

KIM-1 é uma glicoproteína transmembrana do tipo 1, considerada atualmente um biomarcador promissor da injúria renal aguda, estando também associada a predição de desfechos. O objetivo do presente estudo foi o de avaliar a transcrição do mRNA e a expressão do gene KIM-1 em tecido renal de pacientes transplantados renais com disfunção do enxerto. Foram feitas análises moleculares em 59 biópsias de pacientes transplantados renais classificadas de acordo com o esquema Banff-1997. As biópsias foram alocadas em 5 grupos diagnósticos: 1. Necrose tubular aguda com rejeição aguda superimposta (NTA+RA, n=21); 2. NTA (n=11); 3. RA (n=12); 4. Nefrotoxicidade por inibidores de calcineurina (NIC, n=4); 5. Fibrose intersticial e atrofia tubular (IFTA, n=11). Utilizou-se a técnica quantitativa de PCR em tempo real (TaqMan EZ, ABI-PRISM 7000, Applied Biosystems) para a amplificação e quantificação do RNAm. Os dados das quantificações são apresentados em medianas e percentis 25 – 75. As avaliações em tecido renal demonstraram aumento significativo da expressão do mRNA de KIM-1 nos grupos NIC (50,6; 1,8-285,1) e no grupo IFTA (7,5; 1,26-14,6) Não tendo sido observada diferença significativa entre eles ($P > 0,05$). Nos demais grupos NTA (0,47; 0,28-1,06), RA (0,21; 0,11-0,78) e NTA+RA (0,46; 0,06-3,27) a expressão foi significativamente menor que a observado nos grupos NIC e IFTA ($P < 0,05$ em todas comparações). Estes dados preliminares sugerem que o mRNA do gene KIM-1 poderá vir a ser um biomarcador acurado de dano tubular agudo associado a NIC e a IFTA. Este achado está em consonância com sua expressão em células epiteliais desdiferenciadas das regiões danificadas do túbulo proximal, que são susceptíveis a lesão resultante de toxinas.