

ANÁLISE DA VARIABILIDADE DAS SEQÜÊNCIAS (ORFs) QUE CODIFICAM AS PROTEÍNAS SELECIONADAS EM DIFERENTES ISOLADOS DE *Mycoplasma hyopneumoniae*

Manuela Peletti-Figueiró (PROBIC/FAPERGS), Sergio Echeverrigaray - Deptº de Ciências Biológicas/Centro de Ciências Biológicas e da Saúde/UCS - lelafigueiro@yahoo.com.br

Esse estudo integra o Projeto Genoma Sul, o qual é constituído de uma rede de laboratórios associados do RS, PR e SC. O Progenesul têm como objetivo geral à expressão, purificação e análise do potencial de antígenos *M.hyopneumoniae*, para o desenvolvimento de teste imunodiagnóstico e vacina, bem como a análise da variabilidade antigênica de seus isolados. Nesse sentido, o trabalho apresenta como objetivo específico o sequenciamento e análise do genoma desse microrganismo em conjunto com os demais participantes da rede. *M.hyopneumoniae* é considerado como o agente causal de disfunções respiratórias graves em suínos, fato que tem contribuído drasticamente para a redução das criações de porcos na região Sul do Brasil, já que esta é responsável por 81,9% da produção desses animais no país. Esse patógeno coloniza o trato respiratório superior de porcos, causando danos na mucosa ciliar e conseqüentemente uma diminuição na função mucociliar do aparelho respiratório. Essa perda provoca a imunodeficiência do animal e conseqüentemente respostas inflamatórias crônicas que resultam na pneumonia enzoótica. *M.hyopneumoniae* apresenta membrana rica em proteínas com alto nível de variabilidade, as quais são responsáveis por induzir uma resposta imune humoral no hospedeiro característica de cada linhagem. Esse fato se agrava com a variabilidade genética encontrada em sequenciamentos de diferentes espécies de Mycoplasma, as quais apresentam posições sítio-específica diferenciadas para a mesma ORF, fato o qual também é esperado para distintas linhagens de *M.hyopneumoniae*. Muitos de seus antígenos humorais já tem sido caracterizados e seus genes clonados na tentativa de identificar os componentes da superfície, os quais apresentam papel inicial na colonização de *Mycoplasma hyopneumoniae*. As amostras utilizadas representam uma cepa patogênica (7448) isolada em Lindóia do Sul (SC) e outra não patogênica (ATCC 25.934), as quais em estudos preliminares apresentaram diferenças significativas em relação as ORFs codificadoras de enzimas e proteínas de membrana. A construção do banco genômico já foi realizada, e o sequenciamento dos diferentes isolados está sendo realizado pelo Método de Shotgun, visando à análise da possível conservação e/ou variabilidade das seqüências selecionadas. Posteriormente, será realizada a montagem dos genomas e suas análises comparativas, assim como a caracterização dos isolados quanto à presença dos antígenos por Western blot.

Palavras-chave: *Mycoplasma hyopneumoniae*, sequenciamento, ORFs

Apoio: UCS, FAPERGS