Figura 1 – Os dois mecanismos de hidrólise enzimática de ligações glicosídicas. **a** – mecanismo retentor, no qual o oxigênio da ligação glicosídica é protonado por um ácido (AH) e a saída do aglicone (R) é facilitada por um ataque nucleofílico (B⁻). O intermediário glicosil-enzima resultante é hidrolisado e este segundo ataque nucleofílico regenera a configuração do carbono anomérico. **b** – mecanismo inversor, no qual a protonação do oxigênio da ligação glicosídica e a saída do aglicone são simultâneos a um ataque pela molécula de água ativada por uma base (B⁻). Esta substituição nucleofílica única gera um produto com configuração anomérica oposta ao substrato. Notar a distância entre o nucleófilo (base; B-) e o ácido (AH) catalíticos, que é distinta entre estes dois tipos de enzimas.

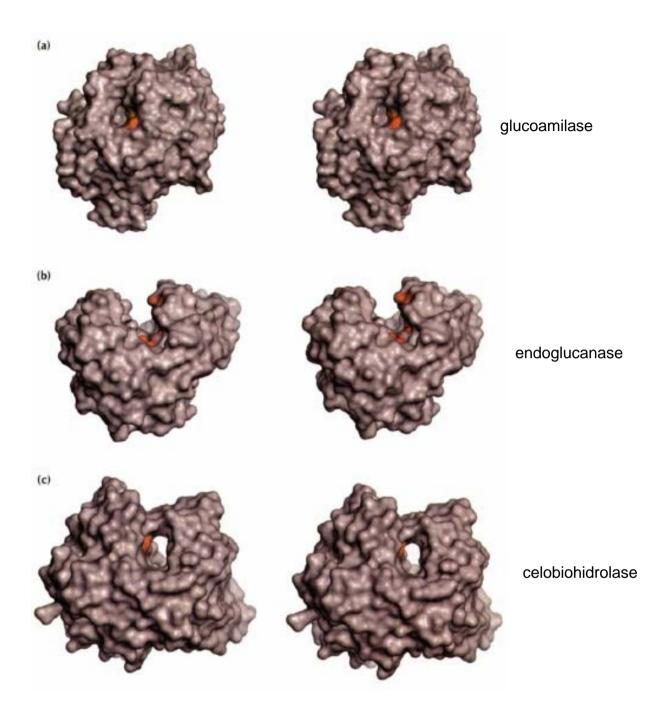


Figura 2 – Tipos de sítio ativo encontrados em glicosídeo hidrolases. a – bolsão; b – fenda; c – túnel. Os resíduos catalíticos estão marcados em vermelho. Baseado em Davies e Henrissat (1995).

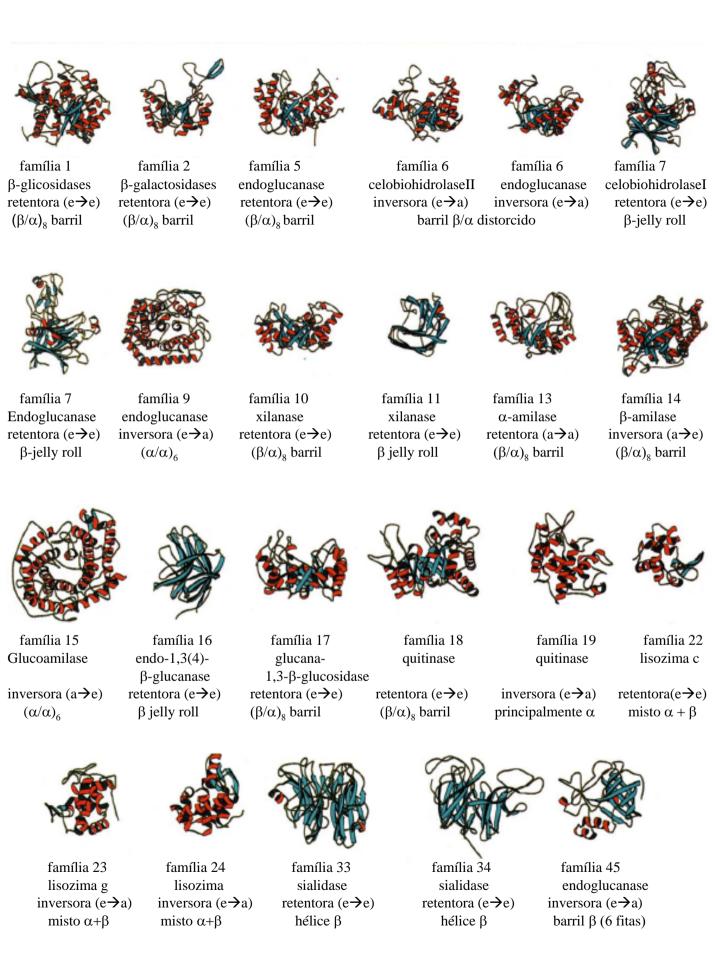


Figura 3 – Representação de algumas famílias de glicosídeo hidrolases. α-hélices em vermelho e fitas

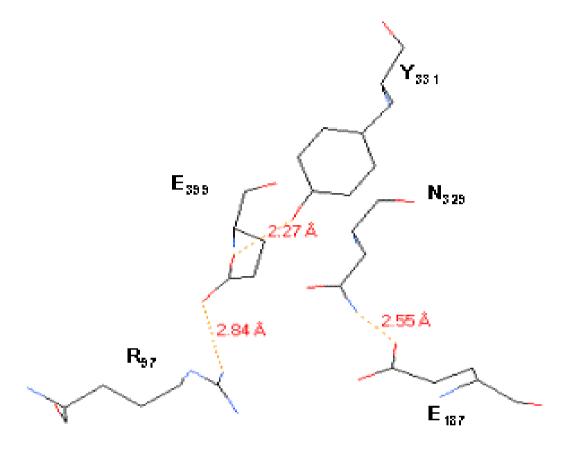


Figura 6: Modelo do sítio ativo da Sfβgli50 indicando os glutamatos essenciais à catálise $(E_{187} \ e \ E_{399})$ e os resíduos com os quais eles formam ligações de hidrogênio $(R_{97}, Y_{331} \ e \ N_{329})$. O modelo da Sfβgli50 foi construído computacionalmente (Swissmodeller) com base nas estruturas das β-glicosidases de *B. polymyxa* e *S. alba*.

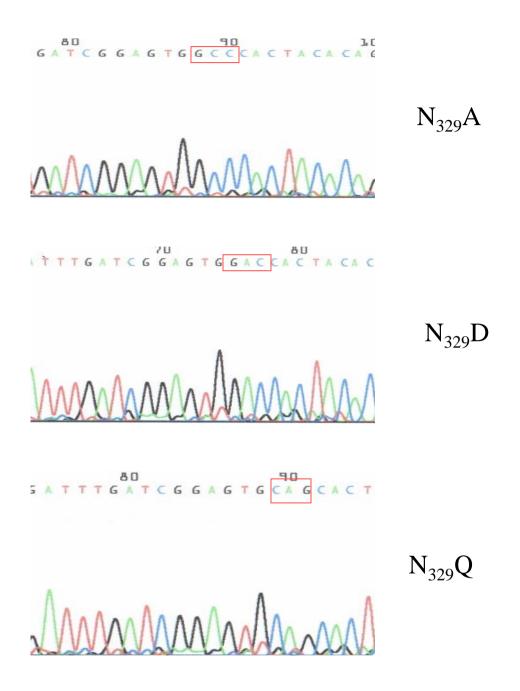


Figura 23: Eletroferograms da reação de sequenciamento dos plasmídeos pT7-7 codificando as $Sf\beta gli50$ mutantes $N_{329}A$, $N_{329}D$ e $N_{329}Q$. As caixas vermelhas indicam os nucleotídeos mutados.