

**ESTUDOS COMPARATIVOS DA ORGANIZAÇÃO DOS GENES *GLNB* E *GLNA* ENTRE DUAS ESPÉCIES DO GÊNERO *AZOSPIRILLUM*.** Stumpf PP, Campos S, Schrank I., Passaglia L. (Centro de Biotecnologia, Deptos de Genética e de Biologia Molecular e Biotecnologia, IB-UFRGS).

Bactérias diazotróficas, dentre as quais encontra-se o gênero *Azospirillum*, são capazes de realizar a fixação biológica do nitrogênio, um processo bastante elaborado, que culmina na conversão do nitrogênio molecular em formas biologicamente ativas e capazes de serem absorvidas pelas plantas. Esse processo é muito bem regulado e envolve vários genes, cujos produtos atuam em cascata, respondendo às variações de oxigênio e nitrogênio da célula. A proteína PII, produto do gene *glnB*, é extremamente importante, visto que atua como um sensor da disponibilidade de nitrogênio, permitindo que, na ausência desse, o processo siga até a produção de uma nitrogenase ativa, enzima responsável pela conversão do nitrogênio em amônia. *A. amazonense* tem-se mostrado interessante pela sua associação preferencial com cana-de-açúcar e pela utilização de sacarose como fonte de carbono. Tem sido observado que diversas bactérias apresentam os genes *glnB* e *glnA* organizados em um operon, como é o caso de *A. brasilense*. Com o objetivo de compararmos a organização do operon *glnB-glnA* entre *A. brasilense* e *A. amazonense* foram construídos oligonucleotídeos baseados em seqüências conservadas de diversas bactérias e utilizados em uma reação de PCR. Um produto de amplificação de ~ 700 pb, correspondendo ao fragmento esperado, foi obtido para *A. brasilense*. No entanto, *A. amazonense* apresentou um padrão de bandas de amplificação bem diferente, onde nenhuma delas correspondeu ao fragmento esperado. Dados de hibridização, usando como sonda o fragmento de 700 pb amplificado de *A. brasilense* revelaram, igualmente, um padrão de bandas distinto entre os DNAs das duas espécies clivados com diferentes enzimas. O isolamento da região correspondente ao gene *glnB* de *A. amazonense* será extremamente importante para determinarmos a organização desta região no genoma da bactéria em estudo. (Fapergs).