

#151 - CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA RESISTENCIA A CLARITROMICINA EN HELICOBACTER PYLORI AISLADOS DE PACIENTES EN LA REGIÓN DE LA ARAUCANÍA

<https://doi.org/10.46613/congastro2023-151>

ORTEGA C¹, CERDA Á¹, SEPULVEDA R¹, HOFMANN E², SIERRALTA A³, LARA C³, GARCÍA D³, BUSTAMANTE L³, COPPELLI L⁴, PAVEZ M⁵

¹Universidad de La Frontera, Temuco, Chile ²Clinica Alemana de Temuco, Temuco, Chile ³Hospital Hernán Henríquez Aravena de Temuco, Temuco, Chile ⁴Hospital de Villarrica, Villarrica, Chile ⁵CEMT/Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

La infección por *Helicobacter pylori* (*Hpylori*) afecta al 50% de la población mundial y está asociada a diversas enfermedades gastroduodenales. La resistencia antibiótica es uno de los principales problemas en su erradicación, siendo la resistencia a Claritromicina asociada a falla terapéutica. El principal mecanismo de resistencia reportado para *Hpylori* es la presencia de mutaciones específicas en el dominio V del ARN 23s, sin embargo se desconoce la verdadera prevalencia de este mecanismo en especial en nuestra población. El objetivo de este estudio fue caracterizar molecularmente la resistencia antibiótica a Claritromicina en *H. pylori*, obtenidos de pacientes dispépticos en la Región de La Araucanía. **Métodos:** Se evaluaron 108 cepas, las cuales fueron sometidas a pruebas de susceptibilidad (MIC-Etest). Se realizó de ADN, seguido de una PCR-RFLP para la búsqueda de mutaciones específicas (A2142G y A2143G), seguido de una secuenciación para la búsqueda de nuevas mutaciones. Además, se realizó la extracción de ARN, para estudiar la expresión génica del gen *hefA* a través de PCR real-time, estudiando la expresión génica del gen *HefA*. **Resultados:** Se observó una tasa de resistencia de 35% (37) para Claritromicina. Solo 41,4% de las cepas resistentes presentaron alguna de las mutaciones específicas, sin embargo, se encontraron otras 2 mutaciones puntuales asociadas a la resistencia de estas cepas. Se observó un aumento de la expresión de la bomba de expulsión *HefA* en cepas resistentes, pero con un comportamiento diferenciado entre cepas que presentaban mutación en el dominio V y las que no. Entre las cepas resistentes que no presentaron mutación (56%), se observó una buena correlación de la expresión de *HefA* con la CIM obtenida. **Conclusión:** La resistencia a claritromicina está fuertemente ligada a la presencia de mutaciones sin embargo en nuestra población existen otros mecanismos asociados que deben ser considerados en la vigilancia de la falla terapéutica.