



ANÁLISIS DE FACTORES DE VIRULENCIA DE *H. pylori* MEDIANTE PCR.

A. Martínez, F. Kawaguchi, C. González, R. Montoya, A. Corvalán, J. Madariaga, J. Roa, A. García, F. Salgado, J. Castillo. Fac. de Cs. Biológicas y Fac. de Medicina, U. de Concepción; Hospital ACHS e Instituto Chileno-Japonés de Enfermedades Digestivas.
Sesión Plenaria

XXVII Congreso Chileno de Gastroenterología, Pucón 2000.

Los genes *cagA* y *vacA* codifican factores de virulencia de *H. pylori*. Nuestro objetivo fue la detección del gen *cagA* y la genotipificación del gen *vacA* en cultivos de *H. pylori* obtenidos de biopsias gástricas. Se estudiaron 17 pacientes con enfermedad péptica ulcerosa (EPU) y 33 con dispepsia no ulcerosa (DNU). La histopatología se realizó según el Sydney System actualizado. El análisis de *cagA* y *vacA* fue por PCR de los cultivos, en triplicado, con 2 pares diferentes de oligonucleótidos.

De los resultados destaca: el gen *cagA* se detectó en 38% del total de pacientes y en 56% de los pacientes con *vacA* s1; similar prevalencia de los tipos s1 y s2 de secuencia señal (50%), predominio de s1 en hombres (65.2%) y en EPU (70.6%), mientras que el tipo s2 predomina en mujeres (59.3%); alta infección con cepas *vacA* m2 (82%), lo que predomina en mujeres (92.6%); 6 de 8 pacientes con reacción hiperproliferativa linfática tenían infección con cepas *cagA*- *vacA* m2; en 1/3 de los pacientes se detectó infección con más de un genotipo *vacA*, lo que predominó en EPU; el genotipo más frecuente en infectados con una cepa (n=34) fue el s2/m2 (15); se detectó una cepa *vacA* s2/m1. De lo anterior se concluye que las características genotípicas de las cepas de *H. pylori* que infectan a nuestros pacientes difieren de las observadas en otros países en desarrollo y se parecen más bien a las observadas en países desarrollados.