



**Nombre de alumnos: oded yazmin  
sanchez alcazar**

**Nombre del profesor: Dr. Prado  
Hernández Natanael**

**Nombre del trabajo: preguntas**

**Materia: Farmacologia**

PASIÓN POR EDUCAR

**Grado: 3**

**Grupo: A**

De acuerdo al artículo "Antibiotic resistance in the wild: an eco-evolutionary perspective"

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

La transferencia horizontal de genes es un mecanismo clave para la evolución de la resistencia a los antibióticos

HGT es el proceso en el que las células bacterianas pueden intercambiar genes material. Los genes de resistencia a los antibióticos a menudo se transmiten MGE (plásmidos, transposones o integrones) que actúan como vectores transferir información genética entre bacterias e incluso entre los límites de las especies.

Tres mecanismos principales para HGT son conjugación, transformación y transducción.

En conjugación, el ADN se transfiere en contacto celular. Transformación no requiere contacto de célula a célula, pero fragmentos cortos de el ADN desnudo es absorbido por bacterias naturalmente transformables. La transducción implica la transferencia de ADN a través de bacteriófagos.

Esencialmente, estos mecanismos permiten una evolución extremadamente rápida ya que con HGT las bacterias pueden cambiar su genética.

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

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

Durante algún tiempo, se ha sabido que las interacciones ecológicas pueden alterarse por evolución rápida. La evolución rápida en especies ocurren fácilmente en poblaciones bacterianas, facilitadas por grandes tamaños de población y tiempos de generación rápidos

Además, los procesos ecológicos y evolutivos están ocurriendo en la misma escala de tiempo y varios ejemplos empíricos han demostrado ecoevolutivos retroalimentación en las comunidades de bacterias, p. ej. con protozoos y consumidores de fagos.

Mientras también estos simultáneos procesos ecológicos y evolutivos, bacterias

también podría desarrollar resistencia a los antibióticos o portar genes de resistencia costosos. Hay evidencia que muestra que el plásmido

el transporte puede dificultar la evolución de la resistencia a los fagos en las bacterias

[51]. Además, Andersson y Hughes [49] proponen que

el costo de la resistencia, cuando los antibióticos ya no están presentes, puede ser tan pequeño que los genotipos resistentes son

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

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.

Con el método epicPCR descrito recientemente [66], ahora es posible conectar un gen con su huésped en una resolución de una sola célula para el análisis de gen-huésped, 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 unicelulares 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