

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO JOÃO DEL REI

ESTUDO GENÉTICO-QUANTITATIVO DE PESO, MORFOMETRIA E OVIPOSIÇÃO  
DE ABELHAS RAINHAS AFRICANIZADAS SOB SIMULAÇÃO

EDUARDO HENRIQUE MARTINS

SÃO JOÃO DEL REI – MG

OUTUBRO DE 2018  
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO JOÃO DEL REI  
*CAMPUS* TANCREDO DE ALMEIDA NEVES  
CURSO DE BACHARELADO EM ZOOTECNIA

ESTUDO GENÉTICO-QUANTITATIVO DE PESO, MORFOMETRIA E OVIPOSIÇÃO  
DE ABELHAS RAINHAS AFRICANIZADAS SOB SIMULAÇÃO

EDUARDO HENRIQUE MARTINS

SÃO JOÃO DEL REI – MG  
OUTUBRO DE 2018

EDUARDO HENRIQUE MARTINS

ESTUDO GENÉTICO-QUANTITATIVO DE PESO, MORFOMETRIA E OVIPOSIÇÃO  
DE ABELHAS RAINHAS AFRICANIZADAS SOB SIMULAÇÃO

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Bacharelado em Zootecnia, da Universidade Federal de São João del-Rei, *Campus* Tancredo de Almeida Neves, como parte das exigências para a obtenção do diploma de Bacharel em Zootecnia.

Orientador: Leila de Genova Gaya (*UFSJ/CTAN*)

SÃO JOÃO DEL REI – MG

OUTUBRO DE 2018

Ficha catalográfica elaborada pela Divisão de Biblioteca (DIBIB)  
e Núcleo de Tecnologia da Informação (NTINF) da UFSJ,  
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

M379 Martins, Eduardo Henrique.  
ESTUDO GENÉTICO-QUANTITATIVO DE PESO, MORFOMETRIA  
E OVIPOSIÇÃO DE ABELHAS RAINHAS AFRICANIZADAS SOB  
SIMULAÇÃO / Eduardo Henrique Martins ; orientadora  
Leila Genova Gaya . -- São João del-Rei, 2018.  
43 p.

Trabalho de Conclusão (Graduação - Zootecnia) --  
Universidade Federal de São João del-Rei, 2018.

1. Apis mellifera. 2. DEP. 3. máxima  
verossimilhança restrita. 4. parâmetros genéticos. 5.  
seleção. I. Genova Gaya , Leila, orient. II. Título.

EDUARDO HENRIQUE MARTINS

ESTUDO GENÉTICO-QUANTITATIVO DE PESO, MORFOMETRIA E OVIPOSIÇÃO  
DE ABELHAS RAINHAS AFRICANIZADAS SOB SIMULAÇÃO

Defesa Aprovada pela Comissão Examinadora em: 30/10/18

Comissão Examinadora:



---

Me. Graziela Tarôco  
Doutoranda em Zootecnia  
Universidade Federal de Lavras (UFLA)




---

Me. Diana Carla Fernandes Oliveira  
Doutoranda em Zootecnia  
Universidade Federal de Lavras (UFLA)



---

Matheus Henrique Vargas de Oliveira  
Mestrando em Genética e Melhoramento Animal  
Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (FCAV/UNESP)



---

Profª. Drª. Leila de Genova Gaya  
Universidade Federal de São João Del Rei (UFSJ)  
Curso de Bacharelado em Zootecnia / *Campus* Tancredo de Almeida Neves  
Presidente

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente ao **Pai Celestial**, que me permitiu vivenciar todos os momentos até hoje.

Aos meus pais, **Gilza** e **Donizetti**, pelos conselhos, ensinamentos e dedicação para que eu chegasse até aqui.

Ao meu **amor**, por sempre estar do meu lado.

A todos os **professores da Zootecnia**, pois me ajudaram a crescer intelectual e moralmente.

Em especial, à professora **Leila**, pela dedicação, ética e paciência na orientação. Por ensinar, incentivar e aconselhar com maestria. Minha eterna gratidão por você ser quem você é.

A todas as amigadas que conquistei na Zootecnia, pela caminhada, que compartilhada, se tornou mais leve.

E a todos que, mesmo indiretamente, contribuíram para minha formação.

## RESUMO

MARTINS, E.H. **Estudo genético-quantitativo de peso, morfometria e oviposição de abelhas rainhas africanizadas sob simulação**. 2018, 42f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) – Universidade Federal de São João Del Rei, São João Del-Rei, 2018

Objetivou-se estimar as tendências e parâmetros genéticos e fenotípicos para dados simulados de peso corporal (PC), largura abdominal (LA), comprimento abdominal (CA) e oviposição (OV), além das diferenças esperadas na progênie das rainhas africanizadas. A simulação foi conduzida com base em dados da região do Campo das Vertentes, Minas Gerais, com a finalidade de fundamentar programas de melhoramento genético de abelhas. As estimativas das análises genéticas foram realizadas por modelos de uni e bicaracterísticas, sendo os componentes de (co) variância estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita. As tendências foram estimadas por regressões, com base no valor fenotípico e genético de cada animal. As diferenças esperadas na progênie (DEP) foram estimadas com base no valor genético dos animais para todas as características estudadas. As herdabilidades encontradas para PC, LA, CA e OV foram de 0,54, 0,47, 0,31 e 0,66 respectivamente. Correlações genéticas positivas e de alta magnitude foram encontradas para PC e LA (0,80), PC e OV (0,69), LA e OV (0,82) e CA e OV (0,96). Para PC e CA (0,11) e LA e CA (0,26) as correlações genéticas podem ser consideradas de moderada a baixa magnitude. Já as correlações fenotípicas, foram de alta magnitude e positivas para PC e LA (0,97), PC e CA (0,96) e LA e CA (0,98). Para OV e CA (0,02), OV e LA (-0,02) e OV e PC (-0,03), foram encontradas correlações fenotípicas de magnitude quase nula. As tendências fenotípicas não foram significativas para as características estudadas ( $p < 0,05$ ). Já as tendências genéticas foram significativas ( $p < 0,05$ ) para PC (-0,00812 g), LA (-0,21606 mm), CA (-0,21913 mm) e OV (-227,80629 ovos/quadro). Os animais foram classificados de acordo com os valores de DEP para todas as características. As características PC, LA, CA e OV podem ser utilizadas como critério de seleção nesta população de abelhas africanizadas. O estudo da tendência genética evidenciou um decréscimo no valor genético das características ao longo das gerações, pressupondo a ineficiência ou ausência de seleção. Recomenda-se a utilização do acasalamento entre os indivíduos da população biológica com valores genéticos semelhantes aos animais ranqueados como superiores nesta população simulada, principalmente como os valores genéticos do indivíduo 10. Novos estudos envolvendo estas características devem ser realizados em populações com dados biológicos, a fim de observar o impacto da seleção para estas características em outras características de interesse econômico.

**Palavras-chave:** *Apis mellifera*, DEP, máxima verossimilhança restrita, parâmetros genéticos, seleção, tendência

## ABSTRACT

MARTINS, E.H. **Genetic-quantitative study of weight, morphometry and oviposition of Africanized queen bees under simulation.** 2018, 42s. Final paper (Undergraduation) - Federal University of São João del Rei, São João Del-Rei, 2018.

The objective of this study was to estimate trends and genetic and phenotypic parameters for simulated data on body weight (BW), abdominal width (AW), abdominal length (AL) and oviposition (OV), as well as expected differences in the progeny of the Africanized queens. The simulation was carried out based on data from the region of Campo das Vertentes, Minas Gerais, in order to establish genetic improvement programs for bees. Estimates of the genetic analyzes were performed by uni and bicaracterísticas models, and the (co) variance components were estimated by the Restricted Maximum Likelihood method. Trends were estimated by regressions, based on the phenotypic and genetic value of each animal. The expected differences in progeny (DEP) were estimated based on the genetic value of the animals for all the characteristics studied. The heritabilities found for BW, AW, AL and OV were 0.54, 0.47, 0.31 and 0.66 respectively. Positive and high magnitude genetic correlations were found for BW and AW (0.80), BW and OV (0.69), AW and OV (0.82) and AL and OV (0.96). For BW and AL (0.11) and AW and AL (0.26) genetic correlations can be considered moderate to low magnitude. Phenotypic correlations were high and positive for BW and AW (0.97), BW and LA (0.96) and AW and AL (0.98). For OV and AL (0.02), OV and AW (-0.02) and OV and BW (-0.03), phenotypic correlations of almost null magnitude were found. The phenotypic trends were not significant for the studied characteristics ( $p < 0.05$ ). The genetic trends were significant ( $p < 0.05$ ) for BW (-0.00812 g), AW (-0.21606 mm), AL (-0.21913 mm) and OV (-227.80629 eggs / table). The animals were classified according to the DEP values for all the characteristics. The characteristics BW, AW, AL and OV can be used as selection criteria in this population of Africanized bees. The study of the genetic tendency evidenced a decrease in the genetic value of the characteristics throughout the generations, assuming the inefficiency or absence of selection. It is recommended to use mating between individuals of the biological population with genetic values similar to the animals ranked as superior in this simulated population, mainly as the genetic values of the individual 10. New studies involving these characteristics should be carried out in populations with biological data, order to observe the impact of selection for these characteristics on other characteristics of economic interest.

**Keywords:** *Apis mellifera*, DEP, genetic parameters, restricted maximum likelihood, selection, trend



## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b>	Tendência genética para PC (peso corporal) em gramas/geração .....	21
<b>Figura 2.</b>	Tendência genética para LA (largura abdominal) em milímetros/geração .....	22
<b>Figura 3.</b>	Tendência genética para CA (comprimento abdominal) em milímetros/geração .....	22
<b>Figura 4.</b>	Tendência genética para OV (oviposição da rainha) em ovos/quadro/geração .....	23

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b>	Número de observações (N), média (M), desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) das características biológicas nas abelhas africanizadas da população estudada .....	15
<b>Tabela 2.</b>	Número de observações (N), média (M), desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) das características simuladas nas abelhas africanizadas da população estudada .....	15
<b>Tabela 3.</b>	Componentes de variância e herdabilidades para peso corporal (PC), largura abdominal (LA), comprimento abdominal (CA) e oviposição (OV) por meio de análises unicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada .....	16
<b>Tabela 4.</b>	Componentes de variância e herdabilidades para as características analisadas por meio de análises bicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada .....	16
<b>Tabela 5.</b>	Componentes de covariâncias genéticas $\pm$ erro padrão (acima da diagonal) e covariâncias residuais $\pm$ erro padrão (abaixo da diagonal) para as características analisadas por meio de análises bicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada .....	18
<b>Tabela 6.</b>	Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) entre as características analisadas por meio de análises bicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada .....	18
<b>Tabela 7.</b>	Coefficientes da regressão linear com seus respectivos valores de $p$ e coeficientes de determinação ( $R^2$ ) dos modelos dos valores fenotípicos dos indivíduos em função das gerações para as características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada .....	20

<b>Tabela 8.</b>	Coeficientes da regressão linear com seus respectivos valores de $p$ e coeficientes de determinação ( $R^2$ ) dos modelos dos valores genéticos dos indivíduos em função das gerações para as características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada	20
<b>Tabela 9.</b>	Número de observações (N), média (M), desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) dos valores genéticos das características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada .....	23
<b>Tabela 10.</b>	Diferenças esperadas na progênie (DEP) dos animais superiores e inferiores para as características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada .....	25

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	3
2.1 Melhoramento genético em abelhas africanizadas .....	3
2.2 Peso corporal, características morfométricas e oviposição como critério de seleção .....	4
2.3 Simulação de dados .....	5
2.4 Parâmetros genéticos .....	6
2.5 Tendências genéticas e fenotípicas .....	7
3. HIPOTÉSES .....	8
4. OBJETIVO .....	8
4.1 Objetivos gerais .....	8
4.2 Objetivos específicos .....	8
5. MATERIAL E MÉTODOS.....	9
5.1 Coleta dos dados .....	9
5.2 Simulação dos dados.....	9
5.3 Análises estatísticas .....	10
5.4 Análises genéticas dos dados simulados .....	10
5.5 Critério de convergência.....	12
5.6 Estimativa de herdabilidade .....	12
5.7 Estimativas de correlações .....	12
5.7.1 Correlação genética .....	12
5.7.2 Correlação fenotípica .....	13
5.8 Tendências.....	13
5.9 Diferença esperada na progênie .....	14
5.10 Acurácia e confiabilidade.....	14
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	15
6.1 Estatísticas Descritivas .....	15
6.2 Componentes de variância e herdabilidades .....	16

6.3 Componentes de (co) variâncias e de correlações genéticas e fenotípicas.....	18
6.4 Tendências.....	19
6.4.1 Tendências fenotípicas .....	19
6.4.2 Tendências genética .....	20
6.5 Valores genéticos.....	24
6.6 Diferença esperada na progênie (DEP) .....	24
7. CONCLUSÃO .....	27
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	28

## 1. INTRODUÇÃO

O Brasil é reconhecido mundialmente pela produção apícola. Segundo dados do IBGE (2017), o país ocupou a 9ª posição dentre os maiores exportadores de mel em 2016 produzindo quase 40 mil toneladas, e em 2017 produziu mais de 41 mil toneladas. Desta maneira, a apicultura se evidencia como um alicerce para o fortalecimento da produtividade apícola relacionada ao desenvolvimento sustentável do país (Martins, 2014). Alguns dos motivos que possibilita este feito, é a grande extensão territorial, elevada diversidade da flora e a adaptação das abelhas africanizadas. Com a adaptação destas abelhas, houve a necessidade dos apicultores readequarem seus manejos às exigências deste animal, gerando produtos apícolas de forma mais segura e tendo menores índices de perdas nas entressafras. Apesar de uma posição de destaque na exportação, as colmeias, de modo geral, possuem médias baixas de produções de mel e outros produtos apícolas.

Cada indivíduo dentro da colônia tem sua função. De modo geral, os zangões têm papel reprodutivo, as rainhas de manter a população realizando posturas e as operárias são responsáveis pela manutenção e funcionamento dentro da colmeia. A rainha é a única fêmea naturalmente com capacidade de se reproduzir, portanto, responsável pela transferência do material genético que compõem todo o enxame.

Para que uma colmeia seja mais eficiente em produção, é necessário que haja atuação conjunta de fatores genéticos e ambientais. Sabendo-se que a rainha contribui com a manutenção dos genes na população, a seleção destes indivíduos pode garantir o aumento da produtividade. Nesse sentido, para que essa seleção seja efetiva, é essencial conhecer o comportamento das variáveis que influenciam o desempenho do enxame para o objetivo de seleção desejado. Características morfométricas, como comprimento abdominal e largura abdominal, juntamente com peso corporal e oviposição podem descrever a vida reprodutiva de uma rainha, o que pode ser decisivo para a manutenção de um grande enxame. Conhecer o

comportamento de cada uma dessas variáveis e como se correlacionam, se torna importante para presumir os ganhos genéticos ao selecionar estes indivíduos.

Parâmetros genéticos são calculados pelos componentes de (co) variância estimados para as variáveis, portanto, variam de acordo com a composição da população estudada. Estes só se tornam confiáveis diante de uma análise bem realizada em um banco de dados extenso e seguro. Uma alternativa, em situações onde a coleta de informações dos fenótipos é inviabilizada por quaisquer motivos, é a simulação de dados, que permite a partir de um número reduzido de indivíduos, criar uma população numerosamente maior, podendo-se proceder com as análises genético-estatísticas.

Evidenciando-se a existência de variabilidade genética e de associação das características de interesse, as estratégias de seleção nesta população poderão ser definidas com mais propriedade. Faz-se necessário, portanto, estimar as tendências e os parâmetros genéticos e fenotípicos para as características peso corporal, largura e comprimento abdominal, e oviposição na população simulada de abelhas africanizadas na Região do Campo das Vertentes, Minas Gerais. Esse tipo de investigação tem como finalidade a proposição do uso de critérios de seleção para uma população de abelhas africanizadas sob seleção, visando o aumento dos ganhos genéticos e fenotípicos através da identificação dos indivíduos superiores.

## **2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1 Melhoramento genético em abelhas africanizadas**

As abelhas são insetos de hábitos coloniais, possuindo três castas distintas com funções bem definidas: rainha, operárias e zangões. O sexo dos indivíduos é determinado pela fecundação gerando as fêmeas diploides, ou por ovos não fecundados, gerando os machos haploides (Tucker, 1958). Este sistema é determinado por haplodiploidia. Sendo a única fêmea com o aparelho reprodutor desenvolvido e capaz de fazer a postura natural, a rainha se diferencia das operárias na quantidade de geleia real que recebem como alimento no início da vida (Souza *et al.*, 2007). Diante disto, este indivíduo se torna essencial dentro de uma colônia e é responsável pelo material genético disseminado em sua progênie (Page Jr & Peng, 2001; Sanderson & Hall, 1948; Zayed, 2009).

O melhoramento genético atua na manutenção de genes desejáveis na população de interesse, podendo auxiliar no aumento da produtividade de uma colônia gerando maiores lucros para o produtor (Martinez & Soares, 2012; Souza *et al.*, 2012). Isso pode ser feito selecionando rainhas de maior potencial genético, o que pode ocasionar o progresso genético das variáveis de interesse ao decorrer das gerações (Martinez & Soares, 2012).

A diferença esperada na progênie (DEP) é uma ferramenta utilizada na seleção de animais superiores que é definida como a diferença entre o desempenho médio da progênie de um indivíduo e o desempenho médio da progênie de um grupo de indivíduos referência, quando acasalados com animais geneticamente semelhantes. Pode-se observar na própria definição, que DEP é uma medida relativa, pois é dependente de um referencial. Para uma comparação mais justa, o ideal é a ponderação não só da DEP, mas também do referencial em que cada uma foi submetida. Resultante de uma fórmula matemática, tem a finalidade de estimar o valor genético de um animal em números, com menor índice de erro possível (Pereira, 2008). É determinada para cada característica estudada e expressa pela mesma unidade de medida das características.



Deve-se levar em consideração a acurácia, que é definida pela proximidade do valor predito com o valor real. Se trata de uma medida de risco, sendo assim, aconselha-se que se pondere a utilização do animal devido o valor de sua DEP relacionado com sua acurácia, para as características de interesse.

Essas características podem garantir maiores produções e melhor qualidade dos produtos apícolas, juntamente com características reprodutivas, podendo compor os critérios de seleção em um programa de melhoramento genético de abelhas africanizadas (Camargo *et al*, 2015). Parâmetros morfométricos e de oviposição em abelhas rainhas à idade adulta são escassos na literatura e podem ser estudados para que sejam monitorados e levados em consideração (Martins, 2014).

## **2.2 Peso corporal, características morfométricas e oviposição como critério de seleção**

Os parâmetros genéticos para peso da rainha à idade adulta em abelhas africanizadas tem sido pouco relatado na literatura. São observados estudos avaliando o peso à emergência, que consiste no peso da rainha logo após a emergência, podendo este ser utilizado como um critério de seleção, já que pode-se correlacioná-lo em alta intensidade com outras características de interesse econômico, como medidas morfométricas (Martins, 2014; Halak, 2012; Maia, 2009). Outro fator correlacionado à produção (Cale, 1968) e a população (Woyke, 1984) é a oviposição da rainha e a área de cria (Tood & Reed, 1970), o que poderia tornar essas colônias mais populosas e eficientes na produção apícola (Harbo, 1986).

Selecionar rainhas mais pesadas à emergência pode resultar em ganhos genéticos para outras características que contemplam o objetivo de seleção em alguns programas de melhoramento genético de abelhas (Martins, 2014; Halak, 2012; Maia, 2009). Quando não há esta informação seja por falha na escrituração zootécnica ou pela falta de domínio do produtor na técnica de produção de rainhas, se torna impossível afirmar que é vantajoso a seleção destes animais por meio destas características. Diante destas e de outras situações, é essencial

que se realizem estudos contemplando informações de peso na idade adulta do indivíduo, e relacionando-o com outras características de interesse econômico, como mencionadas acima. Não há na literatura pertinente relatos que contribuam neste sentido.

As características morfométricas consistem basicamente nas medidas corporais dos indivíduos. Há grande importância do estudo destas características para descrever seus comportamentos e correlacioná-las de forma a auxiliar no processo de seleção genética e fenotípica, indireta ou direta (Assis, 2017). Diante destas informações é possível prever os ganhos genéticos após as gerações e estudar o comportamento de cada variável ao longo do período de seleção. Martins (2014) e Camargo *et al.* (2015) em estudo com abelhas africanizadas, descreveram que as medidas externas do abdômen das rainhas estão correlacionadas com sua produção de ovos, dentre outras características reprodutivas.

A oviposição consiste na capacidade da rainha de depositar seus ovos nas células de postura, e está correlacionada com o tamanho do enxame. Estabelecida sua postura, é previsível o número de nascimentos de abelhas (Maia, 2009). Relacionar esta característica com as demais que podem compor os programas de melhoramento genético de abelhas se torna essencial, pois garante que um enxame possa se manter com um alto número de indivíduos e assim obter maiores chances de coletar alimento na natureza, resultando em maiores produtividades (Free & Prece, 1969).

Diante do apresentado, ressalta-se a importância do estudo destas variáveis, visando promover a eficiência de um programa de melhoramento genético de abelhas, selecionando rainhas com maiores índices produtivos e reprodutivos.

### **2.3 Simulação de dados**

Tanto no melhoramento animal quanto na genética, há uma carência de *softwares* que facilitem o trabalho dos cientistas nas instituições de pesquisas. Pesquisadores que necessitam trabalhar com grande volume de informações em bancos de dados, requerem processamento adequado para estimar parâmetros estatísticos e biológicos de forma confiável (Cruz, 1998).

A simulação de dados tem se tornado uma ferramenta comum em estudos de melhoramento genético, sobretudo na avaliação de metodologias utilizadas na estimação de componentes de (co) variância e na predição de valores genéticos (Junior *et al.*, 2004). Na literatura há vários trabalhos utilizando a simulação para testar a conectividade de dados (Carneiro *et al.*, 2001), pois esta ferramenta permite estabelecer várias estruturas com diferentes conectividades entre elas (Analla *et al.*, 1995). É uma técnica onerosa computacionalmente, mas apresenta vantagens que se tornam indispensáveis em determinadas situações, como quando a aplicação de outro método de avaliação seria inviável (Junior *et al.*, 2004). De modo geral, pode-se simular utilizando desvios normais ou estruturas semelhantes à do material genético, em que a expressão de uma característica é dada pela contribuição de uma série de genes (Junior *et al.*, 2004).

#### **2.4 Parâmetros genéticos**

A seleção é um dos métodos de melhoramento genético e se fundamenta basicamente na variação genética aditiva da característica de interesse. A herdabilidade ( $h^2$ ) é de fundamental importância para a definição dos métodos de melhoramento genético mais adequados, sendo representada pela fração da variância fenotípica total que se deve à ação genética aditiva direta (Pereira, 2008).

Para eficiência da seleção faz-se necessário o conhecimento de estimativas de herdabilidades das características de importância econômica, bem como, estimativas de correlações genéticas entre elas, uma vez que estes parâmetros não são constantes na população (Pereira, 2008). A correlação genética ( $r_g$ ) mede o grau de inter-relação entre as variáveis, o que se deve à pleiotropia e/ou ligação entre genes (Falconer, 1987).

Os parâmetros genéticos são definidos pelos componentes de (co)-variância nas diversas populações, ou seja, são específicos para determinada característica em uma população.

## **2.5 Tendências genéticas e fenotípicas**

As tendências genéticas e fenotípicas das características de interesse econômico em determinada população podem ser estimadas por meio de regressão dos valores sobre um período (Santos *et al.*, 2012) e, quando observadas periodicamente, permitem a avaliação da eficiência dos programas de melhoramento genético (Boligon *et al.*, 2005) ou de efeitos de seleção indireta.

As regressões representam a eficiência e a direção em que têm ocorrido as mudanças genéticas ou fenotípicas. Portanto, ao se analisar os gráficos, podem-se identificar os pontos fortes e fracos da colônia, o que é de fundamental importância para a escolha correta dos animais que serão utilizados nos próximos acasalamentos de modo a complementar ou corrigir as deficiências da colônia (Nelore Qualitas, 2018).

Por meio do conhecimento dos parâmetros genéticos e das estimativas de mudança genética e fenotípica é possível realizar o acompanhamento e estabelecimento de diretrizes que guiem os programas de melhoramento genético, apreciando o ganho genético ao longo do tempo para que os resultados sirvam de elementos orientadores de ações futuras (Santos *et al.*, 2012).

### **3. HIPOTÉSES**

- Existe variabilidade genética aditiva para as características peso corporal, largura e comprimento abdominal, e oviposição em população simulada de abelhas africanizadas na Região do Campo das Vertentes, Minas Gerais.

- Existem associações genéticas ou fenotípicas entre essas características.

- A população sofreu seleção direta ou indireta ao longo das gerações para as características avaliadas.

- Há indivíduos superiores nesta população, que podem promover o aumento dos ganhos genéticos e fenotípicos, para as variáveis de interesse.

### **4. OBJETIVO**

#### **4.1 Objetivos gerais**

Estimar as tendências genéticas e fenotípicas e os parâmetros genéticos para dados simulados de peso corporal, largura abdominal, comprimento abdominal e oviposição, de forma a discutir a escolha dos critérios de seleção a serem aplicados no programa de melhoramento genético de abelhas africanizadas na Região do Campo das Vertentes, Minas Gerais.

#### **4.2 Objetivos específicos**

- Estimar os componentes de (co) variância das características avaliadas, aplicando-se o método da Máxima Verossimilhança Restrita, a fim de estimar herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas entre as variáveis.

- Identificar indivíduos superiores na população simulada e recomendar critérios e estratégias de seleção direta e indireta, visando discutir o aumento dos ganhos genéticos e fenotípicos para as variáveis estudadas.

## **5. MATERIAL E MÉTODOS**

### **5.1 Coleta dos dados**

A coleta de dados a campo foi realizada em apiários distribuídos nas cidades de São João del-Rei, Coronel Xavier Chaves, Lagoa Dourada e Resende Costa, municípios da Região do Campos da Vertentes, Minas Gerais. As informações fenotípicas das rainhas foram coletas entre abril de 2016 a maio de 2017. Para a mensuração das variáveis morfológicas, largura abdominal e comprimento abdominal das rainhas, utilizou-se um paquímetro digital, sendo registradas em milímetros (mm). Além disso, foi registrado o peso corporal de cada rainha, em gramas (g), utilizando uma balança digital com escala 0,01g. Para o registro da oviposição em ovos/quadro, utilizou-se a metodologia adaptada de Al-tikrity *et al.* (1971). Os quadros, considerando uma área de 840 cm<sup>2</sup>, contendo 4,4 alvéolos/cm<sup>2</sup> eram colocados dentro de sacos plásticos transparentes delimitando as áreas de postura com caneta hidrográfica permanente para posterior medição das áreas ocupadas com ovos-larvas, pupas de operárias e pupas de zangões, em cada lado dos favos, com auxílio de uma folha quadriculada com quadrados medindo 1x1 cm. Foram registrados os dados completos de 24 indivíduos, a partir dos quais procedeu-se com a simulação dos dados a serem analisados.

### **5.2 Simulação dos dados**

Os dados foram simulados em parceria com o grupo de estudos em estatística e melhoramento genético animal da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), da Universidade de São Paulo (USP), utilizando o *software* QMSim (Sargolzaei & Schenkel, 2009). A população histórica foi constituída inicialmente por 1.000 indivíduos por geração, número que foi mantido até a geração 1.000, seguido de uma redução gradual no tamanho da população até a geração 2.000, a qual foi composta por 100 indivíduos. Além disso, esta população foi gerada considerando acasalamentos aleatórios, assim as progênes foram geradas a partir da união aleatória de gametas.

No próximo passo da simulação, os animais da última geração da população histórica foram considerados como fundadores (5 machos e 5 fêmeas) da população de expansão, a qual foi composta por 5 gerações, considerando 30 progênies por fêmea por geração, com crescimento exponencial do número de fêmeas, união aleatória de gametas e ausência de seleção. Para cada característica, as simulações foram repetidas 10 vezes, e os resultados foram obtidos a partir das médias e desvios-padrão das repetições para cada cenário.

### **5.3 Análises estatísticas**

Os dados foram processados no Laboratório de Melhoramento Animal do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, em Botucatu – São Paulo. Por intermédio do *software* Microsoft Office Excel<sup>®</sup> foi realizada a análise de consistência dos dados, eliminando-se informações incompletas ou duvidosas.

Foram então calculadas as estatísticas descritivas (número de observações, média, desvio-padrão, coeficiente de variação, valores mínimo e máximo) para as características peso corporal (PC), largura corporal (LA), comprimento corporal (CA) e oviposição (OV), obtidas por intermédio do pacote estatístico *Statistical Analysis System*<sup>®</sup> (Sas institute, 2011) pelo procedimento PROC MEANS, dos dados biológicos e simulados.

A avaliação da fonte de variação não-genética (gerações) foi realizada pelo método dos modelos lineares generalizados (PROC GLM) do pacote estatístico *Statistical Analysis System*<sup>®</sup> (Sas institute, 2011) e incluída no modelo, para todas características estudadas, assumindo-se o nível de significância estatística de 5% ( $p < 0,05$ ).

### **5.4 Análises genéticas dos dados simulados**

Foram realizadas análises genéticas uni e bicaracterísticas e os componentes de (co) variância foram estimados pelo método REML (Máxima Verossimilhança Restrita), por intermédio do *software* AIREMLF90, desenvolvido por Misztal *et al.* (2002).

O modelo estatístico completo utilizado nas análises unicaracterísticas pode ser representado como:

$$Y = X\beta + Z\mu + \varepsilon$$

em que:

$Y$ = vetor das variáveis dependentes;

$\beta$ = vetor dos efeitos fixos;

$\mu$ = vetor do efeito aleatório genético aditivo direto;

$\varepsilon$ = vetor de efeito aleatório do resíduo;

$X$  e  $Z$ = matrizes de incidência associando  $\beta$  e  $\mu$  com  $Y$ .

Já, o modelo matricial completo utilizado nas análises bicaracterísticas pode ser representado como:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \end{bmatrix}$$

em que:

$Y_1$ = vetor dos registros de medidas da característica 1;

$Y_2$ = vetor dos registros de medidas da característica 2;

$\beta_1$ = vetor de efeitos fixos para característica 1;

$\beta_2$ = vetor de efeitos fixos para característica 2;

$\mu_1$ = vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos para a característica 1;

$\mu_2$ = vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos para a característica 2;

$\varepsilon_1$ = vetor dos efeitos aleatórios residuais para a característica 1;

$\varepsilon_2$ = vetor dos efeitos aleatórios residuais para a característica 2;

$X_1(X_2)$ = matriz de incidência associando elementos de  $\beta_1(\beta_2)$  a  $Y_1(Y_2)$ ;

$Z_1(Z_2)$ = matriz de incidência associando elementos de  $\mu_1(\mu_2)$  a  $Y_1(Y_2)$ .



## 5.5 Critério de convergência

O critério de convergência assumido foi quando a variância da *simplex* alcançou  $10^{-9}$  e isto ocorre quando a variação do valor do *log* da função do ciclo anterior e do presente for menor que  $10^{-9}$ . Foram realizadas várias reinicializações com os parâmetros estimados na rodada anterior até que não houvesse a variação nas duas casas decimais depois da vírgula do *log*  $-2\Lambda$ , evitando desta forma que a convergência fosse estimada em máximos locais e não no máximo global.

## 5.6 Estimativa de herdabilidade

A estimativa de herdabilidade direta ( $h_a^2$ ) é a fração da variância fenotípica total que se deve à ação genética aditiva direta e foi estimada através da seguinte fórmula (Falconer, 1987):

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

em que:

$\sigma_a^2$  = componente de variância genética aditiva direta;

$\sigma_p^2$  = componente de variância fenotípica total.

## 5.7 Estimativas de correlações

### 5.7.1 Correlação genética

O coeficiente de correlação genética ( $r_g$ ) foi estimado por meio da seguinte fórmula (Falconer, 1987):

$$r_g = \frac{cov_{g12}}{\sqrt{\sigma_{g1}^2 \times \sigma_{g2}^2}}$$

em que:

$cov_{g12}$  = componente de covariância genética entre a característica 1 e a característica 2;

$\sigma_{g1}^2$  = componente de variância genética aditiva direta da característica 1;

$\sigma_{g2}^2$  = componente de variância genética aditiva direta da característica 2.

### 5.7.2 Correlação fenotípica

O coeficiente de correlação fenotípica ( $r_p$ ) foi estimado por meio da seguinte fórmula (Falconer, 1987):

$$r_p = \frac{cov_{p12}}{\sqrt{\sigma_{p1}^2 \times \sigma_{p2}^2}}$$

em que:

$cov_{p12}$  = componente de covariância fenotípica entre a característica 1 e a característica 2;

$\sigma_{p1}^2$  = componente de variância fenotípica da característica 1;

$\sigma_{p2}^2$  = componente de variância fenotípica da característica 2.

### 5.8 Tendências

Foram estimadas por regressões, para o valor fenotípico e genético de cada animal, para as variáveis PC, LA, CA e OV, em função das gerações, utilizando-se o pacote estatístico *Statistical Analysis System*<sup>®</sup> (Sas Institute, 2011) pelo procedimento PROC REG. As regressões foram testadas de modo linear, assumindo-se o nível de significância estatística de 5%. A equação utilizada foi:

$$Y = a + bx$$

em que:

$Y$  = valor da variável dependente;

$a$  = coeficiente linear (ponto do intercepto vertical da linha de regressão linear com o eixo y quando  $x = 0$ );

$b$  = coeficiente angular (inclinação da reta);

$x$  = valor da variável independente.

### 5.9 Diferença esperada na progênie

A diferença esperada na progênie (DEP) é expressa na unidade da característica, com sinal positivo ou negativo. Foram calculadas por meio da seguinte fórmula (Pereira, 2008):

$$DEP = \frac{VG}{2}$$

em que:

**VG** = valor genético aditivo de um animal para uma determinada característica em estudo.

### 5.10 Acurácia e confiabilidade

A acurácia ( $r$ ) e a confiabilidade ( $r^2$ ) de uma estimativa foi estimada por meio da seguinte fórmula (Falconer, 1987; Pereira, 2008):

$$r(\tilde{g}.g) = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_g^2}}$$

em que:

$\tilde{g}$  = valor genético predito do indivíduo;

$g$  = valor genético verdadeiro do indivíduo;

**PEV** = variância do erro de predição (*Prediction error variance*), obtida na diagonal da matriz C, matriz intermediária do processo de solução das equações de modelos mistos, relativo ao animal para o qual foi calculado o valor genético aditivo predito;

$\sigma_g^2$  = componente de variância genética aditiva direta de uma determinada característica em estudo.

## 6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 6.1 Estatísticas Descritivas

As estatísticas descritivas para as características analisadas, após a manipulação do banco de dados, biológico e simulados, são apresentadas na Tabela 1 e 2, respectivamente.

Tabela 1. Número de observações (N), média (M), desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) das características biológicas nas abelhas africanizadas da população estudada

VARIÁVEIS	N	M	DP	CV (%)	MIN	MAX
PC (g)	36	0,26	0,03	10,36	0,19	0,32
LA (mm)	36	5,29	0,56	10,61	4,04	5,92
CA (mm)	36	14,12	1,39	9,82	10,86	16,60
OV (ovos/quadro)	24	3.874,80	1.458,79	37,64	1.296,54	5.686,25

PC= peso corporal da rainha; LA= largura abdominal da rainha; CA= comprimento abdominal da rainha; OV= oviposição da rainha.

Tabela 2. Número de observações (N), média (M), desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) das características simuladas nas

VARIÁVEIS	N	M	DP	CV (%)	MIN	MAX
PC (g)	680	0,16	0,03	18,20	0,06	0,25
LA (mm)	680	4,84	0,80	16,56	2,03	7,24
CA (mm)	680	10,49	1,94	18,50	3,98	16,50
OV (ovos/quadro)	680	2.890,53	412,98	14,29	1.671,24	4.255,86

abelhas africanizadas da população estudada

PC= peso corporal da rainha; LA= largura abdominal da rainha; CA= comprimento abdominal da rainha; OV= oviposição da rainha.

Os coeficientes de variação encontrados para as características estudadas (com dados biológicos ou simulados) foram diferentes, entretanto, estiveram dentro dos limites biológicos esperados e foram indicativos da presença de variabilidade fenotípica na população de abelhas africanizadas, em maior ou menor grau.

## 6.2 Componentes de variância e herdabilidades

Os componentes de (co) variância e herdabilidades obtidos pelo método REML do banco de dados simulados são apresentados nas Tabelas 3 e 4.

Tabela 3. Componentes de variância e herdabilidades para peso corporal (PC), largura abdominal (LA), comprimento abdominal (CA) e oviposição (OV) por meio de análises unicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

VARIÁVEIS	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$
PC(g)	0,0005±0,0001	0,0005±0,0001	0,49
LA(mm)	0,3752±0,1313	0,4577±0,1021	0,45
CA(mm)	0,9212±0,6124	3,6353±0,5296	0,20
OV(ovos/quadro)	200.400,00±35.920,00	69.672,00±25.208,00	0,74

PC= peso corporal da rainha; LA= largura abdominal da rainha; CA= comprimento abdominal da rainha; OV= oviposição da rainha;  $\sigma_a^2$ = variância genética aditiva direta ± erro padrão;  $\sigma_e^2$ = variância ambiental ± erro padrão;  $h^2$ = herdabilidade.

Tabela 4. Componentes de variância e herdabilidades para as características analisadas por meio de análises bicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

VARIÁVEIS	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$
PC(g)	0,0006±0,0001	0,0005±0,0001	0,54
LA(mm)	0,3991±0,0892	0,4395±0,0699	0,47
CA(mm)	1,7884±0,3378	3,9685±0,3575	0,31
OV(ovos/quadro)	174.290,00±31.900,00	87.362,00±23.156,00	0,66

PC= peso corporal da rainha; LA= largura abdominal da rainha; CA= comprimento abdominal da rainha; OV = oviposição da rainha;  $\sigma_a^2$ = variância genética aditiva direta ± erro padrão;  $\sigma_e^2$ = variância ambiental ± erro padrão;  $h^2$ = herdabilidade.

As herdabilidades diretas (Tabela 4) para PC, LA e CA foram de magnitudes moderadas a altas (0,54; 0,47 e 0,31 respectivamente), sugerindo variabilidade genética moderadas a altas destas características atribuídas ao efeito aditivo dos genes. Estes valores encontrados são indicativos de que estas características podem apresentar uma resposta à seleção satisfatória nesta população, desde que a variância fenotípica para essa característica

seja diferente de zero. Não existem trabalhos na literatura que reportem tais parâmetros para peso em idade adulta em abelhas africanizadas.

Maia (2009) trabalhando com *Apis mellifera* africanizada, descreve as herdabilidades das variáveis no momento da emergência da rainha, encontrando valor maior para CA à emergência (0,79), e próximo para LA à emergência (0,44). Halak (2012) encontrou em *Apis mellifera* africanizada valores de 0,15; 0,35 e 0,29 para CA à emergência, LA à emergência e PC à emergência, respectivamente. Estes valores divergem em sua maioria dos encontrados neste trabalho, porém respeitando-se as diferenças entre o padrão de avaliação das características.

O valor de herdabilidade encontrado para a característica OV foi de magnitude alta (0,66), indicando que esta característica apresenta maior ação genética aditiva e menor ação do ambiente, possibilitando ganhos genéticos significativos desde que exista variação fenotípica da característica. Bienefeld *et al.* (2007) relatam sobre a habilidade de postura da rainha e a dependência desta característica ser influenciada por fatores genéticos e ambientais. Esse fato que pode ser observado nesta população, visto que a variação fenotípica da característica OV depende em 66% das variações da genética aditiva e em 34% das variações da genética não-aditiva e de ambiente.

Portanto, as características avaliadas apresentaram influência de efeito genético aditivo direto sobre a sua expressão, o que poderia vir a contribuir para a resposta à seleção, caso se tenha o interesse em utilizá-las como critérios de seleção na população de abelhas africanizadas em estudo. Entretanto, a escolha de um critério de seleção não depende somente do quanto à superioridade da característica é passível de transmissão à progênie, devendo considerar também sua correlação com outras características e sua importância econômica, além de sua variabilidade fenotípica e sua viabilidade de coleta.

### 6.3 Componentes de (co) variâncias e de correlações genéticas e fenotípicas

Os componentes de (co) variância (Tabela 5) e as estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre as características estudadas, obtidas pelo método REML, são apresentadas na Tabela 6.

Tabela 5. Componentes de covariâncias genéticas  $\pm$  erro padrão (acima da diagonal) e covariâncias residuais  $\pm$  erro padrão (abaixo da diagonal) para as características analisadas por meio de análises bicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

VARIÁVEIS	PC	LA	CA	OV
PC(g)	-	0,0122 $\pm$ 0,0046	0,0038 $\pm$ 0,0004	6,9181 $\pm$ 1,1220
LA(mm)	0,0164 $\pm$ 0,0036	-	0,2255 $\pm$ 0,1467	218,0100 $\pm$ 33,1990
CA(mm)	0,0589 $\pm$ 0,0034	1,6037 $\pm$ 0,1509	-	539,5700 $\pm$ 76,6010
OV(ovos/quadro)	3,2738 $\pm$ 0,8877	99,0220 $\pm$ 24,0760	26,7720 $\pm$ 56,7590	-

PC= peso corporal da rainha (gramas); LA= largura abdominal da rainha (milímetros); CA= comprimento abdominal da rainha (milímetros); OV= oviposição da rainha (ovos/quadro).

Tabela 6. Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) entre as características analisadas por meio de análises bicaracterísticas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

VARIÁVEIS	PC	LA	CA	OV
PC(g)	-	0,80	0,11	0,69
LA(mm)	0,97	-	0,26	0,82
CA(mm)	0,96	0,98	-	0,96
OV(ovos/quadro)	-0,03	-0,02	-0,02	-

PC= peso corporal da rainha (gramas); LA= largura abdominal da rainha (milímetros); CA= comprimento abdominal da rainha (milímetros); OV= oviposição da rainha (ovos/quadro).

Os valores estimados de correlações genéticas entre LA e PC (0,80) foram próximos dos valores relatados por Halak (2012) com rainhas recém emergidas (0,86), sugerindo associação genética de intensa magnitude entre as características em questão, o que se deve à pleiotropia e/ou à ligação gênica (Falconer, 1987). O mesmo ocorre para as correlações genéticas entre OV e PC (0,69), OV e LA (0,82) e OV e CA (0,96). Entretanto, as correlações

genéticas entre CA e LA (0,26) e CA e PC (0,11) foram diferentes dos valores reportados por Halak (2012), de 0,94 e 0,89, respectivamente, em rainhas recém emergidas, indicando que há pouca associação genética entre estas características.

Independentemente da intensidade, todas as correlações genéticas obtidas foram de sinal positivo, indicando que estas associações se dão no mesmo sentido, ou seja, quando uma variável aumenta, a outra aumenta também (Eler, 2015). A partir dos resultados apresentados, é possível esperar que a população estudada responda à seleção indireta, a qual ocorre quando se seleciona para uma característica, prevendo-se mudanças genéticas em outras características. A intensidade e direção dessas mudanças dependerão principalmente das correlações genéticas existentes entre as características, mas também de suas herdabilidades e variâncias (Eler, 2015).

Já os valores estimados para as correlações fenotípicas entre PC e LA (0,97); PC e CA (0,96) e CA e LA (0,98), divergiram em pequeno grau, sugerindo que existe uma alta associação fenotípica entre as características, ou seja, estas características estão relacionadas também fenotipicamente, o que se deve a fatores genéticos e ambientais, sem que se possa identificar, neste caso, qual dos dois fatores prevalece (Eler, 2015). Halak (2012) em seus estudos com rainhas recém emergidas de *Apis mellifera* africanizadas, encontrou valores menores para correlação fenotípica entre PC e CA (0,07) e PC e LA (0,54).

Entretanto, as correlações fenotípicas entre OV e PC (-0,03); OV e LA (-0,02) e OV e CA (-0,02) foram quase nulas, indicando que estas características estão muito pouco relacionadas fenotipicamente.

## **6.4 Tendências**

### **6.4.1 Tendências fenotípicas**

Os coeficientes da equação linear ( $Y = a + bx$ ), com seus respectivos valores de  $p$ , juntamente com o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) dos modelos de regressão dos valores fenotípicos para PC, LA, CA e OV em função das gerações das abelhas africanizadas estão



descritos na Tabela 7. As tendências fenotípicas para PC, LA, CA e OV não foram significativas ( $p > 0,05$ ).

Tabela 7. Coeficientes da regressão linear com seus respectivos valores de  $p$  e coeficientes de determinação ( $R^2$ ) dos modelos dos valores fenotípicos dos indivíduos em função das gerações para as características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

VARIÁVEIS	$a$ (valor $p$ )	$b$ (valor $p$ )	$R^2$
PC	0,1624 ( $p < 0,05$ )	-0,0012 ( $p > 0,09$ )	0,0041
LA	4,8016 ( $p < 0,05$ )	0,0131 ( $p > 0,54$ )	0,0006
CA	10,6134 ( $p < 0,05$ )	-0,0400 ( $p > 0,44$ )	0,0009
OV	2895,2015 ( $p < 0,05$ )	-1,5684 ( $p > 0,88$ )	0,0001

PC = peso corporal da rainha (gramas); LA = largura abdominal da rainha (milímetros); CA = comprimento abdominal da rainha (milímetros); OV = oviposição da rainha (ovos/quadro);  $a$  = intercepto;  $b$  = coeficiente de regressão.

#### 6.4.2 Tendências genética

Os coeficientes da equação linear ( $Y = a + bx$ ), com seus respectivos valores de  $p$ , juntamente com o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) dos modelos de regressão dos valores genéticos para PC, LA, CA e OV em função das gerações das abelhas africanizadas estão descritos na Tabela 8. Os gráficos que representam essas equações e a linha de tendência para cada modelo são apresentados nas Figuras 1 a 4, respectivamente, para PC, LA, CA e OV.

Uma maneira de se promover o monitoramento da seleção genética nas populações é por meio da avaliação do progresso genético ao longo do tempo. Desta forma, não apenas com o objetivo de se avaliar o progresso genético que vem sendo alcançado, mas também que os resultados sirvam de elementos orientadores de ações futuras, torna-se obrigatório avaliar a tendência genética das variáveis de interesse ao longo do tempo (Euclides Filho et al., 1997).

Tabela 8. Coeficientes da regressão linear com seus respectivos valores de  $p$  e coeficientes de determinação ( $R^2$ ) dos modelos dos valores genéticos dos indivíduos em função das gerações para as características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

VARIÁVEIS	$a$ (valor $p$ )	$b$ (valor $p$ )	$R^2$
PC	0,03953 ( $p < 0,05$ )	-0,00812 ( $p < 0,05$ )	0,37120
LA	1,07135 ( $p < 0,05$ )	-0,21606 ( $p < 0,05$ )	0,40690
CA	1,06983 ( $p < 0,05$ )	-0,21913 ( $p < 0,05$ )	0,35880
OV	1154,36700 ( $p < 0,05$ )	-227,80629 ( $p < 0,05$ )	0,51410

PC= peso corporal da rainha (gramas); LA= largura abdominal da rainha (milímetros); CA= comprimento abdominal da rainha (milímetros); OV= oviposição da rainha (ovos/quadro);  $a$ = intercepto;  $b$ = coeficiente de regressão.

As tendências genéticas para o PC, LA, CA e OV foram significativas ( $p < 0,05$ ), com um valor estimado de -0,00812 gramas; -0,21606 milímetros; -0,21913 milímetros e -227,80629 ovos/quadro, respectivamente, representando um decréscimo do valor genético das características ao longo das gerações. Diante disto, o estudo das tendências genéticas para as características estudadas indica uma diminuição do mérito genético dos indivíduos ao longo das gerações, ou seja, sugerindo a ocorrência de seleção direta ou indireta para PC, LA, CA e OV nesta população de abelhas africanizadas. Presume-se que essa seleção não está sendo eficiente, proporcionando um decréscimo dos valores genéticos ao longo das gerações simuladas avaliadas, como pode ser observado nas Figuras de 1 a 4.

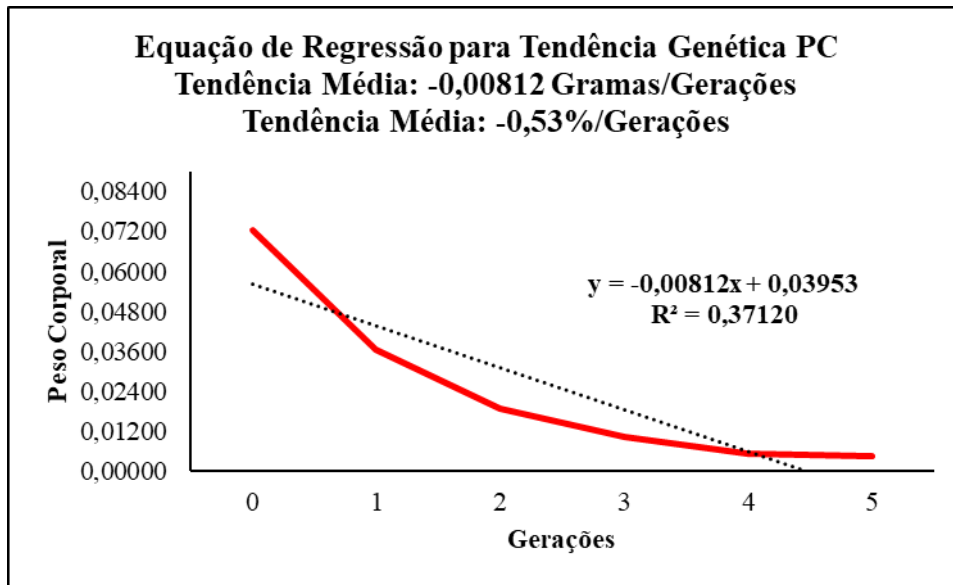


Figura 1. Tendência genética para PC (peso corporal em g) ao longo de 5 gerações

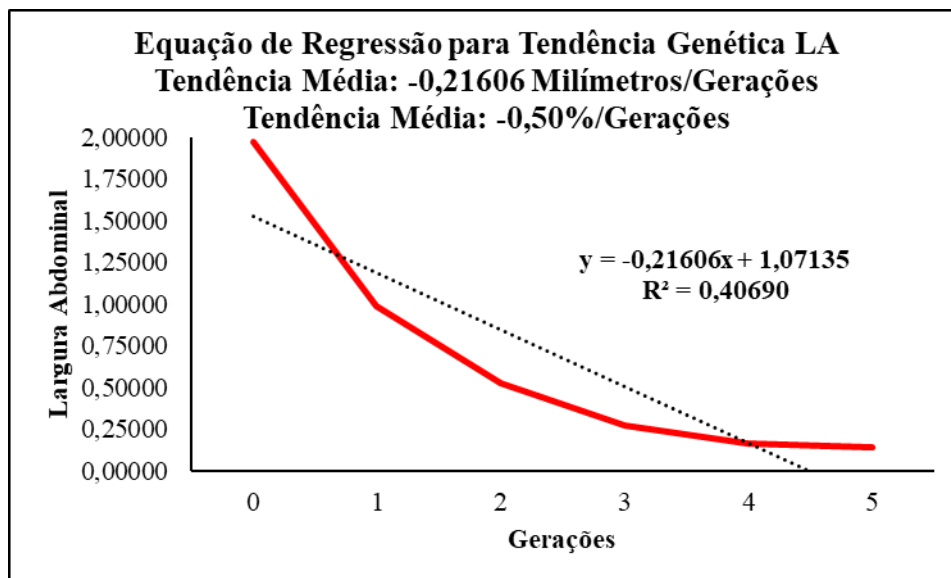


Figura 2. Tendência genética para LA (largura abdominal em mm) ao longo de 5 gerações

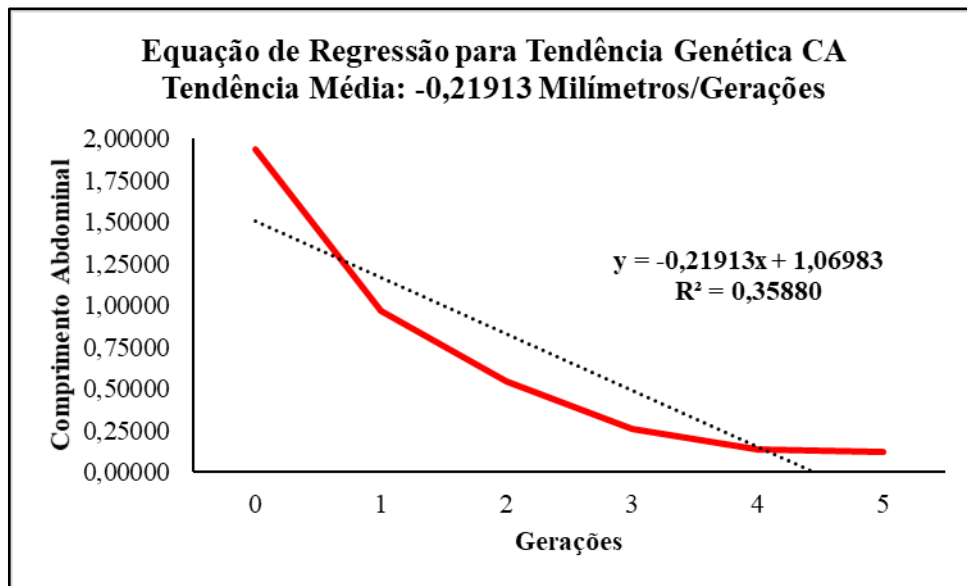


Figura 3. Tendência genética para CA (comprimento abdominal em mm) ao longo de 5 gerações

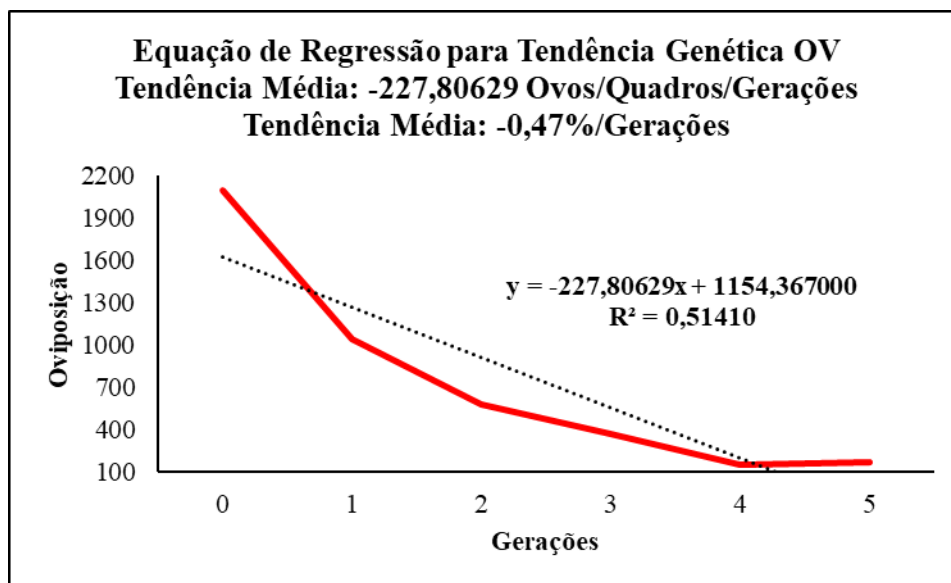


Figura 4. Tendência genética para OV (oviposição da rainha em ovos/quadro) ao longo de 5 gerações

## 6.5 Valores genéticos

As estatísticas descritivas dos valores genéticos obtidos pela simulação dos dados estão apresentadas na Tabela 9.

Tabela 9. Número de observações (N), média (M), desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo (MIN) e máximo (MAX) dos valores genéticos das características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

VARIÁVEIS	N	M	DP	CV (%)	MIN	MAX
VG_PC	680	0,0153	0,0190	124,28	-0,0279	0,0951
VG_LA	680	0,4279	0,4854	113,42	-0,7610	2,3714
VG_CA	680	0,4172	0,5243	125,65	-0,8104	2,6955
VG_OV	680	475,9732	455,3301	95,66	-561,7765	2244,2673

VG\_PC= valor genético do peso corporal da rainha; VG\_LA= valor genético da largura abdominal da rainha; VG\_CA= valor genético do comprimento abdominal da rainha; VG\_OV= valor genético da oviposição da rainha (ovos/quadro).

## 6.6 Diferença esperada na progênie (DEP)

São apresentados na Tabela 10 os valores da diferença esperada na progênie (DEP) de três indivíduos superiores e inferiores da população simulada, classificados de acordo com suas DEPs para as características estudadas.

Pode-se observar que os indivíduos ranqueados como superiores para uma determinada característica se repetem como superiores para outra característica, exceto em OV, indicando a possibilidade de serem utilizados como melhoradores para mais que uma característica na próxima geração de seleção.

De acordo com os resultados encontrados, o indivíduo 10 aparece entre os primeiros animais ranqueados para todas as características avaliadas, evidenciando a sua superioridade genética em relação aos demais indivíduos. Dado que este animal seja acasalado com um grande número de animais com o mesmo valor genético médio, espera-se que a média das progênes seja superior em relação à média da população estudada. Entretanto, o indivíduo 724 aparece entre os últimos animais ranqueados para as características PC, LA e CA e o

indivíduo 658 para OV, evidenciando suas inferioridades genéticas em relação aos demais indivíduos.

Para cada DEP uma acurácia ou uma confiabilidade é obtida, sendo usualmente publicadas em conjunto. A acurácia e a confiabilidade variam de 0 a 1 ou, de 0% a 100%, e mede a associação entre o valor genético estimado/predito de um reprodutor e o seu valor genético verdadeiro. Quanto mais próxima de 1 ou 100%, maior a "certeza" naquela predição da DEP (Pereira, 2008). Neste trabalho, evidencia-se os altos valores de acurácia e confiabilidade, que podem estar associados a quantidade e qualidade de informação simulada disponível para as predições.

Tabela 10. Diferenças esperadas na progênie (DEP) dos animais superiores e inferiores para as características analisadas nas abelhas africanizadas da população simulada estudada

PESO CORPORAL (gramas)				
ANIMAL	$VG \pm PEV$	DEP	$r(\%)$	$r^2(\%)$
7	0,0952±0,0110	0,0476	87,06	75,79
10	0,0913±0,0110	0,0456	86,99	75,68
108	0,0754±0,0155	0,0377	71,91	51,72
724	-0,0269±0,0156	-0,0134	71,57	51,23
179	-0,0272±0,0156	-0,0136	71,68	51,39
529	-0,0280±0,0156	-0,0140	71,59	51,25
LARGURA ABDOMINAL (milímetros)				
ANIMAL	$VG \pm PEV$	DEP	$r(\%)$	$r^2(\%)$
10	2,3714±0,3121	1,1857	86,04	74,03
7	2,3711±0,3116	1,1855	86,10	74,13
108	1,9183±0,4367	0,9591	70,12	49,17
529	-0,6896±0,4386	-0,3448	69,81	48,73
554	-0,6929±0,4384	-0,3464	69,85	48,79
724	-0,7611±0,4387	-0,3805	69,79	48,71
COMPRIMENTO ABDOMINAL (milímetros)				
ANIMAL	$VG \pm PEV$	DEP	$r(\%)$	$r^2(\%)$
10	2,6956±0,6372	1,3478	74,78	55,92
7	2,4506±0,6388	1,2253	74,64	55,71
108	2,1243±0,8161	1,0621	52,63	27,70
748	-0,7425±0,8196	-0,3713	52,04	27,08
529	-0,8078±0,8178	-0,4039	52,35	27,40
724	-0,8105±0,8182	-0,4052	52,28	27,33
OVIPOSIÇÃO (ovos/quadro)				
ANIMAL	$VG \pm PEV$	DEP	$r(\%)$	$r^2(\%)$
9	2244,2674±160,6943	1122,1337	93,34	87,11
8	2160,9034±163,7341	1080,4517	93,07	86,62
10	2149,0916±162,6766	1074,5458	93,16	86,79
366	-451,7616±228,3565	-225,8808	86,01	73,98
633	-509,4326±228,5415	-254,7163	85,99	73,94
658	-561,7766±228,5158	-280,8883	85,99	73,94

$VG$ = valor genético do animal  $\pm$  *prediction error variance*;  $DEP$ = diferença esperada na progênie;  $r$ = acurácia,  $r^2$ = confiabilidade.

## **7. CONCLUSÃO**

As características peso corporal, largura abdominal, comprimento abdominal e oviposição podem ser utilizadas como critério de seleção nesta população simulada de abelhas africanizadas. Entretanto, deve ser observado a correlação genética e fenotípica entre estas características, a fim de determinar qual será utilizada como critério de seleção devido a viabilidade de sua coleta.

As tendências genéticas decrescentes para as características estudadas revelam que a seleção direta ou indireta para essas variáveis, ocorre de forma ineficiente ou é ausente. Sendo recomendado algumas estratégias para garantir progresso genético da população.

Recomenda-se a utilização do acasalamento entre os indivíduos da população biológica com valores genéticos semelhantes aos animais ranqueados como superiores nesta população simulada, principalmente como os valores genéticos do indivíduo 10, utilizando suas progênes como princesas e como zangões para melhoramento genético da população, ressaltando a necessidade do estudo e dos cuidados necessários com os índices de endogamia.

Novos estudos envolvendo estas características devem ser realizados em populações com dados biológicos, a fim de observar o impacto da seleção para estas características em outras características de interesse econômico.



## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AL-TIKRITY, W.S. New instrument for brood measurement in a honey-bee colony.

**American Bee Journal**, v.3, n.1, p.26, 1971.

ANALLA, M.; SANCHEZ PALMA, A.; MUÑOZ SERRANO, A. Simulation analysis with

BLUP methodology of different data structures in goat selection schemes in Spain. **Small**

**Ruminant Research**, v.17, n.1, p.51-55, 1995.

ASSIS, T.L.O. **Peso e morfometria da rainha como critérios de seleção indireta em**

**abelhas africanizadas**. 2017. 30 f. Trabalho de conclusão de curso – Graduação de

Bacharel em Zootecnia, Universidade Federal de São João del-Rei, São João del-Rei-

MG, 2017.

BIENEFELD, K.; EHRHARDT, K.; REINHARDT, F. Genetic evaluation in the honey bee

considering queen and worker effects – A BLUP-Animal Model approach. **Apidologie**,

v.38, n.1, p.77-85, 2007.

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N., FERREIRA, G. B. B., WEBER, T., KIPPERT, C. J.;

Andreazza, J. Herdabilidade e tendência genética para as produções de leite e de gordura

em rebanhos da raça Holandesa no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de**

**Zootecnia**, v.34, n.5, p.1512-1518, 2005.

CALE, G.H. Pollen-gathering relationship to honey collection and egg-laying honeybees.

**American Bee Journal**, v.108, p.8-9, 1968.

CAMARGO, S.C.; LIMA, E.G.; TOLEDO, V.A.A.; GARCIA, R.G. Abelha rainha *Apis*

*mellifera* e a produtividade da colônia. **Scientia Agraria Paranaensis**, v.14, n.4, p.213-

220, 2015.

CARNEIRO, A.P.S.; TORRES, R.A.; EUCLYDES, R.F.; SILVA, M.A.; LOPES, P.S.;

CARNEIRO, P.L.S.; FILHO, R.A.T. Efeito da conexidade de dados sobre o valor

- fenotípico médio e a variância genética aditiva. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.2, p.336-341, 2001.
- CRUZ, C.D. Programa GENES - Aplicativo Computacional em Estatística Aplicada à Genética (GENES - Software for Experimental Statistics in Genetics). **Genetics and Molecular Biology**. v.21, n.1, 1998.
- ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal**. 1. ed. Pirassununga: FZEA-USP, 2015.
- EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L. O. C.; FIGUEIREDO, G. R. Tendências genéticas na raça Guzerá. **Reunião anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 34, p.173, 1997.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, p. 279, 1987.
- FREE, J. B.; PRECE, D. A. The effect of the size of a honeybee colony on its foraging activity. **Insectes Sociaux**, Paris, v.16, n.1, p.73-78, 1969.
- HALAK, A.L. **Parâmetros e correlações genéticas e fenotípicas para peso e medidas morfométricas em rainhas Apis mellifera africanizadas**. 2012. 46 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Estadual de Maringá, Maringá- PR, 2012.
- HARBO, J.R. Effect of population size on brood production, worker survival and honey gain in colonies of honeybees. **Journal of Apicultural Research**, v.25, p.22-29, 1986.
- IBGE. Diretoria de Pesquisas. Coordenação de Agropecuária, Pesquisa da Pecuária Municipal 2016. **Censo Agropecuário: Brasil, Grandes Regiões, Unidades da Federação e Municípios**, v. 44, p.1-51, 2017.
- JUNIOR, J.M.C.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.328-336, 2004.

- MAIA, F.M.C. **Aspectos genéticos da produção de mel e comportamento higiênico em abelhas *Apis mellifera* africanizadas**. 2009. 80 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR, 2009.
- MARTINEZ, O.A.; SOARES, A.E.E. Melhoramento genético na apicultura comercial para produção da própolis. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.13, n.4, p.982-990, 2012.
- MARTINS, J.R. **Aspectos genéticos de características morfológicas e reprodutivas de rainhas *Apis mellifera* L. (Hymenoptera: Apidae) africanizadas**. 2014. 88 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos - PR, 2014.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). **7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**. Proceedings..., Montpellier, France, 19-23, 2002.
- NELORE QUALITAS. **Sumário de touros 2018**. Ed. Montreal Office. Aparecida de Goiânia - GO, 2018.
- PAGE JR., R.E.; PENG, C.Y.S. Aging and development in social insects with emphasis on the honey bee, *Apis mellifera* L. **Experimental Gerontology**, v.36, n.4, p.695-711, 2001.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 618 p. 2008.
- SANDERSON, A.R.; HALL, D.W. The cytology of the honey bee, *Apis mellifera* L. **Nature**, v.162, p.34-35, 1948.
- SANTOS, G. C. J; LOPES, F. B.; MARQUES, E. G; SILVA, M. C; CAVALCANTE, T.V; FERREIRA, J. L. Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de

- idade de bovinos nelore da região Norte do Brasil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 34, p. 97-101, 2012.
- SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F.S. QMSim: a large-scale genome simulator for livestock. **Bioinformatics** (Oxford, England) v.25, n.5, p.680-681, 2009.
- SAS INSTITUTE. **Statistical Analysis systems user's guide**. Version 9.3. Cary: SAS Institute Inc., 2011.
- SOUZA, B.A.; SILVA, J.W.P.; ANACLETO, D.A.; MARCHINI, L.C. **Geleia real: composição e produção**. Série Produtor Rural nº37. Piracicaba: ESALQ-USP, 2007.
- SOUZA, D.A.; GRAMACHO, K.P.; CASTAGNINO, G.L.B. Produtividade de mel e comportamento defensivo como índices de melhoramento genético de abelhas africanizadas (*Apis mellifera L.*). **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**. v.13, n.2, p.550-557, 2012.
- TOOD, F.E.; REED, C.B. Brood measurement as a valid index to the value of honey bees as pollinators. **Journal of Economic Entomology**, v.63, p.148-149, 1970.
- TUCKER, K.W. Automictic Parthenogenesis in the Honey Bee. **Genetics**, v.43, n.3, p.299-316, 1958.
- WOYKE, J. Correlations and interactions between population, length of worker life and honey production by honeybees in a temperate region. **Journal of Apicultural Research**, v.23, p.148-156, 1984.
- ZAYED, A. Bee genetics and conservation. **Apidologie**, v.40, n.3, p.237-262, 2009.