

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ  
CAMPUS DOIS VIZINHOS  
CURSO DE BACHARELADO EM ZOOTECNIA

JOÃO BARBOSA DA SILVA NETO

**ESTUDO DA CLASSIFICAÇÃO E COINCIDENCIA DE  
SELEÇÃO DE RAINHAS *Apis mellifera* L. (HYMENOPTERA:  
APIDAE)**

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

DOIS VIZINHOS  
2018

JOÃO BARBOSA DA SILVA NETO

**ESTUDO DA CLASSIFICAÇÃO E COINCIDENCIA DE  
SELEÇÃO DE RAINHAS *Apis mellifera* L. (HYMENOPTERA:  
APIDAE)**

Trabalho de Conclusão de Curso,  
apresentado ao Curso de Zootecnia  
da Universidade Tecnológica Federal  
do Paraná, Campus Dois Vizinhos,  
como requisito parcial à obtenção do  
título de Zootecnista.

Orientadora: Prof. Dra. Fabiana  
Martins Costa Maia.

Co-orientadora: Dra Juliana Morini  
Kupper Cardoso Perseguini

DOIS VIZINHOS

2018

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço primeiramente a Deus, incondicionalmente a Ele.

Agradeço a minha Mãe, um exemplo de mulher, minha heroína, que sempre esteve me apoiando e me encorajando a lutar e nunca desistir.

À minha família e amigos que sempre me apoiaram durante toda essa jornada na faculdade.

A Universidade Tecnológica Federal do Paraná Campus de Dois Vizinhos por ter me proporcionado estrutura física para poder desenvolver meu trabalho e projetos no decorrer do meu curso.

A Profa. Dra. Fabiana Martins Costa Maia, pela paciência, dedicação, e pelos ensinamentos transmitidos na área de Melhoramento Genético Animal.

Agradeço ao Prof. Dr. Gregório Camargo por ter sido para mim um exemplo de profissional a ser seguido, por ter me motivado a aprofundar nos estudos em Melhoramento Genético Animal e também acima de tudo por ser um amigo que sempre me ajudou nas horas mais difíceis.

A Profa. Dra. Juliana Perseguini pela coorientação em meu trabalho de conclusão de curso e pelos conhecimentos transmitidos.

Agradeço a todos os professores da universidade por terem me proporcionado o conhecimento não apenas racional, mas também do caráter e afetividade da educação na minha formação profissional, pela dedicação de seu tempo, não somente por terem me ensinado, mas por terem me feito realmente aprender.

Agradeço as Bolsas de Iniciação Científica e Monitoria que recebi durante minha vida acadêmica na universidade.

***“A mente que se abre a uma nova ideia  
jamais voltará ao seu tamanho original”***

***Albert Einstein***



Ministério da Educação  
**Universidade Tecnológica Federal do Paraná**  
Campus Dois Vizinhos  
Gerência de Ensino e Pesquisa  
**Curso de Zootecnia**



## **TERMO DE APROVAÇÃO**

### **TCC 2**

## **ESTUDO DA CLASSIFICAÇÃO E COINCIDENCIA DE SELEÇÃO DE RAINHAS *Apis mellifera* L. (HYMENOPTERA: APIDAE)**

Autor: João Barbosa da Silva Neto.

Orientador: Profa. Dra. Fabiana Martins Costa Maia.

Co-orientadora: Dra Juliana Morini Kupper Cardoso Perseguini.

TITULAÇÃO: Zootecnista

APROVADO em Junho de 2018

---

MSc. Fernanda Raulino Domanski

---

Profa. Dra. Betty Cristiane Kuhn

---

Profa. Dra. Fabiana Martins Costa Maia  
(Orientadora)

---

Profa. Dra Juliana Morini Kupper Cardoso  
Perseguini  
(Coorientadora)

## RESUMO

SILVA NETO, João Barbosa. Estudo da Classificação e Coincidência de seleção de Rainhas *Apis mellifera* L. (HYMENOPTERA: APIDAE). 2018. 37f. Trabalho (Conclusão de Curso) – Programa de Graduação em Bacharelado em Zootecnia, Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Dois Vizinhos, 2018.

A existência de erros nas informações de parentesco ou ausência de dados, pode levar a interpretações errôneas, resultando na diminuição da resposta a seleção. Em abelhas, devido à rainha ter o hábito de acasalamento múltiplo sob fecundação natural, a informação do macho é perdida. Consequentemente a avaliação genética em abelhas foi pouco estudada. Portanto o objetivo deste do presente trabalho foi estudar a classificação e coincidência de seleção em uma população de rainhas africanizadas selecionadas para peso à emergência, nas diferentes formas de considerar a informação do macho na avaliação genética. Foi utilizada a Inferência Bayesiana para as estimativas de parâmetros genéticos. Para o estudo foram utilizados grupos de pais conhecidos, desconhecidos, pais fantasmas com três grupos e pais fantasmas com seis grupos. Os maiores valores de coincidência (81,43%, 94,29% e 72,85%) e de correlações (0,70; 0,94; 0,83) foram verificados quando comparado pais conhecidos tendo informação completa das seis gerações com pais conhecidos sem a informação fenotípica da última geração; pais conhecidos com pais desconhecidos e pais desconhecidos tendo informação completa das seis gerações com pais desconhecidos sem a informação fenotípica da última geração, respectivamente. Os menores valores de coincidência (17,14% a 22,86%) e correlações (-0,02 a 0,08) foram obtidos utilizando pais fantasmas com três e seis grupos. Pode-se concluir que para ambos os grupos de pais fantasmas, a seleção é menos eficiente comparada com os demais métodos de avaliação genética. Sendo assim, a melhor forma de considerar a informação de zangões é por meio da utilização de pais desconhecidos, visto que o mesmo sem a informação fenotípica da última geração, foi o mais eficiente em chegar próximo do valor real e apresentou maiores valores de correlações e coincidência, quando comparado com a paternidade conhecida, indicando que o uso desta metodologia não causaria diferença significativa na classificação das rainhas.

**Palavras-chave:** Avaliação Genética; Grupos Genéticos; Classificação; Características reprodutivas de insetos.

## ABSTRACT

SILVA NETO, João Barbosa. Study of the Classification and Coincidence of selection of Queen *Apis mellifera* L. 2018. 37 f. Work (Conclusion Course) - Graduate Program in Bachelor of Animal Science, Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Dois Vizinhos, 2018.

The existence of errors in the information of kinship or absence of data, can lead to erroneous interpretations, resulting in the decrease of the response to selection. In bees, because the queen has the habit of multiple mating under natural fertilization, the male's information is lost. Consequently genetic evaluation in bees was little studied. Therefore the objective of this study was to study the classification and coincidence of selection in a population of Africanized queens selected for emergency weight, in the different ways of considering the information of the male in the genetic evaluation. Bayesian Inference was used to estimate genetic parameters. For the study were used groups of parents known, unknown, ghost parents with three groups and ghost parents with six groups. The highest coincidence values (81.43%, 94.29% and 72.85%) and correlations (0.70, 0.94, 0.83) were verified when compared to known parents having complete information from the six generations with parents without the latest generation of phenotypic information; known parents with unknown parents and unknown parents having complete information from the six generations with unknown parents without the last generation phenotypic information, respectively. The lowest coincidence values (17.14% to 22.86%) and correlations (-0.02 to 0.08) were obtained using phantom parents with three and six groups. It can be concluded that for both groups of ghost parents, the selection is less efficient compared to the other methods of genetic evaluation. Thus, the best way to consider the information of drones is through the use of unknown parents, since the same without the last generation phenotypic information was the most efficient to reach near the real value and presented higher values of correlations and coincidence, when compared to the known paternity, indicating that the use of this methodology would not cause a significant difference in queens' classification.

**Keywords:** Genetic Evaluation. Genetic groups. Classification. Reproductive characteristics of insects.

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>9</b>
<b>2</b>	<b>OBJETIVOS</b>	<b>11</b>
2.1	Objetivo geral	11
2.2	Objetivos específicos	11
<b>3</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b>	<b>12</b>
3.1	Reprodução das Abelhas	12
3.2	Melhoramento Genético na Apicultura	13
3.3	Avaliação Genética	15
3.4	Paternidade Conhecida	16
3.5	Grupo de Pais Fantasmas	16
3.6	Paternidade Desconhecida	17
<b>4</b>	<b>MATERIAIS &amp; MÉTODOS</b>	<b>18</b>
4.1	Coleta dos dados	18
4.2	Análise dos dados	19
4.3	Pais Conhecidos	20
4.4	Pais Desconhecidos	20
4.5	Pais Fantasmas com 3 grupos	20
4.6	Pais Fantasmas com 6 grupos	20
<b>5</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÕES</b>	<b>26</b>
<b>6</b>	<b>CONCLUSÃO</b>	<b>31</b>
	<b>REFERÊNCIAS</b>	<b>32</b>



## 1 INTRODUÇÃO

O objetivo do melhoramento genético animal é incrementar a produção dos indivíduos de uma determinada população. Esse incremento é feito pelo aumento da frequência de alelos e de genótipos de interesse somado a um ambiente favorável, tem-se como decorrência a expressão do fenótipo desejável economicamente (PEREIRA., 2012).

A seleção ou os métodos de acasalamento podem ser utilizados como ferramentas na alteração das frequências alélicas e genotípicas da população. Isso ocorre devido à escolha dos indivíduos que serão pais das próximas gerações, resultando assim em uma disseminação maior de determinados alelos. Existe dificuldade na escolha desses indivíduos, visto que a variação da genética aditiva dos animais representada pelo grupo de genes é mascarada pelo ambiente, devido a isso, faz-se necessário tentar separar os efeitos genético e ambiental, estimando-os. Essa forma de avaliar a genética dos animais é chamada de avaliação genética (PEREIRA., 2012).

Ao conhecer o valor genético dos animais para uma determinada característica de interesse, é possível distinguir em uma população os animais geneticamente superiores e nos possibilita assim estimar o ganho genético nas próximas gerações ao ser aplicada a seleção genética (PEREIRA., 2012).

A existência de erros nas informações da genealogia ou ausência de dados do parentesco pode levar à interpretações errôneas, resultando na diminuição da resposta a seleção, devido à utilização de dados enviesados (VAN VLECK., 1970b). Carneiro et al (1999) utilizando o BLUP (Melhor Predição Linear Não-Viesada) afirmaram que a eficiência de seleção é maior quando não estão presentes erros nos dados de parentesco.

Segundo Costa-Maia (2009) a obtenção de valores genéticos acurados, depende de diversos fatores, tais como diferenças genéticas da população, do ambiente, do tipo de análise, do método de estimação dos componentes de (co)variância e, em grande parte, dos efeitos considerados no modelo estatístico utilizado para a avaliação dos animais.

Em abelhas, devido à rainha ter o hábito de acasalamento múltiplo sob

fecundação natural, a informação do macho é perdida. Conseqüentemente, a avaliação genética em abelhas comparada com outras espécies animais, não foi tão estudada (BIENEFELD et al., 2007).

A utilização de grupos genéticos pode ser uma alternativa para fazer a avaliação genética quando os dados parentais são incompletos (THOMPSON., 1979). Grupos genéticos podem ser definidos de diversas formas, tais como, ano de nascimento, com base em região geográfica e informação do pedigree (QUAAS e POLLAK,1981; MRODE et al., 2013).

Acredita-se que quando são utilizados grupos genéticos, a seleção é menos eficiente comparada com os demais métodos de avaliação genética e que a melhor forma de considerar a informação do pai é a conhecida. Portanto o objetivo desse trabalho foi estudar a classificação e coincidência de seleção em uma população de rainhas africanizadas selecionadas para peso à emergência, sobre três formas de considerar as informações do macho na avaliação genética.

## 2 OBJETIVOS

### 2.1 Objetivo geral

O objetivo desse trabalho foi estudar a classificação e coincidência de seleção de rainhas *Apis mellifera* africanizadas selecionadas para peso a emergência.

### 2.2 Objetivos específicos

- Avaliar e comparar três formas de considerar a informação da paternidade (paternidade conhecida, desconhecida e grupos de pais fantasmas) na avaliação genética;
- Identificar qual a melhor forma de considerar a informação da paternidade na avaliação genética de rainhas africanizadas.

### 3 REVISÃO DA LITERATURA

Por volta dos anos de 1956 a apicultura nacional começou a sofrer mudanças, que antes eram vistas como negativas, causadas pela introdução de uma nova subespécie de *Apis mellifera* no país. O pesquisador Dr. Warwick Estevan Kerr, introduziu as *Apis mellifera scutellata* com o objetivo melhorar a apicultura nacional (GONÇALVES., 1974, apud COSTA MAIA., 2009).

A presença das subespécies já introduzidas no país anteriormente (*A. m. ligustica*, *A. m. mellifera*, *A. m. carnica* e *A. m. caucasica*), resultou no cruzamento dessas abelhas com a nova subespécie *scutellata*, gerando assim um poli-híbrido chamado de abelha africanizada, com predominância de características vindas das abelhas africanas. (GONÇALVES., 1974, apud COSTA MAIA., 2009).

No início muitos apicultores começaram a reduzir a quantidade de colmeias em seus apiários, outros chegaram a desistir da atividade. Isso ocorreu em razão da falta de conhecimento e preparação dos apicultores para manejar o novo poli-híbrido, que era mais reativo (agressivo) do que as outras subespécies europeias presentes no país (GONÇALVES., 1974, apud COSTA MAIA., 2009).

Em 1970, com o objetivo de ajudar os apicultores a lidar com as novas abelhas africanizadas, foi realizado o primeiro Congresso Brasileiro de Apicultura realizado em Florianópolis, onde foi mostrado que as abelhas africanizadas tinham várias vantagens sobre as europeias, como por exemplo, uma maior produção de mel (DE JONG., 1990).

Associado ao processo de africanização, surgiram novas técnicas e manejo com o objetivo de potencializar a produção, tais como o uso da inseminação instrumental, produção de rainhas e o melhoramento genético (SOARES., 2008). Perante essas novas técnicas, houve a necessidade dos apicultores de melhorar seu nível técnico, para que fosse possível implementar, por exemplo, o melhoramento genético e associá-lo a adequadas técnicas de manejo e reprodução, promovendo assim grandes avanços na produção e o sucesso da atividade (SOARES et al., 1996; SOUZA., 2002; MARTINEZ., 2012).

#### 3.1 Reprodução das Abelhas

O início do processo de reprodução dos himenópteros se dá mediante a produção de feromônios sexuais, que podem ser produzidos por ambos os sexos. Nas abelhas *Apis mellifera*, o feromônio sexual mais conhecido é o ácido 9 oxodecenóico (9 ODA) que a rainha produz em suas glândulas mandibulares junto com outras substâncias (GARY., 1963; BROCHMANN e BRUCKNER.,1998).

A função dos feromônios consiste em atrair os parceiros até o sítio de congregação para realizar o acasalamento. Os feromônios produzidos pela rainha pode atingir um raio de até 60 metros, tendo efeito sobre os zangões presentes nesse perímetro (FREE., 1987). Estima-se que nestas áreas possam ter mais de 25 mil zangões, que são oriundos de mais de 200 colônias diferentes em um grande apiário (METCALF., 1982).

As *Apis mellifera* durante o voo de acasalamento tem o habito de copular com vários zangões (BIENEFELD et al., 2007). O macho expõe e insere sua genitália no interior da câmara de ferrão da rainha e ejacula de forma explosiva para o interior dos ovidutos, que posteriormente segue para espermateca onde são armazenados. A rainha sai da colônia para o voo de fecundação somente uma vez em sua vida, e utiliza os espermatozoides armazenados em sua espermateca para ovipositar ovos de operária, visto que os zangões são haploides, ou seja, são provenientes de ovos não fecundados (GARY., 1963; KOENIGER., 1986; CROW E ROBERTS., 1950).

### **3.2 Melhoramento Genético na Apicultura**

O principal objetivo no melhoramento genético é obter animais genotipicamente superiores e utilizá-los como reprodutores da próxima geração. O sucesso da seleção e conseqüentemente o avanço genético, são devidos ao uso cada vez mais correto das informações relacionadas aos animais candidatos à seleção, surgimento de novas metodologias de avaliações genéticas e avanços na área de informática (PEREIRA., 2012).

No mundo, são escassos os programas de melhoramento em abelhas africanizadas. Países como a Alemanha, Estados Unidos e alguns trabalhos no Brasil, são referências nos estudos sobre melhoramento genético em abelhas. Algumas das características que possuem interesse de serem selecionadas são: populações com maior quantidade de indivíduos, maior capacidade de oviposição pela rainha, peso,

temperamento, comportamento higiênico e maior capacidade de desenvolvimento na primavera (COBEY; SHEPPARD; TARPY., 2011).

A rainha possui grande influência sobre sua progênie, onde ela oferece contribuição ambiental pela produção de feromônios e também por meio da quantidade e qualidade dos ovos ovipositados (BIENEFELD e PIRCHNER, 1990). Essas características geram um impacto ambiental sobre as operárias, mas são definidas pelo genótipo da rainha e por parte do ambiente (BIENEFELD et al., 2007).

Devido ao comportamento da rainha de acasalar-se com vários zangões quando sai da colmeia para o voo de acasalamento (sob fecundação natural), não é possível se ter o controle da informação do macho. Conseqüentemente os estudos desenvolvidos na área de melhoramento genético em abelhas são limitados a poucos trabalhos, em virtude da falta de informação na genealogia (BIENEFELD; EHRHARDT, REINHARDT., 2007). Associado a isto, pelo fato do zangão ser haploide (n) o coeficiente de parentesco entre as abelhas pode variar de 0,25 a 0,75, (Figura 1), tornando o cálculo do mesmo diferente dos aplicados em outras espécies (CROW e ROBERTS., 1950).

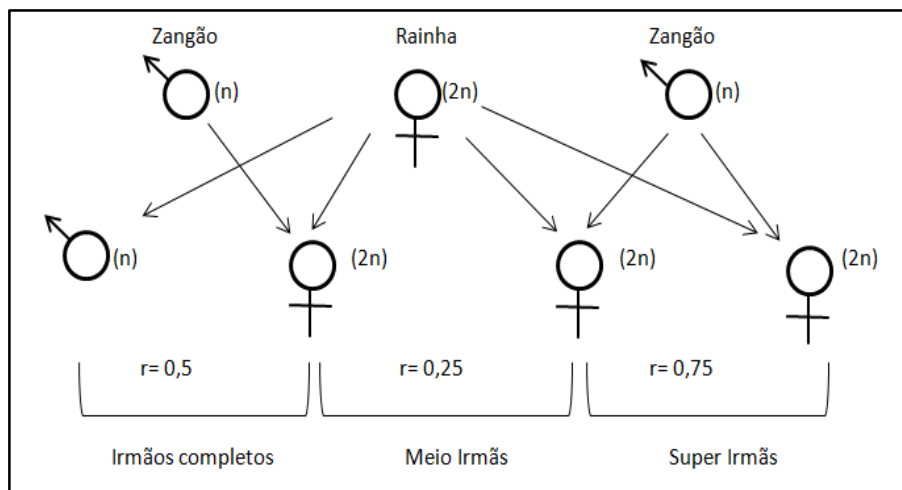


Figura 1. Diagrama de parentesco em *Apis mellifera* L

Fonte: Kluska (2015).

Uma das características com interesse de seleção é o comportamento higiênico, uma característica que possui influência do efeito genético materno da rainha (MILNE.,1985d). Este comportamento refere-se ao mecanismo natural de defesa e resistência contra doenças, como por exemplo a cria pútrida americana

(MILNE., 1983; GILLIAM et al., 1989). É caracterizado pela desoperculação e remoção de crias mortas, doentes ou danificadas dos favos.

Muitas das características de importância econômica, como a produção de mel, pólen e própolis só podem ser medidas na colônia, devido a isto, a identificação de características correlacionadas à produção e que possuem fácil mensuração são utilizadas para seleção indireta (SOUZA et al., 2002).

Características morfológicas e comportamentais têm sido estudadas com este objetivo. Nelson e Gary (1983) estudaram a relação entre produção de mel das colônias com o peso corporal, atratividade e fecundidade da rainha, demonstraram que rainhas mais pesadas possuíam uma maior produtividade de mel em suas colônias.

Costa Maia et al. (2013) estabeleceram por meio de avaliação genética para rainhas africanizadas em que a fecundação natural era utilizada, um sistema de seleção sistemática. O critério de seleção utilizado foi o peso da rainha à emergência, com objetivo de aumentar a produção de mel. Os resultados mostraram um aumento na produção de mel em 40% quando se utilizou rainhas selecionadas para peso a emergência. Porém, se a informação paterna fosse conhecida, esse ganho poderia ser maximizado.

### **3.3 Avaliação Genética**

A avaliação genética nos permite calcular o valor real do potencial genético do indivíduo. Esse valor é denominado de valor genético. Os efeitos do ambiente somados ao valor genético, desvios de dominância e epistasia resulta no fenótipo do animal. Ao realizar a avaliação genética, é possível identificar e selecionar em uma população os animais de maior potencial para as características de interesse (valor genético), sendo esses animais escolhidos para serem pais da próxima geração, contribuindo assim para o aumento da frequência dos alelos de genes de interesse (PEREIRA., 2012).

Ao mesmo tempo em que a frequência dos alelos de interesse é alterada, há também a redução da frequência de alelos menos desejáveis, desse modo é possível alterar a constituição genética da população, de acordo com o mercado consumidor (PEREIRA., 2012).

Em 1949 Henderson desenvolveu a metodologia das equações dos modelos mistos, o BLUP (melhor predição linear não viesada). Trata-se do método mais aplicado para se estimar o valor genético do animal atualmente. Esse modelo utiliza para calcular o mérito genético do animal informação de parentesco, ou seja, utiliza do mérito genético de todos os familiares conhecidos e do desempenho do animal para aquela característica (BIENEFELD; EHRHARDT; REINHARDT., 2007).

Devido à peculiaridade de sua reprodução em condições naturais, ocorre uma subestimação de parentesco e conseqüentemente a estimação dos valores genéticos é menos acurada (BIENEFELD; EHRHARDT; REINHARDT., 2007). Gupta et al. (2013) ressaltaram a importância de estudos em metodologias que sejam mais adequadas na avaliação genética de abelhas. Perante isto, é evidente a importância de se conhecer as informações do pai na avaliação genética do indivíduo. Sob fecundação natural a informação paterna poderia ser admitida de três modos: paternidade conhecida, paternidade desconhecida e grupo de pais fantasmas.

### **3.4 Paternidade Conhecida**

Como o BLUP utiliza a informação da família por meio da matriz de parentesco em modelo animal, se houver algum erro no pedigree, a probabilidade do resultado da avaliação genética ser acurado é menor (CARNEIRO et al., 1999). Ou seja, ao selecionarmos os melhores indivíduos, podemos estar selecionando junto a esses alguns animais que só estão entre os melhores avaliados devido à existência de erros nas informações de parentesco.

Em seu trabalho, Van Vleck (1970b) mostrou que erros na identificação de touros e vacas é um grande problema, o que diminui o progresso genético esperado pela seleção. Isso se dá, devido à diminuição da correlação entre o verdadeiro valor genético e o predito. No entanto, quando as informações do pedigree estão corretas, o BLUP se torna o modelo que apresenta resultados mais acurados da avaliação genética (RESENDE., 2006).

### **3.5 Grupo de Pais Fantasmas**



Grupos de pais fantasmas se refere ao conjunto contemporâneo de pais desconhecidos. Isso é, quando não sabemos quem é o pai do indivíduo, dizemos que um determinado grupo de reprodutores, que foram utilizados no acasalamento, possuem a mesmo chance de ser o verdadeiro pai daquele indivíduo (CARDOSO., 2003). Ou seja, aos animais que não possuem a paternidade conhecida é denominado como pai um grupo genético ao qual pertencem, com o objetivo de minimizar os riscos de resultados viesados (SILVA et al., 2008; QUAAS., 1988).

Petrini et al. (2015) avaliaram estratégias de agrupamentos genéticos na seleção bovinos de corte, comparando qual melhor forma de agrupar os animais quando o parentesco era desconhecido. As estratégias de agrupamento genéticas utilizadas foram o ano de nascimento, sexo do pai desconhecido, fazenda de nascimento e raça. Várias são as formas de definir grupos de pais fantasmas. São comumente baseadas em ano de nascimento, rebanho, região geográfica (QUAAS e POLLAK., 1981).

### **3.6 Paternidade Desconhecida**

Ao utilizar animais que não possuem paternidade conhecida, podemos estar diminuindo o progresso genético e conseqüente redução da intensidade de seleção (PEREZ-ENCISO e FERNANDO., 1992; MADALENA., 1999). Em contra partida, se excluirmos os animais com paternidade desconhecida da avaliação genética, resulta em um aumento superior a 24% na resposta a seleção para determinada característica (SULLIVAN., 1995).

O uso de informações não viesadas são condições de extrema importância em programas de melhoramento genético animal, para que resulte em uma correta avaliação genética (BALIEIRO e MATTOS., 2006).

Em abelhas não se tem estudos sobre qual a melhor forma de considerar a informação paterna nos modelos até hoje disponíveis. Dessa forma, para se obter estimativas de parâmetros mais precisos e maior eficiência de seleção, é importante a realização de trabalhos que possibilitem uma melhor compreensão sobre o assunto.

## 4 MATERIAL E MÉTODOS

O banco de dados que foi utilizado neste trabalho é proveniente do convênio 02/2011 de 16 de maio de 2011 entre a Universidade Estadual de Maringá e Universidade Tecnológica Federal do Paraná.

### 4.1 Coleta dos dados

Foram coletadas aleatoriamente, de 60 colônias estabelecidas e utilizadas comercialmente, em um dos apiários associado aos Apiários Diamante – Comercial Exportadora de Mel LTDA, com localização na cidade de Alto Paraná – PR, 60 rainhas as quais foram identificadas com placa de silicone numerada no tórax e alojadas em núcleos de cinco favos para transporte. Estes foram transportados para a FEI-UEM, alocados no apiário destinado à introdução de matrizes. Posteriormente, iniciou-se a criação de rainhas filhas. O método utilizado para a produção das rainhas foi o descrito por Doolittle (1989), com transferências simples de larvas de operárias do favo de cria para cúpulas acrílicas contendo geleia real.

As rainhas foram criadas em mini recrias e ao décimo dia após a transferência de larvas, foram retiradas e alocadas em estufas com temperatura (34°C) e umidade (60%), controladas. O monitoramento da emergência foi realizado durante 72 horas ininterruptas para que as rainhas fossem pesadas exatamente à emergência. As rainhas recém-emergidas foram anestesiadas com CO<sub>2</sub> para a determinação do peso vivo (mg) em balança de precisão de 0,001g (Figura 1) e marcadas com placa de silicone numerada no tórax.



Figura 1 - Pesagem de rainha *Apis mellifera* logo após a emergência

Fonte: Silva Neto (2016).

Todas as rainhas foram alojadas em gaiolas tipo JZsBZs™ e mantidas em estufa até o processamento dos dados. As classificações das rainhas virgens foram feitas por meio do valor genético predito para peso à emergência, sendo produzidas 600 rainhas, das quais somente as 60 melhores eram introduzidas em núcleos de fecundação. Após dez dias, foram abertos os núcleos para conferência do processo. Confirmada a fecundação, foi feito a programação das larvas dando início novamente a todo o processo e caracterizando assim uma nova geração. Para constituição do banco de dados, foi repetido 5 vezes todo o processo, totalizando assim no final as 5 gerações de seleção (Figura 2).

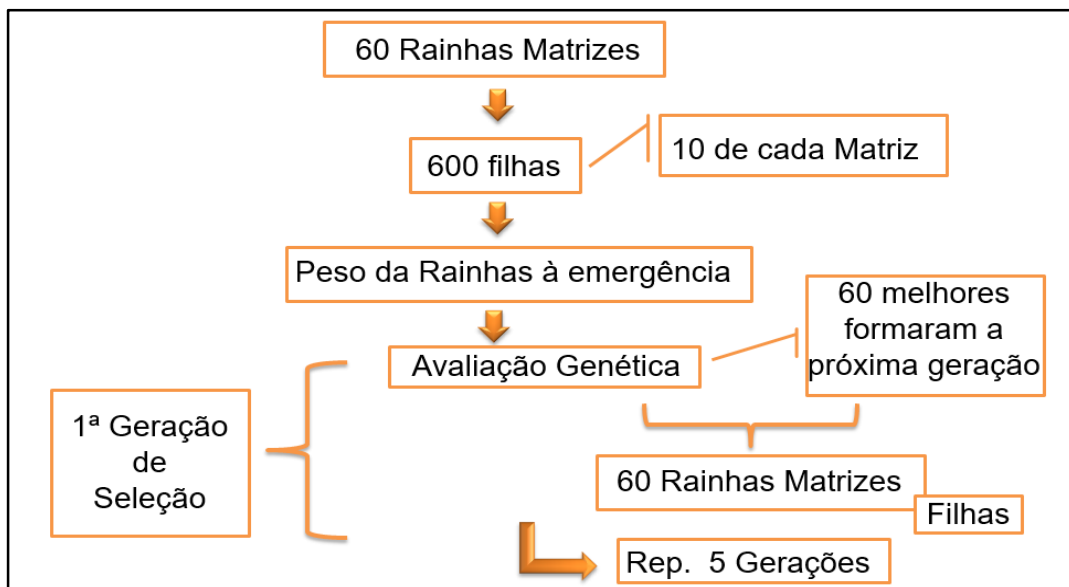


Figura 2 – Esquema do processo de seleção das rainhas *Apis mellifera*

Fonte: Silva Neto (2017).

## 4.2 Análise dos dados

A informação sobre os zangões foi considerada como perdida em função da utilização da fecundação natural como parte da estratégia reprodutiva. Para a formação do banco de dados e estudo sobre a melhor forma de consideração da informação do zangão foram utilizados grupos de *pais conhecidos*, *pais desconhecidos*, *fantasmas com 3 grupos de pais* e *fantasmas com 6 grupos de pais*, totalizando quatro considerações de paternidade na avaliação.

### **4.3 Pais Conhecidos**

Na paternidade conhecida, foi assumido que animais que tivessem a mesma mãe também tivessem o mesmo pai.

### **4.4 Pais Desconhecidos**

Na paternidade desconhecida, as informações dos zangões foram desconsideradas, não contabilizando na matriz de parentesco.

### **4.5 Pais Fantasmas com 3 grupos**

Os pais fantasmas com 3 grupos foram formados de acordo com o local de fecundação das rainhas. Os locais de fecundação assim como os grupos de pais fantasmas foram três, sendo o primeiro local um apiário associado aos Apiários Diamante-Comercial Exportadora de Mel LTDA, com localização na cidade de Alto Paraná-PR, o segundo local de fecundação a FEI-UEM em Maringá-PR e o terceiro local o apiário da Universidade Tecnológica Federal do Paraná UTFPR, Campus de Dois Vizinhos.

### **4.6 Pais Fantasmas com 6 grupos**

O banco de dados foi constituído por seis gerações de seleção. Os pais fantasmas com 6 grupos foram formados considerando que cada geração seria um grupo de pai fantasma. Na Figura 3 observa-se um esquema dos agrupamentos genéticos utilizados.

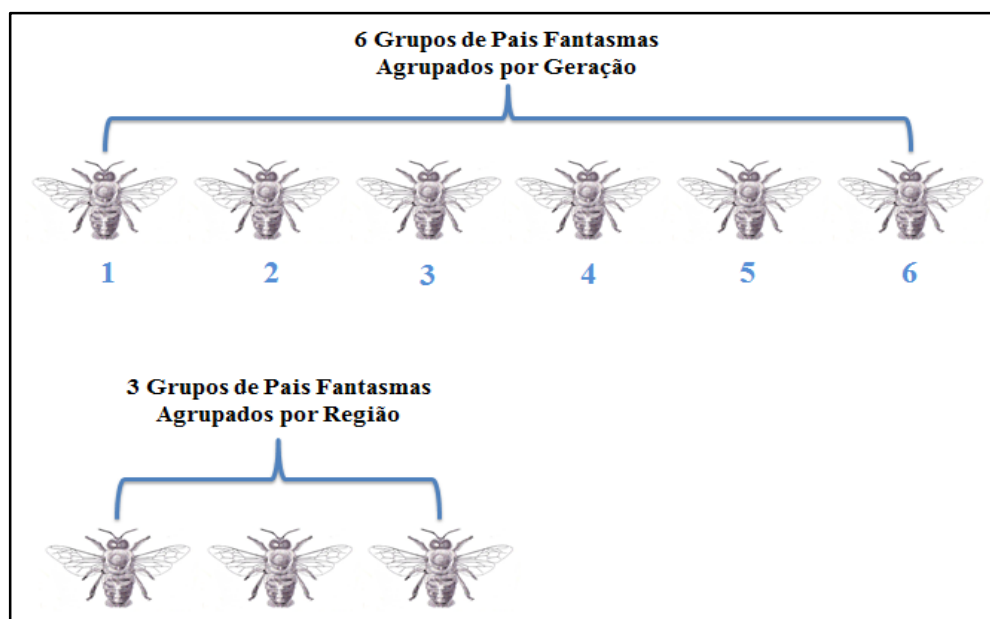


Figura 3 – Esquematização da divisão dos grupos de pais fantasmas.  
Fonte: Silva Neto (2016).

De posse das informações de peso, foram realizadas as análises para a estimação dos componentes de variância e (co)variâncias por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*) desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995), que procede à estimação Bayesiana por meio do método de amostragem de Gibbs. Os efeitos fixos para *pais conhecidos*, *desconhecidos* e para *pais fantasmas* (*grupo 3 e grupo 6*) estão demonstrados na tabela 1.

Tabela 1. Efeitos fixos para as diferentes formas de consideração da paternidade

Efeito Fixo	Pais Conhecidos	Pais Desconhecidos	Pais Fantasmas (Grupo 3 e Grupo 6)
Mini recria	X	X	X
Estufa	X	X	X
Bandeja	X	X	X
Geração	X	X	X
Grupo			X

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 modelo animal admitido foi:

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

Em que;

$y$  é o vetor de observações;

$X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos;

$\beta$  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.

Onde  $y$ ,  $a$ , e  $e$  apresentam distribuição conjunta normal multivariada, como segue abaixo:

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

Na análise unicarater,  $G$  é a matriz de (co)variâncias genéticas dada por  $A\sigma_a^2$ , sendo  $A$  a matriz de parentesco entre as rainhas e  $\sigma_a^2$ , 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  $\sigma_e^2$ , a variância residual da característica.

A consideração dos grupos de pais fantasmas para a utilização do modelo animal será assim representada:

$$y_{ij} = \beta_i + \sum_{K=1}^{ngg} q_{jk} g_K + a_j + e_{ij}$$

em que:

$y_{ij}$  é a observação do animal  $j$  dentro dos efeitos fixos  $i$ ;

$\beta_i$  é o efeito fixo considerado;

$g_k$  é o efeito fixo do grupo genético  $k$ ;

$q_{jk}$  é a proporção do grupo genético  $k$  na composição do animal  $j$ ;

$a_j$  é a parte aleatória do valor genético do animal  $j$  em que

$$a_j | a_{Pai\_j}, a_{Mãe\_j} \sim indep \begin{cases} N \left( \frac{1}{2} a_{Mãe\_j}, \sigma_a^2 \sqrt{\frac{3}{4} - \frac{1}{4} F_{Mãe\_j}} \right) * \\ N \left( \frac{1}{2} a_{Pai\_j} + \frac{1}{2} a_{Mãe\_j}, \sigma_a^2 \sqrt{\frac{1}{2} - \frac{1}{4} (F_{Pai\_j} + F_{Mãe\_j})} \right) ** \end{cases}$$

\* Se apenas a mãe é conhecida;

\*\* Se ambos os pais são conhecidos;

Para  $j = 1, \dots, n$ ;

$e_{ij}$  é o erro aleatório associado a observação do indivíduo  $j$

Este modelo pode ser escrito de uma forma matricial como segue:

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

$y$  é o vetor das observações de ordem  $N \times 1$ , onde  $N$  é o número de observações;

$X$  é a matriz de ordem  $N \times$  incidência dos efeitos fixos;

$\beta$  é o vetor de ordem dos efeitos fixos;

$Q$  é a matriz de ordem  $n \times$  de incidência dos efeitos de grupo genético nas observações;

$g$  é o vetor de ordem dos efeitos fixos x grupo genético;

$Z$  é a matriz de ordem  $N \times n$  de incidência dos efeitos da parte aleatória dos valores genéticos nas observações;

$a$  é o vetor de ordem  $n \times 1$  dos efeitos da parte aleatória do valor genético dos animais,

$a \sim MVN(0, G = A\sigma_a^2)$ ;

$e$  é o vetor de ordem  $n \times 1$  dos erros aleatórios associados a cada observação e  $\sim$

$MVN(0, R = I\sigma_e^2)$ ;

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_m \\ Z'_m R^{-1}X & Z'_m R^{-1}Z_m + G_m^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{g} \\ \hat{a}^* \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X' & R^{-1} & y \\ Z' & R^{-1} & y \end{bmatrix}$$

Em que  $Z_m$  é a matriz de incidência expandida em que uma matriz de zeros é adicionada na frente da matriz  $Z$  original para representar simultaneamente a incidência dos efeitos de grupo genético (pais fantasmas) e do valor genético total dos animais.

Foram geradas cadeias de Gibbs de 550.000 iterações com descarte inicial de 50.000 e intervalo de amostragem de 1.000 iterações para todas as análises.

A validação dos dados foi baseada no método proposto por Legarra (2008) que compara por meio de correlações as diferenças dos valores genéticos obtidos em uma simulação de dois grupos de análise, um completo com as seis gerações de seleção e outro com apenas das primeiras cinco gerações.

1º - De posse da primeira análise concluída, os dados da característica peso à emergência foram corrigidos para todos os efeitos fixos em cada consideração de paternidade.

2º - Com todos os dados corrigidos para peso à emergência, foram realizadas novamente as análises para a estimação dos componentes de variância e (co)variâncias por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*), uma primeira análise considerando a informação completa das seis gerações e outra análise sem a informação da última geração de seleção, assim gerando oito análises: C: paternidade conhecida com informação completa das seis gerações; CI: paternidade conhecida sem a informação da última geração; D: paternidade desconhecida com informação completa de todas as gerações; DI: paternidade desconhecida sem a informação da última geração; F3: pais fantasmas com três grupo com informação completa das gerações; F3I: pais fantasmas com três grupos sem a informação da última geração; F6: pais fantasmas com seis grupos, com a informação de todas as gerações; F6I: pais fantasmas com seis grupos sem a informação da última geração.

3º - Posteriormente foi realizada a correlação de Spearman para a classificação das rainhas de acordo com seus respectivos valores genética, nas diferentes



considerações da informação de macho.

4º - A porcentagem de coincidência de seleção foi realizada com 30% de seleção dos animais de maior valor genético, comparando cada consideração de paternidade.

5º - A correlação de Pearson foi realizada entre os valores genéticos verdadeiros e preditos, para verificar o desempenho dos modelos propostos Legarra (2008).

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Nas avaliações genéticas, a identificação incorreta da paternidade resulta na diminuição da precisão e da intensidade de seleção dos animais, tendo a necessidade de utilizar modelos adequados que possam diminuir o erro de predição do mérito genético de cada animal e que consigam estimar corretamente e com maior segurança o mesmo.

A inseminação instrumental é o único meio que nos possibilita ter o conhecimento real da informação do zangão. Entretanto, em situações onde o acasalamento não é controlado (fecundação natural) uma das opções é considerar o zangão como desconhecido. Para os melhoristas é importante saber que os erros de pedigree afetam negativamente a resposta à seleção, influenciando o resultado dos testes de progênie devido à escolha de indivíduos que não deveriam ser selecionados.

A correlação de Spearman (1904) para o ranking dos animais e a porcentagem de indivíduos selecionados comuns por meio das diferentes formas de considerar os zangões no pedigree, foi realizada para uma melhor visualização do efeito das diferentes considerações (Tabela 1). As correlações e as porcentagens de coincidência, foram relacionadas para cada consideração diferente de paternidade e considerando a informação completa do pedigree por cinco gerações de seleção e sem a informação fenotípica da última geração.

Tabela 01 - Correlação de Spearman para classificação de peso à emergência de rainhas africanizadas (diagonal superior) e análise de coincidência considerando 30% dos animais de maior valor genético (diagonal inferior).

	<b>CC</b>	<b>CI</b>	<b>D</b>	<b>DI</b>	<b>F3</b>	<b>F3I</b>	<b>F6</b>	<b>F6I</b>
<b>CC</b>	-	0,46	0,94	-	0,02	-	0,04	-
<b>CI</b>	81,43	-	-	-	-	-	-	-
<b>D</b>	94,29	-	-	0,59	-0,02	-	0,00	-
<b>DI</b>	-	-	72,85	-	-	-	-	-
<b>F3</b>	21,43	-	17,14	-	-	0,21	0,98	-
<b>F3I</b>	-	-	-	-	44,28	-	-	-
<b>F6</b>	22,86	-	22,85	-	97,14	-	-	0,00
<b>F6I</b>	-	-	-	-	-	-	27,14	-

As siglas CC, CI, D, DI, F3, F3I, F6 E F6I remetem a consideração dos zangões no pedigree como conhecidos com informação completa (CC), conhecidos com informação incompleta (CI), desconhecidos com informação completa (D), desconhecidos com informação incompleta (DI), pais fantasmas com 3 grupos com informação completa (F3), pais fantasmas com 3 grupos com informação incompleta (F3I), pais fantasmas com 6 grupos com informação completa (F6) e pais fantasmas com informação incompleta (F6I).

Os maiores valores de coincidência considerando 30% das rainhas que possuem maior valor genético, foram verificados quando comparados pais conhecidos (informação do zangão conhecida) tendo informação completa das cinco gerações com pais conhecidos sem a informação fenotípica da última geração (81,43%) e pais desconhecidos (sem informação do zangão) tendo informação completa das cinco gerações (94,29%). Isto nos mostra que, a maioria das rainhas selecionadas na paternidade conhecida, também serão selecionadas nas outras duas metodologias, ou seja, a perda de indivíduos que não são selecionados quando se utiliza quaisquer dessas metodologias se torna menor. Sendo assim, os dois métodos dentre os demais, são os mais indicados há serem utilizados para se fazer a classificação das rainhas.

Quando feita a comparação entre a informação do pai dita como conhecida tendo completas as informações das cinco gerações com os grupos de pais fantasmas (3 grupos e 6 grupos) observou-se coincidências baixas de 21,43 e 22,86 respectivamente, mostrando que aproximadamente oitenta por cento (80%) dos indivíduos selecionados quando a informação do pai é conhecida, não são

selecionados quando se utiliza grupos de pais fantasmas, resultando em menor resposta a seleção, mediante ao número de indivíduos perdidos. Já quando se faz a coincidência entre pais fantasmas de 6 grupos com pais fantasmas de 3 grupos, se obteve uma coincidência alta (97,14), mostrando que quase todos os indivíduos selecionados em um também são selecionados no outro.

Diferentemente do observado por Shiotsuki (2008) em seu trabalho sobre avaliação do modelo considerando pais desconhecidos e grupos genéticos para o peso ao sobreano para animais da raça Nelore, onde utilizaram o critério de informação da deviance (DIC) e pseudo fatores de Bayes (PBF). Observaram que o modelo com grupos genéticos foi o que proporcionou melhor ajuste. Sendo assim concluíram que o peso ao sobreano poderá responder com eficiência à seleção, e o modelo mais adequado foi o que inclui grupo genético para analisar este peso.

Erros de identificação influenciam grandemente em programas de melhoramento genético. Van Vleck (1970b) realizou um trabalho com erros de identificação em touros e vacas e concluiu que estes erros são um problema grave que ocasionam efeitos negativos no avanço genético feito a partir da seleção. Isto ocorre devido à redução da correlação entre o verdadeiro valor genético e o predito.

Carneiro (1999) simularam três populações bases, nas quais a característica quantitativa possuía herdabilidade inicial de 0,10; 0,30; e 0,60, respectivamente. Utilizando erros de 0, 5, 10, 15 e 20% no pedigree, puderam verificar que quando se tinha as informações dos pais sem nenhum erro, resultava nos maiores valores fenotípicos e os maiores valores de eficiência sobre a seleção individual, seguidos daqueles com 5, 10, 15 e 20% de erro.

Em um de seus trabalhos Sullivan (1995) descreve a ineficiência da utilização de grupos genéticos na avaliação genética de animais com paternidade desconhecida (incerta), em comparação com outros métodos. Estes autores afirmam que o modelo que se utiliza dos grupos genéticos quando se tem acasalamentos com reprodutor múltiplo, adota um número infinito de animais não endogâmicos, isto é, os pais candidatos são considerados com nenhum grau de parentesco. Somando a isto, assume-se que dentro de cada grupo, cada candidato tenha a mesma probabilidade de ser o pai correto do animal com incerteza de paternidade.

As correlações de Spearman entre os rankings obtidos entre os modelos de paternidade conhecida e desconhecida foi de alta magnitude (0,94), mostrando que as classificações das rainhas quase não se altera quando se utiliza a paternidade

desconhecida. Já entre os modelos de paternidade desconhecida e conhecida com os modelos de grupos genéticos, obtiveram correlações de baixa magnitude (0,02) a negativas (-0,02) respectivamente, ou seja, praticamente quase todas as classificações das rainhas mudaram quando se utiliza os grupos de pais fantasmas.

Quando se fez a correlação entre os pais fantasmas de seis grupos com pais fantasmas de 3 grupos, obteve-se uma correlação de alta magnitude (0,98), mostrando que a classificação dada a uma determinada rainha em uma metodologia tem noventa e oito por cento (98%) de chances de ser a mesma na outra.

Shiotsuki (2011) avaliando modelos estatísticos considerando a incerteza da paternidade de bovinos da raça nelore, teve como resultado correlações de alta magnitude (0,80) entre os valores genéticos obtidos pelos modelos de paternidade desconhecida e os modelos de grupos genéticos para ambas as características avaliadas (ganho de peso diário e peso ao sobreano).

As Correlações de Pearson para valores genéticos de peso à emergência de rainhas africanizadas, para cada consideração diferente de paternidade considerando a informação completa do pedigree por seis gerações de seleção e sem a informação fenotípica da última geração estão expressas na tabela 02.

As análises que apresentaram correlações de alta magnitude foram entre a paternidade conhecida contendo a informação das cinco gerações com paternidade desconhecida contendo informação completa das cinco gerações (0,93); paternidade conhecida contendo as informações das cinco gerações com a paternidade conhecida sem a informação da última geração (0,70) e paternidade desconhecida contendo a informação das cinco gerações com paternidade desconhecida sem a informação da última geração (0,83).

Quando realizamos correlação entre a paternidade conhecida contendo as informações completas das cinco gerações com as outras considerações de paternidade que também possuem completas todas as informações, queremos saber se os valores genéticos dados as rainhas quando se conhece a informação paterna, tem pouca ou muita alteração em seus valores quando se troca a metodologia. Portanto se a correlação for alta e positiva, as alterações nos valores genéticos são pequenas, ou seja, uma metodologia da valores genéticos parecidos as rainhas. Já se a correlação for baixa, os valores genéticos mudam quando se troca a metodologia.

Tabela 02 – Correlação de Pearson para valores genéticos de peso à emergência de rainhas africanizadas.

<b>Informação da Paternidade</b>	<b>CI</b>	<b>D</b>	<b>DI</b>	<b>F3</b>	<b>F3I</b>	<b>F6</b>	<b>F6I</b>
<b>CC</b>	0,70	0,93	-	0,08	-	0,08	-
<b>D</b>	-	-	0,83	0,07	-	0,07	-
<b>F3</b>	-	-	-	-	0,26	1,00	-
<b>F6</b>	-	-	-	-	-	-	-0,07

As siglas CC, CI, D, DI, F3, F3I, F6 E F6I remetem a consideração dos zangões no pedigree como conhecidos com informação completa (CC), conhecidos com informação incompleta (CI), desconhecidos com informação completa (D), desconhecidos com informação incompleta (DI), pais fantasmas com 3 grupos com informação completa (F3), pais fantasmas com 3 grupos com informação incompleta (F3I), pais fantasmas com 6 grupos com informação completa (F6) e pais fantasmas com informação incompleta (F6I).

A correlação entre os grupos genéticos F3 (pais fantasmas com 3 grupos com informação completa das seis gerações) com F6 (pais fantasmas com 6 grupos com informação completa) foi de alta magnitude (1,00), mostrando que mesmo tendo material genético proveniente de locais diferentes e também zangões diferentes a cada geração de seleção, o material genético dos indivíduos continua sendo o mesmo, não sendo necessário realizar essas separações.

Dionello et. al. (2008) avaliando a trajetória genética do crescimento de codornas de corte (pesos corporais nos dias 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 de idade) de dois grupos genéticos (linhagens EV1 e EV2), por modelos de regressão aleatória, observaram que mesmo sendo de linhagens diferentes os valores de correlações genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas foram semelhantes entre os grupos genéticos.

Euclides et. al. (2001) avaliaram o efeito da Idade à Castração e de grupos genéticos sobre o desempenho em confinamento e características de carcaça, obtiveram resultados onde, somente o tempo em confinamento teve efeito dos grupos genéticos, enquanto as demais características tiveram influência do meio.

Em programas de melhoramento genético de abelhas africanizadas com tamanho limitado e que a reprodução ocorra sob fecundação natural, a consideração de grupo de pais fantasmas pode não ser uma alternativa, visto que grande parte dos indivíduos presentes no programa de melhoramento possam ser perdidos. Além de que, quando se tem informações corretas da genealogia, as estimadas resultam em valores genéticos preditos mais acurados e asseguram maior eficiência do processo de seleção.

## 6 CONCLUSÃO

Dentre os metodologias estudadas, a melhor forma de se considerar a informação de zangões no pedigree em um sistema de fecundação natural é a utilização de pais desconhecidos, visto que o mesmo sem a informação fenotípica da última geração, foi o mais eficiente em chegar próximo do valor real e apresentou maiores valores de correlações e coincidência, quando comparado com a paternidade conhecida, indicando que o uso desta metodologia não causaria diferença significativa na classificação das rainhas.

## REFERÊNCIAS

BIENEFELD, K; EHRHARDT, K, REINHARDT, F. Genetic evaluation in the honey bee considering queen and worker effects -a BLUP-animal model approach. **Apidologie**, v.38, p.77-85, 2007.

BIENEFELD, K.; PIRCHNER, F. Heritabilities for several colony traits in the honeybee (*Apis mellifera carnica*). **Apidologie**, v.21, p.175-183, 1990.

BALIEIRO, J.C.C.; MATTOS, E.C. Controle de dados e escrituração zootécnica: o que coletar e como proceder. **Melhoramento Genético ao alcance do produtor: Bovinocultura de corte**. Editora Scot Consultoria, cap. 1, p. 11-24, 2006.

BROCHMANN, A., BRUCKNER, D. The EAG response spectra of workers and drones to queen honeybee mandibular gland components: the evolution of the social signal. *Naturwissenschaften*, v.85, p.283-5, 1998.

CAMARGO, J.M.F. & PEDRO, S.R.M. 2007. Meliponini, Lepeletier, 1836. Pp. 272-578. In: J.S. MOURE, D. URBAN, & G.A.R. MELO (eds.). Catalogue of bees (Hymenoptera, Apoidea) in the Neotropical region. Sociedade Brasileira de Entomologia, Curitiba. 1072p.

CARDOSO, F. ;TEMPELMAN, R. J. Bayesian inference on genetic merit under uncertain paternity. **Genet. Sel. Evol.** v . 35 , p. 469–487, 2003.

CARNEIRO, Paulo. L. S. et al. Efeito de Erros de Pedigree na Seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.2, p.269-274, 1999.

COBEY, S., SHEPPARD, W. S., & TARPY, D. R. Status of breeding practices and genetic diversity in domestic US honey bees. *Honey Bee Colony Health: Challenges and Sustainable Solutions*. CRC, Boca Raton, FL, 39-49, 2011.

COSTA-MAIA, Fabiana.M. et al. Produção de mel com rainhas *Apis mellifera* africanizadas selecionadas para peso à emergência. In: Congresso Brasileiro de Zootecnia, 23., 2013, Foz do Iguaçu. Anais... Foz do Iguaçu: Associação Brasileira de Zootecnistas, 2013. p.01-03.

COSTA-MAIA, Fabiana. M. **Aspectos genéticos da produção de mel e comportamento higiênico em abelhas *Apis mellifera* africanizadas**. 2009. 77f. Tese (Doutorado em Zootecnia) –UEM, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2009.

CHAUD-NETO, J; GOBBI. ; MALASPINA, O. Biologia e técnica de manejo de abelhas e vespas. In: Barraviera B. (Ed.). *Venenos animais: Uma visão integrada*. Rio de Janeiro: EPUC, 1994. Cap.12, p. 173-193.

CROW, J.F.; ROBERTS, W.C. Inbreeding and homozygosity in bees. **Genetics**, v.35, p.612–621, 1950.



DE JONG, D. Potencial produtivo das abelhas africanizadas em relação ao das abelhas européias. In: Reunião anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 27., 1990, Campinas. **Anais...** Piracicaba: Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz - FELAQ, p. 577-587, 1990.

DOOLITTLE, Gilbert M. Scientific Queen-Rearing as practically applied. Chicago: Ills, 1989.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec. Belo Horizonte. v.60 n.2 2008.

EUCLIDES F. K, GELSON L. D. F., GERALDO R. F. et. al. Efeito de Idade à Castração e de Grupos Genéticos sobre o Desempenho em Confinamento e Características de Carcaça. Rev. bras. zootec., ed.30, p.71-76, 2001.

FREE, J. B. Pheromones of social bees. London: Chapman e Hall, p.218, 1987.

GARY, N. E. Observations of mating behaviour in the honey-bee. J. Apicult. Res., v.2, p.3-13, 1963.

GILLIAM, M.; TABER, S.; LORENZ, B.G.J. et al. Hygienic honey bees and antagonistic normal microflora for control of chalkbrood disease. In: CONGRESSO INTERNACIONAL DE APICULTURA, 32, 1989, Rio de Janeiro. **Anais...** Rio de Janeiro: Apimondia, 1989. p.227.

GONÇALVES, L.S. Comments on the aggressiveness of the Africanized bees in Brazil. **American Bee Journal**, v.114, p.448-450, 1974.

GUPTA, P.; REINSCH, R.; SPÖTTER, A.; CONRAD, T.; BIENEFELD, K. Accuracy of the unified approach in maternally influenced traits - illustrated by a simulation study in the honey bee (*Apis mellifera*). **BMC Genetics**, p. 1-10, 2013.

KOENIGER, G. Reproduction and mating behavior. In: RINDERER, T. E. (ed). Bee breeding and genetics. Orlando: Orlando Academic Press, 1986.

LEGARRA, A.; ROBERT-GRANIE, C.; MANFREDI, E.; ELSSEN, J. Performance of Genomic Selection in Mice. **Genetics Society of America**, p. 612-617, 2008.

MADALENA, Fernando. E. Verificação do parentesco em programas de melhoramento animal. **Cad. Téc. Esc. Vet. UFMG**, n.27, p. 57-66, 1999.

MARTINEZ, O. A. C. **Melhoramento genético e seleção de colmeias para aumento da produção de própolis verde na apicultura comercial**. 2012. 136f. Tese de Doutorado – Departamento de Genética Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2012.

METCALF, R. A. Multiple mating, sperm utilization, and sociale volution. Am. Nat., v.119, p.218-63, 1982.

- MILNE, C.P. Estimates of heritabilities of and genetic correlation between two components of honey bee (Hymenoptera: Apidae) hygienic behavior: uncapping and removing. **Annals of the Entomological Society of America**, n.78, p.841-844, 1985d.
- MILNE, C.P. Honey bee (Hymenoptera: Apidae) hygienic behaviour and resistance to chalkbrood. **Annals of the Entomological Society of America**, n.76, p.384-387, 1983.
- MRODE, R.A. ; THOMPSON, R. **LINEAR MODELS FOR THE PREDICTION OF ANIMAL BREEDING VALUES**. 2 ed. p. 110, 2013.
- NELSON, D.L.; GARY, N. E. Honey productivity of honeybees colonies in relation to body weight, attractiveness and fecundity of the queen. **Journal of Apicultural Research**, v.22, n.4, p.209-213, 1983.
- PEREZ-ENCISO, M.; FERNANDO, R. L. Genetic evaluation with uncertain parentage: a comparison of methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 84, p. 173-179, 1992.
- PEREIRA, Jonas. C.C. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**.6. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2012.
- PETRINI, J.;PERTILE, S. F. N.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; MATTOS, E. C.; FIGUEIREDO, L. G. G.; MOURÃO, G. B. Genetic grouping strategies in selection efficiency of composite beef cattle (*Bos taurus* × *Bos indicus*). **Jounal Animal Science**, p. 541-552, 2015.
- QUAAS, R.; POLLAK, E. Modified equations for sire models with groups. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 64, n. 9, p. 1868-1872, 1981.
- QUASS, R. L. Additive genetic model with groups and relationships. **Journal of Dairy Science**, v. 71, p. 1338-1345, 1988.
- RESENDE, L.V. **Avaliação do polimorfismo de locos str e suas relações com parâmetros genéticos das características de crescimento e carcaça em Zebuínos**. 2006. 107f. Tese (Mestrado em Ciência Animal) -Escola de Veterinária da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2006.
- SILVA, L.O.C.; NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N. et al. O programa EMBRAPA de melhoramento de gado de corte – GENEPLUS. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE RAÇAS ZEBUÍNAS, 7., 2008, Uberaba. **Anais...** Uberaba: ABCZ, 2008. p.71-80.
- SOARES, A.E.E. Avanços científicos e o desenvolvimento da apicultura. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE APICULTURA, 17., Belo Horizonte, 2008.
- SOARES, A.E.E. *et al.* Avanços no melhoramento genético e na inseminação instrumental em *Apis mellifera*. In: Congresso Brasileiro de Apicultura, 11.,1996, Teresina. **Anais...** Teresina: CBA, p.59-61, 1996.

SOUZA, D.C.; CRUZ, D.C.; CAMPOS, L.A.O. et al. Correlação entre a produção de mel e algumas características morfológicas em abelhas africanizadas (*Apis mellifera*). **Ciência Rural**, v.32, p.869-872, 2002.

SULLIVAN, P. Alternatives for genetic evaluation with uncertain parentage. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v.75, n.1, p. 31-36, 1995.

SHIOTSUKI, L.; CARDOSO, F. F.; DE ALBUQUERQUE, L. G. Avaliação do modelo considerando pais desconhecidos e grupos genéticos para o peso ao sobreano para animais da raça Nelore. **In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008.**

SHIOTSUKI, L. Avaliação de modelos estatísticos considerando a incerteza da paternidade. 2011. (Tese de doutorado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Campus de Jaboticabal. 2011.

SPEARMAN, C. General intelligence: Objectively determined and measured. **American Journal of psychology**, v.15, p.201-293, 1904.

THOMPSON, R. Sire evaluation. *Biometrics*, Washington, v.35, p.339-353, 1979.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation.** (DRAFT) Lincon: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995.

VAN VLECK, L.D. 1970b. Misidentification in estimating the paternal sib correlation. *J. Dairy Sci.*, 53:1469-1474, 1970a.

