

## GGM 45

**UTILIZACIÓN DE LA PROTEÍNA EMA-2 RECOMBINANTE DE *Theileria equi* EN PRUEBAS DE INMUNODIAGNÓSTICO**

Menegon Y.A.<sup>1</sup>, A.M. Vianna<sup>1</sup>, A.P.S. Stori de Lara<sup>2</sup>, G.B. Weege<sup>2</sup>, R.C. Cunha<sup>1</sup>, F.P.L. Leite<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Núcleo de Biotecnología, Centro de Desenvolvimento Tecnológico, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil. <sup>2</sup>Programa de Pós-graduação em Parasitologia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil. Email: yasminealves27@gmail.com

La theileriose equina, enfermedad endémica en Brasil, es una periplasmose causada por el protozooario intraeritrocitario, *Theileria equi*. Esta enfermedad provoca pérdidas asociadas a factores clínicos como restricción al tránsito de equinos seropositivos. El diagnóstico y la prevención de esa enfermedad se hacen necesarios en áreas endémicas y no endémicas debido a la diseminación de los vectores (garrapatas) del protozooario y de su alta prevalencia. Distintas plataformas de ELISAs han sido desarrolladas con el empleo de antígenos recombinantes. La proteína de superficie EMA-2 de merozoito es liberada en el citoplasma y en la membrana del eritrocito, sugiriendo ser uno de los primeros antígenos reconocidos por el sistema inmune. El objetivo de este estudio fue evaluar la proteína EMA-2 de *Theileria equi*, expresada en *Pichia pastoris*, como inmunobiológico. Una vez hecha la expresión de la glicoproteína EMA-2 (rEMA-2) se probó la inmunogenicidad de la misma en ratones previamente vacunados. Fueron utilizados 10 ratones, hembras de linaje BALB/c separadas en dos grupos. El grupo 1 recibió 150 µL de PBS 1x, el grupo 2 recibió 150 µL de vacuna conteniendo 50 µL de la proteína rEMA-2 por vía sub cutánea, en los días 0 y 14. Se hizo la colecta de sangre vía retro orbital en los días 0, 14, y 28. La proteína demostró inmunogenicidad en ELISA la cual fue sensibilizada con 200 ng de rEMA-2 por pocillo. Concluyese en este estudio que la proteína rEMA-2 es antigénica e inmunogénica, pudiendo ser usada en pruebas de inmunodiagnóstico.

## GGM 46

**ANALYSIS OF BACTERIAL DIVERSITY IN MAIZE RHIZOSPHERE AND BULK SOIL USING DGGE AND 454-PYROSEQUENCING OF THE 16S RRNA GENE**

Federici M.T.<sup>1</sup>, N. Bajsa<sup>2</sup>, P. Lagurara<sup>2</sup>, S. Revale<sup>3</sup>, C. Leoni<sup>1</sup>, J. Marcondes<sup>4</sup>, M. Dalla Rizza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad de Biotecnología, Estación Experimental Wilson Ferreira Aldunate, Las Brujas, INIA, Canelones, Uruguay. <sup>2</sup>Laboratorio de Ecología Microbiana, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay. <sup>3</sup>Instituto de Agrobiotecnología Rosario (INDEAR), Plataforma de Genómica y Bioinformática, CCT Rosario, Argentina. <sup>4</sup>Laboratório de Genética Aplicada, Departamento de Biología Aplicada à Agropecuária, Univ. Estadual Paulista, Jaboticabal, São Paulo, Brazil. Email: mfederici@inia.org.uy

Management practices used in maize production have an impact on soil agroecosystem where different microbial communities coexist. Bacteria inhabiting soil are numerous and diverse, but we know very little about their ecological distribution. Here we analyzed the bacterial community diversity in three environments: the rhizosphere of two transgenic maize cultivars grown in Uruguay, agricultural soil and non-cultivated bulk soil near the experimental site. We followed two metagenomic approaches: DGGE (denaturing gradient gel electrophoresis) and 454-pyrosequencing of 16S rRNA gene. Through pyrosequencing, the three environments analyzed differentiated in terms of bacterial composition. However, no differences were found in the relative abundance of the ten most represented phyla in the rhizosphere of the two cultivars at different phenological stages. We found significant differences of Bacteroidetes, Gemmatimonadetes, Planctomycetes, Proteobacteria and Verrucomicrobia phyla, comparing agricultural and non-cultivated bulk soils. Also we found a significant enrichment of members of the phylum Gemmatimonadetes in all rhizosphere samples compared to bulk soil ones. Through DGGE analysis rhizosphere bacterial communities of maize changed at different phenological stages in both cultivars. Through this study, we provide baseline information about bacterial specific taxa within maize agroecosystem for further evaluation of possible rhizosphere bacterial community shifts of genetically modified maize cultivars under different management practices.