

Caracterização filogenética de ureases

Andreis, F.C.; Ligabue-Braun, R.; Carlini, C.R. e Verli, H.

Centro de Biotecnologia - UFRGS, Porto Alegre, Brazil;
www.cbiot.ufrgs.br/bioinfo • www.ufrgs.br/laprotox

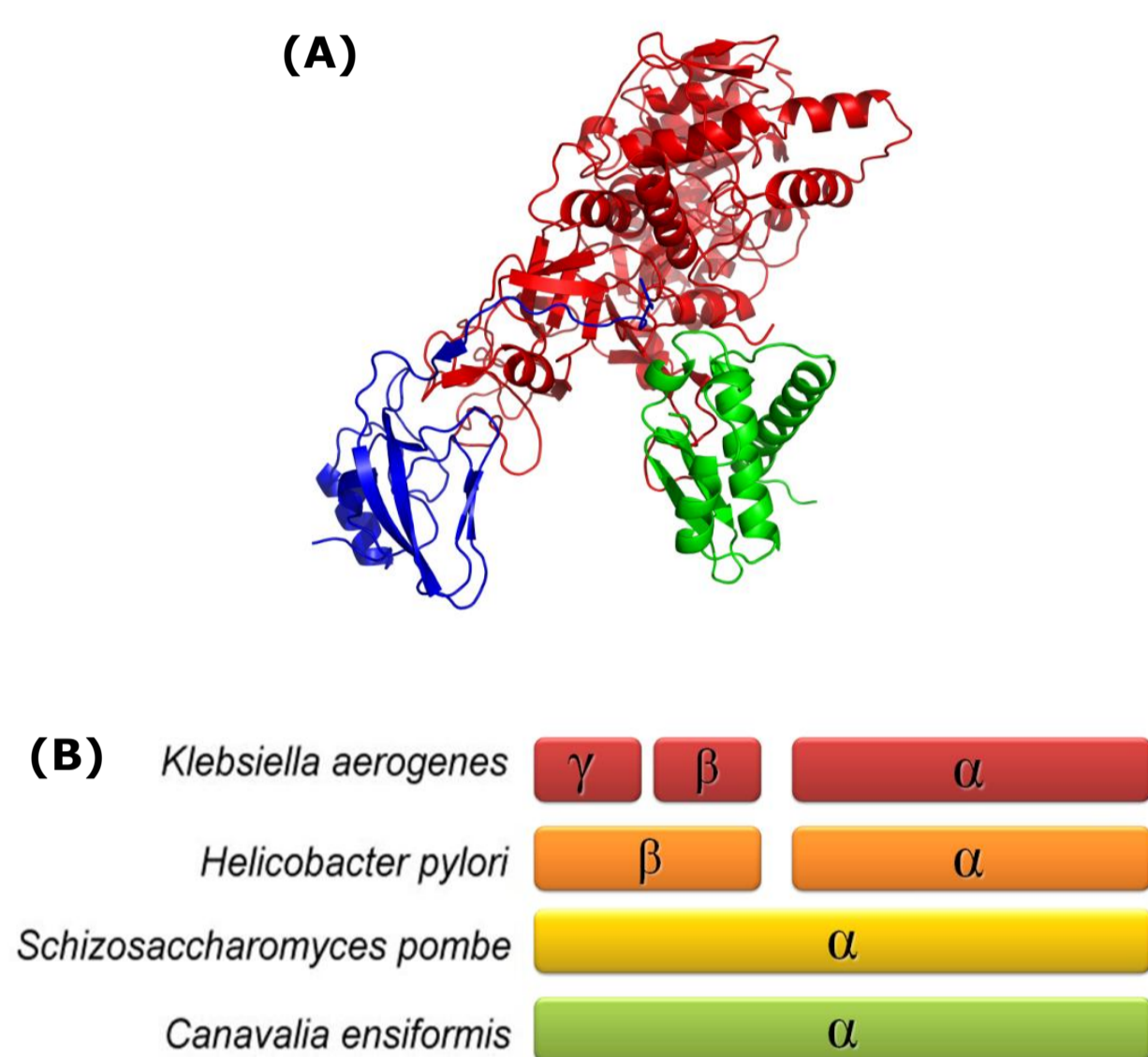
Grupo de
**Bioinformática
Estrutural**
Centro de Biotecnologia / UFRGS

Laprotox

UFRGS
UNIVERSIDADE FEDERAL
DO RIO GRANDE DO SUL

1. Introdução

Encontradas em plantas, fungos e bactérias¹, ureases são enzimas níquel-dependentes que catalizam a hidrólise de uréia em amônia e dióxido de carbono². Em plantas e fungos, as ureases são compostas por subunidades de ~840 aminoácidos, formando trimeros ou hexâmeros³. Ureases de bactérias possuem duas ou três subunidades menores que alinham com a cadeia única de ureases de plantas e fungos com ~55% de identidade de sequência⁴.

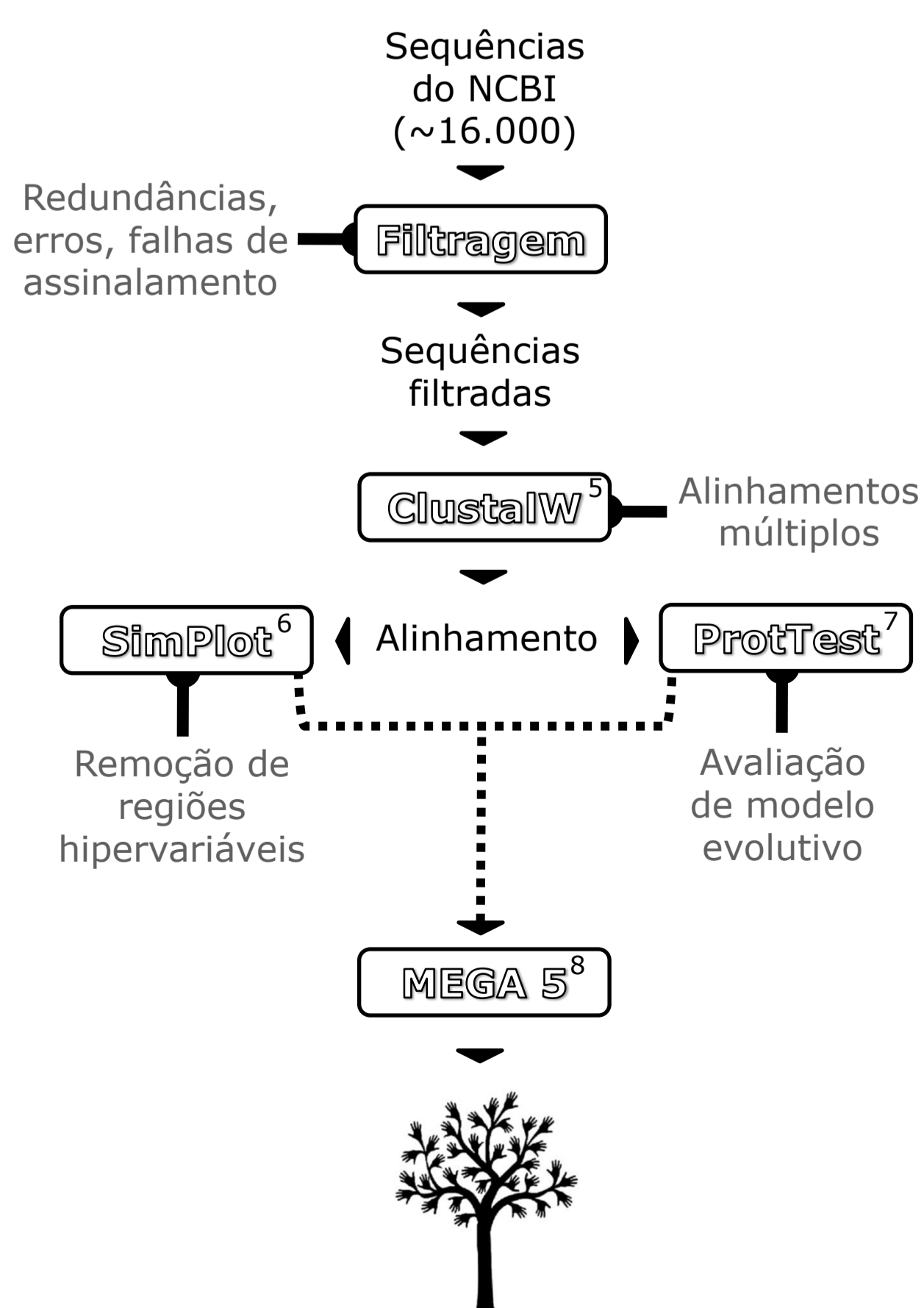


▲ **Figura 1.** (A) Urease de *Bacillus pasteurii* (PDB ID:2UBP): subunidade γ em verde, subunidade β em azul, subunidade α em vermelho. (B) Comparação esquemática das subunidades estruturais de ureases de organismos selecionados.

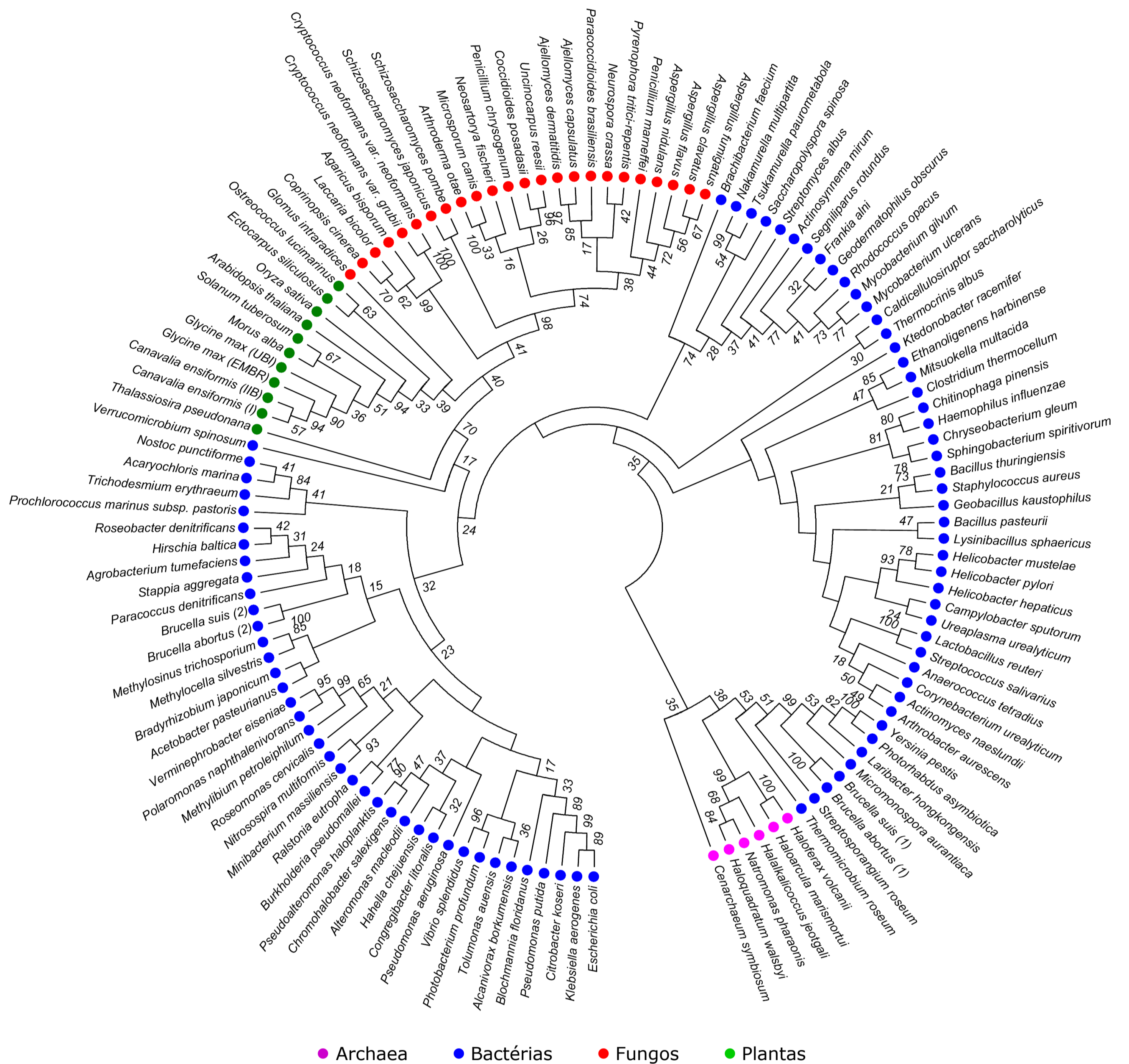
2. Objetivos

Caracterizar as relações evolutivas entre as ureases de diferentes organismos e compreender como se sucedeu a transição de uma estrutura de múltiplas cadeias para uma estrutura de cadeia única de enovelamento idêntico entre diferentes *taxa*.

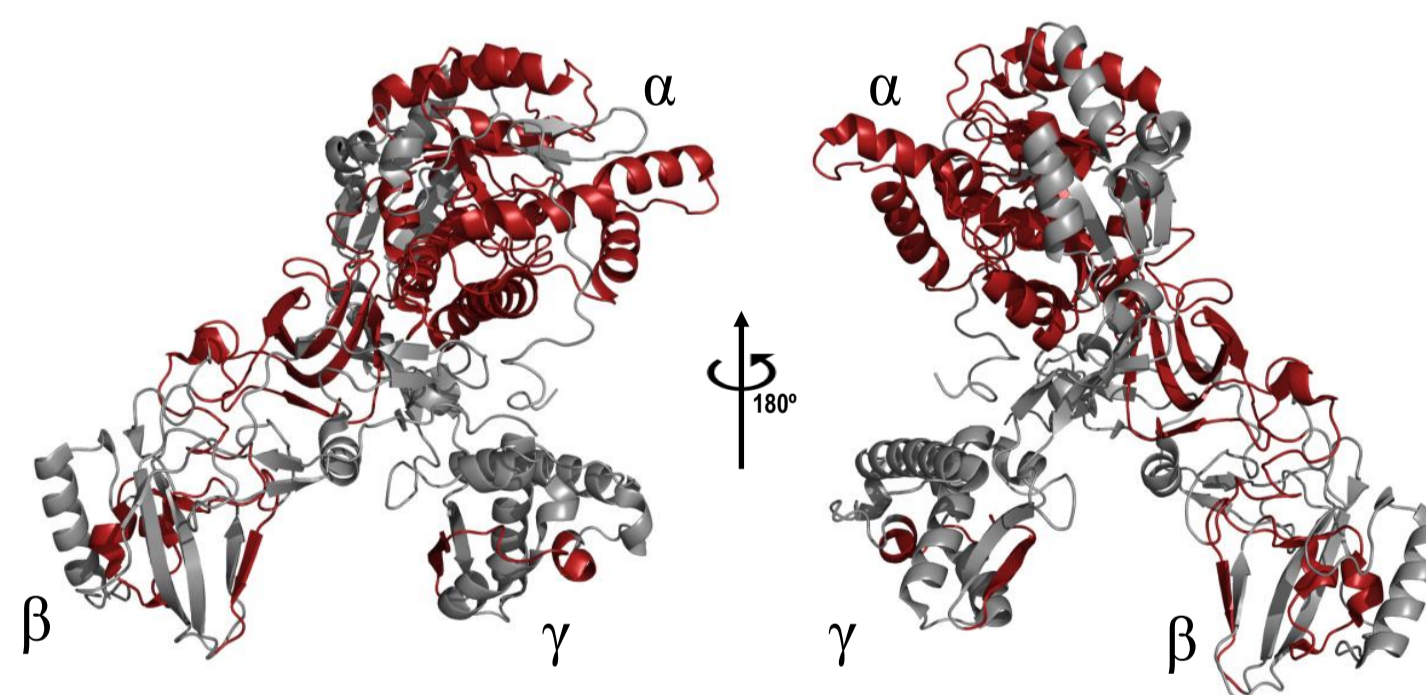
3. Metodologia



4. Resultados



▲ **Figura 2: Reconstrução filogenética de urease.** Árvore consenso de *bootstrap* (1.000 replicatas) obtida para sequências de aminoácidos de ureases pertencentes a diferentes *taxa*. As ureases de cadeia simples pertencentes a plantas e fungos parecem ser derivadas das ureases de cadeia tripla bacterianas. Ureases de cadeia dupla não aparentam ser intermediárias, mas uma variação independente. Como esperado, ureases de Archaea são as mais primitivas dentre essas enzimas.



▲ **Figura 3:** Urease de *Canavalia ensiformis* (PDB ID:3LA4). Em vermelho, regiões conservadas em todas as sequências e utilizadas para a reconstrução filogenética. Em cinza, regiões hipervariáveis que foram desprezadas. Ressalta-se que a região do sítio ativo (na subunidade α) mostrou-se altamente preservada em todos os casos.

5. Conclusões

As ureases de cadeia única aparentam ser derivadas de proteínas de múltiplas cadeias. Não foram encontrados indícios de que as ureases de cadeia dupla constituam um estado intermediário. Essa foi a primeira reconstrução filogenética a incluir os dados de todos os *taxa* codificadores de urease, permitindo a proposta de um modelo evolutivo para essa enzima.

6. Perspectivas

- Reconstruir a filogenia de urease utilizando inferência Bayesiana para suporte adicional do modelo de transição 3-para-1.
- Aprofundar o conhecimento sobre a enzima com a elaboração de uma teoria capaz de descrever tal processo.

7. Agradecimentos

Agradecemos a Fundação de Amparo à Pesquisa do Rio Grande do Sul (FAPERGS), o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

8. Referências

- 01 *Acta Bioch Pol*, **4**, 1189-95 (2000)
- 02 *Bioorg Chem*, **19**, 116-31 (1991)
- 03 *Microbiol Ver*, **59**, 451-80 (1995)
- 04 *Curr Prot Bioinf*, **S.15**, 5.6.1-30 (2000)
- 05 *Bioinformatics*, **23**, 2947-2948 (2007)
- 06 *J Virol*, **73(1)**, 152-60 (1999)
- 07 *Bioinformatics*, **21**, 2104-5 (2005)
- 08 *Brief Bioinform*, **9**, 299-306 (2008)