

229

ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DO GENE FHUA, O QUAL ESTÁ RELACIONADO À UTILIZAÇÃO DE SIDERÓFORO, DE ESTIRPES DE BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM E B. ELKANII. Adriana Ambrosini da Silveira, Adriana Giongo, Luciane Maria Pereira Passaglia (orient.)

(UFRGS).

Bactérias do gênero *Bradyrhizobium* são de grande importância na agricultura, uma vez que elas fixam nitrogênio em simbiose com a soja. No Brasil, duas espécies, *B. japonicum* e *B. elkanii*, têm sido utilizadas em conjunto como inoculantes nessa leguminosa. O ferro, por sua vez, é um metal essencial para diversas atividades metabólicas em todos os organismos. Alguns microrganismos possuem a capacidade de captar este elemento do ambiente, através de uma molécula chamada sideróforo. Sideróforos (do grego, *carreadores de ferro*) são agentes quelantes específicos do íon férrico e são produzidos por microrganismos em situações de baixa disponibilidade desse metal no ambiente. Estirpes de *B. japonicum* e *B. elkanii* que possuam genes funcionais para síntese e a utilização de sideróforos são, possivelmente, mais competitivas e eficientes na fixação biológica de nitrogênio. A identificação de genes relacionados à utilização dessas moléculas, como *fhuA*, é importante para o entendimento deste mecanismo nessas bactérias. Sequências de genes *fhuA* de diversos microrganismos, disponíveis no GenBank, foram alinhadas e duas regiões conservadas foram utilizadas para a construção de oligonucleotídeos iniciadores, os quais foram utilizados em reações de amplificação em cadeia (PCR). Os DNAs de duas estirpes de *B. elkanii* (isolado A26 e SEMIA 587) e de duas estirpes de *B. japonicum* (isolado B34 e SEMIA 5079) foram utilizados como molde nas reações. As amplificações resultaram em uma banda de tamanho esperado de aproximadamente 460 pb em todos os DNAs utilizados. Esses fragmentos foram clonados no vetor pGEM-T (Promega). A confirmação das clonagens foi obtida após a extração de DNA plasmidial dos clones recombinantes através da clivagem destes DNAs com endonucleases de restrição e PCRs com os iniciadores específicos. Os plasmídeos que confirmaram a presença do inserto esperado estão sendo seqüenciados. As seqüências obtidas serão comparadas com as seqüências de genes *fhuA* conhecidas. (PIBIC).