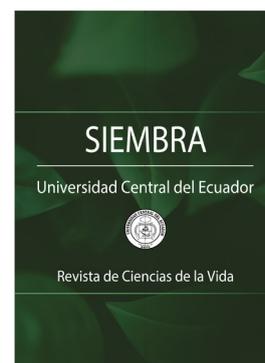


# Evaluación de la Resistencia a Antimicrobianos en *Neisseria gonorrhoeae* mediante Secuenciación de Nueva Generación en Ecuador

Jeannete Zurita<sup>1</sup>, Gabriela Sevillano<sup>2</sup>, Cecibel González<sup>3</sup>, Camilo Zurita-Salinas<sup>4</sup>



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

<sup>1</sup> Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ [jjzurita@zuritalaboratorios.com](mailto:jjzurita@zuritalaboratorios.com)

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

<sup>2</sup> Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

Universidad Internacional SEK. Ecuador

✉ [gabrielsevillano@zuritalaboratorios.com](mailto:gabrielsevillano@zuritalaboratorios.com)

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

<sup>3</sup> Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ [cecibelgonzalez@zuritalaboratorios.com](mailto:cecibelgonzalez@zuritalaboratorios.com)

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

<sup>4</sup> Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ [camiloszuritas@zuritalaboratorios.com](mailto: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](mailto: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.

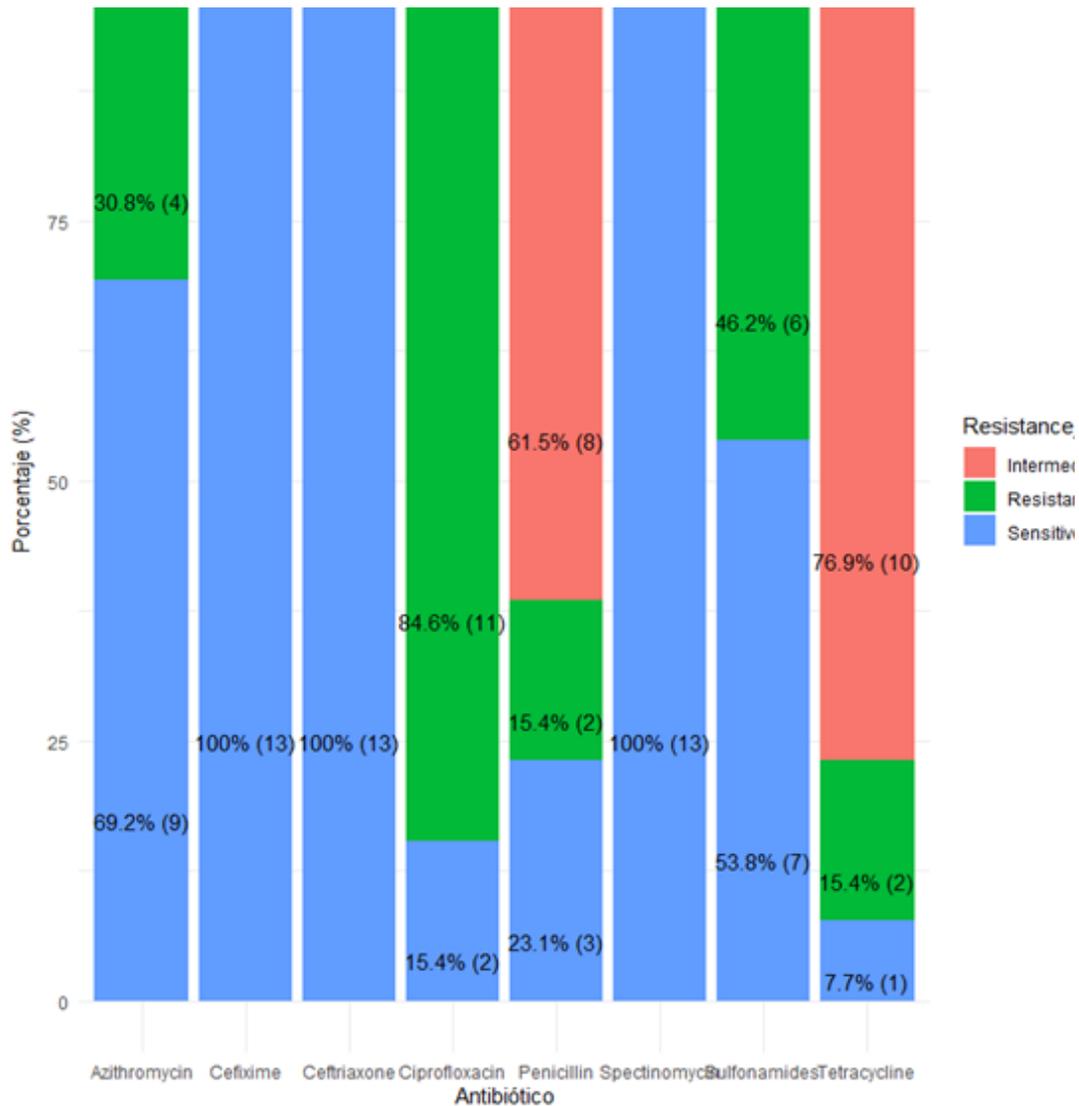


Figura 1. Porcentaje de la resistencia en NG, de acuerdo con las mutaciones encontradas.

## 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