



Evento	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2014
Local	Porto Alegre
Título	Inferências filogenéticas sobre o processo de ativação de Ureasas
Autor	JULIANO DE OLIVEIRA SILVEIRA
Orientador	HUGO VERLI

Ureases são enzimas de grande importância histórica, médica e agrícola que catalisam a hidrólise de ureia em amônia e carbamato, que em seguida se decompõe em outra molécula de amônia e bicarbonato. Estas enzimas são amplamente distribuídas em plantas, fungos e bactérias. Em todos esses organismos, a ligação de um grupo de proteínas acessórias é necessária para o real funcionamento da enzima, atuando na modificação do sítio alvo e permitindo a inserção dos íons de níquel essenciais para a catálise. O níquel é inserido no sítio ativo da urease, num processo dependente de GTP, com o auxílio de UreD/UreH, UreE, Uref, e UreG. Estas proteínas acessórias orquestram a ativação da apoproteína, fornecendo o metal apropriado, facilitando alterações conformacionais da proteína, e, eventualmente, modificações pós-traducionais necessárias. O mecanismo de ativação e as funções de cada proteína acessória na maturação da urease não se encontram elucidadas e dependem da dedicação de diversas áreas de estudo, incluindo aplicações da bioinformática. Para obter-se uma visão geral das relações que podem ser estabelecidas entre as proteínas acessórias das ureases, buscando padrões, similaridades e diferenças que possam auxiliar na análise e predição dos resultados experimentais, o presente estudo pretende realizar uma ampla análise das sequências de aminoácidos de proteínas acessórias de ureases. Foram buscadas sequências peptídicas de proteínas acessórias a urease no banco de dados Protein do National Center for Biotechnology Information. Para a avaliação das sequências de aminoácidos foi utilizado o programa MEGA5, que apontou os mais adequados modelos de substituição de aminoácidos para cada conjunto. Para a análise de regiões variáveis foi utilizada a ferramenta SimPlot. Após busca, extração, interpretação e edição das sequências de diferentes proteínas acessórias de ureases em diferentes espécies, objetiva-se construir árvores filogenéticas por meio de alinhamentos múltiplos de sequências, avaliar a similaridade e analisar possíveis regiões de conservação. De forma preliminar, se observa que a sequência de eventos evolutivos nas diferentes proteínas acessórias é tão ou mais complexa quanto aquela observada para as ureases, com seus processos de fissão-fusão. Além disso, a presença de elementos intrinsecamente desordenados, como ocorre na UreG, pode dificultar análises de conservação baseadas na relação estrutura-função. A aplicação de estratégias diferenciadas será necessária para o estudo da história evolutiva de cada uma dessas proteínas, que encontra-se restrita pelas mesmas limitações apresentadas até recentemente para o estudo das ureases em si. Através das análises filogenéticas, espera-se que ao final do estudo sejam caracterizadas as relações evolutivas entre as proteínas acessórias a ureases de diferentes organismos, buscando a compreensão de como se deu o processo evolutivo das proteínas acessórias, comparando-o com o das ureases.