

Resumen

Las infecciones causadas por *Staphylococcus aureus* meticilino resistente son al momento una preocupación clínica y epidemiológica. Este patógeno se ha relacionado comúnmente con infecciones intrahospitalarias, sin embargo, existen variantes comunitarias de alta infectividad especialmente peligrosas por sus diversos factores de virulencia. Gracias a las vastas herramientas bioinformáticas y la cantidad de documentación existente, es posible estudiar las relaciones evolutivas y la variabilidad genética de estas bacterias. En esta investigación se analizaron mediante tipificación multilocus de secuencias (MLST), 26 aislados clínicos procedentes de hemocultivos de dos hospitales de referencia de Ecuador. Se estandarizaron y optimizaron ensayos de PCR end point para los genes constitutivos incluidos en el esquema MLST, para la reacción de secuenciación cíclica, y para los procedimientos de purificación necesarios. Las variantes alélicas de las muestras y sus secuencias tipo se analizaron empleando la base de datos PubMLST, obteniendo 8 secuencias tipo no determinadas (ND) previamente y tres alelos con mutaciones puntuales. Se realizaron árboles filogenéticos de máxima verosimilitud (MLT) para cada gen constitutivo y para las secuencias concatenadas además de árboles de mínima expansión (MSTree). El análisis de estos datos permitió determinar que no existe relación entre las muestras estudiadas y los clones reportados previamente en el país y en territorios aledaños, demostrando la aparición de nuevas variantes en Ecuador, información esencial para el monitoreo epidemiológico y clínico de este tipo de infecciones.

Palabras Clave:

- **STAPHYLOCOCCUS AUREUS**
- **RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS**
- **TIPIFICACIÓN MULTILOCUS DE SECUENCIA**

Abstract

Staphylococcus aureus methicillin resistant-associated infections are currently a clinical and epidemiological concern. This opportunistic pathogen has been commonly associated with hospital infections; however, community variants of high infectivity have recently appeared and have raised concerns due to their various virulence factors. Thanks to the available bioinformatic tools and the amount of genetic data currently in accessible databases, it is possible to study the evolutionary relationships and genetic variability of these bacteria. In this research, 26 clinical isolates from blood cultures belonging to patients from two reference hospitals in Ecuador, were analyzed using multilocus sequence typing (MLST). PCR assays were standardized and optimized for both constitutive MLST genes, and for the cyclic sequencing reaction required in the Sanger sequencing method, along with the necessary purification procedures. Allelic variants of the samples and their sequence type were analyzed using the PubMLST database. Eight, previously undetermined type sequences (ND) were obtained along with three alleles with point mutations. Maximum Likelihood Phylogenetic Trees (MLT) were performed for each constitutive gene and for the concatenated sequences, minimum expansion trees (MSTree) were also included. The analysis of these data showed no phylogenetic associations for the samples studied and the clones previously reported in the country and in surrounding territories, demonstrating the emergence of new variants in Ecuador. The present study may contribute to timely clinical and epidemiological surveillance of MRSA infections at a local level.

Key Words:

- **STAPHYLOCOCCUS AUREUS**
- **ANTIBIOTIC RESISTANCE**
- **MULTILOCUS SEQUENCE TYPING**