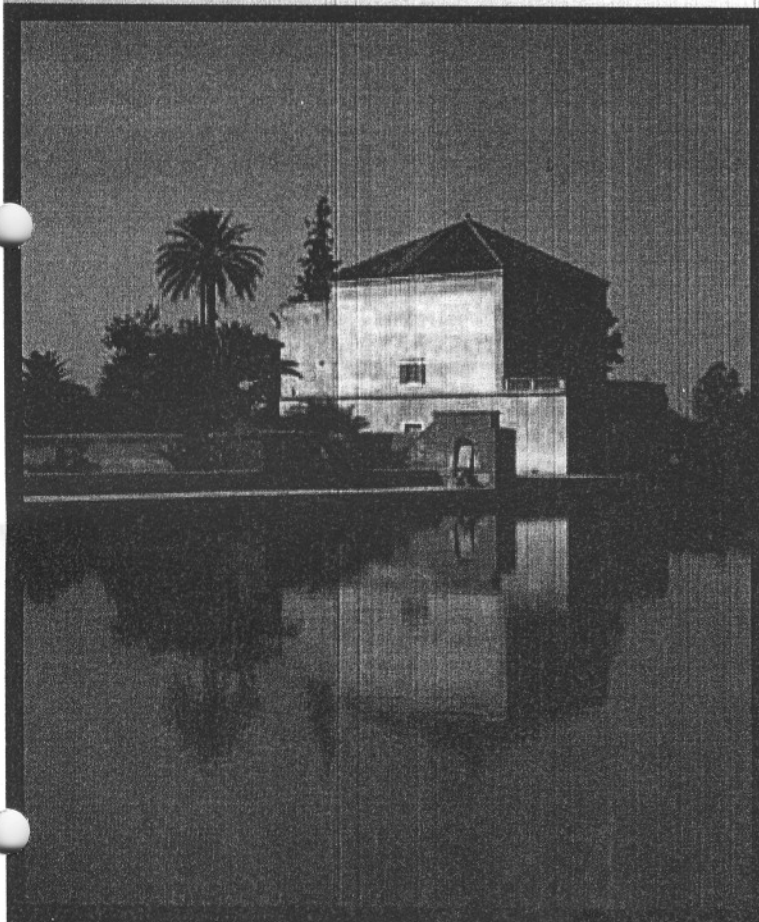




Abstracts



3rd International SMBBM Congress of
Biochemistry and Molecular Biology

IUBMB Special Meeting on
Plant Stresses

6th FASBMB Congress

Marrakesh, Morocco
April 20-24th, 2009

SMBBM
ع ب ب م
Edition

www.smbbm.org

PP-1

Evaluation du polymorphisme de l'ADN mitochondrial humain et analyse comparative de sa repartition au sein de la population de soussH. Abakil¹, A. Belkebir¹, T. Baibat², H. Azeddoug¹¹Laboratoire de biochimie et biologie Moléculaire, Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université Hassan II, Casablanca, Maroc. ²Laboratoire de Physiologie et biologie moléculaire, Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université Hassan II, Casablanca, Maroc.

E-mail : hassaba80@yahoo.fr

L'ADN mitochondrial, protégé dans la mitochondrie et présent à 1 000 ou 10 000 exemplaires dans chaque cellule, est souvent mieux préservé que l'ADN nucléaire. Dans la boucle D, deux régions polymorphes peuvent être amplifiées par PCR et séquencées.

Dans le but d'analyser le polymorphisme de ces deux régions dans la population de Souss, un échantillon de 50 individus a été étudié. L'analyse de ces deux régions a été appliquée aussi bien sur l'ADN mitochondrial extrait à partir du sang frais que sur des taches anciennes de sang.

Le séquençage des deux fragments hypervariables HVSI et HVSII amplifiés a permis de déterminer l'haplotype approprié de chaque individu. La comparaison des séquences obtenues avec la séquence de référence (rCRS) a révélé la présence de mutations communes chez tous les individus séquencés. Le fragment HVSI contient une délétion de la base A en position 16 013 et une transversion A16418T. Le fragment HVSII renferme l'insertion d'une base T en position 309. Le calcul de l'entropie des 432 nucléotides au niveau du HSVI a montré la présence de 37% de sites polymorphes, alors que celui du HVSII sur 417 nucléotides est de 45%.

Mots clés: ADN mitochondrial, HVSI, HVSII, polymorphisme.

PP- 2

Purification et caractérisation d'une enzyme de restriction Type II isolée à partir d'une souche de *Staphylococcus sp*Belkebir A.^{1,2}, Bianco P.R.², Azeddoug H.¹¹Laboratoire de biochimie et biologie Moléculaire, Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université Hassan II, BP. 5366 Maarif, Casablanca, Maroc. ²

Department of Microbiology and Immunology, Centre for Single Molecule Biophysics, 321 Cary Hall, University at Buffalo, SUNY, Buffalo, NY 14214, USA.

E-mail : azeddoug@yahoo.fr

La purification d'une enzyme de restriction type II isolée à partir de *staphylococcus sp.* a été réalisée par précipitation au sulfate d'ammonium à 70% suivie d'un passage à travers les colonnes Q-sepharose, heparin-sepharose et la Mono Q. L'analyse sur gel de polyarylamide a montré que le poids

moléculaire sous conditions dénaturantes est de 29KDa. L'activité de restriction a été étudiée dans différentes conditions de pH, température, NaCl et Mg²⁺. L'enzyme c'est révélée avoir une activité maximale à pH 8-9, 10-20mM Mg²⁺, 100-150 mM NaCl. L'activité de restriction a été observée sur une large gamme de température allant de 0 à 70C. En absence d'ADN, la thermostabilité de l'enzyme est maintenue jusqu'à 50C pendant 20 minutes. La digestion des ADN standards (□, pUC19, pBR322, pET21) a montré que cette enzyme reconnaît et hydrolyse la séquence GATATC indiquant qu'il s'agit d'un nouveau isoschizomère de l'enzyme EcoRV, chez cette espèce. Le mode de coupure du site de restriction cible ainsi que l'identification de la souche sont en cours.

Mots clés: enzyme de restriction, isoschizomère, staphylococcus sp.

PP- 3

In silico analysis of candidate genes of agronomic importance in cereals for molecular markers developmentS. Berra^{1,3}, F. Gaboun¹, S. M. Udupa², A. Soukri³, F. Abbad Andaloussi¹¹Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), B.P. 415, Rabat, Morocco. ²ICARDA-INRA Cooperative Research Program, International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), B.P. 6299, Rabat, Morocco. ³Hassan II University, Faculty of Sciences, Ain Chock, Casablanca, Morocco.

E-mail : siham.berra@gmail.com

Genetic improvement of crops for resistance to abiotic and biotic stresses and improved quality is important for improving farmer's income and attaining food security at the national level. Genetics of these traits are complex and some times difficult to improve through conventional breeding methods. Therefore, applications of new molecular tools such as marker-assisted selection could improve efficiency and effectiveness of improving these traits.

Development and use of gene based markers (genic markers) are important and useful for marker-assisted selection compared to random markers, because they are directly involve in controlling the phenotypic traits. However, development of such gene based requires use of bioinformatic tools. In this study we analysed in silico available gene sequences in the data bases and developed gene based molecular markers for cereals. Several primers were designed to detect variation in these genes. These primers can detect either large insertions and deletions or single nucleotide polymorphisms and microsatellites in the genes controlling biotic, abiotic stresses and various quality parameters. These designed primers needs to be further tested in those cereals for gene tagging, marker validation and marker-assisted selection.

Keywords: genic markers, markers assisted selection, bioinformatics tools, quality traits, primers.