



I CONGRESSO NACIONAL das
ESCOLAS SUPERIORES AGRÁRIAS
2015 PROGRAMA · RESUMOS

I CONGRESSO NACIONAL das ESCOLAS SUPERIORES AGRÁRIAS

**Escola Superior Agrária de Bragança
2 e 3 de dezembro de 2015**

PROGRAMA · RESUMOS

 CONSELHO
COORDENADOR
DOS
INSTITUTOS
SUPERIORES
POLITECNICOS
Comissão Especializada das Agrárias



Título: I Congresso Nacional das Escolas Superiores Agrárias: **livro de resumos**

Editor: Albino António Bento

Edição: Instituto Politécnico de Bragança, Escola Superior Agrária · 2015
5300-253 Bragança · Portugal

Tel. (+351) 273 303 200 · Fax (+351) 273 325 405

Impressão: Bringráfica

Nº de cópias: 200

Dep. Legal: 401321/15

ISBN: 978-972-745-198-2

Disponível em: <http://hdl.handle.net/10198/11932>

Procurando sinais de selecção no genoma nuclear da abelha ibérica (*Apis mellifera iberiensis* Engel)

HENRIQUES, D.^{1,2}; WALLBERG, A.³; CHÁVES-GALARZA, J.^{1,2}; COSTA, F.O.²; RUFINO, J.¹; WEBSTER, M.³ & PINTO, M.A.¹

¹ CIMO, Instituto Politécnico de Bragança, Apartado 1172, Bragança 3201-855, Portugal

² CBMA, Universidade do Minho, Campus de Gualtar, Braga 4710-057, Portugal

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

O estudo da adaptação local é de extrema importância pois permite perceber quais os factores/genes cruciais que permitiram a sobrevivência dos indivíduos num certo habitat. A compreensão dos mecanismos de adaptação local pode ajudar a prever a resposta da espécie a um mundo em acelerada transformação.

A Península Ibérica é um laboratório natural para o estudo da adaptação local pois engloba diversos habitats como o Mediterrânico, Deserto, Alpino e Atlântico, permitindo perceber como é que um organismo se adapta aos diferentes ambientes.

De forma a representar-se a distribuição natural da abelha ibérica, *Apis mellifera iberiensis* Engel, ao longo dos diferentes habitats na Península Ibérica, foram amostrados 87 indivíduos, representado 87 colónias e 16 locais, distribuídos por 3 transectos longitudinais (Atlântico, Central e Mediterrânico). Para cada local amostrado foram recolhidas as coordenadas geográficas. Os dados ambientais correspondentes a cada coordenada geográfica foram retirados das bases de dados <http://www.worldclim.org> e www.cru.uea.ac.uk.

O genoma completo dos 87 indivíduos foi sequenciado utilizando a sequenciação “paired-end” e a plataforma Illumina HiSeq 2500. A cobertura mínima obtida do genoma da abelha ibérica foi de 6X. Diversos filtros foram aplicados de forma a eliminar potenciais erros de sequenciação e no final obtiveram-se 1 289 449 polimorfismos de nucleótido simples (SNPs) distribuídos ao longo dos 16 cromossomas da abelha.

Para detectar sinais de selecção ao longo do genoma foram utilizadas diversas estatísticas (estatísticas baseadas no FST, iHS, EHH). Adicionalmente, de forma a perceber que variáveis ambientais podem ter moldado a adaptação local, foram utilizados programas como o SAMβADA e o LFMM, pois estes procuram encontrar associações entre os marcadores moleculares e variáveis ambientais.

Palavras-chave: *A. m. iberiensis*, diversidade genética, análise de selecção