



INSTITUTO POLITÉCNICO DE BRAGANÇA
Escola Superior Agrária

5ª Edição

Workshop em Bioinformática

Livro de Resumos

15 e 16 de Maio de 2013

Escola Superior Agrária de Bragança

Apoios:



Utilização de métodos informáticos para detecção de selecção no genoma da abelha ibérica: enquadramento teórico

Maria Alice Pinto, Julio Chávez-Galarza, Dora Henriques

CIMO-ESA, Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Sta Apolonia, Apartado 1172, 5301-855 Bragança, Portugal

Estudos prévios sugerem que a Península Ibérica serviu de refúgio durante as últimas glaciações e de zona de contacto secundário entre duas linhagens divergentes de abelhas. Estes eventos históricos, associados a processos contemporâneos relacionados com a actividade apícola, deram lugar a um padrão de variação genética de elevada complexidade, o qual não foi ainda destrinchado, apesar dos inúmeros estudos realizados aplicando uma grande variedade de marcadores genéticos incluindo morfologia, alozimas, ADN mitocondrial (mtDNA) e microsátélites. Nesta comunicação iremos apresentar os resultados de um estudo recentemente realizado na Península Ibérica em que se procedeu à sequenciação da região intergénica tRNA^{leu}-cox2 do mtDNA e a um scan do genoma nuclear da abelha ibérica usando um marcador molecular designado por polimorfismo de nucleótido simples (SNP - single nucleotide polymorphism) em cerca de 711 colónias amostradas em 2010 ao longo de três transeptos com orientação norte-sul (costa Atlântica, região central e costa Mediterrânica). Os dados foram analisados utilizando ferramentas informáticas que permitem distinguir as regiões genómicas que estão sujeitas a forças que actuam simultaneamente em todo o genoma, e que são conhecidas como neutrais (e.g. fluxo génico, deriva genética), das forças que actuam em regiões específicas, como é o caso da selecção. Esta abordagem permitiu-nos compreender melhor a complexidade dos padrões de variação da abelha ibérica e encontrar regiões do genoma que parecem ser importantes na adaptação ao meio ambiente. Os resultados deste estudo poderão ser úteis em futuros programas de melhoramento e conservação do valioso património genético que constitui a abelha ibérica.