

**CLONAGEM E SEQÜENCIAMENTO DA REGIÃO DO GENOMA DE *AZOSPIRILLUM BRASILENSE* CORRESPONDENTE AOS GENES *NIFENX*.** Deise P. Potrich, L. M. Berrutti, A. G. Fraga, I. S. Schrank e L. M. P. Passaglia. (Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS.)

A. BRASILENSE é capaz de um crescimento diazotrófico pela utilização de uma Nitrogenase dependente de Molibdênio. A Nitrogenase, o complexo enzimático que catalisa a conversão do nitrogênio à amônia, é composta por dois componentes: a Fe-proteína e MoFe-proteína. A MoFe-proteína é um tetrâmero formado por quatro grupamentos [4Fe-4S] e dois cofatores FeMo. Pelo menos seis genes *nif*, *nifQ*, B, V, E, N, H, estão envolvidos na formação do cofator FeMo. Os genes *nifN* e *nifE* de A. BRASILENSE foram isolados e parcialmente seqüenciados. Estes genes estão organizados como um único operon, juntamente com o gene *nifX* e uma *orf* (*orf3*). O operon *nifENXorf3* muito provavelmente é regulado pela proteína ativadora *NifA*, devido a presença de uma seqüência típica de ligação desta proteína, localizada na região anterior ao sítio promotor do operon. O produto do gene *nifX* exerce uma ação regulatória negativa sobre os demais genes *nif* em resposta a concentrações de NH<sub>3</sub> e O<sub>2</sub> do meio. Em A. BRASILENSE é provável que o operon *nifENXorf3* contenha outras *orfs* entre o gene *nifX* e a *orf3*, devido ao espaço existente entre estes genes. (CNPq e FAPERGS)