

¿CUÁL ES EL MECANISMO DE RESISTENCIA ANTIBIÓTICO QUE UTILIZAN LAS BACTERIAS?

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, prácticamente instantáneamente con respecto a un rasgo que tiene efecto sobre la aptitud en presencia de antibióticos. Mientras HGT es el principal mecanismo por el cual las bacterias adquieren antibiótico resistencia, 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?

Por ejemplo, en el caso de propagación de la resistencia a los antibióticos. Genes a través de HGT, las comunidades microbianas pueden verse como genes compartidos o redes donde la composición y diversidad de especies puede ser un factor importante que determina cómo los genes de resistencia hacen propagación. En el caso de la diversidad de especies, algunos estudios recientes sugieren que ciertas especies son especies centrales fundamentales, que promueven la propagación de genes de resistencia a antibióticos, lo que indica que la composición de las especies puede ser crítica.

¿CUALES SON LOS PRINCIPALES MÉTODOS DE ANÁLISIS MOLECULAR PARA DETERMINAR LA RESISTENCIA ANTIBIÓTICA?

Análisis metagenómico sobre la secuenciación de ADN de alto rendimiento es esencial para comprender la dinámica ecoevolutiva de los antibióticos resistencia

en un contexto comunitario. La PCR cuantitativa también es útil herramienta para cuantificar genes de resistencia a antibióticos, es un método especialmente eficaz para estimar la presencia y cantidad de genes de resistencia a antibióticos en diferentes entornos. Con el método epic PCR descrito recientemente, ahora es posible conectar un gen con su huésped a una resolución de una sola célula para el análisis gen-huésped, lo que la 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 varios rasgos pueden ser simultáneamente monitoreado, potencialmente proporcionando 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.

(Teppo Hiltunen, 2016)

Bibliografía:

- *Teppo Hiltunen, M. V.-L. (2016). Antibiotic resistance in the wild: an ecoevolutionary. Philosophical Transactions B, 1-7.*