



<b>Evento</b>	XXI FEIRA DE INICIAÇÃO À INOVAÇÃO E AO DESENVOLVIMENTO TECNOLÓGICO – FINOVA/2012
<b>Ano</b>	2012
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS PROVENIENTES DO RIM, PÂNCREAS, PULMÃO, BAÇO, AORTA E GORDURA DE CAMUNDONGOS
<b>Autores</b>	RÉGIS LINHARES OLIVEIRA Pedro Cesar Chagastelles PATRICIA HELENA LUCAS PRANKE
<b>Orientador</b>	PATRICIA HELENA LUCAS PRANKE

## **ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS PROVENIENTES DO RIM, PÂNCREAS, PULMÃO, BAÇO, AORTA E GORDURA DE CAMUNDONGOS.**

Oliveira, Régis<sup>1,2</sup>; Chagastelles, Pedro<sup>2,3</sup>; Pranke, Patricia<sup>1,3,4</sup>

1 Laboratório de Hematologia e Células-tronco, Faculdade de Farmácia, 2 Faculdade de Medicina Veterinária, 3 Programa de Pós Graduação em Ciências Materiais; Universidade Federal do Rio Grande do Sul; 4 Instituto de Pesquisa com Células-tronco; Porto Alegre, RS, Brasil.

As células-tronco mesenquimais (CTMs) têm sido o alvo de diversos estudos científicos devido a sua facilidade de obtenção e alto potencial terapêutico. Entretanto, as características biológicas desse tipo celular ainda não são completamente conhecidas. Recentemente, foi descoberto um papel importante dessas células na regulação e modulação da resposta imune, com capacidade de interação com diversas outras células do sistema imune. O mecanismo pelo qual as CTMs desempenham esse papel está relacionado com um conjunto de fatores que elas secretam, também conhecido como efeito parácrino. O objetivo do presente trabalho foi isolar células-tronco mesenquimais do rim, pâncreas, pulmão, baço, aorta e gordura de camundongos C57BI/6 e caracterizá-las quanto aos marcadores de superfície e potencial de diferenciação adipogênico e osteogênico *in vitro*. Adicionalmente, realizou-se a análise da expressão de genes envolvidos na resposta imune para o melhor entendimento dos mecanismos utilizados pelas CTMs na regeneração tecidual. Os resultados obtidos até o momento mostram que as células isoladas apresentaram morfologia típica de CTMs logo após o isolamento, a qual foi mantida durante as passagens subsequentes. Os marcadores de superfície celular foram analisados por citometria de fluxo entre a quarta e quinta passagens das culturas celulares e mostraram que as células em cultura não expressaram marcadores típicos de macrófagos (CD11b), células endoteliais (CD31) e células do sistema imune (CD45). No entanto, as células expressaram CD44, CD90.2 e Sca-1 mostrando uma frequência de expressão variada. A expressão do marcador CD90.2 esteve presente entre 70,1 e 98,3% das células na maioria dos tecidos analisados, com exceção do rim, que apresentou apenas 5,6% de células positivas para esse marcador. O marcador Sca-1 foi positivo em 77,5% das células provenientes do pâncreas, porém esteve presente em apenas 4,8% das CTMs do pulmão. Nos demais órgãos, a quantidade de células positivas permaneceu entre 17 e 51%. Todos os tecidos analisados expressaram CD44

entre 20,6 e 33,1% das células. As células em cultura estudadas a partir dos seis tipos de órgãos diferenciaram-se eficientemente em osteoblastos após três a quatro semanas no meio de diferenciação osteogênico. As culturas submetidas ao meio de indução adipogênico mostraram variações na capacidade da diferenciação. As células provenientes do tecido adiposo, pulmão e rim diferenciaram-se mais facilmente em osteoblastos quando comparadas às células isoladas da aorta, pâncreas e baço. Além disso, resultados preliminares mostram que as CTMs expressam receptores de superfície relacionados com o reconhecimento de patógenos (Toll-like receptor-3 e -4) nas culturas provenientes do pâncreas e pulmão. Adicionalmente, realizou-se a padronização das reações de PCR quantitativo para os genes beta-actina, óxido nítrico-sintase induzível, metaloproteinase 2 da matriz, interleucina-6 e CD274. A análise da expressão desses genes, nas células isoladas dos diferentes órgãos, está em andamento. Com os resultados obtidos até o momento, conclui-se que foi possível isolar as células-tronco mesenquimais de diferentes tecidos e órgãos de camundongos, bem como realizar as análises dos marcadores de superfície e a padronização do PCR quantitativo, os quais irão ajudar a entender os mecanismos de ação dessas células na modulação da resposta imune. Suporte financeiro: CNPq, CAPES, FAPERGS, SEDETEC/UFRGS e Instituto de Pesquisa com Células-tronco.