

## RESUMEN

El cáncer de estómago es uno de los cánceres con mayores tasas de mortalidad en Ecuador. *Helicobacter pylori* es el agente causal comprobado de la enfermedad y se conoce que tiene una prevalencia del 50% en la población mundial. Cada cepa de la bacteria se diferencia por la expresión de sus factores de virulencia, entre ellos factores de adhesión, enzimas y toxinas, los mismos que le han permitido adaptarse al estómago y causar un daño importante a las células estomacales. Se estudiaron 211 muestras de biopsias gástricas parafinadas de las cuales se extrajo el ADN y se determinó la presencia de *H. pylori* (55,9%), además de los genes de virulencia *oipA* (83%), *vacA* (68.6%) y *cagA* (44%). Estos genes han sido estudiados por su relación con la presencia de las diferentes patologías gástricas; gastritis crónica no atrófica, gastritis crónica atrófica, metaplasia intestinal y displasia, que conllevan al cáncer gástrico. Los resultados sugieren que los genes *vacA*, *cagA* y *oipA* y sus respectivos genotipos por si solos no se asocian ni aumentan el riesgo de presencia de las patologías gástricas, mientras que sólo la combinación *vacA* m1/s1 se asocia con la presencia del estado activo de *cagA*+, en las muestras estudiadas.

### **PALABRAS CLAVE:**

- **GASTRITIS CRÓNICA NO ATRÓFICA**
- **GASTRITIS CRÓNICA ATRÓFICA**
- **METAPLASIA INTESTINAL**
- **DISPLASA**
- **CÁNCER GÁSTRICO**

## **ABSTRACT**

Stomach cancer is one of the cancers with higher mortality rates in Ecuador. *Helicobacter pylori* is the main causative agent of the disease and has been found to have a prevalence of 50% in the world population. Each strain can be distinguished by the expression of virulence factors, including adhesion factors, enzymes and toxins that have allowed them to adapt to the stomach and cause significant damage to the stomach cells. 211 gastric biopsy samples embedded in paraffin were used in order to extract DNA and determine the presence of *H. pylori* (55.9%), along with the virulence genes *oipA* (83%), *vacA* (68.6%) and *cagA* (44%). These genes have been studied for their relationship with different gastric pathologies; such as non-atrophic chronic gastritis, chronic atrophic gastritis, intestinal metaplasia and dysplasia, which lead to gastric cancer. The results suggest that the *vacA*, *cagA* and *oipA* genes and their respective genotypes are not associated or increase the risk of gastric diseases by themselves, while only *vacA* m1/s1 genotype is associated with the presence of active status *cagA*+, in the studied samples.

### **KEYWORDS:**

- **NON-ATROPHIC CHRONIC GASTRITIS**
- **CHRONIC ATROPHIC GASTRITIS**
- **INTESTINAL METAPLASIA**
- **DYSPLASIA**
- **GASTRIC CANCER**