

C. Ciências Biológicas - 2. Biologia Geral - 2. Biologia Evolutiva

Diversidade Estrutural e Consumo de ATP da Via Biossintética de Purinas em Procariotos

Diogo Ferreira Alves ¹

Phellippe Arthur Santos Marbach ²

1. UFRB

2. Prof. □ UFRB

INTRODUÇÃO:

A via biossintética de purinas é central no metabolismo de qualquer organismo. Seus produtos como IMP, AMP e GMP são precursores do DNA, RNA e importantes cofatores como Coenzima A, FAD, NAD e NADP. O mau funcionamento das enzimas dessa via, causa importantes doenças na espécie humana, além de serem importantes alvos para fármacos anti-câncer ou antimicrobianos. Atualmente são conhecidas enzimas que atuam na biossíntese de purinas: purF, purD, purN, purT, purL, purM, purE, purK, purC, purB, purH, purP e purO,. Destes, cinco possuem relação de analogia, codificando para proteínas não homólogas, mas funcionalmente equivalentes. O conhecimento atual sobre a diversidade estrutural da via biossintética de purinas em procariotos é limitado a alguns organismos modelos, podendo não refletir a diversidade entre as linhagens procarióticas. Além disso, observou-se em estudos prévios de genômica comparativa que o conjunto mínimo de genes da biossíntese de purinas varia entre os Domínios da Vida, bem como entre as espécies do mesmo Domínio. Este trabalho teve como objetivo avaliar se o custo energético pode ter sido um dos fatores que nortearam a evolução da via biossintética de purinas em procariotos.

METODOLOGIA:

Na genômica comparativa, os programas BLASTP e TBLASTN foram utilizados nas buscas dos genes canônicos da via biossintética de purinas em 855 genomas completamente sequenciados de organismos procarióticos representando 535 espécies, depositados na base de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). As sequências nucleotídicas de *Escherichia coli* e *Methanocaldococcus jannaschii* DSM 2661 foram usadas como query. Os critérios utilizados para estabelecer a relação de homologia das sequências recuperadas com a sequência query foram nível e extensão da similaridade e a presença e arranjo dos principais motivos que caracterizam a proteína em questão. Com base nos dados obtidos, foi gerada uma tabela contendo o registro da presença e ausência dos genes. As várias estruturas possíveis da via biossintética de purinas utilizando genes canônicos foram arranjadas em organograma com cada rota numerada e contabilizada o total de ATP consumido.

RESULTADOS:

Nos dados levantados pela genômica comparativa, foram observadas 16 estruturas distintas da via biossintética de purinas com o consumo de ATP variando de 4 a 7, dependendo da estrutura da via. Em Bactérias há uma predominância de vias biossintéticas de purinas com estruturas que consomem 5 ATPs e em Archaeas 4 e 5 ATPs. Portanto, é possível inferir uma tendência a um menor gasto de ATP na síntese de purinas.

CONCLUSÃO:

- O custo energético foi um dos fatores que modelaram a evolução da biossíntese de purinas em procariotos.

Instituição de Fomento: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Palavras-chave: Purinas, Genômica Comparativa, Evolução de Vias Biossintéticas.

