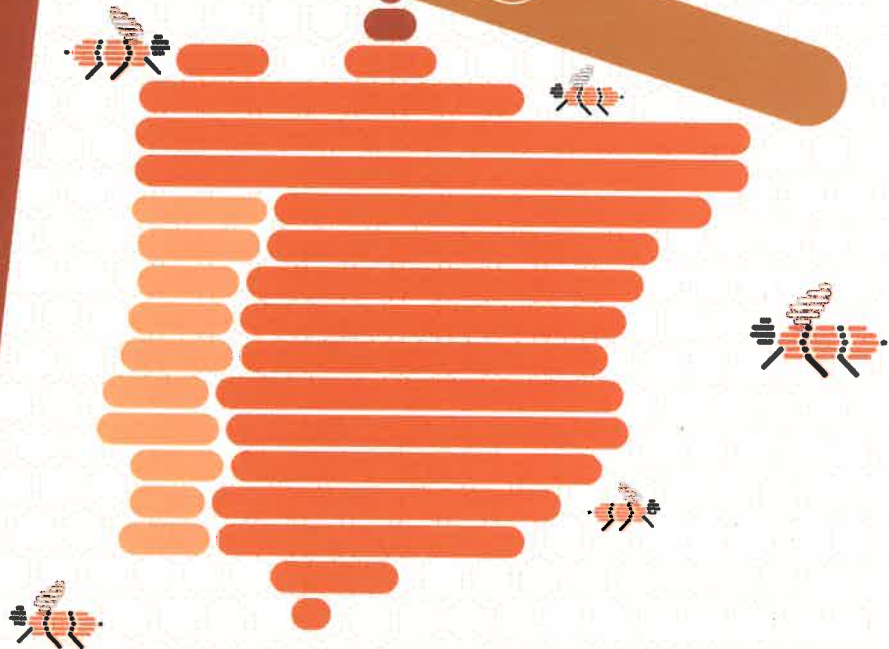




IV CONGRESO
IBÉRICO DE
APICULTURA

IV
CONGRESO
IBÉRICO
DE
APICULTURA

SALAMANCA
8, 9 y 10 de abril de 2016



LIBRO DE RESUMENES

ADAPTAÇÃO LOCAL NA ABELHA IBÉRICA (*APIS MELLIFERA IBERIENSIS*)

Dora HENRIQUES^{1,2}, Andreas WALLBERG³, Julio CHÁVEZ-GALARZA^{1,2},
Cátia NEVES¹, Filipe O. COSTA², Matthew T. WEBSTER³, M. Alice PINTO¹

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

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

³*Department of Medical Biochemistry and Microbiology, Science for Life Laboratory, Uppsala University, Uppsala, Sweden*

Perceber a base genética do processo de adaptação permite uma previsão de como os organismos poderão responder a mudanças ambientais. A sequenciação de genomas a baixo custo, juntamente com os avanços das ferramentas estatísticas e computacionais, possibilitam a compreensão da base molecular da adaptação. Este estudo visa compreender a base molecular da adaptação local da abelha ibérica, a partir da utilização de algoritmos que combinam dados genéticos e ambientais. Para tal, foram sequenciados 86 genomas completos de indivíduos amostrados ao longo de 3 transectos Norte-Sul, de forma a representar a diversidade climática existente na Península Ibérica. Em cada ponto de amostragem registaram-se as coordenadas geográficas com GPS. Posteriormente, as variáveis ambientais desses pontos foram retiradas das bases de dados WorldClim e Climatic Research Unit. Os métodos LFMM e Samβada, os quais integram informação genética e ambiental, foram utilizados para procurar sinais de seleção nos 86 genomas. A vantagem destes métodos é permitirem identificar potenciais genes sob seleção e as variáveis ambientais que possivelmente exercem uma pressão seletiva sobre esses genes. Neste estudo foram identificados 1289449 polimorfismos de nucleótido único (SNPs), dos quais 2193 (representando 826 genes) mostraram estar significativamente associados a variáveis ambientais e potencialmente sob seleção. No conjunto das variáveis ambientais analisadas, a longitude, a latitude e a precipitação foram as que apresentaram um maior número de SNPs associados. No conjunto dos 826 genes candidatos à seleção, foram identificadas diversas funções, incluindo imunidade (associada à longitude), proteínas de ligação (associadas à latitude), morfogénese, atividade transportadora transmembranar e actividade olfatória (todas associadas à precipitação). Este estudo representa a primeira tentativa de compreensão da base genética da adaptação local da abelha ibérica a partir da análise de genomas completos.

Agradecimentos:

Agradecemos aos numerosos apicultores e técnicos de associações e também a A. Pajuelo, Andreia Brandão, Inês Moura, Margarida Neto, Irene Muñoz, Pilar de la Rúa, João C. Azevedo, e João Paulo Castro pela colaboração na amostragem. DH e JCG são financiados pela FCT através das bolsas de doutoramento SFRH/BD/84195/2012 e SFRH/BD/68682/2010, respetivamente. Este estudo foi financiado pelo projeto PTDC/BIA-BEC/099640/2008 (Fundação Ciência e Tecnologia, FCT, e COMPETE/QREN/EU). Cátia Neves é financiada através do concurso conjunto 2013-2014 BiodivErsA/FACCE-JPI, com a Fundação para a Ciência e Tecnologia como financiador nacional. As análises bioinformáticas foram efetuadas usando os recursos do "Uppsala Multidisciplinary Center for Advanced Computational Science (UPPMAX)", Universidade de Uppsala, Suécia.