86	0,99	0,95	0,95	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,89	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00
400	$\bar{C}$	1,00	1,02	0,91	1,00	1,00	1,00	0,95	0,98
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,95	0,94	0,89	0,99	0,95	0,95	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,91	1,00	0,99	0,98	0,99	1,00
500	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,91	1,00	1,00	1,01	0,95	0,99
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,96	0,91	0,99	0,96	0,95	0,98	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,92	1,00	0,99	0,99	0,99	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,60	P ₂ 0,20	P ₃ 0,20	AC	P ₁ 0,60	P ₂ 0,39	P ₃ 0,01	AC
5	$\bar{C}$	351,23	1500,80	1360,81	181,17	341,20	331,25	9129,17	321,22
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,74	0,74	0,97	0,89	0,89	0,49	0,99
	P ₉₉	1,00	0,89	0,89	0,99	1,00	1,00	0,49	1,00
10	$\bar{C}$	1,29	171,21	211,11	1,12	11,31	11,33	843931	11,30
	S_C^2	1,32	(*)	(*)	0,46	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,94	0,80	0,88	0,96	0,94	0,94	0,49	0,99
	P ₉₉	0,98	0,94	0,88	0,99	0,98	0,98	0,49	1,00
15	$\bar{C}$	1,13	51,18	31,12	1,06	1,17	1,20	7809,44	1,18
	S_C^2	0,60	(*)	(*)	0,22	0,73	0,73	(*)	0,70
	P ₉₅	0,96	0,90	0,90	0,97	0,95	0,95	0,50	0,99
	P ₉₉	0,99	0,94	0,94	0,99	0,98	0,99	0,55	1,00
20	$\bar{C}$	1,12	1,18	21,10	1,06	1,10	1,12	7209,56	1,10
	S_C^2	0,37	0,71	(*)	0,17	0,35	0,35	(*)	0,34
	P ₉₅	0,95	0,88	0,92	0,98	0,96	0,96	0,50	0,99
	P ₉₉	0,99	0,94	0,96	0,99	0,99	0,99	0,54	1,00
25	$\bar{C}$	1,10	1,11	1,05	1,05	1,05	1,07	6539,69	1,6
	S_C^2	0,24	0,28	0,21	0,11	0,26	0,29	(*)	0,26
	P ₉₅	0,95	0,90	0,90	0,98	0,96	0,96	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,95	0,95	0,99	0,99	0,99	0,56	1,00
30	$\bar{C}$	1,06	1,08	1,03	1,02	1,06	1,08	5959,80	1,06
	S_C^2	0,18	0,21	0,17	0,08	0,18	0,20	(*)	0,18
	P ₉₅	0,96	0,90	0,92	0,98	0,96	0,94	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,94	0,96	0,99	0,99	0,99	0,58	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,60	P ₂ 0,20	P ₃ 0,20	AC	P ₁ 0,60	P ₂ 0,39	P ₃ 0,01	AC
35	$\bar{C}$	1,06	1,05	1,03	1,02	1,04	1,06	5539,89	1,05
	S_C^2	0,15	0,16	0,16	0,08	0,15	0,16	(*)	0,15
	P ₉₅	0,96	0,92	0,92	0,98	0,96	0,95	0,53	0,99
	P ₉₉	0,99	0,97	0,96	0,99	0,99	0,99	0,57	1,00
40	$\bar{C}$	1,05	1,06	1,01	1,02	1,04	1,07	4770,04	1,05
	S_C^2	0,12	0,14	0,11	0,06	0,12	0,13	(*)	0,11
	P ₉₅	0,95	0,92	0,93	0,98	0,94	0,94	0,53	0,99
	P ₉₉	0,99	0,96	0,97	0,99	0,99	0,99	0,56	1,00
45	$\bar{C}$	1,05	1,04	1,00	1,01	1,05	1,07	4550,08	1,06
	S_C^2	0,11	0,11	0,10	0,05	0,10	0,11	(*)	0,10
	P ₉₅	0,95	0,93	0,95	0,98	0,95	0,94	0,53	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,97	0,99	0,99	0,99	0,56	1,00
50	$\bar{C}$	1,02	1,05	1,01	1,00	1,01	1,03	4130,17	1,02
	S_C^2	0,09	0,11	0,09	0,05	0,09	0,10	(*)	0,09
	P ₉₅	0,95	0,94	0,94	0,98	0,95	0,95	0,56	0,99
	P ₉₉	0,99	0,97	0,97	1,00	0,99	0,99	0,59	1,00
75	$\bar{C}$	1,02	1,03	0,97	1,00	1,02	1,04	2800,43	1,03
	S_C^2	0,06	0,06	0,05	0,03	0,06	0,06	(*)	0,06
	P ₉₅	0,95	0,94	0,95	0,99	0,95	0,94	0,54	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,98	1,00	0,99	0,98	0,59	1,00
100	$\bar{C}$	1,02	1,03	0,98	1,00	1,01	1,03	1580,67	1,02
	S_C^2	0,04	0,05	0,04	0,02	0,05	0,05	(*)	0,04
	P ₉₅	0,95	0,94	0,95	0,98	0,95	0,95	0,55	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,98	1,00	0,99	0,99	0,59	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁	P ₂	P ₃	AC	P ₁	P ₂	P ₃	AC
		0,60	0,20	0,20		0,60	0,39	0,01	
150	$\bar{C}$	1,01	1,01	0,97	0,99	1,00	1,02	630,86	1,01
	S_C^2	0,03	0,03	0,02	0,01	0,03	0,03	(*)	0,03
	P ₉₅	0,95	0,93	0,96	0,98	0,95	0,93	0,58	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,99	1,00	0,99	0,99	0,60	1,00
200	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,97	0,99	1,00	1,02	180,95	1,01
	S_C^2	0,02	0,02	0,02	0,01	0,02	0,02	(*)	0,02
	P ₉₅	0,95	0,95	0,96	0,99	0,95	0,95	0,58	1,00
	P ₉₉	0,99	0,98	0,99	1,00	0,99	0,99	0,60	1,00
300	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,97	0,99	1,00	0,02	40,98	1,01
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	(*)	0,01
	P ₉₅	0,96	0,94	0,97	0,99	0,95	0,93	0,59	0,99
	P ₉₉	0,99	0,98	0,99	1,00	0,99	0,98	0,62	1,00
400	$\bar{C}$	0,99	1,01	0,97	0,99	0,99	1,01	50,97	1,00
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	(*)	0,01
	P ₉₅	0,96	0,94	0,96	0,99	0,96	0,95	0,61	1,00
	P ₉₉	0,99	0,98	0,99	1,00	0,99	0,99	0,63	1,00
500	$\bar{C}$	0,99	1,00	0,97	0,99	0,99	1,01	0,98	1,00
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,97	0,99	0,97	0,95	0,61	1,00
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00	0,99	0,99	0,64	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,30	P ₃ 0,20	AC
5	$\bar{C}$	211,30	711,03	1340,77	41,20
	S_C^2	(*)	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,89	0,89	0,74	0,98
	P ₉₉	1,00	1,00	0,89	0,99
10	$\bar{C}$	1,25	51,25	211,13	1,10
	S_C^2	1,27	(*)	(*)	(*)
	P ₉₅	0,96	0,94	0,80	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,94	0,99
15	$\bar{C}$	1,12	1,17	21,09	1,05
	S_C^2	0,49	0,53	(*)	0,20
	P ₉₅	0,96	0,92	0,90	0,98
	P ₉₉	0,99	0,97	0,94	0,99
20	$\bar{C}$	1,09	1,12	1,10	1,03
	S_C^2	0,34	0,44	0,46	0,14
	P ₉₅	0,96	0,94	0,92	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,96	0,99
25	$\bar{C}$	1,06	1,06	1,02	1,01
	S_C^2	0,20	0,19	0,20	0,09
	P ₉₅	0,96	0,94	0,90	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,95	0,99
30	$\bar{C}$	1,09	1,07	1,07	1,04
	S_C^2	0,22	0,21	0,30	0,10
	P ₉₅	0,96	0,95	0,92	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,96	0,99

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta

n	Estatística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,30	P ₃ 0,20	AC
35	$\bar{C}$	1,06	1,06	1,04	1,02
	S_C^2	0,15	0,16	0,16	0,07
	P ₉₅	0,95	0,94	0,93	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,97	0,99
40	$\bar{C}$	1,04	1,06	1,03	1,02
	S_C^2	0,12	0,16	0,16	0,07
	P ₉₅	0,95	0,94	0,93	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,96	0,99
45	$\bar{C}$	1,05	1,05	1,01	1,02
	S_C^2	0,10	0,11	0,10	0,05
	P ₉₅	0,95	0,94	0,93	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,97	1,00
50	$\bar{C}$	1,03	1,03	1,00	1,00
	S_C^2	0,09	0,10	0,09	0,05
	P ₉₅	0,96	0,95	0,93	0,98
	P ₉₉	0,99	0,98	0,97	1,00
75	$\bar{C}$	1,03	1,03	1,00	1,01
	S_C^2	0,05	0,06	0,06	0,03
	P ₉₅	0,93	0,94	0,95	0,97
	P ₉₉	0,98	0,98	0,98	0,99
100	$\bar{C}$	1,02	1,02	0,99	1,00
	S_C^2	0,04	0,05	0,04	0,02
	P ₉₅	0,94	0,95	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,98	1,00

TABELA 13 - Distribuição do nível de significância no teste da hipótese $H_0 : F=0$, em $N=1000$ experimentos com amostras de tamanhos diferentes extraídas em populações não endogâmicas de três alelos e diversas frequências gênicas, nas análises individuais e na análise conjunta.

n	Estatística	P ₁ 0,50	P ₂ 0,30	P ₃ 0,20	AC
150	$\bar{C}$	1,02	1,02	0,98	1,00
	S_C^2	0,03	0,03	0,03	0,02
	P ₉₅	0,94	0,94	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00
200	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,98	1,00
	S_C^2	0,02	0,02	0,02	0,01
	P ₉₅	0,95	0,95	0,96	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00
300	$\bar{C}$	1,00	1,00	0,97	1,00
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,96	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00
400	$\bar{C}$	1,00	1,01	0,97	1,00
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,95	0,95	0,97	0,98
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00
500	$\bar{C}$	1,00	1,00	0,97	0,99
	S_C^2	0,01	0,01	0,01	0,01
	P ₉₅	0,96	0,95	0,97	0,99
	P ₉₉	0,99	0,99	0,99	1,00

4.2. Amostras de indivíduos de populações diferentes

4.2.1. Obtenção das esperanças dos quadrados médios na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes

A análise de variância apresentada na Tabela 5 corresponde à análise de um experimento hierárquico com o primeiro fator hierárquico tendo n níveis e o segundo 2 níveis. Para esta análise, de acordo com os procedimentos da Estatística Experimental e as expressões de WEIR (1990), as somas de quadrados são definidas por:

$$\begin{aligned} \text{SQPopulações} &= \frac{1}{2n} \sum_{i=1}^r y_{i.}^2 - \frac{1}{2rn} \left(\sum_{ijk} y_{ijk} \right)^2 = 2n \sum_{i=1}^r (\hat{p}_{A_i} - \hat{p}_A)^2 \\ \text{SQIndivíduos d. Pop.} &= \frac{1}{2} \sum_{ij} y_{ij}^2 - \frac{1}{2n} \sum_{i=1}^r y_{i.}^2 = n \sum_{i=1}^r [\hat{p}_{A_i} + \hat{p}_{AA_i} - 2\hat{p}_{A_i}^2] \\ \text{SQGenes d. Ind.} &= \sum_{ijk} y_{ijk}^2 - \frac{1}{2} \sum_{ij} y_{ij}^2 = n \sum_{i=1}^r [\hat{p}_{A_i} - \hat{p}_{AA_i}] \end{aligned}$$

sendo:

$\hat{p}_A$ a frequência gênica estimada do alelo A em todas as populações;

$\hat{p}_{A_i}$ a frequência gênica estimada do alelo A na população i ;

$\hat{p}_{AA_i}$ a frequência estimada de indivíduos homozigóticos em relação ao alelo A , na população i .

A expressão da soma de quadrados de populações pode ainda ser escrita como:

$$SQPopulações = 2n \sum_{i=1}^r \hat{p}_{A_i}^2 - \frac{2n}{r} \left(\sum_{i=1}^r \hat{p}_{A_i} \right)^2 = (a) - (b).$$

A esperança matemática de SQPopulações é feita obtendo as esperanças de (a) e de (b).

$$E[a] = E \left[2n \sum_{i=1}^r \hat{p}_{A_i}^2 \right] = 2n \sum_{i=1}^r E[\hat{p}_{A_i}^2] .$$

De acordo com WEIR (1990), o valor esperado da frequência gênica amostral ao quadrado deve refletir os dois níveis de relacionamento dos diferentes genes dentro das populações, ambos consequência da amostragem genética. Assim,

$$E[\hat{p}_{A_i}^2] = p_A^2 + p_A(1-p_A)\theta + \frac{1}{2n} p_A(1-p_A)(1+F-2\theta) ,$$

e portanto,

$$E[a] = 2nrp_A^2 + 2nrp_A(1-p_A)\theta + rp_A(1-p_A)(1+F-2\theta) .$$

$$E[b] = E \left[\frac{2n}{r} \left(\sum_{i=1}^r \hat{p}_{A_i} \right)^2 \right] = \frac{2n}{r} E \left[\left(\sum_{i=1}^r \hat{p}_{A_i} \right)^2 \right]$$

$$= 2nrp_A^2 + 2nrp_A(1-p_A)\theta + p_A(1-p_A)(1+F-2\theta) .$$

Reunindo-se os resultados de $E(a)$ e $E(b)$, obtém-se:

$$\begin{aligned} E[\text{SQPopulações}] &= E[a] - E[b] \\ &= (r-1)p_A(1-p_A) [(1-F) + 2(F-\theta) + 2n\theta] . \end{aligned}$$

A esperança matemática de SQIndivíduos d. Pop. é obtida fazendo:

$$\begin{aligned} E[\text{SQInd. d. Pop.}] &= E\left\{n\sum_{i=1}^r[\hat{p}_{A_i} + \hat{p}_{AA_i} - 2\hat{p}_{A_i}^2]\right\} \\ &= n\sum_{i=1}^r E[\hat{p}_{A_i}] + n\sum_{i=1}^r E[\hat{p}_{AA_i}] - 2n\sum_{i=1}^r E[\hat{p}_{A_i}^2] \\ &= r(n-1)p_A(1-p_A) [(1-F) + 2(F-\theta)] . \end{aligned}$$

No caso da SQGenes d. Ind., tem-se:

$$\begin{aligned} E[\text{SQGenes d. Ind.}] &= E\left\{n\sum_{i=1}^r[\hat{p}_{A_i} - \hat{p}_{AA_i}]\right\} \\ &= n r p_A(1-p_A) [1-F] . \end{aligned}$$

Portanto, desconsiderando o índice A , os valores esperados dos quadrados médios na análise de variância para as frequências gênicas de uma amostra de indivíduos de populações diferentes, são os seguintes:

$$\begin{aligned}
 E[\text{QM Populações}] &= \frac{1}{r-1} E[\text{SQ Populações}] \\
 &= p(1-p) [(1-F) + 2(F-\theta) + 2n\theta] ,
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 E[\text{QM Indivíduos d. Pop.}] &= \frac{1}{r(n-1)} E[\text{SQ Indivíduos d. Pop.}] \\
 &= p(1-p) [(1-F) + 2(F-\theta)] \text{ e}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 E[\text{QM Genes d. Ind.}] &= \frac{1}{rn} E[\text{SQ Genes d. Ind.}] \\
 &= p(1-p) [1-F] .
 \end{aligned}$$

4.2.2. Estimação dos parâmetros genéticos na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes

Na análise de variância apresentada na Tabela 5 pode ser identificado o componente de variância devido a genes

$$\sigma_G^2 = p(1-p) [1-F] ,$$

que é estimado pelo método dos momentos por:

$$\hat{\sigma}_G^2 = QMG.$$

O componente de variância devido a indivíduos

$$\sigma_I^2 = p(1-p)(F - \theta) ,$$

é estimado através do método dos momentos por:

$$\hat{\sigma}_I^2 = \frac{QMI - QMG}{2} .$$

O componente de variância devido a populações

$$\sigma_P^2 = p(1-p) \theta$$

tem estimativa pelo método dos momentos dada por

$$\hat{\sigma}_P^2 = \frac{QMP - QMI}{2n} .$$

A soma dos componentes de variância devido a genes, a indivíduos e a população, fornece a variância total dada por

$$\sigma^2 = \sigma_G^2 + \sigma_I^2 + \sigma_P^2 = p(1-p)(1-F) + p(1-p)(F - \theta) + p(1-p) \theta = p(1-p) ,$$

que é estimada por

$$\hat{\sigma}^2 = QMG + \frac{QMI - QMG}{2} + \frac{QMP - QMI}{2n} = \frac{QMP + (n-1)QMI + nQMG}{2n}$$

O quociente entre o componente de variância devido a populações e a variância total fornece o valor paramétrico do coeficiente de coancestria θ , isto é,

$$\frac{\sigma_p^2}{\sigma^2} = \frac{p(1-p)\theta}{p(1-p)} = \theta.$$

Assim, utilizando-se a aproximação que considera a estimativa de um quociente como sendo o quociente das estimativas, encontra-se a estimativa de θ dada pela seguinte expressão:

$$\hat{\theta} = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}^2} = \frac{QMP - QMI}{QMP + (n-1)QMI + nQMG}$$

O componente de variância devido a genes pode ser escrito como

$$\sigma_G^2 = p(1-p)(1-F) = \sigma^2 - F\sigma^2,$$

que fornece

$$F = 1 - \frac{\sigma_G^2}{\sigma^2}$$

e portanto a estimativa do coeficiente de endogamia de todos os indivíduos das populações, F , é a seguinte:

$$\hat{F} = 1 - \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}^2} = 1 - \frac{2n \text{ QMG}}{\text{QMP} + (n-1) \text{ QMI} + n \text{ QMG}}$$

O quociente entre o componente de variância devido a indivíduos e a soma dos componentes de variância devido a genes e devido a indivíduos

$$\frac{\sigma_I^2}{\sigma_G^2 + \sigma_I^2} = \frac{p(1-p)(F - \theta)}{p(1-p)(1-F) + p(1-p)(F - \theta)} = \frac{F - \theta}{1 - \theta} = f$$

fornece o coeficiente de endogamia dos indivíduos dentro das populações, que é estimado por:

$$\hat{f} = \frac{\hat{\sigma}_I^2}{\hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_I^2} = \frac{\frac{1}{2}(\text{QMI} - \text{QMG})}{\text{QMG} + \frac{1}{2}(\text{QMI} - \text{QMG})} = \frac{\text{QMI} - \text{QMG}}{\text{QMI} + \text{QMG}}$$

4.2.3. Estimação da taxa de fecundação cruzada na análise de variância com das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes

No modelo em questão, admitindo-se equilíbrio de Wright, isto é, equilíbrio com endogamia, a taxa de fecundação cruzada, t , se relaciona com f através da seguinte expressão:

$$f = \frac{1-t}{1+t},$$

a qual pode ser resolvida em termos de t fornecendo

$$t = \frac{1-f}{1+f}.$$

Portanto, uma vez obtida uma estimativa de f , ela pode ser utilizada para fornecer uma estimativa de t como segue:

$$\hat{t} = \frac{1-\hat{f}}{1+\hat{f}}.$$

4.2.4. Média e variância dos estimadores dos parâmetros genéticos obtidos na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes

Utilizando-se a expressão aproximada através do desenvolvimento em série de Taylor da função X/Y no ponto $X = \mu_x$ e $Y = \mu_y$, conforme MOOD et al. (1974), encontrou-se:

$$E[\hat{F}] = E\left[1 - \frac{2n \text{QMG}}{\text{QMP} + (n-1)\text{QMI} + n \text{QMG}}\right]$$

$$\approx F + \frac{(1+F)n^2 \text{Var}(\text{QMG}) - (1-F)(n-1)^2 \text{Var}(\text{QMI}) - (1-F)\text{Var}(\text{QMP})}{[2np(1-p)]^2}$$

Admitindo que o número de indivíduos e a frequência gênica sejam tais que:

$$\text{Var}(\text{QM}) \approx \frac{2[E(\text{QM})]^2}{v}$$

e que o número de populações r seja tal que $r-1 \approx r$, então:

$$E[\hat{F}] \approx F - \frac{F(1-F^2)}{r n} - \frac{2}{r} \theta^2$$

A expressão mostrou que o estimador obtido pelo método dos momentos é tendencioso, considerando-se a aproximação de primeira

ordem pela série de Taylor. O viés do estimador é negativo, ou seja as estimativas de F obtidas pelo método dos momentos serão, em média, inferiores ao verdadeiro valor de F .

A variância de $\hat{F}$ foi desenvolvida pelo mesmo raciocínio, fornecendo:

$$\text{Var}[\hat{F}] \approx \frac{(1-F^2)^2}{r n} + \frac{2}{r} [\theta(1-F)]^2.$$

Para o coeficiente de coancestria θ , analogamente obtiram-se:

$$E[\hat{\theta}] \approx \theta + \frac{\theta}{r n} [(1-F)^2 - 2(1-\theta)^2 - 2n\theta(1-\theta)] \quad e$$

$$\text{Var}[\hat{\theta}] \approx \frac{1}{r n} [\theta^2(1-F)^2 + 2\theta(1-\theta)(1+F) + 2(n-3)\theta^2(1-\theta) - 2(n-1)\theta^3(1-\theta)].$$

Para o coeficiente de endogamia dos indivíduos dentro das populações, pelo mesmo processo encontraram-se:

$$E[\hat{f}] \approx f - \frac{f(1-f^2)}{r n} \quad e$$

$$\text{Var}[\hat{f}] \approx \frac{(1-f^2)^2}{r n}$$

que foram expressões semelhantes àquelas obtidas no caso do coeficiente de endogamia de uma amostra de indivíduos de uma população.

4.2.5. Média e variância do estimador da taxa de fecundação cruzada na análise de variância das frequências gênicas de amostras de indivíduos de populações diferentes

A esperança matemática do estimador

$$\hat{t} = \frac{1 - \hat{f}}{1 + \hat{f}}$$

foi desenvolvida através da expansão em série de Taylor da função X/Y no ponto $X = \mu_x$ e $Y = \mu_y$, fornecendo:

$$E[\hat{t}] \approx \frac{1 - f + (f/rn)(1 - f^2)}{1 + f - (f/rn)(1 - f^2)} + \frac{2}{rn} \frac{(1 - f^2)^2}{[1 + f - (f/rn)(1 - f^2)]^3}.$$

O resultado mostrou que o estimador foi tendencioso, ou seja,

$$E[\hat{t}] = t \text{ apenas quando } n \rightarrow \infty.$$

A variância de $\hat{t}$ foi obtida pelo mesmo raciocínio levando à seguinte expressão:

$$\text{Var} [\hat{t}] \approx \frac{(2t)^2}{rn}.$$

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos e discutidos neste trabalho permitiram as seguintes conclusões:

5.1. Análise das frequências gênicas de amostras de indivíduos de uma população

a. Os estimadores do coeficiente de endogamia e da taxa de fecundação cruzada obtidos pelo método dos momentos foram tendenciosos. O viés do estimador do coeficiente de endogamia foi negativo, enquanto que o da taxa de fecundação cruzada foi positivo. As expressões das tendências dos estimadores apresentaram-se em função de $1/n$ tornando-se desprezíveis com o aumento de n . Quando a frequência gênica da população estava entre 0,2 e 0,8 e se trabalhou no mínimo com 50 indivíduos, as estimativas praticamente coincidiram com os valores dos parâmetros.

b. A fórmula da variância do estimador do coeficiente de endogamia foi semelhante àquela proposta por FISHER (1970) para a variância do coeficiente de correlação intraclasse. A fórmula apresentou bons resultados quando a frequência gênica da população estava entre 0,3 e 0,7, o coeficiente de endogamia foi inferior a 0,5 e se trabalhou com pelo menos 30 indivíduos.

c. Os três estimadores da variância do estimador do coeficiente de endogamia forneceram resultados semelhantes nas faixas de valores citados no item anterior. Deve-se preferir, por simplicidade, o terceiro deles, que assemelha-se à expressão de FISHER (1970), substituindo-se os parâmetros por suas estimativas, dado por

$$\text{Vâr}(\hat{F}) = \frac{(1 - \hat{F}^2)^2}{n}$$

d. O estimador da variância do estimador da taxa de fecundação cruzada forneceu resultados satisfatórios quando a frequência gênica da população estava entre 0,3 e 0,7, o coeficiente de endogamia era inferior a 0,4 e o número de indivíduos era no mínimo 30.

e. No caso de alelos múltiplos, a estimação do coeficiente de endogamia através da análise conjunta se mostrou menos tendenciosa que a média das estimativas das análises individuais de cada alelo, apesar de apresentarem mesma variância.

f. No caso de dois alelos, o critério proposto por COCKERHAM (1969) para testar a nulidade do coeficiente de endogamia foi válido utilizando-se: 30 indivíduos se a frequência gênica da população estava entre 0,30 e 0,70; 50 indivíduos se a frequência gênica estava entre 0,25 e 0,75 e 100 indivíduos se a frequência gênica estava entre 0,20 e 0,80.

g. No caso de três alelos, o teste F através da análise conjunta envolvendo os três alelos, só foi válido se a frequência de cada alelo não foi inferior a 0,20 , o número de indivíduos estava entre 10 e 30 e o nível de significância adotado foi de 0,01.

5.2. Análise das frequências gênicas de uma amostra de indivíduos de populações diferentes

a. Os estimadores do coeficiente de endogamia de todos indivíduos das populações, do coeficiente de endogamia dos indivíduos dentro das populações, do coeficiente de coancestria e da taxa de fecundação cruzada obtidos pelo método dos momentos foram tendenciosos. No caso dos coeficientes de endogamia, as tendências dos estimadores foram negativas.

b. As fórmulas das variâncias dos estimadores dos coeficientes de endogamia e da taxa de fecundação cruzada apresentaram expressões semelhantes às fórmulas no caso de uma amostra de indivíduos de uma população.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBIN, D. *Componentes de variância*. Piracicaba, ESALQ, Departamento de Matemática e Estatística, 1993. 112p.
- BARBIN, D. & PIMENTEL GOMES, F. Variância do coeficiente de herdabilidade obtido a partir da análise de variância segundo o modelo de blocos incompletos. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 23 (1): 80 - 83, 1970.
- BARNDORFF - NIELSEN, O. E. & JØRGENSEN, B. Proper dispersion models. *Informes de Matemática*, IMPA/ CNPq , Rio de Janeiro, Série B - 068, 98 p. 1991.
- BIELER, G. S. & WILLIAMS, R. L. Ratio estimates, the delta method, and quantal response tests for increased carcinogenicity. *Biometrics*, Alexandria, 49 (3): 793 - 801, 1993.
- BURNHAM, K. P. & REXSTAD, E. A. Modeling heterogeneity in survival rates of banded waterfowl. *Biometrics* , Alexandria, 49 (4): 1194 - 1208, 1993.

COCKERHAM, C. C. Variance of gene frequency. *Evolution*, Lancaster, 23: 72 - 84, 1969.

COCKERHAM, C. C. Analysis of gene frequencies. *Genetics*, Baltimore, 74 : 679 - 800, 1973.

COCKERHAM, C.C. & WEIR, B. S. Variance of actual inbreeding. *Theoretical Population Biology*, New York, 23: 85 - 109, 1983.

COX, C. Fieller's theorem, the likelihood and the delta method. *Biometrics*, Alexandria, 46 (3): 709 - 718, 1990.

CROW, J. F. *Fundamentos de genética*. Tradução de Henrique Krieger, Rio de Janeiro, Livros Técnicos e Científicos, 1978. 277 p.

CRUMP, S. L. The estimation of variance components in analysis of variance. *Biometrics*, Washington, 2 (1): 7 - 11, 1946.

DANIELS, H. E. The estimation of components of variance. *Journal of the Royal Statistical Society Supplementt*, Londres, VI : 186 - 197, 1939.

DEMÉTRIO, C. G. B. *Modelos lineares generalizados na experimentação agronômica*. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA NA EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 5, Porto Alegre, 1993. *Quinto...* Porto Alegre, UFRS, 1993. 126 p.

- EFRON, B. The jackknife, the bootstrap and other resampling plans. *CBMS-NSF Regional Conference Series in Applied Mathematics*, Monograph 38, STAM, Philadelphia, 1982.
- FALCONER, D. S. *Introduction to quantitative genetics*. New York, The Ronald Press Co. 1964. 365 p.
- FISHER, R. A. *Statistical methods for research workers*. New York, 14th edition, Hafner Press, 1970. 362 p.
- GORDON, I. L. ; BITH, D. E. & BALAAM, L. N. Variance of heritability ratios estimated from phenotypic variance components. *Biometrics*, Alexandria, 28 (2): 401 - 405. 1972.
- HALLAUER, A. R. & MIRANDA FILHO, J. B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468 p.
- HARTL, D. L. & CLARK, A. G. *Principles of population genetics*. Sunderland, Sinauer Associates Inc. Publishers, 1989. 681 p.
- IWAISAKI, H. & WILTON, J. M. Regression of genotypic on phenotypic value of a ratio - defined character. *Biometrics*, Alexandria, 49 (4): 1154 - 1163, 1993.

- JOHNSON, N. L. & KOTZ, S. *Distributions in statistics: continuous univariate distributions - 2*, New York, John Wiley & Sons, 1970. 360 p.
- JØRGENSEN, B. Maximum likelihood estimation and large - sample inference for generalized linear and non linear regression models. *Biometrika*, Cambridge, 70: 19 - 28, 1983.
- JØRGENSEN, B. Exponential dispersion models. *Journal of the Royal Statistical Society B*, Londres, 49 (2): 127 - 162, 1987a.
- JØRGENSEN, B. Small dispersion asymptotics. *Revista Brasileira de Probabilidade e Estatística*, São Paulo, IME / USP, 1: 59 - 90, 1987b.
- KENDAL, G. M. & STUART, A. *The advanced theory of statistics*. Vol. 1, 2nd edition, Londres, Charles Griffin & Company Limited, 1963. 433 p.
- KSHIRSAGAR, A. M. *A course in linear models*. New York, Marcel Dekker, Inc. 1983. 421 p.
- LEITE, J. G. & SINGER, J. M. *Métodos assintóticos em estatística*. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE PROBABILIDADE E ESTATÍSTICA, 9, São Paulo, 1990. Nono... São Paulo, IME/USP. 1990. 130 p.

- LONG, J. C. The allelic correlation structure of gairi and kalam - speaking people. I. The estimation and interpretation of Wright's F-statistics. *Genetics*, Baltimore, 112: 629 - 647, 1986.
- MOOD, A. M. ; GLAYBILL, F. A. & BOES, D. C. *Introduction to the theory of statistics*, 3rd edition, Tokyo, McGraw - Hill Kogakusha, Ltd., 1974. 564 p.
- MORAES, M. L. T. *Variabilidade genética por isoenzimas e caracteres quantitativos em duas populações naturais de aroeira Myracrodruon urundeuva F.F. & M.F. Allemão - Anarcadiaceae (Syn: Astronium urundeuva (Fr. Allemão) Engler)*. Piracicaba, 1992. 139 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- MORAES, M. L. T. A técnica de eletroforese e a caracterização das isoenzimas. In: KAGEYAMA, P. Y.; REIS, M. S. dos GANDARA, F. A. (Coords.) *Estimadores de variação genética e taxa de cruzamento em populações de espécies arbóreas*. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. p. 9-31.
- MORI, E. S. *Variabilidade genética isoenzimática em uma população de Eucalyptus grandis Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção*. Piracicaba, 1993. 119 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

- NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences, Washington*, 70 (12) : 3321 - 3323, 1973.
- NEI, M. F - statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genet.*, Londres, 41: 225 - 233, 1977.
- NEI, M. & CHAKRAVARTI, A. Drift variances of F_{ST} and G_{ST} statistics obtained from a finite number of isolated populations. *Theoretical Population Biology*, New York, 11: 307 - 325, 1977.
- NELDER, J. A. & WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society A*, Londres, 135 (3): 378 - 384, 1972.
- OSBORNE, R. & PATERSON, W. S. B. On the sampling variance of heritability estimates derived from variance analysis. *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh*, Edinburgh, 64: 456, 1952.
- PAIVA, J. R. *Variabilidade enzimática em populações naturais de seringueira (Hevea brasiliensis (WILLD. EX. ADR. E JUSS.) MÜELL. ARG.)*. Piracicaba, 1992. 145 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" /USP).

PAIVA, J. R.; KAGEYAMA, P. Y. & VENCovsky, R. Outcrossing rates and inbreeding coefficients in rubber trees (*Hevea brasiliensis* (WILLD. EX. ADR. E JUSS.) MÜELL. ARG.) *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 16 (4): 1003 - 1011, 1993.

REYNOLDS, J.; WEIR, B. S. & COCKERHAM, C. C. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short - term genetic distance. *Genetics*, Baltimore, 105: 767 - 779, 1983.

ROBERTSON, A. & HILL, W. G. Deviations from Hardy - Weinberg proportions: sampling variances and use in estimation of inbreeding coefficients. *Genetics*, Baltimore, 107: 703 - 718, 1984.

SANTOS, E. M. & ALBIERI, S. Correlação intraclasses - uma aplicação. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE PROBABILIDADE E ESTATÍSTICA, 5, São Paulo, 1982. *Atas...* São Paulo, IME /USP, 1982. 113 - 118.

SAS *Language guide for personal computers*, Version 6 Edition, Cary, NC, SAS Institute Inc., 1985. 429 p.

SATERTHWAITE, F. E. An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics*, Washington, 2(3): 110 - 114, 1946.

SEARLE, S. R. Sampling variances of estimates of components of variance. *Annals Mathematical Statistics*, Ann Arbor, 29: 167 - 178, 1958.

SEARLE, S. R. *Linear models*. New York, John Wiley & Sons, 1971. 532 p.

SOUZA JUNIOR, C. L. *Componentes de variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal*. Piracicaba, FEALQ, 1989. 134 p.

SUTHERLAND, T. M. The correlation between feed efficiency and rate of gain, a ratio and its denominator. *Biometrics*, Alexandria, 21(3): 739 - 749, 1965.

SWIGER, L. A.; HARVEY, W. R.; EVERSON, D. O. & GREGORY, K. E. The variance of intraclass correlation involving groups with one observation. *Biometrics*, Alexandria, 20(4): 413 - 417, 1964.

VALÉRIO FILHO, W. V. *Comparação de métodos para estimação de componentes de variância através da simulação de dados*. Piracicaba, 1991, 160 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" /USP).

VELLO, N. A. & VENCovsky, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. *Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética*, Piracicaba, 8: 238 - 248, 1974.

- VENCOVSKY, R. Análise de variância de frequências alélicas. In: Congresso Latino Americano de Genética, 10, Rio de Janeiro, 1992. *Proceedings, Revista Brasileira de Genética. Suplemento 1*, Ribeirão Preto, 15 (1): 53 - 60, 1992.
- VENCOVSKY, R. Estimadores de diversidade. In: KAGEYAMA, P. Y.; REIS, M. S. dos & GANDARA, F. B. (Coords.) *Estimadores de Variação Genética e Taxa de Cruzamento em Populações de Espécies Arbóreas*. Piracicaba. ESALQ /USP, 1993. p. 32 - 45.
- VENCOVSKY, R. Variance of an estimate of the outcrossing rate. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 17(3) : 349-351, 1994.
- WEIR, B. S. *Genetic data analysis: methods for discrete population genetic data*. Sunderland, Sinauer Associates Inc. Publishers, 1990. 377 p.
- WEIR, B. S. & COCKERHAM, C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population struture. *Evolution*, Lancaster, 38(6): 1358 - 1370, 1984.
- WRIGHT, S. The interpretation of population struture by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, Lancaster, 19: 395 - 420, 1965.

APÊNDICE

SIMULAÇÃO DE DADOS - Programa 01 - setembro/1994

Construção de populações endogâmicas de dois alelos com diversas combinações de frequência gênica e coeficiente de endogamia.

Simulação de Experimentos e estimação do coeficiente de endogamia e sua variância por três métodos, a taxa de fecundação cruzada e sua variância e a frequência gênica e sua variância.

Tese de Doutorado - Joel Augusto Muniz - ESALQ/USP

Programação - Ruben Delfy Velga - CPD / UFLA

Definições : npop (população) - namo (amostra)
 num (num. amos.) - p2a (prop. 2 A)
 p1a (prop. 1 A) - p0a (prop. 0 A)

```

/*****/
options ps=66 nodate nonumber,
data amo ( keep = namo p f Fchap pchap tFchap v_tFchap
          v1_Fchap v2_Fchap v3_Fchap);
  npop = 1000;
  num = 100;
/*****/
/* Dados p, f ==> Gera Populacao */
/*****/
do p = .10 to .90 by .10;
  do f = 0.0 to 1.0 by 0.10;
    p2a = p*p + p*(1-p)*f;
    p1a = 2*p*(1-p)*(1-f);
    p0a = (1-p)*(1-p)+p*(1-p)*f;
    n2a = int(p2a*npop+.5);
    n1a = int(p1a*npop+.5);
    n0a = int(p0a*npop+.5);

    inic2 = 1;
    fim2 = n2a;
    inic1 = n2a + 1;
    fim1 = n2a + 1 + n1a;
    inic0 = n2a + 1 + n1a + 1;
    fim0 = npop;
  *****/
/* Dados namo, num ==> seleciona amostras */
/*****/
do namo = 10,20,30,50,100,200;
  do i = 1 to num;
    sqtotal = 0;
    soma = 0;
    someq = 0;
    do j = 1 to namo;
      count = int(npop*ranuni(9)+1);
      if count ge inic2 and count le fim2 then do;
        x1 = 2;

```



```

    fes2 + 1;
  end;
  If count ge inic1 and count le fim1 then do;
    x1 = 1;
    fes1 + 1;
  end;
  If count ge inic0 and count le fim0 then do;
    x1 = 0;
    fes0 + 1;
  end;
  soma + x1;
  somaq + x1*x1;
end; /* end ==> namo ( amostras ) */

sqtotal = soma - soma*soma/(2*namo);
sqind = .5*(somaq) - soma*soma/(2*namo);
sqgenes = sqtotal - sqind;
qmind = sqind/(namo-1);
qmggenes = sqgenes/namo;
pchap = soma / (2*namo);
If qmind+qmggenes = 0 then do;
  Fchap = 0;
  v1_Fchap = 0;
  v2_Fchap = 0;
  v3_Fchap = 0;
end;
else do;
  Fchap = ( qmind - qmggenes )/( qmind + qmggenes );
  If Fchap = 1 then do;
    v1_Fchap = 0;
    v2_Fchap = 0;
    v3_Fchap = 0;
  end;
else do;
    v1_Fchap = (2*namo-1)*(1-fchap)**2*(1+fchap)**2/
      (2*namo*(namo-1));
    v2_Fchap = (2*namo+3)*(1-fchap)**2*(1+fchap)**2/
      (2*(namo+1)*(namo+2));
    v3_Fchap = ((1-Fchap)**2*(1+Fchap)**2)/namo;
  end;
end;
tFchap = (1-Fchap)/(1+Fchap);
v_tFchap = (4*tFchap*tFchap)/namo;
output amo;
end; /* end ==> 1 = 1 to num ( experim. ) */
end; /* end ==> namo = ... */
end; /* end ==> f = ... */
end; /* end ==> p = ... */
/*****/
/* Proc Univariate ==> gera arquivo: Uni */
/*****/
proc sort data = amo; by namo p f;
proc univariate data = amo noprint ;

```

```

var Fchap;
by namo p f;
output out = sasuser.fchap mean=mean var=var ;
proc univariate data = amo noprint ;
var pchap;
by namo p f;
output out = sasuser.pchap mean=mean var=var ;
proc univariate data = amo noprint ;
var tFchap;
by namo p f;
output out = sasuser.tFchap mean=mean var=var ;
proc univariate data = amo noprint ;
var v_tFchap;
by namo p f;
output out = sasuser.v_tFchap mean=mean var=var ;
proc univariate data = amo noprint ;
var v1_Fchap;
by namo p f;
output out = sasuser.v1_Fchap mean=mean var=var ;
proc univariate data = amo noprint ;
var v2_Fchap;
by namo p f;
output out = sasuser.v2_Fchap mean=mean var=var ;
proc univariate data = amo noprint ;
var v3_Fchap;
by namo p f;
output out = sasuser.v3_Fchap mean=mean var=var ;
proc print data = sasuser.Fchap;
title1 'Distribuco do Coeficiente de Endogeneidade';
title2 'Simulaco de Dados # Joel # ESALQ-USP';
title3 ;
title4 'FCHAP # 100 experimentos ';
footnote ;
proc print data = sasuser.Pchap;
title4 'PCHAP # 100 experimentos ';
proc print data = sasuser.tFchap;
title4 'TFCHAP # 100 experimentos ';
proc print data = sasuser.v_tFchap;
title4 'V_TFCHAP # 100 experimentos ';
proc print data = sasuser.v1_Fchap;
title4 'V1_FCHAP # 100 experimentos ';
proc print data = sasuser.v2_Fchap;
title4 'V2_FCHAP # 100 experimentos ';
proc print data = sasuser.v3_Fchap;
title4 'V3_FCHAP # 100 experimentos ';
run;

```

SIMULAÇÃO DE DADOS - Programa 02 - setembro 1994
 Construção de populações endogâmicas de três alelos com diversas combinações de frequência gênica e coeficiente de endogamia.

Simulação de Experimentos e estimação do coeficiente de endogamia e sua variância através da média das estimativas nas análises individuais e através da análise conjunta.

Tese de Doutorado - Joel Augusto Muniz - ESALQ/USP
 Programação - Ruben Delly Veiga - CPD/UFLA

Definições : npop (população), namo (amostra), num (num. expe.)
 pa1a1 (prop. A1A1) ... pa3a3 (prop. A3A3)

```

/* Entrada de dados: */
/* Dados p1, p2, p3 e f ==> */
/* Definição da População */
/*****/
data dados ( keep = p1 p2 p3 f);
window start color = magenta
  rows = 23
  columns = 78
#05 @28
  'BEM VINDO AO SISTEMA SAS'
#08 @18
  'SIMULACAO DE DADOS # COEFICIENTE DE ENDOGAMIA'
#14 @16
  'Tese Doutorado : Joel A. M. # ESALQ - USP'
#16 @16
  'Programacao : CPD - UFLA # Delly'
#21 @25
  'Digite < ENTER > para continuar'
  attr = rev_video auto = no;
window dados color = blue
  rows = 12
  columns = 50
  irow = 10 icolumn = 10
#02 @12
  'Entre com os valores abaixo : '
#05 @20
  'P1 : '@30 p1 3.1
  attr = rev_video /
  @20 'P2 : '@30 p2 3.1
  attr = rev_video /
  @20 'P3 : '@30 p3 3.1
  attr = rev_video //
  @20 'F : '@30 f 3.1
  attr = rev_video ;
window confi color = blue
  rows = 12
  columns = 50
  irow = 10 icolumn = 10
#02 @12
  'DADOS PARA CONFERENCIA : '
#05 @20
  'P1 : '@30 p1 3.1
  attr = rev_video p = yes/
  @20 'P2 : '@30 p2 3.1
  attr = rev_video p = yes/

```

```

@20 T3 : '@30 p3 3.1
str = rev_video p = yes//
@20 F : '@30 f 3.1
str = rev_video p = yes//
#10 @05
'Valores corretos (S / N) ? 'S $1.;
display start;
ent:display dados;
output dados;
display confi;
if upcase(s) ne "S" then goto ent;
stop;
run;
data
alelo3 ( keep = namo fchap1 fchap2 fchap3 fmed fbarra);
set dados;
npop = 1000;
num = 100;
pala1 = p1*p1 + p1*(1-p1)*f;
pala2 = 2*p1*p2*(1-f);
pala3 = 2*p1*p3*(1-f);
pa2a2 = p2*p2 + p2*(1-p2)*f;
pa2a3 = 2*p2*p3*(1-f);
pa3a3 = p3*p3 + p3*(1-p3)*f;

nalal = int(pala1*npop+.5);/* nalal:5*/
nala2 = int(pala2*npop+.5);/* nala2:4*/
nala3 = int(pala3*npop+.5);/* nala3:3*/
na2a2 = int(pa2a2*npop+.5);/* na2a2:2*/
na2a3 = int(pa2a3*npop+.5);/* na2a3:1*/
na3a3 = int(pa3a3*npop+.5);/* na3a3:0*/

imic5 = 1;
fim5 = nalal;
imic4 = fim5 + 1;
fim4 = imic4 + nala2;
imic3 = fim4 + 1;
fim3 = imic3 + nala3;
imic2 = fim3 + 1;
fim2 = imic2 + na2a2;
imic1 = fim2 + 1;
fim1 = imic1 + na2a3;
imic0 = fim1 + 1;
fim0 = imic0 + na3a3;
/*****/
/* Dados namo, num, ==> seleciona amostras */
/*****/
do namo = 10,20,30,50,100,200;
/*****/
/* Controle de Fluxo # Apenas Visual */
/*****/
put ' Amostra : ' namo 3.0;
/*****/
do i = 1 to num;
/*****/
sqtotal1 = 0; /* */
somal = 0; /* Alelo 1 */
somaq1 = 0; /* */
/*****/

```

```

sqtotal2 = 0; /* */
soma2 = 0; /* Alelo 2 */
somaq2 = 0; /* */
/*****/
sqtotal3 = 0; /* */
soma3 = 0; /* Alelo 3 */
somaq3 = 0; /* */
/*****/
do j = 1 to nmo;
  count = int(npop*nmo(9)+1);
  if count ge inic5 and count le fim5 then do;
    x1 = 2; x2 = 0; x3 = 0; /* A1A1 */
  end;
  if count ge inic4 and count le fim4 then do;
    x1 = 1; x2 = 1; x3 = 0; /* A1A2 */
  end;
  if count ge inic3 and count le fim3 then do;
    x1 = 1; x2 = 0; x3 = 1; /* A1A3 */
  end;
  if count ge inic2 and count le fim2 then do;
    x1 = 0; x2 = 2; x3 = 0; /* A2A2 */
  end;
  if count ge inic1 and count le fim1 then do;
    x1 = 0; x2 = 1; x3 = 1; /* A2A3 */
  end;
  if count ge inic0 and count le fim0 then do;
    x1 = 0; x2 = 0; x3 = 2; /* A3A3 */
  end;

  soma1 + x1;
  soma2 + x2;
  soma3 + x3;
  somaq1 + x1*x1;
  somaq2 + x2*x2;
  somaq3 + x3*x3;
end; /* end --> j = nmo */

sqtotal1 = soma1 - soma1*soma1/(2*nmo);
sqind1 = .5*(somaq1) - soma1*soma1/(2*nmo);
sqgenes1 = sqtotal1 - sqind1;
qmind1 = sqind1/(nmo-1);
qngenes1 = sqgenes1/nmo;
if (qmind1+qngenes1) eq 0 then do;
  qmind1 = .000000001;
end;
fchap1 = (qmind1 - qngenes1)/(qmind1 + qngenes1);

sqtotal2 = soma2 - soma2*soma2/(2*nmo);
sqind2 = .5*(somaq2) - soma2*soma2/(2*nmo);
sqgenes2 = sqtotal2 - sqind2;
qmind2 = sqind2/(nmo-1);
qngenes2 = sqgenes2/nmo;
if (qmind2+qngenes2) eq 0 then do;
  qmind2 = .000000001;
end;
fchap2 = (qmind2 - qngenes2)/(qmind2 + qngenes2);

sqtotal3 = soma3 - soma3*soma3/(2*nmo);
sqind3 = .5*(somaq3) - soma3*soma3/(2*nmo);

```

```

sqgenes3 = sqtotal3 - sqind3;
qmind3 = sqind3/(namo-1);
qmgenes3 = sqgenes3/namo;
if (qmind3+qmgenes3) eq 0 then do;
  qmind3 = .000000001;
end;
fchap3 = (qmind3 - qmgenes3)/(qmind3 + qmgenes3);

fmed = (fchap1 + fchap2 + fchap3)/3;
sqi = sqind1 + sqind2 + sqind3;
sqg = sqgenes1 + sqgenes2 + sqgenes3;
qmi = sqi/(3*(namo-1));
qmg = sqg/(3*namo);
fbarra = (qmi - qmg)/(qmi + qmg);
output alelo3;
end; /* end ==> i = 1 to num ( experim. )*/
end; /* end ==> namo = 2,5,... */

proc sort data = alelo3; by namo ;
proc univariate data = alelo3 noprint ;
var fchap1 ;
by namo ;
output out = sasuser.fchap1 mean=mean var=var;
proc univariate data = alelo3 noprint ;
var fchap2 ;
by namo ;
output out = sasuser.fchap2 mean=mean var=var;
proc univariate data = alelo3 noprint ;
var fchap3 ;
by namo ;
output out = sasuser.fchap3 mean=mean var=var;
proc univariate data = alelo3 noprint ;
var fmed ;
by namo ;
output out = sasuser.fmed mean=mean var=var;
proc univariate data = alelo3 noprint ;
var fbarra;
by namo ;
output out = sasuser.fbarra mean=mean var=var;
proc print data = sasuser.Fchap1;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # Joel # ESALQ-USP';
title3 ;
title4 'FCHAP1 # 100 experimentos';
footnote *;
proc print data = sasuser.Fchap2;
title4 'FCHAP2 # 100 experimentos';
proc print data = sasuser.Fchap3;
title4 'FCHAP3 # 100 experimentos';
proc print data = sasuser.fmed;
title4 'FMED # 100 experimentos';
proc print data = sasuser.fbarra;
title4 'FBARRA # 100 experimentos';
run;

```

SIMULAÇÃO DE DADOS - Programa 03 - setembro 1994

Construção de populações não endogâmicas de dois alelos com diversas combinações de frequência gênica.

Simulação de Experimentos e cálculo do nível de significância na análise de variância.

Cálculo da média, variância, percentis 95 e 99 da variável nível de significância.

Tese de Doutorado - Joel Augusto Muniz - ESALQ/USP

Programação - Ruben Delly Veiga - CPD /UFLA

Definições : npop (população) - namo (amostra)

num (num. amoas.) - p2a (prop. 2 A)

p1a (prop. 1 A) - p0a (prop. 0 A)

options pe=60 nodate norumber,

data amo (keep = namo p fcalc ms

num);

f = 0; npop=1000; num=1000;

*****/

/* Dados p, f ==> Gera Populacao */

*****/

do p = .05 to .95 by .05;

p2a = p*p + p*(1-p)*f;

p1a = 2*p*(1-p)*(1-f);

p0a = (1-p)*(1-p)+p*(1-p)*f;

n2a = int(p2a*npop+.5);

n1a = int(p1a*npop+.5);

n0a = int(p0a*npop+.5);

inic2 = 1;

fim2 = n2a;

inic1 = n2a + 1;

fim1 = n2a + 1 + n1a;

inic0 = n2a + 1 + n1a + 1;

fim0 = npop;

*****/

/* Do namo, num, ==> seleciona amostras */

*****/

do namo = 5,10,15,20,25,30,35,40,45,50,75,100,150,200,300,400,500;

do i = 1 to num;

sqtotal = 0;

soma = 0;

somaq = 0;

do j = 1 to namo;

count = int(npop*ranuni(9)+1);

if count ge inic2 and count le fim2 then do;

x1 = 2;

end;

if count ge inic1 and count le fim1 then do;

x1 = 1;

end;

if count ge inic0 and count le fim0 then do;

x1 = 0;

end;

soma + x1;

somaq + x1*x1;

end; /* end ==> j namo(amostras) */

```

sqtotal = soma - soma*soma/(2*namo);
sqind = .5*(somaq) - soma*soma/(2*namo);
sqgenes = sqtotal - sqind;
qind = sqind/(namo-1);
qgenes = sqgenes/namo;
if qgenes = 0 then do;
  fcalc = 9999;
end;
else do;
  fcalc = qind/qgenes;
end;
/*****
/* Teste F
*****/
ns = 1 - probff(fcalc,(namo-1),namo);
output amo;
end;
end; /* end ==> i = 1 to num ( experim. )*/
end; /* end ==> namo ... */
/*****
/* Univariate ==> Arquivo: Amo # UNIVARIATE
*****/

proc sort data = amo; by namo p ;
proc univariate data = amo noprint ;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dador';
title3 'Fcalc';
var fcalc;
by namo p ;
output out = sasuser.fcalc mean=mean var=var p95=p95 p99=p99;
proc univariate data = amo noprint ;
title3 'Ns';
var ns;
by namo p ;
output out = sasuser.ns mean=mean var=var p95=p95 p99=p99;
run;

```


SIMULAÇÃO DE DADOS - Programa 04 - setembro 1994
 Construção de populações não endogâmicas de três alelos com diversas combinações de frequências gênicas.

Simulação de Experimentos e cálculo do nível de significância na análise de variância de cada alelo e na análise de variância conjunta.

Cálculo da média, variância, percentis 95 e 99 da variável nível de significância nas análises individuais e na conjunta.

Tese de Doutorado - Joel Augusto Muniz - ESALQ/USP
Programação - Ruben Delly Veiga - CPD/UFLA

Definições : npop (população) - namo (amostra)
num (num. amoas.) - p2a (prop. 2 A)
pla (prop. 1 A) - p0a (prop. 0 A)

options pr=56 nodate nonumber;

/* Entrada de Dados: */

/* Entrada de p1, p2, p3 e f */

/* Definição da População */

data dados (keep = p1 p2 p3 f);

window start color = magenta

rows = 23

columns = 78

#05 @28

'BEM VINDO AO SISTEMA SAS'

#08 @18

'SIMULACAO DE DADOS # COEFICIENTE DE ENDOGAMIA'

#14 @16

'Tese Doutorado : Joel A. M. # ESALQ - USP'

#16 @16

'Programacao : CPD - UFLA # Delly'

#21 @25

'Digite < ENTER > para continuar'

attr = rev_video auto = no;

window dados color = blue

rows = 12

columns = 50

row = 10 icolumn = 10

#02 @12

'Entre com os valores abaixo :'

#05 @20

'P1 : '@30 p1 3.2

attr = rev_video /

@20 'P2 : '@30 p2 3.2

attr = rev_video /

@20 'P3 : '@30 p3 3.2

attr = rev_video //

@20 'F : '@30 f 3.2

attr = rev_video ;

window confi color = blue

rows = 12

columns = 50

row = 10 icolumn = 10

#02 @12

'DADOS PARA CONFERENCIA :'

#05 @20

```

P1 : '@30 p1 3.2
attr = rev_video p = yes/
@20 P2 : '@30 p2 3.2
attr = rev_video p = yes/
@20 P3 : '@30 p3 3.2
attr = rev_video p = yes//
@20 F : '@30 f 3.2
attr = rev_video p = yes//
#10 @05
  'Valores correlor (S / N) ? ' S $1.;
display start;
ent:display dados;
  output dados;
display confi;
if upcase(s) ne "S" then goto ent;
stop;
run;
data
  sasuser alelo3 ( keep = namo ns1 ns2 ns3 nsac
                  fcalc1 fcalc2 fcalc3 fac);
set dados;
mpop = 1000;
num = 1000;

pala1 = p1*p1 + p1*(1-p1)*f;
pala2 = 2*p1*p2*(1-f);
pala3 = 2*p1*p3*(1-f);
pa2a2 = p2*p2 + p2*(1-p2)*f;
pa2a3 = 2*p2*p3*(1-f);
pa3a3 = p3*p3 + p3*(1-p3)*f;

nala1 = int(pala1*mpop+.5)/% nala1:5*/
nala2 = int(pala2*mpop+.5)/% nala2:4*/
nala3 = int(pala3*mpop+.5)/% nala3:3*/
na2a2 = int(pa2a2*mpop+.5)/% na2a2:2*/
na2a3 = int(pa2a3*mpop+.5)/% na2a3:1*/
na3a3 = int(pa3a3*mpop+.5)/% na3a3:0*/

inic5 = 1;
fim5 = nala1;
inic4 = fim5 + 1;
fim4 = inic4 + nala2;
inic3 = fim4 + 1;
fim3 = inic3 + nala3;
inic2 = fim3 + 1;
fim2 = inic2 + na2a2;
inic1 = fim2 + 1;
fim1 = inic1 + na2a3;
inic0 = fim1 + 1;
fim0 = inic0 + na3a3;
/*****
/* Do namo, num, --> seleções amostrais */
/*****
do namo = 5,10,15,20,25,30,35,40,45,50,75,
  100,150,200,300,400,500;
/*****
/* Controle de Fluxo # Apenas Visual */
/*****
put ' Amostra : ' namo 3.0;

```

```

/*****
do i = 1 to nmmo;
    /*****
    sqtotal1 = 0; /* */
    soma1 = 0; /* Alelo 1 */
    somaq1 = 0; /* */
    /*****
    sqtotal2 = 0; /* */
    soma2 = 0; /* Alelo 2 */
    somaq2 = 0; /* */
    /*****
    sqtotal3 = 0; /* */
    soma3 = 0; /* Alelo 3 */
    somaq3 = 0; /* */
    /*****
do j = 1 to nmmo;
    count = int((pop*ranuni(9))+1);
    if count ge inic5 and count le fim5 then do;
        x1 = 2;x2 = 0;x3 = 0; /* A1A1 */
        end;
    if count ge inic4 and count le fim4 then do;
        x1 = 1;x2 = 1;x3 = 0; /* A1A2 */
        end;
    if count ge inic3 and count le fim3 then do;
        x1 = 1;x2 = 0;x3 = 1; /* A1A3 */
        end;
    if count ge inic2 and count le fim2 then do;
        x1 = 0;x2 = 2;x3 = 0; /* A2A2 */
        end;
    if count ge inic1 and count le fim1 then do;
        x1 = 0;x2 = 1;x3 = 1; /* A2A3 */
        end;
    if count ge inic0 and count le fim0 then do;
        x1 = 0;x2 = 0;x3 = 2; /* A3A3 */
        end;
    soma1 + x1;
    soma2 + x2;
    soma3 + x3;
    somaq1 + x1*x1;
    somaq2 + x2*x2;
    somaq3 + x3*x3;
    end; /* loop -> j = nmmo */

sqtotal1 = soma1 - soma1*soma1/(2*nmmo);
sqind1 = .5*(somaq1) - soma1*soma1/(2*nmmo);
sqgenes1 = sqtotal1 - sqind1;
qquind1 = sqind1/(nmmo-1);
qngenes1 = sqgenes1/nmmo;
if qngenes1 eq 0 then do;
    fcalc1 = 9999;
    end;
else do;
    fcalc1 = qquind1/qngenes1;
    end;
ns1 = 1 - probf(fcalc1,(nmmo-1),nmmo);

sqtotal2 = soma2 - soma2*soma2/(2*nmmo);
sqind2 = .5*(somaq2) - soma2*soma2/(2*nmmo);
sqgenes2 = sqtotal2 - sqind2;

```

```

qmind2 = sqind2/(namo-1);
qgenex2 = sqgen2/namo;
if qgenex2 eq 0 then do;
  fcalc2 = 9999;
end;
else do;
  fcalc2 = qmind2/qgenex2;
end;
ns2 = 1 - probf(fcalc2,(namo-1),namo);

sqtotal3 = soma3 - soma3*soma3/(2*namo);
sqind3 = .5*(somaq3) - soma3*soma3/(2*namo);
sqgenex3 = sqtotal3 - sqind3;
qmind3 = sqind3/(namo-1);
qgenex3 = sqgenex3/namo;
if qgenex3 eq 0 then do;
  fcalc3 = 9999;
end;
else do;
  fcalc3 = qmind3/qgenex3;
end;
ns3 = 1 - probf(fcalc3,(namo-1),namo);

sqalc3 = (soma1*soma1 + soma2*soma2 + soma3*soma3)
          /(2*namo) -
          (2*namo)*(2*namo)/(3*2*namo);
sqi = sqind1 + sqind2 + sqind3;
sqg = sqgenex1 + sqgenex2 + sqgenex3;
qmi = sqi/(3*(namo-1));
qmg = sqg/(3*namo);
if qmg eq 0 then do;
  fac = 9999;
end;
else do;
  fac = qmi/qmg;
end;
nsac = 1 - probf(fac,(3*namo-3),3*namo);
output nsuser.alelo3;
end; /* end ==> i = 1 to num ( experim ) */
end; /* end ==> namo = 2,5,... */

```

```

proc sort data = sasuser.alelo3; by namo ;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;
var fcalc1;
by namo ;
output out = sasuser.fcalc1 mean=mean var=var ;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;
var fcalc2;
by namo ;
output out = sasuser.fcalc2 mean=mean var=var ;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;
var fcalc3;
by namo ;
output out = sasuser.fcalc3 mean=mean var=var ;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;
var fac;
by namo ;
output out = sasuser.fac mean=mean var=var ;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;

```

```

var ns1;
by nsmo ;
output out = sasuser.ns1 p95=p95 p99=p99;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;
var ns2;
by nsmo ;
output out = sasuser.ns2 p95=p95 p99=p99;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;
var ns3;
by nsmo ;
output out = sasuser.ns3 p95=p95 p99=p99;
proc univariate data = sasuser.alelo3 noprint ;
var nsac;
by nsmo ;
output out = sasuser.nsac p95=p95 p99=p99;
run;
proc print data = sasuser.fcac1;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # FCALC1';
proc print data = sasuser.fcac2;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # FCALC2';
proc print data = sasuser.fcac3;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # FCALC3';
proc print data = sasuser.fac;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # FAC';
proc print data = sasuser.ns1;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # N. S. p/ FCALC1';
proc print data = sasuser.ns2;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # N. S. p/ FCALC2';
proc print data = sasuser.ns3;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # N. S. p/ FCALC3';
proc print data = sasuser.nsac;
title1 'Distribuicao do Coeficiente de Endogamia';
title2 'Simulacao de Dados # 3 Alelos # N. S. p/ FAC';
run;

```