



ALTOS ÍNDICES DE INFECÇÕES POR *HELICOBACTER PYLORI* NO BRASIL, COMO A BIOINFORMÁTICA PODE SER ÚTIL

AMANDA DOS SANTOS DE AMORIM; CÁSSIA MILENE RIBEIRO LOPES; IOLANDA
MASALSKIENE COSTA; NELSON JOSÉ FREITAS DA SILVEIRA

Introdução: a infecção pela bactéria *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) é um importante desafio no âmbito da saúde pública, visto que, no Brasil sua prevalência é de aproximadamente 71,2%. Trata-se de uma bactéria gram-negativa, espiralada, em bastonete, com múltiplos flagelos polares que exercem importante papel na sobrevivência bacteriana ao hostil ambiente estomacal. Sua infecção está diretamente relacionada com gastrite aguda e crônica, úlcera péptica, linfoma associado ao tecido linfóide da mucosa e adenocarcinoma gástrico. Devido ao aumento da resistência desse patógeno aos antibióticos convencionais a bioinformática é uma importante ferramenta alternativa de grande interesse, pois através dela é possível sequenciar o genoma da *H. pylori* em busca de proteínas cruciais para o desenvolvimento de fármacos bactericidas. **Objetivo:** o objetivo desta revisão é demonstrar como a execução dos conhecimentos e ferramentas da Bioinformática podem contribuir para o desenvolvimento de novos fármacos para o tratamento da *H. pylori*. **Material e métodos:** o trabalho trata-se de uma revisão sistemática de literatura, em que foram utilizados artigos em inglês, português e espanhol, disponíveis nas bases de dados Scielo, Google Acadêmico e PubMed que tratavam dos temas “Infecções por *Helicobacter pylori*” e “Uso da bioinformática no tratamento de bactérias resistentes”. **Resultados:** a Bioinformática permite a identificação de genes responsáveis pela resistência de diversas bactérias, ou seja, após analisar o DNA da *H. pylori* é possível verificar seus fatores de virulência, como por exemplo flagelos, gene da Citotoxina Vacuolizante (Vac A) - determina seu potencial patológico- e algumas proteínas relacionadas aos mecanismos de patogenicidade, como por exemplo UreB170-189, GGT106-126, NapA30-44, dentre outros. Após a comprovação, essas proteínas podem ser alvo para o desenvolvimento de medicamentos mais eficazes para o tratamento dessa infecção tão resistente e prevalente. **Conclusão:** Técnicas de bioinformática está sendo cada vez mais utilizada para a descoberta de novos fármacos, ajudando no âmbito da saúde. A infecção pela bactéria *H. pylori* pode causar diversas consequências na vida das pessoas portadoras, visto que muitas nem sabem que possuem o patógeno e outras tem recidiva após o tratamento. Portanto, um medicamento eficiente poderia contribuir para a saúde da população e reduzir alguns gastos com a saúde pública.

Palavras-chave: *H. pylori*, Resistência bacteriana, Fármacos, Bactericidas, Bioinformática.