

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENOTÍPICA DE HELICOBACTER PYLORI EM LESÕES GÁSTRICAS DE DIFERENTES GRAVIDADES

XXXVII Encontro de Iniciação Científica

Guilherme de Sousa Velozo, Silvia Helena Barem Rabenhorst

Estudo da diversidade genotípica de *Helicobacter pylori* em lesões gástricas de diferentes gravidades A infecção por *H.pylori* é muito frequente, acometendo cerca de 80% da população mundial, sendo o agente etiológico de lesões gástricas benignas, como as gastrites, culminando com o câncer gástrico. A evolução de lesões benignas para as de maior gravidade, tem relação o genótipo bacteriano. O gene *cagA*, localizado na Ilha e patogenicidade *cagPAI* é o fator de patogenicidade bem estabelecido, entretanto, esse gene não explica a totalidade nas lesões mais graves Outros genes de *cagPAI*, foram então pesquisados em lesões gástricas de diferentes gravidades (não câncer) para averiguar a sua importância na patogenicidade das cepas. Foram eles: *cagG*, *cagT*, *cagM*, *cagE* e *virb11*. Um total de 203 amostras de casos com lesão gástrica, que não câncer, sabidamente *H.pylori* positiva (PCR-*ureC*), foi utilizado para a genotipagem através da técnica de PCR. A maioria dos casos foi do gênero feminino, apresentando idade entre 40 e 65 anos. Observou-se que 24,6% foram negativos para todos os genes estudados, sendo 83,7% diagnosticados como gastrites e 16,3% com metaplasia. A presença de todos os genes foi observada em 8,5% das amostras, sendo todas gastrites. Verificou que os genes *cagE* e *virb11*, estão presentes em 37,0% das amostras e essa combinação não teve relação com a histopatologia das lesões, sendo associadas ao tipo intestinal. Nas gastrites e metaplasias, *cagM* e *cagG*, tiveram similar frequências [(30% e 37% , gastrite, respectivamente) e (metaplasias 25 e 33% respectivamente)]. Esses dados apontam para que o desfecho histopatológico pode ser também influenciado pelo genótipo bacteriano. Maior número de casos é necessário, principalmente de metaplasias, para identificar associações que possam inferir maior grau de patogenicidade da cepa, incluindo a análise com os gene *vacA*

Palavras-chave: *Helicobacter pylori*. Histopatologia. Ilhas de patogenicidade. Genotipagem.