

The background of the slide is a collage. The top half shows a close-up of a microscope with a gloved hand adjusting it. Below this, a triangular collage contains images of a river with a dam, a black and white cow, a field of wheat, and a bunch of blue grapes. The text is overlaid on a white rectangular box at the bottom of the slide.

USO DAS ANÁLISES MOLECULARES NO PROJETO FRUIT-MED

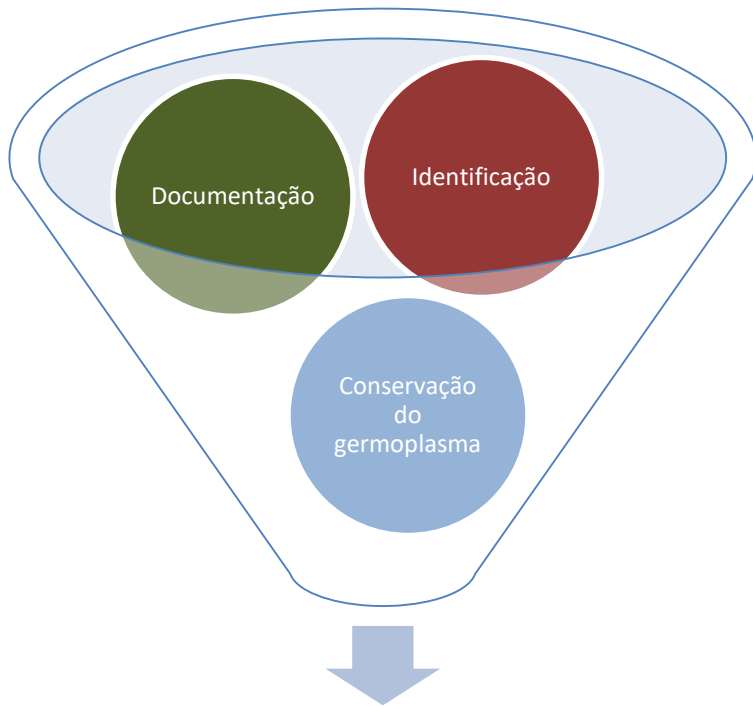
Fernanda Simões

Tavira, 11 de outubro de 2024

Unidade de Biotecnologia e Recursos Genéticos

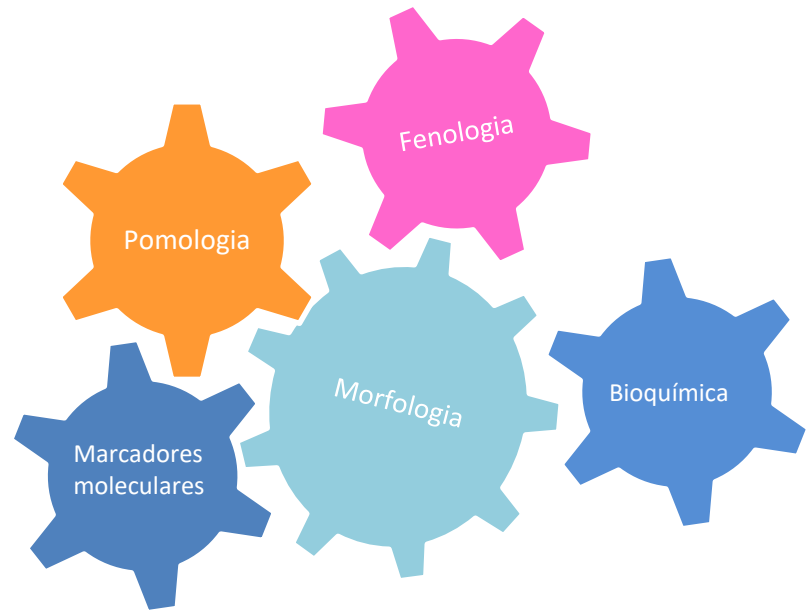


- **Conservação e Melhoramento em Animais e Plantas**
- **Caracterização de Recursos Genéticos**
 - Genética de populações
 - Marcadores Moleculares/Identificação varietal
 - Estudos bioquímicos
 - Fenologia
 - Fisiologia
 - Ensaio Agronómicos





Recursos genéticos

Avaliação da diversidade genética:



Marcadores Moleculares de DNA

qualquer variação na sequência do DNA de um ser vivo que o distingue de outro indivíduo ou grupo de indivíduos

	Número: PDR2020-784-042678	Código: NOT/AP/26987/20180511	
	Operação: 7.8.4 / Anúncio: 01 / Operação 7.8.4 / 2017	Parecer: Favorável	
	Título: Caracterização e Melhoramento de Fruteiras Tradicionais - Fruit Med.	Organismo: PDR2020	
	Promotor: DIRECCAO REGIONA ... ESCAS DO ALGARVE / NIF: 600005291 / NIFAP: 198306	Dt. Notificação: 2018-05-11 12:59:37	
	Distrito: Faro / Concelho: Faro		

Audiência dos interessados - Parecer Favorável

Operação - 7.8.4 - Recursos genéticos - Conservação e melhoramento de recursos genéticos vegetais
 Anúncio de abertura n.º - 01 / Operação 7.8.4 / 2017
 Candidatura n.º - PDR2020-784-042678

ESTE DOCUMENTO NÃO CONSTITUI UMA COMUNICAÇÃO DE ATRIBUIÇÃO DE APOIO. VER PONTO 3 PARA MAIS INFORMAÇÃO.

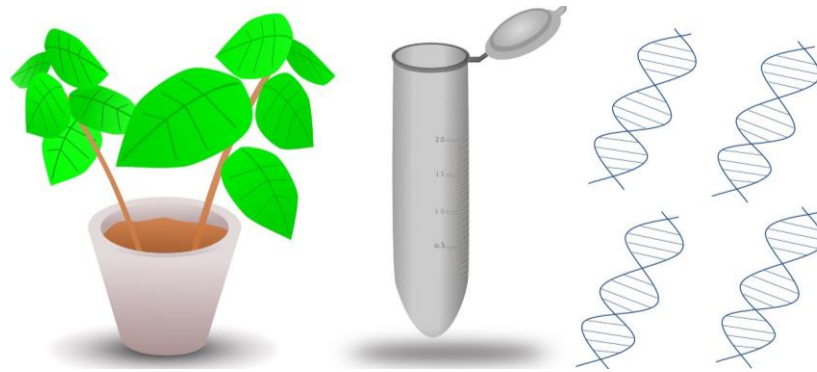
Em cumprimento do despacho da Sra. Gestora Adjunta da Autoridade de Gestão do PDR2020 de 2018-04-05 que concluiu a análise da candidatura n.º PDR2020-784-042678, e de acordo com o regime de aplicação da Operação previsto na Portaria n.º 166/2017, de 19 de maio, fica V. Exa. notificada, para efeitos de audiência prévia, das seguintes conclusões apuradas:

Amendoeira Alfarrobeira Nespereira Laranjeira Macieira Romãzeira Figueira

3.3 — CARACTERIZAÇÃO BIOMOLECULAR

Meta- 51 acessos – 76 acessos

Extração DNA



Esquema de análise

- Seleção do método e tipo de marcadores

RAPD

Dominante

ISSR

Dominante

SSR

Co-Dominante

AFLP

Dominante

SNP

Co-Dominante

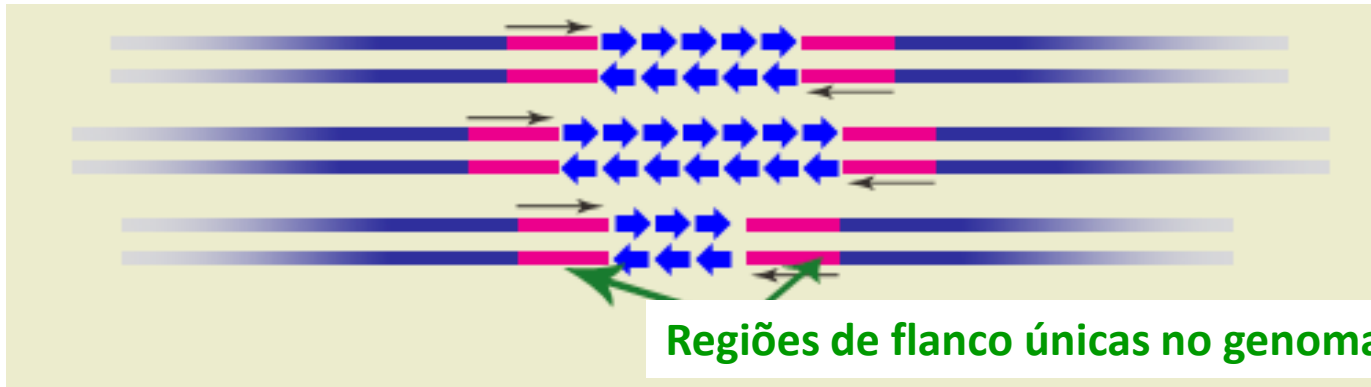
Gel de agarose

Eletroforese capilar

Microchips de DNA

Marcadores Microssatélites ou SSR ou STR

Frequentes e variáveis entre indivíduos de uma população



ACGGGAGACTTTCCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

ACGGGAGACTTTCCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

ACGGGAGACTTTCCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

ACGGGAGACTTTCCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

Geram fragmentos de tamanho diferente

Listagem de locus SSR

oligonucleótidos iniciadores para caracterização molecular de RGs de amendoeira

Locus	Motivo	Marcação	Sequência do Primer F 5' - 3'	Sequência do Primer R 5' - 3'
EPPCU3088		HEX	AGAGACACAGAGGACCAAAC	CGCAGGACCCATTTAGTTCA
BPPCT007	(AG)22(CG)2(AG)4	FAM	TCATTGCTCGTCATCAGC	CAGATTTCTGAAGTTAGCGGTA
BPPCT038	(GA)25	ATTO550 (NED)	TATATTGTTGGCTTCTTGCATG	TGAAAGTGAAACAATGGAAGC
CPDCT045	(GA)16	FAM	TGTGGATCAAGAAAGAGAACCA	AGGTGTGCTTGACATGTTT
EPPCU9168	(TA)4(TA)13	HEX	TCCCTTCTCCATGTTTTCCA	GGAATCGGCATAAGCAAAA
CPSCT012	GA	ATTO565(PET)	ACGGGAGACTTTCCAGAAG	CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT
CPSCT018	(CA)5(CT)20	ATTO550 (NED)	AGGACATGTGGTCCAACCTC	GGGTCCCCGTTACTTTCAT
CPSCT021	(GA)15	FAM	GCCACTTCGGCTAAAAGAGA	TCCATATCTCCTCCTGCTTGA
CPPCT033	(CT)16	HEX	TCAGCAAAGTAGAAACAAACC	TTGCAATCTGGTTGATGTT

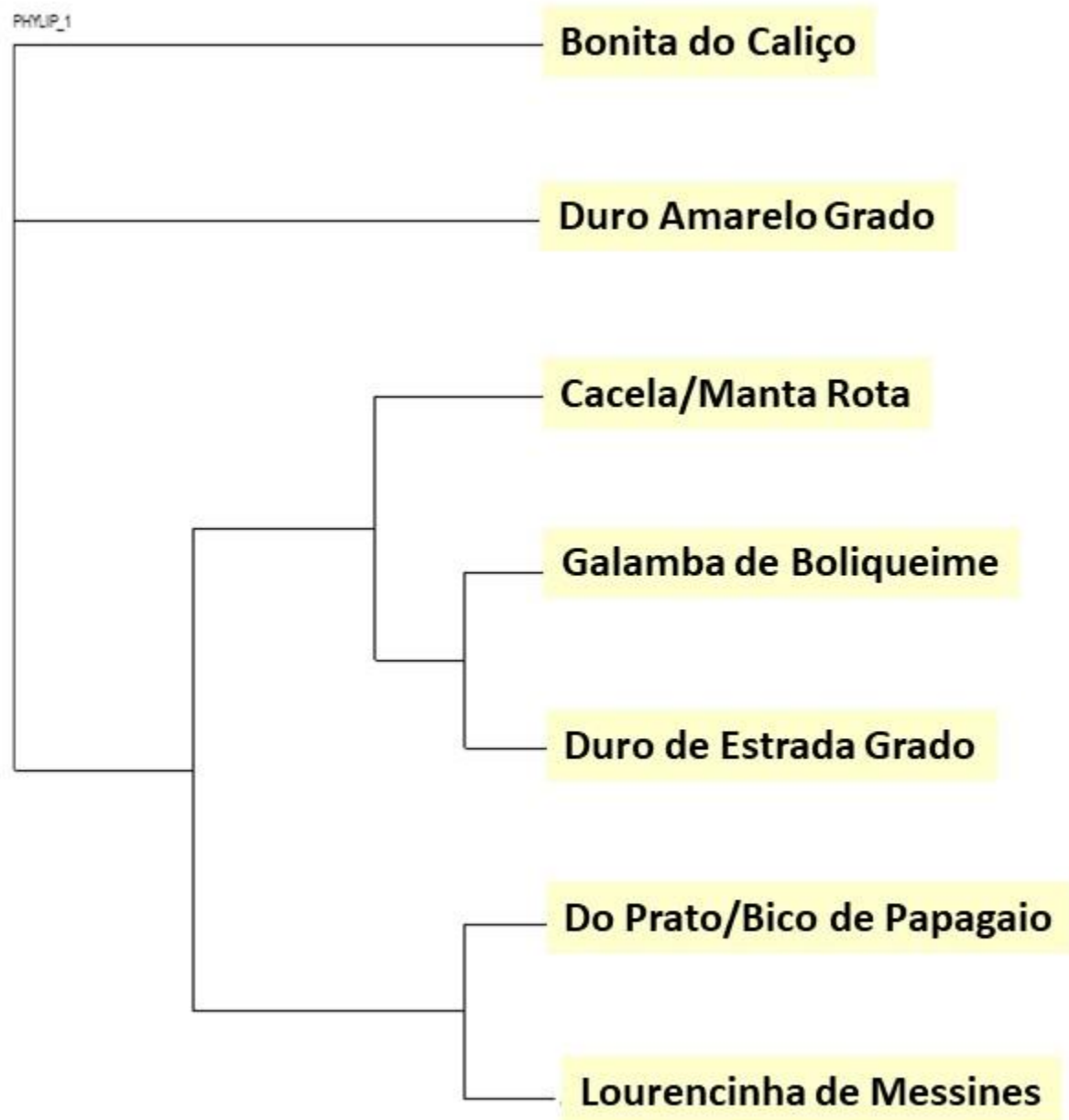
ACGGGAGACTTTCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

ACGGGAGACTTTCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

ACGGGAGACTTTCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

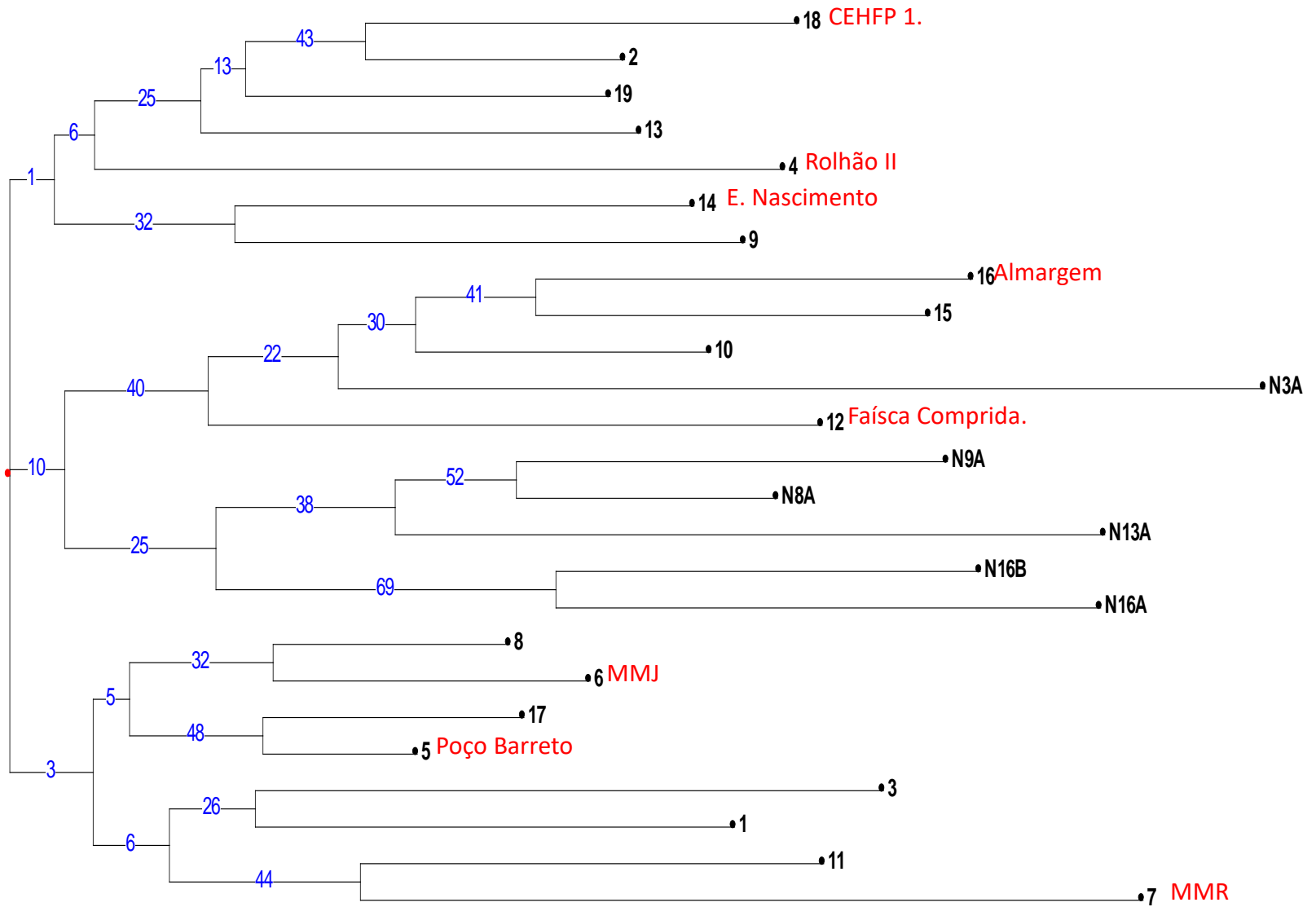
ACGGGAGACTTTCCAGAAG AG AG AG AG AG AG AG AG AG AG CTTCTCGTTTCCTCCCTCCT

Geram fragmentos de tamanho diferente



Dendrograma de 7 acessos de amendoeira com base em nove loci microssatélites.

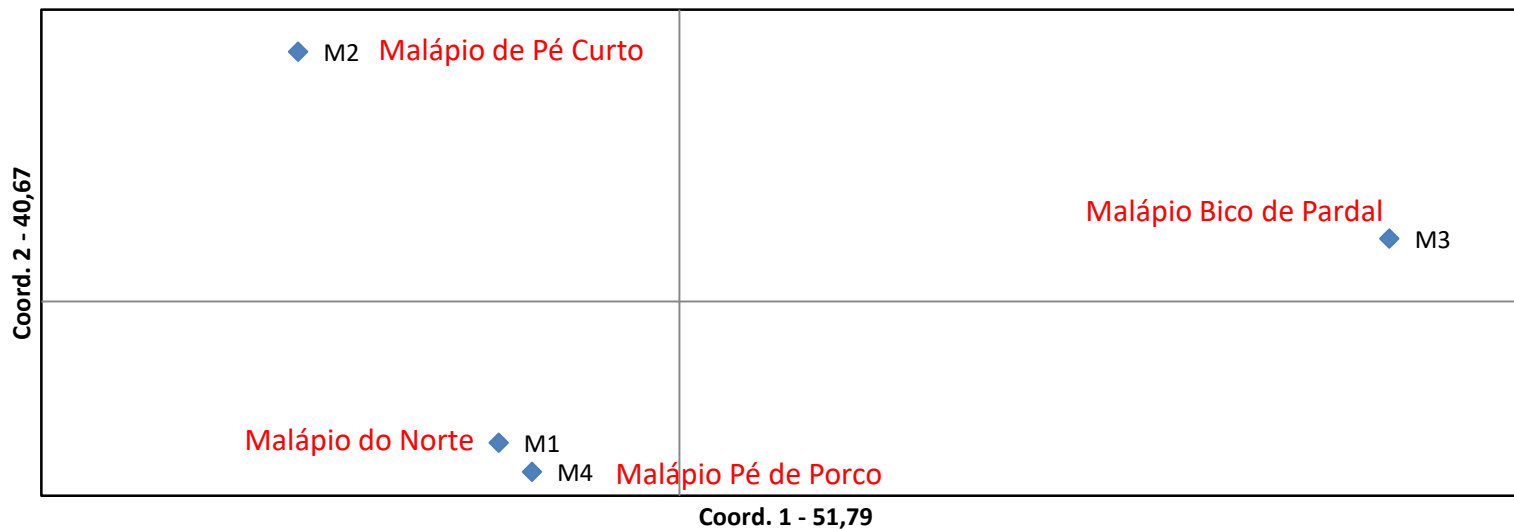
Caracterização biomolecular de acessos de nespereira



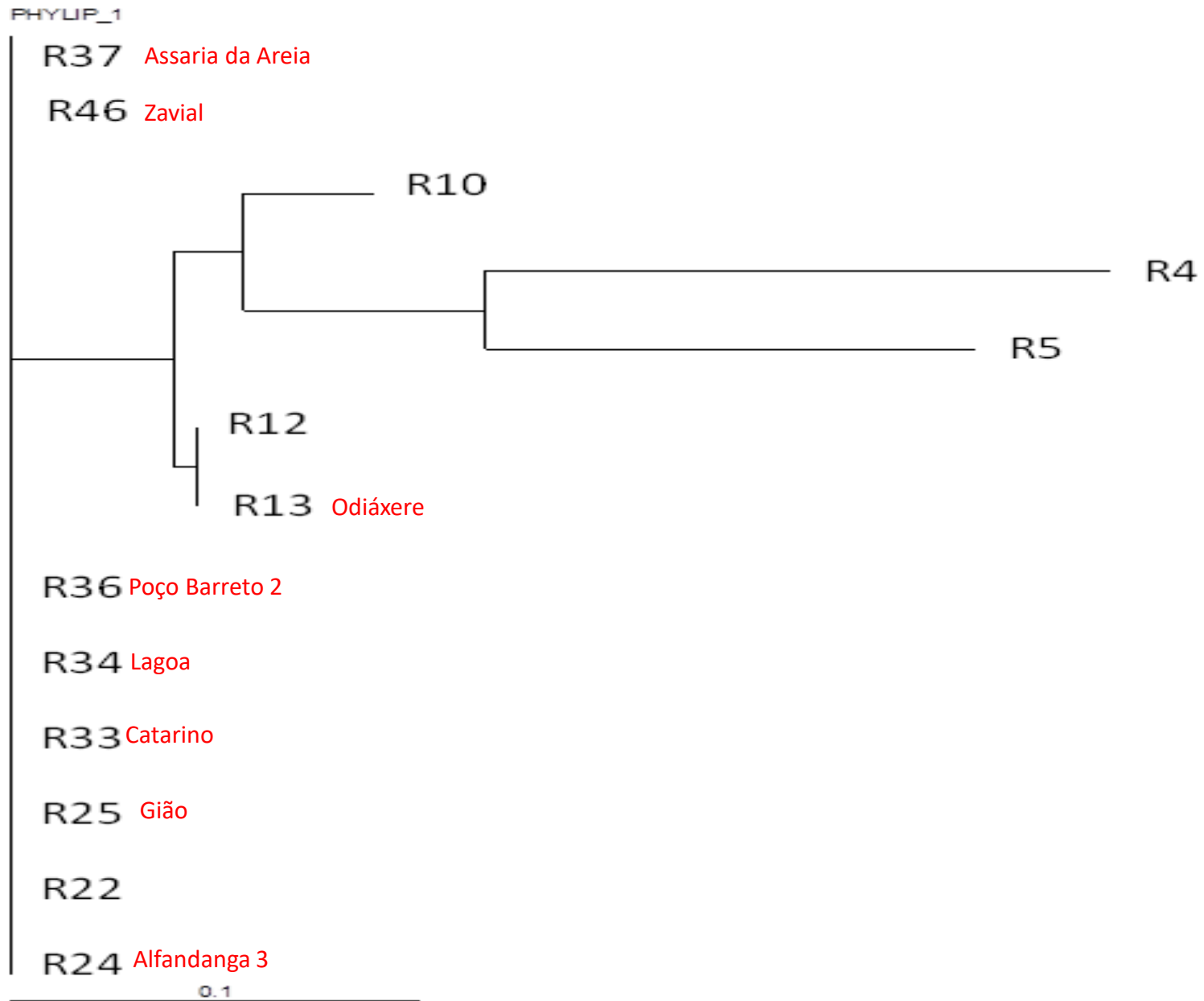
Caracterização biomolecular de acessos de macieira

Amostra	CH01d08		CH03g07		CH01f07a		CH05e06		EMPc11		EMPc117		CH01d09		CH02b10		GD96		CH03d12		CH04e03	
M1	254	272	127	129	196	196	102	122	143	143	109	109	128	152	135	157	166	174	104	140	197	200
M2	268	272	127	127	192	196	102	102	143	143	109	109	128	152	131	135	174	176	104	128	200	200
M3	252	254	127	179	194	196	102	102	123	143	109	109	128	138	133	157	174	176	104	120	197	197
M4	254	272	127	129	196	196	102	120	139	143	109	109	128	152	135	157	166	174	104	140	197	200

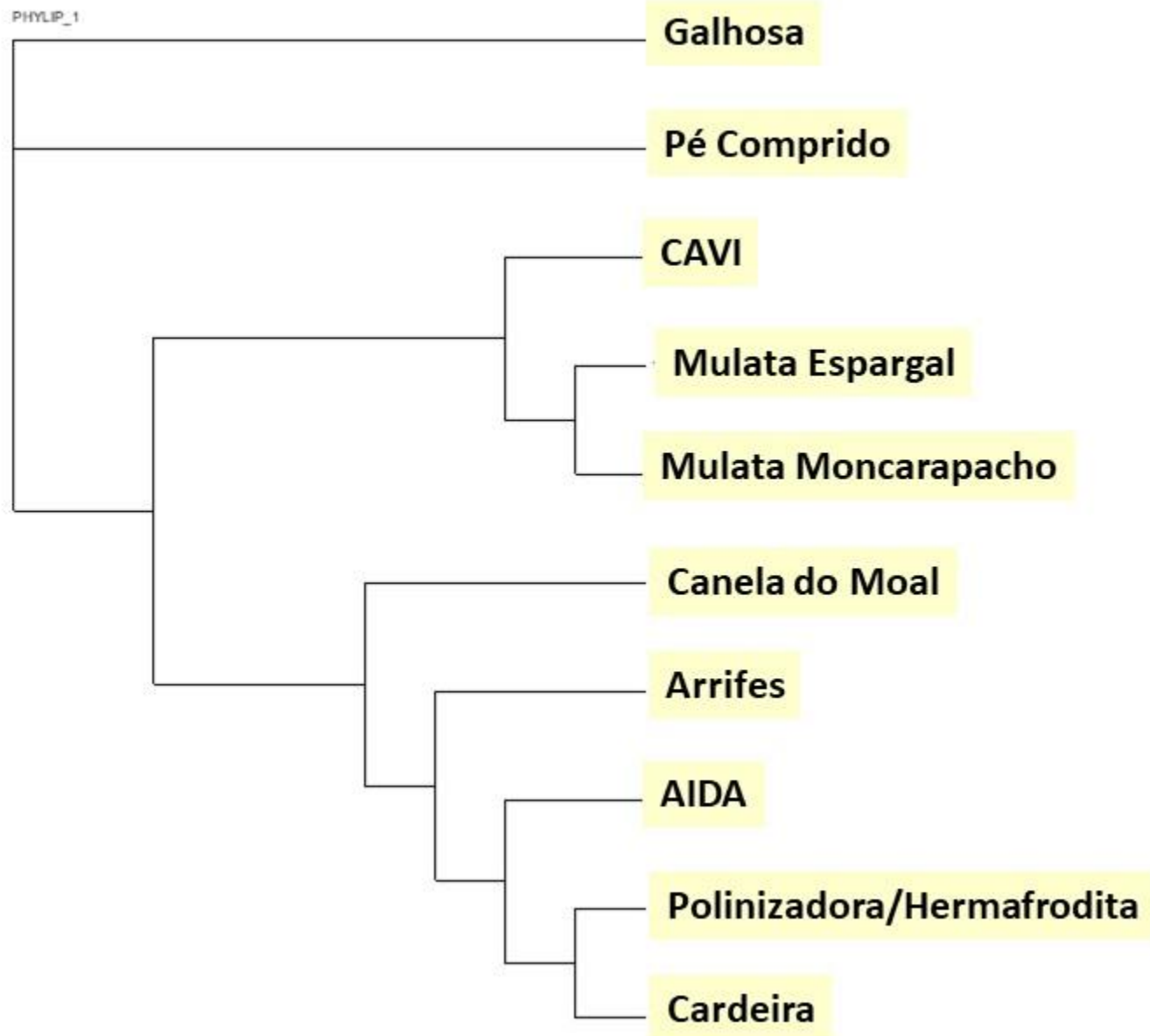
Análise de coordenadas principais (PCoA)



Caracterização biomolecular de acessos de romãzeira



PHYLIP_1



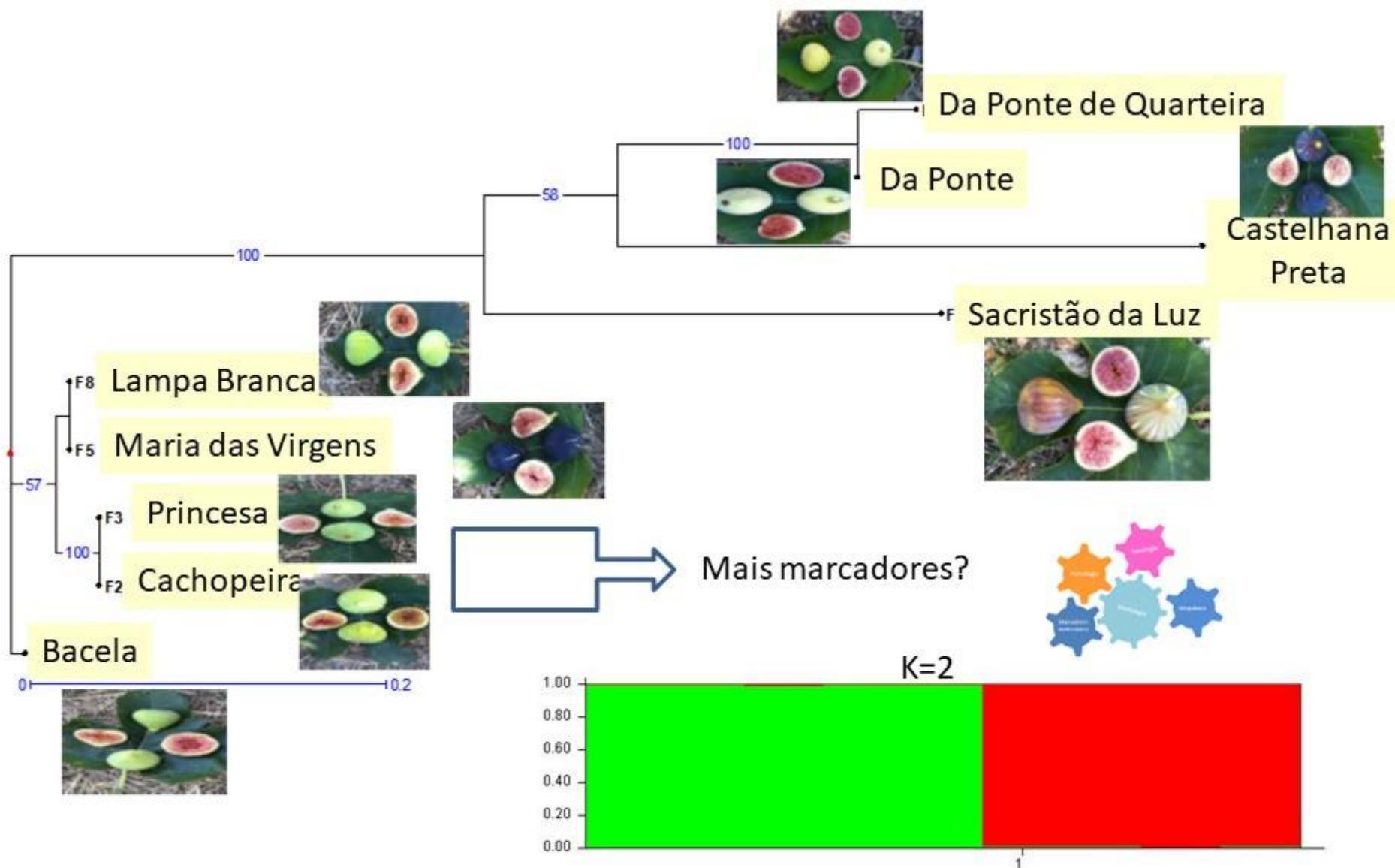
Dendrograma de 10 acessos de alfarroba com base em oito loci microssatélites.

Figueira:

Parâmetros genéticos com base nos **doze loci** microssatélite em nove acessos de figueira.

Locus	N	Na	Ne	Ho	He	F
MFC2	9	3	2,160	0,889	0,537	-0,655
MFC3	9	3	2,842	1,000	0,648	-0,543
LMFC30	9	6	3,857	1,000	0,741	-0,350
Fsyc01	9	4	3,767	1,000	0,735	-0,361
FCUP008	9	4	3,306	0,333	0,698	0,522
FCUP038	9	4	1,800	0,444	0,444	0,000
LMFC11	9	2	1,800	0,000	0,444	1,000
LMFC19	9	4	2,492	0,889	0,599	-0,485
MFC4	9	2	1,976	0,000	0,494	1,000
MFC1	9	3	2,219	1,000	0,549	-0,820
MFC7	9	3	1,588	0,222	0,370	0,400
MFC8	9	2	1,976	0,889	0,494	-0,800
FS4-11	9	4	3,176	0,889	0,685	-0,297
FM4-70	9	4	2,348	0,778	0,574	-0,355
FM4-15	9	5	2,531	0,778	0,605	-0,286
Média*	9,000	3,533	2,523	0,674	0,574	-0,135
Erro padrão	0,000	0,291	0,186	0,095	0,029	0,154

N, nº de amostras; Na, Nº Alelos, Nº Efetivo de Alelos, Ho, Heterozigotia Observada, He, Heterozigotia Esperada e F, Índice de Fixação de Alelos.



A diversidade genética das figueiras poderá ser explorada quando apropriadamente identificada e classificada ([Perez-Jiménez et al., 2012](#)).

Caracterização biomolecular de acessos de laranjeiras

Locus-15	N	Na	Ne	Ho	He	F
MEST431	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
TAA41	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
MEST256	11	1	1,000	0,000	0,000	#N/D
mCrCIR07D06	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
mCrCI02D04b	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
TAA15	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
TAA27	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
CAC39	11	1	1,000	0,000	0,000	#N/D
MEST488	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
mCrCIR07F11	11	2	2,000	1,000	0,500	-1,000
mCrCI02G12	11	1	1,000	0,000	0,000	#N/D
CCSM17	11	1	1,000	0,000	0,000	#N/D
CCSM18	11	1	1,000	0,000	0,000	#N/D
CCSM147	11	1	1,000	0,000	0,000	#N/D
Média	11,000	1,727	1,727	0,727	0,364	-1,000
Erro padrão	0,000	0,141	0,141	0,141	0,070	0,000

N, nº de amostras; Na, Nº Alelos, N° Efetivo de Alelos, Ho, Heterozigotia Observada, He, Heterozigotia Esperada e F, Índice de Fixação de Alelos.

Conclusões gerais:

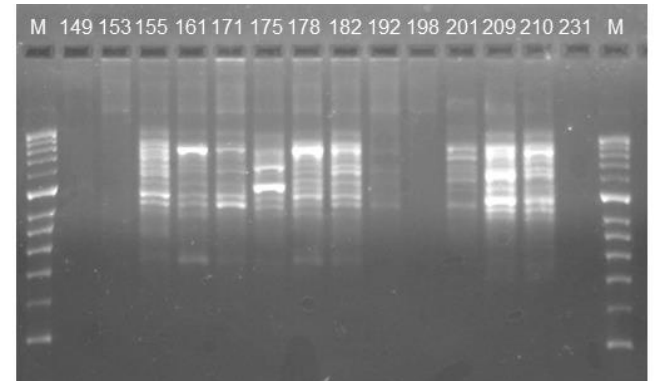
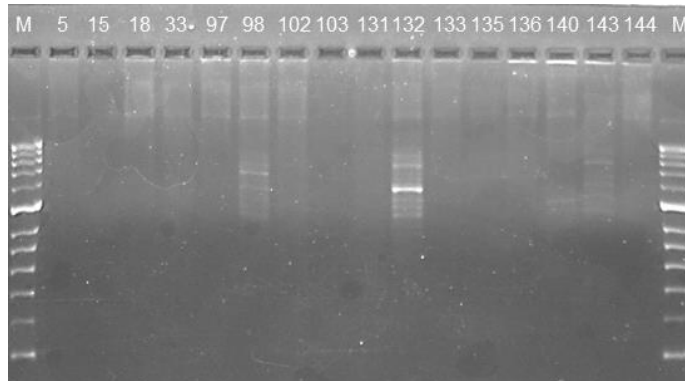
Nespereira, macieira, alfarrobeira e amendoeira: genótipos individuais que permitem a identificação dos indivíduos

Romãzeiras e Figueiras: SSR utilizados não diferenciam os nove acessos.

Testar outros locus microssatélites

Laranjeiras: 15 loci não produziram genótipos que diferenciasssem os onze acessos estudados.

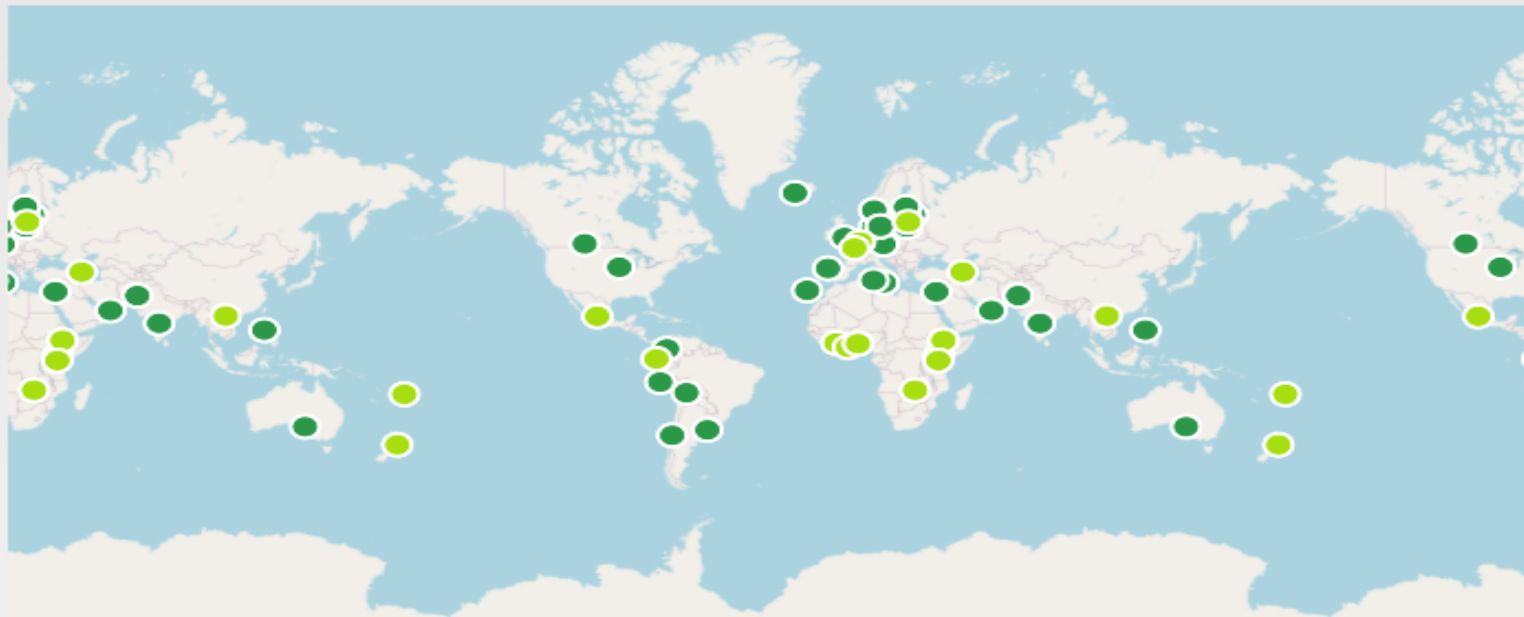
Testar outros locus microssatélites ou outros marcadores





The GRIN-Global Project

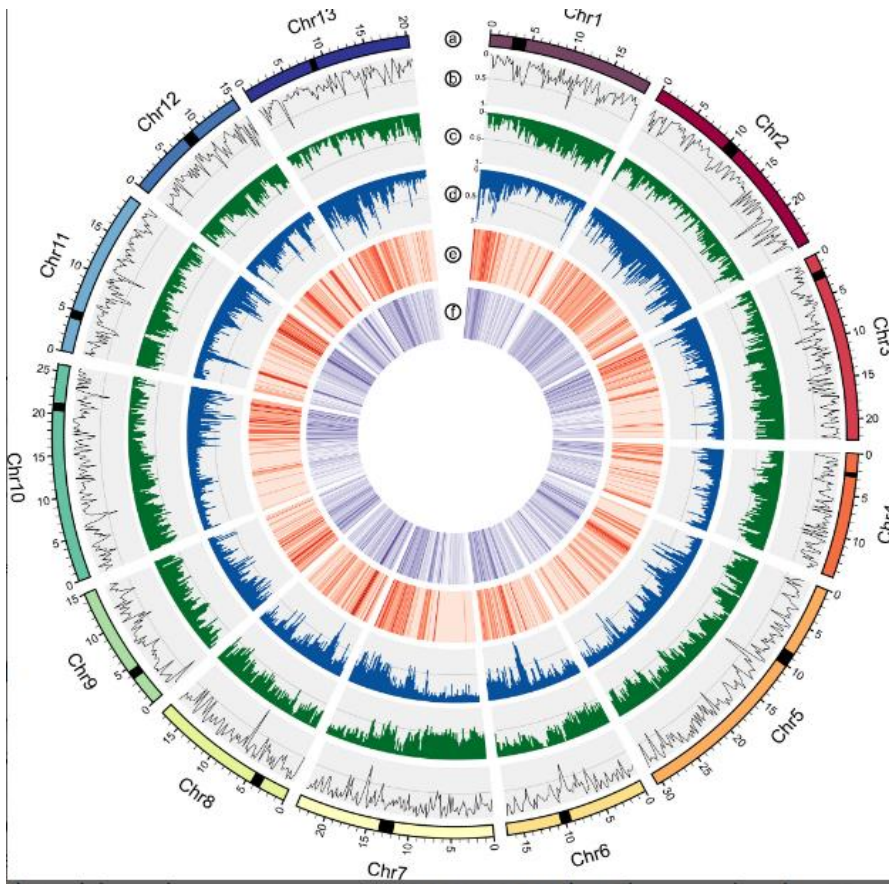
ENHANCED BY Google



© OpenStreetMap Contributors | MapLibre ⓘ

The GRIN-Global project's mission is to provide a scalable version of the Germplasm Resource Information Network (GRIN) suitable for use by any interested genebank in the world. The GRIN-Global database platform has been and is being implemented at various genebanks around the world. For more information about GRIN-Global, visit www.grin-global.org.

A genómica chegou:



Genoma da figueira ~**333 Mbp**

80% ancorado a **13 cromossomas**.

WGS revelou elevados níveis de metilação em genes - **adaptação**

Usai, G., Mascagni, F., Giordani, T., Vangelisti, A., Bosi, E., Zuccolo, A., Ceccarelli, M., King, R., Hassani-Pak, K., Zambrano, L.S., Cavallini, A. and Natali, L. (2020), **Epigenetic patterns within the haplotype phased fig (*Ficus carica* L.) genome**. Plant J, 102: 600-614. <https://doi.org/10.1111/tpj.14635>

242 Views

22 Downloads

1 Citations


CITE

DOWNLOAD ▾

EXPORT ▾


SHARE ▾

TRACK

[Home](#) > [Articles](#) > [The genome sequence of the apple, ...](#)DATA NOTE 

The genome sequence of the apple, *Malus domestica* (Suckow) Borkh., 1803

[version 1; peer review: 3 approved with reservations]

Kálmán Könyves, Sahr Mian , Jennifer Johns, Royal Botanic Garden Edinburgh Genome Acquisition Lab,

Royal Botanic Gardens Kew Genome Acquisition Lab, Darwin Tree of Life Barcoding collective,

Wellcome Sanger Institute Tree of Life programme, Wellcome Sanger Institute Scientific Operations: DNA Pipelines collective,

Tree of Life Core Informatics collective, Markus Ruhsam , Iliia J. Leitch , Darwin Tree of Life Consortium  This article is included in [Tree of Life gateway](#)

ARTICLE

AUTHORS

METRICS

Abstract

We present genome assemblies from four *Malus domestica* cultivars (the apple; Streptophyta; Magnoliopsida; Rosales; Rosaceae). The genome sequences are 643–653 megabases in span. The greater part of each assembly length (99.24–99.74%) is scaffolded into 17 chromosomal pseudomolecules. The mitochondrial and plastid genomes were also assembled

Open Peer Review

Approval Status **???** 


	1	2	3
VERSION 1	?	?	?
07 Dec 22	view	view	view

1. **Concetta Licciardello** , CREA - Research Centre for Olive, Fruit and Citrus Crops, Acireale, Italy
2. **Ali Tefvik Uncu** , Necmettin Erbakan University, Konya, Turkey
3. **Awais Khan** , Cornell University, Geneva, New York, USA

Comments on this article

[All Comments](#) (1)

SIGN IN TO COMMENT


Prunus dulcis (ALMONDv2) ▼

Search


e.g. [Prudul26B009858](#) or [pdulcis26_s0952:30000-34000](#) or [synthetase](#)

About *Prunus dulcis*

Almond (*Prunus dulcis*) is a rosaceous tree species cultivated for its seeds; it has a diploid ($2n = 2x = 16$) and compact genome (about 300 Mbp). The origin of the almond tree is not well established; its closest western Asia, stretching from the Himalayas to the eastern Mediterranean Basin. The genus *Prunus* comprises a group of approximately 200 species, some of which, such as peach, apricot, cherry, plum and almond, have high economic value. The high level of genomic resemblance and synteny among the species of this genus enables production of hybrids that are sometimes fertile.


Taxonomy ID [3755](#)

Data source [CNAG](#)

 [More information and statistics](#)

Genome assembly: [ALMONDv2](#)

 [More information and statistics](#)

 [Download DNA sequence \(FASTA\)](#)


 [Display your data in Ensembl Plants](#)





Example region

Gene annotation

What can I find? Protein-coding and non-coding genes, splice variants, cDNA and protein sequences, non-coding RNAs.


 [More about this genebuild](#)

 [Download genes, cDNAs, ncRNA, proteins - FASTA](#) - [GFF3](#)


 [Update your old Ensembl IDs](#)

Comparative genomics

What can I find? Homologues, gene trees, and whole genome alignments across multiple species.

 [More about comparative analyses](#)

 [Phylogenetic overview of gene families](#)


 [Download alignments \(EMF\)](#)



Example gene tree

Variation

This species currently has no variation database. However you can process your own data with the Variant Effect Predictor:

Variant Effect Predictor 

Sempre que o DNA possa ajudar



Análise com Microsatélites
Genotipagem SNP
Análises de Progenia
Diversidade Genética
Identidade Varietal
Análise de Microbioma



Equipa:

Guimarães, Joana;
Lopes, Ângela;
Serra, O;
Marreiros, A;
Cabrita, L.

Projeto:

PDR2020-784-042678 - Caraterização e Melhoramento de
Fruteiras Tradicionais – FRUIT MED

Muito Obrigado!

Contacto: fernanda.simoes@iniav.pt