



**ANÁLISE *IN SILICO* DOS *CIS* ELEMENTOS DAS REGIÕES PROMOTORAS DOS
GENES *HVA22* DE PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.)**

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

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano *Campus* Governador Mangabeira / chosseibr@gmail.com

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano *Campus* Governador Mangabeira / angelo_gallotti@yahoo.com.br

³Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano *Campus* Governador Mangabeira / jacque.rgv@gmail.com

O gene *HVA22*, isolado pela primeira vez na cevada (*Hordeum vulgare*), é conhecido por sua indução frente a estresses ambientais, e sua função relaciona-se com o tráfego vesicular da célula. Estudos mais recentes indicam a presença desse gene em pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.), espécie que apresenta grande potencial oleaginoso, sendo vista como uma possível fonte alternativa e renovável para a substituição do diesel. Diante do sequenciamento do genoma de *J. curcas*, bem como da necessidade de explorar as informações disponibilizadas, o presente trabalho objetivou analisar, *in silico*, os *cis* elementos das regiões promotoras dos genes *HVA22* de *J. curcas*. Para a busca da sequência dos promotores gênicos, utilizou-se o *Jatropha curcas Database (JCDB)* e foram tomados para análise os fragmentos de 1500bp no montante do local de início da transcrição de cada gene *HVA*. Os *cis* elementos foram localizados por meio do *software* PlantCARE. Os elementos TATA box, por serem um dos principais promotores eucarióticos, e o CAAT, por ser um elemento comum nas regiões promotoras, foram encontrados em todos os promotores. Elementos *cis* que reagem à luz, tais como ACE, Box 4 e G box, apareceram em grandes quantidades, com destaque para o Box 4, por estar em todas as sequências. Em menor proporção, foram identificados *cis* elementos responsivos a seca, a hormônios ou a indutores, tais como o ácido abscísico, o ácido salicílico, a auxina, o metil jasmonato e a giberelina. Também em menor número, foram detectados elementos estruturais e responsivos às situações bióticas e abióticas. O presente trabalho permitiu levantar novas evidências para melhor entendimento da dinâmica de regulação transcricional dos genes *HVA22* de *J. curcas*, indicando a luminosidade como importante fator nessa regulação.

Palavras-Chave: Bioinformática. Promotores. Regulação transcricional.

Este trabalho é fruto do projeto ANÁLISE *IN SILICO* DA FAMÍLIA GÊNICA *HVA22* DE PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.), financiado pelo IF Baiano *Campus* Governador Mangabeira e aprovado na Chamada Interna do IF Baiano *Campus* Governador Mangabeira N° 01/2020, Edital N° 136/2020.

