



## CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DOS GENES OXIDASE ALTERNATIVA (AOX) EM PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.)

Luana Maria Borges Mota<sup>1</sup>

Matheus da Cruz Pimentel<sup>2</sup>

Jacqueline Araújo Castro<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal Baiano/*Campus* Governador Mangabeira/ [luaa.maria00@gmail.com](mailto:luaa.maria00@gmail.com)

<sup>2</sup>Instituto Federal Baiano/*Campus* Governador Mangabeira/ [pimentelcruz14@gmail.com](mailto:pimentelcruz14@gmail.com)

<sup>3</sup>Instituto Federal Baiano/*Campus* Governador Mangabeira/ [jacque.rgv@gmail.com](mailto:jacque.rgv@gmail.com)

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) é uma espécie valorizada principalmente devido ao seu potencial oleaginoso, teve seu genoma sequenciado e depositado nos bancos de dados públicos: *Jatropha curcas Database* (JCDB) e *Jatropha Genome Database*. Agora é necessário o estudo das sequências genômicas visando extrair delas informações úteis, tais como a compreensão dos genes existentes e do papel deles. O presente trabalho objetiva caracterizar os genes AOX de *J. curcas* (JcAOX). A identificação e análise estrutural dos genes foram realizadas utilizando o *Jatropha Curcas Database* (JCDB), neste banco utilizou-se a ferramenta *blast* empregando a sequência de genes AOX depositadas no *Jatropha Genome Database*. Foram identificados os genes JCDBG18758 e JCDBG23867, com número de exons variando de quatro a nove. É a primeira vez os genes oxidase alternativa (AOX) de pinhão-manso foram caracterizados. Devido à ocorrência de *splicing* alternativo, apenas dois genes AOX codificam um somatório de quatro proteínas. Por permitir a organização e disponibilização das informações presentes no genoma de *J. curcas*, a Bioinformática torna-se uma ferramenta aliada de programas de melhoramento desta cultura.

**Palavras-Chave:** Bioinformática; análise *in silico*; estrutura gênica.

