

Ureases (EC 3.5.1.5) são enzimas níquel-dependentes, responsáveis por catalisar a hidrólise de uréia em amônia e dióxido de carbono. Elas são amplamente distribuídas em plantas, fungos e bactérias. Em plantas e fungos, as ureases existem em estruturas de uma cadeia, formando hexâmeros ou trímeros. Em bactérias, elas possuem duas ou três subunidades menores, aproximadamente 55% idênticas à enzima de cadeia simples presente em plantas. Nesse contexto, o presente trabalho pretende obter uma caracterização filogenética das relações evolutivas entre ureases de diferentes organismos, contribuindo com o entendimento das alterações no número de cadeias polipeptídicas dessas enzimas entre diferentes *taxa*. Para tanto, aproximadamente 14.000 sequências de aminoácidos de ureases, obtidas no banco de dados NCBI, foram submetidas a uma filtragem inicial, eliminando sequências incompletas ou erroneamente marcadas. Os dados remanescentes foram submetidos a alinhamentos múltiplos sequenciais (via algoritmo ClustalW) visando reduzir a redundância de informação, resultando em 124 sequências representativas. Para melhor entendimento, árvores filogenéticas usando os algoritmos Máxima Verossimilhança (software MEGA5) e Bayesiano (software MrBayes) foram construídas com base em diferentes conjuntos de sequências (regiões altamente variáveis, conservadas, e completas sem gaps longos, detectadas via software SimPlot). Dessa forma, obtivemos quatro árvores filogenéticas, utilizando-se de ureases completas e de suas regiões conservadas por ambos os métodos. Essas filogenias mostraram-se convergentes em suas ramificações, sugerindo que as ureases de uma cadeia, presentes em plantas e fungos, originaram-se das enzimas bacterianas de três cadeias. Adicionalmente, ureases presentes em Archaea mostraram-se as mais primitivas. Enzimas de duas cadeias, presentes em *Helicobacteraceae* e presumidas como intermediárias entre estados de uma e três cadeias, ramificaram-se como casos especiais entre as ureases de cadeia tripla, em oposição à hipótese anterior. Baseados nesses dados, inferimos que o processo de variação de número de cadeias ocorreu como evento único no caso das ureases. Especula-se que tal mudança estrutural é devida à transferência horizontal de genes entre os *taxa* ou entre organelas, com regiões intergênicas sendo incorporadas como sequências codificadoras, ignorando códons de parada e permitindo a transcrição contínua do complexo $\gamma\beta\alpha$ de ureases em uma única cadeia.