457

CARACTERIZAÇÃO DE GENES RELACIONADOS À CAPTAÇÃO DE SIDERÓFOROS, FHUA E FEGA, EM ESTIRPES DE BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM E B. ELKANII.

Adriana Ambrosini da Silveira, Adriana Giongo, João Ruy Jardim Freire, Maria Helena Bodanese Zanettini, Luciane Maria Pereira Passaglia (orient.) (UFRGS).

Embora o ferro seja um dos elementos mais abundantes na natureza, ele comumente se apresenta como Fe³⁺ na forma de hidróxidos insolúveis em pH fisiológico. Muitas plantas e microrganismos utilizam o sistema de captação de ferro via sideróforo, uma molécula de baixo peso molecular capaz de quelar o íon férrico em situações de baixa disponibilidade desse metal no ambiente. O reconhecimento e a captação do complexo sideróforo-Fe³⁺ pela célula, requer a participação de receptores e transportadores de membrana, tais como as proteínas FhuA e FegA. Estirpes de Bradyrhizobium japonicum e B. elkanii, fixadoras de nitrogênio em simbiose com soja, que possuam genes funcionais para a utilização de sideróforos são, possivelmente, mais competitivas e eficientes quanto à nodulação na planta. Duas regiões conservadas de sequências de genes *fhuA* de diversos microrganismos, disponíveis no GenBank, foram utilizadas para a construção de oligonucleotídeos iniciadores usados em reações de amplificação em cadeia (PCR) para o gene fluA. Os primers utilizados para fegA foram obtidos na literatura correspondente à identificação desse gene na estirpe 61A152 de B. japonicum. Os DNAs de estirpes padrão de B. elkanii (SEMIA 587 e 5019) e de B. japonicum (SEMIA 5079 e 5080), utilizadas comercialmente como inoculantes no Rio Grande do Sul, foram usados como molde nas reações. Bandas de tamanho esperado, aproximadamente 460 pb para *fhuA* e 400 pb para fegA, foram clonadas no vetor pGEM-T (Promega) e seqüenciadas. A alta identidade entre fhuA e fegA, observada em banco de dados, assim como a grande similaridade apresentada entre as sequências obtidas em ambos os genes, indicam a presença de apenas um desses dois tipos de receptores de membrana externa nas linhagens de bradirrizóbios analisadas. (PIBIC).