

CORRELAÇÃO MOLECULAR DA FIBROSE INTERSTICIAL E ATROFIA TUBULAR DE ALOENXERTOS RENAIS

Aline de Lima Nogare, Tiago Dalpiaz, Francisco José Verissimo Veronese, Luiz Felipe Santos Gonçalves, Roberto Ceratti Manfro

Introdução. A fibrose do enxerto renal é fator importantemente relacionado à perda crônica da função. A avaliação de genes relacionados a fibrose pode levar a descoberta de biomarcadores não invasivos e aumentar a sensibilidade do exame anátomo-patológico. **Objetivo.** Avaliar a expressão molecular de genes relacionados à fibrose de transplantes renais. **Pacientes e métodos.** RNA foi extraído de 121 biópsias de enxertos renais e foram classificadas em quatro grupos: (1) necrose tubular aguda (NTA; n=20), rejeição aguda (RA; n=58), (3) nefrotoxicidade por inibidor da calcineurina (NIC; n=13) e (4) fibrose intersticial e atrofia tubular (IF/TA; n=30). O mRNA dos genes CTGF (connective tissue growth factor), TGF- β (transforming growth facto-beta) e KIM-1 (kidney injury molecule -1) foram amplificados e quantificados utilizando-se a técnica de reação em cadeia da polimerase em tempo real (RT-PCR). Os dados são apresentados em medianas e percentis 25 e 75. As análises estatísticas foram feitas utilizando-se os testes de Fisher, Tukey e Kruskal Wallis. O nível de significância foi estabelecido em $P < 0,05$. **Resultados e conclusões.** Curvas ROC foram geradas para estabelecer os parâmetros diagnósticos de IF/TA. Os valores da área sob a curva foram 0,780 (TGF- β), 0,767 (CTGF) e 0,695 (KIM-1). Os níveis dos transcritos de mRNA de TGF- β e CTGF foram significativamente maiores nas amostras com IF/TA. mRNA do gene KIM-1 mostrou maior expressão em IF/TA do que em NIC. Foi observado que a expressão de CTGF, TGF- β e KIM-1 aumentam com a intensidade da fibrose. As principais implicações destas descobertas são que as análises moleculares podem ser utilizadas para melhorar o diagnóstico anátomo-patológico e talvez para o desenvolvimento de biomarcadores não invasivos de IF/TA.