

ANÁLISE DE GENES RELACIONADOS AO METABOLISMO DE URÉIA E SALICINA EM
AZOSPIRILLUM AMAZONENSE

Tiago Ebert Fritsch, Ricardo Cecagno, Irene Silveira Schrank
Centro de Biotecnologia do Rio Grande do Sul- Cbiot

O gênero *Azospirillum* compreende bactérias diazotróficas que estão associadas com gramíneas. As espécies deste gênero têm sido estudadas devido a sua capacidade de promover o crescimento vegetal. O sequenciamento do genoma de *Azospirillum amazonense*, realizado pelo nosso laboratório, identificou a presença de genes relacionados ao metabolismo de uréia e de salicina, conferindo a esta espécie a propriedade de crescer em fontes alternativas de nitrogênio e carbono, respectivamente.

Estudos de regulação da expressão gênica demonstraram que a fixação do nitrogênio ocorre apenas em condições especiais devido ao grande gasto energético por parte do microrganismo, uma destas condições é a baixa disponibilidade de nitrogênio intracelular. Portanto a utilização de fertilizantes nitrogenados, como a uréia, inibe a fixação biológica, além de possuir altos custos e causar danos ambientais. A metabolização da salicina é realizada por uma enzima da família das β -glicosilase, que hidrolisa a conversão de salicina em glicose permitindo que a bactéria utilize salicina como fonte alternativa de carbono em condições de estresse. Este trabalho tem como objetivo compreender o processo de metabolização de uréia e salicina em *A. amazonense*, já que não existem na literatura trabalhos relacionados a estudos de urease no gênero *Azospirillum* e a presença de genes que codificam proteínas para utilização de salicina somente foi descrita na espécie *Azospirillum irakense*.

Os resultados obtidos demonstraram que a organização dos genes que codificam a urease e proteínas acessórias difere entre as espécies do gênero, sendo que *A. brasilense* e *A. B510* possuem um gene codificante para glutamato racemase entre os genes *ureC* e *ureE* não encontrado em *A. amazonense*. Considerando a análise do cluster de genes da salicina a organização é bem conservada entre *A. amazonense* e *A. irakense*. Dando prosseguimento ao trabalho vamos tentar elucidar a regulação da expressão destes genes por meio de RT-PCR.

Financiamento: CNPq e FAPERGS