

A bactéria que "digere" nylon

No SCIENTIA:

As bactérias “comedoras” de nylon - 2

Aspectos gerais e implicações para uma argumentação pela evolução e relações com a hidrólise de amidas

A partir de tradução de [Wikipedia - Nylon-eating bacteria](#).

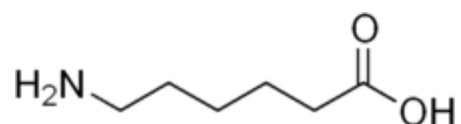
As bactérias que “comem” *nylon* são uma estirpe de [Flavobacterium](#) que é capaz de digerir certos subprodutos do fabrico do [nylon 6](#). Esta cepa de *Flavobacterium*, SP. K172, tornou-se popularmente conhecida como “bactérias que se alimentam de *nylon*”, e as enzimas usadas para digerir as moléculas sintéticas se tornaram conhecidas coletivamente como *nylonases*.



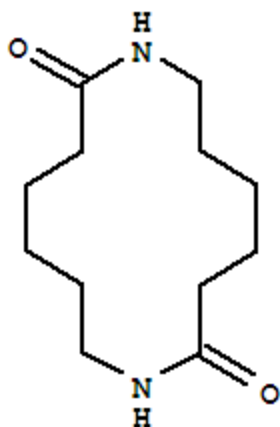
F. psychrophilum cepa 259-93. De Crump et al. - [Microbewiki](#)

Descoberta

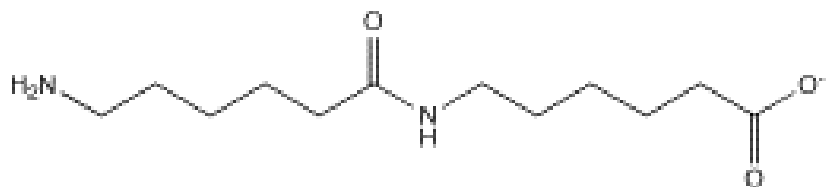
Em 1975, um grupo de cientistas japoneses descobriu uma cepa de *Flavobacterium* vivendo em tanques que continham águas residuais provenientes de uma fábrica de *nylon*, que era capaz de digerir certos subprodutos do fabrico de *nylon* 6, tal como o dímero linear de 6-amino-hexanoato (ácido 6-amino-hexanoico). Estas substâncias não eram conhecidos por ter existido antes da invenção do *nylon* em 1935. Outros estudos revelaram que as três enzimas que as bactérias estavam usando para digerir os subprodutos eram significativamente diferentes de quaisquer outras enzimas produzidas por outras cepas de *Flavobacterium* (aliás, de quaisquer outras bactérias), e não são eficazes em qualquer material que não seja os subprodutos sintéticos do *nylon*.^[1]



A molécula do ácido 6-amino-hexanoico, ou ácido aminocapróico.



O oligômero dímero cíclico do ácido 6-amino-hexanoico (www.lookchem.com).^[15]

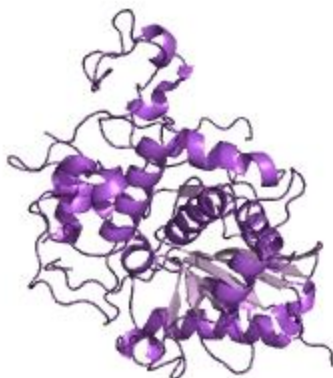


O oligômero dímero linear do ácido 6-amino-hexanoico, também chamado de 6-amino-hexanoato linear (umbbd.ethz.ch).^[16]

Pesquisas posteriores

Esta descoberta levou o geneticista Susumu Ohno a especular que o gene para uma das enzimas, ácido 6-aminohexanóico oligômero hidrolase[11], tinha surgido a partir da combinação de um evento de duplicação de genes com uma mutação da matriz de leitura (mutação *frameshift*).[2] Ohno sugeriram que muitos dos novos genes únicos têm evoluído desta maneira.

Um artigo de 2007 descreveu uma série de estudos realizados por uma equipe liderada por Seiji Negoro da Universidade de Hyogo, Japão, sugerindo que, na verdade, nenhuma mutação *frameshift* estava envolvida na evolução da ácido 6-aminohexanóico oligômero hidrolase.[3] No entanto, muitos outros genes foram descobertos que se desenvolveram através da duplicação de genes, seguido por uma mutação *frameshift* afetando pelo menos uma parte do gene. Um estudo de 2006 encontrou 470 exemplos somente em humanos.[4]



6-aminohexanóico hidrolase - www.ebi.ac.uk.

Os cientistas também foram capazes de induzir uma outra espécie de bactéria, *Pseudomonas aeruginosa*, a desenvolver a capacidade de quebrar os mesmos subprodutos de *nylon* em laboratório, forçando-as a viver em um ambiente com nenhuma outra fonte de nutrientes. A cepa de *P. aeruginosa*, não parece usar as mesmas enzimas que tinham sido utilizadas pela cepa de *Flavobacterium* inicial.[5] Outros cientistas foram capazes de obter a capacidade de gerar as enzimas de transferência da cepa de *Flavobacterium* para uma cepa de bactérias *E. coli* através de uma transferência de [plasmídeo](#). [6]

Hidrolases atuantes sobre o dímero cíclico de ácido 6-aminohexanóico foram detectadas como sendo produzidas por bactérias *Achromobacter guttatus*. [12][13]

A partir das comparações das sequências de nucleótidos e produtos de genes, concluiu-se a enzima ácido 6-aminohexanoico oligômero linear hidrolase desenvolveu-se recentemente por

duplicação de genes, seguido por substituição das bases no mesmo plasmídeo.[14]

Um novo tipo de enzima de geração de oligômero de nylon (EIII) foi purificado a partir de um clone da *Escherichia coli* que possui o gene EIII (*nylC*). Esta enzima hidrolisa o [trímero](#) linear, o [tetramero](#) e o [pentâmero](#) de 6-aminohexanoato por uma reação do tipo *endo*, e esta especificidade é diferente da da EI (produto do gene *nylA*) e EII (produto do gene *nylB*). Por meio de eletroforese em gel de poliacrilamida-dodecil sulfato de sódio o sequenciamento dos aminoácidos e da EIII purificada demonstraram que a enzima é composta de duas cadeias polipeptídicas que surgem a partir de uma clivagem interna entre os resíduos de aminoácidos 266 e 267.[17]

Papel no ensino de evolução

Não há consenso científico de que a capacidade de sintetizar *nylonase* provavelmente desenvolveu-se como uma mutação de um único passo que sobreviveu porque melhorou a aptidão das bactérias que possuem a mutação. Isto é visto como um bom exemplo de evolução por mutação e seleção natural que tenha sido observado em como ela ocorre..[7][8][9][10]

Referências

1. Kinoshita, S.; Kageyama, S., Iba, K., Yamada, Y. and Okada, H. (1975). "Utilization of a cyclic dimer and linear oligomers of e-aminocaproic acid by *Achromobacter guttatus*". *Agricultural & Biological Chemistry* 39 (6): 1219–23. doi:[10.1271/bbb1961.39.1219](https://doi.org/10.1271/bbb1961.39.1219). ISSN [0002-1369](https://doi.org/10.1271/bbb1961.39.1219)
2. Ohno S (April 1984). "[Birth of a unique enzyme from an alternative reading frame of the preexisted, internally repetitious coding sequence](#)". *Proc Natl Acad Sci USA*. 81 (8): 2421–5.doi:[10.1073/pnas.81.8.2421](https://doi.org/10.1073/pnas.81.8.2421). PMC [345072](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/345072/). PMID [6585807](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6585807/)
3. Negoro S, Ohki T, Shibata N, et al. (June 2007). "Nylon-oligomer degrading enzyme/substrate complex: catalytic mechanism of 6-aminohexanoate-dimer hydrolase". *J. Mol. Biol.* 370 (1): 142–56.doi:[10.1016/j.jmb.2007.04.043](https://doi.org/10.1016/j.jmb.2007.04.043). PMID [17512009](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17512009/)
4. Okamura K, Feuk L, Marquès-Bonet T, Navarro A, Scherer SW (December 2006). "Frequent appearance of novel protein-coding sequences by frameshift translation". *Genomics* 88 (6): 690–7.doi:[10.1016/j.ygeno.2006.06.009](https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2006.06.009). PMID [16890400](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16890400/)
5. Prijambada ID, Negoro S, Yomo T, Urabe I (May 1995). "[Emergence of nylon oligomer degradation enzymes in *Pseudomonas aeruginosa* PAO through experimental evolution](#)". *Appl. Environ. Microbiol.* 61 (5): 2020–2. PMC [167468](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/167468/). PMID [7646041](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7646041/)
6. Negoro S, Taniguchi T, Kanaoka M, Kimura H, Okada H (July 1983). "[Plasmid-determined](#)

[enzymatic degradation of nylon oligomers](#)". J. Bacteriol. 155 (1): 22–31. PMC [217646](#). PMID [6305910](#).

7. Thwaites WM (Summer 1985). "[New Proteins Without God's Help](#)". Creation Evolution Journal(National Center for Science Education (NCSE)) 5 (2): 1–3.

8. [Evolution and Information: The Nylon Bug](#)

9. [Why scientists dismiss 'intelligent design'](#), Ker Than, MSNBC, Sept. 23, 2005.

10. Miller, Kenneth R. [Only a Theory: Evolution and the Battle for America's Soul](#) (2008) pp. 80-82

11. Shinichi KINOSHITA, Takashi TERADA, Tomoyasu TANIGUCHI, Yukio TAKENE, Satoro MASUDA, Nobuyuki MATSUNAGA, Hirosuke OKADA; Purification and Characterization of 6-Aminohexanoic-Acid-Oligomer Hydrolase of Flavobacterium sp. KI72; European Journal of Biochemistry, Volume 116, Issue 3, pages 547–551, June 1981. - [DOI: 10.1111/j.1432-1033.1981.tb05371.x](#)

12. Shinichi KINOSHITA, Seiji NEGORO, Minoru MURAMATSU, V. S. BISARIA, Shujo SAWADA, Hirosuke OKADA; 6-Aminohexanoic Acid Cyclic Dimer Hydrolase. A New Cyclic Amide Hydrolase Produced by Acromobacter guttatus KI72; European Journal of Biochemistry Volume 80, Issue 2, pages 489–495, November 1977 - [DOI: 10.1111/j.1432-1033.1977.tb11904.x](#)

13. Kinoshita S, Kageyama S, Iba K, Yamada Y, Okada H (1981). "Utilization of a cyclic dimer and linear oligomers of ϵ -aminocaproic acid by Achromobacter guttatus K172". Agric. Biol. Chem. 116: 547–551. FEBS 1981

14. HIROSUKE OKADA, SEIJI NEGORO, HIROYUKI KIMURA & SHUNICHI NAKAMURA; Evolutionary adaptation of plasmid-encoded enzymes for degrading nylon oligomers; Nature 306, 203-206 (10 de Novembro 1983); [doi: 10.1038/306203a0](#)

15. [6-Aminohexanoate Cyclic Dimer](#) - [umbbd.ethz.ch](#)

16. [6-Aminohexanoate Linear Dimer](#) - [umbbd.ethz.ch](#)

17. S Kakudo, S Negoro, I Urabe, and H Okada; Nylon oligomer degradation gene, nylC, on plasmid pOAD2 from a Flavobacterium strain encodes endo-type 6-aminohexanoate oligomer hydrolase: purification and characterization of the nylC gene product. - Appl Environ Microbiol. Nov 1993; 59(11): 3978–3980. - PMCID: PMC182563 - [www.ncbi.nlm.nih.gov](#)

Leituras recomendadas

Para mais informações sobre o ácido aminocaproico, ou 6-amino-hexanoico:

- [Wikipedia - Aminocaproic acid](#)