

GENOTIPAGEM DE HELICOBACTER PYLORI ASSOCIADA AOS GENES CAGA E VACA, NA SUSCETIBILIDADE À LESÕES GÁSTRICAS.

XXXVII Encontro de Iniciação Científica

Neon Pereira Albuquerque Filho, EMANUELE SILVA DE OLIVEIRA, Silvia Helena Barem Rabenhorst

Introdução: *Helicobacter Pylori* (*H. pylori*), é uma bactéria gran-negativa, patogênica que coloniza a superfície da mucosa gástrica no estômago causando várias doenças, incluindo gastrite, úlceras e câncer gástrico. O fato de grande parte da população ser infectada por essa bactéria e somente uma parte evolui para lesões mais graves indica uma associação entre a fatores bacterianos, do hospedeiro e ambientais. A patogenicidade de *H. pylori* é associada com a composição do seu genoma, sendo relevantes os gene *cagA* e o alelos de *vacAs1m1*. Objetivos: investigar a associação entre *cagA* e alelos de *vacA* em *H. pylori* e relacionar os achados com as lesões apresentadas por pacientes do estado do Ceará. Metodologia: Foram estudados 193 casos (113 do sexo feminino, 80 masculino), as amostras foram coletadas no Instituto do Câncer do Ceará (ICC) e o processamento das amostras foram realizadas no o Laboratório de Genética Molecular (LABGEM) da UFC, sendo respeitadas todas as normatizações para experimentos com genoma humano. Após extração de DNA, a detecção e os genes de *H. pylori*, foram realizadas pela técnica de PCR, e os produtos amplificados detectados através de eletroforese em gel de agarose. Os dados foram correlacionados em programa computacional SPSS Resultados: Apenas amostras *ureC* positivas foram incluídas no estudo. A idade dos pacientes variou de 8 a 88 anos. Dos 193 pacientes com infecção por *H. pylori*, 155 apresentaram gastrite e 38 metaplasia. O gene *cagA* foi identificado em 112 (58%) amostras sendo 45 (40%) em homens e 67 (60%) mulheres. As análises comparativas entre a frequência dos genes estudados ou em combinação, não mostrou diferença estatística entre as lesões, independente da combinação de *cagA* com os alelos de *vacA*. Conclusão: Apesar da literatura apontar *cagA* e *vacAs1m1* mais associados com as lesões mais graves, não observamos esse fato. Novos genes estão sendo estudados bem como um maior N amostral

Palavras-chave: Bactéria. Genotipagem. Lesões. PCR.