

AVALIAÇÃO MOLECULAR DA EXPRESSÃO DE C-KIT NO SANGUE DE CÃES PORTADORES DE MASTOCITOMAS (APOIO CNPq)

Aluna: Ana Maria Moraes Dias

Orientador: Prof. Dr. José Guilherme Xavier

Curso: Medicina Veterinária

Campus: Indianópolis

Mastocitomas são neoplasmas potencialmente malignos que apresentam expressão do proto-oncogene c-kit, relacionado a eventos como proliferação, migração e diferenciação celulares. Este trabalho objetiva caracterizar a expressão de c-kit no sangue periférico de cães hígidos e de portadores de mastocitomas, avaliando seu potencial como marcador tumoral. Utilizou-se amostras de sangue de cães hígidos e de portadores de mastocitomas, diagnosticados citológica e/ou histopatologicamente e não tratados. Procedeu-se à extração do RNA com o Kit QIAamp[®] RNA Blood Mini kit (QIAGEN), quantificação e confecção do cDNA, com a enzima M-MLV transcriptase reversa e oligonucleotídeos randômicos (*Invitrogen Life Technologies*). Quantificação da expressão do gene c-KIT por PCR em tempo real, em plataforma 7500 *Fast Real-Time PCR System* (*Applied Biosystems*). A expressão do gene c-kit normalizada em relação à expressão do gene controle β 2-microglobulina, com ensaios em duplicata. O nível de expressão de c-kit foi obtido pela quantificação relativa por meio do método $\Delta\Delta$ CT. Foram avaliadas 16 amostras de sangue, sendo 09 de animais hígidos e 07 de portadores de mastocitomas. Utilizou-se a expressão de c-kit nos animais hígidos, presente em todos do grupo, como parâmetro para a interpretação do nível de expressão em pacientes oncológicos. Observou-se expressão do oncogene em todas as amostras de animais hígidos, em contraste ao identificado por Turin et al., 2006, ressaltando-se a superexpressão de c-kit em 60% dos pacientes oncológicos em nossa amostragem. Tais achados sugerem uma potencial

utilidade do parâmetro na detecção de recorrência e doença mínima residual, validando a ampliação da amostragem.