

29888

## CORRELAÇÃO ENTRE A EXPRESSÃO GÊNICA E PROTEICA DA MOLÉCULA DE INJÚRIA RENAL-1 (KIM-1) EM BIÓPSIAS E CÉLULAS DO SEDIMENTO URINÁRIO DE PACIENTES TRANSPLANTADOS RENAIIS

Aline de Lima Nogare, Virna Nowotny Carpio, Jose Alberto Pedroso, Rosângela Munhoz Montenegro, Luiz Felipe

Gonçalves, Francisco Veríssimo Veronese. **Orientador:** Roberto Ceratti Manfro**Unidade/Serviço:** Nefrologia/Transplante renal

Introdução. KIM-1 é uma glicoproteína indetectável no tecido saudável, mas expressa em células epiteliais tubulares após agressões. Dados preliminares encontraram que ela possa ser um biomarcador de fibrose em enxertos renais. Objetivo. Avaliar a expressão gênica e proteica de KIM-1 nas biópsias e células do sedimento urinário (CSU) de pacientes transplantados renais com o objetivo de validá-la como um biomarcador de fibrose. Metodologia. Avaliaram-se as expressões molecular e proteica no tecido renal e CSU de 81 pacientes transplantados submetidos à biópsias que foram classificadas pelo esquema Banff-2007. Estabeleceu-se 4 grupos diagnósticos: 1) Necrose tubular aguda (NTA; n=9); 2) Rejeição aguda celular (RAC; n=43); 3) Nefrotoxicidade aguda por inibidores de calcineurina (NIC; n=9) e 4) Fibrose intersticial e atrofia tubular (IF/TA; n=20). Utilizou-se a PCR em tempo real e o método de imunohistoquímica para avaliação gênica e proteica. As correlações foram avaliadas pelo coeficiente de Spearman ( $\rho$ ). Resultados. A expressão proteica na biópsia apresentou os seguintes escores medianos: NTA=1; RA=1; NIC=0; IF/TA=1,5. Na avaliação molecular do tecido renal os valores da quantificação foram: NTA=4,37; RA=7,04; NIC=0,31; IF/TA=44,84. Na avaliação da expressão nas CSU os valores da quantificação foram: NTA=0; RA=0; NIC=0; IF/TA=0,30. Correlações foram encontradas entre a expressão proteica e gênica no tecido ( $\rho=0,571$ ;  $P < 0,01$ ), sendo mais forte no grupo IF/TA ( $\rho=0,681$ ;  $P < 0,01$ ). Na análise molecular a correlação encontrada entre a expressão em tecido e CSU foi de  $\rho=0,348$  ( $P < 0,01$ ) e a correlação entre a expressão proteica no tecido e a molecular em CSU foi de  $\rho=0,318$  ( $P < 0,01$ ). Os valores da área sob a curva ROC da expressão molecular foram 0,745 (IC 95%:0,612-0,878) na biópsia e 0,614 (IC95%:0,467-0,761) nas CSU. Conclusões. Esses dados demonstram que ocorre expressão molecular e proteica aumentadas de KIM-1 em tecido renal e CSU de pacientes transplantados renais com processos fibróticos e sugerem que sua quantificação possa vir a ser usada como biomarcador de fibrose. Projeto:09002- Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital de Clínicas de Porto Alegre.