

254

ANÁLISE DO REPERTÓRIO DE TCR EM CAMUNDONGOS BALB/c NORMAIS E TRATADOS COM HIDROXIURÉIA. *Fabiola Villanova**, *Nance Beyer Nardi*, *José Artur Bogo Chies* (Depto de Genética, Lab. de Imunogenética UFRGS e * Universidad Nacional de Misiones, Argentina)

Nos linfócitos B as moléculas que fazem o reconhecimento do antígeno são os anticorpos ou imunoglobulinas. O linfócito T, por outro lado, reconhece o antígeno apresentado pelas moléculas do MHC, este reconhecimento é feito através de um receptor de superfície denominado receptor de célula T (T-Cell Receptor ou TCR). O TCR é formado por duas cadeias polipeptídicas, cada uma destas apresentando uma porção variável e outra constante. A porção variável é formada por distintos segmentos gênicos denominados: V (variável), D (diversidade) e J (junção). A cadeia a é composta por segmentos V e J; a cadeia b por segmentos V, D e J. Uma das fontes de diversidade do TCR é a existência de diversos fragmentos gênicos ao nível de DNA que codificam para os segmentos V D e J. Por recombinação somática, segmentos específicos V (D) J são reunidos entre si, este rearranjo é feito ao acaso e junto com outras fontes de diversidade, determina a formação de um amplo repertório de TCRs. Neste trabalho a reação em cadeia da polimerase (PCR) foi utilizada para determinar o repertório de TCRs expresso em camundongos BALB/c. Utilizando 24 "primers", cada um deles específico para uma família gênica Vb, pode-se fazer uma análise semi-quantitativa do uso de cada segmento. Desta forma podemos estabelecer o repertório de TCRs utilizado em camundongos BALB/c adultos normais. Dados preliminares indicam que esta metodologia pode ser utilizada para a determinação dos padrões de utilização de segmentos Vb em camundongos. A seqüência deste trabalho reside na análise do repertório de TCRs em diferentes etapas do desenvolvimento do camundongo e em camundongos tratados com a droga citotóxica hidroxiuréia.