

Cofatores ferro-enxofre [Fe-S] são grupos prostéticos funcionais de muitas proteínas envolvidas em diversos processos celulares, como fotossíntese, respiração e fixação de nitrogênio. Embora possuam formação espontânea, mecanismos de biossíntese de cofatores [Fe-S] evoluíram frente à toxicidade intracelular do ferro e enxofre. Assim, o objetivo desse estudo é analisar a diversidade protéica dos três sistemas [Fe-S] já descritos (*nif*, *isc* e *suf*), para criar um banco de proteínas [Fe-S] baseado em alinhamentos múltiplos de sequências e relações filogenéticas. O foco inicial incidiu em proteínas arcabouço tipo U (Nif/Isc/SufU/NfuA) devido a sua atuação central na síntese de cofatores. Uma extensa busca nos repositórios do NCBI identificou cerca de 1400 sequências homólogas a regiões de NifU de *Azotobacter vinelandii*. Cerca de 80% dos dados já foram refinados manualmente por recursos de filogenética computacional. Resultados preliminares indicaram uma restrição de SufU a *Archaea* e *Bacteria*, enquanto IscU apresentou-se ainda em *Eukaryota*. Interessantemente, espiroquetas, actinobactérias e a maioria de *Firmicutes* continham apenas SufU, sugerindo a exclusividade de *suf* em seus genomas. NifU mostrou-se mais restrita, principalmente associada a *Cyanobacteria* e *Delta* e *Epsilonproteobacteria*. Árvores filogenéticas estão sendo geradas a fim de se entender as relações dessas proteínas entre os grupos de organismos vivos. Espera-se iniciar buscas por novos membros dos sistemas [Fe-S], de modo a dar continuidade à construção do banco de dados proposto.