

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E
FENOTÍPICAS PARA PESO E MEDIDAS
MORFOMÉTRICAS EM RAINHAS
Apis mellifera AFRICANIZADAS

Autor: André Luiz Halak
Orientador: Prof. Dr. Vagner de Alencar Arnaut de Toledo

MARINGÁ
Estado do Paraná
fevereiro - 2012

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E
FENOTÍPICAS PARA PESO E MEDIDAS
MORFOMÉTRICAS EM RAINHAS
Apis mellifera AFRICANIZADAS

Autor: André Luiz Halak
Orientador: Prof. Dr. Vagner de Alencar Arnaut de Toledo
Co-orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins

Dissertação apresentada, como parte das exigências para a obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá – Área de Concentração: Produção Animal.

MARINGÁ
Estado do Paraná
fevereiro - 2012

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)

H157p Halak, André Luiz
Parâmetros e correlações genéticas e fenotípicas para peso e medidas morfométricas em rainhas *Apis mellifera* africanizadas / André Luiz Halak. -- Maringá, 2012.
46 f. : tabs.

Orientador: Prof° Dr° Vagner de Alencar Arnaut de Toledo.
Co-orientador: Prof° Dr° Elias Nunes Martins.
Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, 2012.

1. Correlação genética e fenotípica - Peso e medidas morfométricas - Abelhas. 2. Rainha *Apis mellifera* africanizadas - Abelhas. 3. Inferência bayesiana - Abelhas. 4. Melhoramento genético - Abelhas. I. Toledo, Vagner de Alencar Arnaut de, orient. II Universidade Estadual de Maringá. Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 638.1



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E
FENOTÍPICAS PARA PESO E MEDIDAS
MORFOMÉTRICAS EM RAINHAS
Apis mellifera AFRICANIZADAS**

Autor: André Luiz Halak

Orientador: Prof. Dr. Vagner de Alencar Arnaut de Toledo

TITULAÇÃO: Mestre em Zootecnia - Área de Concentração Produção
Animal

APROVADA em 23 de fevereiro de 2012.

Prof.ª Dr.ª Maria Cláudia Colla
Ruvolo Takasusuki

Prof.ª Dr.ª Kátia Peres Gramacho

Prof. Dr. Vagner de Alencar
Arnaud de Toledo
(Orientador)

“Ó Maria concebida sem pecado rogai por nós que recorremos a vós”

A

Deus, incondicionalmente a ELE.

DEDICO...

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual de Maringá e a Fazenda Experimental de Iguatemi.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de estudo concedida pela parte do curso de mestrado e também pelo financiamento do projeto de pesquisa processos: 479329/2009-5, 475519/2009-4 e 151495/2009-2.

Ao **Prof. Dr. Vagner de Alencar Arnaut de Toledo**, que de fato presta o papel de verdadeiro orientador, sendo firme, paciente, amigo, conselheiro em todos os momentos que se fizerem necessários. Tudo o que eu deixar registrado é pouco pelo muito que ele acrescenta todos os dias em minha vida.

Ao **Prof. Dr. Elias Nunes Martins**, pela coorientação.

À **Profª Drª Darcllet Teresinha Malerbo de Souza**, pela amizade, apoio, críticas e sugestões durante toda minha vida acadêmica e pessoal.

À **Profª Drª Fabiana Martins Costa Maia**.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, por todos os ensinamentos passados.

Aos funcionários da FEI-UEM, **Roberto Alvarez, Airton Felipe da Silva, Osvaldo Passolongo e Rubens Castro**, por todo apoio na realização do trabalho.

Ao pessoal do Grupo de Pesquisa com Abelhas GPBee– UEM, em especial à **Flávia Nakayama, Tamires do Valle, Rosa Tavares, Diogo Rodrigues, Ana Paula Nunes, Amanda Medina, Kátia Ostrowski, Rejane Stubs e Emerson Chambó**, por todo apoio prestado.

Aos meus queridos amigos de todas os momentos: **Fabiano Kogawa, João Paulo Domingues, Vinicius Alves Martins, Isaac Romani, Pamela Roberta de Souza, Djanety Araujo, Priscila Wielewski e Carlos Barão**.

Aos meus avós que são o alicerce da minha família, aos meus pais, **Jorge Luiz Halak** e **Sílvia Helena Zambonini Halak**, que são o exemplo da minha vida e ao meu irmão, **Fauzi Elias Halak**, que me acompanha e acompanhará por toda a vida.

E, a tantos que contribuíram de forma direta ou indireta na realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

ANDRÉ LUIZ HALAK, filho de Jorge Luiz Halak e Sílvia Helena Zambonini Halak, nasceu em Ribeirão Preto, Estado de São Paulo, no dia 23 de agosto de 1984.

Concluiu estudos do Ensino Fundamental e Médio no ano de 2003 na Instituição Católica Santa Úrsula na cidade de Ribeirão Preto - SP.

Em fevereiro de 2004, iniciou o curso de Engenharia Agrônômica pelo Centro Universitário Moura Lacerda – Ribeirão Preto - Estado de São Paulo e, em dezembro do mesmo ano iniciou os trabalhos com polinização. Durante a graduação, dedicou-se ao estudo do comportamento das abelhas nas diversas culturas.

Foi bolsista de iniciação científica da Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo – Fapesp, nos anos de 2007 e 2008, com trabalhos na área de polinização e comportamento de abelhas.

Em fevereiro de 2009, iniciou o estágio obrigatório para conclusão do curso na Universidade Estadual de Maringá. Em julho do mesmo ano, concluiu o curso de Engenharia Agrônômica.

Em fevereiro de 2010, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Mestrado, Produção Animal.

Em 23 de fevereiro de 2012, submeteu-se à banca para a defesa da Dissertação de Mestrado.

ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS	viii
LISTA DE FIGURA	ix
RESUMO	x
ABSTRACT	xii
I – INTRODUÇÃO	1
Referências	9
II – OBJETIVOS GERAIS	14
III – PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS PARA PESO E MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM RAINHAS <i>Apis</i> <i>mellifera</i> AFRICANIZADAS	15
Resumo	15
Abstract	17
Introdução	19
Material e métodos	20
Resultados	23
Discussão	27
Conclusão	35
Referências	36
VI – CONCLUSÕES GERAIS	46

LISTA DE TABELAS

	Página
<p>III – PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS PARA PESO E MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM RAINHAS <i>Apis mellifera</i> AFRICANIZADAS</p>	
Tabela 1	Médias e erros-padrão para peso (P), em mg, comprimento (CA) e largura de abdome (LA), em mm, para rainhas <i>Apis mellifera</i> africanizadas à emergência após a terceira geração de seleção 39
Tabela 2	Estimativas e coeficientes de variação dos componentes de variância e de herdabilidade para peso (P), comprimento de abdome (CA) e largura de abdome (LA) obtidas nas análises unicarácter 40
Tabela 3	Intervalo de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, para os componentes de variância e de herdabilidade para as características de peso (P), largura de abdome (LA) e comprimento de abdome (CA), obtidos nas análises unicarácter 41
Tabela 4	Estimativas, desvios padrão, intervalo de credibilidade e região de alta densidade (90%) dos componentes de variância e de herdabilidade, obtidas nas análises bicarácter para: peso (P) x comprimento de abdome (CA), (P) x largura de abdome (LA), (CA) x (LA) 42
Tabela 5	Estimativas e desvios padrão dos componentes de (co)variância e herdabilidade (h^2) para as características peso (P), largura de abdome (LA) e comprimento de abdome (CA), com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidos na análise tricarácter 43
Tabela 6	Valores de correlação genética e fenotípica obtidos pela análise bicarácter e tricarácter das características: peso (P), comprimento de abdome (CA) e largura de abdome (LA) 44

LISTA DE FIGURA

	Página
III – PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS PARA PESO E MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM RAINHAS <i>Apis mellifera</i> AFRICANIZADAS	
Figura 1 Comparação entre os valores médios de peso, comprimento e largura de abdome entre as três gerações de seleção para rainhas <i>Apis mellifera</i> africanizadas. Médias seguidas de letras diferem significativamente a 5% pelo teste de Tukey	45

RESUMO

O objetivo foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos para peso, comprimento e largura de abdome de rainhas africanizadas recém-emergidas, verificando-se entre as características morfométricas e peso, se podem ser utilizadas como critério de seleção. Foram coletadas aleatoriamente 60 colônias e estabelecidas em campo experimental. Utilizaram-se as predições do software *Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models* - MTGSAM, para selecionar as rainhas recém-emergidas com melhores valores genéticos por três gerações. Valores de peso, largura e comprimento de abdome foram submetidos à Anova e teste Tukey a 5%. As estimativas dos parâmetros foram obtidas por meio do software R. Dados de correlação genética e fenotípica foram estimados pela correlação de Pearson e validados pelo teste “t”. A característica peso apresentou uma média de 215,64 mg para as rainhas à emergência, e o comprimento e largura de abdome, uma média de 11,65 mm e 5,09 mm, respectivamente. Houve diferenças significativas para os valores médios de peso e comprimento de abdome nas três gerações. Os valores de herdabilidade para peso (P), comprimento (CA) e largura de abdome (LA) foram de 0,29, 0,15 e 0,35 pela análise unicarácter, enquanto que a análise tricarácter apresentou valores de 0,40, 0,23 e 0,25, respectivamente. Os valores de (co)variância genética aditiva e fenotípica obtidos pela análise bicarácter foram positivos. A interação PxCA apresentou (co)variância genética aditiva de 2,48 e fenotípica de 0,82. Valores de 1,53 e 0,17 foram encontrados, respectivamente, para (co)variância genética aditiva e fenotípica para a interação PxLA e, por fim, a interação CAxLA com valores de 0,07 e 0,18 para (co)variância genética aditiva e fenotípica, respectivamente. A (co)variância genética aditiva pela análise tricarácter para a interação PxCA foi de 2,82, de 0,03 para a interação CAxLA e de 1,29 para a interação

PxLA enquanto que, a (co)variância fenotípica pela análise tricarácter para a interação PxCA foi de 7,21; PxLA - 1,72 e CAxLA foi de 0,06. A correlação genética pela análise bicarácter variou de 0,86 a 0,94, enquanto que na análise tricarácter apresentou valores inferiores que variam de 0,20 a 0,41. A correlação fenotípica pela análise bicarácter apresentou baixos valores, que variam de 0,01 a 0,07, enquanto que a análise tricarácter, apresentou valores superiores de 0,24 a 0,57. Conclui-se assim que peso, comprimento e largura de abdome são passíveis de serem utilizadas como critério de seleção em um programa de melhoramento. Valores estimados pela análise tricarácter são mais precisos quando comparados aos estimados pelas demais análises. As características, peso e comprimento de abdome são mais indicadas para se obter ganhos de seleção em abelhas africanizadas considerando-se a correlação genética pela análise tricarácter.

Palavras-chave: Abelha africanizada; herdabilidade; correlação genética; correlação fenotípica; inferência bayesiana.

ABSTRACT

This research was carried out to estimate genetic and phenotypic parameters for weight, length and abdomen width of newly emerged Africanized queens, checking between the morphometric characteristics and weight whether they can be used as selection criteria. It was collected 60 colonies randomly, and set out in experimental field. It was used the predictions of software *Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models* - MTGSAM, to select the newly emerged queens with better genetic values for three generations. The parameter estimates were obtained using the software R. Values of weight, width and length of the abdomen were analyzed by ANOVA and Tukey's test at 5% significance. Data from genetic and phenotypic correlations were estimated by Pearson's correlation coefficient and validated by "t" test. The weight characteristic showed an average of 215.64 mg for queens at emerges, and length and abdomen width, an average of 11.65 mm and 5.09 mm, respectively. Significant differences in mean values of weight and length of abdomen were observed between the three generations. The values of heritability for weight (W), length (AL) and abdomen width (AW), were 0.29, 0.15 and 0.35 by unicharacter analysis, while the tricharacter analysis presented values of 0.40, 0.23 and 0.25, respectively. The means of genetic and phenotypic (co)variance obtained by bicharacter analysis were positive. The WxAL interaction presented additive genetic (co)variance of 2.48 and phenotypic of 0.82. Values of 1.53 and 0.17, respectively, were found for additive genetic and phenotypic (co)variance for n WxAW interaction and finally, the ALxAW interaction with values of 0.07 and 0.18 for additive genetic and phenotypic (co)variance, respectively. The additive genetic (co)variance by tricharacter analysis for WxAL interaction was 2.82, for ALxAW interaction was 0.03 and 1.29 for WxAW interaction, while the (co)variance phenotypic for tricharacter analysis of WxAL interaction was 7.21; WxAW - was 1.72 and 0.06 was for ALxAW. The genetic

correlation by the bicharacter analysis varied from 0.86 to 0.94, while the tricharacter analysis showed lower values ranging from 0.20 to 0.41. The phenotypic correlation by bicharacter analysis presented low values, ranging from 0.01 to 0.07, while the tricharacter analysis presented higher values from 0.24 to 0.57. The parameters weight, length and abdomen width can be used as selection criteria in breeding programs. Estimated values by tricharacter analysis are more accurated when compared to values estimated by further analysis.

Keywords: Africanized honeybee; heritability; genetic correlation; phenotypic correlation; bayesian inference.

I – INTRODUÇÃO

As primeiras colônias de *Apis mellifera* encontradas nas Américas datam do século XVII, no ano de 1621 (Crane, 1990). Padre Antonio Carneiro Aureliano, em março 1839, foi quem introduziu no Brasil as primeiras colônias de abelhas *Apis mellifera* provenientes de Portugal. Até essa data havia apenas registro de abelhas sem ferrão em território brasileiro (Nogueira Neto 1972).

A colonização alemã, em 1845, no Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná, trouxe consigo a *Apis mellifera* da Alemanha, firmando assim a apicultura nacional. Entre os anos de 1870 e 1880, Hannemann e Schenck, Hanewen e Brunnet trouxeram as primeiras *Apis mellifera ligustica* para o Sul do Brasil. Estas abelhas foram introduzidas no Brasil, para utilização da cera branca na confecção de velas para fins religiosos, visto que a cera de abelhas nativas é de cor escura pela mistura de resinas (Francoy 2007).

Em 1955, havia enorme descontentamento com a baixa produtividade de mel das *A. mellifera* no Brasil, que não era condizente com o tamanho e características tropicais brasileira. Tal situação chamou a atenção de pesquisadores e autoridades (Kerr 1967). A Argentina apresentava grande destaque internacional, sendo considerada um dos cinco maiores produtores mundiais de mel, ao passo que a produção brasileira não estava entre os primeiros 20 países produtores de mel. Por causa do interesse do governo e pesquisadores em mudar a situação da apicultura nacional, o Prof. Dr. Warwick Estevam Kerr, em 1956, trouxe para o Brasil as primeiras abelhas *Apis mellifera scutellata* (Gonçalves 2006).

Do total de rainhas *A. m. scutellata* trazidas para o Brasil, 49 sobreviveram, (Kerr 1957; Rinderer *et al.* 1993). Para realização de testes, 35 colônias foram transportadas para uma floresta de eucalipto, no Horto de Camaquã em Rio Claro – SP, cada caixa teve sua entrada protegida por uma tela excludora de rainhas (Kerr 1957).

Após o estabelecimento das colônias, um apicultor visitante retirou as telas excluïdoras de rainhas e quando se tomou conhecimento dos fatos 26 colônias haviam abandonado o local, estabelecendo-se como colônias selvagens (Kerr 1967). Iniciando-se então uma rápida expansão das abelhas *A. m. scutellata* por todo o Brasil realizando um intercruzamento dessa abelha com as várias subespécies já introduzidas anteriormente no Brasil (*A. m. ligustica*, *A. m. mellifera*, *A. m. carnica* e *A. m. caucasica*) que deu origem a um poli-híbrido denominado de abelha africanizada, com predominância das abelhas africanas (Gonçalves 1974).

A apicultura brasileira foi muito questionada pelo impacto negativo inicial das abelhas *A.m. scutellata* (Kerr 1967). Muitos apicultores comerciais saíram do ramo ou, drasticamente, reduziram seus apiários, pois não se conheciam técnicas de manejo para essas “novas” abelhas (Gonçalves 1974).

O primeiro Congresso Brasileiro de Apicultura foi realizado em Florianópolis, em 1970, onde ficou evidente que as abelhas africanizadas apresentavam uma série de vantagens dentre elas maior produtividade, comprovadas com pesquisas posteriormente, a produção de mel, em 1989, segundo a Confederação Brasileira de Apicultura (CBA), atingiu 36.000 toneladas, sendo este valor 12 vezes superior ao encontrado nos anos 50, antes do processo de africanização ocorrer no Brasil (De Jong 1990).

Depois de quase 60 anos, por meio de esforços de pesquisadores, apicultores e empresários da área, a atividade alcançou projeção nacional e internacional. De 2001 a 2007, o Brasil passou por uma evolução na produção e exportação de mel. Segundo Resende (2008), em 2001, o Brasil exportou 2,8 milhões de dólares e, em 2002 esse valor subiu para 39,4 milhões de dólares. Em 2003, o valor das exportações de mel brasileiro ultrapassou 39 milhões de dólares. Entre 2005 e 2006, segundo dados do IBGE (2008), a produção brasileira de mel foi de 36,2 mil toneladas.

O ano de 2007 foi de grandes desafios para o setor apícola brasileiro, o quinto entre os maiores exportadores, pois desde março de 2006, enfrenta as graves consequências do embargo ao mel brasileiro por seu maior importador, a União Europeia. Em 2007, as exportações brasileiras de mel totalizaram 21,2 milhões de dólares, referentes a 12,9 mil toneladas, com preço médio de US\$ 1,64/kg, superior aos US\$ 1,60/kg e aos US\$ 1,30/kg pagos em 2006 e 2005, respectivamente. No entanto, quando comparado a 2006, o valor exportado em 2007 apresentou queda de 9,3% (Resende 2008).

Em reunião, no XVII Congresso Brasileiro de Apicultura, as entidades representativas da apicultura brasileira, CBA, Abemel e Sebrae fizeram a divulgação do Pacto Nacional da Apicultura que tem como principais objetivos para até 2020 aumentar o consumo “per capita” para 500 g de mel/habitante/ano, aumentar as exportações de mel para 100.000 ton/ano e triplicar a produtividade que hoje é de 15kg/colônia/ano, dados registrado na revista Mensagem Doce, de julho de 2008. O Brasil ocupa no cenário mundial o 11º no ranking dos produtores, produção esta que passou de 38 mil toneladas em 2009 a 50 mil toneladas em 2010 (Ministério da Agricultura 2011).

A pesquisa desempenha e sempre desempenhou papel fundamental na evolução da produtividade, e conseqüentemente o consumo de mel. O grande evento propulsor das pesquisas foi o estabelecimento dos programas de pós-graduação de Zootecnia no Brasil a partir de 1971, que impulsionaram o desenvolvimento científico e tecnológico. O processo da africanização motivou relevantes transformações, entre elas, o melhoramento genético, inseminação instrumental, produção de rainhas e determinação de linhagens com comportamento higiênico (Soares 2008). Com isso, o profissionalismo entre os apicultores aumentou e a necessidade de técnicas que melhorem ainda mais os diversos e vastos campos de produções com abelhas. A exemplo disso, o melhoramento genético aliado às técnicas de manejo adequadas promove avanços na produção (Soares *et al.* 1996). Faz-se necessário e é de interesse crescente por programas de melhoramento genético.

O progresso genético se deve ao uso cada vez mais correto das informações relativas aos indivíduos candidatos à seleção, resultantes do impulso crescente nos conhecimentos metodológicos de avaliações genéticas e avanços na área de informática (Silva *et al.* 2008). Sendo assim, o principal objetivo no melhoramento genético é a obtenção por meio de seleção de linhagens que apresentem características desejáveis (Gramacho 2008).

Segundo Harbo *et al.* (2005), o melhoramento genético de abelhas apresenta algumas diferenças em relação a outras espécies porque estimativas como herdabilidade, semelhança entre parentes e outras, são difíceis de serem obtidas pelas colônias apresentarem uma estrutura genética interna que dificulta o procedimento.

Os animais domésticos tais como galinhas, gado, ovelhas, porcos e cavalos têm sido criados seletivamente pelo homem por milhares de anos. Conseqüentemente,

quando as práticas de criação modernas ficaram comuns, grande parte da seleção já tinha sido feita; o criador de animais moderno começou com linhagens já selecionadas pelo homem. As abelhas, tais como as caucasianas, cárnicas e italianas, geralmente, eram tomadas como as raças, mas não deveria ser assim, as linhagens de abelhas não foram controladas estritamente nem criadas pelas pessoas e são muito mais variáveis que qualquer animal doméstico (Harbo *et al.* 2005).

Pelo hábito de acasalamento múltiplo da rainha e, a existência de machos haploides, em uma colônia o parentesco pode variar entre 0,25 e 0,75 (Crow & Roberts 1950; Polhemus *et al.* 1950; Laidlaw & Page 1984). O sistema haplo-diploide em *Apis mellifera* L. confere ao zangão, por ser originado de um óvulo sem fecundação, a transferência para sua descendência de todo o material genético proveniente de sua mãe (Laidlaw & Page 1984). Dessa forma, as características expressas pela colônia, como a produção de mel, pólen, própolis, geleia real, comportamento higiênico entre outras, tem sua origem na rainha, pelo menos em parte.

Essas relações servem de base para a utilização do tamanho das rainhas associado fenotípica e geneticamente com características comportamentais e de produção das colônias. Vários autores afirmaram que o peso da rainha à emergência está correlacionado com o potencial reprodutivo da rainha (Hoopingarner & Farrar 1959; Boch & Jamielson 1960; Tarpay *et al.* 2000; Gilley *et al.* 2003; Kahya *et al.* 2008) e que o peso das rainhas estaria relacionado com o número de ovariolos presentes nos ovários e com o tamanho da espermateca. Por outro lado, outros autores não encontraram correlação significativa entre o peso da rainha à emergência e número de ovariolos (Corbella & Gonçalves 1982; Morini & Bueno 1993; Hatch *et al.* 1999).

Observa-se também que a rainha, oferece contribuição ambiental às suas filhas operárias, por meio da qualidade e quantidade de ovos produzidos e, também pela produção de feromônios (Bienefeld & Pirchner 1990). Pode-se medir isso diretamente na rainha, mas somente sobre sua progênie. Esse impacto sobre as operárias é estritamente ambiental, entretanto, a habilidade da rainha em botar ovos em quantidade suficiente e produzir feromônios é determinada pelo genótipo da rainha e ambiente (Bienefeld *et al.* 2007).

Chevalet & Cournet (1982) adaptaram às abelhas o modelo desenvolvido por Willham (1963) que separou as estimativas de herdabilidade para efeito direto e materno. Falconer (1987) destacou a importância da herdabilidade, pois, expressa o

grau de correspondência entre valor fenotípico e o valor genético de uma característica e Rinderer (1977) esclarece que a herdabilidade serve para estimar a quantidade de variância genética aditiva associada a uma característica expressa por indivíduos em uma população específica. Assim, a predição da resposta biológica de uma característica é muito importante nos programas de melhoramento.

Segundo Bienefeld & Pirchner (1990), dois métodos foram propostos: primeiro: estimar as herdabilidades de forma restrita para características de rainha ou de operárias que tenham altas correlações com o desempenho da colônia (Rinderer *et al.* 1983; Collins *et al.* 1984; Milne 1985a, 1985b, 1985c; Collins *et al.* 1987); segundo: negligenciar as operárias e interpretar a covariância entre as colônias relacionadas apenas entre rainhas geneticamente ligadas (Soller & Bar-Cohen 1967; Bar-Cohen *et al.* 1978).

As estimativas de herdabilidade publicadas, até 1978, para a produção de mel variaram entre 0,07 a 0,58 (Soller & Bar-Cohen, 1967; Bar-Cohen *et al.* 1978) por meio de métodos convencionais que não consideram as covariâncias entre rainha e operárias.

Bienefeld & Pirchner (1990) estimaram parâmetros genéticos por meio do método de quadrados mínimos e encontraram herdabilidades para operárias e rainhas na produção de mel (0,26 e 0,15) e cera (0,39 e 0,45) e para características comportamentais de defensividade (0,41 e 0,40) e mansidão (0,91 e 0,58), respectivamente.

Van Engelsdorf & Otis (2000) desenvolveram um índice de seleção para várias características em abelhas. No entanto, Bienefeld & Pirchner (1991) já haviam derivado o índice de seleção para várias características, considerando simultaneamente os efeitos de rainha e operárias. Entretanto, para Bienefeld *et al.* (2007), o uso de índices de seleção está se tornando menos comum em função das influências ambientais, assim como das diferenças genéticas nos níveis de acasalamentos sugerindo utilização do Modelo Animal – BLUP (Melhor Preditor Linear Não-Viesado) com adaptações pertinentes às abelhas.

Os preditores dos valores genéticos de indivíduos que serão submetidos à seleção variam de acordo com os conhecimentos disponíveis acerca das populações a que eles pertencem (Martins *et al.* 1997). Há três classes de preditores (Henderson, 1984; Quaas, 1984; Elzo, 1989), que são definidas como Melhor Preditor (BP), Melhor Preditor Linear (BLP) e Melhor Preditor Linear Não-Viesado (BLUP).

O BP é utilizado se a forma da distribuição conjunta das observações e dos valores genéticos é conhecida, assim como os parâmetros dessa distribuição (Martins *et al.* 1997). O BLP é denominado Índice de Seleção (Henderson 1963, 1974; Quaas 1984) e consiste basicamente na predição dos valores genéticos dos indivíduos com base nas informações de suas características, dadas suas variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas. Finalmente, para o BLUP, os parâmetros da distribuição não são conhecidos. O que tem sido feito é estimá-los a partir das próprias observações e, então, utilizar tais valores como parâmetros (Martins *et al.* 1997).

Segundo Lynch & Walsh (1998), o uso do BLUP é justificável em situações de complexidade de informações de pedigree, uma vez que, ao estimar o valor genético de um indivíduo, ele utiliza todas as informações disponíveis de seus parentes, de forma otimizada, conferindo à seleção, maior acurácia. No entanto, a obtenção de melhores respostas no menor intervalo de tempo, utilizando-se de todas as informações disponíveis, conduz geralmente, a aumentos na taxa de consanguinidade.

Por meio dos esquemas de seleção atuais é possível utilizar melhor a variabilidade genética existente numa população e, dessa forma, reduzir a taxa de consanguinidade e seu efeito de depressão, sem prejuízos ao progresso genético (Sanchez *et al.* 1999). Em abelhas, as relações genéticas e a consanguinidade são dependentes do método de melhoramento e sistema de acasalamentos utilizados (Bienefeld *et al.* 2007).

Em comparação ao BLP (Índice de Seleção), utilizado por Bienefeld & Pirchner (1991) e Van Engelsdorf & Otis (2000), na avaliação genética de abelhas, a aproximação descrita por Bienefeld *et al.* (2007) propõe duas vantagens: considera a contribuição de ambas as castas sobre a expressão da colônia e a relação genética entre colônias facilitando as comparações genéticas da população como um todo.

Geralmente, as características economicamente importantes são correlacionadas, ou seja, a alteração em uma delas leva a mudança em outra característica. Assim, é importante o conhecimento dessas correlações, uma vez que o valor econômico de um animal é influenciado por várias características (Falconer 1987).

Em abelhas, muitas das características de valor econômico assim como a produção de mel, própolis e pólen podem ser medidas somente em nível de colônia, portanto, a identificação de características associadas à produção e de fácil mensuração são utilizadas para seleção indireta (Souza *et al.* 2002). A aplicação da seleção em duas

características simultaneamente pode eventualmente resultar em correlações negativas. Neste caso, a correlação negativa entre o efeito direto e materno impede a resposta de seleção (Willhan 1963; Foulley & Lefort 1978; Roehle & Kennedy 1993).

Com relação ao acima citado e entrando em um contexto geográfico sobre estudos de melhoramento genético de *Apis mellifera* africanizadas, a Universidade Estadual de Maringá – UEM, localizada no Estado do Paraná, desenvolve estudos relacionados ao melhoramento desde 2003 para produção de geleia real e mel.

Um dos primeiros trabalhos desenvolvidos foi o de Mouro e Toledo (2004), cujo objetivo foi avaliar a produção de geleia real em colônias de abelhas africanizadas e híbridos de cárnica na cidade de Maringá, Estado do Paraná. Subsequentemente, Toledo & Mouro (2005) avaliaram a produção de geleia real em colônias de abelhas europeias *Apis mellifera*, em comparação às africanizadas selecionadas para a produção de geleia real e africanizadas selecionadas para produção de mel com cárnica híbridas.

Costa (2005), utilizando metodologia Bayesiana, estimou parâmetros genéticos e fenotípicos para peso e medidas morfométricas de asa e abdome em rainhas africanizadas recém-emergidas. Foi encontrado potencial de seleção em todas as características, separadamente.

Os métodos Bayesianos vêm sendo utilizados para a estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para a avaliação dos animais, permitindo a análise de pequenos a grandes conjuntos de dados, propiciando estimativas diretas e acuradas dos componentes de variância, valores genéticos e intervalos de credibilidade para essas estimativas (Van Tassel & Van Vleck 1995).

Costa-Maia (2009) estimou em abelhas africanizadas parâmetros genéticos para a produção de mel, peso e características morfométricas de rainha, considerando o efeito genético materno. As herdabilidades encontradas para peso da rainha à emergência e produção de mel foram de 0,76 e 0,34, respectivamente. Foram encontrados efeitos diretos e maternos fortemente correlacionados de forma positiva (0,73), demonstrando que a seleção por meio do peso da rainha produzirá ganhos correlacionados na produção de mel.

Posteriormente, Faquinello *et al.* (2011) associaram características morfométricas de rainhas recém-emergidas com a produção de geleia real por minirrecria e encontraram potencial de seleção para produção, baseada na largura do abdome.

Costa-Maia *et al.* (2011), estimando os componentes de covariância para comportamento higiênico, observaram moderada correlação genética para comportamento higiênico em 48 e 72h.

Estimativas dos parâmetros genéticos para as características de interesse econômico, como produção de mel, em *Apis mellifera* africanizadas, são escassas na literatura nacional. Até o momento, poucos trabalhos que avaliassem as características: peso, comprimento e largura de abdome como parâmetros para seleção foram descritos na literatura. Desta forma, estudos são necessários com intuito de aumentar a gama de informações sobre o melhoramento genético desta espécie, com o objetivo maior de rentabilidade no que se refere à produção de mel.

Referencias

- Bar-Cohen, R., Alpern, G., Bar-Anan, R. (1978) Progeny testing and selecting Italian queens for brood area and honey production. *Apidologie*, **9**, 95-100.
- Bienefeld, K., Ehrhardt, K., Reinhardt, F. (2007) Genetic evaluation in the honey bee considering queen and worker effects – A BLUP-Animal Model approach. *Apidologie*, **38**, 77-85.
- Bienefeld, K., Pirchner, F. (1990) Heritabilities for several colony traits in the honeybee (*Apis mellifera carnica*). *Apidologie*, **21**, 175-183.
- Bienefeld, K., Pirchner, F. (1991) Genetic correlations among several colony characters in the honey bee (Hymenoptera: Apidae) taking queen and worker effects into account. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, **84**, 324-331.
- Boch, R., Jamieson, C. A. (1960) Relation of body weight to fecundity in queen honeybees. *Can. Entomol.*, **92**, 700-701.
- Chevalet, C., Cornuet, J. M. (1982) Étude théorique sur la sélection du caractère "production de miel" chez l'abeille. I. Modèle génétique et statistique. *Apidologie*, **13**, 39-65.
- Collins, A. M., Brown, M. A., Rinderer, T. E., Harbo, J. R., Tucker, K. W. (1987) Heritabilities of honey-bee alarm pheromone production. *J. Heredity*, **78**, 29-31.
- Collins, A. M., Rinderer, T. E., Harbo, J. R., Brown, M. A. (1984) Heritabilities and correlations for several characters in the honey bee. *J. Heredity*, **75**, 135-140.
- Corbella, E., Gonçalves, L. S. (1982) Relationship between weight at emergence, number of ovarioles and spermathecal volume of Africanized honey bee queens (*Apis mellifera* L.). *Rev. Bras. Genet.*, **4**, 835-840.
- Costa, F. M. (2005) *Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para peso e medidas morfométricas em rainhas Apis mellifera africanizadas*. 39 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

Costa-Maia, F. (2009) *Aspectos genéticos da produção de mel e comportamento higiênico em abelhas Apis mellifera africanizadas*. 81 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

Costa-Maia, F. M., Toledo, V. A. A., Martins, E. N., Lino-Lourenço, D. A., Sereia, M. J., Oliveira, C. A. L., Faquinello, P., Halak, A. L. (2011) Estimates of covariance components for hygienic behavior in Africanized honeybees (*Apis mellifera*). *Rev. Bras. Zootec.*, **40**, 1909-1916.

Crane, E. (1990) *Bees and beekeeping: science, practice and world resources*. Heinemann Newnes, Oxford, New York.

Crow, J. F., Roberts, W. C. (1950) Inbreeding and homozygosity in bees. *Genetics*, **35**, 612-621.

De Jong, D. (1990) Potencial produtivo das abelhas africanizadas em relação ao das abelhas europeias. In: Anais da 27^o Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. Campinas, 1990. pp. 577-587.

Elzo, M. A. (1989) *Modelos lineares mistos na avaliação de valores genéticos dos animais*. UFV, Viçosa.

Falconer, D. S. (1987) *Introdução a genética quantitativa*. Viçosa, UFV, Viçosa.

Faquinello, P., Toledo, V. A. A., Martins, E. N., Oliveira C. A. L., Sereia, M. J., Costa-Maia, F. M., Ruvolo-Takasusuki M. C. C. (2011) Parameters for royal rellly production in Africanized honeybees. *Sociobiology*, **57**, 1-15.

Francoy, T. M. (2007) *Variabilidade genético – morfológica em populações neotropicais de Apis mellifera*. 167 f. (Tese de Doutorado) – Universidade de São Paulo - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, São Paulo.

Foulley, J. L., Lefort, G. (1978) Méthodes d'estimation des effets directs et maternels en sélection animale. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, **10**, 475-496.

Gilley, D. C., Tarpy, D.,R., Land, B. B. (2003) Effect of queen quality on interactions between workers and dueling queens in honeybee (*Apis mellifera* L.) colonies. *Behav. Ecol. Sociobiol.*, **55**, 190-196.

Gonçalves, L. S. (1974) Comments on the aggressiveness of the Africanized bees In Brazil. *Am. Bee J.*, **114**, 448-450.

Gonçalves, L. S. (2006) Desenvolvimento e expansão da apicultura no Brasil com abelhas Africanizadas. *Rev. SEBRAE*, **3**, 14-16.

Gramacho, K. P. (2008) Uso do comportamento higiênico nos programas de melhoramento de abelhas. In: Anais do 17^o Congresso Brasileiro de Apicultura. Belo Horizonte (MG), 2008.

- Harbo, J. R., Rinderer, T. E. (2005) Breeding and genetics of honeybees. Beekeeping in the United States. Disponível em: http://maarec.cas.psu.edu/bkCD/HBBiology/breeding_genetics.htm. Acesso: 17 jan 2012.
- Hatch, S., Tarpy, D. R., Fletcher, D. J. C. (1999) Worker regulation of emergency queen rearing in honey bee colonies and the resultant variation in queen quality. *Insectes Soc.*, **46**, 372-377.
- Henderson, C. R. (1984) *Applications of linear models in animal breeding*. Guelph: University of Guelph, Guelph.
- Henderson, C. R. (1974) General flexibility of linear model for sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, **57**, 963-972.
- Henderson, C. R. (1963) Selection index and expected genetic advance. In: *Statistical genetics and plant breeding*. Washington, Washington DC, pp. 141-163.
- Hoopingarner, R., Farrar, C. L. (1959) Genetic control of size in queen honey bees. *J. Econ. Entomol.*, **52**, 547-548.
- IBGE (2008) *Mel*. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia>. Acesso: 11 dez. 2011.
- Kahya, Y., Gençer, H. V., Woyke, J. (2008) Weight at emergence of honey bee (*Apis mellifera caucasica*) queens and its effect on live weights at the pre and post mating periods. *J. Apic. Res.*, **47**, 118-125.
- Kerr, W. E. (1957) Introdução de abelhas africanas no Brasil. *Brasil Apícola*, **3**, 211-213.
- Kerr, W. E. (1967) The history of the introduction of African bees to Brazil. *South African Bee Journal*, **39**, 3-5.
- Laidlaw, H. H., Page, R. E. (1984) Polyandry in honey bees (*Apis mellifera L.*): Sperm utilization and intracolony genetic relationship. *Genetics*, **108**, 985-997.
- Lynch, M.; Walsh, B. (1998) *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sunderland, Sunderland.
- Martins, E. N., Lopes, P. S., Almeida E Silva, M., Torres Junior, R. A. A. (1997) *Uso de modelos mistos na avaliação genética animal*. UFV, Viçosa.
- Mensagem Doce (2008) *Reunião da associação brasileira de exportadores de mel ABEMEL*. Disponível em: <http://www.apacame.org.br/index1.htm>. Acesso: 13 dez. 2011.
- Milne, C. P. (1985a) An estimate of the heritability of the corbicular area of the honeybee. *J. Apic. Res.*, **24**, 137-139.

Milne, C.P. (1985b) An estimate of the heritability of worker longevity or length of life in the honeybee. *J. Apic. Res.*, **24**, 140-143.

Milne, C. P. (1985c) A heritability estimate of honeybee hoarding behavior. *Apidologie*, **16**, 413-420.

Ministério Agricultura (2011) Produção de mel cresce 30% no último ano. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/animal/noticias/2011/03/producao-de-mel-cresce-30porcento-no-ultimo-ano>. Acesso: 19 dez. 2011.

Morini, M. S. C., Bueno, O. C. (1993) Morphology and weight of Africanized queen bees produced in different diameters of artificial cups. *J. Adv. Zool.*, **14**, 67-69.

Mouro, G. F., Toledo, V. A. A. (2004) Evaluation of *Apis mellifera* Carniolan and Africanized honey bees in royal jelly production. *Braz. Arch. Biol. Technol.*, **47**, 469-476.

Nogueira Neto, P. (1972) Notas sobre a história da apicultura no Brasil. In: CAMARGO, J. M. F. *Manual de apicultura*. Agronomica Ceres, São Paulo, pp. 17-32.

Polhemus, M. S., Lush, J. L., Rothenbühler, W. C. (1950) Mating systems in honeybees. *J. Heredity*, **41**, 151-154.

Quass, R. L. (1984) Linear prediction. In: QUASS, R. L.; GILMOUR, A. R. *Use of the mixed models for prediction and for estimation of (co)variance components*. University of New England – AGBU, Armidale, pp. 1-76.

Resende, R. B. (2008) A contribuição da Rede Apis na implantação da apicultura sustentável. In: Anais do 17º Congresso Brasileiro de Apicultura. Belo Horizonte (MG), 2008.

Rinderer, T. E. (1977) A new approach to honey bee breeding at the Baton Rouge USDA, Laboratory. *American Bee Journal*, **117**, 146-147.

Rinderer, T. E., Collins, A. M., Brown, M. A. (1983) Heritabilities and correlations of the honey bee: response to *Nosema apis*, longevity and alarm response to isopentyl acetate. *Apidologie*, **14**, 79-85.

Rinderer, T. E., Oldroyd, B. P., Sheppard, W. S. (1993) Africanized bees in the U.S. *Sci. Am.*, **12**, 52-58.

Roehe, R., Kennedy, B. W. (1993) The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. *J. Anim. Sci.*, **71**, 2353-2364.

Sanchez, L., Toro, M.,A., Garcia, C. (1999) Improving the efficiency of artificial selection: more selection pressure with less inbreeding. *Genetics*, **151**, 1103-1114.

Silva, L. O. C., Nobre, P. R. C., Rosa, A. N. (2008) O programa Embrapa de melhoramento de gado de corte – GENEPLUS. In: Anais do 7º Congresso Brasileiro de Raças Zebuínas. Uberaba (MG), 2008. pp.71-80.

Soares, A. E. E. (2008) Avanços científicos e o desenvolvimento da apicultura. In: Anais do 17º Congresso Brasileiro de Apicultura. Belo Horizonte (MG), 2008.

Soares, A. E. E., Almeida, R., Bezerra, M. A. F. (1996) Avanços no melhoramento genético e na inseminação instrumental em *Apis mellifera*. In: Anais do 11º Congresso Brasileiro de Apicultura. Teresina (PI), 1996. pp.59-61.

Soller, M., Bar-Cohen, R. (1967) Some observations on the heritability and genetic correlation between honey production and brood area in the honey bee. *J. Apic. Res.*, **6**, 37-43.

Souza, D. C., Cruz, D. C., Campos, L. A. O., Regazzi, A. J. (2002) Correlação entre a produção de mel e algumas características morfológicas em abelhas africanizadas (*Apis mellifera*). *Cienc. Rural*, **32**, 869-872.

Tarpy, D. R., Hatch, S., Fletcher, J. C. (2000) The influence of queen age and quality during queen replacement in honeybee colonies. *Animal Behaviour*, **59**, 97-101.

Toledo, V. A. A., Mouro, G. F. (2005) Produção de geleia real com abelhas africanizadas selecionadas e cárnicas híbridas. *Rev. Bras. Zootec.*, **34**, 2085-2092.

Van Engelsdorf, D., Otis, C. W. (2000) Application of a modified selection index for honey bees (Hymenoptera Apidae). *J. Econ. Entomol.*, **93**, 1606-1612.

Van Tassel, C. P., Van Vleck, L. D. (1995) *A manual for use of MTGSAM. A set of fortran programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation.* (DRAFT) Departament of Agriculture/ Agricultural Research Service, Lincon.

Willham, R. L. (1963) The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. *Biometrics*, **19**, 18-27.

II – OBJETIVOS GERAIS

- ✓ Avaliar as características de peso, largura de abdome e comprimento de abdome de rainhas após a emergência, como critério de seleção para possível utilização como parâmetro no melhoramento de abelhas *Apis mellifera* africanizadas para incremento na produção de mel.
- ✓ Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos para estas mesmas características em *Apis mellifera*.
- ✓ Verificar entre as características de peso, largura de abdome e comprimento de abdome, pela análise de correlação genética e fenotípica, qual(is) pode(m) ser utilizada(s) como critério de seleção para aumento na produção de mel.

III – Parâmetros e correlações genéticas e fenotípicas para peso e medidas morfométricas em rainhas *Apis mellifera* africanizadas

Resumo

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos para peso, comprimento e largura de abdome de rainhas de *Apis mellifera* africanizadas recém-emergidas, verificando-se entre as características morfométricas e peso estudados, se uma destas pode ser utilizada como critério de seleção. Para isso, 60 colônias foram coletas aleatoriamente de um produtor e estabelecidas em campo experimental. O processo de melhoramento iniciou-se pela seleção de rainhas recém-emergidas, pelo método adaptado de Doolittle, e todas as análises foram realizadas por meio de inferência Bayesiana para análise unicarácter, bicarácter e tricarácter. Valores de peso, largura e comprimento de abdome foram submetidos à Anova e teste Tukey a 5%. Dados de correlação genética e fenotípica também foram estimados pela correlação de Pearson e validados pelo teste “t”. A característica peso apresentou uma média de 215,64 mg para as rainhas à emergência, enquanto comprimento e largura de abdome, uma média de 11,65 mm e 5,09 mm, respectivamente. Houve diferenças significativas para os valores médios de peso e comprimento de abdome nas três gerações. O valor da herdabilidade para peso (P), comprimento (CA) e largura de abdome (LA) foi de 0,29, 0,15 e 0,35, respectivamente, pela análise unicarácter. A análise tricarácter para herdabilidade para as mesmas características foi de 0,40, 0,23 e 0,25, respectivamente. Os valores de (co)variância genética aditiva e fenotípica obtidos pela análise bicarácter foram positivos para as três interações testadas. A interação PxCA apresentou valores de (co)variância genética aditiva de 2,48 e fenotípica de 0,82. Foram encontrados para (co)variância genética aditiva e fenotípica para a interação PxLA, respectivamente, 1,53 e 0,17 e a interação CAxLA teve valores de 0,07 para (co)variância genética aditiva e de 0,18 para fenotípica. A (co)variância genética aditiva pela análise tricarácter para a interação PxCA foi de 2,82, de 0,03 para a interação CAxLA e de 1,29 para a interação PxLA enquanto que, a (co)variância fenotípica pela análise tricarácter para a interação PxCA foi de 7,21; PxLA - 1,72 e CAxLA foi de 0,06. Os valores de correlação genética obtidos pela análise bicarácter variaram de 0,86 a 0,94, enquanto que a análise tricarácter evidenciou valores inferiores variando de 0,20 a 0,41. A correlação fenotípica

pela análise bicarácter apresentou baixos valores, variando de 0,01 a 0,07, enquanto que a análise tricarácter apresentou valores de 0,24 a 0,57. Conclui-se assim que peso, comprimento de abdome e largura de abdome são passíveis de serem utilizados como critério de seleção em um programa de melhoramento. Valores estimados pela análise tricarácter são mais precisos quando comparados aos estimados pelas demais análises. As características, peso e comprimento de abdome são mais indicadas para se obter ganhos de seleção em abelhas africanizadas considerando-se a correlação genética pela análise tricarácter.

Palavras-chave: Abelha africanizada; herdabilidade; correlação genética; correlação fenotípica; inferência bayesiana.

III – Parameters and genetics and phenotypic correlations for weight and morphometric measurements in africanized *Apis mellifera* queens

Abstract

This research was carried out to estimate genetic and phenotypic parameters for weight, length and width of abdomen from Africanized *Apis mellifera* queens newly emerged, verifying if one of these parameters can be used as selection criteria. For this, 60 colonies were randomly collected from a beekeeper and then set in experimental field. All tests were performed by using Bayesian inference for unicharacter, bicharacter and tricharacter analysis. Values of weight, width and length of abdomen were analyzed by ANOVA and Tukey's test at 5% significance. Data from genetic and phenotypic correlations were estimated by Pearson's correlation coefficient and validated by "t" test. The parameter weight showed an average of 215.64mg for queens at emerge, while length and width of abdomen showed an average of 11.65mm and 5.09mm, respectively. Significant differences in mean values of weight and length of abdomen were observed between the three generations. The heritability for weight(W), length(AL) and width(AW) of abdomen, showed values of 0.29, 0.15 and 0.35, respectively, by unicharacter analysis. The tricharacter analyses for heritability considering the same traits were 0.40, 0.23 and 0.25, respectively. The values of additive genetic and phenotypic (co)variance obtained by bicharacter analysis were positive for three interactions. The WxAL interaction for (co)variance additive genetic was 2.48 and for phenotypic was 0.82. Values of 1.53 and 0.17 were found for additive genetic and phenotypic (co)variance, respectively, for WxAW interaction, and ALxAW showed values of 0.07 for additive genetic and 0.18 for phenotypic (co)variance. The additive genetic (co)variance by tricharacter analysis for WxAL interaction was 2.82, for ALxAW interaction was 0.03 and 1.29 for WxAW interaction, while the phenotypic (co)variance by tricharacter analysis for WxAL interaction was 7.21; WxAW - ALxAW were 1.72 and 0.06, respectively. The values genetic correlation obtained by bicharacter analysis ranged from 0.86 to 0.94, while the tricharacter analysis showed lower values ranging from 0.20 to 0.41. The phenotypic correlation by bicharacter analysis presented low values, ranging from 0.01 to 0.07, while the tricharacter analysis presented higher values varying from 0.24 to 0.57. The parameters weight, length and abdomen width,

can to be used as selection criteria in a breeding program. Estimated values by tricharacter analysis are more accurated when compared to values estimated by further analysis.

Keywords: Africanized honeybee; heritability; genetic correlation; phenotypic correlation; Bayesian inference.

Introdução

As abelhas africanizadas, hoje existentes em todo o Continente Americano, são poli-híbridas resultantes dos intercruzamentos das abelhas africanas *Apis mellifera scutellata*, introduzidas pelo pesquisador Dr. Kerr, no Brasil, em 1956. As várias subespécies europeias que foram introduzidas anteriormente à chegada das africanas no continente (*A. mellifera ligustica*, *A. mellifera mellifera*, *A. mellifera carnica* e *A. mellifera caucasica*) tinham características predominantes das abelhas africanas (Nogueira Neto 1972).

O processo de africanização motivou o desenvolvimento e uso de inovações na apicultura, entre elas, o melhoramento genético, inseminação instrumental e produção de rainhas (Soares 2008).

O Brasil ocupa no cenário mundial o 11º no ranking dos produtores, produção esta que passou de 38 mil toneladas em 2009 a 50 mil toneladas em 2010 (Ministério da Agricultura 2011).

Características pouco influenciadas pelo ambiente e correlacionadas com a produção de mel podem auxiliar na seleção de colônias com maior capacidade para a produção, e alguns autores sugerem que o peso da rainha pode ser uma dessas características (Kahya *et al.* 2008).

Para rainhas fecundadas, esta correlação é conflitante. Nelson & Gary (1983) encontraram correlação positiva entre o peso da rainha fecundada e a produção de mel. Szabo & Lefkovitch (1988) relataram que o peso da rainha fecundada não foi relacionado linearmente com esta característica. Por outro lado, para Szabo (1973), o peso da rainha à emergência é um indicador confiável do valor genético para o potencial reprodutivo da rainha.

Moritz *et al.* (2005) encontraram variação no peso de rainhas virgens provenientes de diferentes subfamílias. Tarpy *et al.* (2000) indicaram que há potencial de seleção para rainhas recém-emergidas pois, existe variação no potencial reprodutivo.

A Universidade Estadual de Maringá, por meio do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, vem realizando, desde 2003, estudos em melhoramento genético para produção de mel e geleia real em *Apis mellifera* africanizadas.

Um dos primeiros trabalhos desenvolvidos foi o de Mouro e Toledo (2004), cujo objetivo foi avaliar a produção de geleia real em colônias de abelhas africanizadas e

híbridos de cárnica na cidade de Maringá, Estado do Paraná. Subsequentemente, Toledo & Mouro (2005) avaliaram a produção de geleia real em colônias de abelhas *Apis mellifera*, em comparação às africanizadas selecionadas para a produção de geleia real e africanizadas selecionadas para produção de mel com cárnicas híbridas.

Costa (2005) encontrou herdabilidade de 0,35 com intervalo de credibilidade preciso para peso de rainhas à emergência e sugeriu que esta característica fosse correlacionada com características de produção de mel. Costa-Maia (2009) estimou em abelhas africanizadas parâmetros genéticos para a produção de mel, peso e características morfométricas de rainha considerando o efeito genético materno. As herdabilidades encontradas para peso da rainha à emergência e produção de mel foram de 0,76 e 0,34, respectivamente. Foram encontrados efeitos diretos e maternos fortemente correlacionados, de forma positiva (0,73), demonstrando que a seleção por peso da rainha produzirá ganhos correlacionados na produção de mel.

Faquinello *et al.* (2011) trabalharam com produção de geleia real e peso da rainha virgem à emergência e encontraram baixa correlação genética de 0,16. Costa-Maia *et al.* (2011), estimando os componentes de covariância para comportamento higiênico, observaram moderada correlação genética para a característica avaliada.

Considerando essas informações, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos para peso, comprimento e largura de abdome de rainhas africanizadas recém-emergidas, verificando-se entre as características morfométricas e peso estudados, se uma destas pode ser utilizada como critério de seleção.

Material e métodos

O experimento foi realizado na Fazenda Experimental de Iguatemi da Universidade Estadual de Maringá (FEI-UEM), no Setor de Apicultura e em um dos apiários associado aos Apiários Diamante – Comercial Exportadora de Mel Ltda, localizado na cidade de Alto Paraná – PR.

Foram coletadas aleatoriamente 60 colônias estabelecidas e utilizadas comercialmente, 60 rainhas que foram identificadas com plaquetas numeradas no tórax, alojadas em núcleos de cinco favos para transporte. Estes foram transportados para a

FEI-UEM, alocados no apiário destinado à introdução de matrizes e receberam todos os cuidados para o seu estabelecimento como colônia.

A partir disso, foi dado o início na criação de rainhas filhas. O método utilizado para a produção das rainhas foi o adaptado de Doolittle (1889). As transferências foram simples com larvas de idade entre 0 e 24h e genealogias controladas.

Foram produzidas dez rainhas de cada uma das 60 matrizes, a cada geração no período de um ano. Para isso, foram utilizadas 25 colônias minirrecrias, cada uma com dois núcleos sobrepostos e separados por uma tela excluidora de rainha. No núcleo superior de cada uma delas foram colocados em um quadro porta-cúpulas, com 30 larvas de diferentes genealogias devidamente identificadas e distribuídas aleatoriamente.

Após dez dias, foram colocadas em estufa própria para criação de rainhas com temperatura média de 34°C e umidade de 60%. A partir de então, o nascimento de todas as rainhas foi monitorado.

As rainhas recém-emergidas foram anestesiadas com CO₂ para a determinação das medidas: do peso vivo (mg) em balança de precisão de 0,001 g e do comprimento e largura do abdome (mm) por meio de paquímetro digital de precisão 0,01 mm – 0,0005”. Em seguida, as rainhas foram alojadas em gaiolas tipo JZsBZs™ e mantidas em estufa com abelhas nutrizas.

Os dados obtidos de peso, comprimento e largura de abdome nas três gerações de seleção de todas as rainhas recém-emergidas foram submetidos à análise de variância (Anova) utilizando o software SAS (SAS Institute 2003) e as médias obtidas em cada geração e para cada característica avaliada, foram comparadas pelo teste de Tukey a 5%.

Após a obtenção dos dados de peso e comprimento/largura de abdome das rainhas recém-emergidas, procedeu-se à avaliação genética por meio do software *Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models* - MTGSAM, desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995), que procede à estimação Bayesiana por meio do método de amostragem de Gibbs.

O modelo animal utilizado foi:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que,

y é o vetor de observações;

X é a matriz de incidência dos efeitos fixos, contida no vetor β ;

B é vetor dos efeitos fixos;

Z é a matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos;

a é o vetor de efeitos genéticos aditivos;

e é o vetor dos erros aleatórios associados a cada observação.

em que, y , a , e e apresentam distribuição conjunta normal multivariada, como segue abaixo:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} ZGZ' + R & ZG & R \\ GZ' & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que, G é a matriz de (co)variâncias genéticas dada por $A\sigma_a^2$, sendo A a matriz de parentesco entre as rainhas e σ_a^2 , a variância genética aditiva; R é a matriz de variância residual dada por $I\sigma_e^2$, sendo I a matriz identidade de ordem igual ao número de rainhas e σ_e^2 , a variância residual da característica.

Foram realizadas análises unicarácter para peso (P), comprimento (CA) e largura de abdome (LA) após emergência das rainhas. Da mesma forma, análise bicarácter foi realizada entre as três variáveis descritas acima (PxCA; PxLA; CAxLA;) e tricarácter (PxCAxLA).

Foram assumidas pressuposições de que o efeito fixo tem distribuição uniforme e os componentes de variância distribuição de Gama invertida. Para os efeitos aleatórios foi assumida distribuição normal.

O número de interações geradas nas cadeias de Gibbs foi definido de acordo com a convergência das cadeias. A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio da utilização dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no *Convergence Diagnosis and Output Analysis - CODA*, implementado no software R Development Core Team (2007).

Usando as predições de valor genético obtidas na análise descrita acima, foram selecionadas as 75 rainhas recém-emergidas, com maiores valores genéticos, filhas das matrizes trazidas do apiário comercial, que foram introduzidas em núcleos de fecundação. Previu-se uma perda inicial de 20%, causada pelo não-retorno de rainhas ao

seu respectivo núcleo de fecundação, após o voo nupcial. Obtiveram-se as 60 rainhas fecundadas, que substituiu as 60 matrizes em serviço. Dessa forma, a cada geração, as rainhas mães foram substituídas pelas rainhas filhas, assim se fez ao longo das três gerações, cujos procedimentos já foram descritos.

Ao longo das gerações de seleção, foi estimada a tendência genética para peso, comprimento e largura do abdome da rainha à emergência.

Para a obtenção das correlações genéticas e fenotípicas, foram estimadas as correlações de Pearson por:

$$r_{x,y} = \frac{S_{x,y}}{\sqrt{S_x^2 S_y^2}}$$

em que:

$r_{x,y}$ = Estimativa da correlação genética entre duas variáveis y e x,

$s_{x,y}$ = Estimativa da covariância entre duas variáveis y e x,

s_y^2 = Estimativa da variância de y,

s_x^2 = Estimativa da variância de x.

A correlação genética é uma estimativa do grau de associação entre duas características herdáveis, sendo uma medida numérica, que varia de -1,00 a +1,00, e descreve como duas características são relacionadas (Beef Improvement Federation 2002). Os valores de correlação genética e fenotípica foram validos pelo Teste “t”, com nível de significância de 5% e 1%.

Resultados

A análise de variância realizada com os dados obtidos de peso, comprimento e largura de abdome em rainhas *Apis mellifera* africanizadas, evidenciou a existência de diferenças significativas para estas características nas três gerações de seleção estudadas.

Na Figura 1, observa-se que a característica peso, na primeira geração de seleção apresentou uma média de 198,26 mg; na segunda geração o peso médio foi de 207,87 mg e, subsequentemente, na terceira geração de seleção o peso médio foi de 215,64 mg.

Nas três gerações, o desvio-padrão aproximado foi de 23,03 mg. Estes valores médios diferiram entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Comportamento similar foi observado para a característica comprimento de abdome. Na primeira geração de seleção a média foi de 10,34 mm, na segunda geração foi de 11,15 mm e por fim a terceira geração de seleção teve média de 11,65 mm, o teste de Tukey a 5% evidenciou diferença estatísticas significativas. O desvio-padrão médio entre as três gerações foi de 0,90 mm.

A largura de abdome, diferentemente das demais características, apresentou média de 5,21 mm na primeira e terceira geração de seleção, enquanto que a média de 5,09 mm foi encontrada na segunda geração de seleção, e entre as três gerações o valor médio de 0,41 mm foi encontrado para o desvio-padrão. Os valores médios para largura de abdome apenas diferiram a média da primeira e terceira geração em relação a segunda pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Ao final das três gerações de seleção, peso (P) apresentou um média de 215,64 mg para as rainhas à emergência, apresentando um desvio-padrão de 23,9 mg. Para comprimento de abdome (CA) a média foi de 11,65 mm, enquanto que a largura de abdome (LA) foi de 5,09 mm, cada característica apresentando um desvio-padrão de 0,78 e 0,41mm, respectivamente (Tabela 1).

As estimativas de variância genética aditiva, fenotípica e herdabilidade (h^2) para todas as características avaliadas no experimento, obtidas por meio de análise unicarácter e os respectivos coeficientes para as características de peso, comprimento de abdome e largura de abdome (Tabela 2).

Inicialmente, observou-se que houve indicação de convergência para as cadeias por meio da utilização dos testes de diagnósticos. As h^2 , em geral, apresentaram valores de baixa magnitude. O valor da h^2 para peso apresentou um valor de 0,29, e coeficiente de variação de 30,83%. Largura de abdome apresentou valor de 0,35 com um coeficiente de variação de 32,97%. O valor de h^2 para comprimento de abdome foi de 0,15, com coeficiente de variação de 32,02%.

A estimativa da variância genética aditiva de rainha à emergência para peso foi de 113,41, comprimento de abdome apresentou variância de 0,131 e largura de abdome foi de 0,069. Estas estimativas apresentaram coeficiente de variação entre 34,4% a 38,8%.

Em relação à variância fenotípica, foi obtido valor de 451,09 para peso, comprimento de abdome foi de 0,852 e largura de abdome foi de 0,191. Com relação ao coeficiente de variação da variância fenotípica, peso e comprimento de abdome apresentaram baixos valores de 5% a 6,1%, enquanto que a característica largura de abdome apresentou coeficiente de variação elevado de 72,8%.

O intervalo de credibilidade e região de alta densidade a 90%, para os componentes de variância e de h^2 para as características de peso, largura de abdome e comprimento de abdome, obtidos nas análises unicarácter, estão apresentados na Tabela 3.

As estimativas de variância genética aditiva, variância fenotípica, variância residual e h^2 foram precisas para peso, comprimento e largura de abdome, pois apresentaram intervalos de credibilidade com menores amplitudes. Da mesma forma, estas mesmas características apresentaram menor variação com relação à distribuição dos dados na região de alta densidade.

Na Tabela 4 são apresentadas as estimativas de variância e (co)variância genética aditiva, fenotípica e h^2 obtidas pela análise bicarácter para peso, largura de abdome e comprimento de abdome de rainha à emergência após três gerações de seleção.

A análise bicarácter evidenciou valores de 128,25 – PxCA; 135,82 – PxLA para variância genética aditiva e 458,81 – PxCA e 462,94 – PxLA para variância fenotípica. Os valores de h^2 para a análise bicarácter foram de PxCA – 0,08 e PxLA – 0,13.

A característica comprimento de abdome à emergência apresentou variância genética aditiva para PxCA de 0,06 enquanto que para CAxLA foi de 0,11, a variância fenotípica para PxCA e CAxLA foi de, respectivamente, 0,27 e 0,84. O valor de h^2 pela análise bicarácter para PxCA e CAxLA foi de, respectivamente, 0,89 e 0,27.

Largura de abdome à emergência das rainhas apresentou, para h^2 , valores na análise bicarácter de PxLA – 0,90 e CAxLA – 0,96, os valores de variância genética aditiva para a análise bicarácter foram de PxLA – 0,02 e CAxLA – 0,05. A variância fenotípica apresentou valores de 0,29 para PxLA e 0,13 para CAxLA.

Os valores de (co)variância genética aditiva e fenotípica obtidos pela análise bicarácter foram positivos para as três interações testadas. A interação PxCA apresentou valores de (co)variância aditiva de 2,48 e fenotípica de 0,82. Valores de 1,53 e 0,17 foram encontrados, respectivamente, para (co)variância genética aditiva e fenotípica

para a interação PxLA, e por fim a interação CAxLA evidenciou valores de 0,07 e 0,18 para (co)variância genética aditiva e fenotípica, respectivamente.

Na Tabela 5 encontram-se as estimativas de variância e (co)variância genética aditiva, fenotípica, residual e herdabilidade obtidas pela análise tricarácter para peso, largura de abdome e comprimento de abdome de rainha à emergência após três gerações de seleção.

A estimativa de variância genética aditiva pela análise tricarácter foi de 246,32 para a característica peso e de 268,44 para variância fenotípica. O valor de herdabilidade para esta característica foi de 0,40. O valor da variância genética aditiva pela análise tricarácter para comprimento de abdome foi de 0,19 e a variância fenotípica foi de 0,68. A herdabilidade pela análise tricarácter foi de 0,23. A característica largura de abdome apresentou valor de herdabilidade de 0,25, variância genética aditiva de 0,11 e variância fenotípica de 0,09.

Para análise tricarácter, os valores de (co)variância foram todos positivos. A (co)variância genética aditiva pela análise tricarácter para a interação PxCA foi de 2,82, de 0,03 para a interação CAxLA e de 1,29 para a interação PxLA. A (co)variância fenotípica pela análise tricarácter para a interação PxCA foi de 7,21 e para PxLA – 1,72 e CAxLA foi de 0,06.

Os valores de correlação genética (rg) e fenotípica (rf) para as análises bicarácter e tricarácter estão apresentados na Tabela 6.

A análise bicarácter revelou valores de rg de elevada magnitude, enquanto que os valores de correlação pela análise tricarácter foram de moderada e média, sendo estes, valores positivos e altamente significativos ($p < 0,01$). A rg entre PxCA foi de 0,89, enquanto que entre PxLA foi de 0,86 e por fim a interação CAxLA evidenciou um valor de rg de 0,94, para a análise bicarácter. Em contrapartida, a análise tricarácter evidenciou valores inferiores para PxCA – 0,41, PxLA – 0,24 e CAxLA – 0,20.

Na análise bicarácter para rf foram encontrados valores de, 0,07 para PxCA e de 0,01 para PxLA, sendo estes valores, significativo a 5% de probabilidade pelo teste “t” e não-significativo, respectivamente. Valores moderados e médios foram encontrados para a rf pela análise tricarácter, sendo de 0,57 – PxCA, 0,34 – PxLA e 0,24 – CAxLA, sendo estes valores significativos ($P < 0,01$).

Discussão

Dados morfométricos e de pesagem em *Apis mellifera* africanizadas com intuito de seleção para incremento na produção de mel são escassos na literatura quando comparados a trabalhos com abelhas europeias. Uma das principais estratégias para o sucesso no melhoramento genético em *Apis mellifera* africanizadas, segundo Costa-Maia & Lino (2009), é definir qual característica deve ser utilizada como parâmetro de seleção e em quem (rainha, zangão ou operárias) realizar essa mensuração para que o processo seja efetivo.

A análise inicial dos valores físicos para as três características evidenciou um valor médio para de rainhas à emergência de 215,64 mg ($\pm 23,9$ mg). Gonçalves & Kerr (1970) obtiveram 199,32 mg, da mesma forma, Meteorima *et al.* (2011) encontraram valor médio do peso à emergência das rainhas de $162,67 \pm 0,64$ mg. Costa (2005), estimando parâmetros genéticos e fenotípicos para peso observou uma média inferior de peso de rainhas à emergência de 184,80 mg, Costa-Maia (2009) de 197,4 mg e 188,82 mg por Faquinello *et al.* (2011). O elevado valor de peso à emergência em rainhas de *Apis mellifera* africanizadas sugere que a utilização do software MTGSAM permitiu após três gerações de seleção, obter indivíduos de maior peso, evidenciando a importância na utilização do software para processo de seleção da característica analisada e validado também pelo teste de médias realizado entre as três gerações de seleção para peso, na qual houve diferença significativa entre elas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Tarpy *et al.* (2000) e Kahya *et al.* (2008) relacionaram a qualidade reprodutiva da rainha ao peso à emergência. A média de peso em mg à emergência para rainhas *Apis mellifera* criadas naturalmente pela colônia variou de 178 a 292 mg (Winston 1987).

Rinderer (1986) e Costa (2005) sugeriram que o peso da rainha à emergência está correlacionado com a característica de produção de mel. Segundo Boch & Jamieson (1960), o peso é uma importante característica, porque o mesmo está correlacionado com a área de cria e se a rainha apresentar bom peso é capaz de botar mais ovos que uma rainha leve e pequena.

Szabo (1973) e Meteorima *et al.* (2011) afirmaram que embora o peso à emergência sofra pequena variação após horas da emergência, o valor continua sendo desejado como fator de seleção das rainhas.

O valor médio para comprimento de abdome foi de 11,65 mm ($\pm 0,9$ mm). Faquinelo *et al.* (2011) encontraram valor médio próximo de 11,0 mm, aos obtidos neste experimento. Média inferior de $9,33 \pm 0,35$ mm, foi observado para esta característica por Hatch *et al.* (1999) e por Tarpy *et al.* (2000) de $9,57 \pm 0,4$ mm. Costa (2005) observou média de $9,9 \pm 0,58$ mm para esta mesma característica enquanto que Costa-Maia (2009) encontrou média de $10,61 \pm 0,97$ mm.

A largura de abdome apresentou uma média de $5,21 \pm 0,41$ mm. Costa (2005) observou valor de 4,6 mm ($\pm 0,04$ mm), da mesma forma, Costa-Maia (2009) encontrou $4,96 \pm 0,44$ mm enquanto que Faquinelo *et al.* (2011) obtiveram valor médio de 4,6 mm.

Da mesma forma que peso, o valor para comprimento e largura de abdome neste experimento foram superiores, possivelmente explicado pela associação entre as características, ou seja, quanto maior o peso de rainhas à emergência, conseqüentemente, maior será o comprimento e a largura do abdome.

A herdabilidade (h^2) é uma das mais importantes propriedades em termos quantitativos, considerando que muitas das características em abelhas como, por exemplo, produção de mel, são de herança quantitativa (Collins, 2008). Esta serve para estimar a variância genética aditiva associada a uma característica expressa em um indivíduo, em uma população (Rinderer, 1977), por isso, sua importância para o melhoramento genético animal (Falconer 1987).

Para Padilha (2011), quando o valor de h^2 estimado for moderado, este pode indicar possíveis ganhos genéticos com a seleção. Se o mesmo for elevado, indica que a característica é altamente herdável, possibilitando ganhos genéticos significativos, em que a maior parte da variância total é atribuída à variância genética, sendo a variância fenotípica de menor efeito.

Valores de baixa h^2 para uma determinada característica podem indicar pequena resposta à seleção direta, entretanto, se houver elevada correlação genética com outra característica, isto pode sugerir eficiência no processo de seleção indireta.

Valores de baixa e moderada magnitude foram apresentadas para as herdabilidades gerais; o maior valor entre as características avaliadas foi para largura de abdome de 0,35, valor intermediário foi encontrado para peso de 0,29 e o menor valor, para comprimento de abdome de 0,15.

Os valores de h^2 encontrados neste trabalho para peso de 0,29 foram menores quando comparados aos obtidos por Costa (2005), cujo valor foi de 0,35, Faquinello (2007) obteve valor de 0,95, Costa-Maia (2009) obteve valores para peso na análise unicaracter de 0,37 e Metorima *et al.* (2011), estudando a característica peso após a emergência de rainhas, obtiveram valor de h^2 de 0,76.

Uma das possíveis explicações para o baixo valor de h^2 obtido, quando comparado aos demais trabalhos acima citados, deve-se possivelmente à elevada variância fenotípica apresentada por essa característica.

Estimativas de h^2 também têm sido relatadas em estudos sobre o comportamento higiênico. O comportamento higiênico é uma defesa natural contra doenças como a Cria Pútrida Americana e ácaros (*Varroa destructor*) na criação de abelhas.

Stanimirovic *et al.* (2008) estimaram valores de h^2 para comportamento higiênico em duas gerações de *Apis mellifera carnica* e relataram valores de 0,63 para a primeira geração de seleção e de 0,45 para a segunda geração de seleção. Isto evidenciou que a seleção produz melhores resultados se realizada na primeira geração para a característica de comportamento higiênico.

Avaliando valores de h^2 para comportamento higiênico para *Apis mellifera*, Boecking *et al.* (2000) observaram valor de 0,18 para infestação de *V. destructor* e de 0,36 para células de crias mortas, considerado que a resistência a ácaro é uma característica potencialmente associada ao comportamento higiênico.

Tanto o comprimento quanto a largura de abdome, também apresentaram valores de h^2 de 0,15 e 0,35, respectivamente, inferiores a outros trabalhos. Costa (2005) encontrou valores de h^2 de 0,59 e 0,68, respectivamente, para comprimento e largura de abdome. Enquanto Costa-Maia (2009) encontrou valores de 0,79 e 0,44 para comprimento e largura de abdome, respectivamente. Por fim, em um trabalho mais recente, Faquinello *et al.* (2011) relataram que a h^2 para comprimento de abdome foi de 0,52 e para largura de abdome foi de 0,50.

Para a característica peso a estimativa de variância genética aditiva foi de 0,60 contrastando com o valor de 0,4 para a variância fenotípica. Comprimento de abdome apresentou uma estimativa da variância genética aditiva de 1,04 e 0,48 para variância fenotípica. Costa (2005) encontrou para peso uma variância genética aditiva de 2262,27 e variância fenotípica de 3680,38.

Segundo Costa-Maia (2009), foram obtidos valores de variância genética aditiva de 79,60, 0,92 e 0,30 para peso, comprimento e largura de abdome e as estimativas de variância fenotípica foram de 211,61, 0,41 e 0,48, respectivamente.

As estimativas de variância genética aditiva e fenotípica em análise unicarácter para as características avaliadas apresentaram valores bem distintos dos já encontrados na literatura. Esta discrepância de valores deve-se à variação dos dados físicos nos diferentes experimentos utilizados para as análises de estimativa. E, também, pelo procedimento utilizado para gerar os dados estimados e o número de interações desejadas pelo pesquisador.

Como descrito nos resultados, tanto o intervalo de credibilidade e a região de alta densidade para as três características pela análise unicarácter foram precisas. Faquinello (2010) encontrou intervalos de credibilidade amplos, caracterizando estimativas pouco precisas, porém com distribuições posteriores simétricas e regiões de alta densidade iguais ou muito próximas aos intervalos de credibilidade, quando realizou estudos sobre estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para produção de geleia real em *Apis mellifera* africanizadas.

A análise bicarácter produziu estimativas mais precisas do que a unicarácter por considerar maior número de informações. Observou-se que tanto a variância genética aditiva quanto a variância fenotípica foram superiores na bicarácter. A variância genética aditiva e fenotípica para análise unicarácter foi de 113,41 e 451,9, respectivamente, enquanto que na bicarácter a variância genética aditiva foi de 128,25 para PxCA, 135,82 para PxLA e 0,11 para a interação CAxLA e a variância fenotípica foi de 458,81 para PxCA, e de 462,94 para PxLA, e 0,84 para CAxLA. Em contrapartida, os valores de h^2 foram menores para PxCA – 0,08 e PxLA – 0,13 quando comparados com 0,29 obtido pela unicarácter.

O comprimento de abdome à emergência apresentou um comportamento inverso ao peso, em que os valores de variância genética aditiva e fenotípica foram menores nas análises bicarácter e maiores para os valores de h^2 (Tabela 2 e Tabela 4). O valor de h^2 para análise unicarácter foi de 0,15 enquanto que pela análise bicarácter para PxCA e CAxLA foi de, respectivamente, 0,89 e 0,27.

Largura de abdome à emergência das rainhas apresentou para h^2 valores superiores na bicarácter para PxLA – 0,90 e CAxLA – 0,96, quando comparado ao valor

de 0,35 na unicarácter, da mesma forma, os valores de variância genética aditiva e fenotípica para bicarácter apresentaram-se superiores.

Costa-Maia (2009) observou valor inferior para a variância fenotípica para comprimento de abdome de 1,10 e largura de abdome de 0,22, pela análise tricarácter, quando comparado à análise unicarácter que apresentou valores de 1,16 e 0,68, respectivamente. O valor de h^2 para comprimento de abdome pela análise tricarácter foi de 0,91, sendo este superior ao valor obtido na unicarácter que foi de 0,79. Da mesma forma, largura de abdome foi de 0,53 na tricarácter e de 0,44 na unicarácter.

Os dados discutidos, a seguir, não são relatados na literatura consultada, sendo assim, o que se segue, tratar-se-á de discutir dados sobre a variância genética aditiva e fenotípica, (co)variância genética aditiva e fenotípica e herdabilidade para peso, comprimento e largura de abdome entre as análises unicarácter, bicarácter e tricarácter, e dentro de cada análises, as diferentes interações.

Os valores das estimativas na análise tricarácter são mais precisos do que os comparados aos valores estimados na análise bicarácter e unicarácter, pelo fato de esta considerar simultaneamente as três características avaliadas neste experimento. Sendo assim, a inclusão de cada característica ao modelo, implicará em mais dados a serem analisados, conseqüentemente, valores adicionais de variância genética e principalmente variância fenotípica.

A estimativa de variância genética aditiva obtida pela análise tricarácter foi de 246,32 para peso, sendo esta, superior quando comparada à análise bicarácter (PxCA – 128,25 e PxLA – 135,82) e unicarácter (113,41). O valor de h^2 (0,40) também foi superior quando comparada à análise bicarácter (PxCA – 0,08 e PxLA – 0,13) e unicarácter (0,29). O valor estimado de 268,44 para variância fenotípica apresentou-se inferior pela análise tricarácter, quando comparado aos valores das análises bicarácter (PxCA – 458,81 e PxLA – 462,94) e unicarácter (451,09).

O mesmo comportamento acima citado foi observado para comprimento de abdome. O valor de 0,19 da variância genética aditiva pela análise tricarácter, teve incremento quando comparado ao valor de 0,13 pela unicarácter e na análise bicarácter para PxCA – 0,06 e CAxLA – 0,11. A variância fenotípica foi menor pela análise tricarácter com valor de 0,68, quando comparada à análise bicarácter para PxCA – 0,27 e maior quando comparada à interação CAxLA de 0,84. A h^2 de 0,23 obtida pela análise

tricarácter foi superior quando comparada ao valor da unicarácter de 0,15 e inferior a bicarácter para PxCA – 0,89 e CAxLA – 0,27.

Quando comparados os valores médios de (co)variância genética aditiva e fenotípica para as interações PxCA e PxLA, em relação aos valores da variância genética aditiva para as mesmas, observa-se que, pela grande diferença das médias dos valores, houve a superestimação dos valores da variância genética aditiva. Contrapondo-se ao acima citado, a interação CAxLA apresentou menor variação nos valores médios, indicando menor estimação dos valores de variância genética aditiva.

Valor de h^2 (0,25) e variância fenotípica (0,09) para análise tricarácter da largura de abdome foram inferiores quando comparados aos valores estimados pela análise bicarácter (PxLA – 0,90/0,29; CAxLA – 0,96/0,13, respectivamente) e unicarácter (0,35/0,19, respectivamente). Costa (2005) encontrou h^2 superiores de 0,71 para peso e 0,68 para comprimento de abdome e também 0,68 para largura de abdome pela análise pentacarácter quando comparados a estes mesmos valores pela análise tricarácter (0,38; 0,44 e 0,61, respectivamente).

Essas diferenças entre os valores estimados para variância genética, variância fenotípica e de h^2 obtidos pelas análises unicarácter, bicarácter e tricarácter também foram relatados em outros trabalhos (Costa 2005; Costa-Maia 2009; Faquinello 2010). Contudo, estes autores, não estabeleceram relações entre estes valores distintos, apenas enfatizaram que quanto maior o número de características analisadas, mais precisos serão os valores estimados, isto concorda com os resultados deste experimento.

Faquinello (2010), estimando parâmetros genéticos e componentes de (co)variância para produção de geleia real em abelhas africanizadas, obteve valores de variância genética aditiva e de h^2 menores pela análise tricarácter quando comparada aos valores estimados pela análise unicarácter. Da mesma forma, valores estimados de variância fenotípica foram semelhantes e menores pela análise tricarácter.

Com relação à produção de geleia real em abelhas africanizadas, Baitala *et al.* (2010) investigaram as variações genéticas do *loci major royal jelly proteins* – MRJPs e seu potencial uso como marcadores para aumento de produção de geleia real. Os autores observaram que existe grande variabilidade para o *loci*, e que grande parte da variação na produção de geleia real é explicada pela variação genética nos alelos C, D e E.

Os valores de (co)variância para análise tricarácter foram todos positivos. Quando se compara a (co)variância genética aditiva para PxCA pela análise tricarácter – 2,82,

esta apresentou-se superior em relação à análise bicarácter – 2,48. Valores inferiores para (co)variância genética aditiva para interação CAxLA – 0,03 e PxLA –1,29 pela tricarácter foram encontrados quando comparados a 0,07 e 1,53, respectivamente, pela bicarácter. Costa (2005) encontrou valores de (co)variância genética aditiva superiores pela pentacarácter (incluindo-se as características: comprimento e largura de asa), quando comparado a estes mesmos obtidos pela análise tricarácter, em que se considerou peso, comprimento e largura de abdome.

Os valores de (co)variância fenotípica pela análise tricarácter para as interações PxCA – 7,21 e PxLA –1,72 foram superiores aos encontrados para as mesmas interações na análise bicarácter de 0,82 e 0,17, respectivamente. Porém, a (co)variância fenotípica na análise tricarácter para a interação CAxLA – 0,06 foi inferior quando comparada à análise bicarácter – 0,18.

Rinderer (2008) relatou que o estudo de correlação é outra forma de avaliar características importantes em abelhas. A correlação genética (rg) é uma estimativa do grau de associação entre duas características herdáveis, sendo uma medida numérica, que varia de -1,00 a +1,00, e que descreve como as duas características são relacionadas (Beef Improvement Federation 2002). O valor de correlação para o melhoramento é calculada pela (co)variância de duas características estudadas e dividida pelo produto da variância destas duas mesmas características, o uso de correlação é denominado de seleção indireta, em que uma característica selecionada induz à seleção de outra característica de importância econômica (Collins 2008).

Desta forma, os valores encontrados de rg obtidos pela análise bicarácter e tricarácter foram de moderada, média e elevada magnitude, sendo a maioria destes altamente significativos ($p < 0,01$) e todos positivos. Segundo Falconer (1987), a magnitude da rg entre duas características mostra se estas são influenciadas pelos mesmos genes e, geralmente, características de importância econômica são correlacionadas. Para Milne (1985), correlações positivas indicam a possibilidade de melhoramento simultâneo, em que a seleção de uma característica produz resposta correlacionada em outra. Cruz (2001) enfatizou a importância da correlação e destacou que a mesma permite a medida da direção da relação entre duas características o uso da seleção indireta que, em alguns casos permite ganhos.

Valores inferiores para rg também foram evidenciados quando comparados pela análise bicarácter e tricarácter para a interação PxLA (Tabela 6). A interação CAxLA

apresentou uma rg de 0,94 pela análise bicarácter contrapondo-se ao valor de 0,20 da tricarácter. Quando a correlação fenotípica (rf) é superior a rg , implica dizer que, o ambiente exerceu grande influência sobre esta característica (Faquinello 2010).

Com relação à rf , pela análise bicarácter e tricarácter, valores baixos, moderados e médios foram encontrados. A rf entre PxCA não foi observado, pelo seu baixo valor. A interação PxCA evidenciou um valor de 0,07 pela análise bicarácter, contudo a análise tricarácter apresentou valor bem superior – 0,57, sendo estes, altamente significativos. A interação entre CAxLA, contrariamente, apresentou rf pela análise bicarácter superior – 0,54 quando comparada à análise tricarácter – 0,24.

Valores de correlação tanto genética quanto fenotípica encontradas por Costa (2005) foram muito baixos quando estimou parâmetros genéticos e fenotípicos para peso, comprimento e largura de asa, comprimento e largura do abdome em rainhas *Apis mellifera* africanizadas, sendo estes não superiores a 0,1. A autora relatou que a seleção de rainhas para peso não trará alterações nas características de comprimento e largura de asa e abdome.

Segundo Costa (2005), os valores de rg e rf podem sofrer alteração dependendo do tipo de análise realizada, ou seja, pela inclusão ou não de mais características no modelo. A autora observou que os valores de rg e rf , exceto a interação PxLA, todas as demais interações foram superiores pela análise tricarácter quando comparada à análise pentacarácter, que inclui comprimento e largura de asa.

Costa (2005) encontrou valores de rf superiores aos valores de rg para a análise de comprimento e largura de abdome. Costa-Maia *et al.* (2011), estudando o comportamento higiênico em abelhas africanizadas, observaram correlação positiva de 0,49 quando estudado este comportamento no período de 24, 48 e 72h. Neste mesmo trabalho, valores estimados de rf , segundo os autores, foram baixos e variaram de 0,20 a 0,31.

Estimativas de correlação podem ser utilizadas para estudos de comportamento higiênico associados à infestação por *V. destructor*. Boecking *et al.* (2000) observaram rg de 0,61 e rf de 0,11 para comportamento higiênico e infestação/células de cria morta, respectivamente.

Bublitz-Filho & Moretto (1996) encontraram ausência de correlação entre peso de rainha à emergência e velocidade de postura, evidenciando que os alvéolos

construídos por abelhas africanizadas não afetam a introdução do abdome das rainhas mesmo havendo variabilidade quanto ao tamanho do abdome.

Levando em consideração que a rg obtida pela análise bicarácter foi de 0,94, assume-se que esta é de grande importância no processo de seleção e os resultados encontrados são satisfatórios e consistentes, principalmente quando o processo de seleção ocorrer por meio da seleção direta da característica comprimento de abdome (indiretamente selecionando largura de abdome) ou pela seleção direta da característica largura de abdome (indiretamente selecionando comprimento de abdome). Contudo, quando se leva em consideração os resultados da análise tricarácter o processo de seleção será mais eficiente, se selecionar diretamente a característica peso ou comprimento de abdome, cujo valor de rg aditiva foi de 0,4.

Considerando que a análise tricarácter permite obter dados mais consistentes, por incluir uma característica a mais, neste caso, tornar-se-iam as duas características (peso e comprimento de abdome) mais confiáveis para se obter ganho de seleção.

Estudos futuros sobre a produção de mel aliadas a essas características selecionadas, possibilitaram avanços no melhoramento genético de abelhas africanizadas.

Conclusão

As características peso, comprimento de abdome e largura de abdome são passíveis de serem utilizadas como critério de seleção em um programa de melhoramento.

Os valores das estimativas para variância genética aditiva, fenotípica, (co)variância genética aditiva, (co)variância fenotípica e h^2 pela análise tricarácter são mais precisos do que os comparados aos valores estimados na análise bicarácter e unicarácter, pelo fato de se considerar simultaneamente as três características.

As características, peso e comprimento de abdome são as mais indicadas para se obter ganhos de seleção pela análise tricarácter.

Referências

- Baitala, T. B., Faquinello, P., Toledo, V. A. A., Mangolin, C. A., Martins, E. N. (2010) Potential use of major royal jelly proteins (MRJPs) as molecular markers for royal jelly production in Africanized honeybee colonies. *Apidologie*, **41**, 160-168.
- Beef Improvement Federation (2002) *Guidelines for uniform beef improvement programs*. 8 ed. Animal & Dairy Science Department, The University of Georgia.
- Boecking, O., Bienefeld, K., Drescher, W. (2000) Heritability of the Varroa-specific hygienic behaviour in honey bees (Hymenoptera Apidae). *J. Anim. Breed. Genet.*, **117**, 417-424.
- Boch, R., Jamieson, C.A. (1960) Relation of body weight to fecundity in queen honeybees. *Can. Entomol.*, **92**, 700-701.
- Bublitz-Filho, A., Moretto, G. (1996) Avaliação da velocidade de postura de rainhas de abelhas africanizadas de acordo com o peso corporal. In: Anais do 11º Congresso Brasileiro de Apicultura. Teresina (PI), 24-30 novembro 1996. pp. 380.
- Collins, A. M. (2008) Quantitative genetics. In: Rinderer, T. E. *Bee genetics and breeding*, Academic Press, New York, pp. 283-304.
- Costa, F. M. (2005) *Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para peso e medidas morfométricas em rainhas Apis mellifera africanizadas*. 39 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.
- Costa-Maia, F. (2009) *Aspectos genéticos da produção de mel e comportamento higiênico em abelhas Apis mellifera africanizadas*. 81 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.
- Costa-Maia, F. M., Toledo, V. A. A., Martions, E. N., Lino-Lourenço, D. A., Sereia, M. J., Oliveira, C. A. L., Faquinello, P., Halak, A. L. (2011) Estimates of covariance components for hygienic behavior in Africanized honeybees (*Apis mellifera*). *Rev. Bras. Zootec.*, **40**, 1909-1916.
- Costa-Maia, F. M., Lino, D. A. (2009). Melhoramento genético em abelhas *Apis mellifera* africanizadas: algumas questões decisivas. In: *Sistemas de produção agropecuária*, UTFPR, Curitiba, pp. 434-449.
- Cruz, C. D. (2001) *Programa genes versão windows: aplicativo computacional em genética e estatística*, UFV, Viçosa, pp. 648.
- Doolittle, G. M. (1889) *Scientific queen-rearing as practically applied*, Ills, Chicago.
- Falconer, D. S. (1987) *Introdução a genética quantitativa*, UFV, Viçosa.

Faquinello, P., Toledo, V. A. A., Martins, E. N., Oliveira, C. A. L., Sereia, M. J., Costa-Maia, F. M., Ruvolo-Takasusuki, M. C. C. (2011) Parameters for royal jelly production in Africanized honeybees. *Sociobiology*, **57**, 495-509.

Faquinello, P. (2010) *Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo – ambiente na avaliação genética em abelhas Apis mellifera africanizadas para produção de geleia real*. 77 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

Faquinello, P. (2007) *Avaliação genética em abelhas Apis mellifera africanizadas para produção de geleia real*. 67 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

Gonçalves, L. S., Kerr, W. E. (1970) Genética, seleção e melhoramento. 1. Noções sobre genética e melhoramento em abelhas. In: Congresso Brasileiro de Apicultura. Florianópolis (SC), 8-10 maio 1970. pp. 8-36.

Hatch, S., Tarpy, D. R., Fletcher, D. J. C. (1999) Worker regulation of emergency queen rearing in honey bee colonies and the resultant variation in queen quality. *Insectes Soc.*, **46**, 372-377.

Kahya, Y., Gençer, H. V., Woyke, J. (2008) Weight at emergence of honey bee (*Apis mellifera caucasica*) queens and its effect on live weights at the pre and post mating periods. *J. Apic. Res.*, **47**, 118-125.

Metorima, F. N., Costa-Maia, F. M., Toledo, V. A. A., Parpinelli, R. S., Halak, A. L., Ostrovski, K. R., Lourenço, L. D. A., Oliveira, C. A. L. (2011) Peso de rainhas africanizadas após a emersão. In: Anais do 21º Congresso Brasileiro de Zootecnia. Maceió (AL), 23-27 maio 2011. pp. 1-4.

Milne, C. P. (1985) Estimates of heritabilities of and genetic correlation between two components of honey bee (Hymenoptera: Apidae) hygienic behavior: uncapping and removing. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, **78**, 841-844.

Ministério Agricultura (2011) Produção de mel cresce 30% no último ano. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/animal/noticias/2011/03/producao-de-mel-cresce-30porcento-no-ultimo-ano>. Acesso: 19 dez. 2011.

Moritz, R. F. A., Lattorff, H. M. G., Neumann, P., Kraus, F. B., Radloff, S. E., Hepburn, H. R. (2005) Rare royal families in honey bees, *Apis mellifera* L. *Naturwissenschaften*, **92**, 448-491.

Mouro, G. F., Toledo, V. A. A. (2004) Evaluation of *Apis mellifera* Carniolan and Africanized honey bees in royal jelly production. *Braz. Arch. Biol. Technol.*, **47**, 469-476.

Nelson, D. L., Gary, N. E. (1983) Honey productivity of honeybees colonies in relation to body weight, attractiveness and fecundity of the queen. *J. Apic. Res.*, **22**, 209-213.

- Nogueira Neto P. (1972) Notas sobre a história da apicultura no Brasil. In: Camargo J. M. F. (ed.), *Manual de apicultura*. Agronomica Ceres, São Paulo, pp. 17-32.
- Padilha, A. H. (2011) *Parâmetros genéticos para características produtivas e comportamentais em abelhas africanizadas Apis mellifera via abordagem Bayesiana*. 82 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.
- R Development Core Team (2007) *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 18 dez. 2011.
- Rinderer, T. E. (1977) A new approach to honey bee breeding at the baton Rouge USDA, Laboratory. *Am. Bee J.*, **117**, 146-147.
- Rinderer, T. E. (1986) *Bee genetics and breeding*. Miami, Academic Press.
- Rinderer, T. E. (2008) Selection. In: Rinderer, T. E. *Bee genetics and breeding*. Academic Press, Miami, pp. 305-319.
- Soares, A. E. E. (2008) Avanços científicos e o desenvolvimento da apicultura. In: Anais do 17º Congresso Brasileiro de Apicultura. Belo Horizonte (MG), 1-4 jun. 2008. pp. 387-392.
- Stanimirovic, Z., Stevanovic, J., Aleksic, N., Stoj, C.V. (2010) Heritability of grooming behavior in grey honey bees (*Apis mellifera carnica*). *Acta Vet.*, **60**, 313-323.
- Szabo, T. I. (1973) Relationship between weight of honey bee queens (*Apis mellifera* L.) at emergence and at the cessation of egg laying. *Am. Bee J.*, **113**, 250-251.
- Szabo, T. I., Lefkovitch, L. P. (1988) Fourth generation of closed population honeybee breeding. *Apidologie*, **19**, 259-274.
- Tarpy, D. R., Hatch, S., Fletcher, J. C. (2000) The influence of queen age and quality during queen replacement in honeybee colonies. *Anim. Behav.*, **59**, 97-101.
- Toledo, V. A. A., Mouro, G. F. (2005) Produção de geleia real com abelhas africanizadas selecionadas e cárnicas híbridas. *Rev. Bras. Zootec.*, **34**, 2085-2092.
- Van Tassel, C. P., Van Vleck, L. D. (1995) *A manual for use of MTGSAM. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation*. (DRAFT) Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, Lincoln.
- Winston, M. L. (1987) *The biology of the honey bee*. Harvard University Press, London.

Tabelas**Tabela 1** Médias e erros-padrão para peso (P), em mg, comprimento (CA) e largura de abdome (LA), em mm, para rainhas *Apis mellifera* africanizadas à emergência após a terceira geração de seleção

Característica	Média ± desvio-padrão
Peso (P)	215,64 ± 23,90
Comprimento de abdome (CA)	11,65 ± 0,78
Largura de abdome (LA)	5,21 ± 0,41

Tabela 2 Estimativas e coeficientes de variação dos componentes de variância e de herdabilidade para peso (P), comprimento de abdome (CA) e largura de abdome (LA) obtidas nas análises unicarácter

Características	Parâmetros ¹	Médias	Coeficientes de variação
Peso	σ_a^2	113,41	0,3488
	σ_e^2	337,68	0,0921
	σ_f^2	451,09	0,0611
	h_a^2	0,29	0,3083
Comprimento de abdome	σ_a^2	0,13	0,3443
	σ_e^2	0,72	0,0658
	σ_f^2	0,85	0,0507
	h_a^2	0,15	0,3202
Largura de abdome	σ_a^2	0,06	0,3885
	σ_e^2	0,12	0,1545
	σ_f^2	0,19	0,7282
	h_a^2	0,35	0,3297

¹ σ_a^2 = variância genética aditiva, σ_e^2 = variância residual, σ_f^2 = variância fenotípica e h_a^2 = herdabilidade.

Tabela 3 Intervalo de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, para os componentes de variância e de herdabilidade para as características de peso (P), largura de abdome (LA) e comprimento de abdome (CA), obtidos nas análises unicarácter

Características	Parâmetros ¹	Intervalo de credibilidade	Região de alta densidade
Peso	σ_a^2	58,06 - 186,34	53,12 - 171,85
	σ_e^2	284,08 - 387,36	288,27 - 390,11
	σ_f^2	409,06 - 499,44	403,80 - 492,51
	h_a^2	0,13 - 0,38	0,12 - 0,36
Comprimento de abdome	σ_a^2	0,07 - 0,21	0,05 - 0,19
	σ_e^2	0,64 - 0,79	0,63 - 0,78
	σ_f^2	0,78 - 0,92	0,78 - 0,92
	h_a^2	0,08 - 0,25	0,07 - 0,22
Largura de abdome	σ_a^2	0,03 - 0,11	0,02 - 0,11
	σ_e^2	0,09 - 0,14	0,08 - 0,14
	σ_f^2	0,16 - 0,21	0,16 - 0,21
	h_a^2	0,18 - 0,56	0,19 - 0,57

¹ σ_a^2 = variância genética aditiva, σ_e^2 = variância residual, σ_f^2 = variância fenotípica e h_a^2 = herdabilidade.

Tabela 4 Estimativas, desvios-padrão, intervalo de credibilidade e região de alta densidade (90%) dos componentes de variância e de herdabilidade, obtidas nas análises bicaracter para: peso (P) x comprimento de abdome (CA), (P) x largura de abdome (LA), (CA) x (LA)

Parâmetros	Média	DP ¹	IC ²	RAD ³
Peso (P) x Comprimento de abdome (CA)				
σ_{aP}^2	128,25	43,81	68,85 – 210,26	59,40 – 195,48
σ_{aCA}^2	0,06	0,04	0,07x10 ⁻¹ – 0,15	0,03x10 ⁻¹ – 0,13
(co) $\sigma_{a(P \times CA)}^2$	2,48	1,29	0,75 – 4,97	0,53 – 4,49
σ_{fP}^2	458,81	28,06	41,73x10 ¹ – 50,75x10 ¹	415,84 – 502,94
σ_{fCA}^2	0,27	0,08	0,15 – 0,43	0,12 – 0,39
(co) $\sigma_{f(P \times CA)}^2$	0,82	0,04	0,76 – 0,90	0,75 – 0,89
h^2_P	0,08	0,05	0,09x10 ⁻¹ – 0,18	0,04x10 ⁻¹ – 0,15
h^2_{CA}	0,89	0,13	0,61 – 1,00	0,71 – 1,00
Peso (P) x Largura de abdome (LA)				
σ_{aP}^2	135,82	43,27	74,05 – 211,68	65,21 – 198,70
σ_{aLA}^2	0,02	0,01	0,05x10 ⁻¹ – 0,05	0,02x10 ⁻¹ – 0,04
(co) $\sigma_{a(P \times LA)}^2$	1,53	0,64	0,64 – 2,68	0,53 – 2,52
σ_{fP}^2	462,94	27,75	42,06x10 ¹ – 51,08x10 ¹	418,98 – 508,68
σ_{fLA}^2	0,29	0,08	0,16 – 0,43	0,15 – 0,41
(co) $\sigma_{f(P \times LA)}^2$	0,17	0,01	0,16 – 0,19	0,16 – 0,19
h^2_P	0,13	0,08	0,03 – 0,30	0,01 – 0,25
h^2_{LA}	0,90	0,14	0,60 – 0,99	0,71 – 1,00
Comprimento de abdome (CA) x Largura de abdome (LA)				
σ_{aCA}^2	0,11	0,05	0,03 – 0,21	0,02 – 0,20
σ_{aLA}^2	0,05	0,02	0,01 – 0,10	0,06x10 ⁻¹ – 0,87
(co) $\sigma_{a(CA \times LA)}^2$	0,07	0,03	0,02 – 0,13	0,02 – 0,12
σ_{fCA}^2	0,84	0,04	0,76 – 0,92	0,76 – 0,92
σ_{fLA}^2	0,13	0,06	0,04 – 0,24	0,03 – 0,22
(co) $\sigma_{f(CA \times LA)}^2$	0,18	0,01	0,16 – 0,20	0,16 – 0,20
h^2_{CA}	0,27	0,13	0,08 – 0,51	0,06 – 0,46
h^2_{LA}	0,96	0,09	0,83 – 1,00	0,90 – 1,00

¹ desvio-padrão, ² intervalo de credibilidade, ³ região de alta densidade. σ_{a-}^2 - variância aditiva. (co) σ_{a-}^2 - (co)variância aditiva. σ_{f-}^2 - variância fenotípica. (co) σ_{f-}^2 - (co)variância fenotípica. h^2 - herdabilidade.

Tabela 5 Estimativas e desvios-padrão dos componentes de (co)variância e herdabilidade (h^2) para as características peso (P), largura de abdome (LA) e comprimento de abdome (CA), com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidos na análise tricarácter

Estimativas ¹	Média	DP ²	IC ³	RAD ⁴
σ^2_{aP}	246,32	20,03	176,49 - 335,06	176,01 - 334,99
$(co)\sigma^2_{aPxCA}$	2,82	46,48	0,89 - 5,18	0,62 - 4,86
$(co)\sigma^2_{aPxLA}$	1,29	61,72	0,02 - 2,68	-0,08 - 2,54
σ^2_{aCA}	0,19	27,70	0,11 - 0,28	0,10 - 0,27
$(co)\sigma^2_{aCAxLA}$	0,03	68,66	-0,001 - 0,086	-0,002 - 0,084
σ^2_{aLA}	0,11	20,06	0,07 - 0,15	0,07 - 0,14
σ^2_{fP}	268,44	11,80	214,02 - 317,80	209,35 - 312,85
$(co)\sigma^2_{fPxCA}$	7,21	14,32	5,42 - 8,81	5,58 - 8,93
$(co)\sigma^2_{fPxLA}$	1,72	31,32	0,81 - 2,62	0,96 - 2,75
σ^2_{fCA}	0,68	7,38	0,59 - 0,76	0,60 - 0,76
$(co)\sigma^2_{fCAxLA}$	0,06	33,41	0,02 - 0,09	0,02 - 0,09
σ^2_{fLA}	0,09	15,32	0,07 - 0,12	0,07 - 0,12
σ^2_{eP}	514,76	6,34	465,04 - 571,58	465,06 - 571,75
$(co)\sigma^2_{ePxCA}$	0,87	5,30	0,80 - 0,95	0,80 - 0,94
$(co)\sigma^2_{ePxLA}$	0,21	6,49	0,19 - 0,23	0,19 - 0,23
σ^2_{eCA}	0,47	15,53	0,36 - 0,60	0,35 - 0,59
$(co)\sigma^2_{eCAxLA}$	0,21	25,39	0,13 - 0,31	0,12 - 0,30
σ^2_{eLA}	0,53	15,44	0,40 - 0,66	0,40 - 0,66
h^2_P	0,40	33,28	0,15 - 0,59	0,19 - 0,61
h^2_{CA}	0,23	56,51	0,04x10 ⁻¹ - 0,45	0,03 - 0,47
h^2_{LA}	0,25	61,98	-0,01 - 0,49	-0,01x10 ⁻¹ - 0,49

¹ σ^2_{ai} , σ^2_{fi} e σ^2_{ei} são as variâncias genética aditiva, fenotípica e de efeito residual respectivamente das i características, em que $i = P, CA$ e LA para peso, comprimento e largura. ¹ $(co)\sigma^2_{aij}$, $(co)\sigma^2_{fij}$ e $(co)\sigma^2_{eij}$ são as (co)variâncias genética aditiva, fenotípica e de efeito residual, respectivamente, entre as características i e j , sendo i e $j = P, CA$ e LA para peso, comprimento, largura e h^2 herdabilidade. ² desvio-padrão. ³ intervalo de credibilidade. ⁴ região de alta densidade.

Tabela 6 Valores de correlação genética e fenotípica obtidos pela análise bicarácter e tricarácter das características: peso (P), comprimento de abdome (CA) e largura de abdome (LA)

	Peso (P)	Comprimento de abdome (CA)	Largura de abdome (LA)
Peso (P)	-	0,89**	0,86**
		0,41**	0,24**
Comprimento de abdome (CA)	0,07*	-	0,94**
	0,57**		0,20**
Largura de abdome (LA)	0,01 ^{NS}	0,54**	-
	0,34**	0,24**	

Os valores acima da diagonal referem-se a valores de correlação genética, enquanto que os abaixo da diagonal referem-se a valores de correlação fenotípica. Os valores alocados superiormente nas células referem-se a dados obtidos pela análise bicarácter e os inferiores, referem-se aos dados obtidos pela análise tricarácter.

^{NS} - Não-significativo pelo Teste "t".

* - Significativo a 5% de probabilidade pelo Teste "t".

** - Significativo a 1% de probabilidade pelo Teste "t".

Figura

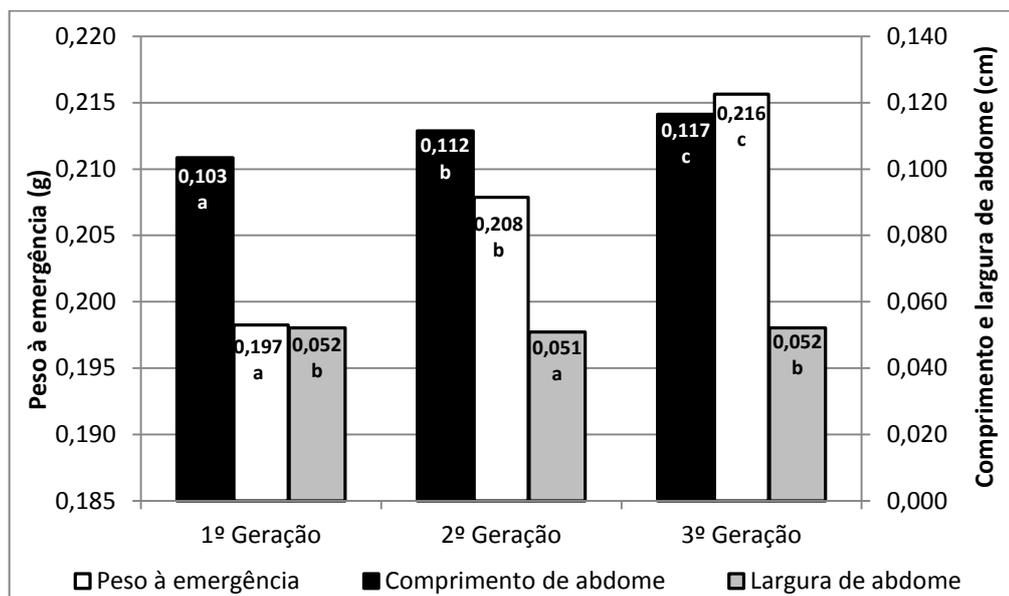


Figura 1 Comparação entre os valores médios de peso, comprimento e largura de abdome entre as três gerações de seleção para rainhas *Apis mellifera* africanizadas. Médias seguidas de letras diferem significativamente a 5% pelo teste de Tukey.

VI – CONCLUSÕES GERAIS

Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para peso à emergência, características morfométricas de comprimento e largura abdome devem ser estimados em populações de abelhas. O peso à emergência, o comprimento e a largura do abdome de rainhas africanizadas podem ser utilizados como critério de seleção.

Para estabelecer um programa de melhoramento é necessário que, para a próxima etapa, se avaliem os cruzamentos controlados por meio de inseminação instrumental e a validação do sucesso do programa de melhoramento dever ser realizada pela avaliação da produção.