



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Investigação da história evolutiva de metionina-aminopeptidases bacterianas
<b>Autor</b>	ANDREY FELIPE SCHOIER
<b>Orientador</b>	HENRIQUE BUNSELMEYER FERREIRA

## **Investigação da história evolutiva de metionina-aminopeptidases bacterianas**

Andrey F. Schoier, Karina R. Lorenzatto & Henrique B. Ferreira

Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional, Centro de Biotecnologia, UFRGS.

A metionina-aminopeptidase (MAP) é uma protease responsável pela excisão da metionina N-terminal de cadeias polipeptídicas, um processamento cotraducional essencial que ocorre no citoplasma de todas as células. Apesar de seus efeitos não serem completamente compreendidos, existem evidências sugerindo que a meia vida de proteínas maduras é influenciada por este processamento. As MAPs estão presentes em todos os domínios da vida, de bactérias e arqueas até eucariotos superiores, sendo consideradas essenciais, uma vez que sua ausência implica em morte celular. Atualmente, existem dois grupos de MAPs descritos, denominados MAP1 e MAP2, definidos com base na similaridade de sequências aminoácídicas e em características estruturais específicas das proteínas de cada grupo, como a presença ou a ausência de extensões N-terminais e/ou inserções específicas. MAPs dos grupos MAP1 e MAP2 são encontradas em bactérias e em arqueas, respectivamente, enquanto eucariotos geralmente apresentam MAPs dos dois grupos. As MAPs pertencentes ao grupo MAP1 formam ainda três subgrupos distintos. Apesar da vasta disponibilidade de genomas bacterianos sequenciados, análises comparativas dos subgrupos de MAP1 nestes organismos ainda são escassas e, no presente estudo, a evolução das MAPs bacterianas será investigada. Para tanto, sequências aminoácídicas de MAPs de representantes de 28 filós de bactérias foram recuperadas no banco de dados do UniProt. As sequências foram então alinhadas e, a partir deste alinhamento, foi construída de uma árvore filogenética utilizando o método estatístico de máxima verossimilhança (do inglês, *maximum likelihood*), usando *bootstrap* (1000 replicatas) como teste de filogenia utilizando-se o software MEGA6. A partir da filogenia obtida, pode-se dizer que a evolução das MAPs bacterianas é complexa. Os diferentes subtipos de MAPs do grupo MAP1 estão representados na filogenia, porém uma relação direta entre subgrupos e filós de bactérias não pode ser estabelecida. MAPs de espécies pertencentes a filós como Actinobacteria, Proteobacteria e Firmicutes, dentre outros, aparecem agrupadas em diferentes ramos da árvore. MAPs do grupo MAP1 de representantes de alguns filós é até mesmo sugestiva da presença de novos subtipos. Deste modo, análises de novos alinhamentos e filogenias serão realizadas com o intuito de identificar e agrupar todos os potenciais subtipos de MAPs bacterianas e de melhor esclarecer a história evolutiva destas enzimas.