



**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

²Instituto Federal Baiano *Campus* Governador Mangabeira / angelo.gallotti@ifbaiano.edu.br

³Instituto Federal Baiano *Campus* Governador Mangabeira / jacque.rgv@gmail.com

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 seu genoma já foi sequenciado. Apesar disso, a família proteica *HVA22* ainda não foi caracterizada nessa espécie. O presente trabalho objetiva caracterizar *in silico* as proteínas *HVA22* de *J. curcas*. O banco *Jatropha curcas Database* foi utilizado para a 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*. Foi possível identificar treze proteínas *HVA22*, as quais foram caracterizadas quanto ao tamanho, à localização subcelular, ao ponto isoelétrico e à massa molecular. Quanto à localização, doze das treze sequências proteicas apresentaram valores acima de sessenta por cento quanto à probabilidade de exportação para o retículo endoplasmático nessa organela, reforçando o envolvimento dessas proteínas na função transportadora no RE. As informações obtidas nesta pesquisa podem ser úteis em trabalhos que envolvam a utilização e os estudos funcionais das referidas proteínas.

Palavras-Chave: Bioinformática. Tráfego de vesículas. Análises *in silico*.

Este trabalho é fruto do projeto Bioinformática aplicada à caracterização da família gênica oxidase alternativa (AOX) de pinhã-manso (*jatropha curcas* L.), financiado pelo CNPq e aprovado na Chamada Interna Propes N° 03/2019.

