

PERFIL GENÉTICO DE ISOLADOS DE HELICOBACTER PYLORI DE PACIENTES DO HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE PARA OS GENES CAGA E VACA

Laura Renata de Bona, Larisse Longo, Luiz Edmundo Mazzoleni, Daniel Simon, Simone Ulrich Picoli, Luis Fernando Silva Belloli, Gustavo Luis Agostini, Vanessa da Silva Neves, Marília Martins de Castro, Rodrigo Pedroso Tolio, Tobias Cancian Milbradt, Carlos Fernando de Magalhães Francisconi

Introdução: *Helicobacter pylori* (HP) infecta 60% dos brasileiros e seus principais genes são *cagA* e *vacA*. A variabilidade genética de *VacA* parece participar na patogênese da úlcera péptica e câncer gástrico (CG). 92,3% das cepas isoladas de pacientes com CG expressam *cagA*. Objetivo: Verificar o perfil genético de isolados de HP de pacientes para os genes *cagA* e *vacA*. Metodologia: Avaliou-se biópsias gástricas de 77 pacientes do HCPA. Os com urease positiva e após confirmados pela histologia foram semeadas em meio de cultivo de fabricação própria. Após o crescimento bacteriano encaminhou-se as amostras para análise molecular. O DNA bacteriano foi obtido pela metodologia de "boiling" a partir das colônias e utilizou-se cerca de 5 colônias de cada placa. Alíquotas de 1 µL foram usadas nas reações em cadeia de polimerase. Após a extração do DNA as amostras foram genotipadas para os genes *cagA*, *vacA* s (alelos s1 e s2) e *vacA* m (alelos m1 e m2). Resultados: Das 30 amostras cultivadas, 24 positivas foram enviadas para análise; destas 20 foram analisadas. O gene *cagA* obteve frequência de 60% (12 casos). Sobre os genótipos do *vacA*, o alelo s1 teve frequência de 65% (13 casos), o alelo s2 25% (5 casos) e *vacA* s1/s2 10% (2 casos). Para o alelo m1, frequência de 42,1% (8 casos), m2 52,2% (10 casos) e m1/m2 5,3% (1 caso). Analisando associações entre alelos de *vacA* quando *cagA* positivo, excluindo as infecções mistas (3 casos), a combinação *cagA* + / *vacA* s1m1 (5 de 9) obteve maior frequência (55,5%). Quando *cagA* negativo, a combinação *cagA* - / *vacA* s2m2 (5 de 7) obteve maior frequência (71,4%). Conclusão: É difícil estabelecer papéis específicos para a maioria dos genes de virulência do HP, pois o mesmo gene, ou o grupo destes genes afetam a patogenicidade de vários modos.