



## **AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DO PERFIL DE EXPRESSÃO DE BIOMARCADORES EM TUMORES MAMÁRIOS DE CADELAS**

LIMA, Sabryna Stéffany Cordeiro<sup>1\*</sup>; PINHEIRO, Danilo do Rosário<sup>2,3</sup>; DE SOUSA, Raissa Melo<sup>3</sup>; BURBANO, Rommel Mário Rodriguez<sup>1,4</sup>; BORGES, Bárbara do Nascimento<sup>1,3</sup>.

<sup>1</sup> Programa de Pós-Graduação em Neurociências e Biologia Celular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Belém, PA.

<sup>2</sup> Campus de Paragominas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Paragominas, PA

<sup>3</sup> Laboratório de Biologia Molecular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Belém, PA

<sup>4</sup> Laboratório de Biologia Molecular, Hospital Ophir Loyola, Belém, PA

\* Autor correspondente: [sabryna.cordeiro.lima@ifch.ufpa.br](mailto:sabryna.cordeiro.lima@ifch.ufpa.br)

O câncer de mama é uma das doenças mais comuns em mulheres e causa mais comum de morte por neoplasias em cadelas, especialmente em animais não castrados. Além da importância para a veterinária, por ter ocorrência espontânea, genética, etiologia, classificação histológica e fatores de risco semelhantes aos de humanos, tumores mamários caninos são considerados bom modelos experimentais para o câncer de mama em mulheres. Assim, a identificação de marcadores comuns entre as espécies é importante para um melhor entendimento dos mecanismos moleculares envolvidos no desenvolvimento e progressão dessa neoplasia. Desse modo, o presente estudo verificou a expressão de genes envolvidos no ciclo celular (*CCNA2*, *CCNB2*, *CHEK2* e *TTK*) como biomarcadores em tumores mamários de cadelas. Amostras tumorais e não tumorais de tecido mamário foram coletadas de 40 pacientes submetidos à mastectomia no Hospital Veterinário da UFRA- *campus* Belém (HOVET). O RNA foi obtido utilizando um kit comercial e a quantificação da expressão dos genes foi realizada por PCR em tempo real utilizando o sistema *TaqMan*. Todos os procedimentos do estudo foram aprovados pelo Comitê de Ética no Uso de Animais da UFPA. Não foi observada correlação entre a expressão dos genes analisados e as características clínicas das pacientes analisadas (idade, gestação, pseudociese, uso de progestágenos, entre outros). Por outro lado,

diferenças na expressão entre os subtipos moleculares foram observadas em CCNA2 (especialmente amostras dos subtipos Luminal A e Luminal B), e em TTK, que apresentou um discreto aumento de expressão no subtipo Triplo Negativo. Por outro lado, CCNB2 e CHEK2 apresentaram diferença de expressão entre os tecidos tumorais e não tumorais, independente do subtipo molecular. Os resultados sugerem que os níveis de expressão de CCNA2 e TTK podem ser utilizados como marcadores de prognóstico e/ou resposta ao tratamento, enquanto os de CCNB2 e CHEK2 podem ser considerados marcadores diagnósticos em tumores mamários caninos.

**Palavras-chave:** Oncologia comparada; Biomarcadores; Câncer de mama.