



APOIOS

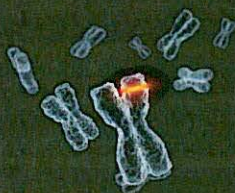


PATROCÍNIOS



IV JORNADAS NACIONAIS Genética e Biotecnologia UTAD | 1, 2 e 3 de Março de 2012

Programa e Resumos



ORGANIZAÇÃO:



Licenciatura em Genética e Biotecnologia
Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro

*IV Jornadas Nacionais de Genética e
Biotecnologia*

Programa e Livro de Resumos

Vila Real - 1,2 e 3 de Março de 2012

Análise molecular de micobactérias patogénicas em amostras de rim e gânglio de animais selvagens	42
Comunicações em Poster	43
Identificação e caracterização molecular de material de videira da Região Demarcada dos Vinhos Verdes.....	44
Identificação molecular de mutantes para a cor do bago em variedades de videira (<i>Vitis vinifera</i> L.).....	45
Variabilidade genética em populações de <i>Pinus sylvestris</i> L. em Portugal, utilizando marcadores moleculares RAPD e ISSRs	46
Análise da diversidade genética em 34 espécies da família <i>Fagaceae</i>	47
Polimorfismo para o "internal transcribed spacer" do ADN ribossomal em avelãs portuguesas	48
Projecto Myrtillus – Mirtilo com Inovação	49
Análise da variabilidade genética de diferentes cultivares de <i>Vaccinium corymbosum</i> , com base em frutos e folhas, através de RAPDs.....	50
Estudo da variabilidade genética em cultivares de <i>Vaccinium corymbosum</i> através de ISSRs	51
Caracterização genética de centeios com diferentes graus de ploidia	52
Avaliação da tolerância ao alumínio através de diferentes colorações histoquímicas.....	53
Organização física de SSRs em centeiro e tritcale	54
Localização de sequências de microssatélites em cromossomas de <i>Hordeum</i> sp. usando a técnica ND-FISH	55
Análise de marcadores cpSSRs em espécies do género <i>Plantago</i>	56
Eficiência dos marcadores moleculares <i>RAPDs</i> e <i>ISSRs</i> na avaliação da variabilidade genética de espécies do género <i>Plantago</i>	57
Diversidade morfológica em acessos de <i>Cucurbita pepo</i> e <i>C. maxima</i>	58
Estabelecimento <i>in vitro</i> de Camélias dos Jardins de Celorico de Basto	59
Micropropagação de <i>Camellia japonica</i> L.	60
Estabelecimento <i>in vitro</i> de <i>Jatropha curcas</i> Linn.	61
Isolamento e análise da diversidade genética de fungos entomopatogénicos associados à cultura da vinha na Região Demarcada do Douro	62
Potencial antifúngico do extracto aquoso de <i>Thymus mastichina</i> L., obtido por micropropagação <i>in vitro</i> , sobre <i>Aspergillus fumigatus</i>	63
Avaliação da actividade genotóxica / antigenotóxica de <i>Calendula officinalis</i> e <i>Lavandula angustifolia</i>	64
Effect of <i>Ginkgo biloba</i> L. leaves extract in HepG2 cells treated with Paraquat	65

Capacidade antifúngica do extracto aquoso de <i>Mentha spicata</i> obtido por micropropagação <i>in vitro</i> , sobre <i>Aspergillus fumigatus</i>	66
Otimização de Protocolo para o Estudo Citogenético de Quatro Linhas Celulares de Cancro de Bexiga	67
Complex karyotype in a case of Polycythaemia vera.....	68
Análise por citogenética convencional e por FISH de 10 amostras com suspeita de Mieloma Múltiplo	69
Cytogenetic Evaluation of Rat Mammary Tumors Chemically-Induced by 1-Methyl-1-Nitrosourea (MNU).....	70
A expressão de c-kit em tumores melanocíticos cutâneos caninos: um novo marcador de diagnóstico?.....	71
Deteção de alterações cromossómicas em fetos com malformações ecográficas utilizando MLPA	72
Aplicação da técnica de electroforese em gel de gradiente de desnaturação na diferenciação de genogrupos e genótipos de norovirus em amostras biológicas e ambientais	73
Importância dos saca-rabos (<i>Herpestes ichneumon</i>) como reservatório de <i>Mycobacterium avium</i> subsp. <i>paratuberculosis</i> . Deteção por técnicas tradicionais e moleculares	74
Deteção molecular de <i>Mycobacterium avium</i> subsp. <i>paratuberculosis</i> em duas lontras (<i>Lutra lutra</i> , Linnaeus, 1758)	75
Estudo da variabilidade genética do gene Matriline-1 em <i>Equus asinus</i>	76
Seleção de primers para análise molecular, através de RAPDs e ISSRs, de animais das famílias <i>Cervidae</i> e <i>Suidae</i>	77
Detection of loci under selection in <i>Apis mellifera iberiensis</i> as compared with two frequentist methods	78
Padrões de variação genética em <i>loci</i> sob selecção na abelha Ibérica: comparação da selecção balanceadora e direccional	79
Utilização de RAPDs para a deteção de marcadores ligados ao sexo em peixe-zebra	80
Deteção de marcadores ISSRs ligados ao sexo em peixe-zebra (<i>Danio rerio</i>).....	81
Deteção de hibridação de DNA usando um biossensor ótico	82
Ferramentas para análise de sequências de dados em biologia molecular.....	83
Agradecimentos	85

Análise molecular de micobactérias patogénicas em amostras de rim e gânglio de animais selvagens

N. Sousa^{1*}, A. Mendes¹, S. Álvares³, C. Miranda³, L. Figueira², A. C. Coelho³, A. C. Matos², M. Matos²

¹Students of Genetics and Biotechnology University of Trás-os-Montes and Alto-Douro

²School of Agriculture, Polytechnic Institute of Castelo Branco

³CECAV- Center for Animal Science and Veterinary, University of Trás-os-Montes and Alto-Douro, Department of Veterinary Sciences

⁴IBB-Institute for Biotechnology and Bioengineering, Centre of Genomic and Biotechnology, University of Trás-os-Montes and Alto-Douro, Department of Genetics and Biotechnology

*nidia.desousa@gmail.com

Keywords: *Mycobacterium*, Javali, Veado, Rim, Gânglio, PCR

As micobactérias provocam infecções crónicas denominadas micobacterioses, que podem infectar directa ou indirectamente todos os tecidos e órgãos de humanos e de um vasto leque de animais, quer domésticos quer selvagens. Entre os seus hospedeiros selvagens podemos encontrar o javali (*Sus scrofa*) e o veado (*Cervus elaphus*), que funcionam como reservatórios, promovendo a disseminação desta patologia.

Neste estudo foi extraído DNA a partir de tecidos de rim e gânglios linfáticos provenientes de javali e veado com o objectivo de detectar micobactérias. Para detectar *Mycobacterium* realizou-se o ensaio 16S rDNA (Wilton e Cousins, 1992, adaptado por Moravkova *et al.* 2008) com "primers" específicos para o género. No que diz respeito a *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* utilizaram-se "primers" específicos para a IS 900 (adaptada de Moss *et al.* 1992), sequência de inserção específica para esta sub-espécie.

No total foram utilizadas 47 amostras, sendo 33 de gânglios linfáticos e 14 de rim. Das amostras de gânglio, 20 pertenciam a veado e as restantes a javali, observando-se incidência de micobactérias numa grande percentagem de amostras. Relativamente às amostras de rim, 9 provinham de veado e 5 de javali, verificando-se que a maioria das amostras de veado se revelaram positivas para *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*, enquanto que todas as amostras de javali eram negativas para esta sub-espécie. Todas as amostras positivas para a sub-espécie revelaram-se positivas para o género *Mycobacterium*.

A técnica de PCR é uma ferramenta muito útil para a detecção de micobactérias, podendo ser utilizada futuramente como técnica padrão para o diagnóstico de micobacterioses, em detrimento de outros métodos morosos, como é o caso da cultura bacteriológica.

COMUNICAÇÕES EM POSTER

Detection of loci under selection in *Apis mellifera iberiensis* as compared with two frequentist methods

J. C. Chávez-Galarza¹, D. Henriques¹, J. S. Johnston², J. C. Azevedo¹, I. Muñoz³, P. de la Rúa³, J. C. Patton⁴, F. Costa⁵, M. A. Pinto¹

¹Mountain Research Centre (cimo), Polytechnic Institute of Bragança campus de Santa Apolonia apartado 1172, Bragança 3201-855, Portugal

²Department of Entomology, Texas A & M University College Station, Texas 77843-2475, USA

³Área de Biología Animal Departamento de Zoología y Antropología Física, Universidad de Murcia Campus de Espinardo, Murcia 30010, España

⁴Department of Forestry and Natural Resources, Purdue University 715 W State St. West Lafayette, Indiana 4797-2061, USA

⁵Centre of Molecular and Environmental Biology (CBMA), University of Minho Campus de Gualtar, Braga 4710-057, Portugal

Genome scans with many genetic markers provide the opportunity to investigate local adaptation in natural populations and identify candidate genes under selection. The recent advent of high-throughput Single Nucleotide Polymorphism (SNP) genotyping technologies have opened new perspective of research and these markers are commonly observed in functional genes making them ideal markers to study adaptive molecular variation. This approach has become commonly employed in ecological and population genetics studies to detect outlier loci that are putatively under selection. Herein, we show a preliminary exploration of a genome scan to detect signatures of selection on the Iberian honey bee genome. The objective of this study was to determine loci under selection of *A. m. iberiensis* by using SNPs. Over 711 individuals were sampled in the Iberian Peninsula across three latitudinal transects and then genotyped for 1536 SNPs using the Golden Gate Assay of Illumina. Loci under selection were identified by two frequentist methods: Fdist, implemented in LOSITAN, and BAYESCAN. There were identified 22 loci under selection by BAYESCAN and 12 loci by LOSITAN, being 10 loci detected by both methods. The SNPs under selection were located in linkage group 1, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 and 15 from honey bee genome and may be related to genes with diverse functions as hormonal, nervous, development, cell signaling and some unknown.

Padrões de variação genética em loci sob selecção na abelha Ibérica: comparação da selecção balanceadora e direccional

D. Henriques¹, J.C. Chávez-Galarza¹, J. S. Johnston², J. C. Azevedo¹, I. Muñoz³, P. de la Rúa³, J. C. Patton⁴, F. Costa⁵, M. A. Pinto¹

¹Mountain Research Center (CIMO), Polytechnic Institute of Campus de Santa Apolonia Apartado 1172, Bragança 3201-855, Portugal

²Department of Entomology, Texas A & M University College Station, Texas 77843-2475, USA

³Área de Biología Animal Departamento de Zoología y Antropología Física, Universidad de Murcia Campus de Espinardo, Murcia 30010, España

⁴Department of Forestry and Natural Resources, Purdue University 715 W State St. West Lafayette, Indiana 4797-2061, USA

⁵Centre of Molecular and Environmental Biology (CBMA), University of Minho Campus de Gualtar, Braga 4710-057, Portugal

Keywords: Abelha Ibérica, selecção balanceada, selecção direccional, Península Ibérica.

A Península Ibérica tem sido reconhecida como um "hotspot" de diversidade e endemismo para diversas espécies quer animais quer vegetais. Em parte esta grande diversidade encontrada na Península Ibérica deve-se ao facto de este local ter sido utilizado como refúgio por diferentes espécies durante as glaciações. A abelha é um dos muitos casos onde este processo aconteceu. Na verdade, a Península Ibérica é umas das regiões da Europa onde esta espécie apresenta uma maior diversidade e complexidade genética. A abelha ibérica que está distribuída pela Península Ibérica é o fruto de uma hibridação natural entre a linhagem Africana e a linhagem da Europa ocidental. O estudo de zonas híbridas tem sido muito importante para compreender os processos evolutivos que levaram à complexidade genética tão característica dos refúgios.

O objectivo deste trabalho é fazer uma abordagem inicial para perceber como é que os diferentes tipos de selecção (balanceadora e direccional) influenciam a diversidade genética das abelhas na Península Ibérica e tentar perceber qual o papel da selecção na divergência adaptativa das populações. Para tal foram calculadas algumas estatísticas sumárias e também foram utilizados diversos softwares que implementam algoritmos Bayesianos de forma a verificar que estrutura é captada ao utilizar-se as regiões do genoma sob diferentes tipos de selecção (balanceadora ou direccional). No total foram detectados 22 loci sob selecção usando o Bayescan, 9 dos quais apresentavam aparentemente estar sob de uma selecção balanceada e 13 sob selecção direccional. Neste trabalho é representado o padrão obtido utilizando software "STRUCTURE".