

ANÁLISE DE METILAÇÃO DE ELEMENTOS LINE-1 EM MASTOCITOMAS CANINOS

Autor: Guilherme Bogdanov Giorgini

Orientador: Prof. Dr. Eduardo Fernandes Bondan

Co-orientador: Prof. Dr. Rodrigo Augusto da Silva

As alterações epigenéticas no padrão de metilação em sequências repetidas do DNA são eventos que ocorrem nos estágios que precedem a transformação tumoral. Nas neoplasias, a perda global de metilação do genoma é observada, sugerindo-se que a hipometilação inicia e propaga a carcinogênese. Os elementos LINE-1 representam um tipo de sequência repetitiva que está dispersa ao longo de todo o genoma, sendo o estudo do seu padrão de metilação utilizado na compreensão de muitas doenças de caráter multifatorial. O mastocitoma é uma das mais comuns neoplasias observadas em cães, apresentando diferentes graus de malignidade e classificado de acordo com sua diferenciação histológica. Tendo em vista a atual escassez de dados científicos em relação ao padrão epigenético das neoplasias nos animais domésticos, este estudo propõe verificar se há correlação entre o padrão de metilação dos elementos LINE-1 com os diferentes estadiamentos do mastocitoma canino, que, além de contribuir para a melhor elucidação da fisiopatologia molecular, auxilia também na compreensão da biologia tumoral e no estabelecimento de fatores epigenéticos para o estadiamento. Serão analisadas amostras de tecido sadio e de tecido neoplásico coletado de 50 cães não submetidos a tratamento prévio para a doença. As amostras serão catalogadas em grupos de acordo com as classificações sugeridas por Kiupel e colaboradores e Patnaik e colaboradores. O DNA genômico será extraído a partir das amostras para a determinação do padrão de metilação e a quantificação da expressão gênica de LINE-1 será determinada pela reação em cadeia da polimerase quantitativa em tempo real (qPCR).