

Universidad del Sureste

Licenciatura en Medicina Humana

Materia:

Farmacología

Trabajo:

**Preguntas del Artículo Antibiotic resistance in
the wild: an eco-evolutionary perspective**

Docente:

Dr. Prado Hernandez Ezri Natanael

Alumna:

Espinosa Alfonso Margarita Del Carmen

Semestre y grupo:

3° "A"

Comitán de Domínguez, Chiapas a; 07 de Enero del 2021

♥ ¿Cuál es el mecanismo de resistencia antibiótico que utilizan las bacterias?

R: HGT es el mecanismo principal por el cual las bacterias adquieren antiresistencia biótica, otro mecanismo clave es cromosómico mutaciones. La principal diferencia entre estos mecanismos es la rapidez con que se produce la adaptación de la resistencia en las bacterias.

♥ ¿Como ha interactuado la evolución ecológica dinámica para provocar la resistencia antibiótica?

R: Durante algún tiempo, se ha sabido que las interacciones ecológicas pueden alterarse por evolución rápida. Evolución rápida en especies interacciones ocurren fácilmente en poblaciones bacterianas, facilitar los afectados por el gran tamaño de la población y los rápidos tiempos de generación. Además, los programas ecológicos y evolutivos. los procesos ocurren en la misma escala de tiempo y varios ejemplos empíricos han demostrado ecoevolutividad retroalimentaciones en las comunidades de bacterias, con protozoos y consumidores de fagos. Mientras que estos ocurren procesos ecológicos y evolutivos, bacterias también podría desarrollar resistencia a los antibióticos o portar genes de resistencia costosos.

♥ ¿Cuales son los principales métodos de análisis molecular para determinar la resistencia antibiótica?

R: Matriz-qPCR es un método especialmente eficaz para estimar la presencia y cantidad de genes de resistencia a antibióticos en diferentes entornos.

Secuenciación de genomas de células individuales permite un análisis genético detallado de la célula microbiana sin cultivar y, por lo tanto, es un método vital para estudiar evolución de la resistencia a los antibióticos en comunidades naturales.

El método epicPCR descrito recientemente, ahora es posible conectar un gen con su huésped en una resolución de una sola célula para el análisis de genhost, lo que lo convierte en una herramienta muy útil en estudiar la genética de la dinámica de la resistencia a los antibióticos.

En general, las técnicas de celda única pueden resultar extremadamente útiles si se desarrollan en la dirección donde se pueden monitorear varios rasgos simultáneamente, proporcionando potencialmente información sobre la composición de la comunidad y la evolución de los rasgos (por ejemplo, en interacción de especies además de la resistencia a los antibióticos) en una manera de alto rendimiento.