



XXXIV ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES,
XVI MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA e
I MOSTRA DE EXTENSÃO: CONEXÕES ENTRE
UNIVERSIDADE E COMUNIDADE.



VALIDAÇÃO DE AMOSTRAS FFPE DE MASTOCITOMA CUTÂNEO CANINO PARA DETECÇÃO MOLECULAR DE MUTAÇÕES NO GENE KIT

Júlia Marques da Silva (Não Bolsista), Brenda Picoli Gheno; Matheus Viezzer Bianchi; Hans Fröder; Cassiane Elisabete Lopes; David Driemeier; Aline Caldart Tregnago; Vitor Braga Rissi, Scheila de Ávila e Silva (Orientador(a))

O mastocitoma cutâneo canino (MCT) é uma das neoplasias de pele mais frequentes em cães e apresenta comportamento biológico variável, tornando importantes as análises moleculares e imuno-histoquímicas para avaliação prognóstica. Entre os marcadores estudados, o gene KIT destaca-se pela associação de mutações, especialmente no éxon 11, com maior proliferação celular e pior prognóstico. Entretanto, amostras fixadas em formalina e incluídas em parafina (FFPE) apresentam limitações para análises moleculares devido à fragmentação do ácido desoxirribonucleico (DNA). O objetivo deste estudo foi validar amostras FFPE de mastocitoma cutâneo canino para detecção molecular de mutações no gene KIT. Foram analisadas 35 amostras provenientes de um laboratório veterinário da Serra Gaúcha, armazenadas entre dois e três anos. Os casos haviam sido previamente classificados por patologista veterinário como grau II ou III de Patnaik e baixo ou alto grau de Kiupel. Após cortes histológicos em micrótomo, realizou-se extração de DNA genômico, quantificação e avaliação da pureza por espectrofotometria. Os critérios de validação incluíram concentração adequada para reação em cadeia da polimerase (PCR), relação A260/A280 satisfatória e desempenho dos primers desenvolvidos para o gene KIT. Oito amostras apresentaram qualidade adequada para amplificação por PCR em tempo real e posterior avaliação da duplicação interna em tandem (DIT/ITD) no éxon 11. As demais (27/35) foram excluídas devido à baixa integridade do DNA associada ao processo de fixação e armazenamento. Conclui-se que a padronização das etapas analíticas foi fundamental para selecionar amostras viáveis para investigação molecular, contribuindo para maior confiabilidade na detecção de mutações associadas ao prognóstico do MCT.

Palavras-chave: mastocitoma cutâneo canino, gene Kit, análise molecular

Apoio: UCS