

Caracterização *in silico* da família de proteínas Albumina 2S da *Jatropha curcas* L.

Francielly Carvalho de Oliveira¹; Ilneide Braz Santos de Jesus¹; Ciro Ribeiro Filadelfo; Jaqueline Gleice de Sena Peixoto¹; Rosenir Silva dos Santos¹; Bruna Santos de Santana¹; Marluce Santana Oliveira¹; Jacqueline Araújo Castro²; Simone Alves Silva¹.

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ² Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano-Campus Governador Mangabeira. *E-mail: francielly-carvalho@outlook.com

O Pinhão Manso (*Jatropha curcas* L.) é uma espécie que apresenta em suas sementes teores significativos de óleo com baixa viscosidade e é utilizado como matéria prima para diversos produtos industriais, como o biodiesel. As sementes dessa espécie apresentam uma família de proteínas, a Albumina 2S, responsável pela reserva/ desenvolvimento e defesa contra fitopatógenos na planta. Por essa classe de proteínas serem alergênicas e apresentarem atividade antimicrobiana, o presente estudo objetivou caracterizar as suas isomorfias *in silico*. As sequências de aminoácidos dos membros dessa família foram obtidas no JCDB: *Jatropha curcas* Database. A predição do domínio conservado e superfamília dessas sequências foram realizadas pelo *Pfam* e pelo *InterPro*. O servidor *ProtParam* forneceu dados sobre a caracterização química (ponto isoelétrico-pI, peso molecular-MW e grau de hidropaticidade-GRVY). As informações sobre os peptídeos sinais e localizações subcelulares foram coletadas no *SignalP* 5.0 e *DeepLoc* 2.0, respectivamente. As regiões de desordem das sequências foram preditas pelo *NetSurfP* 3.0. Foram encontradas sete sequências referentes a proteínas albumina 2S no genoma de *J. curcas*, com tamanho de 140 a 150 resíduos de aminoácidos, pertencentes a Família Napin/proteína de armazenamento de sementes 2S/conglutina (IPR000617) definida pelo *InterPro* e classificadas pelo *Pfam* como Tryp_alpha_amyl (PF00234.25), com a função de inibidoras de protease/ armazenamento de sementes e família Proteínas de Transferência de Lipídeos Vegetais (LTP), com valores significantes, exceto a JCDBP09008. Todas elas apresentaram em sua região N-terminal uma sequência referente ao peptídeo sinal, contendo entre 20 a 28 aminoácidos, e foram endereçadas ao meio extracelular, com probabilidade de 75,2 a 94%. São proteínas relativamente pequenas, com peso molecular de 13,02 a 15,55 kDa e ponto isoelétrico de 5,54 e 8,16. De acordo com o grau de hidropaticidade, os polipeptídeos possuem alta afinidade com a água, com GRVY de -0,66 a - 1,161, corroborando com o endereçamento. Todas apresentaram uma região desordenada na extremidade N-terminal, referente ao peptídeo sinal e entre os resíduos de aminoácidos 63 a 85. Os achados desta caracterização subsidiarão estudos de expressão gênica desta família em genótipos provenientes de programas de melhoramento genético, bem como sua bioatividade.

Palavras-chave: Bioinformática; Napin; Pinhão Manso.

Agradecimentos: FAPESB; CAPES; PETROBRAS; UFRB.