

Análisis *in silico* de las rutas bioquímicas involucradas en la patogenicidad del género *Leptospira*

Hernández Benítez Dayana M,¹ López Rivero Arleth S²

RESUMEN

El género *Leptospira* está ampliamente distribuido debido a la facilidad con la cual se puede propagar, aspecto que responde a condiciones ambientales y socioeconómicas. Múltiples estudios han sido dirigidos hacia el conocimiento de diferentes enzimas involucradas en la patogenicidad de especies de *Leptospira*, así como la similitud que algunas de dichas enzimas muestran con otros organismos, tales como *Toxoplasma gondii* y *Plasmodium falciparum*, de los cuales se sugiere un ancestro en común. En este trabajo, se realizó una búsqueda de las diferentes enzimas utilizando herramientas bibliográficas que permitió la identificación y el análisis de las secuencias, así como el análisis de sus rasgos estructurales. Los resultados obtenidos permitieron evidenciar que la ruta bioquímica de la síntesis de terpenoides se encuentra relacionada con la patogenicidad en *Leptospira* y en esta es esencial la enzima LytB. Lo anterior deja un interés en seguir estudiando las diferentes rutas y enzimas que les dan la característica de patógenas a las especies de *Leptospira*.

Palabras clave: *Leptospira*, patogenicidad, enzimas, bioinformática, genoma.

-
- 1 Estudiante del programa de Microbiología. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Libre - Seccional Barranquilla. Contacto: dayanam-hernandezb@unilibre.edu.co
 - 2 Docente-investigadora del programa de Microbiología. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Libre - Seccional Barranquilla.

In silico analysis of the biochemical pathways involved in the pathogenicity of the genus *Leptospira*

ABSTRACT

Genus *Leptospira* is present in multiple parts of the world with recurrent outbreaks due to the ease with which it can spread due to environmental and socio-economic conditions, as well as having multiple species of which a large part are pathogenic, infecting animals and also humans. Multiple specialists have dedicated themselves to studying these pathogenic species, leaving as a result the knowledge of different enzymes involved in the pathogenicity of these species, as well as their similarity with other organisms such as *Toxoplasma gondii* and *Leptospira*, of which a common ancestor is suggested. since the FNR are associated with the *interrogans* plastid class and not bacterial. In this work, a search of the different enzymes was carried out, using bibliographic tools as help that allowed the identification, analysis of enzymes as well as sequences and their structural features. In which it was found that the biochemical route of the synthesis of terpenoids is related to the pathogenicity in *Leptospira* and in this the LytB enzyme is essential. Which leaves an interest in continuing to study the different pathways and enzymes that give *Leptospira* species the characteristic of pathogens.

Keywords: *Leptospira*, pathogenicity, enzymes, bioinformatics, genome.

INTRODUCCIÓN

La implementación de herramientas bioinformáticas en la investigación científica es fundamental en el momento de buscar rapidez, eficiencia y, sobre todo, economía. El estudio genómico de microorganismos implica el análisis de múltiples datos, que determinan los modelos experimentales. Las bases de datos, los bancos de secuencias genéticas y los *softwares* específicos han permitido generar información sin precedente a nivel molecular, que describe estructuras, mecanismos y configuraciones espaciales de moléculas, que han marcado un gran avance en la ciencia.

Un flujo continuo de energía tiene lugar en todos los sistemas vivos. Este permite sustentar un cúmulo de funciones fisiológicas, crecimiento, reproducción, movimiento, conservación de estructura y regulación del metabolismo, entre otras. Las reacciones de óxido-reducción (redox) constituyen uno de los mecanismos bioquímicos de mayor importancia en la obtención de energía. El acoplamiento de reacciones redox permite que la energía potencial asociada al contenido y a la posición de los electrones en algunas moléculas pueda ser aprovechada en la formación de otras moléculas de alta energía.¹ Todos estos aspectos determinan los procesos de supervivencia, funcionamiento y adaptabilidad de los organismos vivos a partir de la bioquímica de su estructura.

Un amplio grupo de redox involucra la actividad catalítica de algunas enzimas que contienen en sus sitios activos especies químicas de naturaleza no proteica llamados cofactores. Las coenzimas son un grupo de cofactores de naturaleza orgánica, que, al estar unidas firmemente a la estructura proteica, reciben el nombre de grupo prostético y permiten el transcurso de reacciones químicas especializadas.² Para estudiar dichas reacciones, es necesario conocer los rasgos estructurales y catalíticos que permiten el cumplimiento de una función. Aunque la tecnología del ADN recombinante ha facilitado el estudio de dichas enzimas, aplicando técnicas de expresión *in vitro* en células heterólogas, los análisis *in silico* han contribuido enormemente en el entendimiento de las rutas bioquímicas que tienen lugar y las similitudes de los modelos de desarrollo y patogenicidad (si aplica) entre especies. En este estudio, se utilizaron modelos de estudio *in silico* para identificar y analizar rutas bioquímicas que posiblemente intervengan en la patogenicidad de un grupo de especies bacterianas del género *Leptospira*.

El objetivo es conocer las rutas bioquímicas que se involucran en la patogenicidad de *Leptospira*, mediante técnicas *in silico*, para identificar las enzimas asociadas a su metabolismo. Para esta finalidad, se analizarán las secuencias de aminoácidos que determinan la estructura de las enzimas

identificadas y los rasgos estructurales que las caracterizan.

METODOLOGÍA

El análisis *in silico* de las rutas bioquímicas seleccionadas fue realizado mediante la revisión de recursos bioinformáticos y algunas bases de datos disponibles de libre acceso. El procedimiento fue desarrollado en las siguientes etapas:

Etapa 1: Análisis de la información bibliográfica respecto de microrganismo, enzimas y mecanismos de patogenicidad

Se utilizaron bases de datos, tales como Scopus, ScienceDirect y PubMed, para seleccionar 50 artículos relacionados con el estudio del mecanismo redox de especies del género *Leptospira* patógenas y no patógenas. Fueron tenidos en cuenta solo artículos publicados en revistas indexadas, en idioma inglés y español, priorizando aquellos que no superaran una ventana de publicación de cinco años.

Etapa 2: Selección de enzimas, obtención y análisis de secuencias de interés

A partir de los trabajos seleccionados, se analizaron rutas relacionadas con la patogenicidad de *Leptospira*. Las rutas fueron obtenidas a partir de KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes; <https://www.genome.jp/>). A continuación, fueron seleccionadas enzimas que marcarán diferencias entre especies de

Leptospira patógenas y no patógenas, para analizar su homología a través de National Center for Biotechnology Information (NCBI; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), la herramienta BLAST y el software MEGA X (Kumar, Stecher, Li, Knyaz, and Tamura 2018).

Etapa 3: Análisis de rutas bioquímicas

Se analizaron las rutas bioquímicas en las cuales se encuentran involucradas las enzimas seleccionadas, teniendo en cuenta las formas estructurales que determinan los mecanismos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Identificación de enzimas asociadas a las rutas bioquímicas involucradas en la patogenicidad del género *Leptospira*

La biosíntesis de isoprenoides es esencial para la supervivencia celular. Estas moléculas están implicadas en una amplia variedad de funciones biológicas que son fundamentales en el desarrollo de la célula. En bacterias, la ubiquinona y la menaquinona están involucradas en el transporte de electrones, mientras los bactoprenoles actúan como portadores de carbohidratos en la biosíntesis del peptidoglicano.³ Teniendo en cuenta la importancia de estos compuestos, se han multiplicado esfuerzos en el conocimiento de las reacciones enzimáticas que intervienen en esta ruta y la naturaleza de sus enzimas como blanco para el desarrollo de fármacos.⁴ Existen dos vías independientes a través de las cuales se sintetizan los isopreno-

des: la vía clásica del mevalonato o la vía alternativa 2C-metil-D-eritritol-4-fosfato (MEP/DOXP). El origen de estas vías ha generado controversia. Algunos estudios apoyan la hipótesis de que la vía del mevalonato es ancestral en arqueas, eucariotas y bacterias, y que probablemente la vía independiente de mevalonato tiene su origen en eventos de transferencia génica horizontal.⁵

La ruta MEP/DOXP ha sido identificada en *Plasmodium falciparum*. El complejo de transferencia electrónica ferredoxina-NADP reductasa (FNR)/ferredoxina (Fd) ha sido relacionado con el aporte de electrones a LytB en dicha ruta. El primer intermediario de este proceso es la 1-deoxiD-xilulosa-5-fosfato, la cual es formada por reacciones de condensación del gliceraldehído-3-fosfato y piruvato. Se ha propuesto que la enzima LytB, también conocida como IspH, cataliza la última etapa del metabolismo de este intermediario recibiendo un aporte electrónico importante del sistema redox FNR/Fd en este microorganismo.⁶ LytB es una enzima que por su alta sensibilidad al oxígeno ha sido relacionada con un posible mecanismo de regulación. Además, presenta una alfa-hélice en su secuencia C-terminal que podría estar involucrada en procesos de represión de la expresión génica.⁷ En *Thermosynechococcus elongatus*, este tipo de enzimas han sido identificadas dentro de reacciones dependientes de FNR.⁸ En *Streptococcus pneumoniae*, ha sido observado que LytB es fundamental para la división

celular neumocócica y la colonización nasal, aunque el mecanismo bioquímico de la acción de esta enzima sigue siendo desconocido.⁹ El aporte de electrones a LytB por parte de la FNR ha sido propuesta como blanco para el desarrollo de antibióticos contra la toxoplasmosis y el paludismo, obedeciendo al hecho de que el proceso biosintético en general se lleva a cabo en patógenos clínicamente importantes y está ausente en humanos.⁸

Los análisis realizados en el genoma de algunas especies de *Leptospira* indican la presencia de la ruta MEP/DOXP que se activa en condiciones desfavorables.¹⁰ En la Figura 1, se observa la ruta de biosíntesis de terpenoides en *Leptospira interrogans serovar Lai*. Esta ruta, obtenida para este trabajo a partir de KEGG, muestra una vía convencional dependiente de mevalonato para la síntesis de tales compuestos y una ruta alterna independiente de este, con un primer intermediario 1-desoxi-D-xilulosa-5-fosfato y una última etapa en la que interviene la enzima LytB.

Análisis de secuencias determinantes de la estructura de las enzimas identificadas

Teniendo en cuenta la importancia del prototipo de enzimas LytB/IspH descrita en el ítem anterior, fueron obtenidas las secuencias disponibles en NCBI para especies de *Leptospira* patógenas. En la Tabla 1, se muestran las enzimas seleccionadas con su respectiva clave de acceso.

Las secuencias seleccionadas fueron alineadas con el fin de analizar su similaridad (Figura 2). El único motivo altamente conservado entre las especies estudiadas es la metionina (M) inicial de cada secuencia. También se destaca un motivo del (L) en el sitio 282 de las secuencias. Aunque en todas las secuencias se pueden diferenciar seis motivos de cisteína (C) que son vitales para la formación del centro Fe-S, entre las secuencias no hay homología en los sitios de ubicación de estos motivos. A pesar de que el alineamiento fue construido con enzimas presentes en microorganismos patógenos de *Leptospira*, no se encontró una alta similaridad entre sus secuencias. Las diferencias encontradas en secuencia entre las enzimas LytB de *Leptospira* fueron complementadas con un análisis filogenético simple utilizando el método de máxima parsimonia, involucrando secuencias de LytB de otros patógenos bacterianos importantes. El árbol más parsimonioso (MP) se obtuvo mediante el algoritmo *subtree prune and regraft* (SPR). En la Figura 3, se puede observar que la secuencia de LytB de *Leptospira interrogans* serovar *Lai str. IPAV* es la más alejada del grupo de secuencias analizadas. Además, se observa un grupo diverso donde las secuencias de dos cepas de la especie *Leptospira borgpetersenii* (JB157 y LB550) son homólogas idénticas. Esta observación también es evidente entre *Leptospira interrogans* serovar *Lai str. 56601* y *Leptospira weili* destacándose entre estas secuencias su cercanía con la secuencia de *Listeria monocytogenes*. También llama la atención la cercanía de

la secuencia de *Leptospira interrogans* serovar *Linhai* con las secuencias de *Vibrio cholerae* y *Streptococcus pneumoniae*.

Estos resultados coinciden con lo sugerido en López Rivero¹¹ para *Leptospira interrogans* serovar *Lai str. 56601* respecto de la similaridad del modelo catalítico de LytB y otras ferredoxinas de estos microorganismos con microorganismos no bacterianos, tales como *Toxoplasma gondii* y *Plasmodium falciparum*.

Análisis de los rasgos estructurales

El único prototipo estructural de LytB conocido hasta el momento es *S. pneumoniae*.¹⁴ Heuston et al. infirieron la estructura cristalográfica de esta enzima, logrando distinguir tres dominios diferenciados, el dominio GH7¹⁵ que corresponde al dominio catalítico, el dominio SH3B que corresponde a un módulo típicamente bacteriano y la región WW que corresponde a un péptido señal que interviene probablemente en el transporte de la enzima y que está ausente durante el proceso catalítico (Figura 4). Teniendo en cuenta el proceso patogénico de este microorganismo, LytB estaría implicada en la interacción catalítica con receptores de la célula huésped durante el proceso de adhesión/invasión. Es probable que por su capacidad de renovar la envoltura de peptidoglicano (por su acción catalítica dentro de la ruta independiente del mevalonato) LytB contribuye a la división celular apropiada y la integridad celular. Sin embargo, se necesitan estudios adicionales para definir

el mecanismo fisiológico por el cual LytB contribuye a la patogénesis de esta bacteria.¹⁵

En *Leptospiras*, no existe un prototipo estructural de LytB, aunque los alineamientos realizados en este trabajo muestran una similaridad con la enzima de *S. pneumoniae*. Sería interesante predecir

una estructura hipotética tomando como modelo esta enzima; sin embargo, las estructuras disponibles fueron cristalizadas con el péptido señal unido, atributo que no permitiría una buena superposición de las estructuras. Además, se sabe que la expresión recombinante de estas enzimas es de bajo rendimiento, lo que dificulta la generación de cristales y una descripción clara de esta enzima en *Leptospira*. Lo que sí es claro es que cualquier alteración a su funcionalidad representa una alternativa de tratamiento para patógenos importantes.

CONCLUSIONES

Con la realización de este análisis *in silico*, se pudo concluir:

- La ruta bioquímica de síntesis de terpenoides está relacionada con la patogenicidad de *Leptospira* y otras bacterias reconocidas.

- La enzima LytB es esencial en la vía independiente de mevalonato en la síntesis de terpenoides en bacterias.
- Las secuencias de LytB disponibles para especies patógenas de *Leptospira* muestran una baja similaridad entre ellas.
- Las secuencias de LytB disponibles para especies patógenas de *Leptospira* muestran una baja similaridad consecuencias de otros patógenos bacterianos.

RECOMENDACIONES

A partir de los resultados obtenidos, se evidencia la necesidad de continuar con estudios *in vivo* sobre la importancia de la enzima LytB en la patogenicidad de *Leptospira*.

Es necesario desarrollar protocolos que permitan la obtención de la enzima de manera recombinante y resolver su estructura cristalográfica, de manera de reconocer el modelo estructural y aprovechar sus características para el tratamiento de infecciones con estos microorganismos.

REFERENCIAS

1. Ghisla S, Massey V. Mechanisms of flavoprotein-catalyzed reactions. *Eur J Biochem.* 1989;181(1):1-17. <https://doi.org/10.1111/j.1432-1033.1989.tb14688.x>
2. Becker DF, Zhu W, Moxley MA. Flavin redox switching of protein functions. *Antioxid Redox Signal.* 2011;14(6):1079-1091. <https://doi.org/10.1089/ars.2010.3417>
3. Heuston S, Begley M, Gahan CG, et al. Isoprenoid biosynthesis in bacterial pathogens. *Microbiology.* 2012;158(6):1389-1401. <https://doi.org/10.1099/mic.0.051599-0>
4. Matsumi R, Atomi H, Driessen AJ, et al. Isoprenoid biosynthesis in Archaea: biochemical and evolutionary implications. *Microbiol Res.* 2011;162(1):39-52. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2010.10.003>
5. Lombard J, Moreira D. Origins and early evolution of the mevalonate pathway of isoprenoid biosynthesis in the three domains of life. *Mol Biol Evol.* 2011;28(1):87-99. <https://doi.org/10.1093/molbev/msq177>
6. Pandini V, Caprini G, Tedeschi G, et al. Roles of the species-specific subdomain and the N-terminal peptide of *Toxoplasma gondii* ferredoxin-NADP⁺ reductase in ferredoxin binding. *Biochemistry.* 2006;45(11):3563-3571. <https://doi.org/10.1021/bi052326w>
7. Beinert H. Iron-sulfur proteins: ancient structures, still full of surprises. *J Biol Inorg Chem.* 2000;5(1):2-15. <https://doi.org/10.1007/s007750050002>
8. Ceccarelli EA, Arakaki AK, Cortez N, et al. Functional plasticity and catalytic efficiency in plant and bacterial ferredoxin-NADP (H) reductases. *Biochim Biophys Acta - Proteins Proteom.* 2004;1698(2):155-165. <https://doi.org/10.1016/j.bbapap.2003.12.005>
9. Bai XH, Chen HJ, Jiang YL, et al. Structure of pneumococcal peptidoglycan hydrolase LytB reveals insights into the bacterial cell wall remodeling and pathogenesis. *J Biol Chem.* 2014;289(34):23403-23416. <https://doi.org/10.1074/jbc.M114.579714>
10. Ceccarelli EA, Arakaki AK, Cortez N, et al. Functional plasticity and catalytic efficiency in plant and bacterial ferredoxin-NADP (H) reductases. *Biochim Biophys Acta.* 2004;1698(2):155-165. <https://doi.org/10.1016/j.bbapap.2003.12.005>
11. Catalano-Dupuy DL, Musumeci MA, López-Rivero A, et al. A highly stable plastidic-type ferredoxin-NADP (H) reductase in the pathogenic bacterium *Leptospira*

- interrogans. PLoS One. 2011;6(10):e26736. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0026736>
12. Rivero ASL, Rossi MA, Ceccarelli EA, et al. A bacterial 2 [4Fe4S] ferredoxin as redox partner of the plastidic-type ferredoxin-NADP⁺ reductase from *Leptospira interrogans*. *Biochim Biophys Acta Gen Subj.* 2019;1863(4):651-660. <https://doi.org/10.1016/j.bbagen.2019.01.004>
13. Bai XH, Chen HJ, Jiang YL, et al. Structure of pneumococcal peptidoglycan hydrolase LytB reveals insights into the bacterial cell wall remodeling and pathogenesis. *J Biol Chem.* 2014;289(34):23403-23416. <https://doi.org/10.1074/jbc.M114.579714>
14. De las Rivas B, García JL, López R, et al. Purification and polar localization of pneumococcal LytB, a putative endo-β-N-acetylglucosaminidase: the chain-dispersing murein hydrolase. *J Bacteriol.* 2002;184(18):4988-5000. <https://doi.org/10.1128/jb.184.18.4988-5000.2002>
15. Heuston S, Begley M, Gahan CG, et al. Isoprenoid biosynthesis in bacterial pathogens. *Microbiology.* 2012;158(6):1389-1401. <https://doi.org/10.1099/mic.0.051599-0>

Figura 1. Ruta de la biosíntesis de terpenoides en *L. interrogans* serovar Lai. Se observa una ruta dependiente de mevalonato que se activa en condiciones favorables para la bacteria. En condiciones desfavorables, se activa la ruta independiente de mevalonato. Se destaca en círculo violeta el último intermediario LA 2420 (LytB).¹⁵ Analizó la presencia de las vías dependiente e independiente de mevalonato en bacterias y concluyó que la vía MEP/DOXP es típica de patógenos importantes, tales como *Chlamydia pneumoniae*, *Listeria monocytogenes*, *Neisseria meningitidis*, *Helicobacter pylori*.

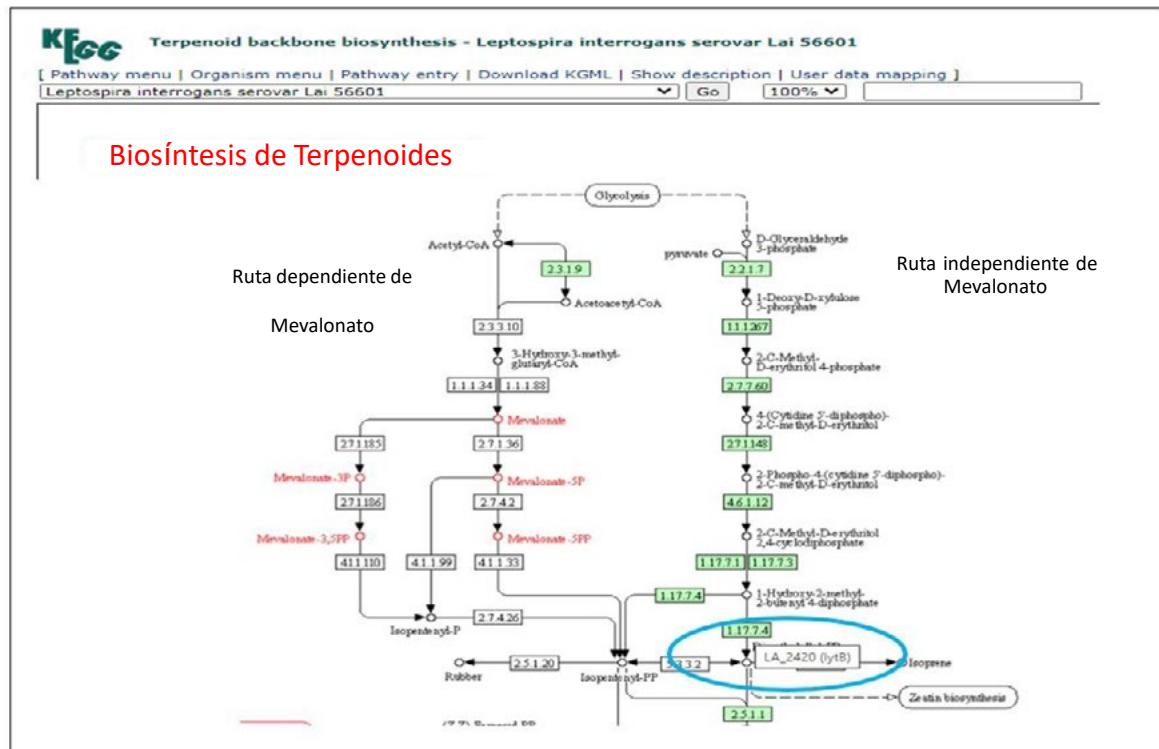
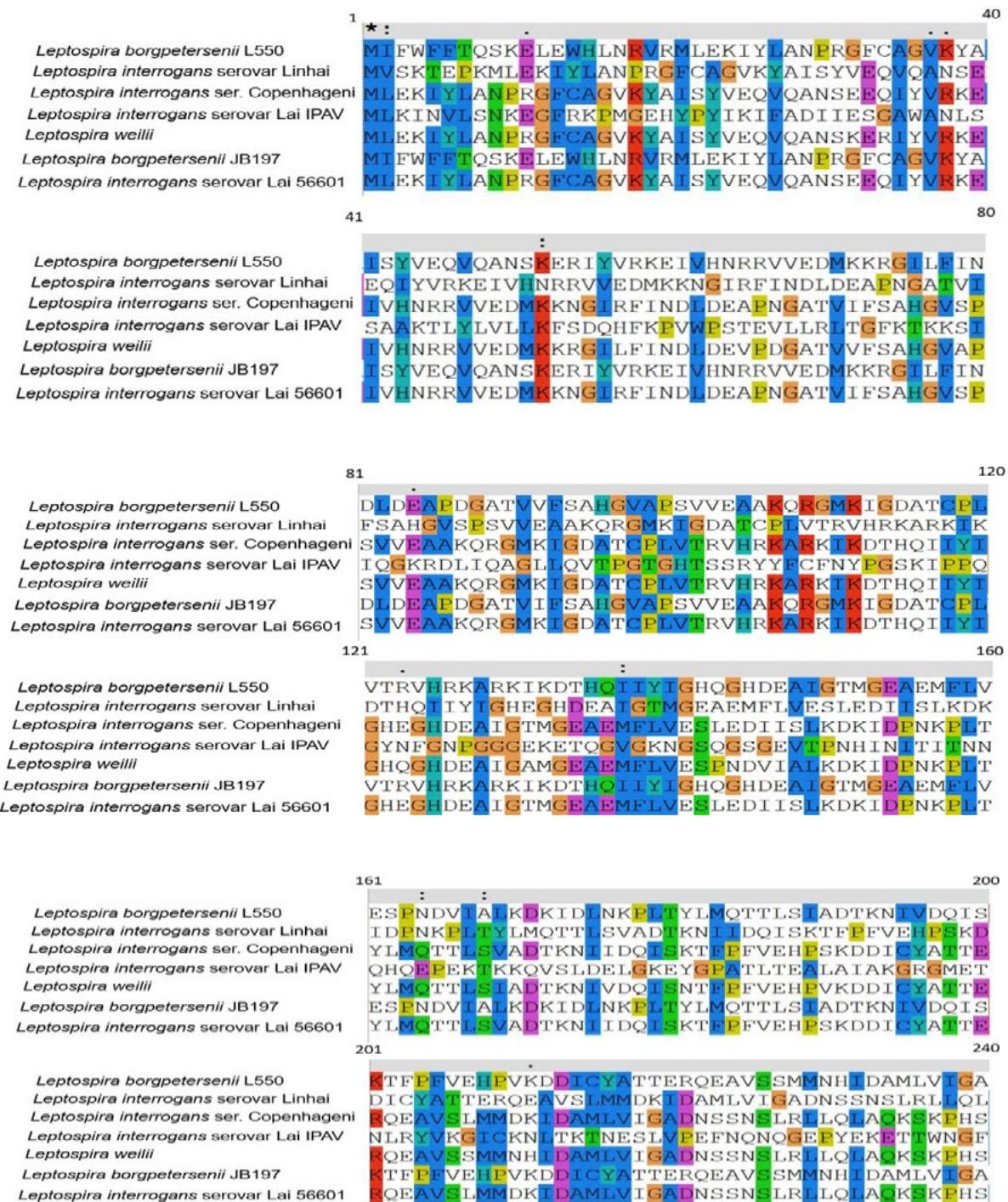


Tabla 1. Enzimas seleccionadas (secuencias de enzimas identificadas en el genoma de especies patógenas de *Leptospira*)

MICROORGANISMO	ACCESO	SECUENCIA	TOLERANCIA
<i>Leptospira borgpetersenii</i> L550	LBL_1476	MLEKIYL ANPRGFCAGVKY AISYVFOVOA NSFFQIYVRKFVN HNRRV/FDMKKNGIRFINDI DFAPNGATV/FSAGVSPSVFVA/KQRGMKGDATCPLVTRVRKARKIKDOTHQIYIGHEDAE/IGTMEAEMLVESLEDIISLKDIDPNKPLTYLMQTTLVADTKNIDQSKTFTPVEI/PSKDCIY/ATTERQEA VSLMMIDKIDAMLVIGADNSNSLRLQLAQSKSPK/ISFKVSTADDLKEYIONN EKILGLTAGASTPQVLVDEIISKLKIFYP/NANVELPFGSRDSSMFKLPGVLLS	Penicilina
<i>Leptospira interrogans</i> serovar Lai	LIL_11650	MVKSTEKPKIYLNPRGFCAGVKY AISYVQVQANSEEQIYVRKEVHNRRV/EDMKKNGIRFINDLDEAPNGATV/FSAGVSPSVFV/EAAKQRGMKGDATCPLVTRVRKARKIKDOTHQIYIGHEDAE/IGTMEAEMLVESLEDIISLKDIDPNKPLTYLMQTTLVADTKLSDVADTKNIDQSKTFTPVEHPSKDCIY/ATTERQEA VSLMMIDKIDAMLVIGADNSNSLRLQLAQSKSPK/ISFKVSTADDLKEYIONN EKILGLTAGASTPQVLVDEIISKLKIFYP/NANVELPFGSRDSSMFKLPGVLLS	Penicilina
<i>Leptospira interrogans</i> serovar Copenhageni	LIC_11529	MILYPKQRIRIMVSKMEPKMLEKIYLNPRGFCAGVKY AISYVQVQANSEEQIYVRKEVHNRRV/EDMKKNGIRFINDLDEAPN GATV/FSAGVSPSVF/AAKQRGMKGDATCPLVTRVRKARKIKDOTHQIYIGHEDAE/IGTMEAEMLVESLEDIISLKDIDPNKPLTYLMQTTLVADPNKPLTYLMQTTLVADTKNIDQSKTFTPVEHPSKDCIY/ATTERQEA VSLMMIDKIDAMLVIGADNSNSLRLQLAQSKSPK/ISFKVSTADDLKEYIONN EKILGLTAGASTPQVLVDEIISKLKIFYP/NANVELPFGSRDSSMFKLPGVLLS	Penicilina
<i>Leptospira interrogans</i> serovar Lai IPAV	LIF_1981	MLEKIYL ANPRGFCAGVKY AISYVQVQANSEEQIYVRKEVHNRRV/EDMKKNGIRFINDLDEAPNGATV/FSAGVSPSVFVA/KQRGMKGDATCPLVTRVRKARKIKDOTHQIYIGHEDAE/IGTMEAEMLVESLEDIISLKDIDPNKPLTYLMQTTLVADTKNIDQSKTFTPVEHPSKDCIY/ATTERQEA VSLMMIDKIDAMLVIGADNSNSLRLQLAQSKSPK/ISFKVSTADDLKEYIONN EKILGLTAGASTPQVLVDEIISKLKIFYP/NANVELPFGSRDSSMFKLPGVLLS	Penicilina
<i>Leptospira weili</i>	FHG68_10880	MLEKIYL ANPRGFCAGVKY AISYVQVQANSEEQIYVRKEVHNRRV/EDMKKNGIRFINDLDEV/PDGATV/FSAGVAPSVV EAAKQRGMKGDATCPLVTRVRKARKIKDOTHQIYIGHEDAE/IGTMEAEMLVESLEDIISLKDIDPNKPLTYLMQTTLVADTKNIDQSKTFTPVEHPSKDCIY/ATTERQEA VSLMMIDKIDAMLVIGADNSNSLRLQLAQSKSPK/ISFKVSTADDLKEYIONN EKILGLTAGASTPQVLVDEIISKLKIFYP/NANVELPFGSRDSSMFKLPGVLLS	No determinada
<i>Leptospira borgpetersenii</i> JB197	LBJ_1807	MPWFTTQSKELEWNRVRLMLEKIYLNPRGFCAGVKY AISYVQVQANSEEQIYVRKEVHNRRV/EDMKKNGIRFINDLDEA PDGATV/FSAGVAPS/V/EAAKQRGMKGDATCPLVTRVRKARKIKDOTHQIYIGHEDAE/IGTMEAEMLVESLEDIISLKDIDPNKPLTYLMQTTLVADTKNIDQSKTFTPVEHPSKDCIY/ATTERQAFAVS/SSMMNHIDAMLVIGADNSNSLRLQLAQSKSPK/ISFKVSTADDLKEYIONN EKILGLTAGASTPQVLVDEIISKLKIFYP/NANVELPFGSRDSSMFKLPGVLLS	Penicilina
<i>Leptospira interrogans</i> serovar Lai 56601	LA_2420	MLEKIYL ANPRGFCAGVKY AISYVQVQANSEEQIYVRKEVHNRRV/EDMKKNGIRFINDLDEAPNGATV/FSAGVSPSVFVA/KQRGMKGDATCPLVTRVRKARKIKDOTHQIYIGHEDAE/IGTMEAEMLVESLEDIISLKDIDPNKPLTYLMQTTLVADTKNIDQSKTFTPVEHPSKDCIY/ATTERQAFAVS/SSMMNHIDAMLVIGADNSNSLRLQLAQSKSPK/ISFKVSTADDLKEYIONN EKILGLTAGASTPQVLVDEIISKLKIFYP/NANVELPFGSRDSSMFKLPGVLLS	Penicilina

Figura 2. Alineamiento de secuencias de LytB homólogas entre especies patógenas de *Leptospira*. Secuencias obtenidas de National Center for Biotechnology Information (NCBI) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Análisis generado a partir de BLAST y CLUSTAL X for multiple sequence alignments Methods Enzymol. Se muestran en color los aminoácidos que constituyen motivos con mayor similaridad entre especie



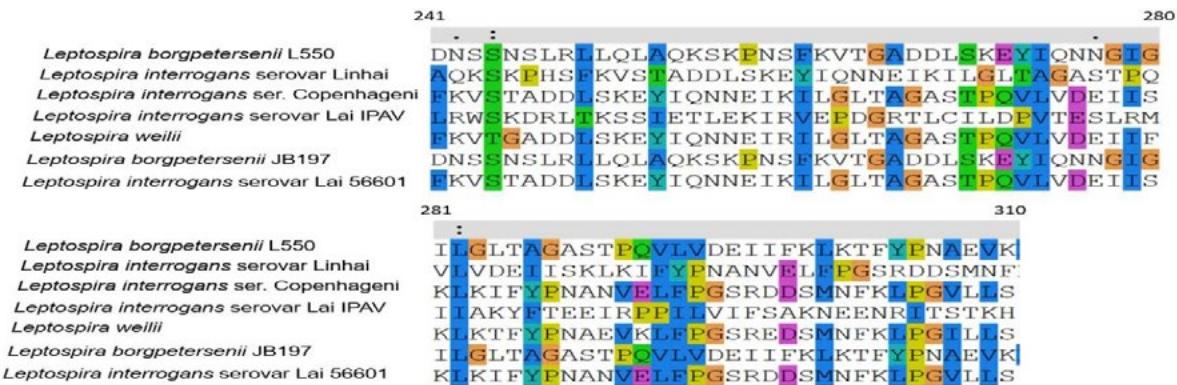


Figura 3. Árbol de máxima parsimonia obtenido mediante el algoritmo subtree prune and regraft (SPR) (Nei M. and Kumar S. (2000). Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, New York.) con nivel de búsqueda 1, en el que la adición de secuencia es aleatoria con 10 repeticiones. Este análisis involucró 13 secuencias de aminoácidos con un total de 344 posiciones en el conjunto de datos final. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA X (Kumar, Stecher, Li, Knyaz, and Tamura 2018).

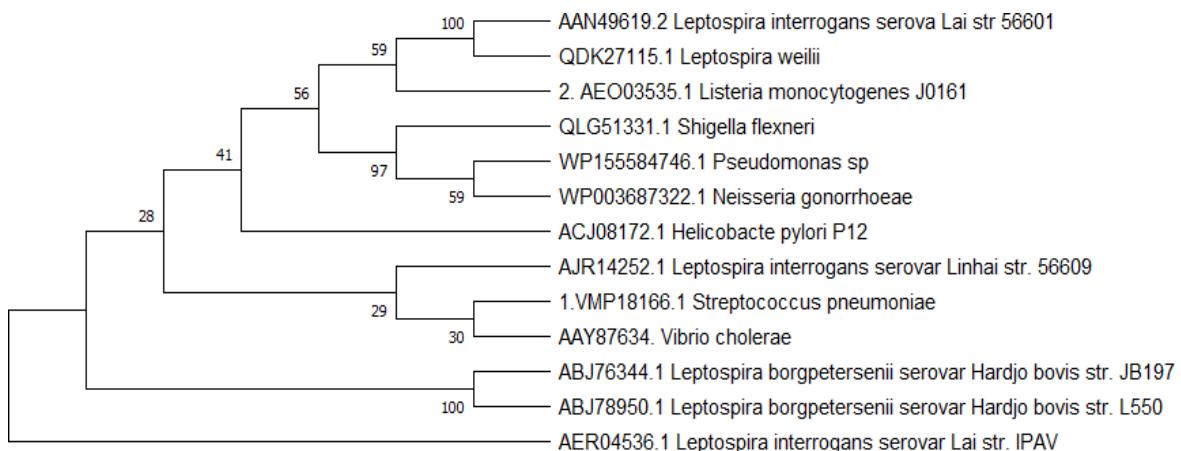


Figura 4. Estructura cristalográfica de la enzima LytB de *Streptococcus pneumoniae* (PDB: 4Q2W). SH3B dominio bacteriano, GH73 dominio catalítico y WW péptido señal (Sistema PyMOL Molecular Graphics, Versión 2.0, Schrodinger, LLC).

