



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 bioinformáticos para detecção de selecção no genoma da abelha ibérica: aplicação prática

Julio Chávez-Galarza, Dora Henriques, Maria Alice Pinto

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

A compreensão de processos de especiação e adaptação dos organismos só é possível depois de se saber em que zonas do genoma actua os processos neutrais (migração, deriva genética, etc) e em que zonas actua a selecção natural. Por isso, a detecção de loci sob selecção é uma tarefa crucial em estudos de genética populacional. Diversos métodos têm sido propostos para detectar sinais de selecção no genoma, muitos deles derivados do método proposto por Lewontin e Krakauer (1973). Os diferentes métodos têm como base uma distribuição nula que pode ser empírica (observada) ou teórica (simulada). A base fundamental destes métodos é que os loci influenciados pela selecção apresentam uma maior diferenciação genética (selecção direccionada) ou menor diferenciação genética (selecção balanceadora) quando comparados com loci neutrais. Depois de identificados os potenciais loci sob selecção, o passo seguinte para os organismos com recursos genómicos disponíveis, como é o caso da abelha cujo genoma completo foi sequenciado em 2006, é identificar a localização destes nos cromossomas e a função putativa por forma a se compreender as bases moleculares da adaptação. Para se conseguir efectuar esta tarefa é muito importante conhecer as diversas bases de dados genómicas existentes de forma a verificar-se se os loci estão em zonas perto ou dentro de genes e tentar perceber de que forma estes são afectados pela selecção. Nesta sessão prática irá utilizar-se um dos métodos mais usados para detectar selecção (FDIST) em *Apis mellifera iberiensis* usando como marcadores cerca de 380 SNPs. De seguida, os SNPs que estão sob selecção serão mapeados, utilizando como recursos genómicos o NCBI, BEEBASE e FLYBASE, desta forma será identificada qual a localização dos SNPs nos cromossomas e qual a função putativa dos genes aí presentes, de forma a compreender-se como estes estão envolvidos nos processos de variação adaptativa.