

GENES CAGT, CAGG E CAGM DA ILHA DA PATOGENICIDADE (CAGPAI) DE HELICOBACTER PYLORI COMO POTENCIAIS BIOMARCADORES DE PROGRESSÃO DE LESÃO GÁSTRICA

Mariana Sousa Lopes, Louise Magalhães Albuquerque, Guilherme de Sousa Velozo, Silvia Helena Barem Rabenhorst

As lesões gástricas consequentes da infecção por *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) são relevantes pela sua alta frequência e potencial de evoluir para malignidade. Visto a influência de genes da bactéria na agressividade da doença, o objetivo desse estudo foi investigar a potencialidade dos genes de *H. pylori* cagT, cagG, cagM, da ilha cagPai, como biomarcadores, além de cagE e cagA anteriormente estudados. Para isso, foram incluídas 94 amostras de biopsia gástrica *H. pylori*(+) coletadas no Instituto do Câncer do Ceará. Os genes de *H. pylori* foram detectados por PCR, da qual cagT, cagM e cagG foram visualizados por eletroforese em gel de agarose 1% e cagA por gel de poliacrilamida 6%. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o teste do Qui-quadrado por meio do programa EPINFO 10.0 e $p < 0.05$ definido como estatisticamente significante. *H. pylori* foi mais frequente em gastrite [74,5% (70/94)], em relação a metaplasia e normais [18% (17/94) e 7,5% (7/94), respectivamente]. Apesar da maior frequência de cagG (34,04%) e cagT (36,17%), cagM (13,83%) foi associado ao maior risco para metaplasia ($p=0,042$) já que cepas com presença de cagM e ausência de cagG e cagT foram mais frequentes nessa lesão [cagG(-)cagT(-)cagM(+) ($p=0,011$)]. Em adição, quando agrupados com cagE: cagE(+)-cagG(-)-cagM(+) e cagE(+)-cagT(-)-cagM(+) apresentaram 4x mais risco para metaplasia que a contrapartida com cagM(-) [cagE(+)-cagG(+)-cagM(-) e cagE(+)-cagT(-)-cagM(-) ($p=0,050$ e ($p=0,044$, respectivamente)]. Considerando cagA, cepas cagA(+)-cagM(+) mostraram 2x mais risco que cepas cagA(+)-cagG(+) ($p=0,010$ e $p=0,040$, respectivamente, destacando a relevância de cagM na progressão de lesões gástricas e a de cagG com a diminuição desse risco. Portanto, este estudo mostra a relevância dos genótipos bacterianos na progressão da doença como potenciais biomarcadores de evolução das lesões gástricas, assim como destaca a relevância de cagM.

Palavras-chave: Lesões gástricas. *Helicobacter pylori*. genes cagPai. PCR.