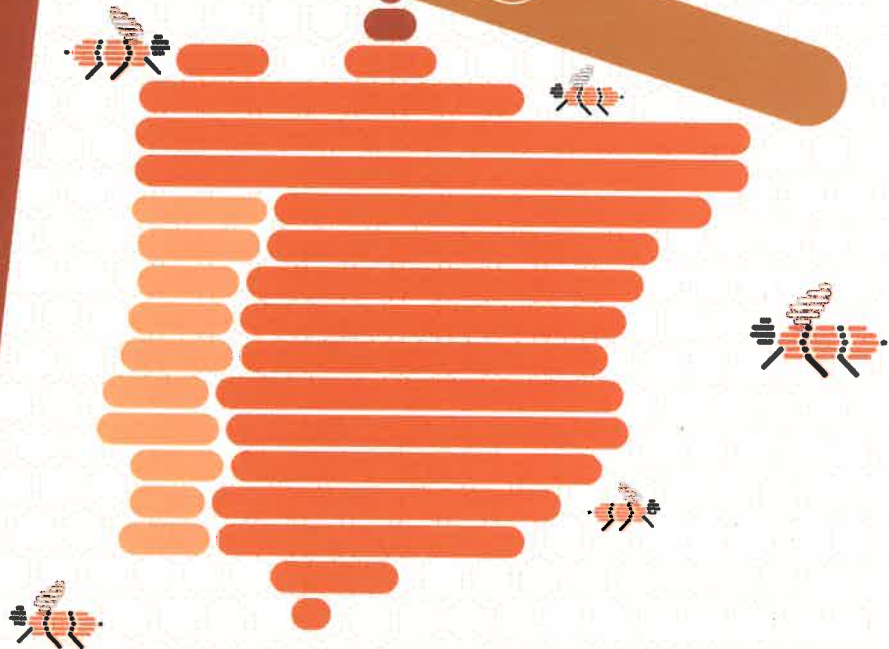




IV CONGRESO
IBÉRICO DE
APICULTURA

IV
CONGRESO
IBÉRICO
DE
APICULTURA

SALAMANCA
8, 9 y 10 de abril de 2016



LIBRO DE RESUMENES

FUNÇÃO DE GENES ASSOCIADOS À PRECIPITAÇÃO ENVOLVIDOS NA ADAPTAÇÃO LOCAL DA ABELHA IBÉRICA (APIS MELLIFERA IBERIENSIS)

Helena FERREIRA^{1,3}, Cátia NEVES¹, Dora HENRIQUES^{1,2}, Julio CHÁVEZ-GALARZA^{1,2}, Andreas WALLBERG⁴, Matthew T. WEBSTER⁴, M. Alice Pinto¹

¹Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, Apartado 1172, 5301-855 Bragança, Portugal, jchavez@ipb.pt, catia.jose7@gmail.com, dorasmh@gmail.com

²CBMA, Centro de Biologia Molecular e Ambiental, Universidade do Minho, Campus de Gualtar, 4710-057 Braga, Portugal

³CIBIO, Centro de Investigação em Biodiversidade e em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus Agrário de Vairão, Rua Padre Armando Quintas nº7, 4485-661 Vairão, Portugal

⁴Department of Medical Biochemistry and Microbiology, Science for Life Laboratory, Uppsala University, Uppsala, Sweden

O aparecimento de novas tecnologias em estudos genómicos permite-nos realizar análises mais aprofundadas e compreender de que modo as forças evolutivas atuam sobre o genoma dos organismos. Um *scan* genómico realizado previamente na abelha ibérica, revelou genes associados a imunidade, detoxificação e mecanismo da visão, estando alguns deles associados a variáveis ambientais (Chávez-Galarza *et al.* 2013). No seguimento deste estudo procurou-se sinais de seleção em genomas completos de 84 indivíduos, integrando informação genética, geográfica e ambiental. Os resultados do *scan* genómico mostram a presença 315 genes candidatos associados à variável ambiental precipitação. Os principais objetivos desta comunicação foram caracterizar a função destes genes e identificar os tipos de substituições nucleotídicas que ocorrem nas sequências codificantes. Para isso utilizaram-se diversas bases genómicas, como o NCBI, o BeeBase e o Flybase, as quais mostraram que no conjunto das mutações detetadas, apenas 51 são não-sinónimas, originando aminoácidos diferentes, as quais representam 28 genes.

Agradecimentos

Julio Chávez-Galarza e Dora Henriques são financiados pela FCT através das bolsas de doutoramento SFRH/BD/68682/2010 e SFRH/BD/84195/2012, respectivamente. Este estudo foi financiado pela FCT e COMPETE/QREN/EU, através do projeto PTDC/BIA-BEC/099640/2008, e pelo concurso conjunto 2013-2014 BiodivErsA/FACCE-JPI, através do projeto BEEHOPE. Cátia Neves é financiada pelo projeto BEEHOPE. As análises bioinformáticas foram efetuadas usando os recursos do "Uppsala Multidisciplinary Center for Advanced Computational Science" (UPPMAX).

Referências:

Chavez-Galarza, J., Henriques, D.; Johnston, J.C.; Azevedo, J.C.; Patton, J.C., Muñoz, I.; De la Rúa, P. & Pinto, M.A. (2013). Signatures of selection in the Iberian honey bee revealed by a genome scan analysis of single nucleotide polymorphisms (SNPs). *Molecular Ecology* 2, 5890–5907.