

#152 - CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE CAG-A EN HELICOBACTER PYLORI AISLADOS EN LA REGIÓN DE LA ARAUCANÍA: SU IMPLICANCIA CLÍNICA Y DIFERENCIACIÓN GENÉTICA

<https://doi.org/10.46613/congastro2023-152>

PAVEZ M¹, HOFMANN E², SIERRALTA A³, COPPELLI L⁴, CERDA Á⁵

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

⁴Hospital de Villarrica, Villarrica, Chile ⁵Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

Introducción: *Helicobacter pylori* (Hp) es una bacteria Gram-negativa que coloniza el epitelio gástrico humano. De sus proteínas secretadas, CagA desempeña un papel central en la patogénesis al alterar células epiteliales y promover inflamación crónica. La variante fosforilada de CagA ha sido vinculada a enfermedades gástricas graves asociadas a Hp. Los perfiles CagA varían entre oriente (EA) y occidente (W); en este último la multimerización de EPIYA-C está asociada con mayor gravedad. El objetivo de este estudio fue tipificar molecularmente e identificar las variaciones genéticas de CagA presente en los pacientes Hp+ de la Región de la Araucanía. **Métodos:** Se obtuvieron 120 cepas Hp a partir de muestras de biopsia de pacientes Hp+. Se realizó la extracción de ADN y la búsqueda del gen *cagA* a través de la técnica de PCR seguido de la secuenciación del amplificado. El análisis de genes se realizó con software MEGA11, el análisis estadístico se realizó en Graph-Pad Prism y los estudios de diferenciación genética de estos motivos se realizó con DNAspv5.10, evaluando (Fst) y Tajima test. **Resultados y conclusión:** De los 120 aislados bacterianos solo 45 (37%) presentaron el gen CagA. Las 45 secuencias fueron identificadas como Western tanto en sus motivos EPIYA como CM, con un perfil de multimerización de ABC(54%), ABCC(37%) y ABCC(8%). Se observó una gran diferenciación genética con valores de Fst 0.31485, además obtuvimos un valor negativo para la prueba de Tajima D(-0.611) lo que lleva a suponer una adaptación local o presión ambiental favorable para la estructuración genética de gen CagA. Estudios filogenéticos son necesarios para comprender mejor las implicancias clínicas de CagA en esta población.