

A bactéria diazotrófica *Azospirillum amazonense* promove o crescimento de plantas de importância econômica e, portanto, pode ser uma alternativa sustentável à produção agrícola. Visto que o solo é um ambiente variável em relação à disponibilidade de nutrientes, as bactérias que o habitam são adaptadas geneticamente para suportar situações de restrição nutricional. O nitrogênio é um elemento essencial para os seres vivos, portanto trabalhos que visem entender os mecanismos de resposta de *A. amazonense* à privação desse nutriente são relevantes. As proteínas PII compõem uma superfamília de proteínas de transdução de sinal envolvidas no metabolismo do nitrogênio. Estas pequenas proteínas são altamente conservadas e amplamente distribuídas em procariotos. Nosso grupo de estudo isolou e caracterizou dois genes parálogos de *A. amazonense* que codificam para proteínas PII: *glnK* e *glnB*. Entretanto, a análise do genoma revelou um terceiro gene que codifica para uma outra proteína PII. Este gene está localizado a jusante do gene *amtB*, organização gênica usualmente observada em procariotos. Através da reconstrução filogenética por *Neighbor-Joining* observou-se que a proteína deduzida deste gene agrupa-se no mesmo clado de proteínas GlnK, portanto foi denominada GlnK2.

O presente trabalho visa entender o papel do gene *glnK2* na resposta de *A. amazonense* à limitação de nitrogênio e quais seriam os elementos responsáveis por sua expressão.

Através da técnica *Genome Walker*, isolou-se uma região parcial de 500 pb à montante do gene *amtB* que será seqüenciada e analisada por ferramentas de bioinformática. Com o objetivo de analisar o papel fisiológico do gene *glnk2*, está sendo construído um mutante nulo para o gene visando caracterizar o fenótipo mutante.