

## Supressão dos sinais indesejados em espectros de HR-MAS de células tumorais de mama através do método de diagonalização filtrada

Roberta Manzano Maria<sup>1</sup>; Tiago Bueno de Moraes<sup>2</sup>; Claudio José Magon<sup>3</sup>; Wanessa Fernanda Altei<sup>2</sup>; Adriano Defini Andricopulo<sup>3</sup>; Luiz Alberto Colnago<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Aluna de doutorado em Química, Instituto de Química de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Carlos, SP, rommaria@iqsc.usp.br;

<sup>2</sup>Aluno de doutorado em Física, Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Carlos, SP;

<sup>3</sup>Professor, Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Carlos, SP;

<sup>4</sup>Pesquisador, Embrapa Instrumentação, São Carlos, SP.

Uma das ferramentas mais utilizadas atualmente na análise de metabólitos e das características da composição de cultura celular é a ressonância magnética nuclear. Essa investigação por RMN é feita em células intactas ou em extrato de cultura de células. A técnica de RMN não é destrutiva, sendo vastamente utilizada na pesquisa química em geral como técnica de caracterização, e que permite a determinação de perfis metabólicos com satisfatória precisão, devido à grande quantidade de informações que fornece a respeito da amostra em questão. A RMN de Alta Resolução com Giro no Ângulo Mágico (HR-MAS, *High Resolution Magic Angle Spinning*), é uma técnica empregada na análise de amostras heterogêneas, que alia as vantagens da RMN do estado sólido às do estado líquido, reduzindo os inconvenientes ligados à manipulação da amostra e fornecendo uma resolução espectral semelhante aquela encontrada nos líquidos. Desta forma, este estudo consiste em avaliar o uso da técnica de HR-MAS como método eficaz e rápido para estudo dos metabólitos e analisar as alterações metabólicas em cultura de células tumorais, bem como as resultantes com tratamento com o ácido linoléico conjugado (CLA). Isto porque, o CLA é um ácido graxo encontrado principalmente na carne de animais ruminantes, e tem potenciais efeitos benéficos na saúde humana, entre eles a possível ação contra alguns tipos de cânceres. Foi possível a visualização de uma grande quantidade de sinais correspondentes a pequenas moléculas presente em culturas celulares através da HR-MAS. No entanto, quando o objetivo da análise de materiais biológicos for observar e analisar os sinais provenientes de moléculas pequenas, torna-se necessário eliminar os sinais provenientes dos componentes rígidos encontrados na membrana celular (lipídios e pequenas proteínas), que possuem tempo de relaxação transversal ( $T_2$ ) curtos e fornecem sinais alargados. A maioria das análises através de HR-MAS de amostras biológicas utiliza a sequência de pulsos CPMG (Carr-Purcell- Meiboom-Gill), com o objetivo de melhorar a resolução espectral obtida. No entanto, neste trabalho de doutorado foi analisado o processamento dos espectros, denominado Método de Diagonalização Filtrada (*Filter Diagonalization Method-FDM*), fazendo com que as anomalias de fase bem como a baixa resolução espectral obtidas fossem minimizadas. Assim a implementação do processamento dos espectros obtidos pelo método de FDM, mostra-se muito promissora, pela obtenção de espectros sem anomalias de fase e com melhor resolução espectral, sendo uma alternativa rápida e robusta mediante a técnica convencional para filtro de  $T_2$ , denominada CPMG.

**Apoio financeiro:** FAPESP.

**Área:** Biotecnologia.