

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 significativo. *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.