

AVALIAÇÃO MOLECULAR DE FIBROSE EM BIÓPSIAS DE TRANSPLANTADOS RENAI

ALINE DE LIMA NOGARE; DANIELLE FRAGA; TIAGO DALPIAZ; FRANCISCO VERONESE; LUIZ FELIPE GONÇALVES; ROBERTO MANFRO

INTRODUÇÃO. A fibrose intersticial e atrofica tubular (IF/TA) é a principal causa da perda de enxertos renais. Biomarcadores específicos e sensíveis para esse tipo de lesão poderão detectar e identificar precocemente lesões subclínicas e proporcionar base racional para avaliar a resposta terapêutica. **OBJETIVOS.** Desenvolver métodos não invasivos para diagnóstico de IF/TA. **PACIENTES E MÉTODOS.** Foram feitas análises moleculares em biópsias de 57 pacientes transplantados renais classificadas de acordo com o esquema Banff-1997. As biópsias foram alocadas em 5 grupos diagnósticos: 1. Necrose tubular aguda (NTA, n=5); 2. Rejeição aguda celular (RAC, n=27); 3. Rejeição aguda humoral (RAH, n=3); 4. Nefrotoxicidade aguda por inibidores de calcineurina (NIC, n=9); 5. Fibrose intersticial e atrofia tubular (IF/TA, n=21). Após a extração do RNA tecidual utilizou-se a técnica de amplificação e quantificação relativa por reação em cadeia da polimerase em tempo real utilizando-se primers específicos para os genes KIM-1 (kidney injury molecule -1), TGF-B (transforming growth factor - beta) e CTG-F (connective tissue growth factor). O gene 18s rRNA foi utilizado como controle endógeno. Os dados das quantificações das expressões gênicas são apresentados em mediana e percentis 25 - 75. **RESULTADOS.** As avaliações em tecido renal demonstraram aumento da expressão do mRNA de KIM-1, TGF-B e CTG-F no grupo IF/TA (0,50 ;0,07- 9,15), (7,5; 0,46-39,01) e (9,8; 1,33-217,72), respectivamente, quando comparada com os demais grupos. Foi observada diferença significativa ($P < 0,05$) entre os grupos NIC e IF/TA. Nos casos de IF/TA a expressão de CTG-F foi significativamente maior que a de KIM-1 ($P < 0,05$). **CONCLUSÃO.** Estes dados preliminares sugerem que ocorre transcrição gênica aumentada de KIM-1, TGF-B e CTG-F nos processo de fibrose de enxertos renais. A partir deste conhecimento buscaremos a validação de métodos moleculares não invasivos para tal diagnóstico.