



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

Luana Maria Borges Mota¹

Matheus da Cruz Pimentel²

Jacqueline Araújo Castro³

¹Instituto Federal Baiano/*Campus* Governador Mangabeira/ luaa.maria00@gmail.com

²Instituto Federal Baiano/*Campus* Governador Mangabeira/ pimentelcruz14@gmail.com

³Instituto Federal Baiano/*Campus* Governador Mangabeira/ 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.

