

**COORDENAÇÃO ACADÊMICA  
NÚCLEO DE GESTÃO DE ATIVIDADES DE PESQUISA**

**Projeto de Pesquisa Registrado – Informações Gerais**

**1. Coordenador (a):** Simone Alves Silva (sas@ufrb.edu.br).

**Vice-Coordenador (a):** Edna Lobô Machado

**2. Título do projeto:** **DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES TRAP E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM LINHAGENS ELITES DE *Ricinus communis* L.**

**3. Código:** 1834, processo 23007.017658/2017-42

**4. Data de aprovação:** 31/10/2017

**5. Área de Conhecimento:** CCAAB – Área 3 : Fitotecnia

**6. Resumo**

Para o desenvolvimento de iniciadores TRAP foram desenhados 56 iniciadores fixos a partir de sequências ESTs (Expressed Sequence Tags) depositadas em bancos de dados do NCBI (National Center for Biotechnology Information). Esses iniciadores apresentaram percentagem média de guanina/citosina (GC) igual a 53,2%. Para a validação desses marcadores, utilizou-se um total de 336 combinações entre os 56 iniciadores fixos mais seis arbitrários. Destas, 330 combinações (89%) apresentaram bom padrão de amplificação. Na avaliação da divergência genética entre as 40 linhagens elites de mamoneira, um total de 70 combinações de marcadores TRAP foi utilizado na genotipagem. Foram amplificados 580 fragmentos, sendo 335 (58,0%) polimórficos. Um total de quatro grupos foi formado, mostrando há divergência genética entre as linhagens elites melhoradas. Na análise conjunta utilizaram-se as médias de teor de óleo na semente e 44 combinações TRAP. As médias para teor de óleo variaram entre 39,10 (UFRB 36) a 55,39 (UFRB 209), ressaltando a variabilidade genética existente entre as linhagens elites estudadas. A análise

conjunta demonstrou a formação de três grupos entre as linhagens elites. Os resultados comprovaram que os marcadores TRAP desenvolvidos e otimizados são os primeiros marcadores funcionais desenvolvidos para mamoneira, permitindo a detecção de polimorfismo em regiões próximas a genes de interesse, também foram eficientes para estudos de variabilidade genética. A análise conjunta utilizada entre TOS e marcadores TRAP confirmou a existência de variabilidade genética entre as linhagens elites. Os marcadores moleculares baseados em combinações TRAP foram eficientes na detecção da dissimilaridade genética e constituem-se em mais uma ferramenta importante e eficaz para estudos genéticos na espécie.

### 7. Prazo de execução

7.1. Início: 16/03/2014

7.2. Término: 16/03/2018

### 8. Equipe executora

#### 8.1. Colaboradores

Colaborador (a)	Instituição/ Grupo de Pesquisa
Karine da Silva Simões	UFRB/NBIO
Cássia da Silva Linge	Biosystems Research Complex - Clemson University
Laurenice Araujo dos santos	UFRN/NBIO
Helison dos Santos Brasileiro	UFRN/NBIO

#### 8.2. Discentes

Discente	Curso

**8. Agência Financiadora:**

**10. Modalidade de financiamento:**



**COORDENAÇÃO ACADÊMICA  
NÚCLEO DE GESTÃO DE ATIVIDADES  
DE PESQUISA**



**GIRLENE SANTOS DE SOUZA**  
**Gestora de Pesquisa do CCAAB/UFRB**



**COORDENAÇÃO ACADÊMICA  
NÚCLEO DE GESTÃO DE ATIVIDADES  
DE PESQUISA**

