

# Utilização de *bootstrap* não-paramétrico para avaliação de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais

Adésio Ferreira<sup>1\*</sup>, Cosme Damião Cruz<sup>2</sup>, Edmar Soares de Vasconcelos<sup>2</sup>, Moysés Nascimento<sup>2</sup>, Márcio Fernando Ribeiro<sup>2</sup> e Marcia Flores da Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de São João Del Rei, Av. Sebastião Gonçalves Coelho, 400,35501-296, Campus Centro Oeste Dona Lindu, Divinópolis, Minas Gerais, Brasil. <sup>2</sup>Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. \*Autor para correspondência. E-mail: adesioferreira@gmail.com

**RESUMO.** O objetivo deste trabalho foi propor a utilização do procedimento empírico de *bootstrap* não-paramétrico para testar a significância de correlações. Foram simulados oito diferentes tamanhos de população e dez características, em cada população, com diferentes níveis de correlações. Avaliou-se a eficiência do método *bootstrap* por meio da comparação dos resultados do método em relação ao teste t. O método *bootstrap* proporcionou resultados idênticos aos obtidos pelo teste t a 1% de probabilidade, para as populações de tamanho 25, 50, 100, 250, 500, 2.500 e 5.000, demonstrando a adequabilidade de 5.000 réplicas. Em geral, a eficácia do *bootstrap* não foi comprometida pelo tamanho da amostra estudada. O método apresentou alta confiabilidade e presta-se como procedimento adequado e útil que pode ser adotado para testar a significância de correlações genotípicas e ambientais para fins de melhoramento genético de múltiplas características. O estudo das magnitudes das correlações que proporcionaram os erros tipo I e tipo II, em todas as populações, revela que, em programas de melhoramento de plantas, o método *bootstrap* é adequado não só para testar as significâncias de correlações genéticas e ambientais, mas também para testar as correlações fenotípicas.

**Palavras-chave:** melhoramento genético, testes de significância, computação intensiva.

**ABSTRACT.** Use of the nonparametric bootstrap in evaluating genotypic, phenotypic and environmental correlations. This study was conducted to propose the use of the empirical nonparametric bootstrap procedure in order to test the significance of the correlations. Eight different population sizes and 10 characteristics were simulated at different correlation levels in each population. The efficiency of the bootstrap method was evaluated by comparing the results of the method, relative to a t-test. The bootstrap method provided identical results to those obtained by the t-test at 1% probability, for the population sizes of 25; 50; 100; 250; 500; 2500 and 5000, therefore showing the adequacy of 5,000 replicas. In general, the effectiveness of the bootstrap was not compromised by the size of the sample under study. The method showed high reliability, in addition to being an appropriate and useful procedure to be adopted in testing the significance of both genotypic and environmental correlations for the genetic improvement of multiple characteristics. The study of the correlation magnitudes that provided both type I and type II errors in all populations reveal the bootstrap method to be appropriate not only for testing the genetic and environmental significances of the correlations, but also in testing phenotypic correlations.

**Key words:** genetic improvement, significance tests, intensive computation.

## Introdução

As estimativas de parâmetros genéticos são importantes na definição dos métodos de melhoramento a serem utilizados na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos, na definição da eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e na manutenção da base genética adequada na população (Cruz e

Carneiro, 2006). Um dos parâmetros indispensáveis para melhoramento de qualquer espécie é a correlação entre caracteres que, por meio de seu conhecimento, fornece subsídios para seleção ou descarte de materiais genéticos (Simmonds, 1979).

As características mensuráveis, provavelmente, serão correlacionadas se compartilharem, ao menos, uma proporção de genes envolvidos em suas expressões (Ecochard e Ravelomanantsoa, 1982). Do

ponto de vista do melhoramento genético, as correlações podem ser de natureza genética, fenotípica ou ambiental. A correlação genética explica os componentes aditivos e a correlação ambiental, os componentes não-aditivos; são determinantes da correlação fenotípica, calculada a partir das medições das características na população (Kominakis, 2003). As correlações genéticas determinam como características se manifestam em relação à outra (Falconer e Mackay, 1996). São as únicas que envolvem associação de natureza herdável. Portanto, em estudos genéticos, é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres (Cruz *et al.*, 2004). Um exemplo clássico e adequado de estudo neste sentido é o trabalho de Cedillo *et al.* (2008) que avaliaram as magnitudes e os sentidos de correlações em progênies de dendê.

No contexto de melhoramento de planta, a compreensão das correlações genéticas é particularmente útil, especialmente, para a execução da seleção indireta nos caracteres que apresentam dificuldades de mensuração, identificação e, ou, baixas herdabilidades. A seleção em outro caractere mais facilmente avaliado e com alta herdabilidade proporciona maior progresso genético, com economia de tempo, mão-de-obra e recursos (Resende, 2002). Também a necessidade de alteração da média de uma característica particular em uma população com pequena ou nenhuma alteração em outras características expressa a necessidade do conhecimento da correlação genética com outras características, para se evitar resultados indesejáveis (Huang *et al.*, 1990).

Estudos de correlações também são fundamentais quando se deseja diminuir o número de características a serem utilizadas em análises futuras, como, por exemplo, na avaliação da diversidade genética em que as características mensuradas possam ser redundantes e descartadas, por estarem correlacionadas com outras de mais fácil mensuração ou que demandam maior custo e, ou, tempo de avaliação (Cruz *et al.*, 2004).

O estudo das magnitudes e significâncias das correlações permite investigar processos importantes, como a verificação do comportamento das correlações em ambientes específicos. De acordo com Murren *et al.* (2002), os ambientes podem afetar correlações entre características, embora mecanismos subjacentes possam mudar para manter correlações adaptáveis. Falconer (1952) sugeriu que uma característica medida em dois ambientes deveria ser considerada não como uma, mas como duas

características associadas por correlação genética.

Outra interpretação relativa às correlações é a comparação da magnitude relativa das correlações fenotípicas e genotípicas. Segundo Pandey (1981), é possível que baixos valores de correlações fenotípicas em relação às genotípicas sejam resultantes dos efeitos modificadores do ambiente na associação dos caracteres a nível gênico. Comparam-se, também, as diferenças de sinais entre a correlação genética e a ambiental que, de acordo com Falconer e Mackay (1996), indicam que as fontes de variação genética e ambiental afetam os caracteres por meio de mecanismos fisiológicos diferentes, e, ainda, as diferenças de sinais entre a correlação genética e fenotípica que, se forem diferentes, podem ser atribuídas a erros de amostragem (Cruz *et al.*, 2004).

O teste de significância das correlações é importante para todos os estudos, análises e interpretações citados anteriormente. Também permite discernimento mais preciso das estimativas de correlações, principalmente, das de pequenas magnitudes. No entanto, não existe teste exato para se avaliar a significância das correlações genéticas e a hipótese de que o coeficiente de correlação genotípica é igual a zero não pode ser avaliada por um teste paramétrico usual, como o teste t associado a  $n-2$  graus de liberdade. A estimativa de correlação genética é obtida em função do quadrado médio do tratamento e do quadrado médio do resíduo, cada um associado a números diferentes de graus de liberdade, o que torna difícil o estabelecimento dos graus de liberdade associados à estimativa da correlação. Pelo mesmo motivo, o coeficiente de correlação ambiental também não pode ser avaliado pelo teste t, apesar de que, muitas vezes, tem sido utilizado com os graus de liberdade associados ao resíduo da análise de variância.

Hébert *et al.* (1994) efetuaram o teste de t para a correlação ambiental, entretanto, para contornar o problema nas correlações genéticas, avaliaram a significância estatística destas por meio da construção de um teste que se baseou na aproximação do erro padrão da estimativa de correlação genética estimada, utilizando a fórmula de Scheinberg (1966), com a aplicação da modificação sugerida por Becker (1984).

Diante dos fatos, este trabalho teve por objetivo propor procedimento empírico de *bootstrap* não-paramétrico para testar a significância de correlações. Também, avaliar sua eficiência, por meio de dados simulados de dez características em oito diferentes tamanhos de populações, comparando seus resultados ao teste t alternativo, de maneira que se possa ter a credibilidade de esse procedimento ser

extrapolado para testar a significância da correlação genotípica e ambiental.

## Material e métodos

### Populações e características

Foram simuladas oito populações com 25, 50, 100, 250, 500, 1.000, 2.500 e 5.000 indivíduos, com base no modelo de blocos casualizados com quatro repetições. Para cada população, foram geradas dez características com diferentes níveis de correlação entre si. Todas características foram simuladas com média geral de 100 e coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ) de 5%, e, ainda, com valores de coeficiente de herdabilidade de 0.20, 0.40, 0.60, 0.80 e 100.

### Processo de simulação

O modelo estatístico considerado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$ : observação simulada de uma dada característica;

$\mu$ : média geral da característica, cujo valor é especificado pelo usuário;

$G_i$ : efeito associado ao  $i$ -ésimo genótipo;

$B_j$ : efeito associado ao  $j$ -ésimo bloco;

$\varepsilon_{ij}$ : erro aleatório, sendo  $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$ .

Para simulação de situação bem próxima à real, foi admitido serem conhecidos os valores da média, do coeficiente de variação e da herdabilidade de cada característica simulada. Assim, os dados, com distribuição normal, foram obtidos a partir das variáveis:

$$x = \sqrt{-2 \log_e(RND)V} \cos(2\pi RND)$$

$$y = \sqrt{-2 \log_e(RND)V} \sin(2\pi RND)$$

sendo RND um número aleatório. Demonstra-se que os valores de  $x$  e  $y$ , deste modo obtidos, têm distribuição normal, com média zero e variância  $V$ . Se o processo de simulação demanda a obtenção de  $n$  dados com média ( $\mu$ ) e variância ( $\sigma^2$ ), pode-se utilizar a estratégia de gerar cada um destes dados ( $z$ ) por meio da seguinte expressão:

$$z = \mu + \frac{1}{2\theta} \sum_{i=1}^{\theta} (x_i + y_i)$$

sendo:

$$V = 2\theta\sigma^2$$

em que  $\theta$  representa a repetibilidade de cada ponto simulado. Quanto maior o valor de  $\theta$ , mais precisa torna-se a simulação, porém, mais lenta.

### Simulação dos efeitos de blocos

Foi admitido que o quadrado médio de blocos era 1,5 vezes superior ao quadrado médio do resíduo. Como a variância residual ( $\sigma^2$ ) era conhecida (indiretamente estabelecida a partir da média e do coeficiente de variação experimental), o valor do quadrado médio de bloco (QMB) pôde ser estimado. De posse destes quadrados médios (QMB e QMR), o componente de variabilidade associado ao efeito fixo de bloco ( $\phi_b$ ) foi obtido por meio de:

$$\phi_b = \frac{QMB - QMR}{g}$$

sendo  $g$  o número de genótipos simulados.

Sabe-se que, em um conjunto de dados contendo  $n$  valores, em progressão aritmética, de razão  $r$  e média  $\bar{X}$ , em que o primeiro termo é denotado por  $X_1$  e o último por  $X_n$ , a variância é dada por:

$$S^2 = \frac{n(n+1)}{3(n-1)^2} (X_n - X_1)^2$$

Assim, para estimar os efeitos de bloco, é admitida a existência de  $b$  efeitos fixos, cujos valores configuram uma progressão aritmética de razão  $r$  com a particularidade de que  $B_1 = -B_b$  e  $\bar{B} = 0$ . Logo, o valor  $B_b$  é estimado por meio de:

$$B_b = \frac{(n-1)\sqrt{3\phi_b}}{\sqrt{n(n+1)}}$$

e os demais efeitos estabelecidos, considerando a razão da progressão aritmética dada, por:

$$r = \frac{B_b - B_1}{b-1}$$

### Simulação dos efeitos de genótipos

Para estimar os efeitos de genótipos, tanto fixos quanto aleatórios, é necessário conhecer o valor da variância genética, que é obtida a partir das informações sobre a herdabilidade ( $h^2$ ) e o coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ ). Dessa forma, primeiro é obtido o valor da variância ambiental por meio de:

$$\sigma^2 = \left( \frac{\mu CV_e}{100} \right)^2$$

Sabe-se que:

$$h^2 = \frac{100\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \frac{1}{b}\sigma^2}$$

logo,

$$\sigma_G^2 = \frac{\sigma^2 h^2}{b(100 - h^2)}$$

Como foram considerados aleatórios, admitiu-se que  $G_i \sim NID(0, \sigma_G^2)$ . Como o valor de  $\sigma_G^2$  é conhecido, estimam-se os efeitos usando a função randômica descrita anteriormente.

### Simulação dos erros aleatórios

Considerou-se que  $\varepsilon_i \sim NID(0, \sigma^2)$ , de forma que erros aleatórios e independentes puderam ser estimados usando a função randômica descrita anteriormente.

Conhecido o valor da média da característica e dos efeitos envolvidos, os valores fenotípicos de cada variável foram obtidos pelo modelo estatístico já apresentado.

### Análise de variância e correlações

Realizou-se a análise de variância individual em cada população, com os efeitos de genótipos (indivíduos) considerados aleatórios no modelo. A partir das análises de variância de cada uma das características estudadas, procedeu-se à análise da soma dos valores de X e Y, e as covariâncias ou produtos médios (PM) de cada fonte de variação foram estimadas, conforme Cruz et al. (2004), por meio de:

$$V(X + Y) = V(X) + V(Y) + 2Cov(X, Y)$$

e

$$Cov(X, Y) = \frac{V(X + Y) - V(X) - V(Y)}{2}$$

Por analogia com os quadrados médios, tem-se:

$$PM(X, Y) = \frac{QM(X + Y) - QM(X) - QM(Y)}{2}$$

em que PM(X,Y) é o produto médio entre os caracteres X e Y.

A estimação dos coeficientes de correlações fenotípicas entre os caracteres foi realizada com base na expressão:

### Correlação fenotípica

$$r_f = \frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMG_X QMG_Y}}$$

em que  $PMG_{XY}$  = produto médio entre os caracteres X e Y associados a genótipos (indivíduos).

### Teste t

A hipótese de que o coeficiente de correlação é igual a zero ( $H_0: \rho = 0$ ) foi avaliada pela estatística t, dada por:

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2},$$

em que t está associado a n-2 graus de liberdade (n é o número de pares de dados utilizados para o cálculo da correlação; em questão n = número de genótipos).

### Metodologia de bootstrap

A alternativa proposta para avaliar a significância do coeficiente de correlação é um procedimento empírico de *bootstrap* não-paramétrico, para verificação da possível utilização da metodologia para avaliar as significâncias das correlações genotípicas e ambientais.

O procedimento *bootstrap* é desenvolvido obtendo-se um número n de estimativas de correlações ( $\rho$ ), a partir do conjunto de dados original que é desestruturado (permutado). O procedimento proposto consiste nos seguintes passos, considerando duas características: - para uma das características analisadas (X ou Y), permutam-se as informações de cada tratamento, gerando novo conjunto de dados ( $n_i$ ); submete-se o novo conjunto de dados à análise de variância, conforme o modelo; obtém-se nova estimativa de correlação ( $\rho_i$ ), como descrito anteriormente; após a obtenção do número n de estimativas de correlação (recomendado n = 5.000), efetua-se o teste de hipótese da correlação considerando todas as n estimativas determinadas. O valor crítico de significância é obtido no vetor ordenado ( $\rho_{(i)}, i = 1, 2, \dots, n$ ) de correlações, considerando:

- para 1% de probabilidade

$$r \geq \rho(n - 0,01n + 1) \quad \text{ou} \quad r \leq \rho(0,01n - 1)$$

- para 5% de probabilidade

$$r \geq \rho(n - 0,05n + 1) \quad \text{ou} \quad r \leq \rho(0,05n - 1)$$

Para n = 5.000, por exemplo, a 5% de probabilidade, r será significativo se:

$$r \geq \rho(4751) \quad \text{ou} \quad r \leq \rho(249)$$

em que:

r = a estimativa da correlação do conjunto de dados original;

$\rho(4751)$  = é a estimativa de correlação, no vetor de correlações ordenadas, na posição 4751;

$\rho(249)$  = é a estimativa de correlação, no vetor de correlações ordenadas, na posição 249.

A acurácia do procedimento foi obtida comparando com o teste t nos níveis de significância de 1 e 5%, considerando os resultados de significância obtidos no teste t como hipótese verdadeira ( $H_0$ ). Os critérios estabelecidos foram: - o erro tipo I, isto é, a probabilidade de se rejeitar uma hipótese que é verdadeira; e o erro tipo II, que é a probabilidade de se aceitar uma hipótese que é falsa.

Na realização das análises estatísticas, foi utilizado o aplicativo computacional em genética e estatística denominado programa GENES (Cruz, 2006).

### Resultados e discussão

As correlações fenotípicas entre pares de características em oito populações e suas significâncias pelos testes de t e *bootstrap* são apresentadas na Tabela 1. Constata-se que foram geradas e analisadas 360 estimativas de correlações com diferentes magnitudes e sinais, possibilitando identificar pares de características com correlações positivas ou negativas e, também, de alta ou baixa magnitudes. Os resumos das significâncias e dos valores de erro tipo I e de erro tipo II são apresentados nas Tabelas 2 e 3, em relação aos níveis de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente.

Uma das discussões sobre a utilização do método *bootstrap* refere-se ao tamanho da amostra padrão (população inicial), na qual uma conclusão que depende severamente de somente algumas observações poderia ser usualmente considerada com mais tentativas (réplicas *bootstrap*) que uma que tem suporte em maior número de observações (Davison e Hinkley, 1997). A utilização do método *bootstrap* confrontado com os resultados obtidos pelo teste t a 1% de probabilidade (Tabela 2) proporcionou resultados idênticos para as populações de tamanho 25, 50, 100, 250, 500, 2.500 e 5.000, resultando em valores nulos (0% de probabilidade) para os erros tipo I e tipo II, demonstrando que 5.000 réplicas (estimativas de correlação) são adequadas para os diferentes tamanhos de população inicial.

A população constituída de 1.000 indivíduos apresentou 39 correlações não significativas pelo teste t e todas elas foram também não-significativas pelo método de *bootstrap*, resultando em erro tipo I nulo. A população apresentou, ainda, seis correlações significativas pelo teste t e, destas, cinco foram

significativas pelo método de *bootstrap* e uma foi não-significativa, resultando em 16,67% de erro tipo II. A eficácia da utilização do método de avaliação da significância por *bootstrap* não foi comprometida pelo tamanho da amostra estudada.

**Tabela 1.** Correlações fenotípicas em oito diferentes tamanhos de população em dez características dentro de cada população

Pares Caracteres	Tamanho da população							
	25	50	100	250	500	1000	2500	5000
C1 e C2 <sup>1</sup>	-0,05	0,17	-0,09	-0,10	0,02	0,01	0,00	0,00
C1 e C3	0,16	-0,21	0,03	0,00	0,05	-0,01	-0,01	0,02
C1 e C4	-0,09	-0,16	0,17	0,13 *	-0,07	0,01	0,00	0,02
C1 e C5	0,00	-0,15	0,04	-0,05	0,05	-0,03	0,01	0,01
C1 e C6	0,65***	0,72***	0,71***	0,69***	0,67***	0,73***	0,71***	0,70***
C1 e C7	0,36*	0,02	-0,18	-0,15	-0,04	0,01	-0,01	-0,02
C1 e C8	-0,07	-0,04	0,03	0,04	0,03	0,01	-0,02	0,00
C1 e C9	-0,13	-0,13	0,18	0,13 *	-0,06	0,01	0,00	0,02
C1 e C10	0,00	-0,14	0,03	-0,05	0,05	-0,03	0,01	0,01
C2 e C3	0,04	-0,05	0,01	-0,02	-0,03	0,08**	0,00	0,00
C2 e C4	0,05	-0,03	-0,05	0,00	0,01	0,02	-0,01	0,00
C2 e C5	0,06	0,03	-0,11	0,04	-0,03	-0,03	0,03	0,02
C2 e C6	0,00	0,22	0,00	-0,09	-0,06	0,02	0,01	0,00
C2 e C7	0,42**	0,77***	0,75***	0,70***	0,72***	0,72***	0,71***	0,69***
C2 e C8	-0,22	0,08	-0,05	0,01	0,02	0,05	0,00	-0,01
C2 e C9	-0,02	-0,01	-0,05	-0,01	0,02	0,02	-0,01	0,00
C2 e C10	0,07	0,05	-0,11	0,05	-0,03	-0,03	0,03	0,02
C3 e C4	-0,09	0,27 +	0,01	-0,01	0,01	0,02	-0,05	0,02
C3 e C5	-0,19	0,18	-0,06	0,02	-0,03	0,07	0,02	0,01
C3 e C6	0,10	-0,17	0,07	0,00	0,07	-0,01	0,03	0,02
C3 e C7	0,22	0,02	0,17	-0,06	-0,04	0,05	-0,01	0,01
C3 e C8	0,72***	0,80***	0,80***	0,70***	0,70***	0,68***	0,71***	0,70***
C3 e C9	-0,20	0,27*	0,04	-0,01	0,00	0,02	-0,05 *	0,02
C3 e C10	-0,19	0,17	-0,06	0,02	-0,03	0,07 *	0,02	0,01
C4 e C5	0,37*	-0,02	0,06	-0,02	0,00	0,02	-0,02	0,01
C4 e C6	-0,06	-0,14	0,09	0,01	-0,07	0,01	0,01	0,03
C4 e C7	-0,02	-0,01	-0,07	0,01	0,03	0,03	-0,02	0,00
C4 e C8	-0,07	0,19	0,05	-0,03	0,00	0,01	-0,03	0,01
C4 e C9	0,98***	0,98***	0,98***	0,98***	0,98***	0,98***	0,98***	0,98***
C4 e C10	0,35*	-0,03	0,05	-0,02	-0,01	0,02	-0,01	0,01
C5 e C6	-0,10	-0,03	0,04	0,00	0,04	-0,04	0,02	0,00
C5 e C7	-0,23	0,08	-0,05	0,02	-0,02	-0,01	0,04 *	0,00
C5 e C8	0,01	0,10	-0,04	0,10	0,01	0,08 *	0,03	0,01
C5 e C9	0,40**	-0,05	0,07	0,00	-0,02	0,01	-0,02	0,02
C5 e C10	1,00***	1,00***	1,00***	1,00***	1,00***	1,00***	1,00***	1,00***
C6 e C7	0,10	0,14	-0,18	-0,16	-0,06	0,01	0,00	-0,02
C6 e C8	0,01	0,11	0,07	0,02	0,03	-0,01	0,01	0,01
C6 e C9	-0,08	-0,16	0,10	0,02	-0,06	0,00	0,01	0,02
C6 e C10	-0,08	-0,02	0,03	-0,01	0,04	-0,04	0,01	0,00
C7 e C8	0,00	0,14	0,13	0,03	-0,03	0,04	-0,02	0,01
C7 e C9	-0,09	0,00	-0,06	0,01	0,04	0,04	-0,01	0,00
C7 e C10	-0,22	0,09	-0,05	0,02	-0,02	-0,01	0,04	0,00
C8 e C9	-0,10	0,21	0,08	-0,01	0,00	0,01	-0,03	0,01
C8 e C10	0,01	0,09	-0,04	0,11	0,01	0,08*	0,03	0,02
C9 e C10	0,38*	-0,06	0,06	0,00	-0,03	0,01	-0,01	0,02

\*\*\*: Significativo a 1 e 5%, pelo teste t, respectivamente; +, +, + : Significativo a 1 e 5%, respectivamente, por *bootstrap* com 5.000 simulações; Ci – características; /1 – cada característica apresentou valores específicos de CV, média geral e herdabilidade nos diferentes tamanhos de população.

Das 360 correlações observadas, considerando o confrontamento do método de *bootstrap* e teste t a 1% de probabilidade (Tabela 2), observa-se ausência de erro tipo I e presença de pequeno valor de erro tipo II de 2,5%, demonstrando a acurácia do método de *bootstrap* comparado ao teste t.

Em relação à utilização do método de *bootstrap* comparado com os resultados obtidos pelo teste t a 5% de probabilidade (Tabela 3), verificaram-se resultados idênticos ao teste para as populações de

tamanhos 100, 500 e 5.000, resultando em valores nulos (0% de probabilidade) para os critérios erro tipo I e erro tipo II. Entretanto, a população constituída por 25 indivíduos apresentou um erro tipo I de 10,26% acima do valor nominal estabelecido, devido ao fato de que, pelo teste t, 39 correlações foram não-significativas e, destas, 35 foram não-significativas pelo método *bootstrap* e quatro foram significativas. Na população de 50 indivíduos, obtiveram-se 40 correlações não-significativas pelo teste t e, destas, 38 foram não-significativas pelo *bootstrap* e duas foram significativas, perfazendo, assim, um erro tipo I de 5%, o qual é aceitável, sendo exatamente igual ao valor nominal estabelecido.

**Tabela 2.** Número de correlações (N.C.) significativas (Sig.) e não-significativas (N.S.), pelo teste t a 1% de probabilidade e, dentro destas, quantas foram significativas ou não-significativas pela metodologia proposta; porcentagem de erro do tipo I e II associada à metodologia.

Pop.	N.C.	Sig. Teste t	Bootstrap		Erro Tipo II	N.S. Teste t	Bootstrap		Erro Tipo I
			Sig.	N.S.			Sig.	N.S.	
25	45	4	4	0	0	41	0	41	0
50	45	5	5	0	0	40	0	40	0
100	45	5	5	0	0	40	0	40	0
250	45	5	5	0	0	40	0	40	0
500	45	5	5	0	0	40	0	40	0
1.000	45	6	5	1	16,67	39	0	39	0
2.500	45	5	5	0	0	40	0	40	0
5.000	45	5	5	0	0	40	0	40	0
Total	360	40	39	1	2,5	320	0	320	0

**Tabela 3.** Número de correlações significativas e não-significativas, pelo teste t a 5% de probabilidade e, dentro destas, quantas foram significativas ou não-significativas pela metodologia proposta; porcentagem de erro do tipo I e II associada à metodologia.

Pop.	N.C.	Sig. Teste t	Bootstrap		Erro Tipo II	N.S. Teste t	Bootstrap		Erro Tipo I
			Sig.	N.S.			Sig.	N.S.	
25	45	6	6	0	0	39	4	35	10,26
50	45	5	5	0	0	40	2	8	5
100	45	5	5	0	0	40	0	40	0
250	45	9	5	4	44,44	36	0	36	0
500	45	5	5	0	0	40	0	40	0
1.000	45	10	5	5	50	35	0	35	0
2.500	45	9	5	4	44,44	36	0	36	0
5.000	45	5	5	0	0	40	0	40	0
Total	360	54	41	13	24,07	306	6	300	1,96

As populações de 250 e 2.500 indivíduos apresentaram erro tipo II de 44,44% (Tabela 3), pois cada população exibiu nove correlações significativas pelo teste t e, destas, cinco foram significativas por *bootstrap* e quatro foram não-significativas. Outro valor alto, de 50%, de erro tipo II foi verificado na população de 1.000 indivíduos, em que, das dez correlações significativas pelo teste t, cinco foram não-significativas e cinco significativas por *bootstrap*.

Considerando todas as 360 correlações observadas do confronto do método de

*bootstrap* e teste t a 5% de probabilidade (Tabela 3), observam-se 1,96% de erro tipo I e 24,07% de erro tipo II. Evidencia-se que, no geral, para erro tipo I, o valor nominal foi abaixo do estabelecido; quanto ao erro tipo II, apresentou reduzido valor do teste.

Pode-se observar o valor de 16,67% de erro tipo II, na população de 1.000 indivíduos (Tabela 2), devido à presença de uma correlação não-significativa por *bootstrap* e significativa pelo teste t, com magnitude de 0,08 (Tabela 1) em melhoramento genético. Esta correlação, embora significativa pelo teste t, pode ser desconsiderada. A mesma observação pode ser extrapolada para as populações de 250, 1.000 e 2.500 (Tabela 3), pois erro tipo II de 44,44%, na população de 250 indivíduos, é resultado de quatro correlações não-significativas por *bootstrap* e significativas pelo teste t, as quais apresentam as magnitudes de 0,13; -0,15; 0,13 e -0,16 (Tabela 1). Na população de 1.000 indivíduos, o erro tipo II é de 50% (Tabela 3), as cinco correlações apresentam as magnitudes de 0,08; 0,07; 0,07; 0,08 e 0,08 (Tabela 1). E, na população de 2.500 indivíduos, o erro tipo II é de 44,44% (Tabela 3), as quatro correlações têm magnitudes de -0,05; -0,05; 0,04 e 0,04 (Tabela 1).

A análise do resultado do erro tipo I de 10,26%, na população de 25 indivíduos (Tabela 3), em virtude de quatro correlações significativas por *bootstrap* das 39 correlações não-significativas pelo teste t, denota outra observação interessante, pois as magnitudes destas correlações foram de 0,36; 0,37; 0,35 e 0,38 (Tabela 1), valores que, mesmo não significativos por teste t, devem ser considerados e receberem a devida atenção em programas de melhoramento. Para a população de 50 indivíduos (Tabela 3), que apresentou erro tipo I, embora tenha ficado dentro do aceitável para o estabelecido (5%), verifica-se que as duas correlações que foram significativas por *bootstrap*, entre as 40 não-significativas pelo teste t, apresentaram também magnitudes altas de correlação de 0,27 que, da mesma maneira, não devem ser desconsideradas em programas de melhoramento, mesmo não-significativas pelo teste t.

Pode-se concluir com os resultados de erro tipo I e erro tipo II, observados do confronto do método de *bootstrap* com o teste t, a 1% e 5% de probabilidade (Tabela 2 e 3, respectivamente), que o método de *bootstrap* apresenta alta confiabilidade e presta-se como procedimento adequado e útil que pode ser adotado para testar a significância de correlações genotípicas e ambientais para fins de melhoramento genético de múltiplas características. Relaciona-se, ainda, à robustez do método *bootstrap* o

estudo das magnitudes das correlações que proporcionaram os erros tipo I e tipo II em todas as populações, o qual demonstrou que todos resultados inadequados observados podem ser considerados como desprezíveis. Fato este relevante e que propicia hipótese de que, em melhoramento de plantas, o método de *bootstrap* é adequado não só para testar as significâncias de correlações genética e ambiental, mas também para as correlações fenotípicas.

### Conclusão

O método *bootstrap* proporcionou resultados idênticos aos obtidos pelo teste t a 1% de probabilidade, para as populações de tamanho de 25, 50, 100, 250, 500, 2.500 e 5.000, demonstrando a adequabilidade de 5.000 réplicas (estimativas de correlação).

A eficácia da utilização do método de avaliação da significância por *bootstrap* não foi comprometida pelo tamanho da amostra estudada.

O método *bootstrap* apresenta alta confiabilidade e presta-se como procedimento adequado e útil que pode ser adotado para testar a significância de correlações genotípicas e ambientais para fins de melhoramento genético de múltiplas características.

O estudo das magnitudes das correlações que proporcionaram os erros tipo I e II em todas as populações revela que, em programas de melhoramento de plantas, o método de *bootstrap* é adequado não só para testar as significâncias de correlações genéticas e ambientais, mas também para testar as correlações fenotípicas.

### Referências

- BECKER, W.A. *Quantitative genetics*. Seattle: Washington State University Press, 1984.
- CEDILHO, D.S.O. *et al.* Correlation and repeatability in progenies of African oil palm. *Acta Sci. Agron.*, Maringá, v. 30, n. 2, p. 197-201, 2008.
- CRUZ, C.D. *Programa genes: estatística experimental e matrizes*. Viçosa: UFV, 2006.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.S.C. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2.
- CRUZ, C.D. *et al.* *Modelos biométricos aplicados ao*

*melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004.

DAVISON, A.C.; HINKLEY, D.V. *Bootstrap methods and their application*. New York: Cambridge University Press, 1997.

ECOCHARD, R.; RAVELOMANANTSOA, Y. Genetic correlations derived from full-sib relationships in soybean (*Glycine max* Merr.). *Theor. Appl. Genet.*, Berlin, v. 63, n. 1, p. 9-15, 1982.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. 4. ed. New York: Longman, 1996.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *The American Naturalist*, Chicago, v. 86, n. 830, p. 293-298, 1952.

HÉBERT, D. *et al.* Genetic, phenotypic, and environmental correlations in black medic, *Medicago lupulina* L., grown in three different environments. *Theor. Appl. Genet.*, Berlin, v. 88, n. 5, p. 604-613, 1994.

HUANG, H. *et al.* Quantitative analysis of correlations among flower traits in *Gerbera hybrida* Compositae. Direct and mean correlated response to selection. *Theor. Appl. Genet.*, Berlin, v. 80, n. 4, p. 559-563, 1990.

KOMINAKIS, A.P. Phenotypic correlations as substitutes to genetic correlations in dairy sheep and goats. *J. Anim. Breed. Genet.*, Berlin, v. 120, n. 4, p. 268-281, 2003.

MURREN, C.J. *et al.* Evolution of phenotypic integration in *Brassica* (Brassicaceae). *Am. J. Bot.*, Baltimore, v. 89, n. 4, p. 655-663, 2002.

PANDEY, R.M. Genetic associations in *Amaranthus*. *Indian J. Genet. & Plant Breed.*, New Delhi, v. 41, n. 1, p. 78-83, 1981.

RESENDE, M.D.V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

SCHEINBERG, E. The sampling variance of the correlation coefficients estimated in genetic experiments. *Biometrics*, Washington, D.C., v. 22, n. 1-2, p. 187-191, 1966.

SIMMONDS, N.W. *Principles of crop improvement*. New York: Longman, 1979.

Received on October 02, 2007.

Accepted on March 05, 2008.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.