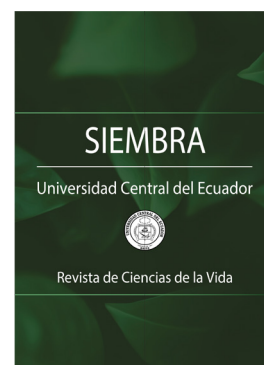


Evaluación de la Resistencia a Antimicrobianos en *Neisseria gonorrhoeae* mediante Secuenciación de Nueva Generación en Ecuador

Jeannete Zurita¹, Gabriela Sevillano², Cecibel González³, Camilo Zurita-Salinas⁴



Siembra 12 (3) (2025): Edición especial: Memorias del II Congreso Internacional: Resistencia a los Antimicrobianos con Enfoque One Health

¹ Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ jzurita@zuritalaboratorios.com

🌐 <https://orcid.org/0000-0002-9935-2588>

² Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

Universidad Internacional SEK. Ecuador

✉ gabrielsevillano@zuritalaboratorios.com

🌐 <https://orcid.org/0000-0003-3540-5609>

³ Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ cecibelgonzalez@zuritalaboratorios.com

🌐 <https://orcid.org/0000-0002-9935-2588>

⁴ Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ camiloszuritas@zuritalaboratorios.com

🌐 <https://orcid.org/0000-0002-5553-4670>

Introducción

Neisseria gonorrhoeae [NG] es un agente importante dentro de las infecciones de transmisión sexual, que ha mostrado un aumento en la resistencia a múltiples antimicrobianos a nivel mundial. En Ecuador, la situación es particularmente preocupante, pues se desconocen sus patrones de resistencia. En parte debido al tratamiento empírico muy utilizado en pacientes con ITS, y por los pocos cultivos de NG solicitados y/o procesados. El objetivo de este estudio fue realizar en 13 aislamientos NG secuenciación completa [WGS], aislados en el 2023.

Materiales y métodos

Se recolectaron 13 NG de pacientes provenientes de diferentes regiones de Ecuador. 12 de sexo masculino, con edades entre 6-36 años. Se utilizó el secuenciador MinION™ MK1B (Oxford Nanopore). Se realizó un análisis de los perfiles de resistencia a antimicrobianos [AMR] mediante herramientas bioinformáticas para identificar mutaciones y determinantes de resistencia.

Resultados

Las cepas presentaron diversas mutaciones asociadas con la resistencia a antibióticos (Figura 1), entre ellas:

- 1. Penicilina:** resistencia asociada a las siguientes mutaciones:
 - *blaTEM* (disruptiva)
 - *mtrR_disrupted*: La interrupción de este gen se ha asociado con un aumento en la resistencia a múltiples fármacos.
 - *mtrR_G45D*
 - *ponA1_L421P*: Esta mutación ha sido menos documentada, pero se ha observado en cepas resistentes a penicilina.
- 2. Sulfonamidas:** resistencia asociada a la mutación *folP_R228S*, que ha sido documentada en otros estudios como un

SIEMBRA

<https://revistadigital.uce.edu.ec/index.php/SIEMBRA>

ISSN-e: 2477-8850

Periodicidad: semestral

vol. 12, núm 3, 2025

siembra.fag@uce.edu.ec

DOI: [https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3\(Especial\)](https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3(Especial))



Esta obra está bajo licencia internacional Creative Commons Atribución-No Comercial

determinante de resistencia a sulfonamidas.

3. **Tetraciclina:** resistencia relacionada con la mutación *rpsJ_V57M*, que ha sido reportada en cepas resistentes a tetraciclinas.
4. **Ciprofloxacino:** mutaciones en el gen *gyrA* (S91F y D95A).
5. **Azitromicina:** Algunas cepas mostraron resistencia, con determinantes como:
 - *mtrR_G45D*: también se ha asociado con resistencia a azitromicina y a penicilina.
 - *mtrR_promoter_a-57del*: esta delección ha sido reportada en cepas resistentes a azitromicina.
6. **Ceftriaxona y Cefixima:** aunque no se identificaron mecanismos de resistencia, la mutación *mtrR_G45D* se ha asociado con resistencia a cefalosporinas en algunos estudios, aunque no de manera concluyente.

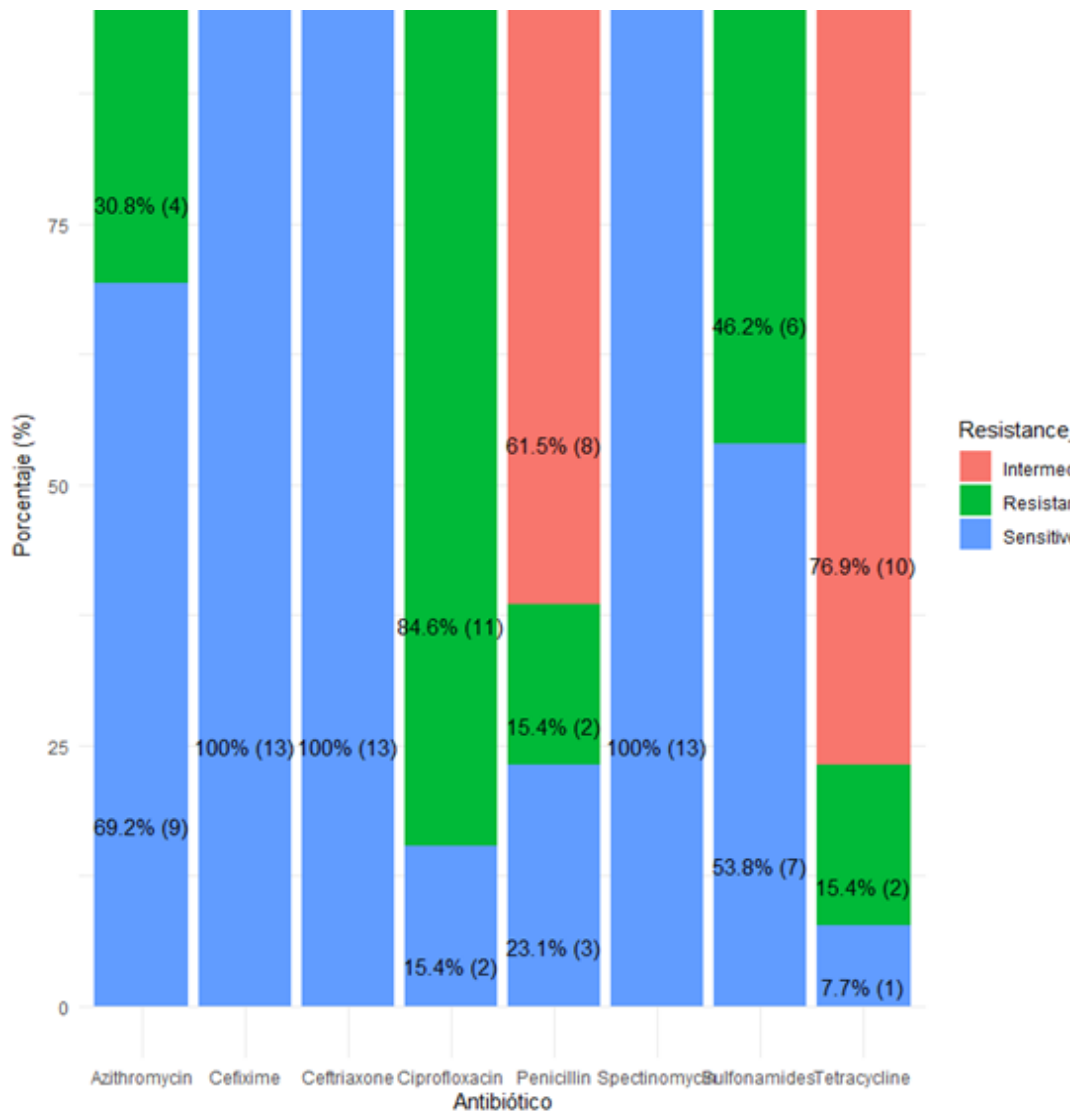


Figura 1. Porcentaje de la resistencia en NG, de acuerdo con las mutaciones encontradas.

Conclusiones

Las mutaciones identificadas en NG sugieren una adaptación del patógeno a los tratamientos disponibles en el Ecuador. Ceftriaxona continúa siendo una alternativa de tratamiento empírico mientras que penicilina, ciprofloxacino, azitromicina, tetraciclina no estarían recomendadas, salvo una confirmación con cultivo y prueba de sensibilidad previos.

Palabras clave: *Neisseria gonorrhoeae*, Secuenciación completa, genes de resistencia