

Foto: Embrapa Gado de Corte/<www.sxc.hu>



Utilizando o aplicativo Plink pelo Sistema Bife de Qualidade

Fábio Danilo Vieira¹

No Brasil, atualmente, não há dados suficientes para a raça Nelore provenientes de avaliações sistematizadas de qualidade de carne e de eficiência alimentar com delineamento e tamanho amostral para a identificação de QTLs (*loci* de características quantitativas) associados a essas características. A identificação de QTLs associados a determinadas características de interesse econômico pode ser feita por estudos de associação entre marcadores moleculares e a característica alvo (fenótipo). Há duas partes complementares: por um lado os dados genotípicos e do outro, os fenótipos.

Os dados genotípicos podem ser tanto Single Nucleotide Polymorphism (SNP) quanto Microssatélites (SSR). A diferença básica entre esses dois tipos de marcadores moleculares, ao se utilizar microssatélites à quantidade de marcadores, é da ordem de centenas para cada animal; por outro lado, com o advento dos microarranjos de genotipagem de bovinos, o número de SNPs já alcança a ordem de dezenas de milhares por animal. Em ambos os casos, uma coleção desses marcadores moleculares deverá ser armazenada e organizada para posterior cruzamento com os dados fenotípicos.

Contudo, dada a quantidade de animais e, principalmente, o número de marcadores moleculares, a

necessidade de um Sistema de Gerenciamento de Dados Genotípicos (SGDG) se tornou uma demanda crítica. Diante disso, foi desenvolvido o sistema Bife de Qualidade, que é um sistema Web implementado em parceria com a Embrapa Pecuária Sudeste e a Embrapa Gado de Corte.

O aplicativo Plink (PURCELL et al., 2007), por sua vez, possui, além do próprio comando básico, um conjunto de ferramentas que realiza análises de associação entre dados de genótipos e fenótipos, de maneira, computacionalmente, eficiente. O Plink (uma sílaba) foi desenvolvido por Shaun Purcell, no Centro de Genética Humana da Investigação (CHGR), do Massachusetts General Hospital (MGH), com o apoio da equipe de desenvolvedores do próprio MGH, e pode ser obtido pelo seguinte endereço de internet². É um software desenvolvido sob a licença Licença Pública Geral (GPL), portanto, de código fonte e uso livre, e pode ser executado em diversos sistemas operacionais. Em nosso caso, o mesmo foi instalado num computador com Linux Ubuntu, versão 9.04 e arquitetura 64 bits.

Entretanto, sua utilização requer conhecimentos em manipulação de comandos pelos terminais Linux, o que, muitas vezes, torna-se uma dificuldade para o pesquisador continuar seus estudos. Com isso, a necessidade

¹ Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP; fabiodv@cnptia.embrapa.br

² Disponível em: <<http://pngu.mgh.harvard.edu/~purcell/plink/download.shtml>>

do desenvolvimento de uma interface web no próprio sistema Bife de Qualidade se tornou necessário. Este trabalho procura explicar, de forma sucinta, como trabalhar com essa interface desenvolvida.

Descrição das ferramentas usadas para construir o sistema

O sistema Bife de Qualidade foi desenvolvido utilizando-se ferramentas de software livre para o ambiente Web. A tecnologia escolhida para o desenvolvimento do sistema segue a recomendação J2EE – Java 2 Enterprise Edition. Para a programação optou-se pelas linguagens Java e JSP. O sistema gerenciador de banco de dados relacional selecionado foi o PostgreSQL (POSTGRES, 2010). O servidor web e o de aplicações escolhidos foram, respectivamente, o Apache 2 (APACHE, 2010) e o Tomcat (TOMCAT, 2010) versão 6. O sistema operacional no qual estão instaladas essas ferramentas e o sistema Bife de Qualidade é um Linux Ubuntu 64 bits.

Os principais benefícios da plataforma Web são: desenvolvimento centralizado, que facilita a manutenção; baixo custo de disponibilização; baixo custo na alteração da base de dados e da lógica de negócios; armazenamento mais eficiente e melhor reutilização de recursos.

A arquitetura escolhida para a implementação segue o padrão Model-View-Controller (MVC) mostrada na Figura 1, que é um conceito de desenvolvimento e design que equaciona uma aplicação em três partes distintas: a

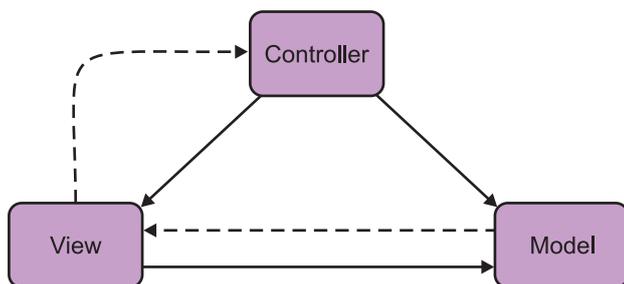


Figura 1. Diagrama exemplificando a relação entre *Model*, *View* e *Controller*. As linhas sólidas indicam associação direta e as tracejadas indicam associação indireta. (MVC, 2010)

model, que está relacionada com a representação e gerenciamento dos dados; a view, que é responsável pela apresentação visual dos dados representados pela model; e a controller, que atua sobre os dados representados pelos modelos e como a apresentação deve ser exibida. Para codificação do padrão MVC foi usado o framework Struts (STRUTS, 2010), muito popular entre os desenvolvedores Web. Essa separação em três camadas torna o sistema mais flexível, possibilitando que partes sejam alteradas de forma independente (PRESSAMAN, 2001).

Vale ressaltar também que esse sistema foi desenvolvido por meio da ferramenta NetBeans 6.5, que agilizou muito o processo de programação e sua implementação.

Dicas básicas sobre o funcionamento do Plink

O Plink é um programa de linha de comando escrito em C/C++. Todos os comandos que envolvem Plink são digitados no *prompt* de comando do terminal (Linux, em nosso caso), seguido por uma série de opções (todas começando com o caractere “-”) para especificar os arquivos de dados e/ou métodos a serem utilizados. Todos os resultados são gravados em arquivos do tipo texto. A tabela 1 mostra os tipos de arquivos de saída que foram utilizadas neste trabalho:

Um exemplo de linha de comando do Plink com algumas opções básicas está na Figura 2.

Como dito anteriormente, esse programa realiza análises em dados genotípicos e fenotípicos em busca de uma associação entre ambos, e precisa, em sua funcionalidade básica e que está dentro desse contexto, de dois arquivos de entrada: um com extensão PED e outro com extensão MAP. Esses arquivos podem ser tanto do tipo texto quanto binário. Neste trabalho, discutiremos apenas o tipo texto.

```
$ plink --ped arquivo1.ped --map mapasnp5.map --assoc
```

Figura 2. Exemplo de linha de comando do Plink.

Tabela 1. Tipos de arquivos gerados que foram utilizados neste trabalho.

Extensão do arquivo de saída	Opção de comando associada	Descrição
assoc	--assoc	Resultados de associação
freq	--freq	Tabela de frequência alélica
hh	(não é necessário)	Lista com heterozigotos haplóides
log	(não é necessário)	Lista com logs gerados

O arquivo PED possui colunas separadas por espaços ou pelo caracter <TAB>, identificadas a seguir na Tabela 2.

As primeiras 6 colunas são obrigatórias, sendo que, da 7 em diante, os valores são os pares de alelo³ dos genótipos pesquisados, os quais estarão numa quantidade de acordo com os marcadores SNPs mapeados no arquivo MAP. A coluna 1 identifica o grupo do animal (em nosso caso, um bovino) estudado; a 2 o próprio animal; a 3 e a 4 identificam o pai e mãe do bovino, respectivamente; a 5 identifica o sexo desse animal e a 6 um caracter acusando o fenótipo desse bovino, ou seja, se no fenótipo que esse grupo de animais está sendo estudado (por exemplo, resistência a carrapato) esse animal está incluso (afetado=1) ou não (não afetado=0). Um exemplo de conteúdo do arquivo PED está abaixo (Figura 3).

```
FAM001 INDIVIDUO1 0 0 1 0 A A G G A C
FAM001 INDIVIDUO2 0 0 1 1 A A A G 0 0
...
```

Figura 3. Exemplo de conteúdo de uma arquivo extensão PED.

O arquivo MAP, que mapeia os valores da coluna 7 em diante do arquivo PED, possui o seguinte formato de colunas (Tabela 3).

A coluna 1 do arquivo MAP diz a qual cromossomo o SNP pertence, podendo ser um valor entre 1 e 22 ou um valor X ou Y, caso seja um cromossomo responsável pela determinação do sexo do animal ou o valor 0, se não foi possível determinar o cromossomo. A coluna 2 é uma cadeia de caracteres que contém o nome do próprio SNP. A 3 é um valor numérico contendo a

Tabela 3. Descrição das colunas do arquivo com extensão MAP.

Coluna	Descrição
1	Cromossomo do SNP (1-22, X, Y ou 0 se não localizado)
2	Identificação do SNP
3	Distância Genética* (morgans)
4	Posição do Par de Nucleotídeos

* Distância genética é uma medida da diferença de material genético entre diferentes espécies ou indivíduos da mesma espécie ou não. (GENETICA, 2010).

³ Um alelo é cada uma das várias formas alternativas do mesmo gene. Por exemplo, o gene que determina a cor da flor em várias espécies de plantas - um único gene controla a cor das pétalas, podendo haver diferentes versões desse mesmo gene. Uma dessas versões pode resultar em pétalas vermelhas, enquanto outra versão originará pétalas brancas. (ALELO, 2010).

Tabela 2. Descrição das colunas do arquivo com extensão PED.

Coluna	Descrição
1	Identificação da Família ou Grupo dos Indivíduos
2	Identificação do Indivíduo
3	Identificação do Pai
4	Identificação da Mãe
5	Sexo do Indivíduo; (1=macho; 2=fêmea; other=desconhecido)
6	Fenótipo do Indivíduo; (-9=sem informação; 0=não afetado; 1=afetado)
7 em diante	Genótipos do Indivíduo. (ex: AA, AG, GG, etc)

distância genética desse marcador e a 4 também um valor numérico, dizendo qual a posição desse SNP no cromossomo referente. Abaixo segue um exemplo de arquivo MAP (Figura 4).

```
1 snp123456 0 1234555
1 snp234567 0 1237793
3 snp224534 0 1237697
X snp233556 0 1337456
...
```

Figura 4. Exemplo de conteúdo de uma arquivo extensão MAP.

Como já foi dito antes, a execução do comando Plink fornece, como resultado, diversos arquivos (Tabela 1) que, basicamente, informam, entre outras informações estatísticas, a frequência alélica de cada marcador estudado, e quais desses marcadores SNPs possuem influência na determinação de características fenotípicas.

Como o sistema Bife de Qualidade interage com o Plink

Para utilizar o sistema Bife de Qualidade, basta o usuário possuir uma navegador internet compatível em seu computador, como *Microsoft Internet Explorer* ou *Mozilla Firefox*, preferencialmente em suas versões mais atualizadas.

Ao acessar o sistema Bife de Qualidade (endereço <http://www.lba.cnptia.embrapa.br/bq>), aparecerá uma janela (Figura 5) na qual é solicitado o login do usuário e sua senha.

O controle de acesso aos dados do Sistema Bife de Qualidade permite

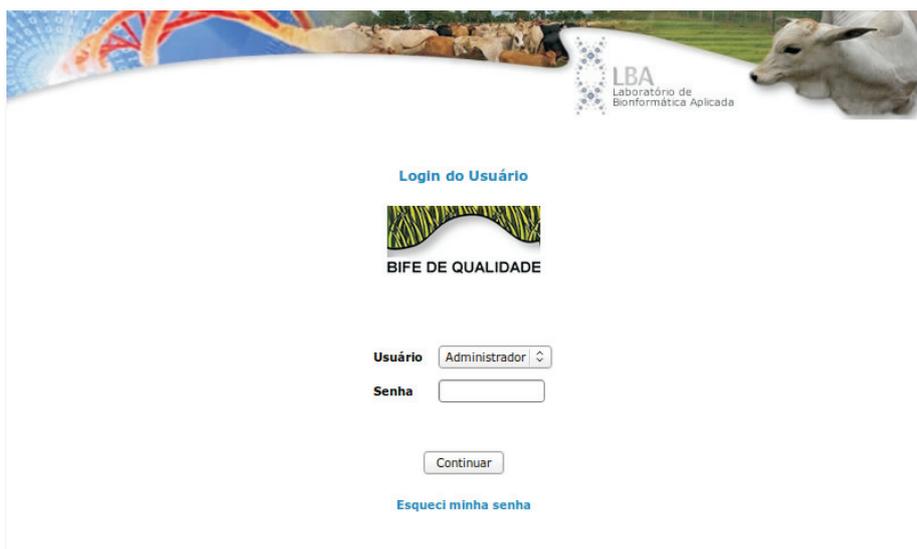


Figura 5. Página para login do usuário no sistema Bife de Qualidade.

que o usuário acesse apenas as informações dos projetos que criou ou aos quais foi inserido. Quem determina se um usuário poderá ou não criar um projeto será o administrador geral ou local, dependendo de quem o cadastrou no sistema. Quando cria um projeto, o usuário também pode adicionar outros usuários nele e lhes dar as permissões que achar necessárias, como inserir, alterar, apagar e listar os dados das diversas tabelas existentes no banco de dados. A seguir, uma tabela (Tabela 4) resumindo o controle de acesso dos tipos de usuários do sistema:

Após o usuário efetuar o acesso pelo seu *login* e senha, uma página com um menu para acesso aos dados de animais e amostras é exibida. Por essa página, também é possível selecionar o projeto que deseja se utilizar (Figura 6).

Ao selecionar o projeto desejado, o usuário será redirecionado para a página de manipulação dos dados

genotípicos dos animais de tal projeto. Essa página contém um menu diferenciado do anterior, com opções para inserir e editar novos marcadores para cada animal, tanto do tipo microsatélite quanto SNP, além de conter várias possibilidades de relatórios gerenciais.

Nesse menu se encontra a opção de execução do aplicativo Plink que, ao ser selecionada, exibirá a página da Figura 7.

Nessa página, o usuário deverá realizar a pesquisa dos animais que deseja incluir na geração do arquivo PED para o programa Plink. Após a digitar os dados de busca e clicar no botão “Continuar”, a tela é mostrada na Figura 8.

Nesse momento, o usuário deverá confirmar se os animais pesquisados são, realmente, os que deseja incluir na geração do arquivo PED. É importante notar a coluna “Fenótipo” da listagem, onde se deve escolher,

Tabela 4. Tipos de usuários e suas permissões no sistema Bife de Qualidade.

Usuário	Permissão
Administrador geral	Sem restrições
Administrador local	Administração apenas do local ao qual pertence
Usuário comum	Entrada e/ou consulta a dados de animais, amostras e genótipos



Figura 6. Página para seleção do projeto com os dados genotípicos a serem pesquisados.

Usuário: Luciana  **Projeto:** BifeQuali **Instituição:** CPPSE **Local:** Fazenda Canchim

Marcadores ▾ Aplicativos ▾ Relatórios ▾ Menu Inicial Sair

Pesquise os animais que deseja inserir no arquivo PED (ou clique direto em Continuar para buscar todos)

Nº de Lab. (use * para buscar por padrão): a (Segundo campo é opcional)

Nº de Sistema (apenas números inteiros): a (Segundo campo é opcional)

Figura 7. Página para pesquisa dos animais a serem inseridos no arquivo PED.

Usuário: Luciana  **Projeto:** BifeQuali **Instituição:** CPPSE **Local:** Fazenda Canchim

Marcadores ▾ Aplicativos ▾ Relatórios ▾ Menu Inicial Sair

Verifique se estes são os animais que deseja inserir na geração do arquivo PED. Em caso positivo, clique em Continuar. Caso contrário, pesquise novamente nos campos abaixo.

Nº de Lab. (use * para buscar por padrão): a (Segundo campo é opcional)

Nº de Sistema (apenas números inteiros): a (Segundo campo é opcional)

6 animais encontrados nesta pesquisa.

Fenótipo	Nº Sist.	Nº Lab.	Nº Campo	Código(Raça)	Mãe (Nº Sist)	Pai (Nº Sist)	Sexo
Unaffected ▾	87	357		II	0	0	M
Affected ▾	87	358		II	0	0	M
Unaffected ▾	87	361		II	0	0	M
Unaffected ▾	87	383		II	0	0	M
Missing ▾	88	397		II	0	0	M
Missing ▾	88	398		II	0	0	M

Opções para exportação: CSV | Excel | XML | PDF

Figura 8. Página para seleção dos animais a serem inseridos no arquivo PED.

na caixa de seleção, se aquele animal é afetado ou não pelo fenótipo pesquisado (ex: resistência a carrapato).

Após ter feito a confirmação dos dados e selecionados os animais afetados e não afetados, basta clicar no botão “Continuar” para ser gerado uma primeira parte do arquivo PED. Trata-se da primeira parte, pois se obteve apenas os dados dos animais, necessitando ainda dos SNPs e seus alelos, que preencherão as colunas correspondentes, o que será feito no próximo passo.

Concluída a tarefa anterior, a página para pesquisa dos marcadores SNPs, que serão inseridos no arquivo

MAP e cujos valores serão inclusos no arquivo PED, é exibida, na Figura 9.

O usuário, se desejar, poderá filtrar os SNPs que deseja pesquisar nessa página, pois são, atualmente, mais de 50 mil marcadores cadastrados no banco de dados. Realizado o filtro, deve-se clicar no botão “Continuar”. A tela da Figura 10 será, então, exibida.

Se os marcadores listados são os que o usuário deseja que estejam no arquivo MAP e PED, basta confirmar pelo botão “Continuar” que os arquivos MAP e PED serão, integralmente, gerados. Para que essa geração

Usuário: Luciana  **Projeto:** BifeQuali **Instituição:** CPPSE **Local:** Fazenda Canchim

Marcadores ▾ Aplicativos ▾ Relatórios ▾ Menu Inicial Sair

Pesquise os marcadores SNPs que deseja inserir nos arquivos MAP e PED (ou clique direto em Continuar para buscar todos)

Marcador SNP (use * para buscar um padrão):

Figura 9. Página para pesquisa dos marcadores SNPs a serem inseridos no arquivo MAP.

Usuário: **Luciana** Projeto: **BifeQuali** Instituição: **CPPSE** Local: **Fazenda Canchim**
 Marcadores Aplicativos Relatórios Menu Inicial Sair

Verifique se estes são os marcadores SNPs que deseja inserir na geração dos arquivos MAP e PED.
 Em caso positivo, clique em Continuar. Caso contrário, pesquise novamente nos campos abaixo.

Marcador SNP (use * para buscar um padrão):

61222 marcadores encontrados nesta pesquisa.

Marcador SNP	Cromossomo	Versão	Posição
ARS-BFGL-BAC-12408	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-12487	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-12503	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-19376	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-20057	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-20058	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-21165	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-21948	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-22573	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-24683	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-29205	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-32069	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-32338	0	Btau4.0	0
ARS-BFGL-BAC-3567	0	Btau4.0	0

Figura 10. Página para seleção dos marcadores SNPs a serem inseridos no arquivo MAP e os alelos no arquivo PED.

seja rápida e eficiente, são utilizadas matrizes de dados do tipo *Hash*⁴ para agilizar a busca dos alelos de cada um dos cerca de 50 mil SNPs de cada animal.

Após este processo, a página com as opções de execução do Plink será invocada (Figura 11).

Nessa tela, o usuário terá diversas opções de execução do comando Plink com os arquivos PED e MAP gerados, além de poder fazer o download desses arquivos para o computador local. Por exemplo, se a opção escolhida for “*Basic case/control association test*”, abaixo do *label* “*Associação*”, a saída gerada será

Usuário: **Luciana** Projeto: **BifeQuali** Instituição: **CPPSE** Local: **Fazenda Canchim**
 Marcadores Aplicativos Relatórios Menu Inicial Sair

Escolha a operação a realizar com o PLINK nos arquivos gerados

Manipulação dos dados:

Recode the SNPs to a 1/2 coding:
 Transposed genotype files:
 Additive and dominance components:
 Listing by genotype:
 Update SNP information (Physical Position):
 Update allele information:
 Update individual information (FID and IID values):
 Flip DNA strand for SNPs:
 Merge two filesets:

Associação:

Basic case/control association test:
 Alternate/full model association tests:

Outros:

Frequência:

[Baixar arquivo MAP](#)
[Baixar arquivo PED](#)

Figura 11. Página para escolha da opção de execução do Plink com os arquivos PED e MAP gerados pelo sistema.

⁴ Em ciência da computação, uma tabela de dispersão (também conhecida por tabela de espalhamento ou tabela hash, do inglês hash) é uma estrutura de dados especial, que associa chaves de pesquisa a valores. Seu objetivo é, a partir de uma chave simples, fazer uma busca rápida e obter o valor desejado. É algumas vezes traduzida como tabela de escrutínio. (HASH, 2010).

formatada em HTML para visualização no navegador (Figura 12), sendo ainda que tal saída tem opções de ser exportada para os formatos XLS (Figura13), PDF e CSV.

Considerações Finais

O comando Plink possui diversas funções de análise estatísticas responsáveis pela geração de relatórios

Saídas da execução do comando Plink

Arquivo de log da execução:
[Baixar arquivo de log](#)
 Arquivo de saída da execução escolhida:
[Baixar arquivo de Basic case/control association test](#)

Abaixo segue o(s) conteúdo(s) deste(s) arquivo(s):

Chr	Snp	Bp	A1	F_a	F_u	A2	Chisq	P	Or
0	ARS-BFGL-BAC-12408	0	0	0	0	A	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-12487	0	0	0	0	A	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-12503	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-19376	0	A	0,5	0	B	3,429	0,06408	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-20057	0	A	0,5	0	B	3,429	0,06408	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-20058	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-21165	0	A	0,5	0,5	B	0	1	1
0	ARS-BFGL-BAC-21948	0	0	0	0	A	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-22573	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-24683	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-29205	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-32069	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-32338	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA
0	ARS-BFGL-BAC-3567	0	0	0	0	B	IIA	IIA	IIA

[Voltar](#)

Figura 12. Página com o relatório gerado pela execução de uma das diversas opções do comando Plink.

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	"Chr" "Snp"	"Bp"	"A1"	"F_a"	"F_u"	"A2"	"Chisq"	"P"	"Or"
2	"0" "ARS-BFGL-BAC-12408"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"A"	"NA"	"NA"	"NA"
3	"0" "ARS-BFGL-BAC-12487"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"A"	"NA"	"NA"	"NA"
4	"0" "ARS-BFGL-BAC-12503"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
5	"0" "ARS-BFGL-BAC-19376"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
6	"0" "ARS-BFGL-BAC-20057"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
7	"0" "ARS-BFGL-BAC-20058"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
8	"0" "ARS-BFGL-BAC-21165"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
9	"0" "ARS-BFGL-BAC-21948"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"A"	"NA"	"NA"	"NA"
10	"0" "ARS-BFGL-BAC-22573"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
11	"0" "ARS-BFGL-BAC-24683"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
12	"0" "ARS-BFGL-BAC-29205"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
13	"0" "ARS-BFGL-BAC-32069"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
14	"0" "ARS-BFGL-BAC-32338"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
15	"0" "ARS-BFGL-BAC-3567"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
16	"0" "ARS-BFGL-BAC-3574"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
17	"0" "ARS-BFGL-BAC-35925"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
18	"0" "ARS-BFGL-BAC-35928"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"A"	"NA"	"NA"	"NA"
19	"0" "ARS-BFGL-BAC-5705"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
20	"0" "ARS-BFGL-BAC-789"	"0"	"B"	"NA"	"NA"	"A"	"NA"	"NA"	"NA"
21	"0" "ARS-BFGL-NGS-100132"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
22	"0" "ARS-BFGL-NGS-100156"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
23	"0" "ARS-BFGL-NGS-100306"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
24	"0" "ARS-BFGL-NGS-10037"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
25	"0" "ARS-BFGL-NGS-10050"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
26	"0" "ARS-BFGL-NGS-100620"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
27	"0" "ARS-BFGL-NGS-100630"	"0"	"B"	"NA"	"NA"	"A"	"NA"	"NA"	"NA"
28	"0" "ARS-BFGL-NGS-100712"	"0"	"B"	"NA"	"NA"	"A"	"NA"	"NA"	"NA"
29	"0" "ARS-BFGL-NGS-10087"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
30	"0" "ARS-BFGL-NGS-10101"	"0"	"0"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"
31	"0" "ARS-BFGL-NGS-101042"	"0"	"A"	"NA"	"NA"	"B"	"NA"	"NA"	"NA"

Figura 13. Planilha gerada a partir da exportação do relatório gerado em HTML.

que auxiliam pesquisadores da área de genômica nos estudos de associação entre dados moleculares e fenotípicos. Entretanto, sua utilização requer conhecimentos em construção de comandos pelos terminais Linux, o que muitas vezes, torna-se uma dificuldade para o pesquisador continuar seus estudos.

No caso dos usuários do sistema Bife de Qualidade não era diferente. Assim, a implementação da *interface* entre o sistema e o aplicativo Plink evitou que o usuário tivesse que executar tal aplicativo via linha de comandos no Linux, agilizando o processo de análise de informações genotípicas presentes na base de dados.

As demais possibilidades de execução do Plink, em breve, serão implementadas no sistema, até porque o volume de marcadores SNPs ainda aumentará bastante, exigindo que mais análises e relatórios sejam gerados.

Referências

- ALELO: Wikipédia, a enciclopédia livre. 2010. Disponível em: <<http://pt.wikipedia.org/wiki/Alelo>>. Acesso em: 30 nov. 2010.
- APACHE SOFTWARE FOUNDATION. **The Apache HTTP server project**. 2010. Disponível em: <<http://httpd.apache.org/>>. Acesso em: 10 nov. 2010.
- DISTÂNCIA genética: Wikipédia, a enciclopédia livre. 2010. Disponível em: <http://pt.wikipedia.org/wiki/Distância_genética>. Acesso em: 30 nov. 2010.
- HASH. Tabela de dispersão: Wikipédia, a enciclopédia livre. 2010. Disponível em: <http://pt.wikipedia.org/wiki/Tabela_de_dispersão>. Acesso em: 30 nov. 2010.
- MVC - Wikipédia, a enciclopédia livre. 2010. Disponível em: <<http://pt.wikipedia.org/wiki/MVC/>>. Acesso em: 12 nov. 2010.
- POSTGRES. **PostgreSQL**: The world's most advanced open source database. 2010. Disponível em: <<http://http://www.postgresql.org/>>. Acesso em: 10 nov. 2010.
- PRESSMAN, R. S. **Software Engineering - a practitioner's approach**. 5th ed. McGraw-Hill, 2001. 915 p.
- PURCELL, S.; NEALE, B.; TODD-BROWN, K.; , THOMAS, L.; FERREIRA, M. A. R.; BENDER, D.; MALLER, J.; SKLAR, P.; BAKKER, P. I. W. de; MARK, J. D.; SHAM, P. C. **PLINK**: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. **American Journal of Human Genetics**, v, 81, n. 3, p. 559-575, Sept. 2007.
- STRUTS. Apache Struts. Disponível em: <<http://struts.apache.org/>>. Acesso em: 10 nov. 2010.
- TOMCAT. **Apache Tomcat**. 2010. Disponível em: <<http://tomcat.apache.org/>>. Acesso em: 10 nov. 2010.

Comunicado Técnico, 106



Ministério da
Agricultura, Pecuária
e Abastecimento



Embrapa Informática Agropecuária
Endereço: Caixa Postal 6041 - Barão Geraldo
13083-886 - Campinas, SP
Fone: (19) 3211-5700
Fax: (19) 3211-5754
<http://www.cnptia.embrapa.br>
e-mail: sac@cnptia.embrapa.com.br

1ª edição on-line - 2010

Todos os direitos reservados.

Comitê de Publicações

Presidente: *Sílvia Maria Fonseca Silveira Massruhá*
Membros: *Poliana Fernanda Giachetto, Roberto Hiroshi Higa, Stanley Robson de Medeiros Oliveira, Maria Goretti Gurgel Praxedes, Neide Makiko Furukawa, Adriana Farah Gonzalez, Carla Cristiane Osawa (secretária)*
Suplentes: *Alexandre de Castro, Fernando Attique Máximo, Paula Regina Kuser Falcão*

Expediente

Supervisão editorial: *Neide Makiko Furukawa*
Normalização bibliográfica: *Maria Goretti Gurgel Praxedes*
Revisão de texto: *Adriana Farah Gonzalez*
Editoração eletrônica: *Neide Makiko Furukawa*