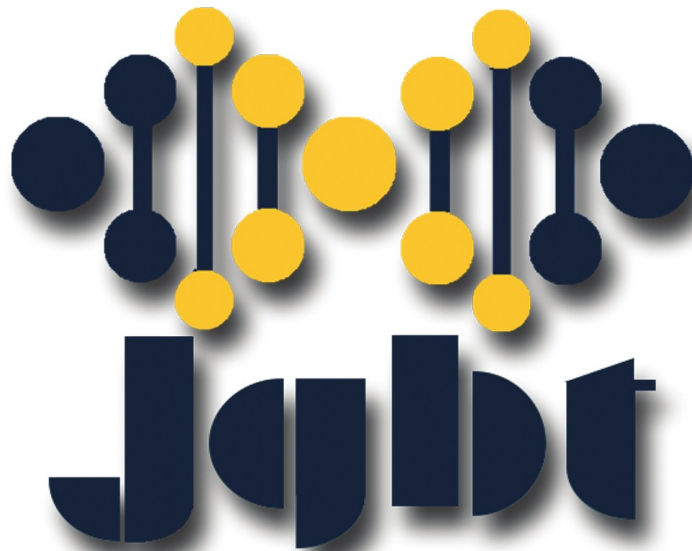


# LIVRO DE RESUMOS



X Jornadas de  
Genética e Biotecnologia



7,8 e 9 de Março de 2018

## X Jornadas de Genética e Biotecnologia

Rachamento da cereja: uma abordagem molecular .....	42
Detection of <i>Vitis vinifera</i> DNA using a DNA-based biosensor .....	43
<i>Colletotrichum acutatum</i> identification in olive oil by PCR-based method .....	44
Mutational origins of Machado-Joseph disease in patients from Portugal and Taiwan ....	45
Disclosing the centromeric functional DNA sequences .....	46
Cytogenetic tools at the service of animal diagnosis .....	47
Isolation and characterization of urinary extracellular vesicles: an approach for higher quality .....	48
Perturbation of cell cycle regulation, TGF- $\beta$ production and adenosine A <sub>2B</sub> receptor activation in the failing right ventricle secondary to pulmonary arterial hypertension .....	49
Germline and Somatic ALK Alterations in Neuroblastoma Patients .....	50
Contribuição para o desenvolvimento de um modelo animal para estudo de cancro de pénis .....	51
Genome sequence of the non-conventional wine yeast <i>Hanseniaspora guilliermondii</i> UTAD222 unveils relevant traits of this species and of the <i>Hanseniaspora</i> genus in the context of wine fermentation .....	52
Will be a regulatory small non-coding RNA from <i>Cantharellus cibarius</i> a new hope for cancer treatment? .....	53
Identification of fungi isolates obtained from the nasal mucous membrane through microbiological analysis and molecular biology techniques .....	54
Análise molecular de amostras de <i>Talaromyces marneffe</i> de diferentes proveniências ..	55
Molecular characterization of methicillin resistant <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) isolated from production rabbits ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ) .....	56
Genomic comparison of phages infecting <i>Providencia</i> strains .....	57
Ocorrência de fungos anemófilos em estabelecimentos de restauração da cidade do Porto .....	58
<b>Comunicações em Póster</b> .....	59
Antioxidant enzymes changes in response to drought stress in cowpea genotypes .....	60
Estudo da expressão dos genes <i>Pa<math>\beta</math>-Gal</i> e <i>PaWS</i> potencialmente envolvidos no rachamento da Cereja .....	61
Consequences of heat stress in the mitotic cell cycle of <i>Vitis vinifera</i> L. ....	62
Eliciting the immune system of Bean ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.): the war against Halo blight disease. ....	63
Preliminary Characterization of Hop Cell Walls: Evaluation as Potential Feedstock .....	64
Optimization of a Method for Determination of Hop Bioactive Metabolites and its Application to Characterize Spanish Hop Varieties .....	65
Portuguese <i>Pinus nigra</i> populations: genetic diversity and structure assessed by simple sequence repeat markers.....	66
Estudo de variabilidade genética em <i>Pinus pinaster</i> Ait. utilizando marcadores SCoT .....	67

**16:40h:** Comunicações Orais- Sessão: Genética Microbiana

**16:45-16:55h:** Isabel Seixas - *Genome sequence of the non-conventional wine yeast Hanseniaspora guilliermondii UTAD222 unveils relevant traits of this species and of the Hanseniaspora genus in the context of wine fermentation*

**16:55-17:05h:** Patrícia Marques - *Will be a regulatory small non-coding RNA from Cantharellus cibarius a new hope for cancer treatment?*

**17:05-17:15h:** Rodolfo Ferreira - *Identification of fungi isolates obtained from the nasal mucous membrane through microbiological analysis and molecular biology techniques*

**17:15-17:25h:** Sandra Martins - *Análise molecular de amostras de Talaromyces marneffeii de diferentes proveniências*

**17:25-17:35h:** Telma Sousa - *Molecular characterization of methicillin resistant Staphylococcus aureus (MRSA) isolated from production rabbits (Oryctolagus cuniculus)*

**17:35-17:45h:** Bruna Mendes - *Genomic comparison of phages infecting Providencia strains*

**17:45-17:55h:** Flávia Santos - *Ocorrência de fungos anemófilos em estabelecimentos de restauração da cidade do Porto*

**17:55h:** Mesa redonda com antigos alunos

**Noite**

**20:30h:** Jantar de Gala- Restaurante Panorâmico

**9 de Março- Manhã**

**Genética Humana**

**9:30h:** Conferência

**Roser Urreizti Frexedas**  
University of Barcelona

**“Whole Exome Sequencing (WES) as a useful tool in Rare Diseases research and diagnosis”**

## **Análise molecular de amostras de *Talaromyces marneffe* de diferentes proveniências**

**Marques<sup>1</sup>, J., Martins<sup>1,2</sup>, S., Alves<sup>1</sup>, D., Santos<sup>3</sup>, M., Saraiva<sup>1</sup>, S., Soares<sup>2</sup>, A.S., Matos<sup>4</sup>, A.C., Figueira<sup>4</sup>, L., Coelho<sup>5,6</sup>, A.C., Matos<sup>3,7</sup>, M.**

<sup>1</sup> Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro (UTAD), Vila Real, Portugal

<sup>2</sup> Centre for the Research and Technology of Agro-Environmental and Biological Sciences (CITAB), Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, UTAD, Portugal

<sup>3</sup> Departamento de Genética e Biotecnologia, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Portugal

<sup>4</sup> CERNAS- Centro de Recursos Naturais, Ambiente e Sociedade. Escola Superior Agrária, Instituto Politécnico de Castelo Branco, (IPCB) Castelo Branco, Portugal

<sup>5</sup> Departamento de Ciências Veterinárias, Escola de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro (UTAD), Vila Real, Portugal

<sup>6</sup> The Animal and Veterinary Research Centre (CECAV), Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Quinta de Prados, 5000-801 Vila Real, Portugal

<sup>7</sup> BioISI - Biosystems & Integrative Sciences Institute, Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

**Keywords:** ISSRs, *Talaromyces marneffe*, relações filogenéticas.

*Talaromyces marneffe* é um fungo endémico, com origem no sudeste asiático sendo, nesta região, responsável por infeções oportunistas, principalmente em indivíduos imunodeprimidos. O objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética e as relações filogenéticas existentes entre oito amostras obtidas a partir de diferentes proveniências, animais silváticos, domésticos e de Humanos. Todas as amostras foram recolhidas em Portugal. A análise genética foi efetuada recorrendo a ISSRs, foram utilizados 13 *primers* que geraram um total de 296 bandas diferentes, das quais 235 foram polimórficas e 61 monomórficas. Foi realizada uma análise hierarquizada pelo método UPGMA utilizando o coeficiente de Dice, que distribuiu as amostras por três grupos distintos. No primeiro grupo estão incluídas as amostras provenientes de Humanos, no segundo grupo estão agrupadas todas as amostras de animais silváticos e domésticos e no terceiro grupo encontra-se o outgroup. As amostras de animais silváticos e domésticos apresentaram diferentes valores de similaridade genética tanto entre elas como com as amostras de humanos. A informação obtida a partir deste estudo é de extrema importância para a caracterização epidemiológica deste fungo, principalmente devido ao seu carácter infeccioso.