



Mejor Tesis: Escuela de Química Biológica, período 2002-2003

DETECCIÓN DE LOS GENES DE VIRULENCIA DE CEPAS
DE *Helicobacter pylori* EN BIOPSIAS DE PACIENTES
GUATEMALTECOS CON CÁNCER GÁSTRICO

¹ Hernández. R.D., ² Torres. O.R.

DOI: <https://doi.org/10.54495/Rev.Cientifica.v17i1.223>

Licencia: CC-BY 4.0

RESUMEN

Helicobacter pylori (*H. pylori*), es un bacilo de apariencia curva o espiral, Gram negativo, que habita la mucosa gástrica no productora de ácido en el ser humano; es responsable del 80 por ciento de los casos de gastritis y se asocia con otras patologías como lo son: úlceras, cáncer gástrico y linfoma gástrico de tipo maltoma (linfoma de tejido linfóide asociado a mucosas) y afecta al 50 por ciento de la población mundial. La infección es comúnmente adquirida durante los primeros 10 años de vida, y persiste durante toda la vida del paciente en la mayoría de los casos. Los principales factores de riesgo para la adquisición de la infección son: condición socioeconómica baja (especialmente durante la niñez), hábitos higiénicos deficientes, hacinamiento; además, algunos autores reportan una relación inversa en cuanto al nivel educativo y la infección por el microorganismo.

Considerando que tanto la infección por *H. pylori* como el cáncer gástrico son afecciones comunes entre la población guatemalteca, en el presente estudio se realizó una investigación acerca de la relación existente entre los casos de cáncer gástrico de un grupo de pacientes guatemaltecos y la infección por *H. pylori*, estableciéndose, además, el patrón genético de las cepas de *H. pylori* asociadas a los casos de cáncer gástrico estudiados.

Se incluyeron un total de 63 biopsias de estómago, provenientes de 21 pacientes, obteniéndose, en cada uno de ellos, biopsias de tres diferentes regiones del estómago: tumor, una región cercana al tumor y una región lejana al tumor. Cada biopsia fue analizada tanto por métodos microbiológicos, como por métodos genéticos por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

En cuanto al análisis microbiológico se observó que 32 muestras (32 de 63, 50.7 por ciento), provenientes de 15 pacientes (15 de 21, 71.4 por ciento) presentaron al menos una prueba microbiológica positiva (prueba rápida de urea en biopsias, tinción de Gram a partir de improntas de positivas para *H. pylori* (57.1 por ciento), provenientes de 13 pacientes (61.9 por ciento), para la detección de la presencia del microorganismo por métodos genéticos se utilizó la amplificación por medio de PCR de un segmento específico del genoma del microorganismo que corresponde a los diferentes alelos en la secuencia de inicio del gen *vacA* (*s1* o *s2*). En cuanto a la asociación que presentaron las

metodologías empleadas en el estudio, comparando únicamente los resultados de las muestras evaluadas por ambas metodologías, se observó que esta era significativa, ($p = 0.0015$, $\chi^2 = 10.03$). Por otra parte, en base a la prueba de kappa se observó que ambas pruebas presentaron un grado de acuerdo medio o regular ($k = 0.43$), con un valor predictivo positivo de 75 por ciento, valor predictivo negativo de 71 por ciento y exactitud de 74 por ciento, considerando el análisis microbiológico como prueba de oro.

De las 36 muestras positivas para *H. pylori* por métodos genéticos, solamente se logró realizar la caracterización del microorganismo en 28 de las mismas, debido a que se observaron problemas metodológicos en cuanto a la amplificación del material genético obtenido a partir de algunas de las biopsias implicadas en el estudio. En el grupo de 28 biopsias que fue analizado para establecer el patrón genético de las cepas de *H. pylori* se determinó que el 100 por ciento de las mismas presentaban el patrón genético: *vacA s1/m1*, *cagA**, el cual es asociado a la infección por cepas altamente virulentas y asociadas a las infecciones más severas. Además se observó que el 54 por ciento de las cepas fueron *iceA1*, y el 46 por ciento, *iceA2*. En el 43 por ciento de las muestras se detectó la presencia de las secuencias de inserción 605 (IS605) y 606 (IS606); el 25 por ciento de las muestras no presentaron ninguna de las secuencias de inserción evaluadas y el 32 por ciento presentó únicamente una de las secuencias de inserción evaluadas.

No se detectó la presencia de infecciones mixtas, ya que, en cuanto a los marcadores genéticos evaluados, las diferentes muestras provenientes del mismo paciente presentaron igual patrón genético.

Estos datos, llevan a concluir que el 71 por ciento de los pacientes con cáncer gástrico incluidos en el presente estudio demostraron infección por *H. pylori* en al menos una región del estómago. Además, se pudo observar que las cepas *H. pylori* asociadas a cáncer gástrico en los pacientes guatemaltecos incluidos en el estudio presentan el patrón genético considerado más agresivo.

Se recomienda difundir los resultados del presente estudio para alertar acerca de la circulación en el país de cepas de *H. pylori* sumamente agresivas, así como establecer patrones de susceptibilidad antibiótica en cepas asociadas a casos de cáncer gástrico y, sobre todo, llevar un control de pacientes con gastritis y/o úlcera, positivos para *H. pylori* para establecer que los tratamientos de erradicación de microorganismo sean efectivos y establecer si existe o no una alta tasa de reinfección.

1. Química Bióloga, autora.
2. M.Sc., Química Bióloga, asesora.



Copyright (c) 2004 R.D. Hernández y O.R. Torres



Este texto está protegido por una licencia [Creative Commons 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Usted es libre para Compartir —copiar y redistribuir el material en cualquier medio o formato— y Adaptar el documento —remezclar, transformar y crear a partir del material— para cualquier propósito, incluso para fines comerciales, siempre que cumpla la condición de:

Atribución: Usted debe dar crédito a la obra original de manera adecuada, proporcionar un enlace a la licencia, e indicar si se han realizado cambios. Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que tiene el apoyo del licenciante o lo recibe por el uso que hace de la obra.

[Resumen de licencia](#) - [Texto completo de la licencia](#)