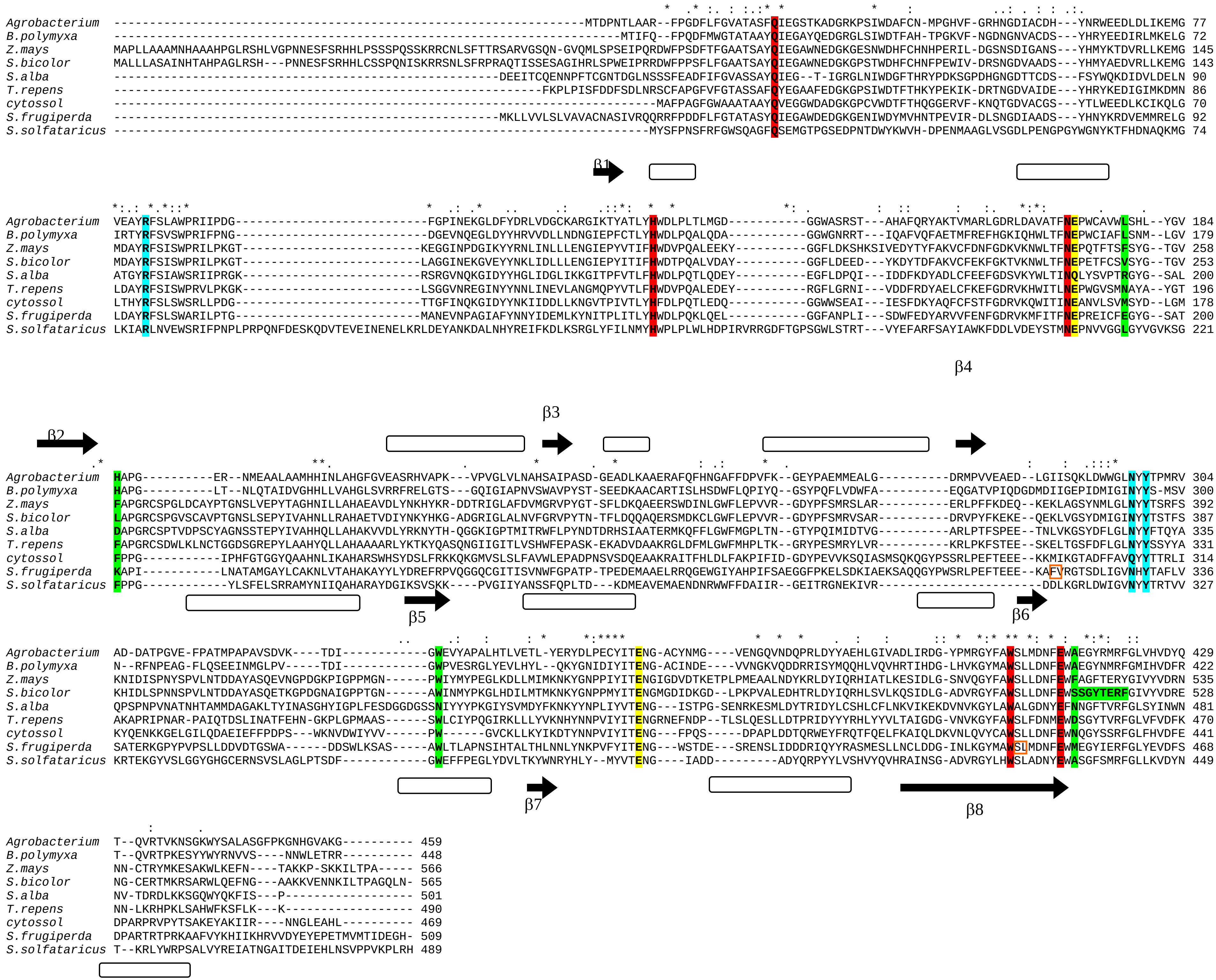
Agrobacterium
B.polymyxa
Z.mays
S.bicolor
S.alba
T.repens
cytossol
S.frugiperda
S.solfataricus
β1
β2
β3
β4
β5
β6
β7
β8
77
72
145
143
90
86
70
92
74
184
179
258
253
200
196
178
200
221
304
300
392
387
335
331
314
336
327
429
422
535
528
481
470
441
468
449
459
448
566
565
501
490
469
509
489

Figura 4: Alinhamento de seqüência de aminoácidos de β-glicosidases da família 1. As proteínas são originárias de *Agrobacterium sp* (M19033), *Bacillus polymyxa* (M60210), *Zea mays* (P4935), *Sorghum bicolor* (Q41290), *Trifolium repens* (X56733), β-glicosidase citossólica de mamíferos (Q9H227), *Spodoptera frugiperda* (AF 052729) e *Sulfobus solfataricus* (P22498). Os resíduos destacados com fundos amarelo são o ácido (após β4) e o nucleófilo (após β7) catalíticos. Os resíduos destacados em vermelho formam o subsítio -1, enquanto que os resíduos marcados com verde são aqueles candidatos a formarem o subsítio +1. Em azul estão destacados os resíduos que interagem com o ácido e o nucleófilo. Em fonte laranja e destacados por um quadrado desta mesma cor estão o N_{329} eY_{456}. Os asteriscos indicam resíduos idênticos; pontos indicam resíduos fortemente conservados e dois pontos os resíduos conservados. As retas pretas representam as regiões de fita β (numeradas sequencialmente) e as barras indicam as α-hélices.