

Ricerca corrente IZS VE 04/10 Caratterizzazione biomolecolare del mastocitoma di cane mediante microarray

Responsabile scientifico: dott.ssa Anna Granato

Abstract

Nelle odierne scienze oncologiche mediche e comparate si riscontra un crescente interesse nei confronti di quelle metodologie biomolecolari comunemente indicate come “omiche” (trascrittomica, metabolomica, proteomica), che consentono non solo di caratterizzare le diverse patologie neoplastiche ed il paziente oncologico, ma anche di individuare nuovi bersagli terapeutici od eventuali biomarcatori molecolari prognostici. Tra le succitate tecniche biomolecolari, l’analisi dell’intero trascrittoma dell’individuo tramite l’impiego di microarrays rappresenta un valido strumento per perseguire gli obiettivi più sopra riportati [4].

Nel 2005, il sequenziamento dell’intero genoma canino ha offerto notevoli spunti agli oncologi medici e veterinari: il cane è infatti considerato a tutti gli effetti un modello animale di oncologia comparata nonché una specie sentinella, rispettivamente per le analogie di natura biologica e clinica osservabili in talune neoplasie [3] e la condivisione di ambienti ed abitudini alimentari [1].

Attualmente, sono già stati effettuati alcuni studi volti a caratterizzare il trascrittoma di alcune delle neoplasie più frequentemente riscontrate nella specie canina e considerate rilevanti dal punto di vista comparativo (i.e., il tumore mammario, l’osteosarcoma) [5, 8-9].

Il mastocitoma (MCT) rappresenta il tumore cutaneo più comune del cane [6] ed è caratterizzato dalla possibile presenza di mutazioni a carico di un recettore tirosin-kinasico (c-KIT), similmente a quanto osservato in alcuni tumori nell’uomo, quali il melanoma [11] e il tumore stromale gastrointestinale [2], il che lo rende un eccellente modello per lo studio del ruolo di c-KIT nelle patologie neoplastiche nonché per la validazione di nuovi farmaci antitumorali, i.e. gli inibitori delle tirosin-kinasi [10]. Ciononostante, il MCT canino non è ancora stato completamente caratterizzato a livello pre-trascrizionale e ciò costituisce il principale obiettivo del presente progetto di ricerca, perseguibile attraverso l’impiego di tecniche bio-molecolari quali i microarray e la PCR quantitativa.

Gli obiettivi che ci si propone di raggiungere sono a) caratterizzare geneticamente il MCT ed in particolare i suoi diversi gradi (I, II e III) [7]; b) ampliare le conoscenze bio-molecolari relative alle neoplasie del cane, fornendo indirettamente gli strumenti per lo sviluppo di saggi prognostici high-throughput da utilizzarsi in ambito diagnostico; c) stante l'utilità del cane come modello animale per l'uomo, fornire una grande quantità di dati utili per l'esecuzione di studi di oncologia comparata volti a meglio chiarire la genetica dei tumori caratterizzati da alterazioni del pattern di c-KIT.