

the world. Recently, human cases have been described. In Brazil, outbreaks of these parasites have been reported in several states from north to south. The differential diagnosis is not efficient and there is no differential field test to be used. Thus using the proteomic approach, we began the study of proteins differentially expressed in each of the parasites. The aim of this study is to identify proteins expressed by *T. evansi* trypomastigotes in mouse experimental infections, with emphasis in the identification of potential drug targets and differential diagnostic antigens. In a preliminary proteomic survey using LC/MS/MS, 33 proteins from *T. evansi* trypomastigotes were identified and assigned to COG functional groups, with most of them belonging to the group of cellular processes and signaling and metabolism proteins. Among the identified proteins there were cyclophilin and cysteine peptidase, which have been described as virulence factors and potential drug targets in other trypanosomatids, for being involved in parasite growth and survival in mammalian hosts. Furthermore, we identified several glycolytic enzymes, such as ATP-dependent phosphofructokinase, enolase and glycosomal fructose-bisphosphate aldolase. In *T. evansi* these enzymes are especially important for flagellar movement, a process that is dependent of the environmental glucose concentration. Considering that flagellar movement is essential for parasite infection, glycolytic enzymes also become attractive targets for future studies on their drug target potential. The *T. evansi* proteomic survey will also be extended with the analysis of more trypomastigote samples by both LC/MS/MS and 2DE-MALDI-MS/MS, in order to provide a comprehensive coverage of the repertoire of proteins expressed by this stage of the parasite. For the identification of antigenic proteins with potential for use in “surra” immunodiagnosis, we will also perform 2DE-immunoblots with sera from animals infected with *T. evansi* trypomastigotes.

Supported by: CNPq, Finep and Fapesp.

*Fellowship from CNPq.

¹Universidade do Estado de Santa Catarina, Laboratório de Bioquímica de Hemoparasitas e Vetores, Av Luiz de Camões, 2090, CEP 88520-000, Lages, SC, Brasil.

E-mail miletti@cav.udesc.br

²Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Centro de Biotecnologia, Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional, Porto Alegre, RS, Brasil.

Detecção de polimorfismos do gene da proteína priônica no rebanho ovino nacional: métodos e aplicabilidade à seleção para resistência ao Scrapie*

Detection of polymorphism of the prion protein gene in national sheep flock: method and applied for selection and resistance to Scrapie

Santos, C. R.¹; Mori, E.²; Leão, D. A.³; Maiorka, P. C.¹

Scrapie ou paraplexia enzoótica dos ovinos é uma doença neurodegenerativa fatal que acomete ovinos e raramente caprinos. O agente causador é chamado de príon (PrP^{Sc}), uma forma alterada da proteína priônica normal (PrP^C). A PrP^C está presente na membrana celular de diversas células dos animais, principalmente no SNC. A infecção pelo PrP^{Sc} pode ocorrer mais comumente por três formas: hereditariedade, consumo de alimentos oriundos de animais portadores da PrP^{Sc} ou por eventuais polimorfismos. Os polimorfismos ocorrem nos códons 136, 154 e 171 do gene PRNP, que é o responsável pela síntese da proteína priônica. Os animais podem ser susceptíveis ou resistentes, de acordo com as

seqüências alélicas observadas nos referidos códons. São considerados altamente susceptíveis ao scrapie, animais que apresentem no seu genótipo a combinação VRQ para o gene PRNP, independente do outro alelo. São considerados como susceptíveis ao scrapie, ovinos que apresentem no seu genótipo a combinação alélica ARQ, AHQ, ou ARH para o gene Prnp. São considerados resistentes ao desenvolvimento de scrapie os ovinos que apresentem no genótipo dois alelos ARR. No Brasil, ocorreram apenas casos de animais que foram importados, sendo o País considerado livre da doença. Neste trabalho, foi realizada a genotipagem dos diferentes polimorfismos associados ao desenvolvimento do Scrapie e a categorização em animais susceptíveis e resistentes. Foram sequenciadas 118 amostras provenientes de ovinos nacionais da raça Santa Inês. Dessas amostras, foram identificados seis alelos e 11 genótipos (ARQ/ARQ, ARR/ARQ, ARQ/AHQ, ARQ/VRQ, AHQ/AHQ, ARR/ARR, ARR/AHQ, VRQ/VRQ, ARQ/TRQ, TRR/TRR, TRQ/TRQ), dentre os quais o genótipo ARQ/ARQ teve prevalência de 56,7%. Apenas 1,69% das amostras analisadas possuem o genótipo ARR/ARR, considerado resistente à doença. Em nove amostras, pôde ser observada a presença da Tirosina no códon 136, culminando com os seguintes genótipos: A/T e T/T. Até o presente momento, esses polimorfismos só foram descritos em publicações internacionais e são considerados como observações raras. Esse é o primeiro relato nacional e o primeiro relato envolvendo a raça Santa Inês. O efeito na susceptibilidade ou resistência nos animais portadores da homozigose T/T no códon 136 ainda não está totalmente elucidada, já a heterozigose A/T não altera a susceptibilidade à doença. Esses resultados apresentam grande variabilidade genética relacionada à raça Santa Inês e a baixa frequência do alelo ARR no rebanho nacional demonstra que programas de melhoramento genético envolvendo a raça Santa Inês devem ser adotados para aumentar a resistência ao desenvolvimento da doença.

*CNPQ Edital: 064/2008

¹Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Departamento de Patologia, Laboratório de Neuropatologia Experimental e Comparada, Av. Prof. Dr. Orlando Marques de Paiva 87, CEP 05508-270, São Paulo, SP, Brasil.

E-mail: caio-patologia@usp.br

²Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, São Paulo, SP, Brasil.

³Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Departamento de Cirurgia, São Paulo, SP, Brasil.

Determinação de microorganismos responsáveis pela deterioração em carnes refrigeradas embaladas a vácuo*

Determination of microorganisms responsible for deterioration in vacuum packed chilled meat

Fornazari, A. C. Z.¹; Contreras-Castillo, C. J.¹; Porto, E.¹; Macedo, M. L. H.²; Junqueira, V. C. A.³; Kabuki, D. Y.⁴

O estufamento de embalagens a vácuo de carnes refrigeradas, também conhecido como *blown pack*, é atribuído a bactérias psicrófilas e psicrotróficas, dentre as quais fazem parte algumas espécies de clostrídios e enterobactérias. Essa deterioração é caracterizada pela intensa distensão da embalagem, levando à produção de gases e odores desagradáveis. O objetivo deste trabalho