

## UMG-SP2.

in.casadasciencias.org/banco-imagens

### CATEGORIA

Imagem de Destaque

### CITAÇÃO

Rodrigues, J., Maria João Ramos *et al.* (2024)  
UMG-SP2,  
*Rev. Ciência Elem.*, V12(03):032.  
[doi.org/10.24927/rce2024.032](https://doi.org/10.24927/rce2024.032)

### EDITOR

João Nuno Tavares  
Universidade do Porto

### EDITOR CONVIDADO

José Francisco Rodrigues  
Universidade de Lisboa

### RECEBIDO EM

22 de outubro de 2024

### ACEITE EM

22 de outubro de 2024

### PUBLICADO EM

15 de outubro de 2024

### COPYRIGHT

© Casa das Ciências 2024.  
Este artigo é de acesso livre,  
distribuído sob licença Creative  
Commons com a designação  
[CC-BY-NC-SA 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/), que permite  
a utilização e a partilha para fins  
não comerciais, desde que citado  
o autor e a fonte original do artigo.

A figura apresenta a previsão da estrutura tridimensional proteica da uretanase UMG-SP2, gerada pelo software *AlphaFold2*, cujos autores foram distinguidos com o Prémio Nobel da Química de 2024. Esta enzima demonstrou grande capacidade para degradar a ligação uretano dos plásticos poliuretanos, revelando elevado potencial para um processo de reciclagem eficiente e ecologicamente amigável, baseado na despolimerização enzimática. No entanto, há ainda margem para melhorar a sua eficiência. O objetivo é atingir uma taxa de reciclagem em que uma enzima consiga degradar, pelo menos, 90% do plástico poliuretano em menos de 24 horas. Aumentar a eficiência catalítica das uretanases pode ser a chave para tornar o processo de reciclagem ecológica de plásticos mais eficaz. Neste contexto, o design computacional de proteínas, desenvolvido por muitos incluindo o cientista que compartilhou o Prémio Nobel da Química de 2024, pode contribuir significativamente para melhorar a eficiência enzimática na despolimerização enzimática, nomeadamente a da enzima UMG-SP2.

Pedro Paiva | Pedro Fernandes | Maria João Ramos  
Universidade do Porto

A visualização da estrutura da proteína uretanase UMG-SP2 gerada pelo *AlphaFold2* é muito interessante numa perspetiva didática e artística. As dobras e contornos intrincados da proteína criam uma interação dinâmica de formas e cores, que faz lembrar uma escultura moderna de serpentinas de papel azul. A utilização de espirais justapostas a ligações coloridas tridimensionais, chama a atenção do observador para as características únicas da proteína.

Além disso, a representação dos centros ativos e dos locais de ligação da proteína pode ser comparada a uma escultura abstrata e convida à interpretação e à exploração da complexidade molecular. A clareza e precisão das previsões do *AlphaFold2* não só servem objetivos científicos, como também evocam a beleza da arquitetura molecular. Nesta perspetiva, esta visualização faz uma ponte entre ciência e arte, mostrando como a tecnologia avançada pode iluminar a elegância das estruturas bioquímicas complexas.

José Francisco Rodrigues  
*com ajuda do ChatGPT e DeepL*  
Universidade de Lisboa

[rce.casadasciencias.org](https://rce.casadasciencias.org)



