

**CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DAS PROTEÍNAS HVA22 DE PINHÃO-MANSO
(*Jatropha curcas* L.)**

**Átila Prudente Simões¹
Angelo Gallotti Prazeres²
Jacqueline Araújo Castro³**

¹Instituto Federal Baiano/Campus Governador Mangabeira/ chosseibr@gmail.com (Estudante)

²Instituto Federal Baiano/Campus Governador Mangabeira/ angelo.gallotti@ifbaiano.edu.br (Docente)

³Instituto Federal Baiano/Campus Governador Mangabeira/ jacque.rgv@gmail.com (Docente)

O gene *HVA22* é conhecido por sua superexpressão quando induzido por ácido abscísico (ABA). Além de estarem envolvidas na defesa contra agentes estressores, as proteínas *HVA22* atuam também no tráfego de vesículas na célula. *Jatropha curcas* L. é uma planta que tem se destacado pelo seu potencial oleaginoso e cujo genoma já foi sequenciado, apesar disso, a família proteica *HVA22* ainda não foi caracterizada nesta espécie. O presente trabalho objetiva caracterizar *in silico* as proteínas *HVA22* de *J. curcas*. O banco *Jatropha Curcas Database* foi utilizado para busca das sequências proteicas. Para determinação dos parâmetros físico-químicos foi utilizado o programa ProtParam (<https://web.expasy.org/protparam>), e para análise da localização subcelular empregou-se o programa DeepLoc (cbs.dtu.dk/services/DeepLoc/). Foi possível identificar 13 proteínas *HVA22*, as quais foram caracterizadas quanto ao tamanho, localização subcelular, ponto isoelétrico e massa molecular. Quanto à localização, 12 das 13 sequências proteicas apresentaram valores acima de 60% quanto à probabilidade de exportação para o retículo endoplasmático nesta organela, reforçando o envolvimento dessas proteínas na função transportadora no RE. As informações obtidas neste trabalho podem ser úteis para trabalhos que envolvam a utilização e estudos funcionais das referidas proteínas.

Palavras-Chave: Bioinformática, tráfego de vesículas, análises *in silico*.