

A bactéria *Azospirillum amazonense* promove o crescimento de plantas de importância econômica através da fixação de N₂ e produção de fitormônios. Essas características conferem potencial para reduzir a utilização de fertilizantes nitrogenados na agricultura, os quais podem transformar-se em perigosos poluentes. A fixação é custosa para a bactéria, sendo controlada em diferentes níveis. Foram isolados fragmentos de genes de *A. amazonense* (técnica de cDNA-RDA) transcritos em condições de limitação de nitrogênio. Os genes-alvo deste trabalho são homólogos a *rpoH* e *relA*. Em *Escherichia coli*, *rpoH* codifica σ^{32} , um fator de transcrição para genes ligados ao choque térmico, enquanto *relA* sintetiza ppGpp, um mediador da resposta estrigente, fundamental em momentos de estresse nutritivo. Este trabalho tem como objetivo o isolamento das regiões codificadora e reguladora pela técnica GenomeWalker determinando os elementos cis-atuantes de resposta à falta de nitrogênio. Foi isolado o gene *rpoH* completo e 31pb de regiões 5' adjacentes, impossibilitando a identificação de promotores. A região à jusante do gene *rpoH* contém um homólogo a genes que codificam proteínas contendo repetições de pentapetídeos, atribuídas à resistência de antibióticos com ação na DNA girase. Foram isolados 271pb e 1337pb da região reguladora e codificante do gene *relA*. A porção 3' deste está sendo isolada. A análise da região à montante identificou um provável promotor dependente do fator transcricional σ^{54} , associado a promotores regulados em função da disponibilidade de nitrogênio. Finalmente, serão avaliadas, através de RT-PCR semi-quantitativo, as condições que propiciam a expressão desse gene em *A. amazonense*. (PIBIC).