

HELICOBACTER PYLORI ED EPSTEIN-BARR VIRUS NELLA PATOLOGIA GASTRICA: CORRELAZIONE CON I POLIMORFISMI DELLE IL-10 E IL1RN

T. Fasciana², A. Giammanco², N. Serra³, G. Capra², M.R. Simonte², S. Cannella², M. Sciortino², C. Mascarella¹, D. Graceffa¹, R. Immordino¹, L. Scola²

¹*Servizio di Analisi Microbiologiche Virologiche e Parassitologiche. A.O.U.P. "P. Giaccone", Palermo*

²*Università degli Studi di Palermo, Palermo*

³*Università Federico II di Napoli, Napoli*

INTRODUZIONE

Il 20% dei tumori umani è strettamente associato ad agenti infettivi con un tasso del 26% nei paesi in via di sviluppo e dell'8% nei paesi industrializzati. Uno dei tumori più diffusi nel mondo è il carcinoma gastrico e nonostante un calo della sua incidenza nei paesi sviluppati rimane un problema di sanità pubblica. Tra i principali agenti infettivi coinvolti nel processo di cancerogenesi gastrica ritroviamo il virus di Epstein-Barr (EBV) ed *Helicobacter pylori*. Lo sviluppo di patologie gastriche correlate ai due microrganismi sembra essere associato per *H. pylori* alla capacità di esprimere determinati fattori di patogenicità mentre per EBV alla carica virale presente nelle cellule gastriche. La trasformazione neoplastica si deve comunque considerare un processo multifasico e multifattoriale che coinvolge oltre all'agente infettivo anche co-fattori ambientali e/o genetici e/o condizioni permissive dell'ospite. Tra i fattori genetici dell'ospite possiamo ritrovare i polimorfismi genici delle IL-1 β , IL-10 tra i fattori ambientali ritroviamo invece lo stato socio-economico e gli stili di vita quali alimentazioni, uso di alcool, fumo e droghe. L'obiettivo di questo studio è quello di definire i casi di co-infezione *H. pylori*/EBV e i polimorfismi delle IL in soggetti con differenti patologie gastriche nella popolazione adulta Siciliana come possibili responsabili della evoluzione del carcinoma.

METODI

Sono stati arruolati nello studio 96 pazienti con differenti patologie gastriche. La presenza di *H. pylori* è stata valutata mediante la ricerca del gene *ureaA*, mentre quella di EBV mediante la valutazione del gene *BAMHI-W*. La valutazione dei fattori di virulenza e la resistenza alla Claritromicina di *H. pylori* e i polimorfismi genici coinvolti nel processo infiammatorio sono stati analizzati mediante polymerase chain reaction (PCR).

RISULTATI

I nostri dati hanno mostrato che la percentuale di co-infezione era più alta nei pazienti con il carcinoma gastrico rispetto ai pazienti con mucosa gastrica normale, gastrite cronica attiva e MALT linfoma.

Relativamente alla valutazione dei geni di virulenza di *H. pylori* il polimorfismo *s1i1m1* del gene *vacA* era il più frequente nei pazienti con MALT linfoma mentre il polimorfismo *s2i2m2* era il più frequente nei soggetti con mucosa gastrica normale.

Inoltre, i geni *cagA* e *oipA* allo status ON di *H. pylori* erano più frequentemente presenti nei soggetti con carcinoma gastrico.

CONCLUSIONI

Dai nostri risultati non si evince nessuna correlazione tra i polimorfismi delle IL coinvolte nel processo infiammatorio e la presenza di co-infezione. Il processo di carcinogenesi gastrica quindi è da considerarsi un percorso multifattoriale in cui molteplici fattori possono essere coinvolti.