

Associação entre o gene *vacA* de *Helicobacter pylori* e o adenocarcinoma gástrico em pacientes atendidos em um centro oncológico na região central do Brasil

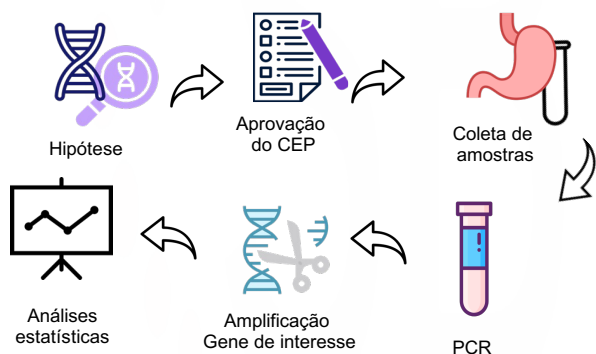
¹Bento EA. ¹Maciel DN. ¹Maximo GR. ²Tiengo T. ²Rasmussen LT. ³Blanco AJV. ¹Barbosa MS.

¹Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil ²Departamento de Genética, Faculdade de Medicina de Marília, Marília, São Paulo, Brasil ³Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás, Inhumas, Brasil

Introdução

A infecção por *Helicobacter pylori* está associada à várias gastropatias. Alguns fatores da bactéria, além da própria interação parasito/hospedeiro, são responsáveis pelos diferentes desfechos clínicos. Entre os fatores do micro-organismo, há o gene de virulência *vacA*, que codifica a proteína vacuolizante A (VacA). Essa proteína é associada à produção de vacúolos no interior da célula e à indução da inflamação. O gene responsável por codificar essa proteína pode apresentar variações em regiões alélicas, nomeadas *s* e *m*., ambas podendo apresentar os alelos 1 e 2. Os diferentes mosaicos alélicos formados por essa região são associados à quantidade de citocina pró-inflamatórias induzidas pelo gene. O mosaico alélico *s1m1* é agente de uma maior produção de citocinas e está associado à severidade de gastropatias. O objetivo deste estudo foi avaliar a associação entre o gene *vacA* e o desenvolvimento de adenocarcinoma gástrico (AdG).

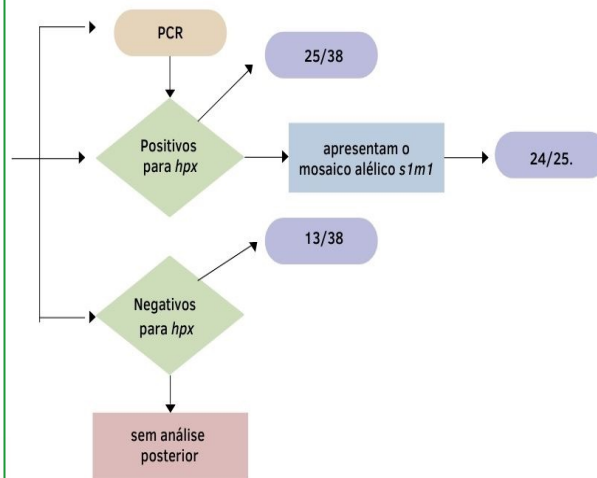
Casuística e Métodos



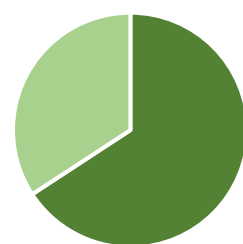
Resultados

De um total de 38 pacientes portadores de adenocarcinoma gástrico (AdG), 65.78% (25/38) foram *H. pylori* positivos e 34.22% (13/38) foram *H. pylori* negativos. A prevalência do genótipo *vacA* em pacientes infectados por *H. pylori* foi de 96% (24/25). O genótipo *s1m1* foi detectado em 70.8% (17/24) dos pacientes, enquanto o genótipo *s1m2* em 12.5% (3/24) das amostras. O alelo *m1* foi encontrado individualmente em 12.5% (3/24) e o alelo *s1*, isoladamente, em 4.1% dos pacientes (1/24). Houve associação estatisticamente significativa entre a presença do genótipo *vacA s1m1* e o AdG ($p=0,007$).

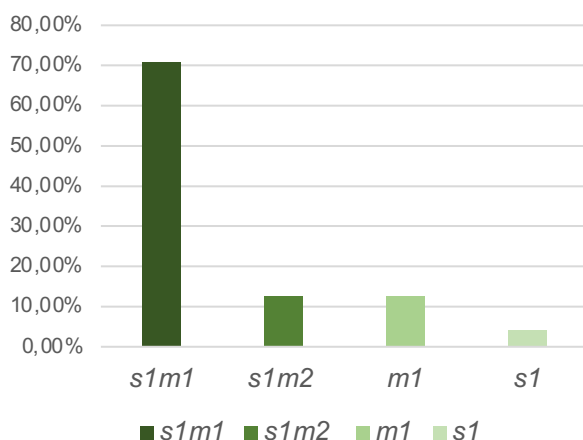
Resultados



Prevalência *H. pylori*



Prevalência Alelos *vacA*



Conclusões

Nesse estudo, a combinação *s1m1* foi mais prevalente nos pacientes com AdG, quando comparada aos outros mosaicos alélicos. A presença do genótipo *vacA s1m1* foi associado ao AdG.

Contato

eloalves@discente.ufg.br