

Cofatores ferro-enxofre [Fe-S] são espécies químicas amplamente distribuídas na natureza, cuja versatilidade habilita-os a participar de inúmeros processos biológicos. Dada a toxicidade de Fe e S livres, os organismos vivos utilizam maquinarias especializadas na biossíntese e no transporte de cofatores [Fe-S]. Há grande interesse na identificação de novas proteínas capazes de atuar em estágios intermediários do metabolismo [Fe-S]; assim, este trabalho investiga o genoma da bactéria *Azotobacter vinelandii*, organismo modelo nesse campo de pesquisa, buscando novos membros dedicados à biologia geral de grupamentos [Fe-S]. O estudo baseia-se em algoritmos de predição de motivos conservados de aminoácidos e na determinação de sítios de ligação ao elemento regulatório [Fe-S] IscR, com o auxílio de matrizes de probabilidade. Um ramo experimental do trabalho avalia ainda o papel do RNA não-codificante *arrF*, regulado pelo elemento responsivo ao ferro Fur, na expressão de genes do metabolismo [Fe-S]. O perfil proteico de células sem o gene *fur* e com a expressão de *arrF* controlada por promotor de arabinose é determinado por eletroforese bidimensional. A aplicação dos recursos acima descritos gerou uma lista completa de proteínas [Fe-S] de *A. vinelandii* com unidades de transcrição estimadas e análises de função, homologia e interações proteína-proteína. Além disso, a montante de dez genes identificou-se motivos de ligação a IscR estatisticamente significativos. Esses elementos foram extensivamente investigados, sete deles codificando polipeptídeos não-caracterizados ou hipotéticos. Com relação a *arrF*, todas as construções genéticas foram obtidas com sucesso e, atualmente, os primeiros géis bidimensionais estão sendo produzidos. De modo geral, os resultados obtidos até o momento agregam conhecimento ao estudo de cofatores [Fe-S] e propiciam uma nova ferramenta de referência para futuras investigações práticas.